

(1) 研究領域の概要

「分子コンピューティング(分子計算)」は、生体分子が潜在的に持つ計算能力を発見し(分析、理学的側面)、それを利用して目的の機能や構造を実現する(合成、工学的側面)ことを目指す学問領域であり、DNA、RNA、タンパク質等の生体分子の形態変化・自己会合・拡散・変異等の化学反応を活用して、並行並列・分散・自己組織化・進化等の計算機構を実現することを目指している。「分子プログラミング」とは、分子コンピューティングの技術をさらに一歩進めるための、分子計算に対するシステムティックな設計論を意味している。すなわち、本研究領域「分子プログラミング」は、生体分子の化学反応を設計する過程をプログラミングとみなし、計算モデルや計算量などの情報科学の技術を駆使して、分子コンピューティングの計算機構を実現するための、生体分子の化学反応の設計論を確立することを目指す。さらに、分子コンピューティングの技術と分子プログラミングの設計論により、バイオテクノロジーやナノテクノロジーに対して計算論的な貢献をめざす。また、以上の目標を達成するための基盤技術として、分子反応に適した新しい計算モデルの探求を並行して行う。

(2) 研究領域の設定目的

本研究領域は、並行並列・分散・自己組織化・進化等の非フォン・ノイマン型の計算機構を実現するために、DNA、RNA、タンパク質等の生体分子の形態変化・自己会合・拡散・変異等の化学反応の設計論を確立することを目的としている。

図1は、従来からの分子コンピューティング研究も含めて、分子プログラミング研究の展開を図示したものである。分子プログラミング研究の最終的な目標は、生体分子に関連した「計算論的」なナノテクノロジーやバイオテクノロジーを確立することにある。ここで「計算論的」という言葉には二つの意味がある。

一つは、自然界の現象に対して「計算」という見方を与えることであり、これが従来から研究されている分子コンピューティングの観点に他ならない。具体的には、計算能力・情報処理能力を有する分子システムを実現することを意味する。

もう一つは情報処理技術を道具として駆使することであり、これが本研究領域「分子プログラミング」の目標である。生体分子の化学反応を制御するプログラムには、DNAの塩基配列として分子自身に符号化される部分と、実験操作の系列として実現される部分がある。前者の設計論においては、分子の設計技術、特にDNAの配列設計の技術が中心となる。また、後者の設計論においては、反応の設計技術、具体的には、温度や塩濃度といった反応条件を適切に設定することにより、より精密に効率よく反応を進める技術、並行に進む複数の反応を適切にスケジュールすることにより、全体の効率を向上させる技術などが中心となる。これらの「計算分子の設計論」と「分子反応の設計論」が本研究領域から期待される成果の2本柱である。

項目(9)でも詳しく述べるが、分子プログラミングの応用分野として、DNAナノテクノロジーに代表される「計算論的ナノテクノロジー」と、人工的な遺伝子制御系などの構築を目指す「構成的生物学」を中心に、今後の領域を推進すべきと考えている。

以上の計算論的な科学技術を確立するためには、分子計算のための新しい計算モデルが必要である。図1にあるように、グラフや膜のようなトポロジカルな構造を持つ計算モデル、連続量や確率を扱うことが可能なハイブリッドな計算モデルが求められている。このような計算モデルを基盤としてはじめて、分子反応の設計論の構築が可能となる。

項目(4)で詳しく述べるが、以上の目標を達成するために、本研究領域は図2に示すように、次の

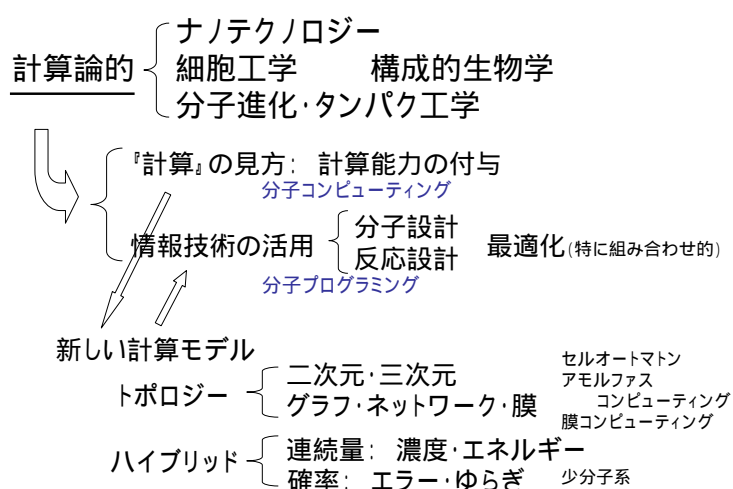


図1 分子コンピューティングと分子プログラミングの展開

3つの研究項目から成り立っている。

- 抽象分子計算系：情報科学的な手法を用いて分子計算系と分子プログラミングのための基礎理論を展開することを目指す。実際の分子をふくむ抽象的な人工分子を対象として、分子計算系の基礎となる計算モデルの研究によって研究領域全体を先導する。
- 実証分子計算系：化学反応のシミュレーションや、計算モデルの実装としての分子生物学的実験を行う。すなわち、存在する生体分子を利用した分子プログラミングの実現を行う。
- 応用分子計算系：バイオテクノロジーやナノテクノロジーなどの応用分野への知識移転や、逆にこれらの応用分野からの新しいテクノロジーの導入の窓口にもなる。

(3) 研究領域内の研究の年度毎の進展状況及びこれまでの主な研究成果(発明及び特許を含む。)

各計画研究の平成16年8月の中間報告以降の進展状況は以下の通りである。各班の位置づけについては次項を参照されたい。

横森班：配列設計問題に関しては、配列の有限集合 S に対して二次構造を形成するかどうかを検証するための $O(n^6)$ のアルゴリズムを考案した。ここで n は S を与えるオートマトンの状態数である。また、DNA 相補性に基づく分子計算モデルを統一的に説明する目的で、二重鎖言語と(通常の)記号列言語間の写像を導入し、分子ハイブリダイゼーションの持つ計算能力を計算論的に解明した。さらに基礎的検証実験として大腸菌内のタンパク質合成メカニズムを用いて有限オートマトンを計算する方式と実験プロトコルを設計し、2状態の有限オートマトンを実現することに成功した。

山下班：本班では分子計算を 1) 分散システムの性質 2) その計算モデル、3) 諸問題の解決、の視点から研究している。1) 山下が頑健な分子計算の観点から、耐故障分散システムについて研究した。横尾は自己組織化の観点から、分散制約充足問題・プランニングに関する研究を進めている。2) 貞廣がタイルングの観点から、タイル貼り多重点をモデル集合として明示する手法を与えた。溝口は、ラベル付格子グラフの変換を利用した自己組織化の計算モデル・その確率計算法を提案した。3) 小野・山下は自由エネルギー障壁発見問題を近似的に解く高速アルゴリズムを提案した。山下・定兼は分子構造変化をマルコフ過程とみなしたモデルを考案し、その計算機シミュレーション結果が生物実験の結果と多くの類似点を持つことを確認した。朝廣は高密度な DNA 配列集合設計に対して、貪欲法に基づく構成法の提案・評価を行った。藤田は進化的計算に DNA 計算を利用するための具体的な手法について研究を行った。

萩谷班：萩谷は、DNA の二次構造の解離を活用したロジックゲートの設計と実装を進め、特に複数の長さのテンプレートをを用いた設計方法を考案し実際に配列の設計を行った。DNA コンピュータのコンパイラ(米国特許出願済み)に関しては、既存の制御プログラムを改造した上で、独自のスケジューリング・アルゴリズムを実装中である。また、分子間の局所的な反応に基づくアモルファス・コンピューティングの可能性について研究を進め、理論モデルの提案を行った。陶山は、ハイブリッド型 DNA コンピュータのための正規直交配列の改良に取り組むとともに、レトロウイルスがゲノム RNA を複製する仕組みを模した自律型並行計算システムである RTRAC を構築し、一定温度の下、一本の試験管の中で自律的に実行する AND ゲートの実現に成功した。浅沼は、ロジックゲートなど様々な分子マシンへの応用を目指して、DNA エンザイムの基質認識部位と活性部位の境界にアゾベンゼンを導入することで、DNA エンザイムの高活性化と光応答性の付与を同時に実現した。藤井は、昨年度に引続きアクエアスコンピューティング実現のためのマイクロ流体デバイスの開発にあたっている。蛍光修飾された PNA 分子による DNA メモリ書き込みの実験では、約2分程度で書き込み操作が完了することを確認した。

大内班：DNA の安定性に関するモデル化に関しては、バルジループ構造などの自由エネルギーを考慮した新しい塩基配列手法を提案した。従来の塩基配列手法で効率が悪かった自由エネルギーの予測にかかる計算について、避けるべき構造を持つような DNA 分子の自由エネルギー計算を近似的に高速で行い、有望なもののみについて自由エネルギーをより厳密に計算する手法を採用した。このフィルターとしての機能を組み込むことで、探索全体にかかる時間を大幅に改善する方法を提案しその有効性を計算機実験によって示した。また、アクエアスコンピューティングに関しては、ヘアピン型メモリの開閉状態を検出するために、フィラーと呼ばれる閉じたヘアピンの両側のリード部に相補な一本鎖 DNA を加えて、ライゲーション反応を行うことで、閉じているヘアピン(bit 状態:1)の数を相補鎖長へと変換する手法を考案した。オープナーの形状、及び、反応温度を調整することによって、4頂点の最大独立集合問題の最適解の検出に成功し、実際の最適解と一致することを確認した。

山村班：計算機上の遺伝的アルゴリズムの知見から、困難な適応度地形を持つ分子の進化では一点交叉

法が有効であると考えられる。坂本は困難な適応度地形を持つ分子進化のテストベッドとして選んだチロシル tRNA 合成酵素の基質改変に適用可能な一点交叉法の分子生物学実験プロトコルを開発した。ポリメラーゼ伸張を適当に途中で中断して、別のテンプレートで再開させることで一点交叉を実現した。山村は複数の遺伝子と調節領域を含むプラスミドを用いて、各遺伝子の調節領域を交叉を用いて進化させることにより、遺伝子群からなるシステムを進化させるウェット進化計算の発展形を開発した。大腸菌中で、複数の遺伝子を含むプラスミド 2 つが一箇所交叉して合体し、その後もう 1 箇所交叉して 2 つに分かれる 2 段階の処理によって、プロモータ領域を交換することにより、発現量を調整する実数値ベクトルの最適化を実現した。

村田班：今年度より、DNA タイルの高信頼度セルフアセンブリ技術の研究に関する計画研究を開始した。これまで、2 層化 DNA タイルモデル (LTM) による誤り抑制メカニズムについて、ランチマイグレーション過程を詳細に表現する状態遷移図を作成し、これにもとづくシミュレーションおよび理論解析を行っている。また、RecA タンパク質による新たなプローブ DNA 等についても検討を進めている。これとは別に、温度や濃度などのセルフアセンブリ過程を支配するパラメータを直接制御するための流体デバイスの開発を萩谷班の藤井研究室と共同で進めており、その原理検証プロトタイプを試作した。その内容について特許出願し、DNA11 国際会議にて発表した。

藤本班：光応答する DNA 分子による大容量かつ高速な分子メモリの開発を行なった。光応答性核酸塩基としてカルボキシビニルウラシルを 5' 末端に含む人工 DNA をガラスビーズ上に固定化させた系を用いて酵素を使わずに簡単な 2-SAT 問題を解くことに成功した。また鋳型 DNA 上での直列連結に關しての光応答性人工塩基ライブラリーのさらなる拡張を目指しカルボキシビニルデアザプリンの合成に成功した。さらに DNA 末端を光で閉じる光応答型 DNA キャッピングを N3 メチルシアノビニルウラシルを用いることで可能にした。末端を閉じることで熱的安定性が著しく増し、DNA 分解酵素に対しても耐性を獲得するなど、ユニークな物性を有しており、DNA ナノ構造構築において基礎となる技術と考えられる。

(4) 研究領域の研究組織と各研究項目の連携状況

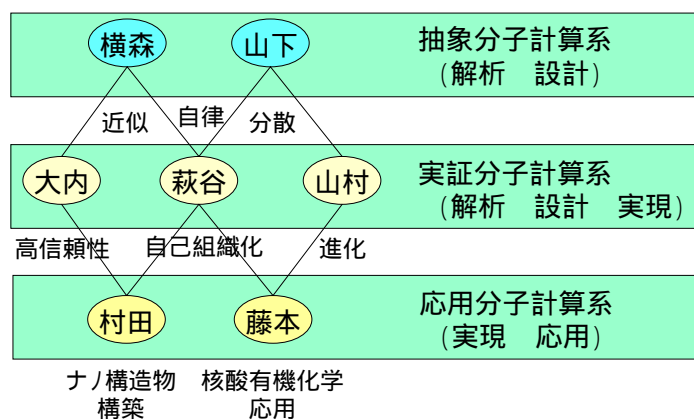


図2 計画組織と研究班の連携状況

本研究領域は、初年度から昨年度まで「抽象分子計算系」、「実証分子計算系」の2研究項目、5計画研究から成り、基礎理論から応用までの幅広い研究を行って来た。今年度より、新たな2計画研究が加わった。これらを「応用分子計算系」と名づけた。これらの計画研究は、個別技術の研究を行い応用分野への貢献を目指している。それぞれは図2に示すようにキーワードを通じて関連している。

本研究領域では、以上の計画研究間を含む領域全体の連携をはかるために、およそ月に1回のペースで全体会合を行って来た。全体会合では、各分担者の研究の進捗状況を報告するとともに、ほぼ毎

回、関連する分野の著名な研究者を招待して講演を依頼している。また、関連の深い横森班、山下班、萩谷班が中心となって理論系研究会を企画実施した。さらに年度末には年次成果報告のための公開シンポジウムを実施した。以下は、平成16年8月に提出した中間報告書以降の会合についてまとめたものである。

定例研究会: 2004年9月14日 於 西早稲田

日韓ワークショップ: 2004年10月4-5日 於 ソウル大学

理論班研究会: 2004年10月30日 於 西早稲田

定例研究会: 2004年11月12日 於 西早稲田, 佐久間淳(東工大)招待講演

理論班研究会: 2004年12月10-12日 於 国民宿舎 えびの高原荘 (宮崎県 えびの高原)

定例研究会: 2004年12月17日 於 東大 駒場, 江原靖人(神戸大)招待講演

公開シンポジウム: 2005 年 3 月 11 日 於 東大 駒場 数理科学研究科大講義室 ,
理論班研究会: 2005 年 3 月 12 日 於 西早稲田
定例研究会: 2005 年 4 月 15 日 於 西早稲田
定例研究会: 2005 年 5 月 24 日 於 東大 駒場
定例研究会: 2005 年 7 月 4 日 於 名大
夏季セミナー: 2005 年 8 月 3-4 日 於 西早稲田

これらの会合を通じて、各研究班内においても研究班と研究班の間においても、数多くの共同研究が行われている。

- ・ 小野(山下班)たちは局所探索に基づく近似アルゴリズムを用いて、萩谷たちが開発した二次構造エネルギー地形の解析アルゴリズムを効率化した。
- ・ 定兼(山下班)たちは、陶山(萩谷班)たちが得た DNA 配列のハイブリダイゼーション速度の実験データをもとに、マルコフシミュレーションによる解析を進めた。
- ・ 小林(横森班)たちの配列セット生成に関する研究を背景として、朝廣(山下班)はさまざまな貪欲法を用いた配列セットの生成法を比較する研究を始めた。
- ・ 萩谷は小林(横森班)の開発した配列設計手法であるテンプレート法の拡張を行った。
- ・ 萩谷と大内たちは、分子機械に関する共同研究を進めた。
- ・ 村田と藤井(萩谷班)は、DNA タイルの自己組織化のためのマイクロリアクタの開発を共同で行っている。
- ・ 山村のアクエアスコンピューティングを大内たちが実装した。
- ・ 木賀(山村班)は、陶山(萩谷班)の助手を務めていたが、東工大に移動となり、陶山および山村と共同で構成的生物学に関する研究を進めている。

(5) 研究費の使用状況 (設備の有効活用、研究費の効果的使用を含む。)

山下班を除く各研究班は、横森班も含めて、理論モデルの構築とその解析だけでなく実証実験も行っているため、研究費の多くは、主として実験設備の充実、合成 DNA や試薬などの消耗品、学生アルバイト (実験補助) などに使用されている。備品に関しては、DNA 関連の実験設備がその中心になっているが、特定領域研究が始まって既に 3 年が過ぎ、研究に必要な備品は概ね充実している。従って、実験を行う研究班は、主として消耗品や学生アルバイトへの支出が大半を占めるようになって来た。なお、実験設備に関しては、研究班ごとに独自に整備している状況にあり、今後、お互いに設備を融通し合い有効に活用することが課題であると考えている。

また、各研究班とも、研究交流のための旅費を有効に活用している。特に、DNA Computing に関する国際会議への出席、海外の研究グループへの訪問、国際的に活躍する研究者の招聘など、国際的な交流が可能となった。また、村田班は博士課程の学生を Caltech の Winfree 研究室に、大内班は山本を Duke 大学の Reif 研究室に派遣するなど、単なる研究交流を越えた共同研究を進めている。

萩谷班においては、DNA コンピュータのコンパイラの開発のために研究支援員を雇用し、研究成果の応用を目指した研究を進めている。

総括班の予算より、領域事務のための事務員の雇用、領域評価に必要な基盤研究のための消耗品、ホームページの管理などの学生アルバイトの雇用の支出を行っている。また、可能な限り、領域全体の分担者のための国内・海外旅費、招待講演者の旅費・謝金の支出も行っている。

(6) 研究成果公表の状況 (主な論文一覧、ホームページ、公开发表等)

本研究領域のホームページの URL は次の通りである。

<http://hagi.is.s.u-tokyo.ac.jp/mp/>

平成 16 年度の公開シンポジウムは、以下のように行った。

2005 年 3 月 11 日 於 東大 駒場 数理科学研究科大講義室 ,
林健志(九州大学)招待講演 ,
企画セミナー「人工遺伝暗号系」
横川隆志(岐阜大)招待講演 ,
大槻高史(岡山大)招待講演 ,
芳坂貴弘(北陸先端大)招待講演

公開シンポジウムの報告書を広く配布しているが、ホームページからも取得可能にしてある。

学会における広報活動として、今年度は特に、情報処理学会と電子情報通信学会が共同開催するFIT2005において「分子計算のしくみ」と題するチュートリアルを計画している。

また、昨年度に引き続きソウル大学のグループと日韓ワークショップを開催する予定である。

なお、多くの班員が数多くの招待講演を国内外で行い、本領域における研究成果の紹介に努めている。中間報告以後の各研究班における主な論文一覧は、本報告書の最後に掲げる。

(7) 総括班評価者による評価の状況

本研究領域では、7つの研究班に加えて、特定領域全体を統括し評価・助言を行う総括班を置いている。特に、以下の先生方には、それぞれのご専門からの助言をいただいている。

都甲潔(九大)	自己組織化に関する助言
塩谷光彦(東大)	超分子に関する助言
小長谷明彦(北陸先端大)	分子生物情報学の立場からの助言
小林重信(東工大)	広く、システム科学の立場からの助言
有川節夫(九大)	広く、理論計算機科学の立場からの助言
米澤明憲(東大)	並列計算・分散計算の立場からの助言
佐藤雅彦(京大)	広く、理論計算機科学の立場からの助言
青木孝文(東北大)	ソフトコンピューティングの立場からの助言
小野治(明大)	サイバネティクスの立場からの助言および DNA コンピューティングの応用に関する助言

以上の総括班のメンバーには、本研究領域のメーリングリストにより、定例研究会、公開シンポジウム、夏季セミナー、国際会議など、領域の活動に関する情報が逐一送信されるようになっており、特に定例研究会のアクティビティの高さや国際会議への貢献に関して高く評価していただいている。

本報告に先立って、DNA コンピューティングの応用に関する研究を進めている小野と進化計算の専門家である小林より、領域全体に関するコメントを得た。

小野からは、特に新しい計算モデルの研究の重要性を指摘された。ネットワークに関しては、コネクションマシンなどの既に過去のものとなった計算パラダイムと自己組織化を組み合わせることにより、今までにない新しい計算モデルが考えられるのではないかと、とのコメントを得た。(連続量と離散量の)ハイブリッドに関しては、ファジー概念を分子を用いて実現する可能性について指摘された。さらに、別の意味の「ハイブリッド」として、シリコン計算機と化学計算機のハイブリッド(Si と C のハイブリッド)の可能性についてのコメントを得た。また、分子コンピューティングの応用の観点からは、分散メモリなどの DNA のみで構築可能なシステムを探索することも重要であるとの指摘を受けた。以上の他、シミュレーション技術との関連に関して質問を得た。分子動力学や分子軌道法などの計算化学との融合の可能性について指摘された。

小林からの以下のコメントを得た。直接引用する。「本特定領域は、昨年度の中間評価において高い評価を受けたが、現状維持に甘んじることなく、後半に入って新たに応用分子計算系の研究項目を設定し、2つの計画研究を立ち上げたことに領域を推進する代表者らの意気込みが感じられ好感が持てる。領域全体として解析から設計、実現、応用まで科学技術の全フェーズをカバーするに至ったことは、新しい領域の健全な発展という意味で喜ばしい限りである。

バイオテクノロジーとナノテクノロジーの融合による応用領域の開拓は各界から大いに期待されているところであり、本特定領域で培った分子計算の設計論を武器に世界を先導する研究成果が生み出されてくることを期待したい。一方、構成論的生物学を本領域の今後の重要な柱のひとつと位置づけていることも先進性において興味深く、今後の展開が楽しみである。

抽象分子計算系は領域全体を先導するものと位置づけられているが、これまでの実績は見方によっては必ずしもそうであったとは言えないように思われる。アイデア勝負の面がやや強い実証分子計算系や応用分子計算系の個別の研究成果を後づけ的にでもよいから理論化し、領域全体の成果を体系化していくことも重要な役割のひとつと考えてよいのではなかろうか。

本特定領域の運営は非の打ち所がないほどにうまく行われているように思われる。これは萩谷昌己領域代表の卓越したリーダーシップによるところが大きいと言えよう。現在の勢いを持続して残り2年弱の後半を乗り切っていけば、その先には自ずと新たな大きな視界が開けて来るであろう。」

(8) 領域を推進するための問題点と対応策

本領域に固有の課題として、人材育成と他の研究領域との交流がある。

人材の育成：本研究領域は学際研究であり、少なくとも情報工学と分子生物学、さらに近年では有機化学に、精通した人材の確保が急務である。特に情報系出身者にとって、分子生物学実験がこの分野に参入する際の高いハードルとなっている。本領域では毎年、北海道大学分子コンピューティングラボの協力を得て、分子生物学実験の講習を夏季セミナーにおいて行っている。今年度もカリキュラムをより充実させ、人材の育成を進める計画である。

他の研究領域との交流：分子コンピューティングと分子プログラミングの研究をさらに発展させるためには、より多くの分野の研究者が協力することが重要であると考えられる。本研究領域を立ち上げたことにより、山下班によるアルゴリズム理論を背景とした研究が始まり多くの成果を得ている。今後さらに、情報関連の多くの分野の研究者の協力が待たれる。その一方で、実装技術としては、ナノテクノロジーや超分子の分野との交流が重要であると考えられる。領域の当初より、総括班の塩谷と萩谷班の浅沼が加わっているが、これらの分野において本研究領域の活動に興味を持っている研究者の数は次第に増えており、具体的な研究交流を発展させることは今後の最も重要な課題である。具体的な方策は次項で述べる。

(9) 今後の領域の推進方策

領域の拡大：前項でも述べたように、分子コンピューティングと分子プログラミングの研究をさらに発展させるためには、より多くの分野の研究者を本研究領域に取り込むことが重要であると考えられる。今年度より、二つの研究班を新たに追加することにより、今後の研究の発展を目指すこととした。具体的には、萩谷班の村田の成果が本領域の典型的なものとなっているので、これを独立させて研究班とすることとした。村田は、ナノテクノロジーを専門とする柳田を分担者としている。さらに、より多くの分野の研究者を本研究領域に取り込むために、北陸先端大の藤本に新たな研究班を立てることをお願いした。藤本は「光遺伝子操作法を用いた分子コンピューティング」と題する研究を進める計画である。

また、これまでと同様に、領域内連携を高め計画研究間の情報交換を密にするとともに、関連分野の研究者との研究交流を広げるためにも、他領域からの講師を招待することにより、月例全体研究会をさらに充実させることが重要と考えている。また、関連する学会において特別セッション企画にも積極的に参加する。

領域の推進の方向性：今後の領域の推進にあたり、本研究領域の設定目的と近年の研究動向に照らして、以下の三つの方向に沿って重点的に研究を展開することが適当と考えている。

1. 計算論的ナノテクノロジー
2. 構成的生物学
3. 以上を推進するための新しい計算モデル

項目(2)でも述べたが、分子コンピューティングと分子プログラミングの応用分野としては、DNA ナノテクノロジーに代表される「計算論的ナノテクノロジー」と、人工的な遺伝子制御系などの構築を目指す「構成的生物学」が有望である。前者は、DNA などの生体分子を用いたナノ構造物や分子マシンの構築を目指している。後者は、分子マシンをさらに進めて細胞マシンの構築を目指している。特に、人工的な遺伝子制御系を用いてロジックゲートなどを実現することが当面の課題である。近年盛んに研究が進められているシステム生物学が解析的なアプローチを取っているのに対して、構成的生物学は人工的なシステムの構築を通して生物の制御メカニズムの理解と応用を目指している。今後、村田班、萩谷班、大内班、藤本班は前者の方向へ、山村班(特に木賀)、萩谷班(特に陶山)は後者の方向へと研究を進める。

また、以上の推進方向の基盤として、新しい計算モデルの探求は急務である。特に、項目(2)で述べたように、トポロジカルな構造を持つ計算モデル、連続と離散の融合したハイブリッドな計算モデルの確立が重要であると考えられる。横森班、山下班、萩谷班が特にこれに当たる。

主な論文一覧

< 横森班 >

1. A. Kijima and S. Kobayashi, *Preliminary Proc. DNA11*, 278-288, 2005
2. J. Kuramochi, Y. Sakakibara, *Preliminary Proc. DNA11*, 59-67, 2005
3. H. Nakagawa, K. Sakamoto, Y. Sakakibara, *Preliminary Proc. DNA11*, 68-77, 2005

4. K. Onodera, T. Yokomori, *Preliminary Proc. DNA11*, 89--100, 2005
5. K. Ueda, N. Kato, *Proc. WMC 2004*, LNCS 3365, 110-125, 2005
6. 中島求, 加藤紀夫, 水野謙, 上田和紀, *SPA2005*, 2005
7. 上田和紀, 夏のプログラミングシンポジウム「アッと驚くプログラミング」報告集, 69-74, 2005
8. 中島求, 加藤紀夫, 水野謙, 上田和紀, *日本ソフトウェア科学会第21回大会論文集*, 149-153, 2004
9. 加藤紀夫, 水野謙, 上田和紀, *日本ソフトウェア科学会第21回大会論文集*, 153-163, 2004
- <山下班>
10. J. Kuniwa, M. Yamashita, *Parallel Processing Letters*, to appear
11. T. Harada, M. Yamashita, *IEEE Transactions on Parallel and Distributed Systems*, 16, 2, 183-192, 2005
12. P. J. Modi, W. M. Shen, M. Tambe, M. Yokoo, *Artificial Intelligence Journal*, 161, 1-2, 149-180, 2005
13. M. Yokoo, K. Suzuki, K. Hirayama, *Artificial Intelligence Journal*, 161, 1-2, 229-246, 2005
14. R. Nair, P. Varakantham, M. Tambe, and M. Yokoo, *Proc. AAAI-05*, 133-149, 2005
15. R. Okazaki, H. Ono, T. Sadahiro, M. Yamashita, *Proc. 4th Japanese-Hungarian Sympo. on Discrete Mathe. and Its Applications*, 288-295
16. Y. Mizoguchi, W. Kahl, *Proc. DNA11*, 405, 2005
17. T. Takeda, H. Ono, K. Sadakane, M. Yamashita, *Proc. DNA11*, 2005
18. M. Shiozaki, H. Ono, K. Sadakane, M. Yamashita, *Proc. DNA11*, 2005
19. Y. Asahiro, *Proc. 9th World Multi-Conference on Systemics*, to appear
20. S. Umezane, S. Fujita, *Proc. IEEE SMC*, 2005, to appear
- <大内班>
21. F. Tanaka, A. Kameda, M. Yamamoto, A. Ohuchi, *Proc. DNA11*, 366-375, 2005
22. S. Kashiwamura, M. Yamamoto, A. Kameda, A. Ohuchi, *Proc. DNA11*, 396, 2005
23. S. Kashiwamura, A. Kameda, M. Yamamoto, A. Ohuchi, *J. of Biological and Information Proc. Science*, 80, 1, 99-112, 2005
24. A. Kameda, M. Yamamoto, H. Uejima, M. Hagiya, K. Sakamoto, A. Ohuchi, *Natural Computing*, to appear, 2005
25. F. Tanaka, A. Kameda, M. Yamamoto, A. Ohuchi, *Nucleic Acids Research*, 33, 3, 903-911, 2005
26. Y. Kita, A. Kameda, M. Yamamoto, A. Ohuchi, *Proc. AROB 10th 05 (CD-ROM)*, 563-566, 2005
27. D. Blain, M. Garzon, S. Y. Shin, B. T. Zhang, S. Kashiwamura, M. Yamamoto, A. Kameda, A. Ohuchi, *Natural Computing*, 3, 4, 427-442, 2004
28. S. Kashiwamura, A. Kameda, M. Yamamoto, A. Ohuchi, *IEICE*, E87-A, 1446-1553, 2004
- <萩谷班>
29. K. Takahashi, S. Yaegashi, H. Asanuma, M. Hagiya, *Preliminary Proc. DNA11*, 147-156, 2005
30. K. Takahashi, S. Yaegashi, A. Kameda, M. Hagiya, *Preliminary Proc. DNA11*, 343-353, 2005
31. M. Hagiya, *Unconventional Models of Computation*, Sevilla, Spain, 2005
32. M. Hagiya, in *Handbook of Theoretical and Computational Nanotechnology*, to appear
33. M. Hagiya, S. Yaegashi, K. Takahashi, *Lecture Notes in Computer Science*, to appear
34. 陶山明, *細胞工学*, 22 (11), 1244-1249, 2003
35. 陶山明, *細胞工学*, 22 (8), 882-886, 2003
36. 陶山明, *細胞工学*, 22 (5), 570-572, 2003
37. 陶山明, *細胞工学*, 22 (3), 348-352, 2003
38. 陶山明, *細胞工学*, 22 (1), 75-79, 2003
39. D. Kiga, T. Mochida, M. Takinoue, A. Suyama, *Preliminary Proc. DNA11*, 397, 2005
40. Y. Ogura, T. Kawakami, F. Sumiyama, S. Irie, A. Suyama, J. Tanida, *Lect. Notes Comput. Sc.*, 3384, 258-267, 2005
41. Y. Ogura, T. Beppu, M. Takinoue, A. Suyama, J. Tanida, *Preliminary Proc. DNA11*, 78-88, 2005
42. G. Gotoh, Y. Sakai, Y. Mawatari, W. Gunji, Y. Murakami, A. Suyama, *Preliminary Proc. DNA11*, 395, 2005
43. M. Takinoue, Y. Hatano, Y. Endoh, A. Suyama, *Preliminary Proc. DNA11*, 410, 2005
44. 陶山明, *Bionics*, 7月号, 58-60, 2005
45. John A. Rose, M. Hagiya, A. Suyama, *GIW2004*, poster presentation.
46. 金田祥平, 藤井輝夫, *高分子*, 53, 341, 2004
47. K. Mogi, S. Kaneda, K. Ono, T. Fukuba, T. Fujii, *Proc. TAS 2004*, 569-571, September, 2004
- <山村班>
48. S. Doi, M. YAMAMURA, *Proc. ANTS2004*, Lecture Notes in Computer Science 3172: 278-285, 2004
49. S. Doi, M. YAMAMURA, *Proc. ISDA2004*, 473-478, 2004
50. 新野賢央, 山村雅幸, *計測自動制御学会第32回知能システムシンポジウム資料集*, 333-338, 2005
51. 山村雅幸, 清尾康志, 藤本健造, *計測自動制御学会第32回知能システムシンポジウム資料集*, 339-344, 2005
52. T. Hosaka, Y. Kabashima, *J. Phys. Soc. Jpn.*, 74, 488-497, 2005
53. K. Ogure, Y. Kabashima, *Prog. Theor. Phys.*, Suppl 157, 103-106, 2005
54. Y. Kabashima, T. Hosaka, *Prog. Theor. Phys.*, Suppl 157, 197-204, 2005
55. D. Saad, N. Skantzos, Y. Kabashima, *Prog. Theor. Phys.*, Suppl 157, 229-236, 2005
56. Y. Kabashima, S. Uda, *Proceedings of ALT 2004*, 479-493, 2004
57. 樺島祥介, *人工知能学会誌*, 19(6), 635-636, 2004
58. 樺島祥介, *人工知能学会誌*, 19(6), 648-655, 2004
59. 樺島祥介, *数理科学*, 497, 48-53, 2004
60. 田中和之, 樺島祥介, 田中利幸, *数理科学*, 497, 61-67, 2004
61. J. Cornista, S. Ikeuchi, M. Haruki, A. Kohara, K. Takano, M. Morikawa, S. Kanaya, *Biosci. Biotechnol. Biochem.*, 68, 2128-37, 2004
62. H. Chon, R. Nakano, N. Ohtani, M. Haruki, K. Takano, M. Morikawa, S. Kanaya, *Biosci. Biotechnol. Biochem.*, 68, 2138-47, 2004
63. A. Mukaiyama, K. Takano, M. Haruki, M. Morikawa, S. Kanaya, *Biochemistry*, 43, 13859-66, 2004
64. Y. Suzuki, Y. Mizutani, T. Tsuji, N. Ohtani, K. Takano, M. Haruki, M. Morikawa, S. Kanaya, *Biosci. Biotechnol. Biochem.*, 69, 364-73, 2005
65. 春木満, エヌ・ディー・エス 表面プラズモン共鳴, *カロリメトリー*, 711-714, 2004
66. 春木満, エヌ・ディー・エス 人工酵素, 1356-1358, 2004
- <村田班>
67. 小川賢一, 藤林健一, 村田 智, *第17回自律分散システムシンポジウム資料*, 147-152, 2005
68. K. Somei, S. Kaneda, T. Fujii, S. Murata, *Preliminary Proc. DNA11*, 136-146, 2005
- <藤本班>
69. S. Ogasawara, K. Fujimoto, *Chem. Lett.* 2005, 34(3), 378-381
70. Y. Yoshimura, Y. Ito, K. Fujimoto *Bioorg. Med. Chem. Lett.*, 15(5), 1299-1302, 2005
71. K. Fujimoto, Y. Yoshimura, T. Ikemoto, A. Nakazawa, M. Hayashi, I. Saito, *Chem. Comm.*, 24, 3177-3179, 2005
72. I. Saito, Y. Miyauchi, Y. Saito, K. Fujimoto, *Tetrahedron Lett.*, 46, 97-99, 2005
73. M. Ogino, S. Ogasawara, T. Ami, K. Fujimoto, *J. of Photopolymer Science and Technology*, 2005 in press

以上