

problème était «NP-complet» : la plupart pensent qu'on ne trouvera jamais d'algorithme rapide pour résoudre ce problème, bien que la preuve de cette supposition reste à fournir (voir *Les lois du tout ou rien*, par Jean-Paul Delahaye, *Pour la Science*, juillet 1995). Le problème du chemin hamiltonien n'est pas insoluble, mais le temps de calcul risque d'être excessivement long.

Considérons par exemple l'algorithme suivant :

Soit un graphe possédant n sommets.

1. Engendrer un ensemble de chemins aléatoires.
2. Pour chaque chemin de l'ensemble :
 - a. Vérifier si le chemin part du sommet de départ et se termine au sommet d'arrivée. Sinon, le retirer de l'ensemble.
 - b. Vérifier si ce chemin passe exactement par n sommets. Sinon, le retirer de l'ensemble.
 - c. Pour chaque sommet, vérifier que ce chemin y passe. Sinon, retirer ce chemin de l'ensemble.
3. Si l'ensemble n'est pas vide, alors il existe un chemin hamiltonien. Si l'ensemble est vide, alors il n'existe pas de chemin hamiltonien.

Cet algorithme est imparfait, mais si l'ensemble des chemins est engendré de manière suffisamment aléatoire et si l'ensemble résultant est suffisamment grand, alors cet algorithme donnera probablement la solution. C'est cet algorithme que

j'ai mis en œuvre dans la première expérience de calcul avec l'ADN.

Sept jours dans un laboratoire

Pour cette première expérience, j'ai cherché un problème suffisamment simple pour qu'un prototype d'ordinateur à ADN le résolve, mais suffisamment important pour constituer une preuve indubitable de l'intérêt de ces nouvelles machines. J'ai choisi un graphe comportant sept villes et 14 vols, représenté page 58. À la main, on met en moyenne une minute pour trouver l'unique chemin hamiltonien de ce graphe (vous pouvez commencer maintenant...).

Pour examiner la technique utilisée, considérons le graphe qui contient quatre villes seulement : Toulouse, Grenoble, Rennes et Lille, reliées par six vols. On cherche un chemin hamiltonien qui part de Toulouse et qui finit à Lille.

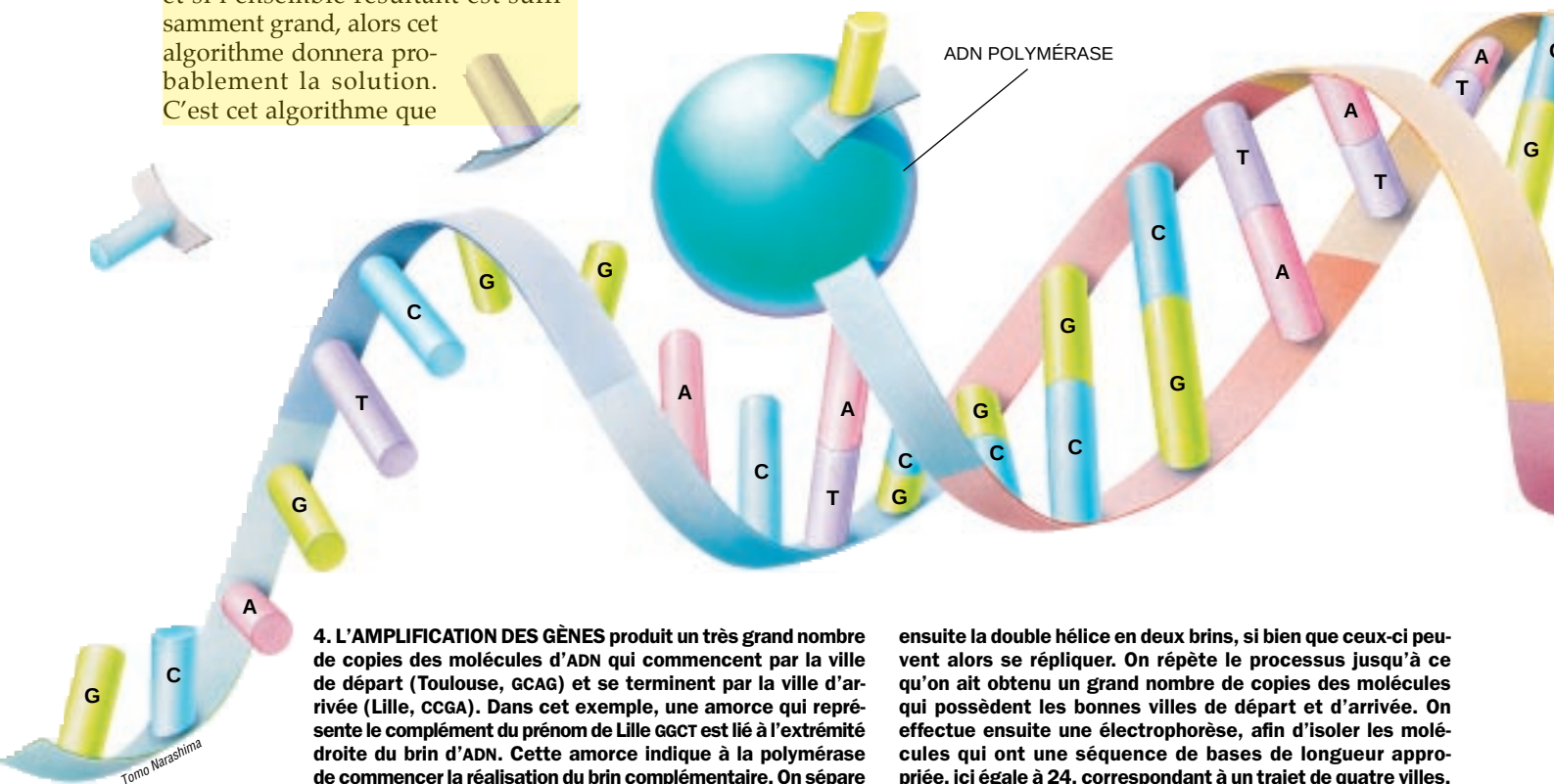
J'ai commencé par attribuer une séquence aléatoire d'ADN à chacune des villes : à Toulouse, j'ai associé ACTTGCAG, et à Grenoble TCGGACTG. J'ai alors imaginé que la première moitié des séquences était le prénom des villes et la seconde moitié leur nom propre. Ainsi le nom propre de Toulouse est GCAG, et le prénom de Grenoble TCGG.

J'ai ensuite codé chaque vol en mettant bout à bout le nom propre de la ville d'origine avec le prénom de la ville d'arrivée. Dans notre exemple, le code du vol reliant Toulouse à Grenoble est GCAGTCGG.

Comme on peut former un ADN complémentaire de tout brin d'ADN, chaque ville possède un nom complémentaire. Le nom complémentaire de Toulouse est TGAACGTC.

Après avoir effectué ces codages, j'ai synthétisé les séquences d'ADN complémentaires des noms de ville et les séquences des codes des vols. J'ai ensuite pris une pincée de chaque séquence, environ 10^{14} molécules que j'ai placées dans un tube à essai. Pour que le calcul commence, j'ai simplement ajouté de l'eau, de la ligase, du sel et quelques autres composants qui reproduisent les conditions qui règnent à l'intérieur d'une cellule. En tout, j'ai utilisé un cinquième de cuillère à café de solution et, une seconde plus tard, j'avais la solution du problème du chemin hamiltonien.

Afin de comprendre le déroulement du calcul, examinons les réactions dans le tube. Le numéro du vol reliant Toulouse à Grenoble (GCAGTCGG), par exemple, et le nom complémentaire de Grenoble (AGCCTGAC) peuvent se rencontrer par hasard. Or, par construction, la première séquence se termine



ensuite la double hélice en deux brins, si bien que ceux-ci peuvent alors se répliquer. On répète le processus jusqu'à ce qu'on ait obtenu un grand nombre de copies des molécules qui possèdent les bonnes villes de départ et d'arrivée. On effectue ensuite une électrophorèse, afin d'isoler les molécules qui ont une séquence de bases de longueur appropriée, ici égale à 24, correspondant à un trajet de quatre villes.