[総 説]

DNA 結び目と強自明性

鳥巢 伊知郎

産業医科大学 医学部 数学概論

要 旨: 円周が3次元空間に自分自身と交わらないように埋め込まれたものは結び目と呼ばれる。結び目は位相幾何学的に取り扱うことにより数学的な対象となる。結び目理論では与えられた結び目がどのように結ばれているか、あるいは実際には結ばれていないかなどを研究する。結び目は交差の上下の情報を持った結び目図式で表すことができる。そのときに交差の上下を入れ替えたものは一般には別の結び目を表すが、この操作は交差変換と呼ばれる結び目理論における重要な概念である。本稿では結び目の多重交差変換の一種である強自明性について解説する。

キーワード: DNA, 結び目, 交差変換, 強 n -自明。

(2009 年1 月7 日 受付, 2009 年3 月24 日 受理)

はじめに

遺伝子の本体である DNA (デオキシリボ核酸) は2本の分子のひもであり各々のひもは閉じた輪になっていることも多い。このとき、DNA は細胞という3次元空間内の結び目や絡み目であると言える。一般に、3次元空間内に埋め込まれた一つの輪のことを結び目、二つ以上の輪のことを絡み目と呼ぶ (Fig. 1)。結び目の結ばれ方や絡み目の絡み方の複雑さを数学的に研究する分野が結び目理論である。DNA 結び目に作用する様々な酵素の中には Fig. 2 のように結び目の型を変えてしまうものがある。一つの結び目を局所的に変形 (手術) してどのような結び目になることが可能であるかという問題は、結び目理論において古くから調べられている問題であり現在も活

発な研究が続いている。このことは結び目理論という純粋数学の理論が DNA への酵素の作用の解明という分子生物学の問題へ応用できることを示している。実際に、数学者である Ernst と Sumners は1990 年代に当時の最新の結び目理論、特にデー手術理論の成果を用いて DNA 組換えにおける酵素の作用のメカニズムを解明するという画期的な研究を行った [5, 6]。

Fig. 2 のような結び目の変形は交差変換と呼ばれている。そして交差変換を2ヶ所以上で同時に考察することを多重交差変換という。多重交差変換は結び目の有限型不変量の定義にも現れる大事な考え方である。本論文では、ひとつの交差変換から始めて多重の交差変換の研究について、特に Torisu がこれまで取り組んできた強自明性の場合について説

Fig. 1. 三葉結び目, 8の字結び目とホップ絡み目.

Fig. 2. 交差変換と自明な結び目.

明する. 多重交差変換の研究も将来は DNA の研究への大きな応用が期待できるものである.

結び目解消数, 2 橋結び目とモンテシノス結び目

円周の 3 次元空間への埋め込み写像あるいはその像を結び目という (いくつかの円周の埋め込みの場合は絡み目という). 二つの結び目は空間内で自己と交わらずに連続的に移り合えるときに同じ結び目であるという. Fig. 2 の右の結び目はもっとも単純な結び目であり自明な結び目と呼ばれている. Fig. 1, 2 のように結び目を表す絵のことを結び目図式と呼ぶ. 結び目図式は平面上の単純閉曲線で交点は横断的な 2 重点のみのものから, 交点付近の一部の線を消して結び目の上下関係がわかるように描いたものである. すべての結び目はこのような結び目図式で表される. 結び目図式においてある交点の上下を入れ替えることを交差変換と呼ぶ. 任意の結び目の任

意の結び目図式に対して, いくつかの交点で交差変換をした結果は自明な結び目を表すようにできる. このような交点の最小数は結び目の結び目解消数と呼ばれ, 結び目の複雑さを表現する一つの目安になる. 結び目解消数は定義自体は至極単純なものであるが, 実際に計算をするのは大変であり 3 次元多様体論や 4 次元多様体論という結び目理論に隣接する他分野の深い結果を用いないとその値は求められない場合も多い.

3 次元球面は 4 次元空間内の原点からの距離が 1 である部分の集合である. 別の言い方をすると, 3 次元空間を 1 点コンパクト化したものが 3 次元球面である. さらに 3 次元球面は位相的には二つの 3 次元ボールを表面で貼り合わせてできる空間と同じものである. 理論上同値であり, 取り扱いやすいので, 以後は結び目が入っている空間は 3 次元球面とする.

3 次元ボールに 2 本の線が埋め込まれたも

Fig. 3. 2 橋結び目 $S(3, 1)$.

のをタングルと呼ぶ。ここで線の境界の点たちはボールの境界の球面上にのっているものとする。タングルにおいて埋め込まれた線がまっすぐな線をなす場合は自明なタングルと呼ぶ。2 橋結び目とは 2 つの自明なタングルの表面付近をねじって貼り合わせてできるような結び目のクラスである (Fig. 3)。2 橋結び目はある互いに素な整数の組 (p, q) で表されることが知られており, そのとき 2 橋結び目を $S(p, q)$ で表す。実際に p/q を連分数展開したときに, 各項の数値がボールの貼り合わせ写像の縦向きあるいは, 横向きにひねる回数および順番を表す。DNA 分子の部位特異的組換えでは基質が自明な結び目を表していれば生成物のほとんどについて 2 橋結び目となることが実験によって明らかになっている。よって具体的な 2 橋結び目について調べることは分子生物学的にも非常に重要と言える。実際に前述の [5, 6] では 2 橋結び目の場合の考察が主になっている。

2 橋結び目の結び目解消数については Kanenobu と Murakami による次の定理が知られている [10]。

定理 1: 2 橋結び目 $S(p, q)$ の結び目解消数が 1 になる必要十分条件は, ある互いに素な整数の組 (m, n) が存在して $S(p, q) = S(2$

$mn \pm 1, 2n^2)$ と表せることである。

定理 1 の証明には, 3 次元球面において 2 橋結び目 $S(p, q)$ 上で分岐する 2 重分岐被覆 3 次元多様体はレンズ空間 $L(p, q)$ であるという事実と Culler らによる巡回手術定理という結び目のデーネ手術の定理が使われる [4]。また, 結び目解消数の値が 1 以外の場合の 2 橋結び目の結び目解消数の決定は未解決問題として残っている。

モンテシノス結び目は 2 橋結び目を含む結び目のクラスでこれまでに様々な研究がされてきた。実際にモンテシノス結び目は 2 橋結び目を生成する有理タングルをいくつか繋げてできており, 多くの場合 2 橋結び目の研究の拡張という形で進んできた。しかしながらモンテシノス結び目で結び目解消数が 1 のものを決定することはできていない。Torisu は, デーネ手術理論との対比によりそれを次のように予想した [14]。

予想 1. : モンテシノス結び目 $M(0 : (a_1, b_1), (a_2, b_2), \dots, (a_k, b_k))$ で結び目解消数が 1 のものは $M(0 : (p, q), (r, s), (2mn \pm 1, 2n^2))$ ($ps + rq = 1$) の形のものに限る [8, 14]。

ここで $M(0 : (a_1, b_1), (a_2, b_2), \dots, (a_k, b_k))$ は有理数列 $b_1/a_1, \dots, b_k/a_k$ に対応する k 個

の有理タングルを横に繋げて得られるモンテシノス結び目を表す. 詳しくは結び目理論の標準的な教科書などを参照のこと[3]. 予想中のモンテシノス結び目の結び目解消数が1になっていることは2橋結び目の場合と同様に容易にわかる. 実際に予想1は2橋結び目の場合を含んでいる. Torisu が示しているように, 予想1はザイフェルト多様体が非整数係数のデーネ手術によりいつ生成されるかという問題と密接に関わっている[14]. 近年は低次元位相幾何学においてはヘガードフレアホモロジーなどの強力な研究手法が開発されており, この方面へのさらなるアプローチが望まれる.

n -自明と強 n -自明

位数が n 以下の Vassiliev 不変量がすべて自明な結び目の値と同じになる結び目は n -自明と呼ばれる. すべての自然数 n で n -自明な結び目は自明な結び目だけであるかという問題は結び目理論における未解決問題である. n -自明の定義は次のように結び目図式を用いて述べることができる.

定義1: 結び目が n -自明であるとは, その結び目のある結び目図式の中に交点の集合 S_i の $n+1$ 個の互いに交わらない集合 $\{S_1, S_2, \dots, S_{n+1}\}$ が存在して, その任意の空でない組み合わせ(例えば S_1 と S_3 など)の場所で一斉に同時交差変換した結果がすべて自明な結び目を表すことを言う.

定義は一見複雑であるが, 単純なひねりをいくつも入れることにより自明な結び目はすべての自然数 n で n -自明であることが容易にわかる. そして定義1において各 S_i を1点の交点にしたものが強 n -自明の定義となる.

定義2: 結び目が強 n -自明であるとは, その結び目のある結び目図式の中に $n+1$ 個の交点の集合 $\{p_1, p_2, \dots, p_{n+1}\}$ が存在して, その任意の空でない組み合わせ(例えば p_1 と p_2 と p_3 など)の場所で一斉に同時交差変換した結果がすべて自明な結び目を表すことをいう.

定義により明らかに強 n -自明であれば n -自明であり, さらに自動的に強 $(n-1)$ -自明になる. そして, n が1以上としたときに強 n -自明な結び目の結び目解消数は1となることを注意しておく. 例えば三葉結び目と8の字結び目(Fig. 1)はそれぞれ強1-自明であるが, それらの連結和はもはや強1-自明ではない. しかしながらこの連結和は1-自明になっている. さらに2以上の n について強 n -自明ならばアレキサンダー多項式は自明になるという Askitas と Kalfagianni の結果も知られている[2]. 結び目の強 n -自明性の研究は Askitas と Kalfagianni[2] と Howards と Luecke[7]により始まった. 特に, Howards と Luecke はすべての自然数 n で強 n -自明な結び目は自明な結び目だけであることを証明した[7]. 彼らの証明方法は古典的な切り貼りの3次元多様体論を用いるというユニークなものである. この定理は, 先に述べた Vassiliev 不変量に関する未解決の難問へのアプローチの可能性の一つを示した点でも注目に値する. 以降 $n=1$ の場合, すなわち結び目の強1-自明性について得られた結果について言及する. 強1-自明な結び目の結び目解消数は1であることを再確認しておく.

2橋結び目の強1-自明性について Torisu は次の定理を得た[15].

定理2: 2橋結び目で強1-自明なものは, 三葉結び目と8の字結び目と自明な結び目だけである.

したがって結び目解消数が 1 の 2 橋結び目が無限個存在したのに比べて, 強 1-自明な 2 橋結び目は 3 つしかないことになる. Torisu は同様にモンテシノス結び目についても考察を進めて次の事実を得た[16].

命題 1 : 無限個の強 1-自明なモンテシノス結び目が存在する.

強 1-自明性に関して 2 橋結び目とモンテシノス結び目でなぜこのように様子が異なるのかは明らかになっていない. 命題 1 の強 1-自明なモンテシノス結び目の具体的な形については, そこに示されているクラスがすべての強 1-自明なモンテシノス結び目を表していることを Torisu は根拠をあげて予想している[16]. 定理 2 の 2 橋結び目の場合と命題 1 のモンテシノス結び目の場合のいずれにおいても Askitas と Kalfagianni の結果より, 結び目が自明でない限り強 2-自明にはなり得ないことがわかる[2]. 2 橋結び目とモンテシノス結び目以外の結び目のクラスについては, 例えば, 種数が 1 の結び目で強 1-自明なものは三葉結び目と 8 の字結び目だけであることが証明されている[9].

おわりに

強 n -自明性の概念は成分が 2 個以上の絡み目に対しても同様に定義され, 定理 2 や命題 1 などと類似の結果が得られることを注意しておく. Tsutsumi は強 n -自明な絡み目は各成分の結び目がザイフェルト曲面を互いに交わらないように張ることができる, すなわち境界絡み目であることを証明している[17]. 境界絡み目のクラスの中で強 n -自明な絡み目がどのように分布するかを調べることは今後の研究課題である. 結び目解消数の研究が結び目理論において中心的な位置を占めているといっても過言でないように, 強 n -自明性の研究も低次元位相幾何学の新しい問題意識と共にこれから発展していくものと思われる.

最後に参考文献をあげておく. 結び目理論全般について知りたい人のために Adams C (1998) [1], 河内 明夫(2007) [11], 村 杉 邦 男(1993) [12] といった本がある. DNA 結び目の研究の詳細については最近の文献に佐伯修(2008)がある[13].

引用文献

1. Adams C (1998): 結び目の数学—結び目理論への初等的入門. (金信泰造訳) 培風館, 東京 309 pp
2. Askitas N & Kalfagianni E (2002): On knot adjacency. *Topology Appl* 126: 63–81
3. Burde G & Zieschang H (2003): *Knots*. de Gruyter Stud Math 5. Walter de Gruyter, New York 559 pp
4. Culler M, Gordon C McA, Luecke J & Shalen P B (1987): Dehn surgery on knots. *Ann Math* 125: 237–300
5. Ernst C & Sumners D W (1990): A calculus for rational tangles: Applications to DNA recombination. *Math Proc Cambridge Philos Soc* 108: 489–515
6. Ernst C & Sumners D W (1999): Solving tangle equations arising in a DNA recombination model. *Math Proc Cambridge Philos Soc* 126: 23–36

7. Howards H & Luecke J (2002): Strongly n -trivial knots. *Bull London Math Soc* 34: 431–437
 8. Jablan S & Sazdanovic R (2007): *Linknot: Knot theory by computer*. K & E series on knots and everything 21. World Scientific. Hackensack, 485 pp
 9. Kalfagianni E & Lin X-S (2004): Knot adjacency and satellites. *Topology Appl* 138: 207–217
 10. Kanenobu T & Murakami H (1986): Two-bridge knots with unknotting number one. *Proc Amer Math Soc* 98: 499–502
 11. 河内明夫 (2007): レクチャー結び目理論, 共立叢書—現代数学の潮流. 共立出版, 東京 198 pp
 12. 村杉邦男 (1993): 結び目理論とその応用. 日本評論社, 東京 268 pp
 13. 佐伯修 (2008): DNA 結び目のメカニズム. 技術に生きる現代数学. 岩波書店, 東京 pp175–204
 14. Torisu I (1996): A note on Montesinos links with unlinking number one (conjectures and partial solutions). *Kobe J Math* 13: 167–175
 15. Torisu I (2004): On strongly n -trivial 2-bridge knots. *Math Proc Cambridge Philos Soc* 137: 613–616
 16. Torisu I (2008): On strongly 1-trivial Montesinos knot. *Hiroshima Math J* 38: 225–229
 17. Tsutsumi Y (2007): Strongly n -trivial links are boundary links. *Tokyo J Math* 30: 343–350
-

DNA Knots and Strong Triviality

Ichiro TORISU

Department of Mathematics, School of Medicine, University of Occupational and Environmental Health, Japan. Yahatanishi-ku, Kitakyushu 807-8555, Japan

Abstract: A circle embedded in 3-space without self-intersection is called a knot. A knot is a mathematical object according to topology. Knot theory studies how complicated a given knot is, or whether it is trivial. Any knot can be represented by a diagram with above and below information at the crossings. Then a knot obtained by replacing the information at one crossing is generally another knot. This operation is called a crossing change. A crossing change is an important notion in knot theory. In this article, we survey the strong triviality of knots, which is one of the multi-crossing changes.

Key words: DNA, knot, crossing change, strongly n-trivial.

J UOEH 31 (2): 173–179 (2009)