

PARADIGMAS DE PROGRAMACIÓN TRABAJO III

¿Es el dimetrodon tu abuelo?

La sistemática filogenética o cladística fue propuesta por el entomólogo alemán Willi Hennig en 1950 para poder describir el rígen, formación y desarrollo evolutivo de las especies con una metodología repetible y comprobable. En el método tradicional era la experiencia del investigador la que dictaba qué grupos estaban más emparentados entre sí. Así es como, a través de la cladística, se creó un lenguaje específico, donde los términos básicos utilizados con mayor frecuencia son: *cladograma*, *homología*, *homoplasia*, *apomorfía*, *plesiomorfía*, *autapomorfía*, *sinapomorfía* y *simplesiomorfía*, así como grupos *monofilético*, *parafiletico* y *polifilético*.

Conceptos

Un cladograma es un diagrama ramificado que indica las relaciones filogenéticas al interior de un grupo biológico (ver Figura 3). Contiene un número n de taxones terminales, los cuales forman el grupo de estudio o grupo interno; además, hay un taxón que es el grupo externo y sirve para enraizar el árbol. El grupo hermano es el taxón que está más cercanamente emparentado con otro.

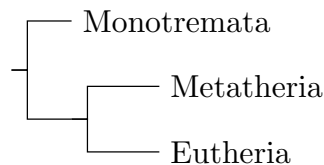


Figura 1: Cladiograma

El objetivo es resolver las relaciones genealógicas entre especies y grupos biológicos, las cuales producen grupos naturales. Así, se busca descubrir grupos monofiléticos o naturales, que corresponden a un especie ancestral y todas sus especies hijas o descendientes (ver Figura 2).

Se tienen grupos no naturales o artificiales cuando las relaciones entre sus miembros son de **paraflilia** o **polifilia**. Un grupo parafiletico es aquel que contiene al ancestro pero no a todos sus descendientes (ver Figura 2). Un grupo polifilético se forma cuando se toman taxones que provienen de ancestros distintos y se incluyen dentro del mismo grupo .

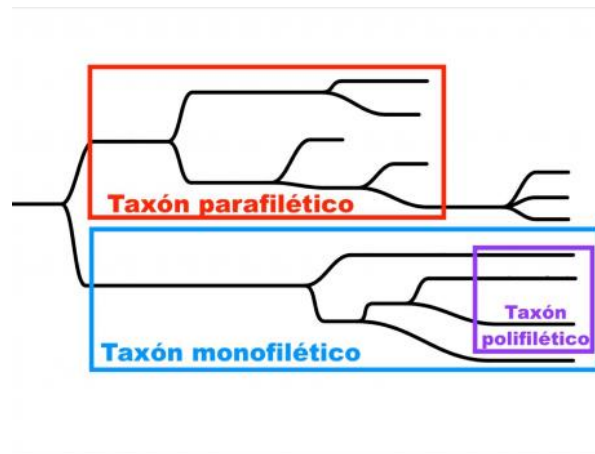


Figura 2: Esquema filogenético con un grupo monofilético (azul, correcto), parafilético (rojo, incorrecto) y polifilético (morado, incorrecto)

Para conocer si los grupos son naturales, o no, es necesario que los caracteres que se usen para la reconstrucción de la filogenia sean homólogos. Esto quiere decir que provengan de un ancestro común, aunque hayan sufrido cambios a través del tiempo. Las extremidades anteriores en los diferentes grupos de mamíferos, las cuales tienen un mismo origen, son un ejemplo de carácter homólogo.

Cuando los caracteres aparentemente homólogos, que se usan en la reconstrucción filogenética, surgen de manera independiente en el análisis resultante, se habla de homoplasias y éstas pueden ser convergencias o paralelismos. Puede decirse que una homoplasia es una falsa homología, descubierta como tal a posteriori. En un contexto más amplio, una analogía corresponde a una semejanza que existe entre dos estructuras o caracteres que desempeñan una función similar, pero que no provienen del mismo ancestro. Las alas de las mariposas y las de las aves son un ejemplo. Ambas sirven para volar, pero las estructuras y su origen son completamente diferentes. Una está soportada por exoesqueleto de quitina y la otra por un endoesqueleto óseo.

Descripción de la problemática

El desconocido paleontólogo Peter Rex”Piedra busca encontrar el grupo monofilético que le corresponde a una especie y todas sus especies descendientes. Se le solicita a usted, entonces, diseñar un programa que permita obtener el taxón monofilético de una especie específica. La regla debe llamarse **especie** y debe recibir como argumento un solo parámetro que es la especie a analizar, las llamadas internas son de su responsabilidad.

Entendiendo que el grupo *mammalia* agrupa a los mamíferos, el grupo de los *sauropsidas* son los reptiles, y los *synapsida* conocidos como reptiles mamíferos, Peter espera que al mostrar sus taxones monofiléticos respectivos se vean, como mínimo, de la siguiente manera al realizar la llamada a la regla.

```

1?- especie(mammalia).
2|---mammalia
3true ;
4|---theria
5true ;
6|---marsupialia
7true ;
8|---eutheria
9true ;
10|---monotremata
11true ;
12|---theria
13true ;
14|---marsupialia
15true ;
16|---eutheria
17true ;
18false.

```

```

1?- especie(sauropsida).
2|---sauropsida
3true ;
4|---archelosauria
5true ;
6|---testudines
7true ;
8|---archosauria
9true ;
10|---cocodrilia
11true ;
12|---dinosauria
13true ;
14|---aves
15true ;
16|---tyrannosauroida
17true ;
18|---ornithischia
19true ;
20|---lepidosauria
21true ;
22|---sphenodontia
23true ;
24|---squamanta
25true ;
26false.

```

```

1?- especie(synapsida).
2|---synapsida
3true ;
4|---ophiacodontidae
5true ;
6|---varanopidae
7true ;
8|---caseasauria
9true ;
10|---ianthodon_schultzei
11true ;
12|---edaphosauridae
13true ;
14|---sphenacodontia
15true ;
16|---haptodus_garnettensis
17true ;
18|---pantelosaurus_saxonicus
19true ;
20|---sphenacodontidae
21true ;
22|---cutleria_wilmarthu
23true ;
24|---
   secodontosaurus_obtusidens
25true ;
26|---
   cryptovenator_hirschbergi
27true ;
28|---dimetrodon
29true ;
30|---sphenacodon
31true ;
32|---therapsida
33true ;
34false.

```

Como referencia, se tiene taxón de los amniotas de la Figura 3

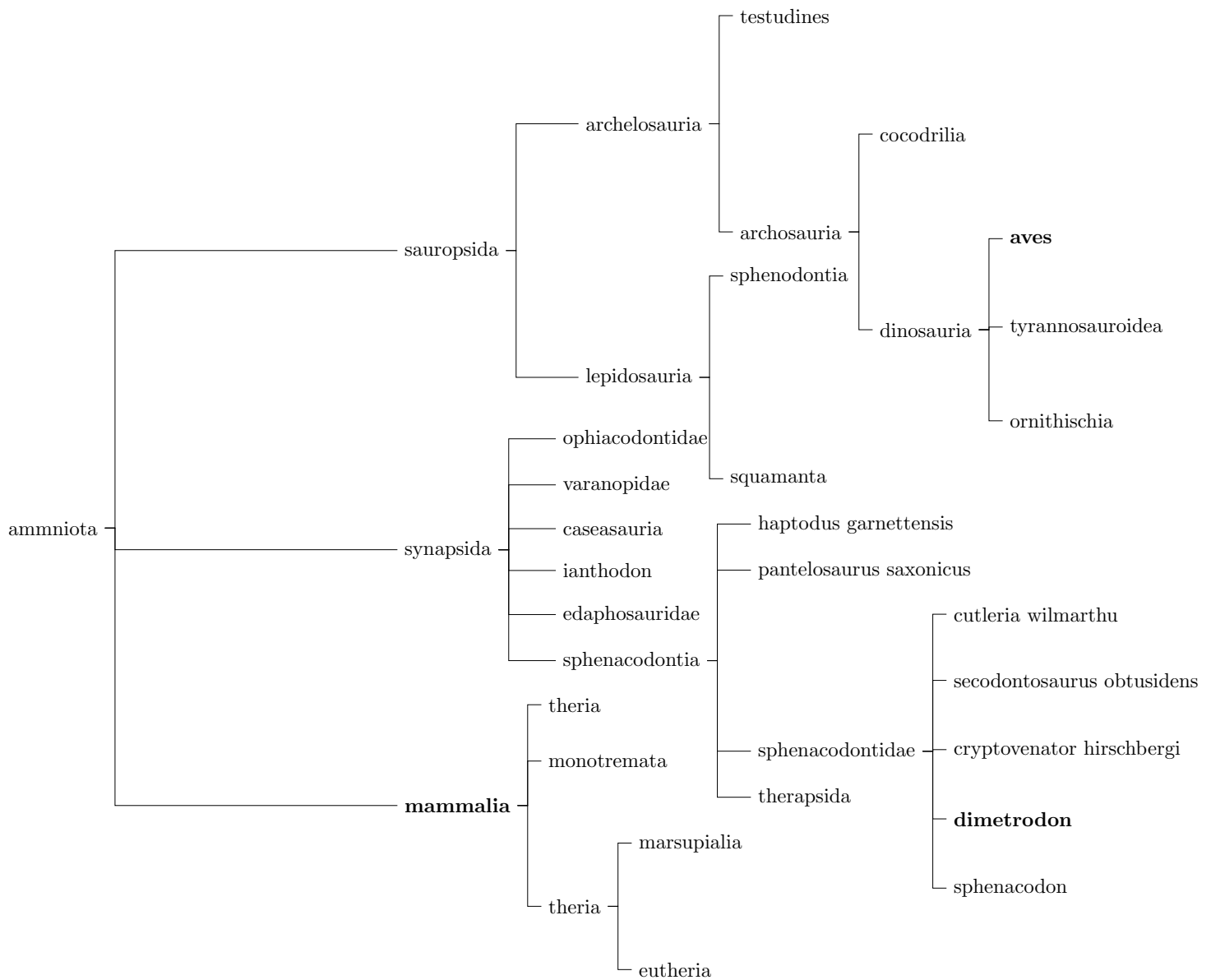


Figura 3: Cladograma libre del taxon ammniota

Instrucciones

- Diseñe un script en prolog con los hechos y reglas que considere necesarios.
- El proyecto deberá ejecutarse a través de la consola de comandos, de tal manera que el proyecto pueda ejecutarse desde la consola.
- Dentro del script deberá dejar registro de las entradas y objetivo de las distintas reglas establecidas en el script