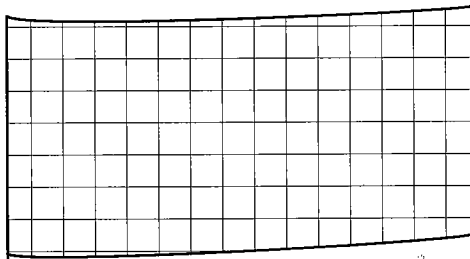


解説

ナチュラル コンピューテーション

—生命現象から学ぶ
新しい計算パラダイム



横森 貴

早稲田大学教育学部数学教室
yokomori@mn.waseda.ac.jp

自然界に学ぶ計算—歴史的背景

『ナチュラルコンピューテーション (Natural Computation)』という言葉にまだ耳慣れない読者も少なくないであろう。専門用語としてもまだ定着した定義はないと思われる。たとえば、この言葉がタイトルとして現れている文献⁵⁾では「自然界の法則を利用して、与えられた感覚データから生物が正しい推測を導き出すための計算過程」という意味で用いられている。また、いわゆる「遺伝的アルゴリズム (GA) による進化計算 (Evolutionary Computation)」の同意語として用いている文献もある。ここでは、より広範な視点から『自然界におけるあらゆる現象に潜む計算的な側面や情報処理的な原理』を意味する、としよう。

この意味での自然現象に動機付けられたナチュラルコンピューテーションとみなせるいくつかの計算モデルがすでに提案されている。そのうちで最も活発に研究されている“自然現象”は生体系にみられる情報処理現象であり、その計算主体も核酸、アミノ酸、タンパク質、細胞など多様なレベルにわたっている。これらは通常「分子コンピューティング」と呼ばれる。

『分子コンピューティング』とは従来「自然界におけるあらゆる生命系が行っている分子生物学的レベルの情報処理」を意味するが、また「生命系あるいはそれを真似た人工的なシステムによる高分子を用いた情報処理」を意図する文献もある。前者は(典型的には)“脳神経細胞による情報処理”などを含み、バイオコンピューティングの一例ともみられる。ここでは、後者をより具体的に特化して『分子レベルの生物化学的、物理化学的な性質に基づく計算メカニズム』を意味する、としよう。ところで、「分子コンピュータ(あるいは分子コンピューティング: Molecular Computing)」という言葉が使われ始めたのはそれほど最近のことではない。VaintsvaigとLiebermanは1973年の学術誌 Biofizikaにおいて、すでに“cell molecular computer”という言葉を用いて酵素によるDNAの修飾が計算とみなせることを論じている⁷⁾。これはいわゆる“RNAの編集(editing)”という現象が発見される以前の時期であり、非常に興味深い。また、計算機科学においてはこの分野の草分け的な研究者の一人であるM. Conradは1974年に *molecular automata* という言葉を用いているが、そこでは神経系(いわゆるニューラルネットワーク)における情報処理を論じていて、どちらかというとはバイオコンピューティングに属する。

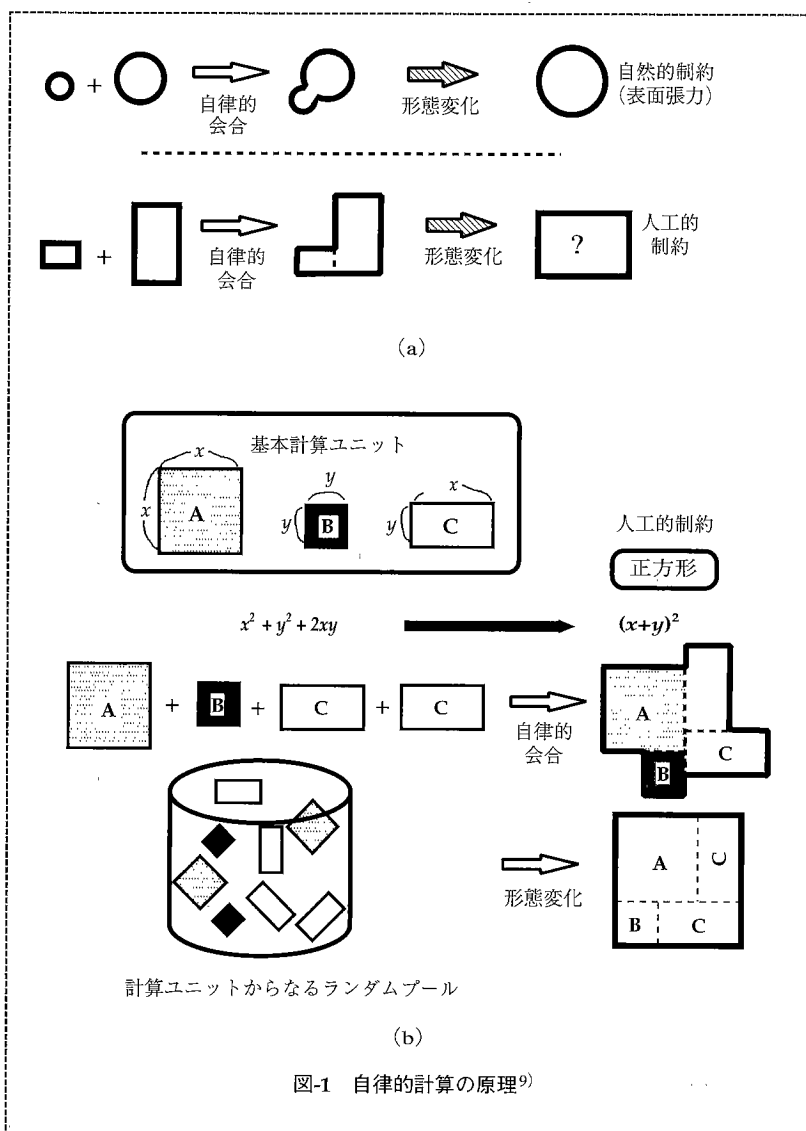


図-1 自律的計算の原理⁹⁾

彼はその後の一貫した研究において(少なくとも)1985年には『On Design Principles for a Molecular Computer』と題する論文を書き、タンパク質などの高分子の性質を利用する情報処理能力について考察し、また1992年には『Molecular Computing Paradigms』なるタイトルの特集を編集している。

このような背景において、今日的な『分子コンピュータ・ブーム』の火付け役となったのはL. Adlemanである。RSA公開暗号系の提案者の一人として知られている計算機科学者である彼が1994年に科学雑誌Scienceに発表した論文はコンピュータサイエンスにおけるある読者層に強烈なショックを与えた。彼は、計算機科学において非常に難しいとされているNP完全問題の1つである有向ハミルトンパス問題を取り上げ、DNA分子上に問題を符号化し、分子生物学における実験手法を駆使してこの問題を解いたのである¹²⁾。

本稿では“ナチュラコンピュテーション”における「分子計算の理論モデル」を中心に焦点を当て、特に最近提案され、活発に研究されている2つの計算理念・計算原理を取り上げる。すなわち、(1)自己組織化と形態変化に基づくモデル、および(2)細胞膜モデル、という新しい計算モデルについて概説する。近年多くの理論的な研究成果が発表されている遺伝子組み替え(スプライシング)に関する計算モデルについては他の文献(たとえば、文献4)などを参照されたい。

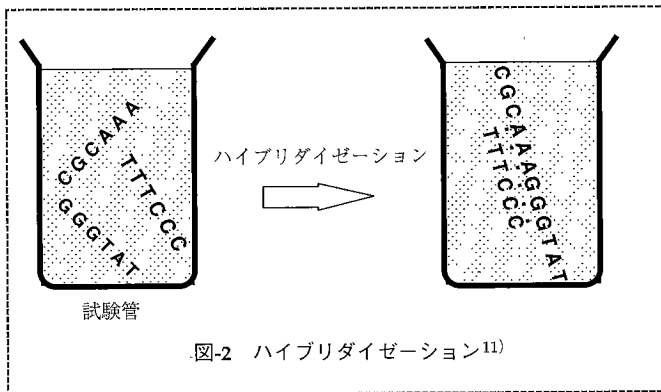
自己組織型計算モデル

我々が日常目にするさまざまな自然界における現象の中には、“計算”とみなせるものがある。たとえば、木の葉に垂れ落ちたいくつかの雨粒が次々と融合することによって徐々に成長して大きな水滴になるような現象は、加算という基本操作が“自己組織的(自律的)”に行われているとみなせる(図-1(a))。また、生命活動の基本的現象の1つとして、細胞内では与えられたいくつかのタンパク質の単位分子がある決まった順序で規則正しく会合し、意図された複雑な構造体を形成することなどが思い浮かぶ。

後者はあらかじめプログラム化された通りにタンパク質分子が会合するので、“符号化に基づく自律的会合(coded self-assembly)”と呼ばれるが、前者はH₂Oという分子(素材)の持つ自然な性質と表面張力というエネルギー最小化の自然な法則を利用しており、“非符号化に基づく自律的会合(uncoded self-assembly)”という。

一方、学問全体を振り返って眺めると“自己組織化の原理”は生命科学のみならず機械などの工学一般、あるいは社会科学においてさえも見られ、実にさまざまな学術分野における研究対象となっていることは注目に値する。

ところで、上記の雨垂れの例において丸い雨粒を任意の図形で、また表面張力という自然界における制約を人工的な制約で各々置き換えたとき、どのような“現象”が展開される(計算が実現される)であろうか? たとえば、雨粒の代わりに「いくつかの長方形からなる基本計

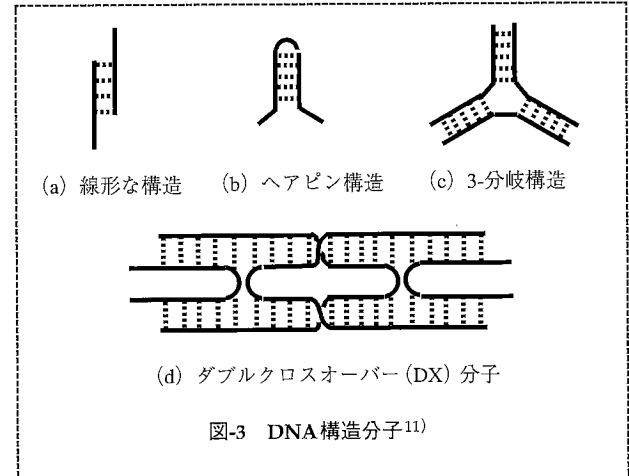


算ユニットの集合」を用意する。これらの基本ユニットは互いに自律的に会合し融合することができると仮定する。そしてある一定以上の濃度を持つ各基本ユニットが含まれる溶液（ランダムプールと呼ぶ）を生成し、一定時間そのままにしておき会合させる（図-1 (b)）。会合によって生成された構造体の中から、人工的な制約としての“正方形”という性質を満たすものを見つけ出す。この一連の操作は、 $(x^2+2xy+y^2) = (x+y)^2$ なる因数分解を実行しているとみなすことができる（この計算過程には通常の算術演算はまったく関与していないことに留意されたい）。

このような考えに基づく計算モデルはより一般的な枠組みにおいて論じることができ、実際計算能力として万能なモデルが後述される⁹⁾。

さて、DNA分子を用いて自己組織的な計算を行う場合、自律的な会合（セルフアセンブリ）を実現させる基本メカニズムとしてはハイブリダイゼーション（hybridization）を利用するのが一般的である。ハイブリダイゼーション（またはアニーリング）とは、1本鎖のDNA分子（塩基配列）におけるAとTおよびCとGのいわゆるワトソン・クリックの相補塩基対が水素結合する性質をいう^{☆1}（図-2）。

このハイブリダイゼーションという現象は、いったん温度や溶液の濃度などを調整して分子生物実験のパラメータ設定を行うと、あとは外界からの制御を必要とせずに自動的に実現できるという利点がある。すなわち、現在の分子生物学で知られている技術によって自動的にDNA計算を実現する計算システムを構成できる可能性がある。このような動機から、セルフアセンブリを主要な基本操作とするモデルを最初に提案し、その計算可



能性を研究したのはWinfreeである⁸⁾。彼は以下に述べるように、線形構造のDNAではなく2次元構造を持ったDNAの構造分子をセルフアセンブリの基本構成要素として用いることにより、チューリング機械と同等の計算能力が得られることを示した。

ジグソーパズル型計算モデル

WinfreeはDNA分子の構造として図-3に表されるような4種類のDNA構造分子、すなわち (a) 線形の構造を持つ構造分子、(b) ヘアピン構造を持つ分子、(c) 3-分岐構造を持つ構造分子、(d) ダブルクロスオーバー（DX）分子、の各々をセルフアセンブリの構成要素に用いたときの計算能力の解析を行った^{☆2}。ここでの計算の目的はこれらの構造分子を用いてある形をした“最終模様”を自律的に組み立てること（セルフアセンブリ）であり、いわば“ジグソーパズル・モデル”である。

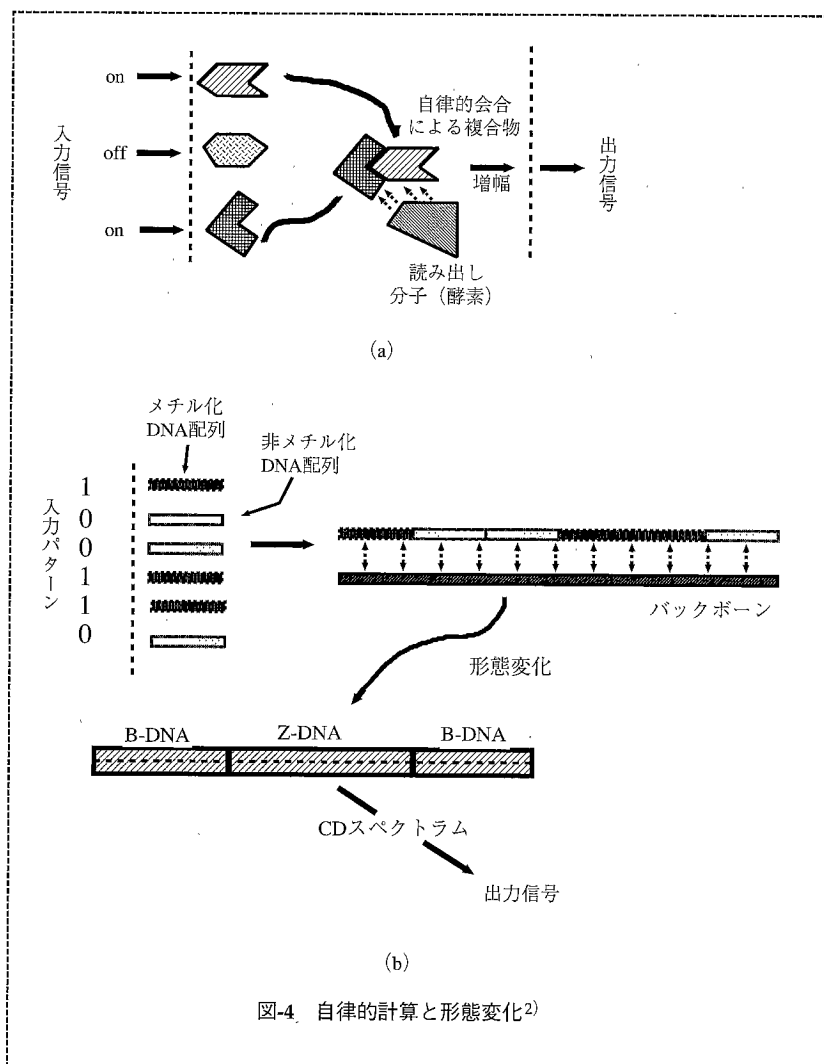
Adlemanの実験では基本的に線形構造のDNAしか用いていないが、以下の結果は線形な構造を持つDNAだけのセルフアセンブリの能力はそれほど高くはないことを説明している。一方、線形の構造を持つ構造分子以外に3-分岐構造を持つ構造分子、ヘアピン構造を持つ分子などをうまく用いるとDNAを木構造状にアセンブリしていくことが可能になる（3-分岐構造を持つ構造分子を枝の分岐に使い、葉を構成するのにヘアピン構造の分子を用いる）。これは文脈自由文法の構文解析木をセルフアセンブリによって構成できることを示唆しており、事実、Winfreeは以下を示している。

結果¹⁸⁾

(1) 線形な構造を持つDNA構造分子によるセルフアセンブリによって生成される言語族は正則言語族に一致する。

☆1 Adleman による有向ハミルトンパス問題の実験¹²⁾ では、最初のステップで解の候補の自律的な生成にセルフアセンブリのメカニズムが初めて用いられた。

☆2 これらの構造分子の実現可能性はすでに実験的に証明されている。



(2) 線形な構造を持つ DNA 構造分子、ヘアピン構造を持つ分子、および、3-分岐構造を持つ構造分子を用いたセルフアセンブリによって生成される言語族は文脈自由言語族に一致する。

さらに、DX 構造分子を用いると万能の計算能力、すなわち Turing 機械と等価な計算能力を得ることができるが、その証明は 1 次元セルオートマトンの模倣に基づいている。

結果²⁸⁾

線形な構造を持つ DNA 構造分子、および、DX 構造分子を用いたセルフアセンブリによって生成される言語族は帰納的可算言語族^{☆3)}に一致する。

形態変化による計算モデル

本節と次節ではセルフアセンブリを基本としつつ、さらに“形態変化 (conformational change)”という新しい

概念を導入することによって得られる計算モデルについて紹介する。

一般に、DNA、RNA などの生体分子やタンパク質などの高分子はその置かれた環境によってさまざまな形態をとり得ることが知られている。特に DNA はそれが 2 重らせんを形成するとき B-DNA と Z-DNA と呼ばれる 2 種類の形態をとり、これらの状態は同一の DNA 配列上では BZ 領域と呼ぶ配列を介して同時に起こり得る。

Conrad と Zauner は DNA の持つ上述の性質を利用する計算モデルを提案している²⁾。彼らの計算モデルの基礎になっている考え方を示すと図-4 (a) のようになる。この計算モデルは記号列パターンの認識を以下のようにして実現する：入力信号は各々ある分子の形態に符号化されており、それぞれの入力に伴いその分子が放たれる。個々の分子はその形態的な特異性によって自律的に会合するが、最終的に得られる構造分子を取り出す (読み出す) ためにはその分子の形態を認識する酵素が用いられる。

上述の計算スキームを実現する 1 つの方法として、DNA を用いる手法の概略が図-4 (b) に示されている。この例では入力

記号 1(0) は各々メチル化された (メチル化されていない) あるオリゴヌクレオチド^{☆4)}によって符号化されており、入力パターン 100110 が受信されたとき対応する DNA 配列分子が次々と放出される。これらは、バックボーンと呼ばれる入力パターンの相補配列からなる 1 本鎖 DNA とハイブリダイズし結果として入力パターンを反映する Z-DNA と B-DNA の比率を有する構造分子を形成する。この Z-DNA と B-DNA の比率は CD スペクトル^{☆5)}という技法によって決定され、出力信号が生成される。

このように、個々の分子に特異的な形態認識の機能と自由エネルギー最小化の原理に基づく形態変化を利用することにより、“記号列パターンの認識問題”が“構造分子を検出する問題”へと変換されていることに留意されたい。

☆3 Turing 機械で認識できる言語族。

☆4 長さの短い DNA 配列。

☆5 環状に極性化された光の 2 色性結晶スペクトル (circular dichroism Spectrum) の性質の違いを利用する。

「計算＝自律的会合＋形態変化」モデル

AdlemanのDNA計算手法では、自律的会合という概念は基本として用いられているが、形態変化という考え方は少なくとも陽に現れてはいない。しかし、ハイブリダイズさせたあと解候補配列の中から正しい解を表す配列を選び出す過程では完全2重鎖というDNA2次構造の性質を用いている。

セルフアセンブリ原理と形態変化に基づくもう1つの計算モデルとして最近筆者が提案したものにYAC (Yet Another Computation of Self-assembly) がある⁹⁾。

YACは『任意の帰納的可算言語 L は次のような標準形文法 $G = (\{S, A, C, G, T\}, \Sigma, P \cup \{TA \rightarrow \varepsilon, CG \rightarrow \varepsilon\}, S)$ 、ただし P 要素は $S \rightarrow uSv$ または $S \rightarrow u$ ($u, v \in (\{A, C, G, T\} \cup \Sigma)^*$)の形、によって生成可能である』という事実を利用している。

任意に与えられた入力記号 $w \in \Sigma^*$ に対して「 w が L の要素か否か？」を判定したいとする。ここで、 L は標準形文法 G によって生成されるとする。

YACモデルは図-5 (a) のような構造分子の計算ユニットを持ち、計算過程はセルフアセンブリ原理に基づき行われる。図中の (α) の形の計算ユニットは上述の標準形文法のすべての $S \rightarrow uSv$ なる形の生成規則に対応し、 (β) の形の計算ユニットは $S \rightarrow u$ なる形のすべての生成規則に対応している。さらに、計算ユニット (C_w) は入力 w の情報をバイナリコーディングした記号列 z_w を反映させた1つの構造分子である。

YACにおいて用いられる操作は基本的に次の3つからなる：

- アニーリング (annealing)：解離して変性した1本鎖DNAを温度を下げることにより2本鎖にする。
- 融解 (melting)：高温 (90度C以上) にすることにより溶液中のハイブリダイゼーションしている2本鎖DNAを解離させて1本鎖DNAにする。
- 2重鎖検知 (d-Detect)：溶液中に完全な2重鎖を形成するDNA分子があるか否かを検知する。

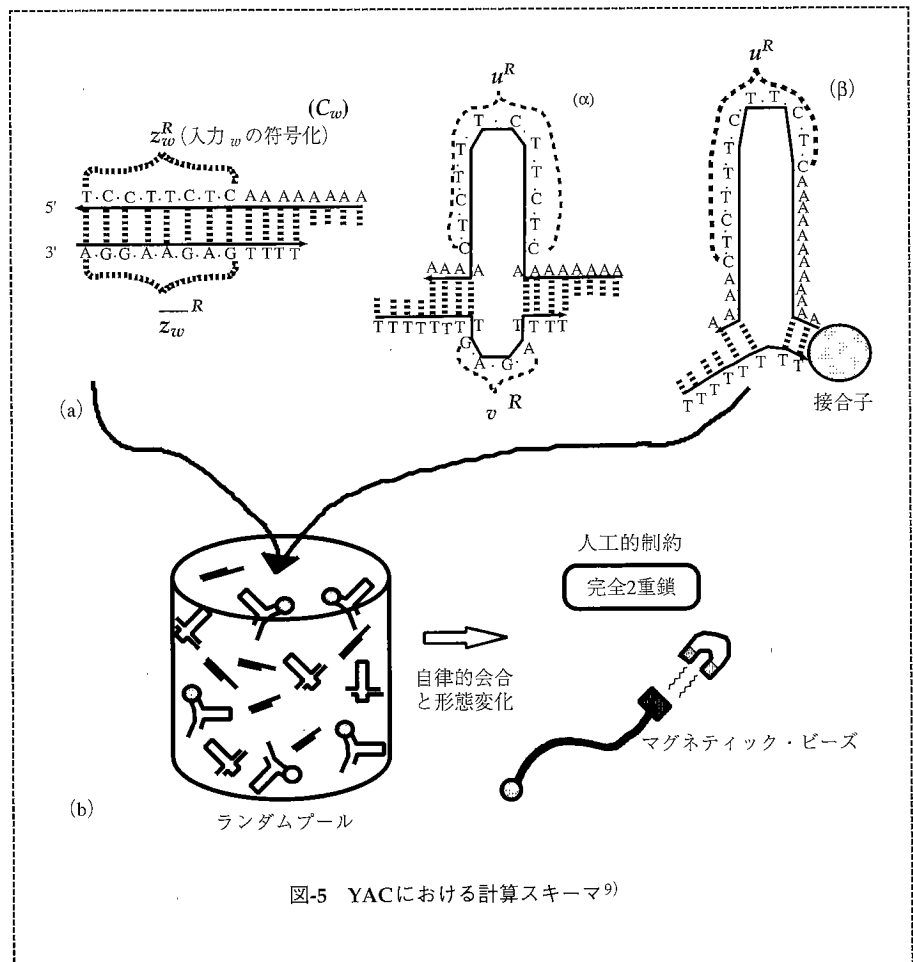


図-5 YACにおける計算スキーマ⁹⁾

これらの操作を用いて行われるYACにおける計算スキーマが図-5 (b) に示されている。すなわち、 w が L の要素か否かを判定するために、YACは上記の標準形文法 G における w の導出過程をシミュレーションする。まず、(1) 3種類の基本ユニットからなるランダムプールを作製する。(2) ハイブリダイゼーションにより G による w の正しい導出過程の候補が自律的に生成される。(3) 正しい導出があるとすれば、それは「完全な2重鎖DNA分子」の形として存在することより、2重鎖検知操作によりそれを認知する。この検知操作はマグネティック・ビーズを付加したプローブ (probe) を用いるよく知られた実現手法が適用される。

このとき、標準形文法 G の正しい導出過程に関する性質により、命題「 $w \in L \iff$ ある完全な2重鎖DNA分子が最終段階の試験管内に存在する」が成り立つことが示せる。ここで、YACモデルは“標準形文法 G における2つの消去規則 $TA \rightarrow \varepsilon$ と $CG \rightarrow \varepsilon$ の実行”を、各々“核酸TとAおよびCとGとの相補性チェック”という作業に変換して実現している点が興味深い。

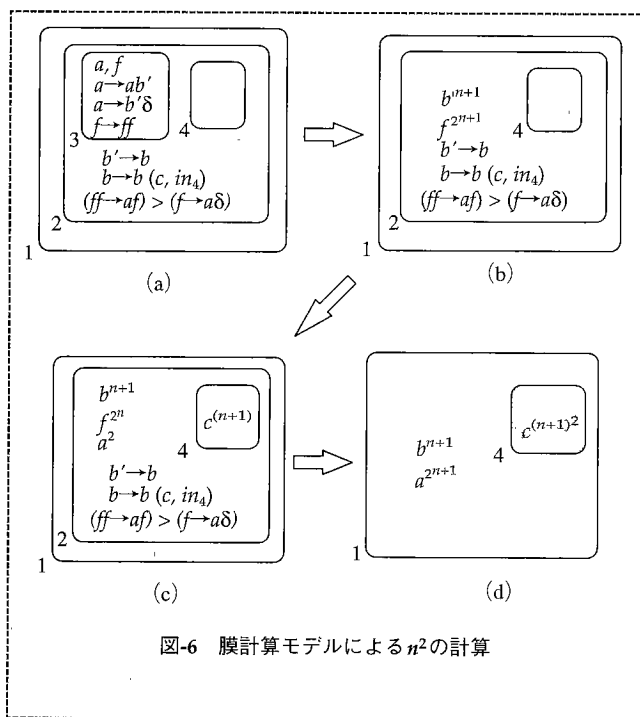


図-6 膜計算モデルによる n^2 の計算

結果3

任意の帰納的可算言語はYACモデルによって認識可能である。

なお、文献10)では「計算＝自律的会合＋形態変化」パラダイムにおいて、ハミルトンパス問題や3充足可能性問題などの具体的な問題を解く技法が示されている。

細胞膜による計算モデル

Păunは“細胞”を1つの計算主体とする「膜計算モデル」を提案している³⁾。この計算モデルは細胞の膜組織を巧みに用いて計算過程を制御するという考えに基づいている。

遷移スーパーセルシステム (Transition Super-Cell System) を例にとって細胞膜を用いた計算とはどのようなものであるかを、その計算過程とともに説明しよう。遷移スーパーセルシステムとは次のような系 $G = (V, \mu, M_1, \dots, M_4, (R_1, \rho_1), \dots, (R_4, \rho_4), 4)$ をいう。ここで、 $V = \{a, b, b', c, f\}$ は計算対象の要素からなる有限アルファベットであり、 $\mu = [1[2[3[4[4]2]1]$ は図-6(a)のような4つの膜からなる構造を表す。 $M_i (i=1, \dots, 4)$ は対応する膜内における対象要素の多重集合を、また各 (R_i, ρ_i) は関係 ρ_i によって決定される優先順序を持つ進化規則の有限集合 R_i である。具体的には、図-6(a)では、

$$R_2 = \{b' \rightarrow b, b \rightarrow b(c, in_4), r_1: ff \rightarrow af,$$

$$r_2: f \rightarrow a\delta\}, \rho_2 = \{r_1 > r_2\}$$

$$M_3 = \{a, f\}, R_3 = \{a \rightarrow ab', a \rightarrow b'\delta, f \rightarrow ff\}$$

であり、他の要素はすべて空集合である（簡単のため優先順序にかかわる規則のみラベル付けされている）。Gの最後の数字4は“膜4が出力膜として指定されている”ことを示す。

ここで以下のような基本的規約を仮定する：

- (1) 各膜内では独立に（並列に）対象要素が規則によって進化し計算が実行される。
- (2) (もしあるならば) 優先順序はどの規則が適用されるかを決定する。さもなければ、規則の選択は非決定的に行われる。
- (3) 対象要素 a はその計算資源の量としての多重度 i_a (自然数) を持ち a^{i_a} のように表される。
- (4) 各対象要素はその多重度のみが意味を持ち、表現される位置・順序は意味を持たない。
- (5) 計算結果は指定された出力膜内に産出される対象要素の多重集合として表される。

さて、この例では規則を適用すべき対象要素 (a と f) が M_3 にのみあるので計算はここから始まる。膜3の内部において、 a は非決定的に規則 $a \rightarrow ab'$ と規則 $a \rightarrow b'\delta$ が適用されるが、いったん規則 $a \rightarrow b'\delta$ が用いられると記号 δ が導入される。この記号 δ の出現はその膜内での計算の終了を意味する。したがってこの例の場合、膜3は R_3 の規則とともに消滅する。一般に、規則 $a \rightarrow ab'$ が n 回と最後に規則 $a \rightarrow b'\delta$ が1回適用されることにより、 a から b^{n+1} が導かれる。このとき同時に f に規則 $f \rightarrow ff$ が $(n+1)$ 回適用され、 $f^{2^{n+1}}$ が導かれる（この時点での計算状況が図-6(b)に示されている）。

膜3が消滅したことにより膜2には（図-6(b)のように）対象要素 b^{n+1} と $f^{2^{n+1}}$ とが存在することになり、今度は膜2の内部で計算が続行される。ただし、ここでは f に関する規則の適用は優先順序 ($r_1 > r_2$) の高い規則 $r_1: ff \rightarrow af$ をできるかぎり適用する。1回の適用で f の個数は半減し、 a の個数は倍増していく。これは n 回起こり、 f の個数が1個になった時点で最後に規則 $r_2: f \rightarrow a\delta$ が適用される。これと同時にまず規則 $b' \rightarrow b$ を1回適用すると b^{n+1} から b^{n+1} が得られる。ところで、規則 $b \rightarrow b(c, in_4)$ の意味は「現在の膜内で b を b へ進化させ、同時に膜4内で c へと進化させる」ことを意味する。その結果、この規則を1回適用することにより、先の b^{n+1} は（膜2の内部でそのまま b^{n+1} を生成すると同時に）膜4において新たに c^{n+1}

を導くことになる(図-6(c)を参照). この計算は f^{2^n} が最終的にすべて $a^{2^{n+1}}$ へと変換されるまで合計で $n+1$ 回行われるので, 膜4内において生産される c の個数は総計で $(n+1)^2$ となる(図-6(d)を参照). このように, G によって計算される集合は $L(G) = \{n^2 | n \geq 1\}$ となる.

結果4

遷移スーパーセルシステムの計算能力はTuring機械と等価である.

文献3)ではスーパーセルシステムの枠組みを基にした膜計算モデルの変形版として, 書き換えスーパーセルシステムと組み換えスーパーセルシステムと呼ぶ2つのモデルが提案され, 各々計算能力がTuring機械と等価であることが示されている.

今後の展望

本稿で触れることができなかったほかの重要な計算モデルとしてスプライシングモデルがある4). また, 2重鎖DNAを2テープの作業領域として利用するオートマトンタイプの計算モデル4), 生きた細胞を利用する細胞計算モデル13), タンパク質の生体内反応に基づく論理回路の設計1), 化学反応系を利用する計算モデル6)などに関する興味深い研究は各々の文献を参考にされたい.

分子コンピュータはシリコンベースの現在のコンピュータに対して, 原理的には速度・エネルギー効率・記憶容量などの点において潜在的な優位性を持っているが, 基本的なDNA計算操作の実行精度の改良, 解ける問題サイズのスケールアップ化, プログラム可能な計算メカニズムとそのアーキテクチャの開発など, 実現可能性の観点からすると解決すべき問題は少なくない. 現在, DNAコンピュータの実験的研究においてはより実際のサイズの問題を解くことを目指している. そのためには, 少量のDNAで計算が可能なアルゴリズム, 正確で速くて収率がよく, しかも全自動化が可能なDNA分子反応でDNAコンピューティングを実現することが求められている.

本稿で紹介したように分子コンピュータの実現手法に関する研究の現状はいわば“DNAコンピュータ”が主流である. 一般に, 生体内における高分子による化学的反応系の性質は組合せ的複雑度を持ち, それらの中から計算メカニズムに利用可能な反応(現象)をプリミティ

ブとして抽出することは興味深い課題である. このように, DNAのみならずRNA, タンパク質などの高分子を用いたより広範な意味での『分子コンピュータ』の可能性の探究とその実現への取り組みは重要な今後の研究課題として残されている.

最後に, 分子コンピュータの包括的な理論に関する参考書として文献4)がある. また我が国の『分子コンピュータ・プロジェクト』の現状に関しては文献15)を参照されたい.

謝辞 本稿の執筆に際して文献14)を参考にした. 本稿は日本学術振興会・未来開拓事業プロジェクト『分子コンピュータの理論と構築』(JSPS-RFTF96I00101)および文部省科学研究費補助金(萌芽的研究No.11878055)の援助を受けている. 日頃よりご指導を賜っている萩谷昌己氏(東京大学大学院), 実験班の陶山 明氏(東京大学大学院), 理論研究班の榊原康文氏・小林 聡氏(東京電機大学)に感謝します.

参考文献

- 1) Bray, D.: Protein Molecules as Computational Elements in Living Cells, *Nature*, 376, pp.307-312 (1995).
- 2) Conrad, M. and Zauner, K.-P.: DNA as a Vehicle for the Self-assembly Model of Computing, *BioSystems*, Vol.45, No.5, pp.59-66 (1998).
- 3) Păun, G.: Computing with Membranes, *J. Computer and System Sciences*, in Press and Turku Center for Computer Science Tech. Report No. 208 (Nov. 1998).
- 4) Păun, G., Rozenberg, G. and Salomaa, A.: DNA Computing: New Computing Paradigms, Springer-Verlag (1998). (横森・榊原・小林訳: DNAコンピューティング—新しい計算パラダイム, シュプリンガー東京(1999)).
- 5) Richards, W. (Ed.): *Natural Computation*, MIT Press (1988). (田中・石川・平原訳: ナチュラルコンピューテーション1・2, パーソナルメディア(1994)).
- 6) Suzuki, Y. and Tanaka, H.: Symbolic Chemical System Based on Abstract Rewriting System and Its Behavior Pattern, *J. Artificial Life Robotics*, 1, pp.211-219 (1997).
- 7) Vaintsvaig, M.N. and Liberman, E.A.: Formal Description of Cell Molecular Computer, *Biofizika*, 18, pp.939-942 (1973).
- 8) Winfree, E.: Universal Computation via Self-assembly of DNA: Some Theory and Experiments, In Landweber and Baum editors, *DNA Based Computers II: Proc. of the Second DIMACS Workshop*, DIMACS Series in Discrete Mathematics and Theoretical Computer Science Vol.44, American Mathematical Society, pp.172-190 (1998).
- 9) Yokomori, T.: YAC: Yet Another Computation Model of Self-Assembly, *Proc. of 5th DIMACS Workshop on DNA Based Computers*, MIT, USA, pp.213-227 (June 1999).
- 10) Yokomori, T.: Computation = Selfassembly + Conformational Change: Toward New Computing Paradigm, *Proc. of 5th Development in Language Theory (DLT99)*, Aachen, pp.21-30 (July 1999).
- 11) 小林 聡, 榊原康文, 陶山 明, 横森 貴: 分子コンピュータ—その理論と実験, *Computer Today*, Vol.89, pp.21-30 (1999).
- 12) 萩谷昌己(訳): L. Adleman, "Computing with DNA (DNAコンピュータで問題を解く)", *日経サイエンス*, Vol.28, No.11, pp.20-29 (1998).
- 13) 萩谷昌己: DNA計算の新基軸, *人工知能学会誌*, Vol.15, No.1, pp.43-50 (2000).
- 14) 横森 貴: 分子コンピューティング—新計算パラダイムの探究, *人工知能学会研究会資料(招待講演)SIG-FAI-9804-13* (Mar. 1999).
- 15) 分子コンピュータプロジェクト・ホームページ:
http://nicosia.is.s.u-tokyo.ac.jp/MCP/index_j.html

(平成12年4月13日受付)



