
発表概要

分子計算から見た並行計算 —Making Chemical Abstract Machines More Chemical—

萩谷 昌己[†] 西川 明男[†]

DNA やタンパク質などの生体分子を用いた分子計算は、分子が選択的にアSEMBル (会合) して巨大分子になること、個々の分子が状態を持ち状態を遷移させることなどの特徴を有している。本発表では、生体分子のこのような特徴を生かすために、会合・分解・状態遷移の三つの基本反応から成る分子計算のための新しい計算モデルを提案する。次に、この計算モデルの視点から、CSP・CCS・ π 計算・Ambient 計算などの並行計算の批判を行なう。

Concurrency Calculi from the Viewpoint of Molecular Computing —Making Chemical Abstract Machines More Chemical—

MASAMI HAGIYA[†] and AKIO NISHIKAWA[†]

Biomolecules such as DNA and protein have the following features. They can assemble together to form a huge molecule. Each molecule has its own state and can make state transition. In this presentation, in order to make use of these features of biomolecules, we propose a new computational model for molecular computing that consists of three basic reactions, assembly, decomposition and state transition. We then criticize concurrency calculi such as CSP, CCS, π -calculus and Ambient calculus from the viewpoint of this computational model.

(平成 11 年 1 月 23 日発表)

[†] 東京大学大学院理学系研究科
Graduate School of Science, University of Tokyo