

# Contribution à l'étude de la distributivité d'un treillis de concepts

Alain Gély\*, Miguel Couceiro\*, Yassine Namir\*\*, Amedeo Napoli\*

\*LORIA (CNRS - Inria Nancy Grand Est - Université de Lorraine),  
BP 239, 54506 Vandoeuvre-les-Nancy, France  
alain.gely, miguel.couceiro, amedeo.napoli@loria.fr

\*\*Université de Lorraine  
namir.yassine@gmail.com

**Résumé.** Nous nous intéressons aux treillis distributifs dans le cadre de l'analyse formelle de concepts (FCA). La motivation primitive vient de la phylogénie et des graphes médians pour représenter les dérivations biologiques et les arbres parcimonieux. La FCA propose des algorithmes efficaces de construction de treillis de concepts. Cependant, un treillis de concepts n'est pas en correspondance avec un graphe médian sauf s'il est distributif, d'où l'idée d'étudier la transformation d'un treillis de concepts en un treillis distributif. Pour ce faire, nous nous appuyons sur le théorème de représentation de Birkhoff qui nous permet de systématiser la transformation d'un contexte quelconque en un contexte de treillis de concepts distributif. Ainsi, nous pouvons bénéficier de l'algorithmique de FCA pour construire mais aussi visualiser les treillis de concepts distributifs, et enfin étudier les graphes médians associés.

## 1 Contexte et motivations

Les structures discrètes ont toujours su démontrer leur utilité pour découvrir de l'information. Parmi elles, les arbres ou leurs extensions (Bertrand et Janowitz (2002); Diatta (2005); Bertrand et Diatta (2017)) sont très souvent utilisés, notamment en biologie où les arbres phylogénétiques permettent de capturer les filiations inter-espèces. Le problème est alors de retrouver les évolutions qui ont amené la diversité du vivant actuel, généralement à partir de fragments d'ADN d'espèces contemporaines.

Lorsque plusieurs arbres possibles aboutissent au même résultat, on privilégie les arbres les plus parcimonieux, c'est à dire ceux qui nécessitent le moins de modifications (mutations) pour les espèces considérées. Cependant, même ainsi, plusieurs arbres restent possibles. C'est le cas par exemple si l'on observe des mutations dites inverses (un gène retrouve un état antérieur suite à une nouvelle mutation) ou parallèles (la même mutation se produit chez des espèces sans liens direct). Si on ne souhaite pas privilégier un de ces arbres, la question de la représentation de cette famille se pose. Peut-on trouver une structure encodant l'ensemble des arbres phylogénétiques parcimonieux ?

Pour répondre à cette question, Bandelt a proposé l'utilisation de graphes médians (Bandelt et Hedlíková (1983); Bandelt et al. (1999)). En quelques mots, ces derniers sont des graphes