

# 目 次

## まえがき

論文誌発行にあたって  
編集にあたって

中森真理雄 i  
白石洋一 ii

## 招待論文

Mathematical Analysis of Uncertainty in Agent Systems George Cybenko, Katsuhiko Moizumi 1

## オリジナル論文

Energy Function based on Restrictions for Supervised Learning on Feedforward Networks

Alexandra I. Cristea, Toshio Okamoto 15

チャンネル割当問題の解法 宮本裕一郎, 松井 知己 23

Specification and Verification of Memory Consistency Models for Shared-Memory Multiprocessor Systems

高田 司郎, 田口 研治, 城 和貴, 福田 晃 33

変数オリエンティッドなデータ依存関係モデルの提案

笹倉万里子, 城 和貴, 國枝 義敏, 荒木啓二郎 45

Langton の自己増殖ループをもとに構成した構造解消可能型自己増殖ループ 佐山 弘樹 55

Information Physics Based on the Emergence Hypothesis and a Proof of Computational Universality of

Single-NOT Networks 稲垣 耕作 68

カオスの縁のデジタル性について 稲垣 耕作 76

An Approximation Algorithm for Genome Rearrangements with Reversals and Transpositions

松田 秀雄, 山中 啓之, 橋本 昭洋 82

木探索アプローチによるタンパク質立体配座解析と大規模並列計算機上での高速解析システムの構築

安藤 誠, 秋山 泰, 鬼塚健太郎, 野口 保 91

多次元分布の線形基底変換による圧縮表現の提案, 及びタンパク質残基間相対位置の分布への応用

鬼塚健太郎, 野口 保, 安藤 誠, 秋山 泰 105

タンパク質立体構造データの配列および原子間距離による分類と非冗長化された PDB 代表タンパク質チェーンデータベース (PDB-REPRDB) の作成

野口 保, 秋山 泰, 鬼塚健太郎, 安藤 誠 117

## CONTENTS

### Preface

Foreword	M. Nakamori	i
Editor's Introduction	Y. Shiraishi	ii

### Invited Paper

Mathematical Analysis of Uncertainty in Agent Systems	G. Cybenko, K. Moizumi	1
---	------------------------	---

### Regular Papers

Energy Function based on Restrictions for Supervised Learning on Feedforward Networks	A.I. Cristea, T. Okamoto	15
Algorithms for channel assignment problems	Y. Miyamoto, T. Matsui	23
Specification and Verification of Memory Consistency Models for Shared-Memory Multiprocessor Systems	S. Takada, K. Taguchi, K. Joe, A. Fukuda	33
A Variable-oriented Data Dependence Model	M. Sasakura, K. Joe, Y. Kunieda, K. Araki	45
A Structurally Dissolvable Self-Reproducing Loop Implemented from Langton's Self-Reproducing Loop	H. Sayama	55
Information Physics Based on the Emergence Hypothesis and a Proof of Computational Universality of Single-NOT Networks	K. Inagaki	68
On Discreteness at the Edge of Chaos	K. Inagaki	76
An Approximation Algorithm for Genome Rearrangements with Reversals and Transpositions	H. Matsuda, H. Yamanaka, A. Hashimoto	82
Parallel Tree Search-based Protein Conformation Analysis System Implemented on a Massively Parallel Computer	M. Ando, Y. Akiyama, K. Onizuka, T. Noguchi	91
A compressed representation of multiple-dimensional distribution by linear base-transformation, and its application to the residue-pair relative distribution of proteins	K. Onizuka, T. Noguchi, M. Ando, Y. Akiyama	105
The classification of protein structures based on the sequential and structural similarity, and the construction of the database of representative protein chains (PDB-REPRDB)	T. Noguchi, Y. Akiyama, K. Onizuka, M. Ando	117