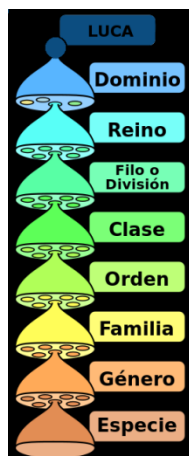
 Proyecto CUPi2	<b>ISIS-1205 Algorítmica y Programación II</b> <b>Descripción</b>
Ejercicio:	n11_cupiTaxonomia
Autor:	Equipo CUPi2
Semestre:	2019-1

## 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.
6. Calcular el número total de taxones en el árbol taxonómico.
7. Calcular el número de seres vivos en el árbol taxonómico.
8. Consultar la taxonomía de los seres vivos en preorden (LUCA – ser vivo).
9. Consultar la taxonomía de los seres vivos en postorden (ser vivo - LUCA).
10. Obtener la lista de seres vivos de un taxón.

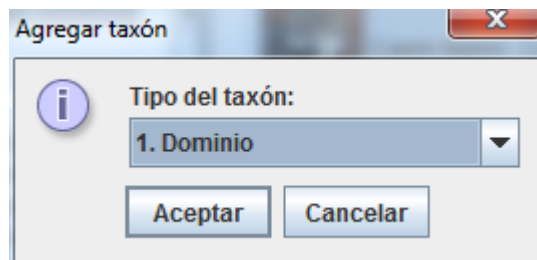
## Interfaz

Interfaz principal de la aplicación:



Diálogo para agregar un taxón:

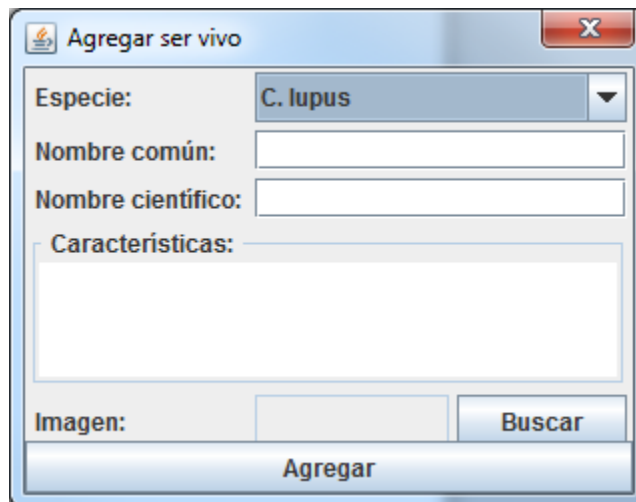
Se debe escoger el tipo de taxón que se desea agregar:



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



Diálogo para agregar un ser vivo:



Diálogo para ver la información de un ser vivo:

