محاسبه DNA و کاربرد آن

1 مقدمه

اهداف این فصل شامل دو بخش می شود: در ابتدا معرفی محاسبات DNA، و مرحله دوم نشان دادن چگونگی کاربرد محاسبات DNA برای حل مسائل بزرگ، پیچیده ترکیبی، مانند برنامه ریزی بهینه یک گروه از سرویس دهی آسانسور تعدادی از طبقات در یک ساختمان چندطبقه.

به تازگی، محاسبات مولکولی (یا مرطوب) نه تنها به طور گسترده ای در چارچوب حل مشکلات -NPکامل/ NP- سخت مورد تحقیق قرار گرفته است که سخت ترین مشکلات در NP هستند، اما توسط روش (مبتنی بر سیلیکون) کامپیوترهای دیجیتال پیاده سازی شده اند [21]. ما با شرح مفاهیم اساسی 'محاسبات مرطوب، و سپس نتایج حاضر اخیر برای مدیریت کارآمد از گروهی از آسانسور آغاز.

2 محاسبات DNA

ایده اصلی در پشت محاسبات DNA، اتخاذ یک روش بیولوژیک (مرطوب) به عنوان یک وسیله محاسباتی کارآمد است که در آن داده ها با استفاده از رشته های DNA نشان داده می شوند. حتی اگر یک واکنش DNA بسیار کندتر از زمان چرخه یک کامپیوتر مبتنی بر سیلیکون باشد، پردازش ذاتا موازی ارائه شده توسط فرایند DNA نقش مهمی را ایفا می کند. این همسانی عظیم پردازش DNA در حل مسائل NP-کامل و یا NP-سخت مورد علاقه خاص است.

مواجهه با آزمایش های بیولوژیکی مولکولی که شامل 6 × ml/1016 از مولکول های DNA می شود غیر معمول نیست. این به این معنی است که ما به طور موثر می توانیم به 60،000 ترا بایت از حافظه تحقق ببخشیم، با فرض اینکه هر رشته از مولکول DNA بیانگر یکی از کاراکترها است. سرعت اجرای کل یک کامپیوتر DNA می تواند تحت الشعاع سرعت یک یک کامپیوتر معمولی الکترونیکی باشد، حتی اگر زمان اجرای یک واکنش تک مولکول

ترجمه فا
TarjomeFa.Com

DNA نسبتا آهسته باشد. در نتیجه یک کامپیوتر DNA برای مشکلاتی از قبیل تجزیه و تحلیل اطلاعات مربوط به ژنوم، و طراحی عملکردی مولکول (که در آن مولکول ها، داده های ورودی را تشکیل می دهند) مناسب است.

DNA شامل چهار پایه ساختار مولکول، به نام آدنین (A)، گوانین (G)، سیتوزین (C) و تیمین (T) می شود. علاوه بر این، محدودیت ها برای ارتباطات بین این پایه ها اعمال می شود: به طور خاص، A می تواند تنها به T متصل شود، و G با C - این قاعده اتصال به عنوان «متمم واتسون و کریک 'نامیده می شود. این ویژگی برای تحقق بخشیدن به عملیات جداگانه (که بعدا مورد بحث قرار می گیرد) ضروری است. به عبارت دیگر، جدا کردن یک رشته جزئی از آگهی کاراکترها ممکن است به طوری که یک دنباله DNA مکمل دلالت DNA مشخص شده است، ورودی برای داخل یک لوله آزمایش، هیبرید شده برای تشکیل یک مارپیچ دو رشته ای DNA، و سپس چکیده شده. علاوه بر این، این ویژگی ما را قادر ایجاد تصادفی یک مجموعه از رشته های کاراکتر با توجه به برخی از قاعده ها خواهد ساخت.

از آنجا که [1] یک روش برای حل مسئله مسیر هامیلتونی جهتدار را با 7 شهر با استفاده از مولکول های DNA توصیف نمود، محققان مطالعات نظری را برای تحقق بخشیدن به محاسبات کلی با استفاده از مولکول های DNA دنبال نمودند (به عنوان مثال، [23]. [2] یک مدل محاسباتی را برای تحقق بخشیدن - از طریق پرداخت تجربی مولکول های DNA - عملیات بر روی مجموعه های متعددی از رشته های کاراکتری، پس از رمزگذاری کاراکتر الفبای محدود بر روی مولکول های DNA توسعه داده است.

همانطور که قبلا ذکر شد، مولکول های DNA می توانند به عنوان رسانه های ذخیره سازی اطلاعات استفاده شوند. معمولا دنباله های DNA از حدود 8-20 جفت پایه برای نشان دادن بیت ها استفاده می شود و روش های متعددی برای دستکاری و ارزیابی اینها توسعه یافته اند. به منظور دستکاری فن آوری مرطوب برای انجام محاسبات، یک یا تعداد بیشتر از روش های زیر به عنوان اپراتورهای محاسباتی برای کپی کردن، طبقه بندی، تقسیم یا الحاق اطلاعات موجود در مولکول های DNA استفاده می شود:

- بستن،

ترجمه فا
TarjomeFa.Com

- هیبریداسیون،
- واکنش زنجیره ای پلی مراز (PCR)،
- ژل الکتروفورز، و
- واکنش آنزیم.

در زیربخش زیر به طور خلاصه فرآیند بیو شیمیایی خاص را توصیف می کنیم که به عنوان اساس روش محاسبات DNA ما به کار گرفته می شود.

یک کامپیوتر DNA، محاسبات مرطوب را بر اساس توانایی بالایی از تشخیص مولکول خاص در واکنش ها در میان مولکول های DNA انجام می دهد. محاسبه مولکولی برای اولین بار در [1] گزارش شد، که در آن مشخص شد که یک پلیمراز DNA - که شامل یک تابع آنزیم برای کپی کردن DNA می شود- در عملکرد بسیار شبیه به یک ماشین Turing است. DNA پلیمراز شامل مولکول DNA مکمل آن با استفاده از یک مارپیچ تک رشته مولکول DNA به عنوان یک قالب می شود. بر اساس این ویژگی، اگر مقدار زیادی از مولکول های DNA در یک لوله آزمایش مخلوط شوند، آنگاه واکنش در میان آنها به طور همزمان رخ می دهد. بنابراین، هنگامی که یک مولکول DNA به نمایندگی از داده ها و یا کدها با سایر مولکول DNA واکنش نشان می دهد، این مربوط به پردازش موازی فوق العاده و / یا مقدار زیادی از حافظه در مقایسه با یک کامپیوتر معمولی (الکترونیکی) است.

2.1 نقشه کدگذاری

در هر روش محاسباتی DNA، چالش اصلی رمزگذاری هر شی مورد نظر در یک دنباله DNA است. یک طراحی صحیح به منظور حصول اطمینان از نتایج مطلوب ضروری است؛ طراحی نادرست می تواند به دنباله اشتباه پس از فرایند بستن.

بستن و هیبریداسیون

هنگامی که دنباله های DNA در یک لوله آزمایش با استفاده از یک میکرو پیپتر (شکل 1) چکانده می شوند، دنباله های DNA با یکدیگر با استفاده از برخی از واکنش های آنزیمی تحت ترکیب مجدد قرار می گیرند، کهاین فرآیند

به عنوان "بستن" نامیده می شود. همه دنبالههای DNA در این آزمایش - همراه با مکمل خود - با هم در یک لوله آزمایش مخلوط شده مورد استفاده قرار می گیرند. به طور معمول الیگونوکلئوتیدی یا مخلوط DNA تا 95 سانتی گراد (سلسیوس) حرارت داده می شود و تا C20 در C1 در دقیقه برای هیبریداسیون سرد می شود، همانطور که در شکل 1. نشان داده شده است. سپس این واکنش تحت بستن قرار می گیرد. در پایان این فرایند، یک دنباله DNA خاص همراه با یکی دیگر از دنباله های DNA به منظور تولید یک دنباله جدید بسته می شود

شکل 1. چکاننده ها برای spoiding و هیبریدی نمودن

TarjomeFa.Com

واکنش زنجیره ای پلیمراز (PCR)

پلیمراز توابع مختلف، از جمله تعمیر و تقلید از DNA را انجام می دهد. PCR یک روش برای تقویت DNA در محیط آزمایشگاهی است. PCR یک فرآیند است که به سرعت میزان مولکول های DNA خاص را در یک حلال معین، با استفاده از فرمت پرایمر توسط پلیمراز تقویت می کند. هر چرخه واکنش، مقدار این مولکول را دو برابر می کند که منجر به رشد نمایی در تعداد دنباله ها می شود. این مورد فرآیندهای کلیدی زیر را تشکیل می دهد:

1. مقداردهی اولیه: یک راه حل ترکیبی از قالب، پرایمر، dNTP و آنزیم تا 94 گرم - 98 درجه سانتیگراد به مدت 1 - دقیقه 9 گرم می شود تا اطمینان حاصل شود که ماهیت بسیاری از DNA الگو و آغازگر ها عوض می شود؛

2. عوض شدن طبیعت یا ماهیت: حلال را تا 94 - 98 ° C به مدت 20 - 30 ثانیه برای جدایی از دوپلکسDNA گرم کنید؛

3. گداختگی: کاهش درجه حرارت به اندازه کافی (معمولا بین 50-64 درجه C) برای 20-40 ثانیه برای پرایمرهای برای پختن به طور خاص برای قالب ssDNA؛

4. کشیدگی / گسترش: بالا بردن درجه حرارت به دمای بهینه Taq یا پلیمراز DNA مشابه (70 - 74 ° C) برای پلیمراز dNTP را از جهت '3 به '5 می افزاید که مکمل قالب است؛

5. کشیدگی / گسترش نهایی: پس از چرخه آخر، 5 - 15 دقیقه کشیدگی ممکن است انجام شود تا اطمینان حاصل شود که هر ssDNA باقی مانده به طور کامل توسعه یافته است.

مرحله 2 تا 4، 20-35 بار تکرار می شود؛ چرخه های کمتر منجر به محصول کمتر می شود بسیاری از چرخه ها کسر محصولات ناقص و نادرست را افزایش می دهد. PCR یک کار معمول در آزمایشگاه است که می تواند توسط یک دستگاه به نام سیکلر حرارتی انجام شود.

عوض شدن ماهیت PCR گرادیان دما

عوض شدن ماهیت PCR گرادیان دما (DTG-PCR) یک روش اصلاح شده PCR است که درجه حرارت ماهیت با چرخه تغییر می کند [20]. در DTGPCR، PCR معمولی در جایی انجام می شود که در آن درجه حرارت از مرحله عوض شدن ماهیت (مرحله 2 از روش PCR در بالا ذکر شد) به تدریج در چرخه افزایش می یابد.

PCR کمی

PCRکمی (Q-PCR) یک اصلاح PCR است که برای اندازه گیری سریع مقدار DNA، DNA مکمل (cDNA مربوط به) یا ارائه RNA در نمونه مورد استفاده قرار می گیرد. این ممکن است برای تعیین دنباله DNA در نمونه ارائه شده، و تعداد نسخه تولید شده در PCR مورد استفاده قرار گیرد.

جدایی کشش

هدف از فرآیند جداسازی کشش، بررسی این مورد است که آیا هر یک از داده ها شامل یک دنباله خاص می شود. این فرآیند اجازه می دهد رشته های تک حاوی دنباله v معین به خارج از یک حوزه ناهمگن از دنباله های دیگر فیلتر شود. پس از سنتز رشته های مکمل برای v و اتصال آنها به مهره های مغناطیسی، یک حلال ناهمگن به دومی منتقل می شود. آن رشته های حاوی V برای دنباله مکمل پخته و حفظ می شوند ؛ رشته هایی که حاوی V نیستند از آن عبور کنند و دور انداخته می شوند.

به طور معمول، در این فرآیند یک DNA دو رشته ای با مکمل واتسون و کریک از داده ها است قرار داده می شوند که به مهره های مغناطیسی مزدوج می شود. یک مهره به یک قطعه مکمل یک زیر رشته متصل می شود و سپس یک میدان مغناطیسی برای کشیدن تمام قطعات DNA حاوی چنین دنباله ای استفاده می شود. سپس این فرایند تکرار می شود.

شکل 2. الکتروفروز

الکتروفورز ژل

الکتروفورز ژل یک روش مهم برای مرتب سازی رشته های DNA با اندازه آنها [4] است. الکتروفورز، مولکول های های باردار را قادر می سازد تا در یک میدان الکتریکی حرکت کنند، همانطور که در شکل 2 نشان داده شده است. در واقع، مولکول های DNA حامل بار منفی هستند. بنابراین، هنگامی که ما آنها را در یک میدان الکتریکی قرار می دهیم، آنها تمایل به مهاجرت به سمت قطب مثبت دارند. از آنجا که مولکول های DNA دارای بار یکسان در هر

واحد طول هستند، و همه آنها با نیروی یکسان در روند الکتروفورز مهاجرت می کنند. در نتیجه مولکول های کوچکتر سریع تر از طریق ژل مهاجرت می کنند، و می توانند با توجه به اندازه (معمولا ژل آگارز به عنوان رسانه در اینجا مورد استفاده قرار می گیرد) طبقه بندی شوند. در پایان از این فرآیند DNA حاصل عکس گرفته می شود، همان گونه که در شکل 3 نشان داده شده است.

3 مقایسه با محاسبات متعارف

در حال حاضر محاسبات DNA به طور کامل تاکتیک های مختلف را در هنگام تخصیص یک کد حروف مستقل (مانند ATCG، GTAC یا CAAC) برای هر نمونه به کار می گیرد. بعد، دنباله های DNA مربوط به تعداد ترکیب های ممکن آماده می شود. پس از آنها در مد فوق العاده موازی هیبریدسازی می شوند، قطعات DNA باقی مانده برای به دست آوردن دنباله پاسخ تقویت می شوند - توجه داشته باشید که این روش فقط یک بار انجام می شود [15].

شکل 3.دوربین

سود اصلی استفاده از محاسبات DNA، حل مشکلات پیچیده است که تمام راه حل های ممکن به صورت همزمان ایجاد می شوند - به عبارت دیگر، پردازش انبوه موازی را ارائه می دهد. در مقابل، انسان - و همچنین بسیاری از کامپیوترهای الکترونیکی - مشکلات را به یک شیوه ای گام به گام حل می کنند (به عبارت دیگر، به ترتیب). DNA مزایای دیگر، از جمله کم هزینه و صرفه جویی در مصرف انرژی را فراهم می کند [؟]. مراحل اصلی در محاسبات DNA عبارتند از:

1. جداسازی (T، s): این عملیات، مجموعه معین T را در مجموعه + (T، S) کاراکتر ها، از جمله کاراکتر رشته و مجموعه - (T، S) رشته های نویسه ای که شامل کاراکتر رشته s نمی شوند از هم جدا می کند. این عملیات مربوط به آزمایش انتزاعی بر روی مولکولهای DNA در یک لوله آزمایش است.

2. میکس: این عملیات، مجموعه های T1 و T2 در مجموعه اتحادیه T1 ∪ T2 ترکیب می کند. این عملیات مربوط به لوله های آزمایش اختلاط T1 و T2 است.

3. تشخیص (T): این عملیات در صورتی 'بله' را باز می گرداند که لوله آزمایش T خالی نباشد، و "نه" اگر خالی باشد. این عملیات مربوط به روش تجربی است که وجود مولکول های DNA را با استفاده از روش فلورسنت electrophoretical آشکارسازی می نماید.

4. تقویت (T): این عملیات مربوط به ایجاد چندین مجموعه T1 و T2 با همان محتویات مجموعه معین T است. این مربوط به پرداخت تجربی است که مقدار مولکولها را با استفاده از واکنش زنجیره ای پلیمراز (PCR) تقویت می کند.

در حال حاضر از منظر محاسبات DNA، مهم ترین ویژگی یک مولکول DNA، متمم واتسون و کریک آن است.

در مدل آدلمن، مجموعه ای از رشته های کاراکتری - محاسبه با استفاده از هیبریداسیون - بر اساس به چهار مرحله بالا توضیح داده محاسبه می شود. با استفاده از این محاسبات، یک مسأله NP-کامل می توان با استفاده از یک الگوریتم مبتنی بر تولید تشخیص PCR حل شده است. کامپیوترهای DNA را می توان مورد استفاده قرار گیرد برای حل مشکلات دنیای واقعی با استفاده از این روش.

ترجمه فا
TarjomeFa.Com

4 کاربردهای محاسبات DNA

نظریه محاسبات DNA در [1، 26، 28] مورد بحث قرار گرفته است. محاسبات DNA در زمینه های مختلف، از جمله فناوری نانو، بهینه سازی ترکیبی [24، 25] ، توسعه مدار بولی [28]، و ارتباط خاص به بخش حاضر، برنامه ریزی [21، 23، 16، 18، 28، 31] اعمال می شود.

5 رویکردهایی برای بهینه سازی و زمانبندی

ما سابقه ای طولانی از یک روش ریاضی برای حل مسائل بهینه سازی را داریم. اما در یک روش ریاضی که در آن بسیاری از مشکلات باقی مانده حل نشده است محدودیت وجود دارد. فراتر از روشهای ریاضی، "حل مشکل" برای تقلید از چنین روش انسانی یا تجربی به عنوان یک روش مدرن تلاش می کند. این یک روش غالب است، پس از اینکه یک کامپیوتر فون نیومن از سال 1945 اختراع شد. این روش هوش مصنوعی نام نهاده شد که عصر طلایی را در اواخر 1970 و اوایل 1980 به ارمغان آورد، حتی اگر روش های منطقی شامل یک سیستم تولید، یک سیستم منطق گزاره، یک شبکه معنایی و یک سیستم قاب باید با انفجار ترکیبی روبرو شود که برای ما چالشی را فراهم می کند. از سوی دیگر، به منظور تقلید راه تفکر انسان روش های زیادی از جمله سیستم های فازی، الگوریتم ژنتیک، سیستم های پر هرج و مرج، شبکه های عصبی پیشنهاد شده است به طوری که در آن محاسبات به صورن نرم انجام می شود. اگر قصد ما حل مقیاس واقعی از مشکلات باشد، ما باید بر انفجار ترکیبی غلبه نماییم. به خصوص، مسائل NP-کامل نمی تواند توسط یک کامپیوتر مبتنی بر سیلیکون را در حال حاضر حل نماید.

الگوریتم ژنتیک

یک الگوریتم ژنتیک (GA) یک نوع از محاسبات نرم با مکانیزم ژنتیکی در موجودات، جستجوی مقادیر مطلوب است زمانی که تعدادی از الگوهای کنترل تکراری شبیه سازی GA را را فرض می کند. الگوریتم ژنتیک برای گروه بندی کنترل آسانسورها 8، [13] استفاده می شود. مدیریت تنظیم پارامترها در یک سیستم کنترل گروهی آسانسورها بر

ترجمه فا
TarjomeFa.Com

اساس دستی سخت است. Cortes و همکاران الگوریتم ژنتیک را برای انتخاب تنظیمات خوبی از پارامترها پیشنهاد داده اند [9].

شبکه های عصبی

در زمینه شبکه های عصبی، بهینه سازی یک تابع ارزیابی به دنبال استفاده از یادگیری انتشار پشتیبان وابسته به مبادلات گذشته است [27، 30]. در استفاده از روش منطق فازی، سهولت قوانین به روز رسانی در مقایسه با گاز و شبکه های عصبی [14، 17] مورد استقبال قرار می گیرد.

محاسبات منطقی فازی و دیگران

این تنها به زمینه های هوش مصنوعی، GAs، NNS و محاسبه منطقی فازی و همچنین روش های محاسبات نرم به عنوان استراتژی تکاملی یادگیری افزایشی محدود نمی شود [10] [7] و برنامه نویسی شبکه ژنتیک [11، 12] در بهینه سازی گروه کنترل آسانسورها به کارگیری می شوند.

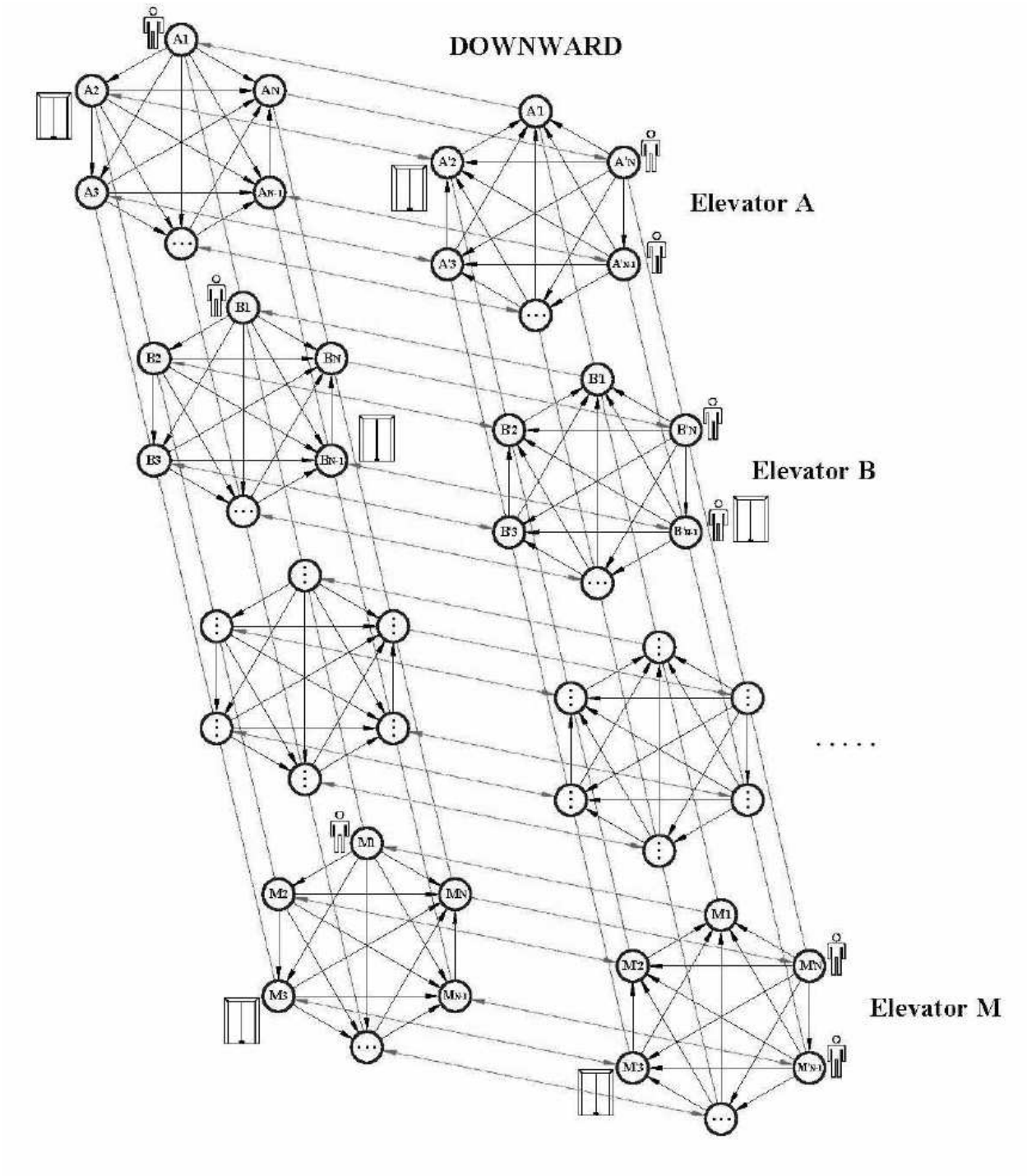
تقاضاهای جدید

به تازگی، یک نوع نسل جدیدی از سیستم های آسانسور به عنوان یک سیستم کنترل نظارت گروه آسانسور ((EGSCS، 5]، 6] برای برآوردن نیازهای مختلف کاربران و تواناسازی عمودی سازی ساختمان ها توسعه یافته است [3]. چنین انواع جدیدی از سیستم های آسانسور محدودیت های اضافی را برای مدیریت گروه قرار می دهد. زمان جستجوی تعداد زیادی از گزینه های دیگر، آنها نیاز به پردازش سریع و سربار بزرگ کامپیوتر دارند.

بنابراین، توسعه سیستم های مدیریت گروه به شدت برای بهبود بهره وری حمل و نقل آسانسور و راحتی مورد مطالعه قرار گرفته است. شرط استفاده از یک سیستم آسانسور با توجه به زمان و مشتریان تغییر می کند. افراد تاجر دوست ندارند دقایق زیادی منتظر بمانند اما افراد هتل یک آسانسور شلوغ را دوست ندارند حتی اگر به سرعت حمل و نقل را انجام دهد. سیستم آسانسور موظف به انجام چنین تنظیمات مختلف برای مسافران است. از سوی دیگر، در

ترجمه فا
TarjomeFa.Com

محاسبات DNA، چون این محاسبات از مکانیزم کپی DNA در واکنش شیمیایی تقلید می کند، پردازش ذاتا (انبوه) موازی است.



شکل 4. مسیرهای کل M آسانسور

6 سیستم مدیریت آسانسور

آسانسورهای چندگانه معمولا در ساختمان های بلند استفاده می شوند (آسمان خراش ها). کنترل موثر چندین دستگاه آسانسور ضروری است. هدف کلی در کنترل گروهی آسانسورها، ارضای محدودیت های زمانی تمامی مسافران، در همان زمان ارائه کارآمدترین سیستم است. مشکل اساسی تصمیم گیری در این مورد است که کدام آسانسور باید در یک طبقه خاص که در آن مسافران در حال انتظار برای بالا رفتن هستند (پایین) متوقف شود.

حتی در ساعات اوج (شلوغی)، پیدا کردن همه دستگاه های آسانسور در حال حرکت در همان جهت، و یا معادل آن همه آسانسورها پس از رسیدن به طور همزمان در همان طبقه ممکن است. به منظور حل چنین شرایطی، همه دستگاه های آسانسور به طور بهینه باید به مسافران ، صرف نظر از تغییر زمان رسیدن بعدی در طبقات مختلف در ساختمان چند طبقه اختصاص داده شوند.

سیستم کنترل گروهی با توجه به تغییرات تصادفی در حجم ترافیک و / یا مدیریت رانندگی، یا در مورد یک تصادف، الگوهای حرکت آسانسور را انتخاب می کند. چنین گروه شاهد متوجه مدیریت راحت، امن و مقرون به صرفه آسانسور.

فرض کنید که یک ساختمان N طبقه و m آسانسور دارد. جدول 1 موقعیت فعلی هر یک از آسانسورها، مقصد مسافران در هر آسانسور همراه با جهت سفر در نظر گرفته شده از مسافران منتظر در هر طبقه را نشان می دهد. شکل 4 این وضعیت را با استفاده از نمایش گرافیکی نشان می دهد. در شکل 4، نمودار در سمت چپ نشان دهنده جنبش رو به بالا و نمودار در سمت راست یک جنبش رو به پایین به ترتیب است. آسانسورهای 1، 2 و M در طبقات 2، 3 و N-1 توقف می کنند. از سوی دیگر تعدادی از افراد در طبقه 1 وجود دارند که مستقیم رو به بالا هدایت می شوند، افراد در طبقات N - 1 و N که مستقیم رو به پایین هدایت می شوند. برای مثال، در زمان t، آسانسور 1 در طبقه 2 دارای مسافرانی است که در حال رفتن به طبقه 3، 4 و N – 1 هستند. از سوی دیگر، مسافرانی در طبقه N، N-1 و 1 وجود دارند که به ترتیب در حال رفتن به پایین، پایین و بالا هستند.

جدول 1. اطلاعات آسانسور در زمان-t

ترجمه فا
TarjomeFa.Com

N	↓			
N - 1	↓		(1,3,5)	
⋮				
3				(4, N-1,N)
2		(3,4,N-1)		
1	↑			

در این پژوهش، همانطور که نشان داده شده است، اطلاعات ورودی برای سیستم مدیریت آسانسور به شرح زیر است:

1. موقعیت حاضر هر آسانسور؛

2. طبقه مقصد هر یک از آسانسور. تعداد مورد نیاز طبقه که در آن مسافران در هر آسانسور به در ورودی به سیستم می روند

3. طبقه ای که از آن هر آسانسور فراخوانده می شود. مردم در هر طبقه می توانند جهت خود را نشان دهند اما آنها نمی توانند وارد طبقه مقصد شوند.

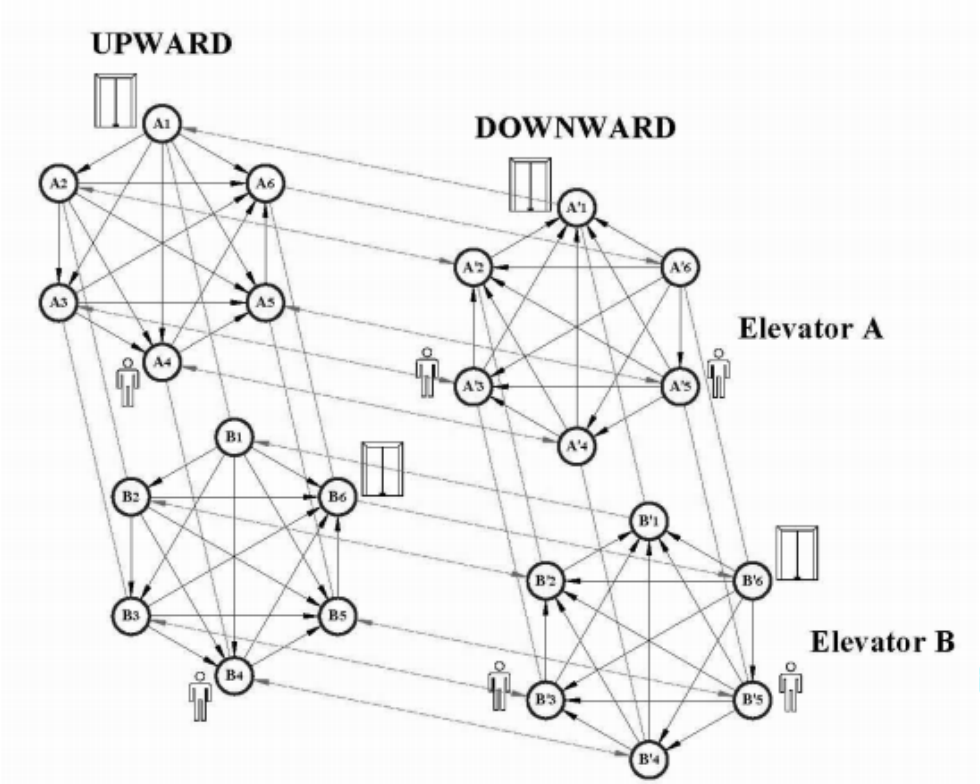
جدول 2 نشان می دهد که آسانسور-1 در طبقه 2 است و دارای مسافرانی است که در حال رفتن به طبقه 3، 4 و N – 1 هستند. افرادی وجود دارند که به سمت طبقه 1، پایین به طبقه N-1 و پایین به طبقه N می روند. بر اساس این اطلاعات، مشکل، مدیریت تمام دستگاه های آسانسور به نحو احسن است.

Floor	Calling	Elevator-A	Elevator-B
6			(2,3)
5	↓		
4	↑		
3	↓		
2			
1		(3,5)	

جدول 2. اطلاعات مربوط به مدیریت آسانسور

9 نتیجه گیری

این دنیایی نیست که توجه را در حال حاضر جذب کند و اینکه یک قانون فیزیکی معمول در دنیای لحظه ای (نانو) نوسان کند بلکه دنیای قانون مکانیک کوانتوم است. این مورد در اصل عدم قطعیت مشهور توصیف شده است که Heisenberg در آلمان در 1927 کشف نمود.



شکل 5. مسیرهای کل دو آسانسور

Elevator A	Elevator B	Tm(℃)	CG Content(%)
1 → 2 → 3 → 4 → 5	6' → 5' → 4' → 3' → 2'	82.93	54.44
1 → 2 → 3 → 4 → 5'	6' → 5' → 4' → 3' → 2'	81.92	52.22

شکل 7. رفتار مجزا در دمای ذوب در میان راه حل های بهینه ممکن : تماس ماشین : تماس هال : تماس هال پایین

هرچند در حال حاضر، رایانه ها بر اساس مدل ماشین Turing قطعی ساخته می شوند، یک ایده جدید از ماشین Turing کوانتوم هنوز ساخته نشده است. رایانه مبتنی بر این ایده، رایانه کوانتوم نامیده می شود و این ایده نیاز به فراتر رفتن از رایانه های حاضر دارد. هرچند این نوع رایانه هنوز در دنیای واقعی شناخته شده نیست، یک رایانه کنونی (رایانه نوع von Neumann) با استفاده از نیمه هادی باید با سری مسائل ترکیبی مواجه شود.

همچنین مسائل مختلفی شامل موارد زیر وجود دارند:

- اماده سازی و استخراج زمان بسیار زیادی می برد و

- خطاها در کپی نمودن DNA رخ می دهد.

هرچند مسائل مختلفی وجود دارند که باید برای تحقق رایانه DNA حل شود، این به عنوان فناوری مدرن انتظار می رود که با رایانه نوع Von Neumann حاضر جایگزین می شود.

References

1. Adleman LM (1994) Molecular computation of solutions to combinatorial Problems, *Science*, 266: 1021-1024.
2. Adleman LM (1998) Computing with DNA, *Scientific American*, 279(2): 54-61.
3. Amano, M. Yamasaki and H. Ikejima (1995) The Latest Elevator Group Control System, In G.C.Barney (ed) *Elevator Technology 6 Proc. Of ELEVCON'95*, March 13-16, 1995, Hong Kong: 88-95.
4. Amos M, Paun G, Rozenberg G, Salomaa A(2002) Topics in the Theory of DNA Computing, *J. Theoretical Computer Science*, 287(1): 3-38.
5. Barney GC, dos Santos S (1985) *Elevator Traffic Analysis, Design and Control (2nd ed)*, IEEE Computer Society, USA.
6. Barney GC (2003) *Elevator Traffic Handbook: Theory and Practice-US-*, Spon Press, USA.
7. Beielstein T, Ewald T-P,Markon S (2003) Optimal elevator group control by evolution strategies, In Cantu-Paz E, Foster JA (ed) *Genetic and Evolution Computation-Gecco 2003, Proc. Of Genetic and Evolutionary Computation, Conf.* July 12-16, 2003, Chicago, Springer-Verlag, Berlin,1963-1974.
8. Bi X, Zhu C, Ye Q (2004) A GA-based approach to the multi-objective optimization problem in elevator group control system, *Elevator World*, June: 58-63.
9. Cortes P, Larraneta L, Onieva L (2004) Genetic algorithm for controllers in elevator groups: analysis and simulation during lunchpeak traffic, *Applied Soft Computing*, 4: 159-174.
10. Crites R, Barto A (1998) Elevator group control using multiple reinforcement learning agents, *Machine Learning*, 33: 235-262.
11. Eguchi T, Hirasawas K, Hu J, Markon S (2004) Elevator group supervisory control system using genetic network programming, In: Eberhart RC, Shi Y (ed) *Proc. of IEEE Congress on Evolutionary Computation 2004, CEC2004*, 19-23 June 2004, IEEE, USA: 1661-1667.
12. Eguchi T, Hirasawa K, Hu J, Markon S (2006) Elevator group supervisory control system using genetic network programming with functional localization, *J. Advanced Computational Intelligence and Intelligent Informatics*, 10(3): 385-394.
13. Fujino A, Tobita T, Segawa K, Yoneda K,Togawa A (1997) An elevator group control system with floor-attribute control method and systems optimization using genetic algorithms," *IEEE Trans. Industrial Electronics*, 44(4): 546-552.
14. Gudwin R, Gomide F and Netto M (1998) "A fuzzy elevator group controller with linear context adaptation," In: *Proc. Of Fuzzy-IEEE98, WCCI'98-IEEE World Conf. Computational Intelligence*, Anchorage, Alaska 1998: 481-486.

World Conf. Computational Intelligence, Anchorage, Alaska: 1998: 401-406.
15. Ito Y, Fukusaki E (2004) DNA as a 'Nanomaterial', *J Molecular Catalysis B: Enzymatic* 28(4-6): 155-166.
16. Jeng D J-F, Watada J, Kim I (2007) Solving a real time scheduling problem based on DNA computing, *Soft Computing J.* (in press).
17. Kim C, Seong K, Lee-Kwang H, Kim JO (1998) Design and implementation of a fuzzy elevator group control system," *IEEE Trans. System, Man and Cybernetics - PART-A*, 28(3): 277-287.
18. Kim I, Jeng D J-F, Watada J (2006) Redesigning subgroups in a personnel network based on DNA computing *Int J. Innovative Computing, Information and Control*, 2(4): 885-896.
19. Lee JY, Zhang B-T, Park TH (2003) Effectiveness of denaturation temperature gradient-polymerase chain reaction for biased DNA algorithms, *Pre-Proc. 9th Internaional Meeting on DNA Based Computers*, Madison: 208.
20. Lee JY, Shin S-Y, Park TH, Zhang B-T (2004) Solving traveling salesman problems with DNA molecules encoding numerical values, *Biosystems* 78(1): 39-47.
21. Lipton RJ (1995) DNA solution of hard computational problems, *Science*, 268: 542-545
22. Marmur J, Doty P (1962) Determination of the base composition of deoxyribonucleic acid from its thermal denaturation temperature, *J. Molecular Biology*, 5: 109-118.
23. van Noort D (2004) Towards a re-programmable DNA computer, *DNA9, LNCS 2943*, Springer-Verlag, Berlin Heidelberg: 190-196.
24. Ouyang Q, Kaplan PD, Liu S, Libchaber A (1997) DNA solution of the maximal clique problem, *Science*, 278: 446-449.
25. Owenson GG, Amos M, Hodgson DA, Gibbsons A (2001) DNA-based logic, *Soft Computing*, 5(2): 102-105.
26. Paun GH, Rozenberg G, Salomaa A (1999) *DNA Computing: New Computing Paradigms*, Yokomori T (Translated Ed) Springer (in Japanese).
27. Powell BA, Sirag DJ, Witehall BL (2001) Artificial neural networks in elevator dispatching, In: *Lift Report* 27(2): 14-19.
28. Rohani BAB, Watada J, Pedrycz W (2006) A DNA computing approach to data clustering based on mutual distance rrder, In: Watada J (ed) *Proc. 9th Czech-Japan Seminar* August 18-22, 2006, Kitakyusyu & Nagasaki: 139-145
29. SantaLucia JJr (1998) A unified view of plymer, dumbbell, and olygonucleotide DNA nearest-neighbor thermodynamics, *Proc. National Academy of Sciences of U.S.A.*, 95: 1460-1465.
30. Wan H, Liu C, Liu H (2002) NN. Elevator Group-Control Method, In: *Elevator World* 2002(2): 148-154.
31. Watada J, Kojima S, Ueda S, Ono O (2006) DNA computing approrch to optimal decision problem, *Int. J. Innovative Computing, Information and Control*, 2(1): 273-282.
32. Wetmur JG (1991) DNA probes: applications of the principles of nucleic acid hybridization, *Critical Reviews in Biochemistry and Molecular BIology*, 26(3): 227-259.
33. Winfree E, Lin F, Wenzler LA, Seeman NC (1998) Design and self-assembly of two-dimensional DNA crystals, *Nature*, 394(6693): 539-549.