



ISIS-1209 Algorítmica y Programación II (Honores)

Descripción

Ejercicio: N11-CupiTaxonomia

Autor: Alvar-go

Fecha: Octubre 2015

Enunciado

Se desea desarrollar un programa que permita construir y visualizar un árbol taxonómico de los seres vivos. En este árbol, los seres vivos se clasifican de acuerdo a un sistema jerárquico compuesto de categorías taxonómicas o taxones anidados (cómo se muestra en la Ilustración 1). Por ejemplo, el lobo común se clasifica de la siguiente manera:

- Luca: Último antepasado común universal
- Dominio: Eukarya
- Reino: Animalia
- Filo: Chordata
- Clase: Mammalia
- Orden: Carnivora
- Familia: Canidae
- Género: Canis
- Especie: C. lupus

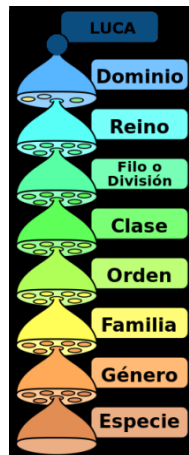


Ilustración 1. Tipos de taxones y su jerarquía

El árbol taxonómico contiene la siguiente información:

- El taxón raíz del árbol. Este siempre será el taxón de tipo Luca.

El taxón contiene la siguiente información:

- El tipo del taxón. Este indica el nivel de la jerarquía en la que se encuentra el taxón. Un taxón puede ser de tipo: Luca, Dominio, Reino, Filo, Clase, Orden, Familia, Género y Especie.
- El nombre del taxón. El taxón de tipo Luca siempre tendrá como nombre: "Último antepasado común universal".
- Los sub-taxones. El taxón de tipo Especie es el último nivel en la jerarquía, por lo tanto, no tiene sub-taxones.



- Un ser vivo. Solamente los taxones de tipo Especie pueden tener asociado un ser vivo. No pueden existir dos seres vivos con el mismo nombre científico.

Por su parte, el ser vivo contiene la siguiente información:

- El nombre común del ser vivo.
- El nombre científico del ser vivo.
- Las características del ser vivo.
- La imagen asociada al ser vivo.

La aplicación debe ser persistente y esta funcionalidad debe ser transparente para el usuario.

Además, la aplicación debe permitir:

1. Visualizar el árbol taxonómico.
2. Agregar un nuevo taxón al árbol taxonómico.
3. Eliminar un taxón
4. Agregar un ser vivo al árbol taxonómico.
5. Visualizar la información detallada de un ser vivo seleccionado.
6. Calcular el número total de taxones en el árbol taxonómico.
7. Calcular el número de seres vivos en el árbol taxonómico.
8. Obtener la lista de los taxones en postorden.
9. Obtener la lista de los taxones en preorden.
10. Obtener la lista de seres vivos de un taxón.
11. Obtener la lista de seres vivos con nombre científico menor a un nombre dado
12. Obtener la lista de seres vivos con nombre científico mayor a un nombre dado
13. Obtener la lista de seres vivos con nombre científico entre dos nombres dados



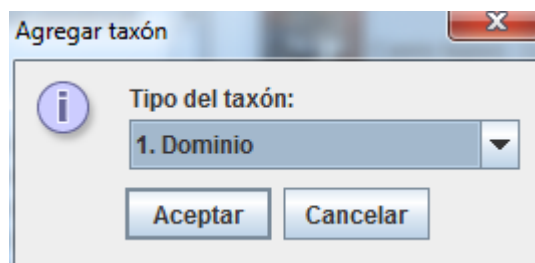
Interfaz

Interfaz principal de la aplicación:



Diálogo para agregar un taxón:

Se debe escoger el tipo de taxón que se desea agregar:

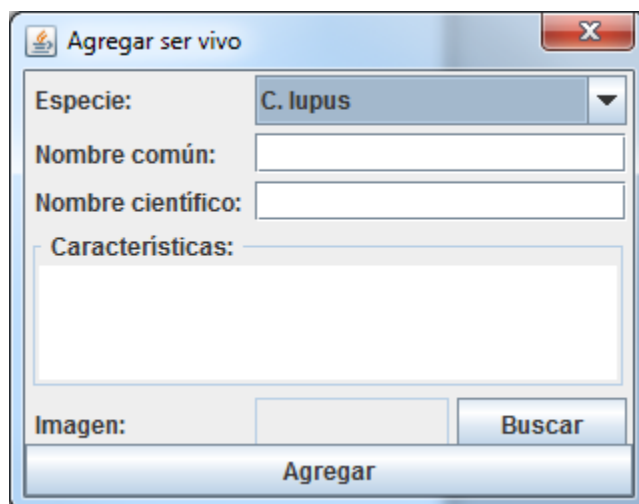


Por ejemplo, si se quiere agregar un taxón de tipo Orden, entonces se despliega el siguiente diálogo:



Diálogo para agregar un taxón de tipo Orden. El formulario tiene un campo 'Padre' con un menú desplegable que muestra 'Mammalia'. Debajo hay un campo 'Nombre' vacío. En la parte inferior hay un botón 'Agregar'.

Diálogo para agregar un ser vivo:



Diálogo para agregar un ser vivo. El formulario incluye los siguientes campos: 'Especie' con un menú desplegable que muestra 'C. lupus', 'Nombre común' (campo vacío), 'Nombre científico' (campo vacío), y 'Características' (área de texto grande). En la parte inferior hay un campo 'Imagen' y un botón 'Buscar'. En la base del diálogo hay un botón 'Agregar'.

Diálogo para ver la información de un ser vivo:



Diálogo para ver la información de un ser vivo. El formulario muestra una imagen de un lobo a la izquierda. A la derecha, los campos están prellenados: 'Nombre común' es 'Lobo', 'Nombre científico' es 'Canis lupus', y 'Características' contiene el siguiente texto: 'Son animales depredadores, por lo que su físico está adaptado a ello. Tiene unos dientes fuertes y afilados y poderosos músculos en sus patas. Su longitud se sitúa entre el metro y el metro veinte centímetros. Su alzada entre 60 y 70 centímetros.'

