

Първо контролно
за разширения национален отбор
Разград, 29 април 2013 г.
Група А

ЗАДАЧА А1. МАКСИМАЛНО КОНСЕНСУСНО ДЪРВО

Автор: Петър Иванов

Всички познати ни биологични видове имат общ произход, но редът на видообразуването им е сложна задача, която учените решават от десетилетия. Текущите видове имат общи предшественици, чиято история може да бъде представена като дърво, в което коренът обозначава най-ранния единствен вид. Движейки се към листата, всеки от съществуващите видове се е подразделял на по два наследствени вида, завършвайки разделянето си при текущо-наблюдаваните видове в листата на дървото. Сложността при изследването на такива дървета идва от това, че цялото дърво не ни е известно. Затова учените използват сходството между различните наблюдавани видове в листата на дървото, за да построят различни дървета, които биха могли да обясняват произлязлата еволюция. При дадени две различни дървета, интерес представлява изборът на максимално подмножество S от видовете, записани в листата на всяко от дърветата, така че и двете дървета да предлагат едно и също обяснение за еволюцията на видовете S .

Термини:

- двоично дърво ще наричаме свързан ацикличен граф (без обособен корен), в който всеки от върховете има 1 или 3 съседа (върховете с 1 съсед наричаме листа);
- филогенетично дърво ще наричаме двоично дърво, в което всяко от листата притежава уникално име (т.е. в същото дърво няма друго листо с такава име);
- поддърво на филогенетичното дърво T наричаме филогенетично дърво, което може да бъде получено като от T последователно се премахнат върхове с по 1 или 2 съседни върха. При премахването на връх се премахват и инцидентните му ребра, а съседните му върхове (ако съществуват) се свързват с ребро;
- изоморфни наричаме дърветата P и Q , ако чрез взаимно-еднозначно отъждествяване на върховете на P с върховете от Q , ребро между два върха в едното дърво съществува тогава и само тогава, когато реброто между съответните върхове в другото дърво също съществува;
- консенсусно дърво между две филогенетични дървета P и Q ще наричаме такова филогенетично дърво, което е изоморфно както на поддърво на P , така и на поддърво на Q , а имената на съответните листа в консенсусното дърво и в поддърветата съвпадат.

Напишете програма **mas**, която, по дадени две филогенетични дървета P и Q , определя максималния брой листа в някое консенсусно дърво между P и Q .

Вход

От стандартния вход се въвеждат последователно две дървета с еднаква структура:

първи ред: брой на върховете N_i ($N_i < 1000$) на дървото i , където $i \in \{P, Q\}$;

следващи $N_i - 1$ реда: два номера от 1 до N_i , указващи на върхове, свързани с ребро;

следващ ред: брой на листата L_i на i -тото дърво;

следващи L_i реда: номер на листото от 1 до N_i и име на листото, включващо от 1 до 10 символа от множеството [A-Z,0-9].

Изход

Изведете на стандартния изход максималния брой на листата в някое консенсусно дърво на P и Q .

**Първо контролно
за разширения национален отбор
Разград, 29 април 2013 г.
Група А**

Пример

Вход

10
1 4
1 2
1 3
4 5
4 6
6 7
6 8
8 9
8 10
6
2 MAN
3 MONKEY
5 PENGUIN
7 FROG
9 FLY
10 DOG
8
1 6
1 2
1 5
2 3
2 4
6 7
6 8
5
3 MAN
4 PENGUIN
5 FROG
7 FLY
8 MONKEY

Изход

4

Пояснение

$S = \{\text{MAN, PENGUIN, FROG, FLY}\}$

