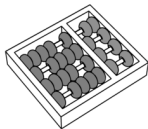


# O Problema da Ordenação de Permutações por Operações de Tamanho Limitado



Guilherme Henrique Santos Miranda

*Orientador:* Prof. Dr. Zanoni Dias  
*Coorientadora:* Dra. Carla Negri Lintzmayer

Universidade Estadual de Campinas

03 de Outubro de 2017

- 1 Motivação
- 2 Fundamentação Teórica
- 3 Objetivos
- 4 Metodologia
- 5 Cronograma
- 6 Resultados Computacionais

- Processo de Evolução;
- Comparação entre Genomas;
- Rearranjos de Genomas;
- Restrição com relevância biológica.

## Genoma: Representação Computacional

- $\pi = (\pi_1 \pi_2 \pi_3 \dots \pi_n)$ , onde  $\pi_i \in \{-n, -(n-1), \dots, -2, -1, +1, +2, \dots, +(n-1), +n\}$  e  $|\pi_i| \neq |\pi_j| \iff i \neq j$ ;
- Exemplos:
  - Permutação com Sinais:  $(+6 -1 -3 -5 +2 +4)$ ;
  - Permutação sem Sinais:  $(6 1 3 5 2 4)$ .

## Modelo de Rearranjo

- Um modelo de rearranjo  $M$  determina as operações de rearranjo permitidas;
- Modelos utilizados: reversões e/ou transposições;
- Amplamente estudados na literatura.

- Distância de Rearranjo ( $d_M(\pi, \sigma)$ ): tamanho da menor sequência de operações  $\rho_i$  em  $M$  tais que  $\pi \cdot \rho_1 \cdot \rho_2 \cdot \dots \cdot \rho_t = \sigma$ ;
- Permutação identidade:  $\iota = (1\ 2\ \dots\ n)$ ;
- Distância de Ordenação:  $d_M(\pi, \iota) = d_M(\pi) = t$ ;
- Diâmetro de Ordenação: denotado por  $D_M(n)$ , é igual ao valor máximo de  $d_M(\pi)$  entre todas as permutações  $\pi$  de tamanho  $n$ .

# Operações de Rearranjo

- Reversão: uma operação  $\rho(i, j)$  com  $1 \leq i < j \leq n$  tal que:

$$\pi \cdot \rho(i, j) = (\pi_1 \pi_2 \dots \pi_{i-1} \underline{\pi_j \pi_{j-1} \dots \pi_{i+1} \pi_i} \pi_{j+1} \dots \pi_{n-1} \pi_n);$$

- Se  $\pi$  é uma permutação *com sinais*, os sinais também são invertidos e temos  $1 \leq i \leq j \leq n$ ;
- Distância de Ordenação por Reversões:  $d_r(\pi)$  e  $d_{\bar{r}}(\pi)$ ;
- Diâmetro de Ordenação por Reversões:  $D_r(n)$  e  $D_{\bar{r}}(n)$ ;
- O tamanho de uma reversão é dado por  $j - i + 1$ .

## Exemplo

Dada a permutação com sinais  $\pi = (+1 + 3 + 4 - 2 - 7 - 6 - 5)$ , temos:

$$\pi' = \pi \cdot \rho(2, 4) = (+1 \underline{+2 - 4 - 3} - 7 - 6 - 5)$$

$$\pi'' = \pi' \cdot \rho(5, 7) = (+1 + 2 - 4 - 3 \underline{+5 + 6 + 7})$$

$$\pi''' = \pi'' \cdot \rho(3, 4) = (+1 + 2 \underline{+3 + 4} + 5 + 6 + 7) = \iota$$

Neste caso,  $d_{\bar{r}}(\pi) = 3$ .

# Operações de Rearranjo

- Transposição: uma operação  $\tau(i, j, k)$  com  $1 \leq i < j < k \leq n + 1$  tal que:

$$\pi \cdot \tau(i, j, k) = (\pi_1 \pi_2 \dots \pi_{i-1} \pi_j \dots \pi_{k-1} \pi_i \dots \pi_{j-1} \pi_k \dots \pi_n).$$

- Distância de Ordenação por Transposições:  $d_t(\pi)$ ;
- Diâmetro de Ordenação por Transposições:  $D_t(n)$ ;
- O tamanho de uma transposição é dado por  $k - i$ .

## Exemplo

Dada a permutação  $\pi = (1 \ 3 \ 4 \ 2 \ 7 \ 6 \ 5)$ , temos:

$$\pi' = \pi \cdot \tau(2, 4, 5) = (1 \ \underline{2} \ \underline{3} \ \underline{4} \ 7 \ 6 \ 5)$$

$$\pi'' = \pi' \cdot \tau(5, 7, 8) = (1 \ 2 \ 3 \ 4 \ \underline{5} \ \underline{7} \ \underline{6})$$

$$\pi''' = \pi'' \cdot \tau(6, 7, 8) = (1 \ 2 \ 3 \ 4 \ 5 \ \underline{6} \ \underline{7}) = \iota$$

Neste caso,  $d_t(\pi) = 3$ .



## Ordenação de Permutações sem Sinais por Reversões

- Problema NP-Difícil [4];
- Primeiro resultado obtido por Bafna e Pevzner [1], com um algoritmo de 1.75-aproximação;
- Melhor resultado conhecido dado por Berman e coautores [3], com um algoritmo de 1.375-aproximação.

## Ordenação de Permutações com Sinais por Reversões

- Solução em tempo polinomial, cuja primeira versão foi proposta por Hannenhalli e Pevzner [8];
- Melhor algoritmo dado por Tannier e coautores [14], com complexidade de tempo sub-quadrática.

## Ordenação de Permutações por Transposições

- Problema NP-Difícil [2];
- Primeiro algoritmo proposto por Bafna e Pevzner [2], com fator de aproximação 1.5;
- Melhor resultado conhecido dado por Elias e Hartman [6], com um algoritmo de 1.375-aproximação.

## Ordenação de Permutações por Reversões e Transposições

- Algoritmos de 3-aproximação e 2-aproximação para as versões sem e com sinais, respectivamente, dados por Walter e coautores [16];
- Algoritmo de  $2k$ -aproximação para permutações sem sinais, proposto por Rahman e coautores [13] (melhor fator de aproximação do algoritmo é  $2.8386 + \epsilon$ , para  $\epsilon > 0$ ).

## Exemplo

Dada a permutação sem sinais  $\pi = (1\ 3\ 4\ 2\ 7\ 6\ 5)$ , temos:

$$\pi' = \pi \cdot \tau(2, 4, 5) = (1\ \underline{2}\ \underline{3}\ \underline{4}\ 7\ 6\ 5)$$

$$\pi'' = \pi' \cdot \rho(5, 7) = (1\ 2\ 3\ 4\ \underline{5}\ \underline{6}\ \underline{7}) = \iota$$

Neste caso,  $d_{rt}(\pi) = 2$ .

## Operações de Tamanho Limitado

- Relevância biológica: operações que afetam grandes trechos ocorrem com pouca frequência [5, 12];
- Problema: transformar  $\pi$  em  $\iota$  utilizando operações de tamanho no máximo  $\lambda$ ;
- Para  $\lambda = 2$  e  $\lambda = 3$ , tais operações são chamadas de super curtas e curtas, respectivamente;
- Algoritmos polinomiais para operações super curtas [7, 10] e de aproximação para operações curtas [7, 9, 11, 15] são conhecidos;
- Para  $\lambda > 3$  ainda não há resultados conhecidos.

## Operações de Tamanho Limitado

- $\lambda$ -Reversões e  $\lambda$ -Transposições;
- Distâncias:  $d_r^\lambda(\pi)$ ,  $d_{\bar{r}}^\lambda(\pi)$ ,  $d_t^\lambda(\pi)$ ,  $d_{rt}^\lambda(\pi)$  e  $d_{\bar{r}t}^\lambda(\pi)$ ;
- Diâmetros:  $D_r^\lambda(n)$ ,  $D_{\bar{r}}^\lambda(n)$ ,  $D_t^\lambda(n)$ ,  $D_{rt}^\lambda(n)$  e  $D_{\bar{r}t}^\lambda(n)$ ;

## Exemplos

- $d_r^2(\pi)$ : distância de ordenação por reversões super curtas;
- $D_{\bar{r}t}^3(n)$ : diâmetro de ordenação por reversões e transposições curtas para permutações com sinais de tamanho  $n$ .

## Estudar os Problemas

- 1 Ordenação de permutações sem e com sinais por  $\lambda$ -reversões;
- 2 Ordenação de permutações sem sinais por  $\lambda$ -transposições;
- 3 Ordenação de permutações sem e com sinais por  $\lambda$ -reversões e  $\lambda$ -transposições.

- Aspecto teórico;
- Estudo de teoremas e provas existentes na literatura;
- Propor algoritmos de aproximação para os problemas estudados;
- Implementação de programas para comparar resultados.

# Cronograma de Atividades

	2017											2018											2019	
	M	A	M	J	J	A	S	O	N	D	J	F	M	A	M	J	J	A	S	O	N	D	J	F
1	*	*	*	*		*	*	*	*															
2	*	*	*	*	*	*				*			*			*		*						
3					*	*																		
4							*																	
5												*	*	*	*									
6							*	*	*	*														
7											*	*	*	*										
8														*	*	*	*							
9																		*	*	*	*			
10									*	*			*	*		*	*			*	*	*	*	*
11																							*	
12																								*

- 1 Obtenção dos créditos obrigatórios em disciplinas do programa de mestrado;
- 2 Revisão da literatura;
- 3 Escrita da proposta de mestrado;
- 4 Exame de Qualificação de Mestrado;
- 5 Participação no Programa de Estágio Docente (PED);



# Cronograma de Atividades

	2017											2018											2019	
	M	A	M	J	J	A	S	O	N	D	J	F	M	A	M	J	J	A	S	O	N	D	J	F
1	*	*	*	*		*	*	*	*															
2	*	*	*	*	*	*				*			*			*		*						
3					*	*																		
4							*																	
5													*	*	*	*								
6							*	*	*	*														
7											*	*	*	*										
8														*	*	*	*							
9																		*	*	*	*			
10									*	*			*	*		*	*			*	*	*		
11																							*	
12																								*

- 6 Investigação de algoritmos para o problema de ordenação de permutações sem sinais por  $\lambda$ -reversões;
- 7 Investigação de algoritmos para o problema de ordenação de permutações com sinais por  $\lambda$ -reversões;

# Cronograma de Atividades

	2017										2018										2019			
	M	A	M	J	J	A	S	O	N	D	J	F	M	A	M	J	J	A	S	O	N	D	J	F
1	*	*	*	*		*	*	*	*															
2	*	*	*	*	*	*				*			*			*			*					
3					*	*																		
4							*																	
5													*	*	*	*								
6							*	*	*	*														
7											*	*	*	*										
8															*	*	*	*						
9																			*	*	*	*		
10									*	*			*	*			*	*			*	*	*	
11																							*	
12																								*

- 8 Investigação de algoritmos para o problema de ordenação de permutações sem sinais por  $\lambda$ -transposições;
- 9 Investigação de algoritmos para o problema de ordenação de permutações com e sem sinais por  $\lambda$ -reversões e  $\lambda$ -transposições;

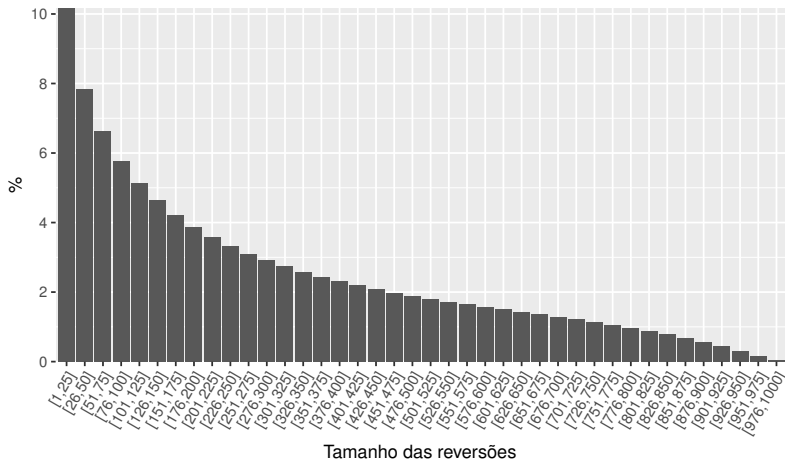
# Cronograma de Atividades

	2017											2018											2019	
	M	A	M	J	J	A	S	O	N	D	J	F	M	A	M	J	J	A	S	O	N	D	J	F
1	*	*	*	*		*	*	*	*															
2	*	*	*	*	*	*				*			*			*			*					
3					*	*																		
4							*																	
5													*	*	*	*								
6							*	*	*	*														
7											*	*	*	*										
8															*	*	*	*						
9																			*	*	*	*		
10									*	*			*	*			*	*			*	*	*	
11																							*	
12																								*

- 10 Escrita da dissertação;
- 11 Revisão da dissertação;
- 12 Defesa da dissertação.

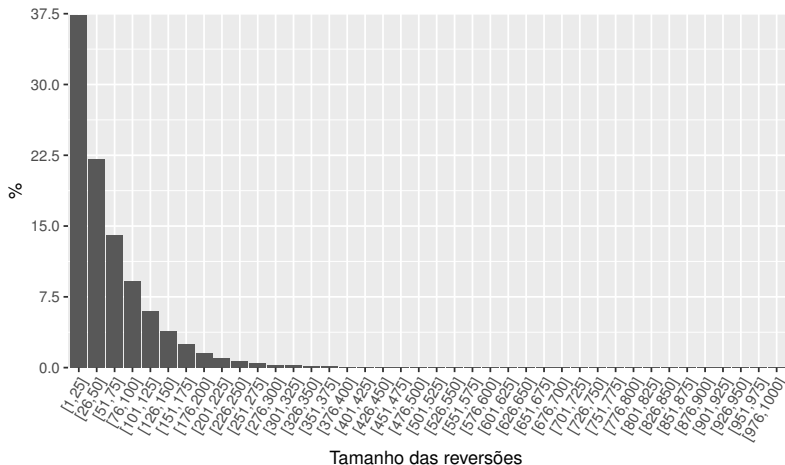
- Ordenação de permutações sem sinais:
  - por  $\lambda$ -reversões: fator de aproximação igual a  $0.6875p(p+1)$ , onde  $p = \left\lceil \left\lfloor \frac{n}{\lambda} \right\rfloor \right\rceil$ ;
  - por  $\lambda$ -transposições: fator de aproximação igual a  $1.375 \left\lceil \left\lfloor \frac{n}{\lambda} \right\rfloor \right\rceil \left\lceil \left\lfloor \frac{n}{\lambda} \right\rfloor \right\rceil$ .
- Ordenação de permutações com sinais:
  - por  $\lambda$ -reversões: fator de aproximação igual a  $\frac{p(p+1)}{2}$ , onde  $p = \left\lceil \left\lfloor \frac{n}{\lambda} \right\rfloor \right\rceil$ .
- Estamos preparando um artigo com estes resultados para submissão para uma conferência ainda este ano.

# Tamanhos das Reversões Utilizadas pelo GRIMM



**Figura:** Histograma com as frequências dos tamanhos das reversões utilizadas pelo GRIMM para ordenar permutações de tamanho 1000, sem priorizar reversões menores.

# Tamanhos das Reversões Utilizadas pelo GRIMM



**Figura:** Histograma com as frequências dos tamanhos das reversões utilizadas pelo GRIMM para ordenar permutações de tamanho 1000, priorizando reversões menores.

# Distância e Diâmetro para Permutações Pequenas

- Distâncias médias e diâmetro para:
  - Permutações sem sinais para valores de  $n$  e  $\lambda$  variando entre 2 e 10;
  - Permutações com sinais para valores de  $n$  e  $\lambda$  variando entre 2 a 9.
- No total foram criadas 10 tabelas, 2 para cada problema;
- Nos próximos slides apresentamos os resultados para reversões e transposições em permutações com sinais.

# Distâncias para Permutações Pequenas

$n$	Tamanho máximo das operações ( $\lambda$ )							
	2	3	4	5	6	7	8	9
2	1.25	-	-	-	-	-	-	-
3	2.33	1.83	-	-	-	-	-	-
4	3.83	2.67	2.49	-	-	-	-	-
5	5.80	3.58	3.20	3.09	-	-	-	-
6	8.26	4.65	3.93	3.73	3.67	-	-	-
7	11.22	5.87	4.75	4.42	4.30	4.26	-	-
8	14.69	7.26	5.66	5.12	4.89	4.81	4.78	-
9	18.66	8.83	6.65	5.87	5.55	5.42	5.37	5.35

**Tabela:** Distâncias Médias para o Problema de Ordenação por Reversões e Transposições em Permutações com Sinais ( $d_{rt}^\lambda(\pi)$ ).



# Diâmetros para Permutações Pequenas

$n$	Tamanho máximo das operações ( $\lambda$ )							
	2	3	4	5	6	7	8	9
-	2	3	4	5	6	7	8	9
2	2	-	-	-	-	-	-	-
3	4	3	-	-	-	-	-	-
4	7	4	4	-	-	-	-	-
5	11	5	5	4	-	-	-	-
6	16	7	6	5	5	-	-	-
7	22	9	7	6	6	6	-	-
8	29	12	8	7	7	6	6	-
9	37	15	10	8	7	7	7	7

**Tabela:** Diâmetros para o Problema de Ordenação por Reversões e Transposições em Permutações com Sinais ( $D_{rt}^\lambda(n)$ ).

- [1] V. Bafna and P. A. Pevzner. Sorting by Reversals: Genome Rearrangements in Plant Organelles and Evolutionary History of X Chromosome. *Molecular Biology and Evolution*, 12(2):239–246, 1995.
- [2] V. Bafna and P. A. Pevzner. Sorting by Transpositions. *SIAM Journal on Discrete Mathematics*, 11(2):224–240, 1998.
- [3] P. Berman, S. Hannenhalli, and M. Karpinski. 1.375-Approximation Algorithm for Sorting by Reversals. In R. Möhring and R. Raman, editors, *Proceedings of the 10th Annual European Symposium on Algorithms (ESA'2002)*, volume 2461 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 200–210. Springer-Verlag Berlin Heidelberg New York, Berlin/Heidelberg, Germany, 2002.
- [4] A. Caprara. Sorting Permutations by Reversals and Eulerian Cycle Decompositions. *SIAM Journal on Discrete Mathematics*, 12(1): 91–110, 1999.

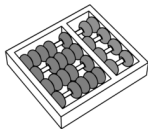
- [5] D. A. Dalevi, N. Eriksen, K. Eriksson, and S. G. E. Andersson. Measuring Genome Divergence in Bacteria: A Case Study Using Chlamydian Data. *Journal of Molecular Evolution*, 55(1):24–36, 2002.
- [6] I. Elias and T. Hartman. A 1.375-Approximation Algorithm for Sorting by Transpositions. *IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics*, 3(4):369–379, 2006.
- [7] G. R. Galvão, O. Lee, and Z. Dias. Sorting Signed Permutations by Short Operations. *Algorithms for Molecular Biology*, 10(1):1–17, 2015.
- [8] S. Hannenhalli and P. A. Pevzner. Transforming Cabbage into Turnip: Polynomial Algorithm for Sorting Signed Permutations by Reversals. *Journal of the ACM*, 46(1):1–27, 1999.
- [9] L. S. Heath and J. P. C. Vergara. Sorting by Short Swaps. *Journal of Computational Biology*, 10(5):775–789, 2003.

- [10] M. R. Jerrum. The Complexity of Finding Minimum-length Generator Sequences. *Theoretical Computer Science*, 36(2-3):265–289, 1985.
- [11] H. Jiang, H. Feng, and D. Zhu. An  $5/4$ -Approximation Algorithm for Sorting Permutations by Short Block Moves. In H. Ahn and C. Shin, editors, *Proceedings of the 25th International Symposium on Algorithms and Computation (ISAAC'2014)*, Lecture Notes in Computer Science, pages 491–503. Springer International Publishing, 2014.
- [12] J.-F. Lefebvre, N. El-Mabrouk, E. R. M. Tillier, and D. Sankoff. Detection and validation of single gene inversions. *Bioinformatics*, 19(1):i190–i196, 2003.
- [13] A. Rahman, S. Shatabda, and M. Hasan. An Approximation Algorithm for Sorting by Reversals and Transpositions. *Journal of Discrete Algorithms*, 6(3):449–457, 2008.

## References IV

- [14] E. Tannier, A. Bergeron, and M.-F. Sagot. Advances on Sorting by Reversals. *Discrete Applied Mathematics*, 155(6-7):881–888, 2007.
- [15] J. P. C. Vergara. *Sorting by Bounded Permutations*. PhD thesis, Virginia Polytechnic Institute and State University, 1998.
- [16] M. E. M. T. Walter, Z. Dias, and J. Meidanis. Reversal and Transposition Distance of Linear Chromosomes. In *Proceedings of the 5th International Symposium on String Processing and Information Retrieval (SPIRE'1998)*, pages 96–102, Los Alamitos, CA, USA, 1998. IEEE Computer Society.

# O Problema da Ordenação de Permutações por Operações de Tamanho Limitado



Guilherme Henrique Santos Miranda

*Orientador:* Prof. Dr. Zanoni Dias  
*Coorientadora:* Dra. Carla Negri Lintzmayer

Universidade Estadual de Campinas

03 de Outubro de 2017