MO640/MC668

Guilherme P. Telles

IC-Unicamp

Avisado está

- Estes slides são incompletos.
- Estes slides contêm erros.

Parte I

Rearranjo de genomas

Rearranjo de genomas

- Para comparar genomas inteiros pode ser mais adequado considerar mutações que afetam blocos maiores, e não simplesmente inserções, remoções e substituições.
- Blocos representam segmentos conservados dos genomas.
- Blocos podem ser orientados ou não orientados.
 - A orientação indica que o bloco indica que a orientação da molécula é conhecida.
 - A falta de orientação indica que a ordem relativa dos blocos é conhecida, mas não a direção.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 4 / 58

Rearranjo de genomas

- Operações que atuam sobre blocos são por exemplo
 - reversão.
 - transposição,
 - ▶ fissão e fusão,
 - translocação,
 - inserção, remoção e duplicação.
- Essas operações são chamadas de operações de rearranjo de genomas

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 5 / 58

Rearranjo de genomas

- O problema biológico é comparar o genomas em termos do número mínimo de operações de um ou mais tipos que transformam um genoma no outro.
- As reversões são mutações que mais levam a diferenças significativas entre genomas.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 6/58

Reversão

8	7	6	5	4	3	2	$\overleftarrow{1}$	11	10	5
8	7	6	5	4	3	2	<u></u>	11	10	5
8	$\overrightarrow{2}$	5	4	5	6	7	1	11	10	5
8	<u>7</u>	\frac{\frac{1}{3}}	4	5	$\overrightarrow{1}$	7	6	11	10	5
₹	3	2	8	<u></u>	1	7	6	11	10	5
4	3	₹	8	7	$\overleftarrow{1}$	5	6	11	10	5
₹	3	2	8	7	$\overleftarrow{1}$	5	6	11	10	5
4	3	2	8	7	$\overleftarrow{1}$	5	6	11	10	3

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 7/58

Reversão

Definições

- Vamos supor que os blocos nos dois genomas que serão comparados estão rotulados entre 1 e n.
- Seja $\mathcal L$ um conjunto finito de rótulos. Um conjunto $\mathcal L^o$ de rótulos orientados para $\mathcal L$ é

$$\mathcal{L}^o = \bigcup_{a \in \mathcal{L}} \{\overrightarrow{a}, \overleftarrow{a}\}$$

- Para um rótulo $x \in \mathcal{L}^o$, |x| é um rótulo de \mathcal{L} obtido pela remoção da orientação.
- Então para todo $x \in \mathcal{L}$ temos $|\overrightarrow{x}| = |\overleftarrow{x}| = a$.
- Para um rótulo x, \overline{x} é o rótulo x com sua orientação invertida.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 9 / 58

Permutação orientada

- Uma permutação orientada de \mathcal{L} é um mapeamento $\alpha:[1..n] \to \mathcal{L}^o$ tal que para qualquer rótulo $a \in \mathcal{L}$ existe exatamente um $i \in [1..n]$ com $|\alpha(i)| = a$.
- Uma permutação α pode ser representada como uma sucessão dos seus elementos $\alpha(1), \alpha(2), \ldots, \alpha(n)$.
- A permutação identidade orientada é a permutação I tal que $I(i) = \overrightarrow{i}$, para $1 \le i \le n$.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 10/58

Reversão

- Uma reversão transforma uma permutação orientada em outra invertendo a ordem dos elementos de uma porção contínua da permutação e complementando as orientações desses elementos.
- Uma reversão que envolve os elementos $\alpha(i) \dots \alpha(j)$ de α é denotada $[i \dots j].$
- Uma reversão $\rho=[i\mathinner{.\,.} j]$ transforma uma permutação α em uma permutação $\alpha\rho$, definida da seguinte forma

$$\alpha[i\mathinner{.\,.} j](k) = \left\{ \begin{array}{ll} \overline{\alpha(i+j-k)} & \text{se } i \leq k \leq j \\ \alpha(k) & \text{caso contrário} \end{array} \right.$$

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 11/58

Reversão

• Há n(n+1)/2 reversões possíveis entre n rótulos, incluindo as reversões unitárias.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 12 / 58

Distância de reversão

- Dadas duas permutações orientadas α e β sobre o mesmo conjunto $\mathcal L$ de rótulos, o problema da ordenação por reversões é determinar o número mínimo de reversões que transformam α em β .
- Ou seja, identificar uma série de reversões $\rho_1, \rho_2, \dots, \rho_t$, com t mínimo, tal que

$$\alpha \rho_1 \rho_2 \dots \rho_t = \beta$$
.

- O número t é a distância de reversão de α com relação a β e é denotada por $d_{\beta}(\alpha)$.
- t é único para um par α, β mas a série de reversões que ordena α não necessariamente é única.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 13 / 58

Reversão ordenante

 \bullet Uma reversão ρ é chamada $\mathit{reversão}$ $\mathit{ordenante}$ de α com relação β se

$$d_{\beta}(\alpha \rho) < d_{\beta}(\alpha).$$

- (São essas reversões que queremos encontrar para resolver o problema.)
- Como as distâncias de reversão de α a β e de $\alpha\rho$ a β não podem diferir de mais do que uma unidade, temos:

$$d_{\beta}(\alpha \rho) = d_{\beta}(\alpha) - 1.$$

• Vamos considerar alguns limites inferiores para a distância de reversão.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles $14 \ / \ 58$

Permutação estendida

• Dada uma permutação α , a versão estendida de α é obtida adicionando-se a ela um rótulo artificial L antes do primeiro rótulo $\alpha(1)$ e um rótulo artificial R depois do último rótulo $\alpha(n)$.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 15 / 58

Ponto de quebra

- Um ponto de quebra de α com respeito a β é um par x, y de elementos de \mathcal{L}^o tal que xy aparece na versão estendida de α mas nem xy e nem \overline{yx} aparece na versão estendida de β .
- O número de pontos de quebra de uma permutação orientada α com respeito a β é denotado por $b_{\beta}(\alpha)$.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 16 / 58

Limite inferior para a ordenação

- Uma reversão pode remover no máximo dois pontos de quebra de uma permutação.
- Logo para qualquer α e ρ

$$b(\alpha) - b(\alpha \rho) \le 2$$
,

Pontos de quebra

• Seja $\rho_1, \rho_2, \dots, \rho_t$ uma seqüência de reversões que converte α em β . Ou seja $\alpha \rho_1 \rho_2 \dots \rho_t = \beta$.

Então
$$b(\alpha \rho_1 \rho_2 \dots \rho_t) = b(\beta) = 0.$$

Pela desigualdade anterior temos

$$b(\alpha) - b(\alpha \rho_1) \leq 2,$$

$$b(\alpha \rho_1) - b(\alpha \rho_1 \rho_2) \leq 2,$$

$$\vdots$$

$$b(\alpha \rho_1 \dots \rho_{t-1}) - b(\alpha \dots \rho_t) \leq 2,$$

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 18 / 58

Pontos de quebra

- Somando essas desigualdades e considerando que $b(\alpha \rho_1 \rho_2 \dots \rho_t) = b(\beta) = 0$, temos $b(\alpha) \le 2t$.
- Isso é verdade para qualquer ordenação de α com respeito a β , inclusive para a ótima.
- Nesse caso, $t = d(\alpha)$.
- Então

$$\frac{b(\alpha)}{2} \le d(\alpha).$$

- Um limite inferior melhor pode ser estabelecido a partir do grafo conhecido como diagrama realidade-desejo.
- Dadas duas permutações orientadas α e β , o diagrama realidade-desejo de α com relação a β , denotado $RD_{\beta}(\alpha)$, pode ser construído da seguinte forma:

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 20 / 58

- Para cada elemento l de α , inclua dois vértices l- e l+ em $RD_{\beta}(\alpha)$, um vértice para cada orientação distinta.
 - ▶ l− corresponde à cauda da seta na orientação de l.
 - ▶ l+ corresponde à cabeça da seta na orientação de l.
- Inclua os vértices L e R em $RD_{\beta}(\alpha)$.
- Conecte os vértices dos elementos consecutivos de α de acordo com suas orientações (arestas realidade).
- ullet Conecte L com o primeiro vértice e R com o último vértice.
- Conecte os vértices dos elementos de α de acordo com a permutação β (arestas desejo).
- Posicione todos os vértices em um círculo começando com L e posicione os outros vértices no sentido anti-horário.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 21/58

- Sobre um diagrama realidade-desejo temos:
 - As arestas realidade circulam o diagrama e as desejo cortam o diagrama.
 - Laços representam pontos onde o desejo e a realidade se encontram (pontos que não são de quebra).
 - O grau de cada vértice é dois, sendo incidentes uma aresta realidade e uma desejo.
 - ► Todo ciclo tem um número par de arestas, sendo metade delas realidade e metade delas desejo.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 22 / 58

- O número de ciclos de $RD_{\beta}(\alpha)$ é denotado por $c_{\beta}(\alpha)$.
- Observe que $c_{\beta}(\beta) = n+1$ já que β não possui pontos de quebra. Disso, todas os seus ciclos correspondem a *loops*. Como existem 2n+2 nós, temos n+1 ciclos.
- Então podemos pensar no processo de ordenação de uma permutação α por reversões como o processo de transformar $RD_{\beta}(\alpha)$ em um diagrama com número máximo de ciclos.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 23 / 58

Como uma reversão afeta os ciclos em RD

- Sejam (s,t) e (u,v) duas arestas realidade que caracterizam uma reversão ρ , com (s,t) precedendo (u,v) na permutação α . $RD_{\beta}(\alpha)$ difere de $RD_{\beta}(\alpha\rho)$ nos seguintes aspectos:
 - As arestas realidade (s,t) e (u,v) são substituídas pelas arestas (s,u) e (t,v).
 - As arestas desejo continuam inalteradas.
 - ► A seção do círculo que vai do nó t ao nó u, incluindo suas extremidades, no sentido anti-horário, é revertida.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 24 / 58

Convergência, divergência

• Sejam e e f duas arestas realidade pertencentes ao mesmo ciclo em $RD_{\beta}(\alpha)$. Assuma inicialmente que ambas estão orientadas no sentido anti-horário. Cada uma delas induz então uma orientação do ciclo em comum. Se essas orientações são as mesmas, dizemos que e e f convergem. senão, dizemos que e e f divergem.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 25/58

Reversões sobre ciclos

- Seja ρ uma reversão atuando em duas arestas realidade e e f de $RD_{\beta}(\alpha)$. Então:
 - se e e f pertencem a ciclos distintos, $c(\alpha \rho) = c(\alpha) 1$.
 - se e e f pertencem ao mesmo ciclo e convergem então $c(\alpha\rho)=c(\alpha)$.
 - se e e f pertencem ao mesmo ciclo e divergem então $c(\alpha\rho)=c(\alpha)+1.$

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 26 / 58

Outro limite inferior

- Do resultado anterior podemos concluir que o número de ciclos se altera em no máximo uma unidade a cada reversão.
- Isso fornece outro limite inferior para a distância de reversão de duas permutações orientadas α e β .

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 27 / 58

Outro limite inferior

• Seja $\rho_1, \rho_2, \dots, \rho_t$ uma série de reversões (não necessariamente ótima) que converte α em β . Ou seja

$$\alpha \rho_1 \rho_2 \dots \rho_t = \beta.$$

Então

$$c(\alpha \rho_1 \rho_2 \dots \rho_t) = c(\beta) = n + 1.$$

Outro limite inferior

Sabemos que

$$c(\alpha \rho_1) - c(\alpha) \leq 1,$$

$$c(\alpha \rho_1 \rho_2) - c(\alpha \rho_1) \leq 1,$$

$$\vdots$$

$$c(\alpha \rho_1 \dots \rho_t) - c(\alpha \rho_1 \dots \rho_{t-1}) \leq 1,$$

Somando temos

$$n+1-c(\alpha) \le t$$
.

Isso é verdade para qualquer ordenação de α com respeito a β , inclusive para a ótima. Nesse caso, $t=d(\alpha)$.

Então

$$n+1-c(\alpha) \le d(\alpha)$$
.

Ciclos bons e ruins

- Um ciclo pode ser classificado com base nos efeitos de uma reversão no número de ciclos de um diagrama:
 - Ciclo bom: se tem duas arestas realidade divergentes.
 - Ciclo ruim: se não tem duas arestas realidade divergentes.
- A classificação se aplica a ciclos com pelo menos quatro arestas chamados ciclos próprios.
- Se tivermos apenas ciclos bons no diagrama realidade-desejo de α , então o limite inferior é exato: $n+1-c(\alpha)=d(\alpha)$.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 30 / 58

Ciclos bons e ruins

- Quando há ciclos ruins às vezes é possível chegar a β adicionando um ciclo por reversão: uma reversão que quebra um ciclo bom também pode dobrar um ciclo ruim transformando-o em um ciclo bom.
- Esse relacionamento é caracterizado no grafo de intercalação.

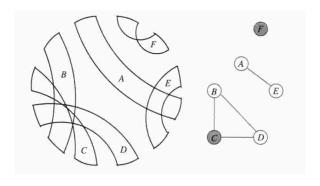
Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 31 / 58

Grafo de intercalação

- Ciclos intercalados são ciclos em que alguma aresta desejo de um cruza uma aresta desejo do outro.
- O grafo de intercalação de α com relação a β , denotado por $I_{\beta}(\alpha)$ é tal que
 - os vértices são os ciclos próprios de $RD_{\beta}(\alpha)$ e
 - dois vértices são adjacentes se e somente se os ciclos correspondentes se intercalam.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 32 / 58

Grafo de intercalação



Componentes bons e ruins

- Se um componente de um grafo de intercalação é composto inteiramente de ciclos ruins, ele é um componente ruim. Caso contrário, ele é um componente bom.
- Uma reversão definida por duas arestas divergentes de um mesmo ciclo é uma reversão ordenante se e somente se sua aplicação não cria componentes ruins no grafo.
- É fato que se houver um ciclo bom em um diagrama realidade-desejo então vai sempre existir uma reversão ordenante.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 34 / 58

Idéia do algoritmo

- A idéia para um algoritmo que ordena permutações com sinal por reversões é:
 - Processe todos os componentes bons, escolhendo arestas realidade que induzem uma reversão ordenante.
 - ► Processe todos os componentes ruins em uma ordem específica, de acordo com certas características desses componentes.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 35 / 58

Separação

- Um componente B separa dois componentes A e C se todas as arestas desejo entre A e C teriam que cruzar uma aresta de B.
- Uma reversão envolvendo arestas de A e C dobra B. Ao ser dobrado, um componente ruim se torna bom. Mas um componente bom pode se tornar ruim.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles _______ 36 / 58

Obstáculos

- Um *obstáculo* é um componente ruim que não separa nenhum outro par de componentes ruins.
- Um não-obstáculo é um componente ruim que separa pelo menos um par de componentes ruins.
- O número de obstáculos em uma permutação α é $h(\alpha)$.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 37 / 58

Obstáculos

- Dizemos que um obstáculo A protege um não-obstáculo B quando a remoção de A transforma B em um obstáculo.
- Um obstáculo A é um super-obstáculo se ele protege algum não-obstáculo B. Caso contrário, ele é chamado obstáculo simples.
- Uma permutação α é uma fortaleza quando o seu diagrama realidade-desejo contém um número ímpar de obstáculos e todos eles são super-obstáculos.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 38 / 58

Fórmula para distância de reversão

 A fórmula exata para a distância de reversão de duas permutações orientadas é

$$d(\alpha) = n + 1 - c(\alpha) + h(\alpha) + f(\alpha),$$

onde $c(\alpha)$ corresponde ao número de ciclos no diagrama, $h(\alpha)$ ao número de obstáculos no diagrama e $f(\alpha)$ é 0 caso a permutação não seja uma fortaleza e 1 caso contrário.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 39 / 58

Algoritmo

- O algoritmo de ordenação produz uma seqüência de reversões ordenantes.
- Quando não há ciclos bons, ele usa uma reversão em arestas convergentes ou uma reversão em arestas de ciclos diferentes.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 40 / 58

Hurdle cutting

- Uma reversão em arestas convergentes não muda o número de ciclos.
- A melhor escolha é um obstáculo: isso transforma a componente ruim em boa sem aumentar o número de ciclos.
- (Escolher um não-obstáculo não muda o número de obstáculos ou fortaleza. Um super obstáculo também não ajuda porque o não-obstáculo que ele protege se torna obstáculo).

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 41/58

Hurdle cutting

- A reversão sobre arestas realidade de um ciclo de um obstáculo é chamada de hurdle cutting.
- Ela não muda $c(\alpha)$ e diminui $h(\alpha)$ quando o obstáculo é simples, mas para não aumentar $f(\alpha)$ ela só é empregada quando $h(\alpha)$ é par.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 42 / 58

Hurdle merging

- Uma reversão em arestas de ciclos diferentes diminui o número de ciclos, o que é ruim, mas o número de obstáculos pode ser diminuído de 2.
- Para isso as arestas devem ser de ciclos em obstáculos diferentes.
 Essa reversão é chamada de hurdle merging.
- Os dois obstáculos e quaisquer não-obstáculo que os separam se tornam componentes bons.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 43 / 58

Hurdle merging

- Existe a possibilidade dessa operação transformar um não obstáculo em obstáculo.
- Para evitar isso precisamos escolher obstáculos opostos.
- Dois obstáculos A e B são opostos se o número de obstáculos entre A e B no sentido horário é igual no sentido anti-horário. Só existem se $h(\alpha)$ é par.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 44 / 58

Fortaleza

- Se $h(\alpha)$ é par, hurdle merging vai deixar $h(\alpha)$ par.
- Se $h(\alpha)$ é ímpar e existe obstáculo simples não pode haver obstáculo oposto. Então aplicamos hurddle cutting e $h(\alpha)$ será par. Se $h(\alpha)$ é ímpar e não existe obstáculo simples já temos uma fortaleza e $f(\alpha)$ não pode aumentar.
- Então essas operações não transforma a permutação em fortaleza.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 45 / 58

Algoritmo

```
SORTING-REVERSAL(\alpha, \beta)
    if there is a good component in RD_{\beta}(\alpha)
          Pick two divergent edges e and f in this component
          making sure the corresponding reversal does not
          create any bad components
 3
          return the reversal characterized by e and f
    else
 5
          if h(\alpha) is even
 6
               return merging of two opposite hurdles
          else
 8
               if h(\alpha) is odd and there is a simple hurdle
 9
                    return a reversal cutting this hurdle
               else // fortress
10
11
                    return merging of any two hurdles
```

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 46 / 58

Componentes ruins no algoritmo

- A primeira operação diminui o número de ciclos em uma unidade, mas diminui o número de obstáculos em duas, tornando-os componentes bons e não transforma o diagrama em uma fortaleza.
- A segunda operação transforma o componente ruim em um componente bom, sem modificar o número de ciclos e não transforma o diagrama em uma fortaleza.
- A terceira operação diminui o número de ciclos em uma unidade, mas diminui o número de obstáculos em duas, tornando-os componentes bons.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 47/58

Complexidade

- O grafo para representar o diagrama, os componentes e fortaleza podem ser identificados em tempo $O(n^2)$.
- São $O(n^2)$ reversões possíveis e cada uma pode ser verificada para a formação de componentes ruins em tempo $O(n^2)$. Então os componentes bons podem ser tratados em tempo $O(n^4)$.
- A função vai ser executada dba vezes e então o algoritmo é $O(n^5)$.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 48 / 58

Permutação não-orientada

- Uma permutação não-orientada sobre um conjunto de n rótulos \mathcal{L} é um mapeamento $\alpha:[1..n]\to\mathcal{L}$.
- A permutação identidade não-orientada é a permutação I tal que I(i)=i, para $1\leq i\leq n$.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 49 / 58

Reversão

- Uma reversão transforma uma permutação orientada em outra revertendo a ordem dos elementos de uma porção contínua da permutação.
- Uma reversão que envolve os elementos $\alpha(i) \dots \alpha(j)$ de α é denotada $[i \dots j]$.
- Uma reversão $\rho=[i\mathinner{.\,.} j]$ transforma uma permutação α em uma permutação $\alpha\rho$, definida da seguinte forma

$$\alpha[i\mathinner{.\,.} j](k) = \left\{ \begin{array}{ll} \alpha(i+j-k) & \text{se } i \leq k \leq j \\ \alpha(k) & \text{caso contrário} \end{array} \right.$$

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 50 / 58

Distância de reversão

- Dadas duas permutações não-orientadas α e β sobre o mesmo conjunto $\mathcal L$ de rótulos, o problema da ordenação por reversões é determinar o mínimo de reversões que transformam α em β .
- Ou seja, identificar uma série de reversões $\rho_1, \rho_2, \dots, \rho_t$, com t mínimo, tal que

$$\alpha \rho_1 \rho_2 \dots \rho_t = \beta.$$

• O número t é a distância de reversão de α com relação a β e é denotada por $d_{\beta}(\alpha)$.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 51/58

Permutação estendida

• Dada uma permutação α , a versão estendida dessa permutação é obtida adicionando-se a ela um rótulo artificial L antes do primeiro rótulo $\alpha(1)$ e um rótulo artificial R depois do último rótulo $\alpha(n)$.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 52 / 58

Ponto de quebra

- Um ponto de quebra de α com respeito a β corresponde a um par x, y de elementos de $\mathcal L$ tal que x e y são consecutivos em α mas não são consecutivos em β .
- O número de pontos de quebra de uma permutação não-orientada α com respeito a β é denotado por $b_{\beta}(\alpha)$.
- Para toda permutação $\alpha \neq \beta$ temos $b_{\beta}(\alpha) \geq 2$.
- Uma reversão pode remover no máximo 2 pontos de quebra, então

$$d_{\beta}(\alpha) \ge \frac{b_{\beta}(\alpha)}{2}.$$

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 53 / 58

Tiras

- Uma sequência consecutiva de rótulos delimitada por pontos-de-quebra é uma tira.
- Uma tira pode ser crescente ou decrescente.
- Tiras unitárias são crescentes e decrescentes.
- L e R formam uma única tira crescente LR.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 54 / 58

Pontos-de-quebra e tiras

- Teorema: Se o rótulo k pertence a uma tira decrescente e k-1 pertence a uma tira crescente então existe uma reversão que remove pelo menos um breakpoint.
- Teorema: Se o rótulo k pertence a uma tira decrescente e k+1 pertence a uma tira crescente então existe uma reversão que remove pelo menos um breakpoint.
- Teorema: se o rótulo k pertence a uma tira decrescente e ou k+1 ou k-1 pertence a uma tira crescente então há uma reversão que remove pelo menos um ponto-de-quebra.
- Teorema: Seja α uma permutação com tira decrescente. Se todas as reversões que removem um ponto-de-quebra de α não deixam restar tiras decrescentes então existe uma reversão que remove 2 pontos de quebra de α .

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 55/58

Algoritmo

 O algoritmo de aproximação a seguir remove um ponto-de-quebra em média a cada iteração. Quando a primeira iteração não tem uma tira decrescente então a última iteração produz a identidade removendo 2 pontos-de-quebra, compensando a primeira.

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 56 / 58

Algoritmo

```
SORTING-REVERSAL(\alpha, \beta)
     list = \emptyset
     while \alpha \neq 1
 3
           if a has a decreasing strip
                k = the smallest label in a decreasing strip
 5
                \rho = the reversal that cuts after k and k-1
 6
                if \alpha \rho has no decreasing strip
                      l = the largest label in a decreasing strip
 8
                      \rho = the reversal that cuts before l and l+1
 9
           else
10
                \rho = the reversal that cuts the first two breakpoints
11
                \alpha = \alpha \rho
12
           list = list + \rho
     return list
13
```

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 57 / 58

Outras operações

Operação	Complex.	Melhor aproximação
reversões com sinal	Р	1
reversões	NPD	1.375
transposições	NPD	1.375
reversões e transposições	aberto	2.8334
reversões com sinal e transposições	aberto	2
reversões de prefixo	NPD	2
reversões de prefixo com sinal	aberto	2
transposições de prefixo	aberto	2
transposições de prefixo e transposiçõs	aberto	$2+\varepsilon$

Rearranjo de genomas Guilherme P. Telles 58 / 58