

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 passiert wird.

Das Problem ist NP-vollständig! Es wird vermutet, daß es für solche Probleme keine effiziente Lösung gibt.

Ein einfacher Algorithmus zur Lösung des Problems ist:

1. Erzeuge alle möglichen Pfade von s nach t der Länge $(n-1)$, die jeden Knoten einmal enthält.

==> Menge S

2. Teste ob zulässige Pfade dabei sind.

(S nicht leer)

Komplexität dieses Algorithmus: $k*(n-2)!$

Für die Fakultät gibt es die Stirlingsche Approximation:

$\sqrt{2*\pi*n} * (n/e)**n$ T_4

3. Mit T_4 für 4hre Gel-Elektrophorese durch, die Strings so auftrennt, daß man Strings mit Länge von $20*n$ bp erhält => T_5

4. Man nimmt ssDNA aus T_5 und selektiert iterativ für jeden Knoten v mit Hilfe

von S_v nur solche Strings 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 Länge $20 \cdot n$ bp drin => true,
ansonsten false.