Abstract

Questo lavoro di tesi si propone di analizzare la soluzione trovata dal matematico russo A. Trahtman al Road Coloring Problem (RCP) [Trahtman (2011)] . Il problema del Road Coloring è un vecchio e interessante problema proposto più di 40 anni fà da Adler, Goodwyn e Weiss [Adler, Goodwyn, Weiss (1977)]. Molti ricercatori hanno lavorato su questo problema per anni e nonostante interessanti risultati parziali, la congettura è rimasta senza dimostrazione fino al 2007.

Prima di dare una descrizione più precisa dell’RCP, presenteremo uno scenario da cui si può astrarre il problema. Immaginate di arrivare in una città straniera dove non siete mai stati prima.

Non conoscete la lingua, non avete idea di come raggiungere la vostra destinazione e siete nettamente in ritardo. Potreste avere una mappa cartacea che non vi consente di localizzare la vostra destinazione, oppure che ha subito delle modifiche rispetto alla sua data di stampa. Quindi, il primo ostacolo che incontrerete è quello di sapere se la vostra destinazione è sulla mappa. Dopodiché, dovreste riuscire a localizzare la vostra

posizione sulla mappa. Due cose che, con la mancata conoscenza delle strade, della lingua della città e del miglior percorso tra i due punti, rendono la cosa molto difficile.

Ciò di cui si ha bisogno è un insieme piccolo e conciso di istruzioni che vi consenta di raggiungere la vostra destinazione, indipendentemente dal punto di partenza. Con una mappa di strade colorate, la cosa diventa piuttosto semplice. Sarà sempre possibile raggiungere un punto della mappa, indipendentemente dal punto di partenza, con un piccolo insieme di colori.

Formalmente il problema dell'RCP può essere descritto come:

RCP*: Ogni grafo orientato, aperiodico, finito e fortemente connesso dove tutti i suoi vertici hanno un uniforme out-degree k (* detto *grafo AWG), possiede una colorazione sincronizzante con k colori.*

Le ipotesi di aperiodicità, fortemente connesso, uniforme out-degree vedremo essere necessarie: se il grafo non possiede tali caratteristiche è stato dimostrato che non può avere una colorazione sincronizzante.

Consideriamo il grafo in Figura 1, dove ogni vertice ha out-degree di 2 e dove tutti gli archi sono stati colorati di rosso e di blu per creare una colorazione sincronizzante. Si consideri il vertice contrassegnato di giallo. Non importa da dove si parta nel grafo, se si attraversano i nove archi del cammino:

blu-rosso-rosso, blu-rosso-rosso, e blu-rosso-rosso

ci troveremo nel vertice giallo. Analogamente, se si attraversano i nove archi del cammino:

blu-blu-rosso, blu-blu-rosso e blu-blu-rosso ci troveremo nel vertice verde, indipendentemente da dove siamo partiti.

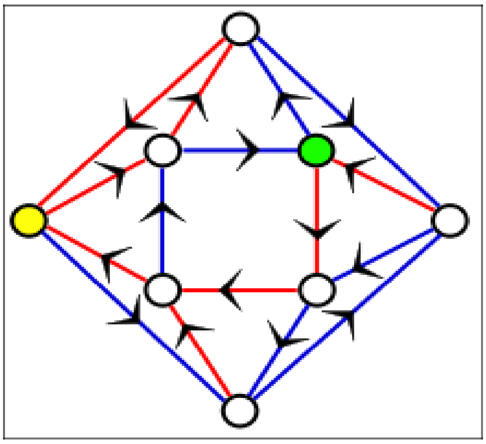

Figura 1

In effetti Trahtman scoprì, che la prova al problema era abbastanza semplice, a patto che si partizionasse il grafo, in cicli e alberi.

La prova di Trahtman si divide in due parti [sez 2.2 Cap 2]:

1. Ogni grafo AGW ha una colorazione sincronizzante con coppie di vertici stabili [16] dove, una coppia di vertici è stabile quando entrambi i vertici della coppia sulla lettura di una parola raggiungono la stessa destinazione (*coppia sincronizzante*);

2. Di conseguenza, tale grafo ammette una colorazione sincronizzante.

Trahtman in un lavoro successivo ha anche disegnato un algoritmo [Trahtman (2011)] che dato un grafo arbitrario in input, fornisce in output una colorazione sincronizzante se il suddetto grafo ne ammette una. L'algoritmo ha complessità 0 (n^3d) nel caso peggiore e 0 (n^2d) nel caso migliore dove n è il numero di vertici del grafo e d l'out-degree dei suoi vertici.

Esiste anche un altro algoritmo presentato da Perrin in [Perrin (2009)] che è una variante della costruzione dell'algoritmo di Trahtman con una complessità quadratica nel caso peggiore. In questo lavoro di Tesi presenteremo a grandi linee l'algoritmo.

Si è ritenuto, di dover citare il lavoro [Jonoska, Karl (1998)] in cui gli autori hanno presentato una soluzione RCP con il Calcolo Molecolare. Il Calcolo Molecolare è un nuovo ramo di ricerca che connette la Scienza dei Computer, la Matematica e la Biologia: l'elaborazione è eseguita mediante molecole di DNA e delle operazioni che usano enzimi e altri processi biologici. L'idea iniziale del DNA computing è molto semplice: calcolare in termini astratti (trasformare dati iniziali in risultati), ma dati e risultati sono sempre esprimibili tramite stringhe di un dato linguaggio. Il DNA computing è un ottimo strumento per risolvere problemi NP-Completi. Un computer può essere simulato tramite filamenti di DNA utilizzando tecniche di biologia molecolare per implementare le operazioni su di esso. In teoria, i problemi NP-Completi possono essere risolti in tempo polinomiale tramite un qualche tipo di DNA computing. Adleman, con il suo esperimento nel 1994, riuscì a risolvere un istanza del problema del Cammino Hamiltoniano (problema NP-Completo) in tempo polinomiale utilizzando il DNA come macchina di calcolo.

Infine ci siamo posti la seguente domanda:

- *L'aver risolto l'RCP ha avuto conseguenze su altre problematiche nell'informatica teorica?*

La Tesi presentata alla fine fornirà una risposta a questa domanda illustrando brevemente i risultati di Roman [Roman (2011)].

Il lavoro di Tesi è organizzato come segue:

Nel Capitolo 1 presenteremo, informalmente il problema [Seigel, Itzkovic (2010), Wang (2011), Optional.is (2009)]. Poi forniremo nello stesso capitolo le definizioni di base, le notazioni ed alcuni risultati parziali ottenuti prima della risoluzione di Trathman [Culik II, Karhumaki, JKari, (2002), Friedman (1990), Kari (2001)].

Nel Capitolo 2 discuteremo la soluzione di Trathman [Trahtman (2011)]. Mentre, il Capitolo 3 presenta l'algoritmo proposto da Trahtman per determinare una colorazione sincronizzante di un grafo, se esiste [Trahtman (2011)]. Concluderemo con il Capitolo 4 che illustra alcune conseguenze del nostro lavoro di Tesi su altri problemi della Teoria dei Grafi [Roman (2011)] e come il RCP era già stato risolto nel 1998 in ambito di Calcolo Molecolare [Jonoska, Karl (1998)].