

# Méthodes combinatoires pour la comparaison de génomes

Anne Bergeron

*Département d'informatique  
Université du Québec à Montréal  
C.P. 8888, succ. Centre-ville  
Montréal, Québec  
CANADA H3C 3P8*

## Résumé

Les génomes des différentes espèces ont évolué grâce à de nombreuses mutations. La majorité sont locales et ne concernent qu'une petite portion du brin d'ADN qui code pour un gène donné. D'autres types de mutations, plus rares, sont pourtant nécessaires pour expliquer la diversité des espèces existantes. On parle alors d'opérations de réarrangement de gènes. Les opérations de réarrangement observées en comparant des génomes existants sont nombreuses, les plus courantes étant les renversements, transpositions, duplications, fusions, fissions et translocations. Chacune de ces opérations admet une définition simple en termes de la représentation sous forme de suites d'entiers.

Les phénomènes de réarrangements sont étudiés avec deux principales approches combinatoires. La première, dite opérationnelle, explore les suites d'opérations nécessaires pour transformer un génome en un autre. Pour un ensemble donné d'opérations, la longueur minimale de ces suites est une distance. Les distances obtenues en comparant plusieurs génomes peuvent alors être utilisées pour proposer des phylogénies, et les scénarios optimaux peuvent servir à reconstruire des génomes ancestraux.

Une seconde approche, l'approche structurelle, cherche à identifier des invariants dans un ensemble de génomes. Il peut s'agir simplement

d'une suite de gènes qui se retrouve telle quelle dans chaque génome étudié, ou avec certaines variations dans l'ordre des gènes, ou dans leur nature. Le problème de la comparaison s'énonce alors en termes de similarité plutôt que de distance.