Cours de la matière : Théorie des graphes
Pour les étudiants de la première année Master Mathématiques Appliquée et Fondamentales
Département de mathématiques
Centre Universitaire Abdelhafid Boussouf, Mila
Anné universitaire 2024/2025

Cours N : 3, Arbres et arborescences.

Table des matières

Introduction

La théorie des graphes est un domaine des mathématiques qui étudie les structures discrètes appelées *graphes*, composées de *sommets* et d'*arêtes*. Elle joue un rôle fondamental dans de nombreuses disciplines, notamment en recherche opérationnelle, en informatique, en ingénierie et en sciences sociales. Cette introduction présente les fondements de la théorie des graphes, son histoire et ses principaux domaines d'application.

La recherche opérationnelle s'intéresse à l'optimisation des systèmes complexes, et la théorie des graphes y occupe une place centrale. Des problèmes tels que le plus court chemin (Dijkstra), le problème du voyageur de commerce (TSP), et les problèmes d'affectation et de planification reposent sur des structures de graphes. En modélisant ces systèmes sous forme de graphes, il devient possible d'appliquer des algorithmes efficaces pour optimiser les ressources et minimiser les coûts.

L'origine de la théorie des graphes remonte à Leonhard Euler, qui en 1736 résolut le célèbre problème des sept ponts de Königsberg, posant ainsi les bases de la discipline. Par la suite, de nombreux mathématiciens, tels que Kirchhoff (circuits électriques), König (coloration des graphes) et Erdos (théorie des graphes extrémale), ont contribué à son développement. Aujourd'hui, la théorie des graphes est un domaine de recherche actif avec des applications croissantes.

La théorie des graphes trouve des applications dans de nombreux domaines :

— **Informatique** : Représentation et recherche sur les réseaux (internet, bases de données, intelligence artificielle, blockchain).

— **Transport et logistique** : Optimisation des itinéraires, planification des réseaux ferroviaires et aériens.
— **Biologie et chimie** : Analyse des interactions biologiques, modélisation des structures moléculaires.
— **Télécommunications** : Conception des réseaux de communication et analyse du routage des paquets.
— **Sciences sociales** : Études des réseaux sociaux et des interactions humaines.

La théorie des graphes est un outil puissant permettant de modéliser et résoudre des problèmes complexes dans divers domaines scientifiques et industriels. Ce cours vise à fournir les bases théoriques et les méthodes algorithmiques essentielles pour comprendre et appliquer cette discipline.

1

Arbres et arborescences

1.1 Arbre

Un arbre est un graphe connexe sans cycle.
D'autres définitions équivalentes sont possibles pour qu'un graphe G d'ordre n soit un arbre :

- G est connexe et possède $n-1$ arêtes.
- G est sans cycle et possède $n-1$ arêtes.
- G est connexe et minimal pour cette propriété.
- G est sans cycle et maximal pour cette propriété.
- Entre toute paire de sommets, il existe une unique chaîne les reliant.

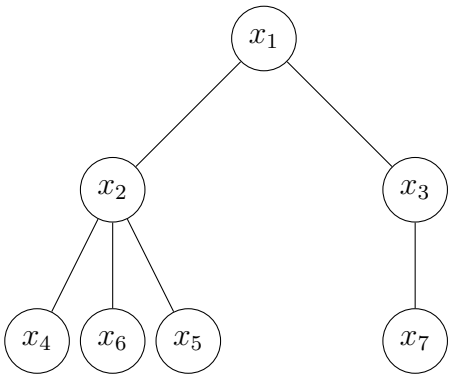


FIGURE 1.1 – Un arbre T où x_1 est sa racine, x_2 et x_3 sont des noeuds internes et x_4, x_5, x_6 et x_7 sont des feuilles.

1.1.1 Arbre n-aire complet

Pour tous entiers k ≥ 1 et t ≥ 2, on appelle arbre t-aire complet de profondeur k, le graphe $A_{k,t}$ défini inductivement comme suit :

- $A_{1,t}$ est le graphe biparti complet $K_{1,t}$.
- Pour k ≥ 2, $A_{k,t}$ est obtenu à partir de t copies disjointes de $A_{k-1,t}$ et d'un sommet relié par une arête à l'unique sommet de degré t de chacune des t copies de $A_{k-1,t}$.

L'unique sommet r de $A_{k,t}$ de degré t est la racine de $A_{k,t}$.
Soient k, $t \in \mathbf{N}^*$. Pour tout entier $0 \leq$ i $\leq$ k, on définit le i^{eme} *niveau* de $A_{k,t}$ par $V_i(A_{k,t}) = \{u \in V(A_{k,t}), d(u,r) = i\}$. En particulier, $V_k(A_{k,t})$ est l'ensemble des sommets pendants de $A_{k,t}$.
Pour un sommet $v \in V_i(A_{k,t})$, on écrit $l(v) = i$ et on dit que i est la profondeur de v. Enfin, pour tout sommet $u \in V(A_{k,t})$, on note par $A_{k,t}(u)$ l'unique sous-arbre binaire complet de $A_{k,t}$ de racine u et de profondeur $k - l(v)$.
Si t = 2, $A_{k,2}$ est appelé arbre binaire de profondeur k.

1.1.2 Arbre binaire complet

un arbre binaire enraciné est un arbre binaire complet ssi chaque sommet d'arbre possède exactement deux fils sauf les feuilles .

Exercice 1.1 *Calculer le nombre de sommets d'un arbre binaire complet en fonction de sa profondeur k.*

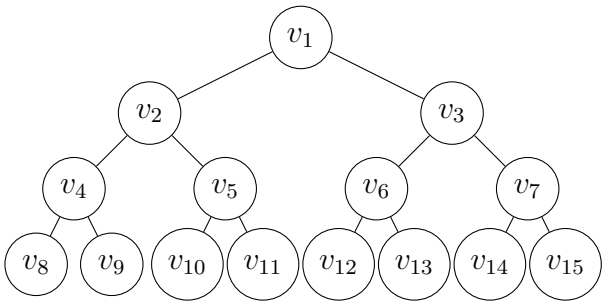


FIGURE 1.2 – Arbre binaire complet

1.2 Forêt

est un graphe non connexe et sans cycle.

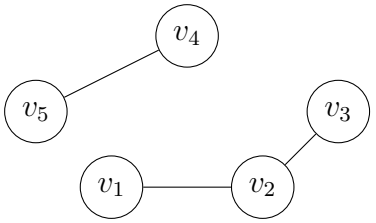


FIGURE 1.3 – Forêt

Dans cette section, nous présentons quelques algorithmes de cheminement dans les graphes orientés et les graphes non orientés. Nous commençons par le recherche d'un arbre couvrant de poids minimum dans un graphe non orienté.

1.3 Arbre couvrant de poids minimum

1.3.1 Arbre couvrant :

Un arbre couvrant (aussi appelé arbre maximal) est un graphe partiel qui est aussi un arbre. On distingue trois types de sommets dans un arbre enraciné :

- La racine.
- Les feuilles : ce sont les sommets de degré égal à 1.
- Les noeuds internes : ce sont les sommets de degré supérieur à 1.

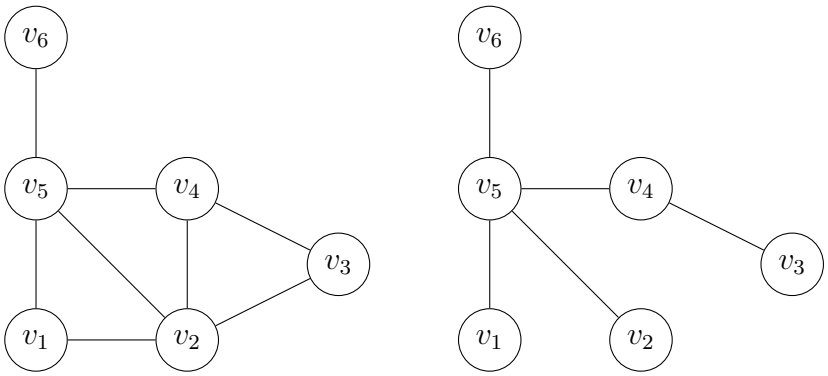


FIGURE 1.4 – Graphe G et arbre couvrant sur le graphe G

1.3.2 Arbre couvrant de poids minimum :

Soit le graphe G = (V,E) avec un poids associé à chacune de ses arêtes. On veut trouver, dans G, un arbre maximal A = (V,F) de poids total minimum.

Algorithme de Kruskal (1956) :

Données :

* Graphe $G = (V, E)$, ($|V| = n$, $|E| = m$)
* Pour chaque arête e de E , son poids $c(e)$.

Résultat : Arbre ou forêt maximale $A = (V, F)$ de poids minimum.

* Trier et renuméroter les arêtes de G dans l'ordre croissant de leur poids : $c(e_1) \leq c(e_2) \leq c(e_3)$ ... $\leq c(e_m)$.
* Poser F := $\emptyset$, k := 0
* Tant que $k < m$ et $|F| < n - 1$ faire
  Début
  si e_{k+1} ne forme pas de cycle avec F alors F := F $\bigcup$ $\{e_{k+1}\}$
  k := k + 1
  Fin

Exemple 1.1 *Appliquer l'algorithme de Kruskal pour déterminer un arbre couvrant de poids minimum sur le graphes G suivant :*

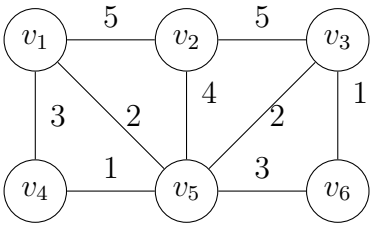


FIGURE 1.5 – G

1.4 Arborescences

En mathématiques, plus précisément dans la théorie des graphes, une arborescence est un arbre comportant un sommet particulier r, nommé racine de l'arborescence, à partir duquel il existe un chemin unique vers tous les autres sommets.
Structure arborescente de fichiers informatique En informatique, cette notion désigne souvent celle d'arbre de la théorie des graphes. Une arborescence désigne alors généralement une organisation des données en mémoire, de manière logique et hiérarchisée, utilisant une structure algorithmique d'arbre. Cette organisation rend plus efficace la consultation et la manipulation des données stockées. Les usages les plus courants en sont : l'arborescence de fichiers, qui est l'organisation hiérarchique des fichiers sur une partition, et dans certains cas de partitions entre elles – par exemple : partitions virtuelles (« lecteurs logiques ») dans des partitions réelles ; le tri arborescent en mémoire ; les fichiers en mode séquentiel indexé.
La logique générale de l'arborescence coïncide avec le modèle relationnel du SQL : 1 vers N et réciproquement 1 vers 1. Un nœud peut posséder N feuilles, mais chaque feuille n'est possédée que par un seul nœud.

En informatique, elle désigne aussi un composant d'interface graphique qui présente une vue hiérarchique de l'information. Chaque élément (souvent appelé branche ou nœud) peut avoir un certain nombre de sous-éléments. Ceci est souvent représenté sous forme d'une liste indentée. Un élément peut être déplié pour révéler des sous-éléments, s'ils existent, et replié pour cacher des sous-éléments. La vue en arborescence apparaît souvent dans les applications de gestion de fichiers, où elle permet à l'utilisateur de naviguer dans les répertoires du système de fichiers. Elle est également utilisée pour présenter les données hiérarchiques, comme un document XML.
Usage pour la gestion des disques Structure arborescente de fichiers informatique à la base d'une arborescence se trouve un répertoire appelé la racine. Ce répertoire peut contenir des fichiers et des répertoires, qui eux-mêmes peuvent contenir la même chose. Si les fichiers et les répertoires sont placés de manière cohérente, la recherche de fichier est relativement aisée et rapide.

Forêt : Une forêt est un graphe qui contient plusieurs arbres ou arborescences distinctes.

Définition 1.1 *Étant donné un graphe orienté G=(V,E). Une arborescence est un graphe oriente sans circuit admettant une racine r telle que pour tout autre sommet si $v \in V$, il existe un chemin unique allant de r vers u. Si l'arborescence comporte n sommets, alors elle comporte exactement n - 1 arcs.*

Arborescence couvrante : On parcourt un graphe a partir d'un sommet donné r. Cette arborescence contient un arc (v_i, v_j) si et seulement si le sommet v_j a eté decouvert a partir du sommet v_i. L'arborescence associée a un parcours de graphe sera memorisée dans un tableau Π tel que $\Pi(v_j) = v_i$. Si v_j a été découvert a partir de v_i, et $\Pi(v_k) = nul$ si v_k est la racine, ou s'il n'existe pas de chemin de la racine vers v_k.
Parcours en largeur (Breadth First Search = BFS) :

Le parcours en largeur est obtenu en gérant la liste d'attente au coloriage comme une file d'attente (FIFO = First In First Out). Autrement dit, on enlève a chaque fois le plus vieux sommet gris dans la file d'attente, et on introduit tous les successeurs blancs de ce sommet dans la file d'attente, en les coloriant en gris.
Structures de donnees utilisees : On utilise une file F, pour laquelle on suppose definies les operations :
$init - file(F)$ qui initialise la file F a vide,
$ajoute - fin - file(F, u)$ qui ajoute le sommet u a la fin de la file F,
$est - vide(F)$ qui retourne vrai si la file F est vide et faux sinon,
et $enleve - debut - file(F, u)$ qui enleve le sommet u au debut de la file F.
On utilise un tableau Π qui associe a chaque sommet le sommet qui a fait entrer dans la file, et un tableau *couleur* qui associe a chaque sommet sa couleur (blanc, gris ou noir).
On va en plus utiliser un tableau d qui associe a chaque sommet son niveau de profondeur par rapport au sommet de depart r (autrement dit, $d[v_i]$ est la longueur du chemin dans l'arborescence Π de la racine r jusqu'au sommet v_i). Ce tableau sera utilisé plus tard.
Algorithme
$init - file(F)$
pour tout sommet $v_i \in V$ faire
$\Pi(v_i) \longleftarrow nil$
$d[v_i] \longleftarrow \infty$
couleur$(v_i) \longleftarrow$ blanche
fin pour
$d[r] \longleftarrow 0$
$ajoute - fin - file(F, r)$
$couleur[r] \longleftarrow$ gris
tant que $est - vide(F) =$ faux faire
$enleve - debut - file(F, v_i)$
pour tout $v_i \in succ(v_i)$ faire
si $couleur[v_i] =$ blanche alors
$ajoute - fin - file(F, v_i)$

$couleur[v_i] \longleftarrow$ gris
$\Pi(v_j) \longleftarrow v_i$
$d[v_i] \longleftarrow d[v_i] + 1$
fin si
fin pour
$couleur[v_i] \longleftarrow$ noir
fin tant
fin BFS

Applications du parcours en largeur

depuis r. À la fin de l'exécution de $BFS(V; E; r)$, chaque sommet est soit noir soit blanc. Le parcours en largeur peut être utilisé pour rechercher l'ensemble des sommets accessibles sommets noirs sont ceux accessibles depuis r ; les sommets blancs sont ceux pour lesquels il n'existe pas de chemin/chaîne à partir de r. D'une façon plus générale, le parcours en largeur permet de déterminer les composantes connexes d'un graphe non orienté. Pour cela, il suffit d'appliquer l'algorithme de parcours en largeur à partir d'un sommet blanc quelconque. À la suite de quoi, tous les sommets en noirs appartiennent à la première composante connexe. S'il reste des sommets blancs, cela implique qu'il y a d'autres composantes connexes. Il faut alors relancer le parcours en largeur sur le sous-graphe induit par les sommets blancs, pour découvrir une autre composante connexe. Le nombre de fois où l'algorithme de parcours en largeur a été lancé correspond au nombre de composantes connexes. Le parcours en largeur peut aussi être utilisé pour chercher le plus court chemin (en nombre d'arcs ou arêtes) entre la racine r et chacun des autres sommets du graphe accessibles depuis r. Pour cela, il suffit de remonter dans l'arborescence Π du sommet concerné jusqu'à la racine r. L'algorithme 2 (récursif) affiche le plus court chemin pour aller de r à v_j.

Algorithme 2 : plus-court-chemin(r, v_j, Π)

Algorithme 2 : plus-court-chemin(r ; v_j ; Π)
Entrées : r sommet de départ, v_j sommet d'arrivée, Π arborescence couvrante. 1 si r = v_j alors
2 afficher(r)
3 sinon si $\Pi(v_j)$ = nil alors
4 afficher("pas de chemin")

5 sinon

6 plus-court-chemin(r, $\Pi(v_j)$, Π)

7 afficher v_j

Définition 1.2 *Étant donné un graphe orienté $G = (V, E)$, une* ***arborescence*** *est un graphe orienté sans circuit admettant une racine r telle que, pour tout sommet $v \in V$, il existe un* ***chemin orienté unique*** *allant de r vers v. Si l'arborescence comporte n sommets, alors elle comporte exactement $n - 1$ arcs.*

Arborescence couvrante : On parcourt un graphe à partir d'un sommet donné r. L'arborescence couvrante contient un arc (v_i, v_j) si et seulement si le sommet v_j a été découvert à partir du sommet v_i. L'arborescence associée à un parcours de graphe est mémorisée dans un tableau Π tel que $\Pi(v_j) = v_i$ si v_j a été découvert à partir de v_i, et $\Pi(v_k) =$ `nil` si v_k est la racine ou s'il n'existe pas de chemin de la racine vers v_k.

Parcours en largeur (Breadth-First Search = BFS) : Le parcours en largeur est obtenu en gérant la file d'attente selon une structure FIFO (First In First Out). Autrement dit, à chaque étape, on enlève le plus ancien sommet gris de la file et on y insère tous ses successeurs blancs, en les coloriant en gris.

Structures de données utilisées :

- Une file F, avec les opérations suivantes :
  - `init-file(F)` : initialise la file F vide,
  - `ajoute-fin-file(F, u)` : ajoute le sommet u à la fin de F,
  - `est-vide(F)` : retourne vrai si F est vide, faux sinon,
  - `enleve-debut-file(F, u)` : enlève le sommet u du début de F.
- Un tableau Π : pour mémoriser le prédécesseur de chaque sommet,
- Un tableau `couleur` : pour suivre l'état de chaque sommet (blanc, gris ou noir),
- Un tableau d : tel que $d[v_i]$ est la longueur du chemin (niveau) de r à v_i dans l'arborescence Π.

```
init-file(F)
pour tout sommet v dans V faire
    Pi[v] <- nil
    d[v] <- infini
    couleur[v] <- blanc
```

```
fin pour

d[r] <- 0
ajoute-fin-file(F, r)
couleur[r] <- gris

tant que est-vide(F) = faux faire
    enleve-debut-file(F, v)
    pour tout u dans successeurs(v) faire
        si couleur[u] = blanc alors
            ajoute-fin-file(F, u)
            couleur[u] <- gris
            Pi[u] <- v
            d[u] <- d[v] + 1
        fin si
    fin pour
    couleur[v] <- noir
fin tant
```

Applications du parcours en largeur :
À la fin de l'exécution de BFS, chaque sommet est soit noir (accessible depuis r), soit blanc (non accessible). On peut donc :

— détecter les sommets accessibles depuis r,
— identifier les composantes connexes (en graphe non orienté),
— calculer les plus courts chemins (en nombre d'arêtes/arcs) depuis r.

Algorithme récursif : affichage du plus court chemin entre r et un sommet v_j :

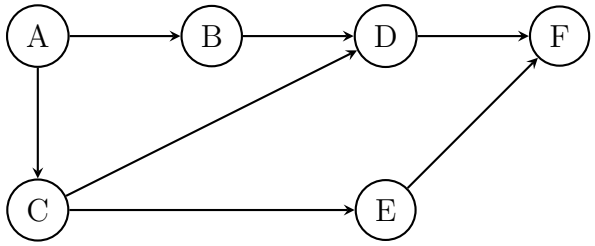
```
Procédure PlusCourtChemin(r, vj, Pi)
    si r = vj alors
        afficher(r)
    sinon si Pi[vj] = nil alors
        afficher("pas de chemin")
    sinon
```

```
        PlusCourtChemin(r, Pi[vj], Pi)
        afficher(vj)
    fin si
fin procédure
```

Graphe orienté

Considérons le graphe orienté $G = (V, E)$ avec :

$$V = \{A, B, C, D, E, F\}, \quad E = \{(A, B), (A, C), (B, D), (C, D), (C, E), (D, F), (E, F)\}$$



Algorithme BFS

```
init-file(F)
pour tout sommet v dans V faire
    Pi[v] <- nil
    d[v] <- infini
    couleur[v] <- blanc
fin pour

d[A] <- 0
ajoute-fin-file(F, A)
couleur[A] <- gris
```

```
tant que est-vide(F) = faux faire
    enleve-debut-file(F, v)
    pour tout u dans successeurs(v) faire
        si couleur[u] = blanc alors
            ajoute-fin-file(F, u)
            couleur[u] <- gris
            Pi[u] <- v
            d[u] <- d[v] + 1
        fin si
    fin pour
    couleur[v] <- noir
fin tant
```

Étapes détaillées de l'algorithme BFS depuis A

Légende :

- F : contenu de la file (FIFO)
- $\Pi[v]$: prédécesseur de v
- $d[v]$: distance depuis la racine A
- Couleurs : B = blanc, G = gris, N = noir

Étape	**File F**	**Nouveau sommet exploré**	Π **(prédécesseurs)**	d **(distances)**
0	A	A	A : nil	A : 0
1	B, C	B	B : A, C : A	B, C : 1
2	C, D	C	D : B	D : 2
3	D, E	D	E : C	E : 2
4	E, F	E	F : D	F : 3
5	F	F	-	-

À la fin, tous les sommets sont colorés en noir. L'arborescence couvrante construite est :

$$\{(A, B), (A, C), (B, D), (C, E), (D, F)\}$$

Plus court chemin de A à F

Pour reconstruire le plus court chemin de A à F, on remonte le tableau Π :

$$F \leftarrow D \leftarrow B \leftarrow A \quad \Rightarrow \quad A \rightarrow B \rightarrow D \rightarrow F$$

Ce chemin contient 3 arcs et correspond à la distance $d[F] = 3$.