

分子算法在公交网络问题中的应用

张倩¹ 王振晔¹ 董亚非^{1,2}

(陕西师范大学生命科学学院 西安 710062)¹ (陕西师范大学计算机科学学院 西安 710062)²

摘要 分子生物计算是一门很有潜力的发展中学科。首次尝试将其用于解决公交网络问题。通过对公交网络问题的分析,巧妙地将该出行优化问题转化成一个赋权图问题,综合考虑道路长度、拥堵系数、换乘等因素,并结合自组装的思想对其进行建模。在此基础之上,以西安市局部公共交通网络图为例,给出了该分子计算模型的详细生化操作步骤,显示了分子生物计算的可行性及巨大的优越性。该算法大大降低了公交网络计算的复杂性,同时扩展了分子生物计算的研究领域。

关键词 公交网络,最优路径,分子算法,自组装,生物操作

中图分类号 TP301.4 **文献标识码** A

Application of the Molecular Algorithm in Public Transport Network Problem

ZHANG Qian¹ WANG Zhen-ye¹ DONG Ya-fei^{1,2}

(College of Life Science, Shaanxi Normal University, Xi'an 710062, China)¹

(School of Computer Science, Shaanxi Normal University, Xi'an 710062, China)²

Abstract Molecular bio-computation is a developing subject with good potentiality. This is a first try to apply a public transport network into this field. Based on the analysis of transport network problems, we ingeniously transformed the optimized travel problem into a weighted graph issue. Firstly, integrating the self-assembly idea, we built a molecular bio-computational model of it, three factors were involved—the length of the road, congestion coefficient and transfer. Secondly, taking the public transport network graph of local area of Xi'an for example, we gave a detailed description in the biochemical operating steps. It shows the feasibility and great superiority for the molecular algorithm applied in the transit network research. Based on the algorithm, the complexity of the transport network problem can be obviously reduced, also the research fields of the molecular bio-computation can be extended.

Keywords Transit network, Optimal path, Molecular algorithm, Self-assembly, Biological operation

1 引言

分子生物计算是20世纪90年代发展起来的生物信息方面的一个新分支,它起源于数学家对DNA的再解读。继1994年Adleman利用DNA编码解决了有向图的有向Hamilton问题^[1]以来,DNA以其分子反应的巨大并行性而受到各国科学家的广泛重视。1995年Lipton解决了可满足问题^[2],Q. Ouyang^[3]给出了解决最大团问题的DNA解等。1998年Winfree提出了自组装的DNA计算方法,并证明其具有通用计算能力,还用DNA自组装算法解决了Adleman文中提到的Hamilton问题^[4]。自此又将分子生物计算带入了一个自组装算法的时代,不仅使DNA在计算领域具有应用潜力,还为生物材料开发方面提供了一种新的思路,使其成为一种很有潜力的媒体。之后有学者将Winfree的自组装算法归为二维DNA自组装计算,而认为Adleman初期的DNA计算其实也

是应用了自组装的思想,故将其归为一维的DNA自组装计算。但在赋权图的DNA自组装算法方面,现在还鲜有报道。

另外,随着数字化时代的不断发展,服务思想深入人心,由人们日常生活所必不可少的重要部分——乘坐公交发展出来的公众地理信息查询系统也越来越受到重视。对于城市公交查询系统,其核心问题是如何根据出行者要求,提供最佳乘车方案。据在南京市做的一个公交乘客出行心理调查统计结果,在最优路径选择时,公交乘客会综合考虑时间、费用等各种因素,其中最主要的3种因素是乘车时间、乘车费用和换乘次数,换乘次数又是乘客的首选条件^[5]。国外关于这方面的研究开始于20世纪70年代,国内则始于20世纪80年代,相继提出各种相关算法,如Dijkstra算法、Floyd算法、PSP算法和DBFS(dynamic breadth first search)算法等^[6,7]。其中有的以最短时间为原则,有的以换乘次数最少为主要原则,而有的将两者结合考虑。

到稿日期:2011-03-08 返修日期:2011-06-09 本文受国家自然科学基金(60970005),陕西省自然科学基金(2007F46),陕西师范大学2008年重点项目,陕西师范大学研究生培养创新基金(2010CXS019)资助。

张倩(1985—),女,主要研究方向为生物计算和生物信息学,E-mail:bingxuezhangqian@163.com;王振晔(1984—),女,主要研究方向为生物计算和生物信息学;董亚非(1963—),男,博士,副教授,主要研究方向为生物计算、优化算法、生物信息学,E-mail:dongyf@snnu.edu.cn(通信作者)。

本文围绕上述问题,从乘车时间和换乘次数两方面考虑,利用一维的自组装思想将这种 DNA 自组装计算应用到公交网络问题中,从而进一步扩大了分子算法的研究领域。

2 公交网络模型描述^[8,9]

在现实生活中,由于有公交限速的规定(一般为 30km/h),同一公交网络中不同路线的车辆速度差别不大,因此乘车时间的比较可以用乘车路程长度的比较来代替。如果考虑得复杂一点,乘车时间除了路程的长短,还有因为主干道的人流量的增大而使等车时间额外增加等因素,如人流量的影响,主干线人流量较大,等车和上车的时间都会增加。所以我们试着将其进行粗略的量化,转化成权值来进行计算。耗时越长,权值越大,即引入道路拥堵系数。另外,由于乘车费用受车型和站点间距离影响较大,不易控制,因此综合前面所述,在这里仅考虑乘车时间和换乘次数的优化。

公交网络是由乘车站点和相邻站点间的行车道路组成。考虑到不同站点间道路的耗时不尽相同,公交网络可以用有向赋权图 $G=(S,R)$ 表示。其中 G 为有向赋权图; $S(G)$ 表示网络上所有节点即公交站点的集合,既包含一般站点,也包含不同公交线路间的交点站; $R(G)$ 表示网络上所有边即道路的集合。在定义权值的时候,尽可能将等候时间也考虑进去,即将路段权值(总耗时) P_i 分解为两部分:一部分权值是站点间本身的距离造成,用 S_i 表示, S_i = 普通道路/基本道路;另一部分为因交通拥堵而造成的等候时间,用拥堵系数 C_i 来表示, C_i 的得出与计算需要通过大量的调查和计算,这里暂且自己设定。并假定三者间存在如下关系: $P_i = S_i * (1 + C_i)$ 。所以任何一条公交线路都可以表示为集合 $L_i = \{x = s_{i1}, r_{i1}, s_{i2}, r_{i2}, \dots, s_{ik}, r_{ik} = y | s_{ik} \in S(G), r_{ik} \in R(G)\}$ 。式中 x 表示公交线路起点, y 表示公交线路终点, $s_{i1}, s_{i2}, \dots, s_{ik}$ 表示线路经过的站点(即节点), $r_{i2}, r_{i3}, \dots, r_{ik}$ 表示 x, y 间经过的行车道路(赋权边)。为不产生歧义,设两公交线路间的交点为 v_k ,所以从起点 x 到终点 y 的可行公交路径综合为 $TL = \{TL_i \leq x, L_{i1}, v_{i1}, L_{i2}, v_{i2}, L_{i3}, \dots, L_{ik}, y\}$, TL_i 表示从始点站 x 到达 v_{i1} 换乘线路 L_{i1} ,再到达 v_{i2} 换乘 $L_{i2}, \dots$,最终到达终点站 y 。又记路径 TL_i 的换乘次数为 h_i , TL_i 路程耗时为 g_i ,则目标函数为

$$\min_{TL_i \in TL} \left(\frac{g_i}{h_i} \right)$$

式中, $g_i = g(L_{i1}) + g(L_{i2}) + g(L_{i3}) + \dots + g(L_{ik})$, $h_i = k - 1$ 。

3 DNA 编码

编码是 DNA 计算的重要过程,编码的优劣直接影响 DNA 计算结果的实现^[10,11],所以需要慎重。本文基于以上模型的建立,可以将公交网络看作一个赋权的有向最短路径问题来解。虽然目前这个问题还没有找到一个很好的解决办法(边的权值相差太大,容易引起错配和伪解的产生),但就本文而言,公交网络问题,由于其特殊性,即各站点间耗时一般相差都不会很大,因此本文对图的编码预参考文献^[12]的编码方式,并加以适当改进。

图 G 的每个节点(站点)和边(行车道路)都可以映射为一定长度的 DNA 链。设 9 个碱基表示一个权值。将每个节点(站点)映射为一条长为 20 个碱基的 DNA 单链(除起点和终点站外),记为 s_k 。而对于边(道路),用寡聚核苷酸片段 r_k

表示。这个寡聚核苷酸片段包含 3 个部分:第一部分是寡聚核苷酸片段 s_k 的后 10 个碱基的互补碱基构成的寡聚核苷酸片段,且处于下位;第二部分是长度为 $10 \times$ 权数的碱基构成的 DNA 双链;第三部分是寡聚核苷酸片段 s_k 的前 10 个碱基的互补碱基所构成的寡聚核苷酸片段,且处于下位。其中的互补片段是指交汇于同一站点的道路的碱基与其站点的碱基互补。所以开往同一站点的不同道路所表示的碱基后半段即其第三部分都相同并与该站点的前半段碱基互补。同样,从同一站点出发的不同道路所表示的碱基的第一部分片段也都相同并与该站点所代表碱基的后半部分互补,这样就可以保证道路的可行性。例如,公交线路编码示例如图 1 所示。

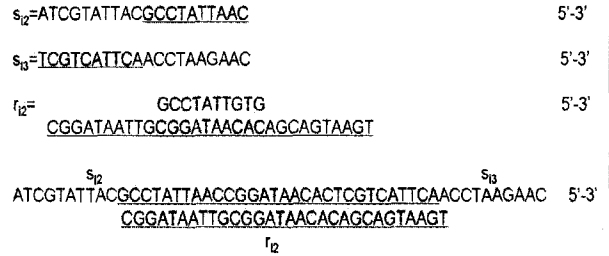


图 1 公交线路编码示例

可以用图 2 将这种关系更加明确地表示出来。

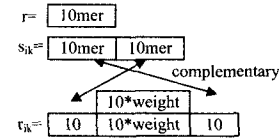


图 2 公交网络中的碱基互补关系示例

起点和终点的节点要另外进行设计。首先起点和终点也都由 20 个碱基的长度构成,但它们是单双链的形式,即由两部分构成。对于起点,第一部分由 10bp 碱基构成双链形式,第二部分的 10 个碱基是单链形式,并与其相关边的第一部分互补且处于上位;对于终点,第一部分是由 10 个碱基构成的单链,并与其相关边的第三部分互补且处于上位,第二部分是 10bp 碱基构成的双链形式。本文中还要将起点和终点的碱基同时设计做引物用,所以其序列要特别按引物设计的设计标准来设计。如 G+C 含量以 40%~60% 为宜,因为 G+C 太少扩增效果不佳,过多又易出现非特异条带。而且 ATCG 4 个碱基应随机分布,避免 5 个以上的嘌呤或嘧啶核苷酸连续出现^[10]。其中序列的设计可以利用序列分析软件进行分析比对,而引物设计又有专门的引物设计软件,如目前很多人都在用的 Primer5。所以起点和终点的形式如下:

起点: TGTGTCTCTCTAGGTTGCGT 5'-3'

ACAACAGAGG

终点: CTTACCTCGCTTAGTGTCGT 5'-3'

AATCACAGCA

即,上游引物: TGTGTCTCTCTAGGTTGCGT 5'-3'

下游引物: GAATGGAGCGAATCACAGCA 3'-5'

4 分子算法

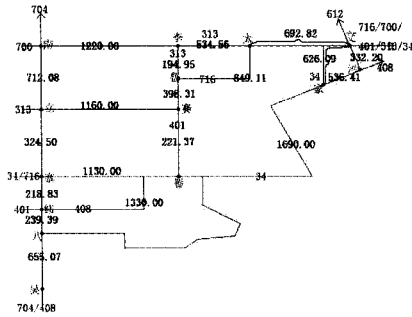
Zhancai Wang 等人于 2006 年已经提出了解决最短路径的 DNA 算法^[14],这种算法主要基于 Adleman-Lipton 的解决 Hamilton 问题的 DNA 模型,其实验的复杂度为 $O(n)$ 。我们对它进行了部分修改,使之适应于公交网络优化的实际情况,

步骤如下:

- Step1 编码,生成图中充分大量的随机路径;
- Step2 筛选那些从起点开始、终点结束的路径并扩增;
- Step3 对这些片段进行凝胶电泳操作,分离出最短路径群;
- Step4 对这些路径进行提取、测序操作,找出对应的解(耗时最短、换乘次数最少);
- Step5 检验最优路径。

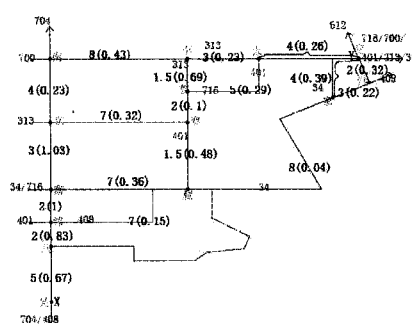
5 生物实现过程

这里参考了e都市网^[1]以及2010年西安交通旅游图^[2],绘制了局部西安公交网络图,见图3。若以图中的218.83路段为基本道路来计算 S_i ,则可得出各路段的 S_i 值,这里就不再显示了。分别假定各路段拥堵系数 C_i ,见图4。根据 S_i 和 C_i 得出各路段最终权值 P_i ,标记在图4中,用此权值来表示最终的总耗时。



图中橘红色标注为该路段经过的公交线路,黑色标记为各站点间距离,单位为m。有黑点标注位置为公交换乘站点。黑色箭头表示出该线路走向。

图3 西安局部公交网络图



黑线上括号内标注的黑色数字为各路段 C_i ,括号外的黑色数字为各路段总耗时权值 P_i 。蓝色字体为各公交站点名。X站点表示起点站吴家坟,Y站点表示终点站交大南门。

图4 西安公交网络赋权图

现在求解起点站X与终点站Y间的最优路径,即耗时最短、换乘最少的线路。分子计算过程如下。

Step1 编码。对图G各个顶点 s_k 所对应的DNA和每条边 r_k 所对应的DNA进行编码。在此例中即对各站点(共13个)、各行车路段(共18条)分别编码(编码省略)。然后进行DNA的合成,这可以交由生物公司来做。

Step2 DNA自组装。将各种DNA片段混合于一个试管中,并加入连接酶及相关缓冲溶液,使之随机反应,互补的

寡核苷酸就会相互配对并在连接酶的作用下形成完整的DNA双链,可行路线的解就包含于其中。在这里,为了提高连接效率,可以购买链接性能稳定、链接效率高、短时间就可以实现连接的试剂盒,如NEB公司和碧云天公司(Beyotime)开发的快速链接试剂盒(Rapid DNA Ligation Kit)都表示可以在5min内完成粘性末端DNA的连接。

Step3 磁性分离。将Step2的溶液进行变性解链,然后将其置于连有特定DNA单链片段即X的磁珠中,混合溶液,该片段就可以与代表起点站的片段互补。然后在磁场作用下,使磁性颗粒与溶液分离,回收颗粒(即磁珠-DNA混合物),再用洗脱液洗脱,即可以得到含有代表起点站的片段的片段。后再用另一种磁珠,它带有可与终点站片段互补的片段Y,对回收后带有终点站片段再进行上述过程,就可以得到既带有起点站片段又带有终点站片段的路径,即分离出带有X和Y片段的路径。这样,经过起点和终点片段的筛选就可以去除大量的非解,提高了之后要进行的扩增步骤的效率,减少了非特异性片段的出现。

Step4 PCR扩增。以Step3合成的DNA片段为模板,加入上游引物和下游引物,4种dNTP、缓冲液等原料在PCR仪中进行PCR反应,特异性扩增具有起点碱基序列或终点碱基序列的DNA。影响PCR结果的主要因素是 $MgCl_2$ 浓度和循环温度。此外,促进聚合酶稳定性、增加退火的严谨性、减少引物与模板的非特异性反应,均可极大地改进PCR的敏感性、特异性和产量。先利用磁性分离技术分离出那些确定的非解,如很小的片段,再进行PCR,可以有效减少扩增的目的片段,从而可减少扩增产生的非特异性片段^[15,16]。而令我们更高兴的是,文献^[17]报道,纳米碳粉的水悬浮溶液也能提高重复PCR和长片段PCR扩增特异性,这更从实质上改善了PCR技术。

Step5 凝胶电泳分离最短路径。在生物实验中,电泳主要有琼脂糖凝胶电泳和聚丙烯酰胺(PAGE)凝胶。但由于琼脂糖凝胶电泳只能区分出相差100bp的DNA片段^[18],满足不了分子计算中需要的分辨率,故生物计算模型通常采用聚丙烯酰胺凝胶电泳并通过银染实现显影。制胶时根据所需分离的DNA片段长度配制不同浓度的凝胶,一般在3.5%~20.0%。在本次试验中,需要采用20.0%的聚丙烯酰胺凝胶,其分离范围在10~100bp寡核苷酸^[19]。对Step4获得的路径根据片段进行聚丙烯酰胺凝胶电泳分离,并进行银染使显带,之后可通过煮沸法或沉淀法等回收DNA^[20]。

最近,研究者又将目光集中在可以直接读取序列的新一代测序仪,可以不经过电泳,也不用PCR,如非光学显微镜成像、纳米孔测序和碳纳米管测序。非光学显微镜成像利用扫描隧道显微镜或原子力显微镜的图像,根据独特的电子指纹,已经可以将鸟嘌呤与其他3种碱基区分开来^[21]。纳米孔测序技术还有一个非常吸引人的优势,那就是测序距离长^[22]。而碳纳米管在高速DNA测序中已经表现出巨大的潜力,甚至表现出与序列特异性相关^[23]。这些新的研究极大地增加了我们对于生物计算或DNA自组装计算的信心。

Step6 对Step5得到的最短片段进行焦磷酸测序。近年对焦磷酸测序法提到很多。此种方法具有方法简便、高效

^[1] e都市网城市地图;http://xian.edushi.com,西安运营商:陕西亿横天拓信息技术有限责任公司,审图号:陕S(2008)25号。
^[2] 2010年西安交通旅游图由西安地图出版社编制、出版、发行,审图号:陕S(2007)04号。

快速、成本低廉的优势。在一个 4.5h 的测序反应中,可以读出 2000 万个碱基。而它所需的每个碱基的测序成本是 Sanger 测序方法的几十分之一左右。目前,此种测序方法的典型代表是 454 测序仪,包括第一代基因组测序仪(GS20 系统)、第二代基因组测序仪(FLX 系统^[24])。尤其是 GS FLX Titanium,其允许分析的长度可达 400bp 以上,比最初的 25~30bpDNA 提高了很多^[25,26],这也使得分子计算可以利用焦磷酸测序这种技术。

Step7 用电子计算机比对测序结果和各公交线路的编码,得到换乘次数和换乘站点的信息,由此确定出最优路径(换乘次数最少、耗时最短)并进行解的验证。

按照预测,经过分子计算过程处理得到的最优片段可能有以下两种。

①X→八→纬→雁→家→Y,380bp。从起点站吴出发,乘坐 408,到雁换乘 34,到终点站交。总共 6 个站点,换乘两次,耗时最短,路径最优。

②X→八→纬→雁→家→沙→Y,410bp。从起点站吴出发,乘坐 408,到沙换乘 612。总共 7 个站点,耗时次之,路径次优。

根据生物操作,对本模型编程如下。

```

1  $T_0 \leftarrow \{s_i, r_j\}$ 
2 for  $i \leftarrow 1$  to  $n$  do
3   for  $j \leftarrow 1$  to  $m$  do
4     if (Watson-Crick( $s_i, r_j$ ))
5       then  $k \in (i, j)$ 
6          $k \leq m * n$ 
7          $y_k \leftarrow \left[ \frac{s_i}{r_j} \right]^{11}$ 
8       else Clear
9        $T_1 \leftarrow \{\sum y_k\}$ 
10  for  $i \leftarrow 1$  to  $k$  do
11    for  $j \leftarrow 1$  to  $i$  do
12      if ( $T_1$  denaturelize)
13        then  $T_2 \leftarrow \{\sum 2y_k'\}^{12}$ 
14        if ( $s_1 \in y_i'$ )
15          then  $T_3 \leftarrow \{\sum y_i'\}^{13}$ 
16          if ( $s_{15} \in y_j'$ )
17            then  $T_4 \leftarrow \{\sum y_j'\}$ 
18            else Clear
19          else Clear
20  for  $t \leftarrow 1$  to  $j$  do
21    if ( $P_1$  and  $y_t'$  abey  $w$  &&  $P_2$  and  $y_t'$  abey  $w$ )
22      then  $y_t \leftarrow \lambda \left[ \frac{y_t'}{y_t'} \right]^{14}$ 
23       $T_5 \leftarrow \{\sum_{t=1} \dots y_t\}$ 
24  for  $h \leftarrow 1$  to  $t$  do
25    if ( $y_h = \min\{y_t\}$ )
26      then PutInto  $T_6$ 
```

结束语 我们发现,虽然路段的权最小,但其不一定是耗时最少的路径。因为设计中经过的站点越多,就会涉及越多

的站点参与编码,而我们对参与编码的站点设置为 20mer DNA,相当于两个权值(如果觉得权值占得太多,也可以根据实际调查来取权值,并根据此权值来编码站点的 DNA 片段长度),从另一个角度我们也可以理解为此两个权值表示公交车在每个站点停车的平均延误时间。这样,耗时就包括了 3 个部分:道路长度、拥堵系数、站点延误时间,这在公交网络的研究中较少,而用生物计算来研究此问题却具有这样的天然优势,是令我们很高兴的。

本文通过对公交网络的分析,首先按照乘车时间最短并尽量保证换乘次数较少的原则建立了相应的分子算法模型,解决了换乘时间和换乘次数的优化。其次在赋权边的设计上采用了两边都具有粘性末端的方式,使得最终的结果成为完整双链且在编码模式上也更为通用。另外,本文中用到的 PCR 过程容易产生非特异性扩增,所以我们尽量在其之前就非解排除,以免非解扩大,出现特异条带增大伪解产生的可能性。本算法对公交网络优化来说是一种可以降低复杂度的新算法,对分子计算或 DNA 自组装计算的研究来说,是一次有意义的实践。本课题的研究一方面可以为公交网络查询系统的完善提供参考资料,进而方便市民出行;另一方面也可以作为公交公司改善其线路系统的参考(如增加站点、调整线路、增加发车密度等)。

参考文献

- [1] Adleman L M. Molecular computation of solutions to combination problems[J]. Science, 1994, 266(11): 1021-1023
- [2] Lipton R. DNA Solution of Hard Computation Problems[J]. Science, 1995, 268(4): 542-545
- [3] Ou-yang Qi, et al. DNA Solution of the Maximal Clique Problem[J]. Science, 1997, 278(17): 446-449
- [4] Winfree E, Yang X, Seeman N C. Universal Computation via Self-Assembly of DNA: Some Theory and Experiments[J]. American Mathematical Society, 1998: 191-214
- [5] 杨新苗, 王伟, 马文腾. 基于 GIS 的公交乘客出行路径选择模型[J]. 东南大学学报, 2000, 4(3): 87-91
- [6] 吴稼豪. 国外公交网络优化设计综述[J]. 系统工程, 1986, 4(3): 22-26
- [7] 王建林. 基于换乘次数最少的城市公交网络最优路径算法[J]. 经济地理, 2005, 25(5): 673-676
- [8] 伍雁鹏, 刘水强, 雷军程. 一种公交网络最佳出行路线选择算法[J]. 湖南科技学院学报, 2008, 29(4): 119-121
- [9] 何胜学, 范柄全. 公交网络最优路径求解算法[J]. 交通运输工程与信息学报, 2007, 5(1): 22-27
- [10] 崔光照, 牛云云, 张勋才. DNA 序列编码的研究进展[J]. 生物技术通报, 2006, 4: 16-19
- [11] 张勋才, 赵海兰, 崔光照, 等. DNA 计算的研究进展及展望[J]. 计算机工程与应用, 2007, 43(10): 44-47
- [12] 殷志祥. 图与组合优化中的 DNA 计算[M]. 北京: 科学出版社, 2004

(下转第 267 页)

11 表示 s_i 和 r_j 互补配对形成新的双链并用 y_k 表示。
 12 表示双链 y_k 变性得到 2 倍数量的单链 y_k' 。
 13 所有的 y_i' 中含有 s_1 片段的 DNA 链被保留进入下一操作。
 14 λ 表示扩增 λ 倍。单链 y_t' 与其互补链 $\bar{y}_t'$ 配对形成双链并扩增 λ 倍。

现的加利福尼亚算法,放到物联网平台中,也取得了不同程度的提升,这也从侧面证明了物联网平台的优势。

结束语 目前已经有多种技术应用于道路交通应急事件的处理,例如 GPS、视频、线圈等。基于物联网的智能交通网络可以为智能交通系统的信息采集和传输提供一种有效手段,用以监测路口各个方向上的车流量、车速等信息。本文主要介绍了利用物联网结合免疫算法来处理道路交通应急事件面临的挑战和关键技术,结合基于免疫算法的多传感器设备的信息融合方法。实验结果表明,本文提出的方法是一种非常具有前景和有效的针对交通突发事件的自动检测技术。

参考文献

- [1] Atzori L, Iera A, Morabito G. The Internet of Things: A Survey [J]. *Computer Networks*, 2010, 54(15): 2787-2805
- [2] 田景熙. 物联网概论 [M]. 南京: 东南大学出版社, 2010
- [3] Alkaabi A M S, Dissanayake D, BIRD R. Analyzing Clearance Time of Urban Traffic Accidents in Abu Dhabi, United Arab Emirates, with Hazard-Based Duration Modeling Method [J]. *Transportation Research Record*, 2011(2229): 46-54
- [4] Sommer C, Dressler F. Bidirectionally coupled network and road traffic simulation for improved IVC analysis [J]. *IEEE Transactions on Mobile Computing*, 2011, 1(1): 3-15
- [5] Engels D W, Sarma S E, Putta L, et al. The Networked Physical World System [C] // *Proceedings of the IADIS International Conference WWW/Internet (ICWI2002)*. Lisbon, Portugal: IADIS Press, 2002: 104-111
- [6] Schuster E W, Allen S J, Brock D L. Global RFID: The value of the EPCglobal network for supply chain management [M]. Berlin Heidelberg: Springer-Verlag, 2007
- [7] Faouzi N E E, Leung H, Kurian J. Data fusion in intelligent transportation systems: Progress and challenges - A survey [J]. *Information Fusion*, 2011, 12(1): 4-10
- [8] Jaber S, Rahmani A M, Zadeh A K. Trusted data fusion by using cellular automata in wireless sensor networks [C] // *Proceedings of the 8th Annual Collaboration, Electronic messaging, Anti-Abuse and Spam Conference (CEAS'11)*. New York, NY, USA: ACM Press, 2011: 145-151
- [9] Chen Y L, Wu B F, Huang H Y, et al. A real-time vision system for nighttime vehicle detection and traffic surveillance [J]. *IEEE Transactions on Industrial Electronics*, 2011, 58(5): 2030-2044
- [10] Jazayeri A, Cai H, Zheng J Y, et al. Vehicle detection and tracking in car video based on motion model [J]. *IEEE Transactions on Intelligent Transportation Systems*, 2011, 12(2): 583-595
- [11] Cao X, Wu C, Lan J, et al. Vehicle detection and motion analysis in low-altitude airborne video under urban environment [J]. *IEEE Transactions on Circuits and Systems for Video Technology*, 2011, 21(10): 1522-1533
- [12] Padmavathi G, Shanmugapriya D, Kalaivani M. A study on vehicle detection and tracking using wireless sensor networks [J]. *Wireless Sensor Network*, 2010, 2: 173-185
- [13] Farmer J D, Packard N H, Perelson A S. The immune system, adaptation, and machine learning [J]. *Physica D*, 1986, 2(1-3): 182-204
- [14] Xi G, Yue J, Zhou B, et al. Application of an artificial immune algorithm on a statistical model of dam displacement [J]. *Computers and Mathematics with Applications*, 2011, 62(10): 3980-3986
- [15] Ho C Y, Lee T E, Lin C H. Optimal placement of fault indicators using the immune algorithm [J]. *IEEE Transactions on Power Systems*, 2011, 26(1): 38-45
- [16] Khaleghi M, Farsangi M M, Nezamabadi-pour H. Pareto-optimal design of damping controllers using modified artificial immune algorithm [J]. *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, Part C: Applications and Reviews*, 2011, 41(2): 240-250
- [17] Mori K, Tsukiyama M, Fukuda T. Immune algorithm and its application to factory load dispatching planning [C] // *Proceedings of Japan/USA Symposium on Flexible Automation*. San Francisco: ASME, 1994: 1343-1346
- [18] Hong J, Lee W, Lee B, et al. An efficient production algorithm for multihead surface mounting machines using the biological immune algorithm [J]. *International Journal for Fuzzy Systems*, 2000, 2(1): 45-53
- [19] 邹贺铨. 物联多的应用与挑战综述 [J]. *重庆邮电大学学报: 自然科学版*, 2010, 22(5): 526-531

(上接第 261 页)

- [13] 杨建雄. 生物化学与分子生物学实验技术教程 [M]. 北京: 科学出版社, 2007
- [14] Wang Zhao-cai, Xiao Dong-mei, Li Wen-xia, et al. A DNA procedure for solving the shortest path problem [J]. *Applied Mathematics and Computation*, 2006, 183(1): 79-84
- [15] 陈德富, 陈喜文. 现代分子生物学实验原理与技术 [M]. 北京: 科学出版社, 2006: 38
- [16] 梁国栋. 最新分子生物学实验技术 [M]. 北京: 科学出版社, 2002: 130
- [17] 李娜, 乔光明, 糕林海, 等. 纳米材料在聚合酶链式反应体系中的应用研究进展 [J]. *分析化学评述与进展*, 2010, 38(1): 138-142
- [18] 刘梦培, 田敏, 傅大立, 等. 一种新的微卫星 PAGE 的 DNA 显带方法 [J]. *湖南农业科学*, 2010(17): 145-148
- [19] 巴克 K. 分子生物学实验室工作手册 [M]. 王维荣, 黄伟达等, 译. 北京: 科学出版社, 2005: 271-289
- [20] 史金铭, 孙野青. 单链 DNA 纯化对变性 PAGE 凝胶银染片段回收效率的提高 [J]. *生物学杂志*, 2009, 26(5): 74-76
- [21] Tanaka H, Kawai T. Partial sequencing of a single DNA molecule with a scanning tunnelling microscope [J]. *Nat Nanotechnol*, 2009, 4: 518-522
- [22] Branton D, Deamer D W, Marziali A, et al. The potential and challenges of nanopore sequencing [J]. *Nat Biotechnol*, 2008, 26: 1146-1153
- [23] Albertorio F, Hughes M E, Golovchenko J A, et al. Base dependent DNA-carbon nanotube interactions: activation enthalpies and assembly-disassembly control [J]. *Nanotechnology*, 2009, 20: 395101
- [24] 黄彦. DNA 高速测序技术及其应用 [J]. *生命科学仪器*, 2008, 6(2): 3-6
- [25] 倪红兵, 王惠民. 焦磷酸测序技术及其应用进展 [J]. *医学检验与临床*, 2006, 17(9): 1-3
- [26] Pettersson E, Lundberg J, Ahmadian A. Generations of sequencing technologies [J]. *Genomics*, 2009, 93(2): 105-111