Classer musiques, langues, images, textes et génomes

Les algorithmes de compression de données permettent de classer automatiquement toutes sortes de fichiers.

Lorsque vous répétez une histoire qu'on vient de vous raconter, vous ne la reproduisez pas à l'identique, mais entre ce que vous dites et ce que vous avez entendu, de nombreux points correspondent, et, pour l'essentiel, les récits coïncident : la version initiale et la version reproduite possèdent un fort contenu commun en information. Cette notion de « contenu commun en information » semble imprécise et l'on imagine mal qu'il soit possible d'en formuler une définition générale, encore moins qu'on puisse lui associer un nombre. Pourtant c'est l'exploit que mathématiciens et informaticiens réussissent aujourd'hui par la mise en œuvre d'une idée simple tirée d'une théorie dont les mathématiciens pensaient qu'elle était… inapplicable.

Dans la décennie 1990, partant de considérations sur le calcul réversible, une équipe de théoriciens autour de Charles Bennett inventa la distance informationnelle qui dépend du contenu commun en information. Elle fut utilisée dès 1998 par l'équipe de bioinformatique du Laboratoire d'informatique fondamentale de Lille pour classer des séquences génétiques : la distance informationnelle entre deux suites de caractères *A* et *B* est définie par la taille du plus court programme permettant de transformer *A* en *B* et *B* en A. Peu après, cette méthode, reprise par des chercheurs de l'Université d'Amsterdam autour de Paul Vitanyi, fut perfectionnée et simplifiée – sous le nom de distance de similarité. Aujourd'hui les succès de cette idée concernent une multitude de domaines. Plus étonnant encore, les dernières versions de la méthode sont faciles à mettre en œuvre et sont adaptables à toutes sortes de problèmes grâce à des logiciels du domaine public.

La distance de similarité a été appliquée à la classification des langues, des morceaux de musique, des textes (dont en particulier les chaînes de lettres), des images et des données astronomiques. Le logiciel *FindFraud* exploitant cette distance permet de repérer les étudiants qui copient : vous entrez les textes des devoirs de toute la classe, l'algorithme vous indique les suspects, à vous alors de juger si les ressemblances repérées sont excessives et de punir les plagiaires. Cela est applicable aussi à des morceaux de musique et à des œuvres littéraires, comme nous le verrons.

Compression de données

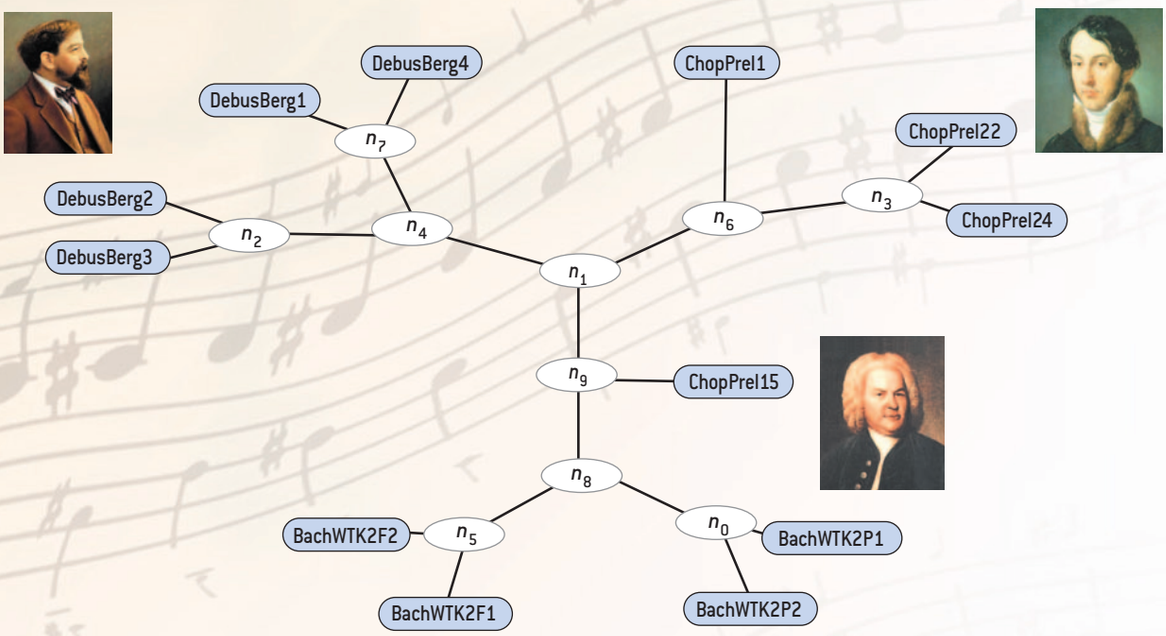
La mesure numérique du contenu commun en information est obtenue en utilisant des algorithmes de compression de données : meilleurs sont les algorithmes utilisés, plus fines seront les classifications obtenues. Ces algorithmes fournissent la valeur du contenu commun en information de deux objets en exploitant une formule que nous allons détailler, car elle est au cœur de l'idée de la classification par compression.

On choisit un algorithme de compression *C*, dont, si possible, on sait qu'il fonctionne avec efficacité sur les données qu'on veut classer (textes, partitions musicales, séquences d'ADN…). Cet algorithme de compression doit être sans perte, ce qui signifie que si *C*, appliquée à la suite de caractères *A*, produit la suite comprimée *B*, alors en appliquant à *B* le décompresseur de *C,* on reconstituera exactement A. L'algorithme *gzip,* bien connu des utilisateurs de micro-ordinateurs, est un tel algorithme de compression que l'on peut utiliser pour tout fichier informatique. Il en existe une multitude d'autres, certains spécialisés dans les fichiers de séquences génomiques, d'autres dans les fichiers de son, d'image ou de film.

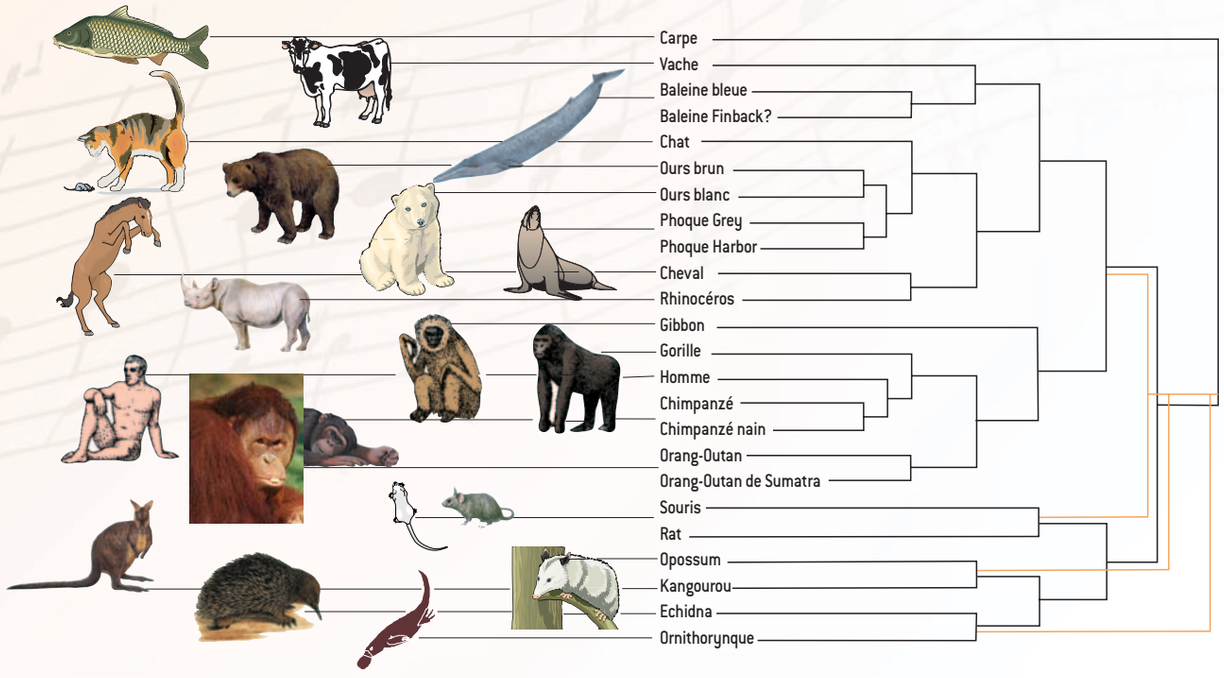
Le compresseur *C* choisi, on l'applique aux données à classer et l'on mesure la longueur des versions comprimées par l'algorithme *C* appliqué à *A, à B* et à *AB (A* suivi de *B)*. Ces longueurs correspondent à trois nombres *c(A), c(B), c(AB)* qui indiquent les contenus en information de *A*, de *B* et de *AB* et on examine la différence {*c(A)* + *c(B)* – *c(AB)*}.

Lors du calcul de *c(AB)*, les informations communes à *A* et *B* ne sont comptées qu'une seule fois : quand, après avoir comprimé *A*, il comprime *B*, le compresseur élimine l'information redondante qui était déjà dans A. Les informations propres à *A* et celles propres à *B* ne sont donc comptées qu'une fois dans *c(AB)*. En revanche, lorsque l'on calcule à part *c(A)* et *c(B)*, on comptera une fois les informations propres à *A*, une fois les informations propres à *B* et deux fois les informations communes à *A* et *B* (une fois lors du calcul de *c(A)* et une fois lors du calcul de *c(B)*).

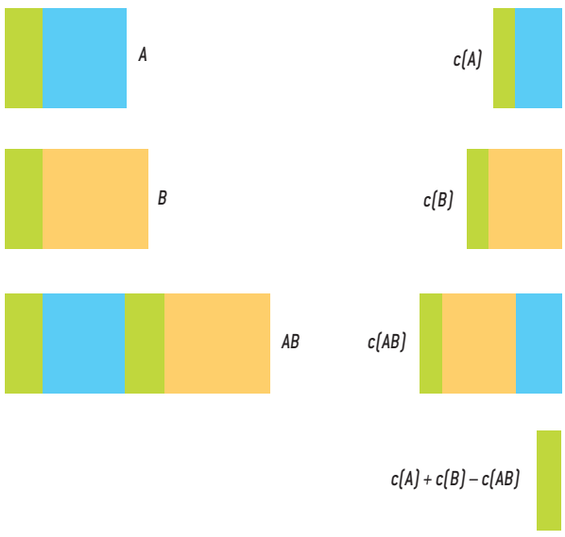
Le calcul de la différence {*c(A)* + *c(B)* – *c(AB)*} se simplifie et il n'en reste finalement qu'un seul terme : le contenu commun en information de *A* et B. Dit autrement, l'économie



1. En faisant travailler les algorithmes de compression sur les musiques de Bach, de Debussy et de Chopin, on définit des distances entre différentes œuvres de ces musiciens (toujours comparées par paires). À partir de ces distances, on construit un arbre où les musiques de chacun sont « par miracle » automatiquement regroupées. L'analyse par compression dégage les caractéristiques spécifiques de chaque musicien en construisant un arbre fondé sur les distances déterminées par les éléments communs de chaque paire. Ces regroupements ont été faits « en aveugle » avec un programme de compression non adapté à la musique.



2. Arbre reconstituant l'évolution de 24 espèces de mammifères obtenus par compression des séquences de l'ADN mitochondrial. Cet arbre concorde avec les résultats des paléontologues à la différence près, indiquée en orange.



3. Évaluation du contenu commun en information à deux ensembles de données. On considère deux ensembles des données *A* et *B* (deux textes, deux morceaux de musique ou deux séquences d'ADN, etc.). L'ensemble des données *A* comporte des informations qui lui sont spécifiques *(en bleu)* et des informations qu'il partage avec l'ensemble de données *B (en vert)*. De même, les informations de *B* se décomposent en une partie spécifique à *B (en jaune)* et la partie commune. Les versions comprimées de *A* et de *B* similairement comportent des parties spécifiques et des parties communes. Lorsque l'on comprime la concaténation de *A* et de *B (notée AB)*, la partie commune à *A* et *B* n'est bien sûr pas dupliquée, car la compression supprime les redondances, et donc la version comprimée de *AB* comporte une partie correspondant à la version comprimée de la partie bleue, une autre pour la version comprimée de la partie jaune (spécifique à *B*) et une dernière pour la version comprimée de la partie verte. Les longueurs des données comprimées *c(A), c(B)* et *c(AB)* mesurent les contenus en information de *A*, de *B* et de *AB*. Le schéma illustre que l'expression *c(A) + c(B) – c(AB)* se simplifie et qu'on obtient comme résultat une mesure du contenu commun en information de *A* et *B (en vert)*. Sachant mesurer ainsi le contenu commun en information à deux ensembles de données, on en déduit une distance qui vaudra 0 (approximativement) lorsque *A* et *B* auront le même contenu en information et qui prendra une grande valeur lorsque *A* et *B* seront peu corrélés.

d'espace que l'on obtient quand on comprime *AB* en une fois, comparée à des compressions séparées de *A*, et de *B*, est une mesure du contenu commun en information de *A* et *B*.

On définit alors la distance de similarité entre les séquences *A* et B. Si $c(B) \leq c(A)$, la distance entre *A* et *B* vaut : $d(A, B) = 1 - \{c(A) + c(B) - c(AB)\}/c(A)$; si $c(A) \leq c(B)$, elle vaut : $d(A, B) = d(A, B) = 1 - \{c(A) + c(B) - c(AB)\}/c(B)$.

Les dénominateurs apparaissant dans les formules sont des facteurs de normalisation, qui ne jouent un rôle important que quand on manipule des données *A* et *B* de tailles très différentes. La quantité *d(A, B)* est comprise entre 0 et 1 et possède les propriétés de ce que les mathématiciens nomment une distance :

$d(A, B) = 0$ si et seulement si $A = B$;

$d(A, B) = d(B, A)$ (symétrie) ;

$d(A, B) \leq d(A, C) + d(C, B)$ (inégalité triangulaire).

Avec des compresseurs habituels, certaines de ces propriétés ne sont vraies qu'approximativement, mais cela n'est pas très grave, l'essentiel se trouvant dans l'interprétation de la quantité *d(A, B)*. Si *A* et *B* sont sans rapport (par exemple deux séquences aléatoires de pile ou face, ou deux textes sans liens dans des langues différentes), alors le contenu commun en information de *A* et *B* est nul, $c(AB) = c(A) + c(B)$ et donc $d(A, B) = 1$, la valeur maximale de la distance. Si, en revanche, $A = B$, alors $c(A) = c(AB) = c(B)$ et donc $d(A, B) = 0$.

Ainsi, plus le contenu commun en information de *A* et *B* est grand, plus petite est la distance *d(A, B)* ; plus les séquences *A* et *B* sont indépendantes (sans corrélation), plus *d(A, B)* s'approche de 1. Les corrélations peuvent être de nature statistique ou résulter de la présence de séquences communes en fonction des compresseurs utilisés.

Justification théorique profonde

En expliquant la distance de similarité comme nous venons de le faire, des points paraissent peut-être mystérieux ou obscurs. De quelle information s'agit-il ? En changeant d'algorithme de compression, on change les résultats : le contenu commun en information serait-il variable ? Qu'est-ce qui justifie de parler d'information et de contenu commun en information ?

La réponse à ces questions se trouve dans les considérations mathématiques que permet la théorie algorithmique de l'information (ou théorie de la complexité de Kolmogorov) née dans la décennie 1960, à la frontière de la logique mathématique et de l'informatique théorique. Ce que nous avons examiné prend un sens rigoureux en considérant des méthodes de compression parfaites. L'information dont il s'agit alors est l'information algorithmique d'une suite de caractères, définie comme la taille du plus petit programme permettant de l'engendrer. D'autres précisions se trouvent dans l'article *La complexité mesurée* dans le numéro spécial (décembre 2003) de *Pour la Science* consacrée à la complexité.

Hélas, les méthodes parfaites de compression (mentionnées par la théorie) sont des méthodes idéales dont on démontre qu'elles ne sont pas programmables : aucun algorithme ne permettra jamais de calculer les compressions optimales de la théorie algorithmique de l'information ! Le recours à des méthodes de compression particulières et imparfaites est donc inévitable. La distance de similarité définie en s'appuyant sur un compresseur particulier *C* n'est qu'une version approchée d'un concept mathématique définitivement inaccessible.

Le cadre théorique permet de savoir que la distance de similarité est « universelle » : dans sa version idéale, elle ne peut manquer la moindre similarité possédée par deux suites de caractères. Les versions fondées sur des compresseurs réels n'ont bien sûr pas les belles propriétés de la version idéale, mais, si le compresseur est bon, la distance *d(A, B)* sera une mesure approchée satisfaisante de la distance de similarité idéale. Dans une telle situation, la justification de la pratique est heuristique : le fait que la méthode théorique soit démontrée bonne suggère que ses versions approchées le sont aussi ! Reste à s'assurer que tout cela fonctionne correctement.

La distance de similarité pour un compresseur donné produit un tableau de distances mutuelles pour tous les objets à classer. Imaginons quatre objets *A, B, C, D* à classer. L'utilisation du compresseur nous fournit les valeurs *d(A, B), d(A, C), d(A, D), d(B, C), d(B, D), d(C, D)*. Que faire de ces données ?

Il est clair que si nous réussissons à placer quatre points sur le plan géométrique, de façon que leurs distances au sens habituel soient celles calculées, nous aurons une

représentation intéressante des rapports entre *A, B, C* et *D*, et donc du contenu commun en information des différents objets. Nous verrons d'un seul coup d'œil les objets proches ou éloignés. Il se trouve qu'une telle disposition est rarement possible. Pour être certains de placer quatre points conformément à un ensemble de distances données à l'avance (et vérifiant les propriétés énumérées plus haut), nous devrions nous placer dans un espace de dimension 3. Plus généralement pour en placer *n*, il faut un espace de dimensions $n - 1$. Si *n* dépasse 5, nous n'y verrons pas grand-chose ! Comment faire ?

L'interprétation des distances

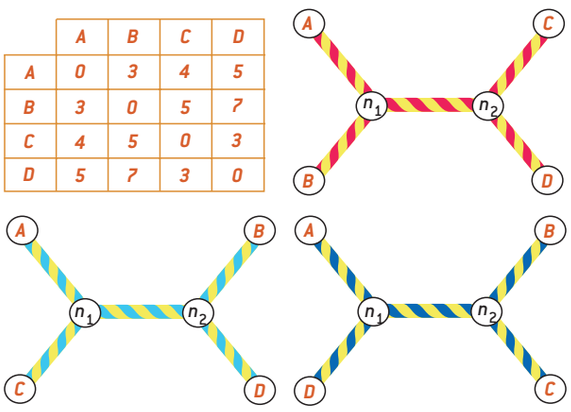
Le problème de l'interprétation de tels tableaux de distances s'est déjà posé. Notamment en biologie où, depuis longtemps, par toutes sortes de procédés, on calcule des distances entre séquences génétiques qu'on cherche ensuite à visualiser. Un exemple de distance utilisée en génétique est celui de la distance d'édition : la distance d'édition entre *A* et *B* est le nombre minimum d'opérations d'édition (délétion d'un caractère, insertion d'un caractère ou mutation d'un caractère) qu'il faut opérer à partir de *A* pour arriver à *B*.

Les biologistes ont donc mis au point des méthodes pour produire des visualisations ; Paul Vitanyi et Rudi Cilibrasi ont perfectionné l'une d'elles de manière à visualiser les tableaux de distances calculés par compression. Cette méthode expliquée sur la figure 4 conduit à dessiner une arborescence où les données *A* et *B* sont sur des branches proches lorsque *d(A, B)* est petit et où les données sont sur des branches éloignées lorsque *d(A, B)* est grand.

Calculer ces arbres est un problème algorithmique assez délicat et on n'aboutit pas toujours à un arbre représentant parfaitement l'ensemble des données *d(A, B), d(A, C)*, etc. Un coefficient *Q* évalue la qualité de l'arbre obtenu relativement aux données initiales et permet donc de savoir si on doit avoir une grande confiance en lui, ou seulement le considérer comme un indicateur approximatif des contenus communs en information des séquences *A, B, C*, etc.

Dans le cas des séquences génétiques, les arborescences produites s'interprètent comme des arbres de filiations, et on parle d'arbres phylogénétiques. Mais les arborescences obtenues peuvent aussi se voir comme des regroupements hiérarchisés lorsque l'on classe des objets n'ayant pas de relations de filiations attendues.

	A	B	C	D
A	0	3	4	5
B	3	0	5	7
C	4	5	0	3
D	5	7	3	0



Ainsi, la méthode de classification par compression procède en trois étapes.

(a) Application de l'algorithme de compression sélectionné à toutes les suites de caractères à classer *A, B, C,* etc. et à toutes les doubles suites *AB, AC, BC*, etc.

(b) Utilisation de la formule de la distance de similarité, ce qui donne un tableau de nombres compris entre 0 et 1 : *d(A, B), d(A, C), d(B, C)*, etc.

(c) Construction d'un arbre permettant une visualisation globale du tableau des distances et constituant une classification par regroupements hiérarchisés des données *A, B, C,* etc. Ces trois étapes totalement automatisées conduisent, quand tout se passe bien, à un schéma représentant au mieux les similarités des objets *A, B, C*, etc.

La classification des langues

L'élaboration d'un arbre des différentes langues préoccupe les linguistes et il est bien sûr l'objet de nombreuses analyses et discussions. Il a servi de test à la méthode de la distance de similarité. Parmi les expériences menées par P. Vitanyi et ses collaborateurs, remarquable est leur tentative de construire un arbre de classification des 52 langues indo-européennes principales. Partant de la traduction de la *Déclaration des droits de l'homme* dans chacune des 52 langues, ils ont laissé leur méthode automatique mener tout le travail d'élaboration d'un arbre. L'arbre obtenu est conforme, pour l'essentiel, à ce qu'obtiennent les linguistes, ce qui est assez bon puisque ces mathématiciens et informaticiens ne disposent d'aucune compétence particulière en linguistique et que c'est finalement l'algorithme de compression utilisé qui a donc fait tout le travail de repérage des similarités entre langues.

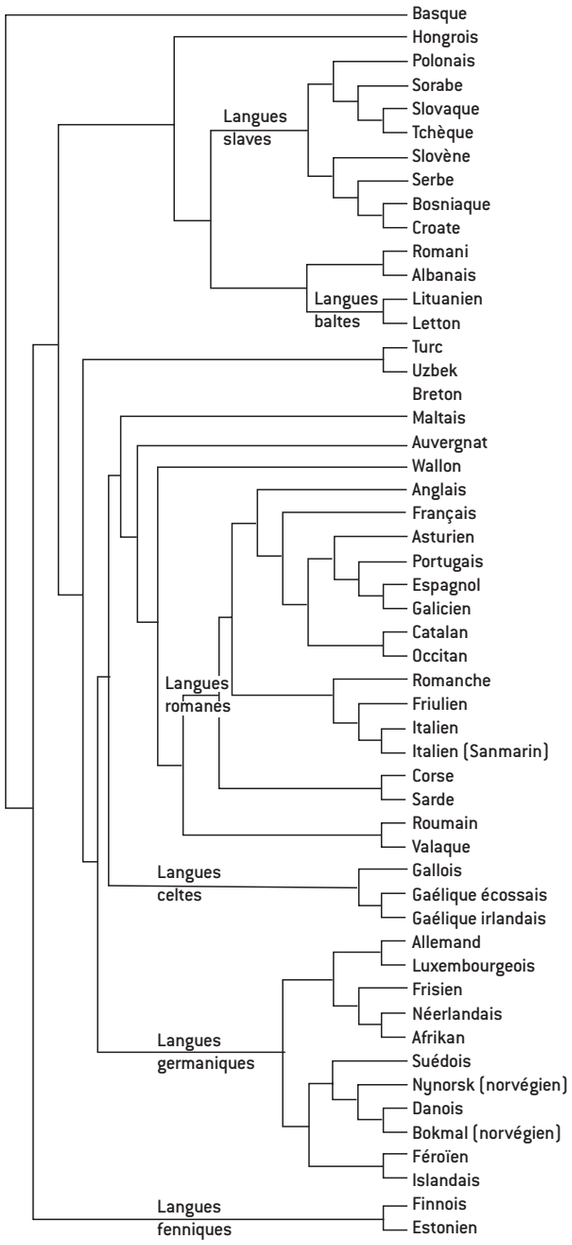
Trouver les auteurs

Dans le domaine linguistique, une autre expérience a été menée. En partant de 19 textes en russe provenant de 5 auteurs, les chercheurs ont examiné si les caractéristiques linguistiques des écrivains permettraient à une méthode par compression de regrouper correctement les auteurs. Le résultat est très satisfaisant puisque l'arbre automatique a associé les textes en fonction de leurs auteurs à l'exception d'une œuvre de Tolstoï légèrement déplacée. La même classification réalisée à partir des traductions en anglais des

4. Représenter des tableaux de distances par des arbres. Imaginons que nous disposions d'un tableau de distances entre quatre objets. $d(A, B) = 3$; $d(A, C) = 4$; $d(A, D) = 5$; $d(B, C) = 5$; $d(B, D) = 7$; $d(C, D) = 3$. On désire obtenir une arborescence contenant les objets *A, B, C, D* qui respecte aussi bien que possible les distances mutuelles des couples d'objets. Il existe trois façons de constituer un arbre ayant comme extrémités les objets *A, B, C, D* et dont les nœuds ont trois branches (les nœuds à deux branches ou à plus de trois branches sont inutiles) : *AB | CD ; AC | BD ; AD | BC*. On considère que le meilleur des trois arbres est le premier, c'est-à-dire *AB | CD* car $d(A, B) + d(C, D)$ est plus petit que $d(A, C) + d(B, D)$ et que $d(A, D) + d(B, C)$. C'est donc ce premier arbre qu'on retiendra pour représenter le tableau de distances de notre exemple. Lorsque plus de quatre objets doivent être organisés sous la forme d'un arbre, le principe se généralise et, parmi tous les arbres possibles, l'un d'eux représente mieux le tableau des distances que les autres. Des algorithmes permettent de calculer ces meilleurs arbres.

mêmes œuvres donne un résultat moins bon, dû au style surimposé des traducteurs.

Des travaux de Dominique Labbé utilisant une distance fondée sur le vocabulaire commun à deux textes semblent appuyer l'idée, plusieurs fois défendue dans le passé, que Corneille serait l'auteur de certaines des pièces de Molière, sinon de toutes. Ces travaux sont aujourd'hui controversés. Grâce à la distance de similarité, une confirmation ou au contraire une infirmation des conclusions de Dominique Labbé pourrait être obtenue, permettant peut-être à la controverse de s'apaiser (voir http://www.upmfgrenoble.fr/cerat/Recherche/Pages-Perso/Labbe)



5. Application aux langues indo-européennes à partir des traductions dans chacune des langues de la *Déclaration universelle des droits de l'Homme*.

La musique

Dans le domaine musical, la méthode de classification par compression produit aussi des résultats inespérés. Partant de morceaux de musiques codés dans le format MIDI *(Musical Instrumental Digital Interface),* les chercheurs ont constitué des fichiers normalisés de 36 morceaux de musique. La normalisation consiste pour chaque morceau à produire une version pour piano, qui elle-même détermine un fichier de données (une suite de nombres codés sur huit chiffres binaires). Sans cette normalisation, qui est une pure extraction d'informations, rien ne fonctionnerait ; il n'y a donc pas d'espoir d'obtenir de bons résultats de classification avec les compresseurs MP3 (qui d'ailleurs sont des compresseurs avec pertes, ce que la méthode interdit). Les fichiers numériques élaborés à partir de morceaux musicaux sont confiés à la méthode automatique de classification par compression, ce qui conduit à des arbres. Ceux-ci sont conformes à ce que chacun obtiendrait en classant les morceaux en fonction de leurs ressemblances musicales.

Les séquences génétiques

Dans le domaine de la génétique, les résultats obtenus sont encore plus impressionnants et utiles car, contrairement aux domaines de la linguistique, de la musique ou de la littérature, nous ne disposons pas d'une compréhension intuitive des séquences permettant de faire les arbres sans aide. Les masses de données disponibles ne cessent d'ailleurs de croître et nul ne peut les traiter à la main.

Sans compression, on obtient les classifications phylogénétiques en associant des méthodes manuelles et algorithmiques. On procède dans un premier temps par effectuer un alignement des séquences qu'on veut classer. Cela consiste à placer les séquences à comparer dans un grand tableau, à raison d'une séquence par ligne, puis à s'arranger pour que des parties analogues s'alignent verticalement en introduisant, lorsque c'est nécessaire, des espaces blancs à l'intérieur des séquences. Si certaines parties ne s'alignent pas bien, on les supprime et donc une partie de l'information génétique est négligée. Les permutations entre morceaux de séquences, dont on sait qu'ils sont fréquents lors de l'évolution des séquences, ne sont pas utilisées pour effectuer ces alignements. Le plus souvent, ce travail est opéré à l'aide d'algorithmes spécialisés d'alignement, puis affiné à la main, ce qui demande des heures de travail aux spécialistes. L'alignement étant obtenu, une distance du type « distance d'édition » *(voir plus haut)* est utilisée pour obtenir un tableau de distances. Enfin l'arbre est produit. Ce travail ne porte généralement que sur un gène ; chaque gène fournit donc un arbre phylogénétique et ces arbres ne sont pas toujours compatibles.

Avec les méthodes par compression, tout est plus simple. Aucun alignement préalable des séquences n'est nécessaire et la perte d'informations due aux suppressions de bouts de séquences est évitée. On peut comparer des séquences contenant plusieurs gènes, voire des chromosomes entiers sans qu'aucun spécialiste n'ait à intervenir. Les permutations entre morceaux de séquences sont traitées par les algorithmes de compression et l'existence de ces mouvements est prise en compte dans le tableau de distances qui donne l'arbre final.

La méthode par compression ainsi complètement automatisée a été utilisée pour produire un arbre phylogénétique des mammifères placentaires à partir des génomes mitochondriaux complets des différentes espèces. L'arbre obtenu par la méthode automatique est conforme à l'arbre majoritairement admis par les spécialistes. C'est là un succès notable, puisque sans connaissance particulière et en mettant en œuvre une méthode ne nécessitant aucune intervention humaine, la technique de compression retrouve une phylogénie considérée comme délicate. D'autres essais portant en particulier sur les séquences du virus du SRAS confirment l'intérêt dans le domaine de la phylogénie de la méthode de classification par compression.

Plagiaires, chaînes de lettres

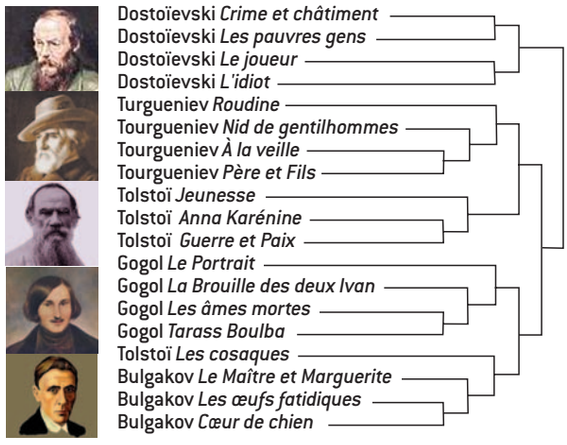
La ressemblance entre histoires que nous évoquions au début, la recherche de plagiaires, l'étude des chaînes de lettres (qui à mesure de leur circulation d'une personne à l'autre évoluent comme les organismes vivants évoluent), tout ce qui repose sur la recherche de contenu commun en information entre textes peut être traité par la technique de la classification par compression. Le logiciel *FindFraud* de Steven de Rooij est disponible à l'adresse Internet : http://homepages.cwi.nl/~rooij/findfraud/. Il vous permettra de tester l'idée de la classification par compression.

Leçons

Les expériences menées prouvent que la méthode dont l'origine théorique faisait beaucoup espérer est réellement en mesure de s'adapter à des contextes variés. Quelques remarques s'imposent à propos de ces succès.

Si les algorithmes de classification par compression permettent de classer souvent aussi bien que des méthodes *ad hoc* utilisées jusqu'à aujourd'hui dans chaque domaine particulier, c'est qu'ils contiennent un riche savoir-faire résultant de plusieurs décennies de recherche en compression de données. Ce savoir-faire se trouve soudain mis au service de problèmes de classification. La situation est comparable à celle de la technologie électronique développée dans la première moitié du XX^{e} siècle pour construire des appareils de radio et des réseaux téléphoniques et dont, dans la décennie 1940, on découvrit qu'elle pouvait aussi servir à fabriquer des machines à calculer. Brusquement, une technologie performante se met au service d'un nouveau problème qu'on ne pensait pas lié, et produit rapidement, à moindre coût, d'étonnants résultats. Bien sûr, comme l'électronique qui a évolué une fois son utilité découverte pour le calcul et s'est adaptée aux problèmes particuliers qu'il posait, les méthodes de classification par compression se perfectionneront dans l'avenir.

Les résultats de ce domaine confirment la profondeur de la théorie algorithmique de l'information qui se révèle un outil conceptuel remarquablement affûté susceptible de suggérer des méthodes pratiques. Même proche de l'indécidabilité (aucune théorie n'en est sans doute plus proche), on sait en extraire des idées utiles. En algorithmique, toute idée est bonne à prendre quelle qu'en soit l'origine et les théories les plus abstraites se révèlent parfois excellentes inspiratrices.



6. Distances des textes d'auteurs russes par la méthode de compression : un seul texte de Tolstoï est mal classé.

La méthode de classification par compression se comporte malheureusement comme une boîte noire : des calculs complexes sont menés par les compresseurs qui produisent des résultats donnés sans explication. Il n'est pas impossible dans le cas des compresseurs les plus simples d'extraire des calculs menés des informations précises sur le contenu commun en information des données comparées : qu'est-ce qui dans les morceaux de musique de Bach est caractéristique ? En quoi consistent les ressemblances entre les deux génomes mesurés proches par le compresseur ? Etc. Aujourd'hui peu de travaux ont été menés dans ce sens, mais il ne fait pas de doute qu'on doit les approfondir et qu'ils apporteront un complément précieux aux résultats nus calculés par la méthode de classification par compression telle qu'on la met en œuvre.

Les mathématiciens citent l'arithmétique comme exemple de théorie qu'on ne développait que pour la beauté et la fascination des résultats qu'on y rencontre et qui, avec la cryptographie, s'est soudain révélée placée au cœur des problèmes les plus concrets de l'informatique et des télécommunications. Aujourd'hui pour défendre leur discipline, les mathématiciens peuvent ajouter la théorie algorithmique de l'information qui, à partir de considérations abstraites sur les calculateurs universels, vient de montrer qu'elle conduisait à d'efficaces et élégants outils logiciels.

Jean-Paul DELAHAYE est professeur d'informatique à l'Université de Lille.

Auteur & Bibliographie

RUDI CILIBRASI et PAUL VITANYI, *Clustering by Compression*. 2004. Voir http://homepages.cwi.nl/~paulv/

MING LI, XIN CHEN, XIN LI, BIN MA et PAUL VITANYI, *The Similarity Metrics*, in *Proc. 14th ACM-SIAM Symposium on Discrete Algorithms*, 2003.

RUDI CILIBRASI, PAUL VITANYI et R. de WOLF, *Algorihtmic Clustering of Music*. 2003. Voir : http://homepages.cwi.nl/~paulv/

JEAN-STÉPHANE VARRÉ, JEAN-PAUL DELAHAYE et ÉRIC RIVALS, *The Transformation Distance : a Dissimilarity Measure Based on Movements of Segments*, in *Bioinformatics*, vol. 15, n° 3, pp.194-202, 1999.

C. BENNETT, P. GACS, MING LI, P. VITANYI et W. ZUREK, *Information Distance*, in *IEEE Trans. on Information Theory*, 44 : 4, pp.1407-1423, 1998.