

# Nouveaux résultats sur le tri par transpositions

Anthony Labarre<sup>1</sup>

23 Janvier 2006

Université Libre de Bruxelles  
alabarre@ulb.ac.be

ALPHY/GTGC 2006

---

<sup>1</sup>Subventionné par le “Fonds pour la Formation à la Recherche dans l’Industrie et dans l’Agriculture” (F.R.I.A.).

## Contexte et motivation

- ▶ Réarrangements génomiques: mesure de divergence entre les espèces;
- ▶ Nos hypothèses:
  - ▶ ordre des gènes connu;
  - ▶ tous les génomes partagent le même ensemble/nombre de gènes;
  - ▶ un seul type de mutation pris en compte;

# Tri par transpositions

- ▶ *Transposition* = échange de deux intervalles adjacents:

$$\begin{array}{c} ( 2 \ 1 \ \boxed{7 \ 3 \ 5 \ 6} \ \boxed{4 \ 10 \ 9} \ 8 ) \\ \downarrow \\ ( 2 \ 1 \ \boxed{4 \ 10 \ 9} \ \boxed{7 \ 3 \ 5 \ 6} \ 8 ) \end{array}$$

- ▶ *Distance des transpositions*  $d(\pi, \sigma)$  = nombre minimal de transpositions transformant  $\pi$  en  $\sigma$ ;
- ▶ *Tri par transpositions*: ramener une permutation à l'identité  $\iota = (1 \ 2 \ \cdots \ n)$  par un nombre minimal de transpositions;

# Exemple

- ▶ Le tri de  $\pi = (3 \ 1 \ 4 \ 2)$  nécessite deux transpositions:

$$\begin{array}{c} \pi = (3 \ \boxed{1} \ \boxed{4} \ 2) \\ \downarrow \\ (\ \boxed{3 \ 4} \ \boxed{1 \ 2} \ ) \\ \downarrow \\ \iota = (1 \ 2 \ 3 \ 4) \end{array}$$

- ▶ Donc  $d(\pi, \iota) = d(\pi) = 2$ .

## Status du problème

- ▶ Complexité:
  - ▶ du tri: **inconnue**;
  - ▶ du calcul de la distance: **inconnue**;
- ▶ Valeur maximale: **inconnue** (entre  $\lfloor \frac{n+1}{2} \rfloor + 1$  et  $\lfloor \frac{2n-2}{3} \rfloor$ );
- ▶ Meilleur taux d'approximation:  $\frac{11}{8}$  [Elias and Hartman, 2005];

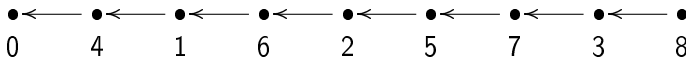
# Le graphe des cycles [Bafna and Pevzner, 1998]

► Soit  $\pi = (4\ 1\ 6\ 2\ 5\ 7\ 3)$ ;

●   ●   ●   ●   ●   ●   ●   ●   ●  
0   4   1   6   2   5   7   3   8

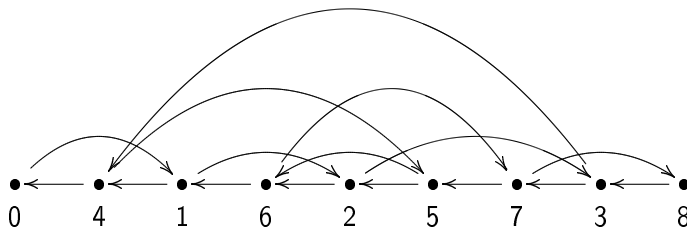
# Le graphe des cycles [Bafna and Pevzner, 1998]

- ▶ Soit  $\pi = (4\ 1\ 6\ 2\ 5\ 7\ 3)$ ;



# Le graphe des cycles [Bafna and Pevzner, 1998]

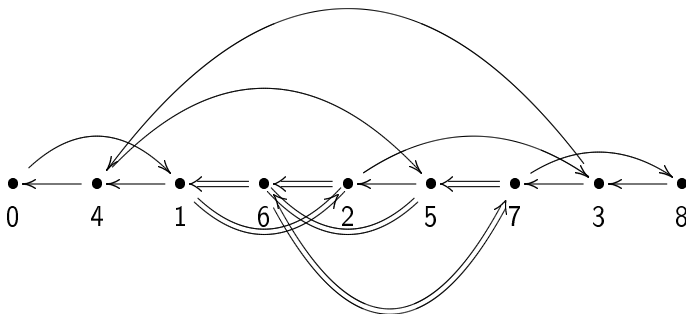
- Soit  $\pi = (4\ 1\ 6\ 2\ 5\ 7\ 3)$ ;





# Cycles alternés

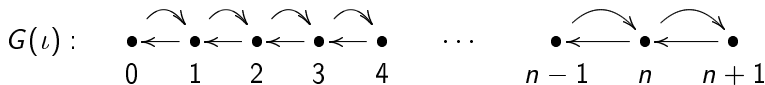
- ▶ Décomposition unique en cycles alternés:



- ▶ *Parité* d'un cycle = celle du nombre d'arcs horizontaux qu'il contient; ici,  $c(G(\pi)) = 2 = c_{\text{odd}}(G(\pi))$ .

# Cycles alternés

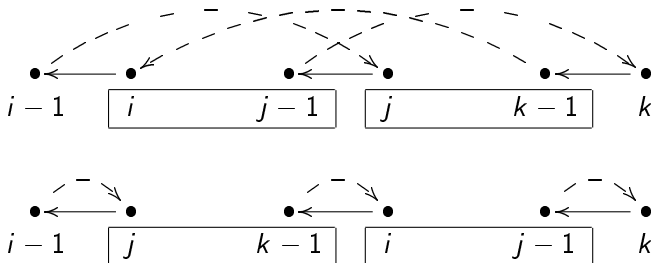
- ▶ Nombre maximal de cycles alternés pour  $(1\ 2\ \dots\ n)$ :



- ▶ Donc trier par transpositions revient à créer des cycles alternés impairs “le plus vite possible”;

# Une minoration

Au mieux: deux nouveaux cycles impairs en une transposition:



## Théorème

[Bafna and Pevzner, 1998]  $\forall \pi \in S_n : d(\pi) \geq \frac{n+1-c_{\text{odd}}(G(\pi))}{2}$ .

## Résultats ([Labarre, 2005] et [Labarre, 2006])

1. Liens entre la théorie “traditionnelle” et une structure plus classique;
2. Caractérisation de classes de permutations dont la distance est calculable en temps polynomial, sans graphe;
3. Nouvelles majorations et, dans certains cas, la distance exacte.

# Permutations réduites

- ▶ *Point de rupture* : couple  $(\pi_i, \pi_{i+1})$  avec  $\pi_{i+1} \neq \pi_i + 1$ ;
- ▶  $b(\pi)$  = nombre de points de rupture de  $\pi$ ;
- ▶  $\pi$  est *réduite* si  $b(\pi) = n - 1$ ,  $\pi_1 \neq 1$ , et  $\pi_n \neq n$ .

réduite	non réduites
(4 2 1 3)	( <u>1</u> 4 3 2)
	(3 2 1 <u>4</u> )
	(4 <u>2</u> <u>3</u> 1)

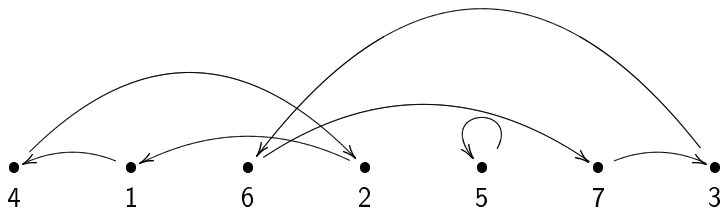
## Théorème

[Christie, 1998] Toute permutation est “réductible”, et ceci n’affecte pas sa distance.

# Le $\Gamma$ -graphe

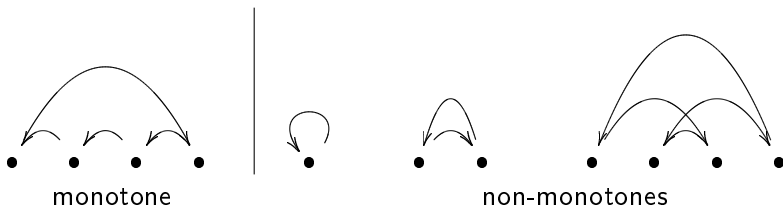
- ▶ Toute permutation est le produit de cycles disjoints;
- ▶ Le  $\Gamma$ -*graphe* est le *graphe de la permutation* muni d'un ordre total sur les sommets.

Soit  $\pi = (4\ 1\ 6\ 2\ 5\ 7\ 3) = (1, 4, 2)(3, 6, 7)(5)$ ; alors  $\Gamma(\pi)$  est:



## Quelques définitions

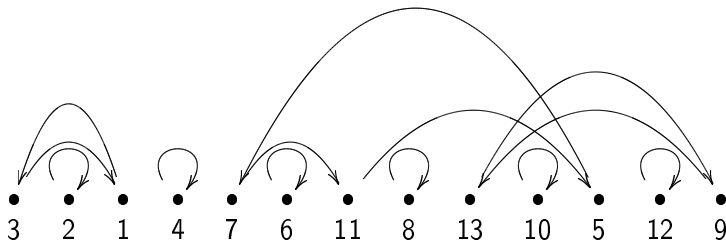
- ▶ Un  $k$ -cycle de  $\Gamma(\pi)$  contient  $k$  sommets;
- ▶ Un  $k$ -cycle est *(im)pair* si  $k$  est (im)pair;
- ▶ *Monotonicité* d'un cycle:



# Les $\gamma$ -permutations

## Définition

*Une  $\gamma$ -permutation est une permutation réduite fixant tous les éléments pairs.*

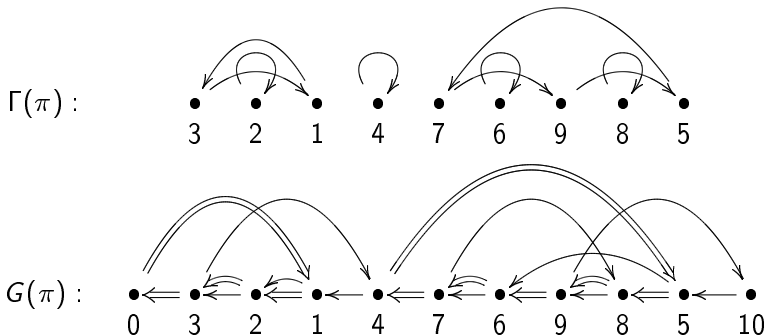




Correspondance entre  $G$  et  $\Gamma$ 

## Proposition

Si  $\pi$  est une  $\gamma$ -permutation, alors tout  $k$ -cycle de  $\Gamma(\pi)$  ( $k \geq 2$ ) apparaît exactement deux fois dans  $G(\pi)$ .



# Minoration sur la distance des $\gamma$ -permutations

- ▶ Rappel:  $d(\pi) \geq \frac{n+1-c_{\text{odd}}(G(\pi))}{2}$  (Théorème 1);
- ▶ Donc, par la proposition précédente:

## Lemme

Pour toute  $\gamma$ -permutation  $\pi$  de  $S_n$ , on a:  $d(\pi) \geq n - c_{\text{odd}}(\Gamma(\pi))$ .

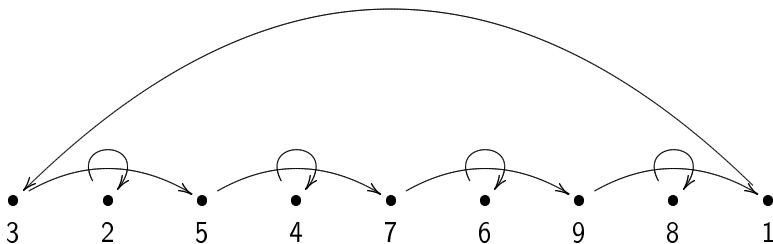
- ▶ Stratégie: traiter séparément chaque cycle de  $\Gamma(\pi)$ ;

# Cycles monotones

## Proposition

Si  $\pi$  est une  $\gamma$ -permutation de  $S_n$  ne contenant qu'un seul "grand cycle" monotone  $C$ , alors:

$$d(\pi) = n - c_{\text{odd}}(\Gamma(\pi)) = |C| - (|C| \bmod 2).$$



## Exemple

$$\begin{aligned} & ( 3 \boxed{25} \boxed{476981} ) \quad 1 \\ & ( \boxed{34} \boxed{769812} 5 ) \quad 2 \\ & ( 7 \boxed{69} \boxed{812345} ) \quad 3 \\ & ( \boxed{78} \boxed{123456} 9 ) \quad 4 \\ & ( 123456789 ) \end{aligned}$$

$$\Rightarrow d(\pi) = 4 = 5 - (5 \bmod 2).$$

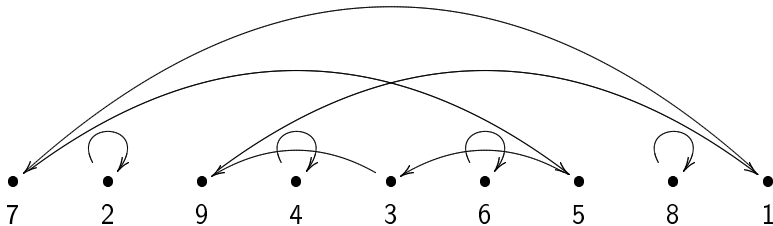
# Cycles non-monotones

Même résultat pour les cycles non-monotones:

## Proposition

*Si  $\pi$  est une  $\gamma$ -permutation de  $S_n$  ne contenant qu'un seul "grand cycle" non-monotone  $C$ , alors:*

$$d(\pi) = n - c_{\text{odd}}(\Gamma(\pi)) = |C| - (|C| \bmod 2).$$



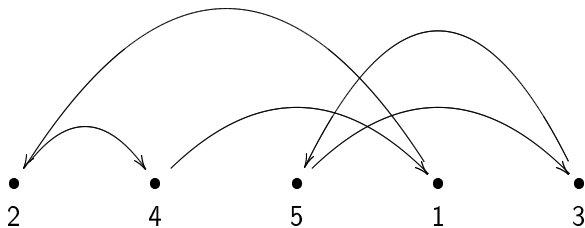
## Distance des $\gamma$ -permutations

- ▶ Récapitulons; si  $\pi$  est une  $\gamma$ -permutation de  $S_n$ , alors:
  - ▶  $d(\pi) \geq n - c_{\text{odd}}(\Gamma(\pi))$ ;
  - ▶ tout cycle de  $\Gamma(\pi)$  peut être traité indépendamment des autres;
  - ▶ la distance de chaque cycle atteint la minoration;
- ▶ Donc:

$$d(\pi) = n - c_{\text{odd}}(\Gamma(\pi)).$$

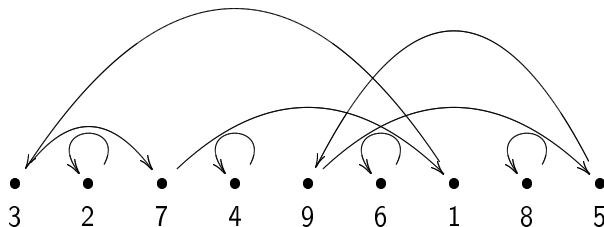
## Une nouvelle majoration

- ▶ Toute permutation (sauf  $\iota$ ) peut être obtenue à partir d'une  $\gamma$ -permutation.



# Une nouvelle majoration

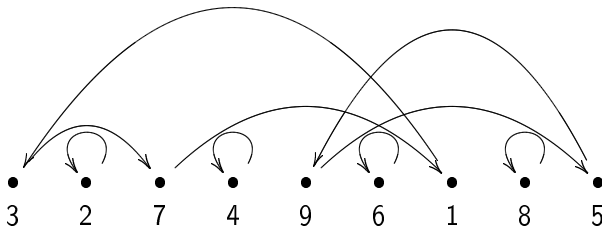
- ▶ Toute permutation (sauf  $\iota$ ) peut être obtenue à partir d'une  $\gamma$ -permutation.





# Une nouvelle majoration

- ▶ Toute permutation (sauf  $\iota$ ) peut être obtenue à partir d'une  $\gamma$ -permutation.

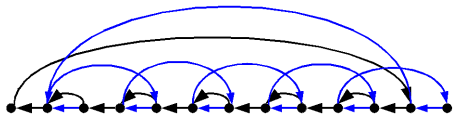
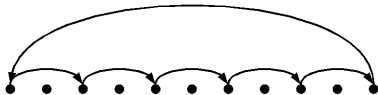


## Théorème

$$\forall \pi \in S_n : d(\pi) \leq n - c_{\text{odd}}(\Gamma(\pi)).$$

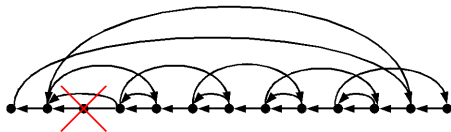
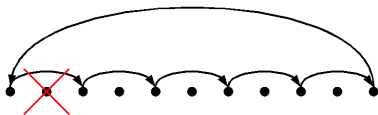
## Autres instances solubles

- ▶ Que se passe-t'il quand on supprime des 1-cycles dans  $\Gamma$ ?



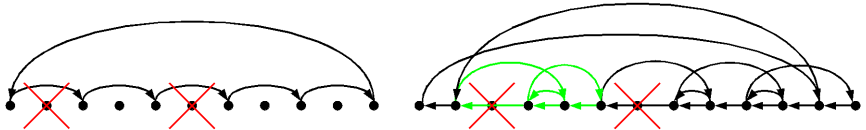
## Autres instances solubles

- ▶ Que se passe-t'il quand on supprime des 1-cycles dans  $\Gamma$ ?



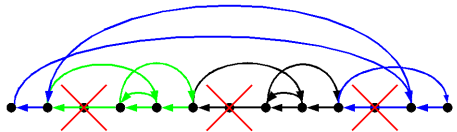
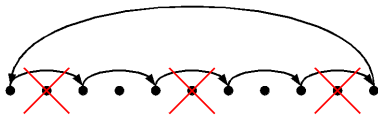
## Autres instances solubles

- ▶ Que se passe-t'il quand on supprime des 1-cycles dans  $\Gamma$ ?



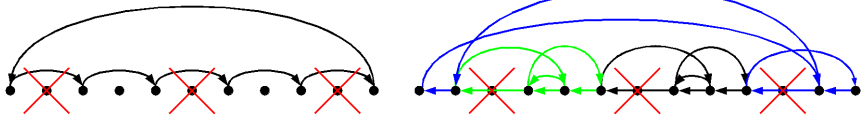
## Autres instances solubles

- ▶ Que se passe-t'il quand on supprime des 1-cycles dans  $\Gamma$ ?



## Autres instances solubles

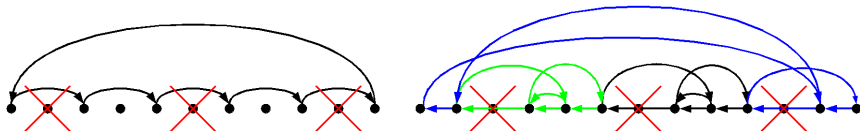
- ▶ Que se passe-t'il quand on supprime des 1-cycles dans  $\Gamma$ ?



- ▶  $k$  suppressions  $\Rightarrow c_{\text{odd}}(G(\pi)) = k$

## Autres instances solubles

- ▶ Que se passe-t'il quand on supprime des 1-cycles dans  $\Gamma$ ?



- ▶  $k$  suppressions  $\Rightarrow c_{odd}(G(\pi)) = k$
- ▶ dans ce cas:

$$d(\pi) = n - c_{odd}(\Gamma(\pi)) - k + \left( \frac{n + k + 1}{2} \bmod 2 \right).$$

# Suppression de points fixes entre deux cycles monotones

- ▶ Si aucun “grand” cycle n’en croise d’autre, alors:
  - ▶ la stratégie utilisée pour les  $\gamma$ -permutations est encore optimale;
  - ▶ la distance de chaque cycle est connue;
- ▶ On a :

$$d(\pi) = n - c_{\text{odd}}(\Gamma(\pi)) - K + \sum_{i=1}^t \left( \frac{n_i + k_i + 1}{2} \bmod 2 \right).$$






- ▶ Autres cas solubles dérivables;



# Problèmes ouverts

- ▶ Complexité?
- ▶ Diamètre?
- ▶ Meilleurs résultats:
  - ▶ pour les cycles non-monotones?
  - ▶ pour les cycles se croisant?

## Références

-  Bafna, V. and Pevzner, P. A. (1998).  
Sorting by transpositions.  
*SIAM J. Discrete Math.*, 11(2):224–240 (electronic).
-  Christie, D. A. (1998).  
*Genome Rearrangement Problems*.  
PhD thesis, University of Glasgow, Scotland.
-  Elias, I. and Hartman, T. (2005).  
A 1.375–Approximation Algorithm for Sorting by Transpositions.  
In *Proceedings of WABI*, LNCS 3692, pages 204–215.
-  Labarre, A. (2005).  
A new tight upper bound on the transposition distance.  
In *Proceedings of WABI*, LNCS 3692, pages 216–227.
-  Labarre, A. (2006).  
New bounds and tractable instances for the transposition distance.  
Soumis.