

Trivializing number of positive knots and diagrams of almost alternating positive links

井上, 和彦

<https://doi.org/10.15017/1654667>

出版情報：九州大学, 2015, 博士（数理学）, 課程博士
バージョン：
権利関係：全文ファイル公表済



氏 名 : 井上 和彦

論 文 名 : Trivializing number of positive knots and diagrams of
almost alternating positive links
(正結び目の自明化数と概交代正絡み目のダイアグラム)

区 分 : 甲

論 文 内 容 の 要 旨

結び目や絡み目を平面に射影して交点に上下関係の情報を与えてできるダイアグラムは、結び目理論において基本的な道具であり、重要な研究対象である。本論文では正絡み目に焦点を絞り、そのダイアグラムを用いて定義される自明化数という不変量と、1つの交点で交差交換することで良い性質を持つようになるダイアグラムを許容する絡み目(概交代絡み目)について詳しく調べた。

第1章では正結び目の自明化数について考える。まず結び目を平面に射影し、すべての多重点を横断的2重点にしたものを、結び目の**射影像**という。さらに、2重点のすべてに上下関係の情報を付与したものを、**ダイアグラム**といい、いくつかの2重点に上下関係の情報を付与したものを**準ダイアグラム**という。また、上下関係の情報が入っていない2重点を**前交点**、入っている2重点を**交点**とよぶ。射影像の**自明化数**とは、与えられた射影像から自明な準ダイアグラムを得るために上下関係の情報を入れなければならない前交点の最小数のことをいい、ダイアグラムの自明化数はそのダイアグラムに対応する射影像の自明化数で与えられる。ここで**自明な準ダイアグラム**とは、前交点にどのように上下関係の情報を入れたとしても、必ず自明な結び目のダイアグラムになる準ダイアグラムのことをいう。また結び目の自明化数は、その結び目のすべてのダイアグラムの自明化数の最小値で定義される。この自明化数の研究動機としては、交点での上下関係が良くわからないDNA結び目の存在も挙げられ、医学分野との連携も考えられる。結び目及びそのダイアグラムの自明化数を決定するのは非常に困難であるが、花木氏による先行研究から、コード図によって準ダイアグラムが自明かどうかを判定する方法が知られている。

一方、与えられた結び目ダイアグラムのいくつかの交点の上下関係の情報を逆転することで、必ず自明な結び目のダイアグラムを得られることは既知の事実であり、そのために上下関係の情報を逆転しなければならない交点の最小数をダイアグラムの**結び目解消数**という。また結び目の結び目解消数とは、その結び目のすべてのダイアグラムの結び目解消数の最小値で定義される。この結び目解消数との関係で、一般の結び目に対しては自明化数は結び目解消数の2倍以上になることわかっているが、正結び目に対しては、自明化数が結び目解消数の丁度2倍になるのではないかという予想が花木氏により提出されている。ここで向き付けられた結び目のダイアグラムの交点に正負の符号を付与したとき、すべての交点の符号が正であるダイアグラムを**正ダイアグラム**といい、正ダイアグラムをもつ結び目を**正結び目**という。これまでのところ、10交点以下の正結び目のすべてと正組み紐結び目については、上の予想が正しいことが証明されており、それ以外についても反例は見つかっていない。また11交点と12交点の正結び目の一部についても同様の判定がなされているが、個々の結び目に関する判定にとどまっており、あるタイプの結び目全

てについての判定は組み紐結び目、ツイスト結び目以外ではなされていない。

本論文の第1章では、正である2橋結び目の全ての標準的ダイアグラムを決定し、それらのダイアグラムについて自明化数を決定した。証明の方法としては、コード図に関する花木氏の判定方法を用いた。コード図とは射影像の各前交点の原像を円周上に順番に配置し、原像をコードによって結んだものをいう。 n 個の前交点があれば、 n 本のコードがあるが、その中の何本かのコードをまとめて1本のコードと見做すことで、コード図内のコードの記述を大幅に簡略化することを考え交点数の多いダイアグラムについても自明化数を求めることができるように工夫した。さらに、正である2橋結び目の一部については、結び目の自明化数が結び目解消数の丁度2倍になることを示し、先の予想が正しいことを確認した。また、正であるプレッツェル結び目についても、その一部について結び目の自明化数と結び目解消数を同様の方法で決定し、結び目の自明化数が結び目解消数の丁度2倍になることを示すことで、花木氏の予想の正しさを裏付けた。

DNA結び目のほとんどは2橋結び目であり、これらの結び目は無限個存在するので、これらの自明化数を部分的にでも決定できたことは大きな成果である。しかしながら、今回結び目自体の自明化数を決定できなかったものも多々あり、これらの結び目の自明化数を決定することと、他のタイプの結び目の自明化数をも決定していくことが今後の課題である。

次に第2章では、正かつ概交代である絡み目のダイアグラムについて考える。ここで**概交代絡み目**とは、1個の交点の上下関係の情報を逆転すると交代になるダイアグラムをもち、かつ交代ダイアグラムをもたない絡み目のことである。ここで**交代ダイアグラム**とは、向きに沿ってダイアグラムをたどったときに交点の上下関係の情報が交互に現れるダイアグラムのことである。正かつ交代絡み目が正かつ交代ダイアグラムをもつことは中村氏によって示されており、また概正かつ交代絡み目が存在しないこと、つまり、概正絡み目は交代絡み目にならないことを **Stoimenow**氏が証明している。ここで、概正絡み目とは、1個の交点の交差交換により正ダイアグラムになるダイアグラムをもつが、正ダイアグラムはもたない絡み目のことである。そこで我々の関心は、正かつ概交代絡み目がどんなダイアグラムをもつのかということであり、まず2章で示したのが、正かつ概交代ダイアグラムをもつ絡み目が実は正かつ交代絡み目である、ということである。

続いて、正かつ交代ダイアグラムをもつ絡み目を **PA-絡み目**と定義したうえで、**概 PA-絡み目**という概念を導入する。これは**概 PA-ダイアグラム**、つまり1個の交点の交差交換をすることにより正かつ交代になるダイアグラムをもつが、正かつ交代ダイアグラムはもたない絡み目のことである。**Cromwell**氏により、11交点以下の正かつ概交代結び目は概 PA-絡み目であることが示され、**Jong**氏と岸本氏により、種数2以下の正結び目はPA-結び目または概 PA-結び目であることが示されている。また **Montesinos** 絡み目については、**Jong**氏、安倍氏、岸本氏により、任意の **Montesinos** 絡み目は交代絡み目または概交代絡み目になることも示されている。この拡張として本論文の第2章で示したのが、標準的ダイアグラムが正である **Montesinos** 絡み目はPA-絡み目または概 PA-絡み目になる、ということである。これにより、12交点以上の絡み目や種数3以上の絡み目で概 PA-絡み目になるものを無限個作ることができる。また、概正かつ概交代絡み目で概 PA-ダイアグラムをもつものもあり、次の包含関係が成立する。

$$\{\text{概 PA-絡み目}\} \subset \{\text{正かつ概交代絡み目}\} \cup \{\text{概正かつ概交代絡み目}\}$$

残された問題は、この包含関係の逆はいえるのか、つまり正かつ概交代絡み目ならば必ず概 PA-絡み目になるのか、また概正かつ概交代絡み目についてはどうか、といったことであり、これが今後の課題でもある。

正絡み目については、最小交点数を実現するダイアグラムでは正ダイアグラムにならないものが