

# Tri par renversements d'un mot sur un alphabet de taille fixée

Basile Couëtoux<sup>1</sup>

Université Paris-Dauphine, LAMSADE, F-75016 Paris, France  
couetoux@lamsade.dauphine.fr

**Mots-Clés :** *tri, mot, distance, renversement, complexité*

Les *renversements* forment une famille de permutations qui correspondent à celle qui remplacent un segment d'indices par son image miroir. Plus précisément le renversement  $(i, j)$ ,  $i \leq j \leq n$  correspond à la permutation  $(1, \dots, i-1, j, j-1, \dots, i+1, i, j+1, j+2, \dots, n-1, n)$ . En l'appliquant sur un mot  $w$  le renversement  $\rho = (i, j)$  remplace  $w = w_1 \dots w_n$  par  $\rho(w) = w_1 \dots w_{i-1} w_j w_{j-1} \dots w_{i+1} w_i w_{j+1} w_{j+2} \dots w_n$ .

Les renversements sont une manière de représenter des mutations génétiques, ainsi connaître le nombre minimal de renversements nécessaires pour passer d'un gène à un autre permet d'estimer la distance entre deux génomes.

Radcliffe, Scott et Wilmer [6] ont montré que déterminer le nombre minimal de renversements pour passer d'un mot à un autre était NP-difficile même dans le cas d'un alphabet binaire. Etant donné un alphabet avec un ordre " $\leq$ ", un mot  $w = w_1 \dots w_n$  est trié si pour tout  $i \in \{1 \dots n-1\}$ ,  $w_i \leq w_{i+1}$ . Nous avons établi un algorithme polynomial pour calculer la distance entre un mot et un mot trié dans le cas d'un alphabet de taille fixée, répondant ainsi positivement à une conjecture de [6]. La preuve de ce résultat se décompose en deux parties. Une première partie consiste à identifier une classe de mots sur un alphabet fini telle que les renversements effectués pour trier ce mot peuvent toujours être optimaux dans un sens classique pour le problème de renversement que nous précisons. Ces renversements optimaux peuvent être déterminés en temps polynomial. La seconde partie consiste à prouver qu'à partir d'un mot quelconque on peut déterminer une suite de renversements qui permet d'obtenir un mot de la classe décrite ci-dessus et telle que cette suite de renversements est préfixe d'une suite de renversements qui trie le mot initial de manière optimale.

Dans le cas d'un alphabet de taille non fixée, on peut également considérer le problème consistant à trouver le nombre minimal de renversements pour passer d'un mot à un autre dans lesquels chaque caractère apparaît exactement une fois. Ce problème a été montré NP-difficile par Bafna et Pevzner [2]. Un algorithme d'approximation de rapport 1.375 a été obtenu par Berman, Hannenhalli et Karpinski [1]. Le problème consistant à déterminer la distance entre un mot et un mot trié sur un alphabet de taille non fixée est NP-difficile, ce qu'on peut déterminer simplement avec la réduction naturelle du problème précédent.

Un problème proche du problème de tri par renversements qui est de plus polynomial est celui où on s'intéresse à des renversements signés et des mots orientés. Un mot orienté est un mot où chacun des caractères a une orientation positive ou négative  $\{+, -\}$ . Un renversement signé  $(i, j)$  change l'orientation des caractères du segment  $[i, j]$  en plus d'inverser leur ordre. Hannenhalli et Pevzner [4] ont établi un algorithme en  $O(n^4)$  pour déterminer le nombre minimal de renversements signés pour passer d'un mot orienté à un autre dans lesquels chaque caractère apparaît exactement une fois. Des

algorithmes plus rapides en  $O(n^2)$  et  $O(n^{\frac{3}{2}} \times \log(n))$  ont été progressivement donnés par [5, 7]. De manière assez intéressante, puisque nous ne nous considérons pas à une chaîne signée, ce résultat de polynomialité est utilisé de manière cruciale pour une partie de notre preuve.

## Références

- [1] P. Berman, S. Hannenhalli, and M. Karpinski. 1.375-approximation algorithm for sorting by reversals, *Proc. of 10th Symposium on Algorithms (ESA'02)*, 2461:200–210, 2002.
- [2] V. Bafna and P. Pevzner. Genome rearrangements and sorting by reversals. *Proc. 34th IEEE Symp. of the Foundations of Computer Science*,:148–157, 1994
- [3] D. Christie and R. Irving. Sorting strings by reversals and by transpositions, *SIAM J. Comput.*, 14 :193–206, 2001.
- [4] S. Hannenhalli and P. Pevzner. Transforming cabbage into turnip (polynomial algorithm for sorting signed permutations by reversals, *J. Assoc. Comput. Mach.*,46:1–27, 1999.
- [5] H. Kaplan, R. Shamir and R.E. Tarjan. Faster and simpler algorithm for sorting signed permutations by reversals, *SIAM J. Comput.*, 29:880–892, 1999.
- [6] A.J. Radcliffe, A.D. Scott, and E.L. Wilmer. Reversals and transpositions over finite alphabets, *SIAM journal on discrete mathematics* 19:224–244, 2005.
- [7] E. Tannier, A. Bergeron and M-F. Sagot. Advances on sorting by reversals, *Discrete Applied Mathematics* 155:881–888, 2007.