

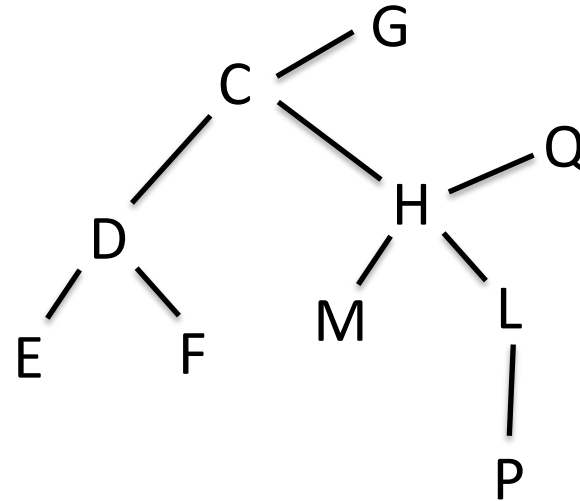
Informatica per le Biotecnologie

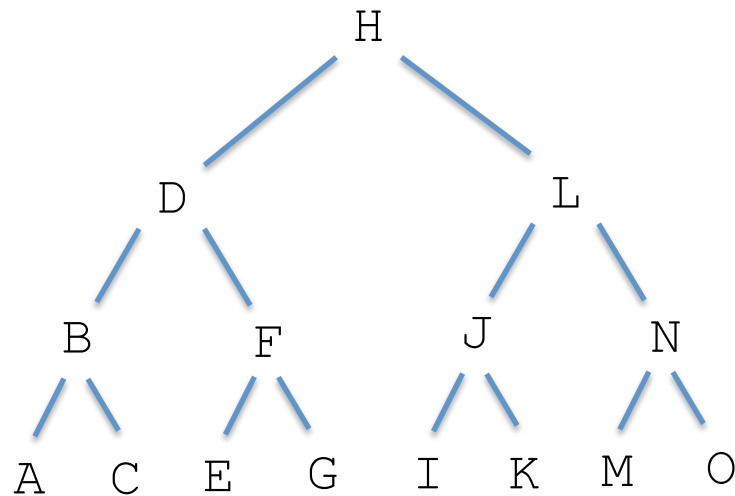
Algoritmica Lezione 8

Gli alberi

Un **albero** è un grafo
connesso aciclico

Se contiene **n nodi**, contiene **n-1 archi**

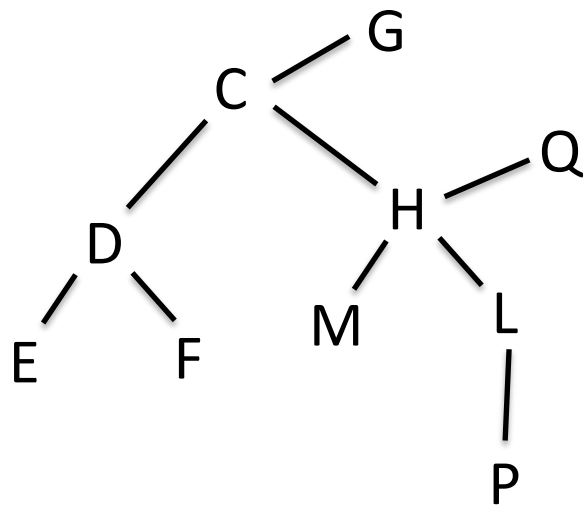




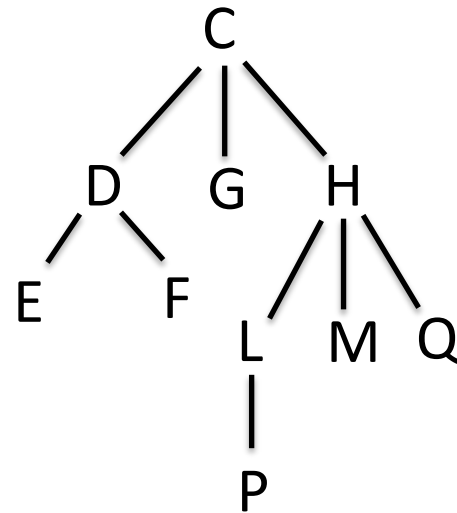
Albero binario completo

$$n = 2^h - 1 = 15 \quad h = 4$$

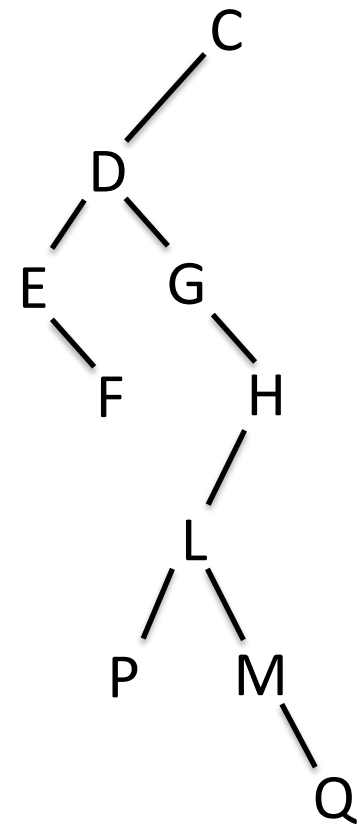
con questo ordinamento delle etichette
dei nodi vi si esegue la **ricerca binaria**



albero libero



albero radicato
ordinato o no



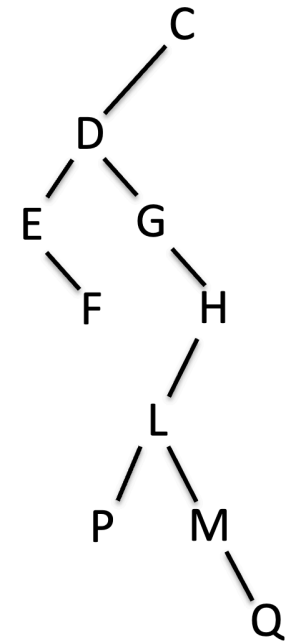
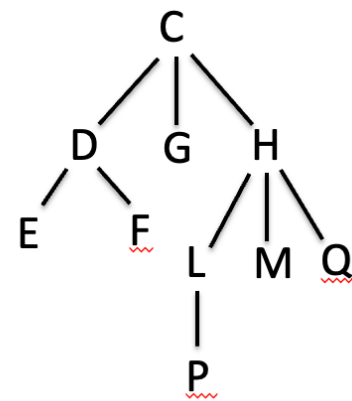
albero binario
immagine

Un albero radicato trasformato in binario si rappresenta con un insieme di vettori

puntatore alla radice

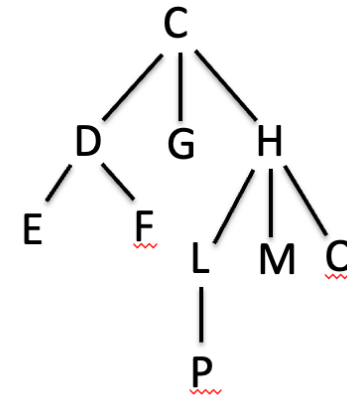
$R = 0$

indice i	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9
NODO	C	D	E	F	G	H	L	P	M	Q
FIGL	1	<u>2</u>	-1	-1	-1	6	7	-1	-1	-1
FRAT	-1	4	<u>3</u>	-1	5	-1	8	-1	9	-1



Indicazione del PADRE

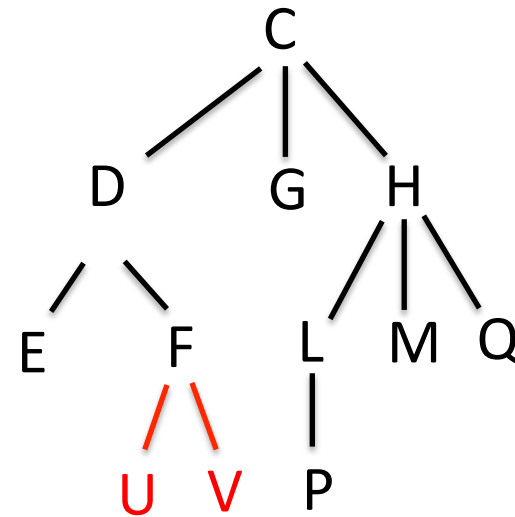
Valore degli ARCHI



	R									
i	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9
NODO	C	D	E	F	G	H	L	P	M	Q
PADR	-1	0	1	1	0	0	5	6	5	5
ARCO	-1	<i>cd</i>	<i>de</i>	<i>df</i>	<i>cg</i>	<i>ch</i>	<i>hl</i>	<i>lp</i>	<i>hm</i>	<i>hq</i>

valori degli archi: per esempio *cd* è il valore dell'arco C-D

Trasformazioni di un albero e impiego della lista libera LL



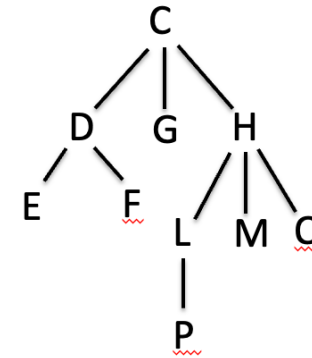
Inserzione di nodi

	R													LL	
i	0	1	2	3	4	5	6	7	8	<u>9</u>	<u>10</u>	11	12	13	...
NODO	C	D	E	F	G	H	L	P	M	Q	U	V	*	*	...
FIGL	1	<u>2</u>	-1	10	-1	6	7	-1	-1	-1	-1	-1	*	*	...
FRAT	-1	4	<u>3</u>	-1	5	-1	8	-1	9	-1	11	-1	13	14	...

VISITA DI UN ALBERO Z

Un albero è un insieme di nodi tale che:

- un nodo di Z è destinato come radice;
- i rimanenti nodi di Z, se esistono, sono ripartiti in insiemi Z_1, \dots, Z_m ciascuno dei quali è un albero.



C D E F G H L P M Q

PREORDER(i)

// visita in preorder del sottoalbero di radice NODO(i)

ESAMINA (NODO(i));

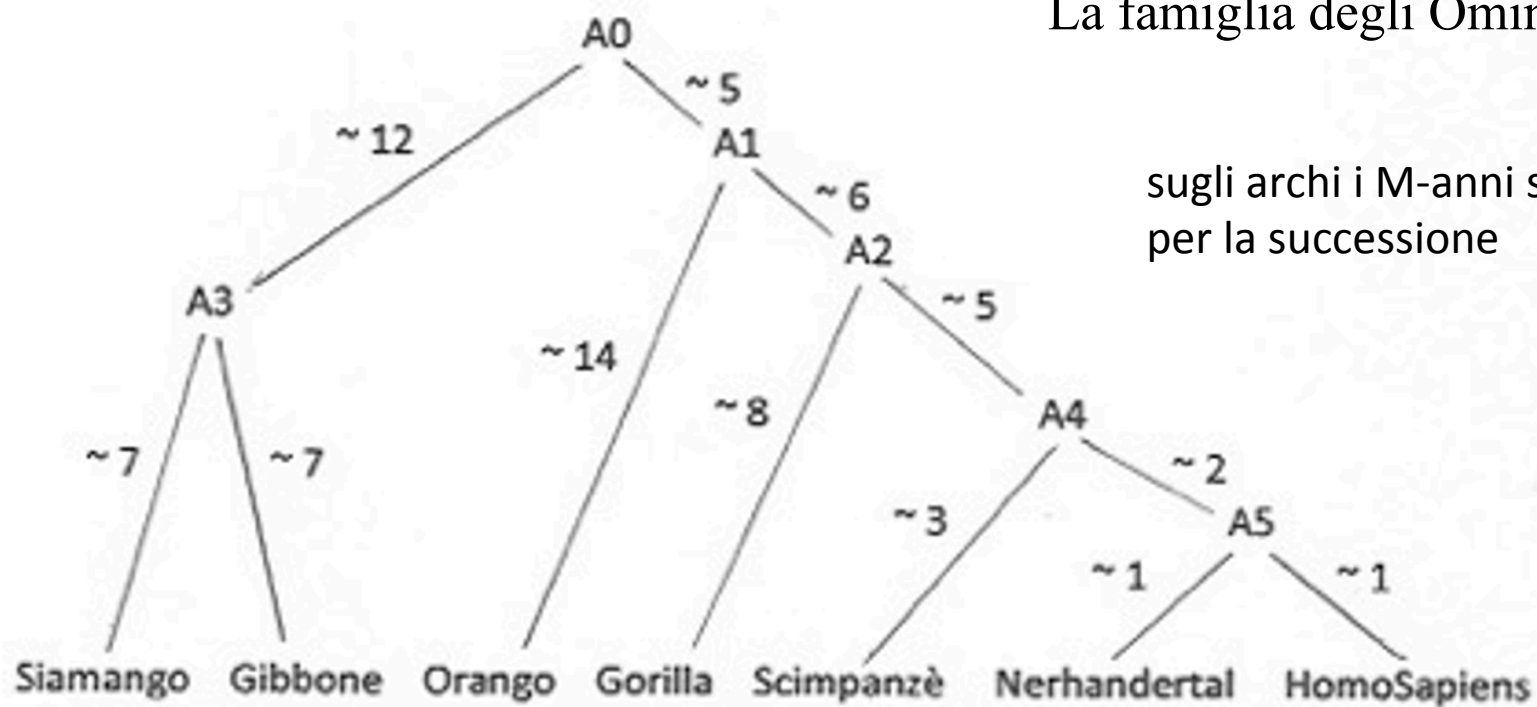
if (FIGL(i) \neq -1) PREORDER(FIGL(I));

if (FRAT(i) \neq -1) PREORDER(FRAT(I));

CHIAMATA PREORDER(R)

La famiglia degli Ominoidi

sugli archi i M-anni stimati
per la successione

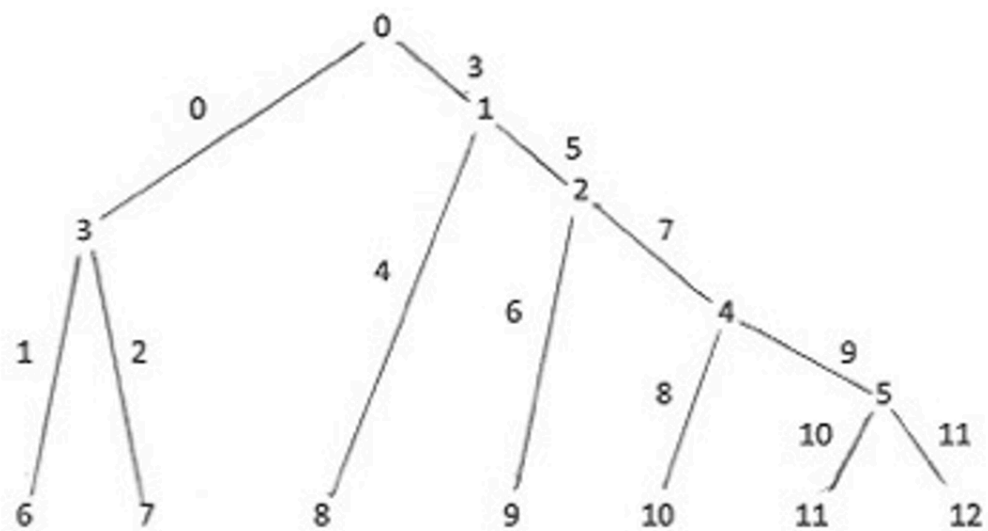


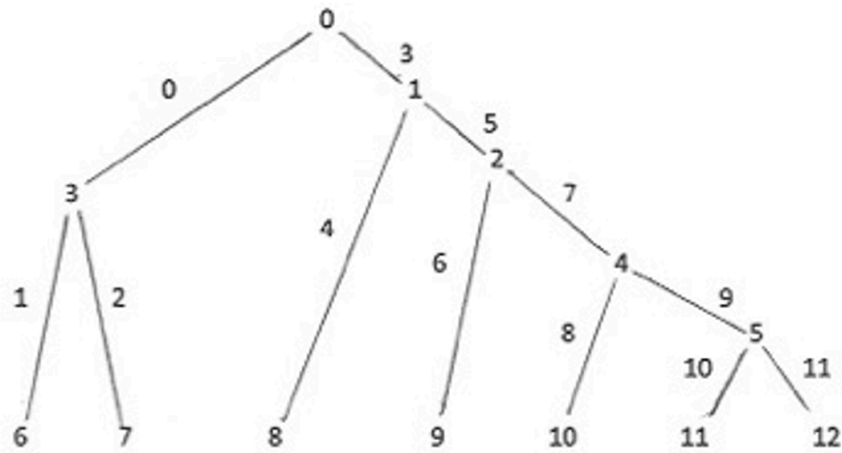
Ilobati

Ominidi

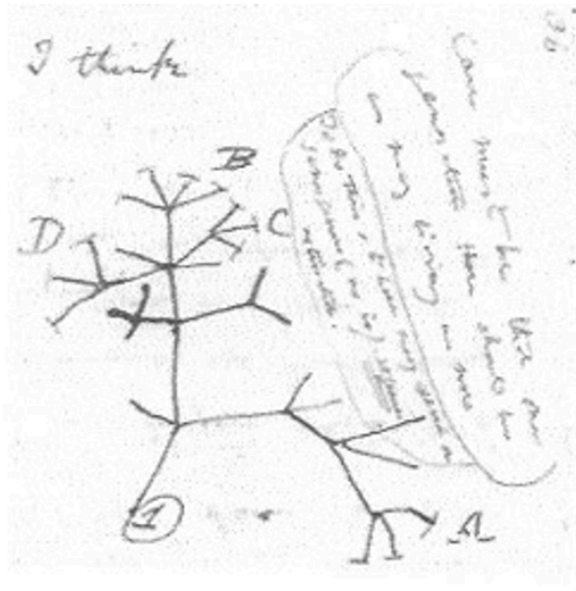
codice	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
nodo	A0	<u>A1</u>	A2	A3	A4	A5	Siam.	Gib.	Oran.	Gori.	Scimp.	Neh.	Homo

codice	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
arco	~12	~7	~7	<u>~5</u>	~14	~6	~8	~5	~3	~2	~1	~1





i	0	1	2	3	4	5	6	7	8	<u>9</u>	<u>10</u>	11	12
NODO	0	3	6	1	7	8	2	9	<u>4</u>	<u>10</u>	5	11	12
FIGL	1	<u>2</u>	-1	5	-1	-1	7	-1	9	-1	11	-1	-1
FRAT	-1	3	<u>4</u>	-1	-1	6	-1	8	-1	10	-1	12	-1
PADR	-1	0	1	0	1	3	3	6	6	7	<u>8</u>	<u>10</u>	10
ARCO	-1	0	1	3	2	4	5	6	7	8	<u>9</u>	<u>10</u>	11



Il primo albero filogenetico

Charles Darwin, 1873: *l'albero della vita*

Come si costruisce un albero filogenetico

Per un insieme di **n organismi esistenti** e **m caratteri**, si costruisce una **matrice di stato** con organismi e caratteri rispettivamente associati alle righe e alle colonne.

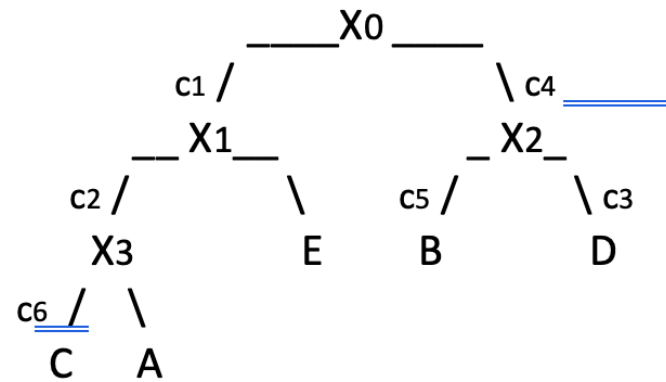
	<u>c1</u>	<u>c2</u>	c3	c4	c5	c6
A	1	1	0	0	0	0
B	0	0	0	1	1	0
C	1	1	0	0	0	1
D	0	0	1	1	0	0
E	1	0	0	0	0	0

Un esempio con caratteri binari:

0 indica il valore antico

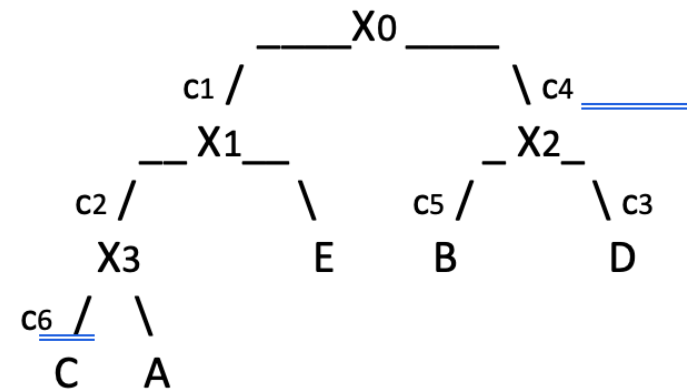
1 Indica il valore attuale mutato

	<u>c1</u>	<u>c2</u>	c3	c4	c5	c6
A	1	1	0	0	0	0
B	0	0	0	1	1	0
C	1	1	0	0	0	1
D	0	0	1	1	0	0
E	1	0	0	0	0	0



L'albero corrispondente: sugli archi sono indicati i caratteri che hanno generato la diramazione

Definizione. Una **filogenia perfetta** ammette un **albero T** tale che, per ogni carattere **c** e per ogni suo stato **s**, l'insieme di tutti i nodi di **T** per cui **c** è nello stato **s** forma un **sottoalbero di T**



	<u>c1</u>	<u>c2</u>	c3	c4	c5	c6
A	1	1	0	0	0	0
B	0	0	0	1	1	0
C	1	1	0	0	0	1
D	0	0	1	1	0	0
E	1	0	0	0	0	0

Per ogni colonna c_i indichiamo con U_i l'insieme di righe che **contengono 1**.

Per esempio per c_4 abbiamo $U_4 = \{B, D\}$

Lemma. Una **matrice binaria** corrisponde a una **filogenia perfetta** se e solo se, per ogni coppia di colonne c_i, c_j , gli insiemi U_i, U_j sono **disgiunti** o **uno contiene l'altro**.