# **UNIVERSIDAD CONTINENTAL**

# **FACULTAD DE INGENIERÍA**



# INFORME DE ESTRUCTURA DE DATOS

NRC: 29901

Asignatura: Estructura de datos

Docente: Osorio Contreras Rosario Delia

# Tema "ÁRBOL GENEALÓGICO - ABR"

### **INTEGRANTES:**

- García Betancourt Israel Jedidias
- Leon Armas Luis Aram
- Ramírez Quillatupa Juan Diego
- Veliz Durand Vieri Del Piero

2025 - 10 Huancayo - Perú

# ÍNDICE

1.	Descripción del problema	1
2.	Requerimientos del Sistema	1
	2.1. Funcionales	1
	2.2. No funcionales	2
3.	Respuesta a las preguntas guías	2
	3.1. ¿Qué información se debe almacenar en cada nodo del árbol?	2
	3.2. ¿Cómo insertar y eliminar miembros del árbol sin romper su estructura?	2
	3.3. ¿Qué métodos permiten recorrer el árbol para visualizar la genealogía?	3
	3.4. ¿Cómo determinar si un miembro pertenece a una rama específica?	. 4
	3.5. ¿Cómo balancear el árbol si se vuelve demasiado profundo?	4
4.	Herramienta Colaborativa	4
5.	Anexos	5

#### **ABR - IDEACIÓN**

#### 1. Descripción del problema

Un grupo de arqueólogos ha descubierto los restos de una antigua civilización. Tras un análisis detallado, se revela que su historia y linajes pueden representarse mediante un árbol genealógico. Esta representación es fundamental para entender cómo estaban organizadas las familias, qué jerarquías existían, quiénes fueron sus ancestros y cómo se distribuyeron los linajes a lo largo del tiempo.

Sin embargo, la información obtenida se encuentra dispersa y debe organizarse de forma estructurada. Para ello, se requiere una aplicación informática que permita almacenar y organizar estos datos de forma eficiente, brindando la posibilidad de realizar consultas rápidas sobre ancestros, descendientes y relaciones familiares.

El reto principal radica en crear una solución tecnológica capaz de representar fielmente esta estructura genealógica, facilitando el acceso y manipulación de los datos históricos descubiertos.

#### 2. Requerimientos del Sistema

#### 2.1. Funcionales

- **Registro de individuos:** El sistema debe permitir ingresar personas con atributos como nombre, fecha aproximada, linaje o generación.
- Relaciones familiares: Posibilidad de registrar vínculos como padre, madre, hijo(a), y hermanos.
- Consultas genealógicas: Las consultas genealógicas permiten extraer información específica del árbol familiar de acuerdo con las necesidades del análisis. Entre las más comunes se encuentran la búsqueda de ancestros, tanto directos como indirectos, lo cual permite rastrear el origen familiar de una persona. También es posible consultar los descendientes de un individuo determinado, es decir, obtener información sobre sus hijos, nietos y generaciones posteriores. Asimismo, se pueden visualizar líneas genealógicas completas o parciales, ya sea ascendentes o descendentes, lo que facilita comprender la estructura y la extensión del árbol familiar en función del objetivo planteado.
- Edición de datos: Actualizar o eliminar relaciones o individuos registrados.

#### 2.2. No funcionales

- **Rendimiento:** El sistema debe responder rápidamente incluso con árboles de gran tamaño (miles de registros).
- **Interfaz amigable:** Fácil de usar, con menús intuitivos para arqueólogos o investigadores.
- **Escalabilidad:** Capacidad para manejar ampliaciones del árbol conforme se descubren nuevos datos.
- **Seguridad:** Protección de los datos históricos almacenados para evitar pérdidas o alteraciones accidentales.

#### 3. Respuesta a las preguntas guías

#### 3.1. ¿Qué información se debe almacenar en cada nodo del árbol?

Cada nodo del árbol binario de búsqueda (ABB) representaría a una persona e incluiría información como su nombre completo, fecha de nacimiento y, en caso de haber fallecido, su fecha de defunción. Además, se asignaría un ID único que actuaría como clave para organizar y localizar eficientemente a los individuos dentro del árbol. El nodo también almacenaría relaciones familiares, como referencias al padre, la madre (si se permite) y los hijos, lo que facilitaría la representación de la estructura genealógica. Opcionalmente, se podrían incluir otros metadatos, como el género o el lugar de nacimiento, para enriquecer la información. Esta estructura no solo captura la identidad de cada persona, sino también su posición dentro de la genealogía, aprovechando las propiedades del ABB para garantizar un acceso y organización óptimos.

## 3.2. ¿Cómo insertar y eliminar miembros del árbol sin romper su estructura?

Para insertar un nuevo miembro en el árbol sin romper la estructura del Árbol Binario de Búsqueda (ABB), se utiliza un ID único como clave que permite mantener el orden. Si el ID del nuevo miembro es menor que el del nodo actual, se inserta en la rama izquierda; si es mayor, se coloca en la rama derecha. Las relaciones entre nodos (padre e hijos) se establecen de manera implícita según estas conexiones.

Para eliminar un miembro del árbol sin alterar su estructura, existen tres casos:

- Si el nodo es una hoja, se puede eliminar directamente.
- Si tiene un solo hijo, este hijo reemplaza al nodo eliminado.

• Si tiene dos hijos, se sustituye por su sucesor inorden (el nodo más pequeño del subárbol derecho) para mantener la propiedad del ABB.

En ambos casos, es fundamental actualizar correctamente las referencias entre nodos (padre, madre o hijos, si se usan explícitamente) para conservar la coherencia del árbol genealógico.

# 3.3. ¿Qué métodos permiten recorrer el árbol para visualizar la genealogía?

Para visualizar correctamente la genealogía en un árbol binario, se utilizan distintos métodos de recorrido que permiten interpretar las relaciones entre los miembros según el tipo de análisis que se quiera realizar. Los tres métodos más utilizados son:

- Preorden (root-left-right): Este recorrido comienza por la raíz del árbol (el ancestro común) y continúa hacia la izquierda y luego hacia la derecha. Es ideal para representar la genealogía desde el antecesor hacia sus descendientes, lo que permite construir un relato generacional desde el origen familiar. Además, es útil cuando se desea guardar o imprimir toda la estructura jerárquica respetando el orden generacional.
- Inorden (left-root-right): Recorre primero el subárbol izquierdo, luego el nodo actual y finalmente el derecho. Este método es especialmente útil cuando se quiere listar a los miembros de la genealogía en orden cronológico, siempre que el árbol utilice la fecha de nacimiento como clave. De esta manera, se puede obtener un registro ordenado de las generaciones, lo cual es valioso para análisis históricos o demográficos.
- Postorden (left-right-root): En este recorrido, se procesan primero los subárboles izquierdo y derecho, y finalmente la raíz. Es útil cuando se desea eliminar todos los nodos del árbol desde los más jóvenes hacia el ancestro, respetando una lógica de eliminación inversa a la generación. También se aplica en procesos como la liberación de memoria o la depuración del árbol genealógico en sistemas automatizados.

Cada uno de estos métodos cumple una función específica y se puede emplear dependiendo del tipo de información que se desea obtener del árbol. Por ejemplo, si se quiere responder a preguntas como "¿Cuáles son los descendientes de un antecesor específico?" se optaría por el recorrido en preorden. En cambio, si se busca analizar la genealogía desde una perspectiva temporal, el recorrido inorden es el más adecuado. Así, estos métodos no solo permiten navegar el árbol, sino también entender la estructura familiar desde diferentes enfoques.

#### 3.4. ¿Cómo determinar si un miembro pertenece a una rama específica?

Para determinar si un miembro pertenece a una rama específica dentro de un árbol genealógico, se realiza una búsqueda recursiva a partir del nodo raíz o desde un antepasado determinado. Durante esta búsqueda, se analiza si el ID del miembro buscado aparece en el subárbol izquierdo o derecho del nodo actual. Si se encuentra, se concluye que dicho miembro pertenece a esa rama. Este procedimiento también puede llevarse a cabo siguiendo los punteros de los hijos y comparando sus identificadores con el ID objetivo.

Este método resulta útil para responder preguntas como: "¿Está esta persona dentro del linaje de esta familia?" o "¿Desciende de este antepasado?", ya que permite verificar de forma precisa si existe una conexión directa o indirecta entre dos nodos del árbol, manteniendo así la coherencia y trazabilidad de la genealogía representada.

#### 3.5. ¿Cómo balancear el árbol si se vuelve demasiado profundo?

Con el tiempo, un árbol genealógico basado en un árbol binario de búsqueda (ABB) podría desequilibrarse si los nodos se insertan en un orden específico, como por fechas o IDs secuenciales, lo que resultaría en una estructura similar a una lista lineal en uno de los lados. Este desbalance afectaría negativamente el rendimiento de las operaciones de búsqueda y recorrido. Para solucionar este problema, se pueden implementar estrategias como el uso de un Árbol AVL, que realiza ajustes automáticos en las alturas de las ramas después de cada inserción o eliminación, garantizando un equilibrio óptimo. Otra alternativa es emplear un Árbol Rojo-Negro, que ofrece mayor eficiencia en ciertos escenarios. Además, existe la opción de realizar un rebalanceo manual, recolectando todos los nodos en orden y reconstruyendo el árbol de manera equilibrada, insertando los elementos de forma estratégica. El objetivo principal es mantener un balance entre las ramas izquierda y derecha para asegurar que las operaciones sigan siendo eficientes, incluso cuando el árbol crezca con muchos miembros.

#### 4. Herramienta Colaborativa

**Github**: https://github.com/IsraelGarciaBetancourt/EDD-ABR-G02

**Lucidchart :** <a href="https://lucid.app/lucidspark/f48f7979-c237-4677-939e-445a71f2edaf/edit?viewport\_loc=4991%2C103%2C4847%2C2320%2C0\_0&invitationld=inv\_31a41481-1f90-4bcd-a7f2-bbc45b4195e6">https://lucid.app/lucidspark/f48f7979-c237-4677-939e-445a71f2edaf/edit?viewport\_loc=4991%2C103%2C4847%2C2320%2C0\_0&invitationld=inv\_31a41481-1f90-4bcd-a7f2-bbc45b4195e6</a>

# 5. Anexos

# Anexo 1



En esta imagen se observa la reunión que tuvo el grupo, para coordinar el ABR-IDEACIÓN