# Discussione Slide Tesi

Trascrizione della discussione orale

## Slide 1: «Concetti base di biologia»

Prima di poter definire che cos’è un albero evolutivo, è necessario fornire dei concetti base di biologia, altrimenti non sarebbe possibile capire il senso di questi studi:

Il DNA o acido desossiribonucleico è una macromolecola contenente il patrimonio genetico degli esseri viventi, quindi ne detiene tutta l’informazione genetica ed ereditaria. Possiamo considerarla una sorta di archivio delle informazioni degli esseri viventi!

La struttura è caratterizzata da una doppia elica di lunghezza variabile, composta da delle successioni di quattro basi azotate:

* Timina (T)
* Adenina (A)
* Guanina (G)
* Citosina (C)

Una successione di basi azotate che contiene una determinata informazione prende il nome di sequenza.  
Un esempio di una sequenza di DNA può essere la seguente: ATGTAAGACT

## Slide 2: «Che cos’è la bioinformatica?»

Per molti anni l’informatica è stata una scienza a sé stante, tuttavia negli ultimi decenni, grazie al progresso scientifico e tecnologico, sono nate nuove discipline chiamate genericamente X-Informatics. Queste sono il risultato dell’incontro tra l’informatica ed altre scienze di base (quali la biologia, la chimica, l’astronomia, la geologia ecc).

Tra tutte queste discipline, risulta di particolare importanza la bioinformatica. Ma che cosa è?  
La bioinformatica è un campo multidisciplinare della scienza che coinvolge la genetica, la biologia molecolare, l’informatica, la matematica e la statistica, rivolta a studiare sistemi biologici utilizzando metodi e modelli informatici e computazionali. Tale scienza occupa numerose aree di ricerca, quella di cui ci occupiamo in questa discussione è la filogenetica, che studia le relazioni evolutive tra le entità biologiche (dagli essere viventi fino ai virus) attraverso la costruzione di alberi evolutivi (chiamati anche alberi filogenetici).

## Slide 3: «Albero evolutivo»

Ricordando la definizione di albero, ovvero un grafo non orientato connesso e aciclico, l’albero evolutivo (o albero filogenetico) è un diagramma che rappresenta le relazioni evolutive tra le varie entità biologiche (animali, piante, virus e così via), dove i nodi (o vertici) rappresentano tali entità, mentre gli archi mostrano le relazioni tra di loro.

Gli alberi evolutivi possono essere suddivisi in due tipi: alberi radicati e non radicati.

L’albero radicato o albero con radice si sviluppa a partire da un nodo speciale, chiamato radice e si estende fino alle foglie. I vertici che hanno grado (num di archi incidenti al vertice) maggiore di uno, definiti nodi interni, sono gli antenati, mentre quelli con grado esattamente uguale ad uno, definite foglie, sono le entità attualmente esistenti. La radice, quindi, è l’antenato comune a tutti i vertici dell’albero.

Gli alberi non radicati sono alberi senza la radice. Anche in questo caso, i vertici che hanno grado maggiore di uno sono definiti nodi interni, mentre quelli con grado esattamente uguale ad uno sono dette foglie. A differenza di quelli con radice, si concentrano perlopiù a mostrare le relazioni tra le entità piuttosto che a mostrare l’antenato comune a tutti.

Ma come si costruiscono gli alberi evolutivi?

## Slide 4: «Matrice delle distanze»

Gli algoritmi utilizzati per la costruzione degli alberi evolutivi mostrati in questa tesi prendono il nome di algoritmi basati sulla distanza, in quanto prendono in input una matrice delle distanze.

Dati due punti x ed y, la distanza è una funzione d(x, y) che possiede le seguenti proprietà:

1. Non negatività [mostrare formula]
2. Identità [mostrare formula]
3. Simmetria [mostrare formula]
4. Disuguaglianza triangolare [mostrare formula]

Ma allora date unità, calcolando la distanza per ogni coppia di elementi si ottiene una *matrice D delle distanze*

Ci sono vari modi per calcolare la distanza (ad esempi distanza euclidea, di Manhattan, ecc). In questo esempio [mostrare la matrice di esempio] abbiamo delle sequenze di DNA ipotetiche di quattro specie. In questo caso la distanza è ottenuta calcolando il numero di simboli differenti per ogni coppia di elementi (ad esempio la distanza tra umano e lo scimpanzé è di 3, in quanto la loro sequenza differisce di 3 simboli). Il rispettivo albero evolutivo che si ottiene viene mostrato nella slide successiva.

## Slide 5: «Problema degli alberi basati sulla distanza»

[mostrare albero]

Questo è l’albero evolutivo ottenuto dalla matrice D. Si possono notare delle proprietà importanti su tale albero:

* su ogni arco è presente un numero non negativo. Esso prende il nome di “peso dell’arco”, e rappresenta la distanza tra le foglie.
* Si definisce distanza evolutiva tra due entità biologiche i e j corrispondenti a due foglie dell’albero come la somma del peso degli archi che collegano i e j. Ad esempio la distanza evolutiva tra “Scimpanzé” ed “Umano” è 3, ottenuto dalla somma 1+2 (vedi albero).
* Tutti i vertici hanno grado diverso da 2, quindi si parla di albero semplice.
* *L’albero si adatta alla matrice D.*

Si dice che un albero T si *adatta* ad una matrice delle distanze D se per ogni coppia di foglie i e j si ha che , ovvero l’elemento nella riga i e colonna j nella matrice è uguale alla distanza tra le due foglie i e j in T, in tal caso sia la matrice che l’albero vengono definiti *additivi*. In caso contrario, si parla di *non additività*.

Dopo tutte queste nozioni, possiamo introdurre il problema degli alberi basati sulla distanza:

*Data in* ***input*** *una matrice delle distanze additiva restituire in* ***output*** *un albero evolutivo semplice.*

Quindi l’obiettivo degli algoritmi basati sulla distanza è quello di trovare una soluzione al problema degli alberi basati sulla distanza.

## Slide 6: «Algoritmo per il problema degli alberi basati sulla distanza» - Parte 1

L’obiettivo è quello di costruire un albero semplice T che si adatti alla matrice delle distanze *additiva* D. Quindi di volta in volta si aggiungono le foglie all’albero e si calcola il peso dei loro archi.

Si prenda in considerazione la matrice delle distanze D [mostrare matrice], che è la stessa di un paio di slide fa, quindi u=umano, b=balena, ecc. L’idea di base dell’algoritmo è che all’elemento più piccolo della matrice corrispondano due foglie vicine nel rispettivo albero. Quindi poiché è l’elemento più piccolo della matrice, possiamo supporre che siano vicini e che il loro genitore sia una generica foglia p.

Come trovare la distanza tra p e f e tra p e b? Usiamo le uniche informazioni che abbiamo, ovvero la distanza tra le foglie in D. Si aggiunge quindi le foglie u ed s all’albero T, tratteggiando il loro arco in quanto ancora non è possibile sapere come sono realmente collocate [mostrare albero] e si riscrivono le distanze in funzione di p [mostrare formule:  e ]. Dalle formule si può notare che l’unica incognita è . Possiamo riscriverlo in funzione delle foglie, ovvero in nel seguente modo [mostrare formula ]. Se sostituiamo questa uguaglianza alle due formule precedenti, riusciamo a trovare e .