18.05.2001

Thema: DNA-Computing

Hamilton-Pfad-Problem
==========

Gegeben ist ein gerichteter Graph G=(V,E),
|V| = n, |E| = m und 2 ausgez. Knoten s,t.
Gibt es einen Hamilton-Pfad von s nach t?

[Anm:
[Ein Hamilton-Pfad von s nach t ist ein Pfad,
[bei dem jeder Knoten einmal passieret wird.

Das Problem ist NP-vollstîndig! Es wird vermutet, daœ es f½r solche
Probleme keine effiziente Lñsung gibt.

Ein einfacher Algorithmus zur Lñsung des Problems ist:

1. Erzeuge alle mñglichen Pfade von s nach t der Lînge (n-1),
   die jeden Knoten einmal enthîlt.
   ==> Menge S

2. Teste ob zulîssige Pfade dabei sind.
   (S nicht leer)

Komplexitît dieses Algorithmus: k*(n-2)!

F½r die Fakultît gibt es die Stirlingsche Approximation:

sqrt(2*PI*n) * (n/e)**n T_4

3. Mit T_4 f½hre Gel-Elektrophorese durch, die Strînge so auftrennt, daœ man
   Strînge mit Lînge von 20*n bp erhîlt => T_5

4. Man nimmt ssDNA aus T_5 und selektiert iterativ f½r jeden Knoten v mit
Hilfe
   von S_v nur solche Strînge aus, die an S_v hybridisieren.

   In T_5:

   For v element_von(V) do
      T_5' := ssDNA aus T_5, die an S_v hybridisiert
      T_5 := T_5'

[Anm:
[V = Menge aller Knoten

5. Gel-Elektrophorese mit T_5 ob ein ssDNA mit Lînge 20*n bp drin => true,
   ansonsten false.