

UNIVERSIDAD AUTONOMA DE BAJA CALIFORNIA
FACULTAD DE CIENCIAS MARINAS

IDENTIFICACION DE ORGANISMOS MARINOS
POR METODOS COMPUTACIONALES



T E S I S
Que para obtener el titulo de
O C E A N O L O G O
Presenta

EDGAR LIMA GARRIDO

Ensenada, B.C., Marzo de 1988

BIBLIOTECA CENTRAL ENSENADA U.A.B.C.

IDENTIFICACION DE ORGANISMOS MARINOS
POR METODOS COMPUTACIONALES

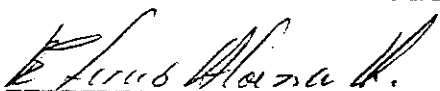
T E S I S
QUE PRESENTA

EDGAR LIMA GARRIDO

APROBADA POR



PRESIDENTE DEL JURADO
M.C. LUIS FOK PUN



SINODAL PROPIETARIO
OC. ELISEO ALMANZA HEREDIA



SINODAL PROPIETARIO
M.C. RENE PINET PLASCENCIA



SINODAL SUPLENTE
M.C. ROBERTO MILLAN NUÑEZ



SINODAL SUPLENTE
M.V.Z. JOEL NUÑEZ ALVAREZ

DEDICATORIA

A mis Padres y a mis Hermanos

Por el invaluable apoyo que me
han otorgado siempre.

A mis amigos

Por su presencia, constante y oportuna.

A Lorena

Por todas las experiencias, cariño
y comprensión compartidos.

CONTENIDO

	Pag.
Indice de Figuras	ii
Resumen	iii
Introducción	1
Objetivo	4
Materiales y Métodos	5
Resultados	11
Programa de Acceso	13
Programa Principal	15
Módulos de Captura	18
Archivos de Datos	21
Discusión	24
Conclusión	26
Recomendaciones	27
Apéndice I	28
Apéndice II	32
Bibliografía	48

INDICE DE FIGURAS

	Pag.
Diagrama de flujo del Sistema_____	10
Diagrama de flujo del Programa de Acceso_____	14
Diagrama de flujo del Programa Principal_____	16
Diagrama de flujo del Lector de Glosario_____	17
Diagrama de flujo de los Módulos de Captura_____	20
Estructura de un archivo de datos_____	23

RESUMEN:

Se elaborò un método basado en microcomputadora para manejar datos taxonomicos y ayudar en la identificación de organismos marinos.

Se tomaron como ejemplo los ejemplares del orden Cetacea del Pacifico Norte. El programa consta de diversos modulos que permiten el manejo de tres archivos con informacion referente a las especies, a la llave taxonómica, y al glosario que el programa tiene integrado. Escrito en lenguaje Basic, el programa puede adaptarse a usos particulares como la identificación de rocas, algas o compuestos quimicos.

INTRODUCCION :

La utilización de métodos computacionales en ciencias biológicas se ha desarrollado en ramas como botánica, Zoología, Ecología, Bioquímica y Pesquerías, para obtener programas que permitan el manejo de grandes cantidades de información, así como de modelos para simular el comportamiento de diversas variables en el medio natural.

En áreas como citología y patología se cuenta con aparatos que describen, clasifican e identifican muestras histológicas. Otro programa permite calcular el tiempo, velocidad, tipo de rotor y tubo de ensaye para muestras en la ultracentrifuga. (Williamson, 1987)

La necesidad de crear programas para el manejo de datos taxonómicos fue planteada hace tiempo por Sneath y Sokal (1973), los cuales preveían una expansión en el uso de los procesadores electrónicos de datos para descripción de organismos, preparación de mapas de distribución geográfica, llaves taxonómicas, y monografías. Trabajos así fueron efectuados por Soper (1964) y Crovello (1967), con la preparación de mapas para botánica, almacenamiento y recuperación de datos. El aumento en el uso de las computadoras dependerá principalmente de la presión ejercida por la cantidad de material que debe ser procesado, y del entrenamiento recibido por las generaciones de taxónomos.

Anteriormente, los programas se diseñaban para su uso en los macrosistemas, instalados en centros de cálculo con una unidad central de procesamiento y varias terminales periféricas que trabajan mediante el sistema de tiempo compartido entre varios usuarios. Tal esquema empieza a cambiar con la introducción al mercado de computadoras pequeñas, denominadas "personales" o "microcomputadoras". Son estas máquinas, con un costo relativamente bajo, las que realmente promueven la introducción de la computación al mundo cotidiano.

Las microcomputadoras son el sistema computacional más pequeño que existe y se han creado grandes cantidades de programas de aplicación o "software" especialmente para ellas.

En nuestro país, su reciente introducción aún no ha permitido su uso pleno como herramientas para la investigación científica, pero su importancia se ve reflejada entre otras cosas, con la creación de organismos como el CREALC (Centro Regional para América Latina y el Caribe), que desde 1980 está dedicado a la promoción y apoyo de la informática en América Latina, para tratar de disminuir el problema de dependencia tecnológica en ese aspecto (Ayestarán, 1987).

En el campo de las Ciencias del Mar, la identificación taxonómica generalmente se realiza por medio de consulta a llaves dicotómicas que se basan en la presencia o ausencia de características específicas de determinados organismos, lo que permite eliminar opciones a medida que nos acercamos al grupo o taxon a que pertenece el ejemplar analizado.

Debido a la terminología especializada que se utiliza en estas llaves, es necesario consultar frecuentemente glosarios o diccionarios técnicos si no se es un experto en la materia.

Al contar con una computadora, la identificación se puede agilizar, y algunas personas han desarrollado programas con ese fin. Hay trabajos como el de Z.Zo. (1980), quien elaboró un sistema alfanumérico de identificación a nivel género para copépodos planctónicos marinos, que además los clasifica en grupos de machos, hembras e inmaduros. Otros ejemplos son el de Doumec y Foubert (1984), en el museo de Historia Natural de Paris, con la creación de un sistema basado en microcomputadora para la identificar los 121 géneros conocidos de Actinarias por medio de una llave tabular.

OBJETIVO:

El objetivo del presente trabajo es la elaboración de un programa de identificación para organismos marinos, basado en microcomputadora. El cual tendrá como finalidad inmediata su aplicación en la clasificación de Cetáceos en aguas del Pacífico Noroccidental así como algas del género Gelidium. Sin embargo, deberá funcionar de manera independiente a la naturaleza de los datos que maneje; siendo por ello adaptable para todos aquellos sujetos cuya identificación se realice en base a una búsqueda dicotómica, como pueden ser compuestos orgánicos, rocas, otolitos, hongos, etc.

MATERIALES Y METODOS:

Para el desarrollo del programa se utilizaron microcomputadoras IBMpcjr del departamento de informatica de la U.A.B.C. en Ensenada, con una memoria de 256 Kb, monitor de color y un lector de discos flexibles.

(IBMpcjr Basic Reference Library ,1983)

El lenguaje de programacion escogido fue el BASIC en la version BASICA (Basic avanzado) para la IBMpc, ya que presenta la caracteristica de que a pesar de no ser un lenguaje de programación realmente profesional, si es apropiado para elaboracion de programas relativamente sencillos y es lo más cercano que existe a un lenguaje universal para computadoras personales.

Prácticamente todas las microcomputadoras incluyen BASIC de una u otra forma (Norton,1986). La versión final fue compilada con el programa QUICKBASIC, de Microsoft. (Microsoft Corp.,1985).

El material seleccionado para emplear con el programa fueron las llaves taxonomicas del género Gelidium, un alga roja (Abbot,1982), y la de cetáceos en aguas adyacentes a la costa del Pacifico noroccidental. (Hall,1981). Tales llaves se escogieron tanto por su tamaño relativamente pequeño, como por las pocas especies que contienen y que permiten una mejor comprensión de los mecanismos de búsqueda utilizados.

Las llaves taxonómicas son herramientas utilizadas para establecer la identidad de un organismo o de un taxon, y la mayoría de ellas son dicotómicas. Esto quiere decir que están construidas de manera que sólo ofrecen dos alternativas en cualquier punto del procedimiento. La característica señalada en alguna de las dos alternativas deberá coincidir con la del organismo, marcando con ello el próximo punto de alternativas que se deberá consultar. Prosiguiendo de un punto de alternativas a otro, la llave permitirá identificar el taxón a que corresponde el organismo, y que está definido por un nombre binomial. Frecuentemente se ofrecen dos, tres o más características secundarias en el caso de que la primera no sea discernible, esté oculta, dañada o perdida. Sin embargo, si se puede reconocer la característica primaria; no es necesario consultar las demás. (Allen,1977).

La computadora es una herramienta idónea para este tipo de búsqueda, ya que utiliza números binarios, y permite trabajar con un sistema matemático en base 2, en donde los números se representan con sólo dos símbolos, 0 y 1 (a diferencia del sistema decimal, en donde los números pueden representarse con los símbolos del 0 al 9), y los estados de los componentes electrónicos por dos valores, encendido y apagado. Sin importar si el sujeto son caracteres alfabéticos o aritmética digital, el método de trabajo es binario.

La clasificación de los organismos en base a sus semejanzas y probables relaciones de parentesco, sigue un modelo jerárquico de forma piramidal donde la base de la pirámide la representan los miles de especies conocidas, y que continúa en unidades cada vez más amplias, que contienen a las anteriores. (Sota.,1973)

Así, podemos señalar las siguientes divisiones taxonómicas principales:

- Especies : formando Géneros
- Géneros : formando Familias
- Familias : formando Ordenes
- Ordenes : formando Clases
- Clases : formando Divisiones
- Divisiones : formando un Reino

Por lo anteriormente expuesto, se observa que las claves de identificación pueden concebirse como una búsqueda binaria de características específicas de algún sujeto bajo estudio. Por lo tanto, se siguió este esquema para desarrollar el programa.

Se elaboraron diversos programas interactivos estructuralmente diferentes, para seleccionar el más fácil de entender y adaptar. Un ejemplo de tales programas se enlista en el apéndice I, tomando como ejemplo la llave para el género Gelidium, un grupo de algas rojas (Segun Abbott, 1982) . La secuencia original de preguntas es:

- 1 1 -Talo >10 cm.,principalmente inter y submareal.-2
- 2 1'-Talo < 8 cm.,principalmente medio-alto mareal.--5
- 3 2 -Pocas ramas, irregularmente arregladas.-----3
- 4 2'-Muchas ramas, espaciadas casi regularmente.-----4
- 5 3 -Ejes cilíndricos a comprimidos, últimas ramificaciones de mas de .6 mm de ancho-G.arborescens
- 6 3'-Ejes comprimidos a planos,últimas ramificaciones de menos de .6 mm de ancho-----G.nudifrons

- 7 4 -Ultimas ramificaciones mucho menores de 1 mm. de
 ancho-----G.Purpurascens
- 8 4'-Ultimas ramificaciones mucho mayores de 1 mm.
 de ancho -----G.robustum
- 9 5 -Ejes postrados comprimidos, ejes erectos
 cilindricos,talo usualmente > 2 cm.-----G.coultieri
- 10 5'-Ejes postrados cilindricos, ejes erectos compri-
 dos,talo usualmente < 2 cm.-----G.pusillum

Sin embargo, al considerar la facilidad de elaboraciòn y la necesidad de adaptarse a usos particulares, fue necesario desarrollar un programa que solicite los datos, los guarde en un archivo, y los utilice cada vez que se requiera..Tal procedimiento simplifica la lògica del programa y diò como resultado un programa modular, cuyo diagrama de flujo se presenta a continuaciòn:(fig.1)

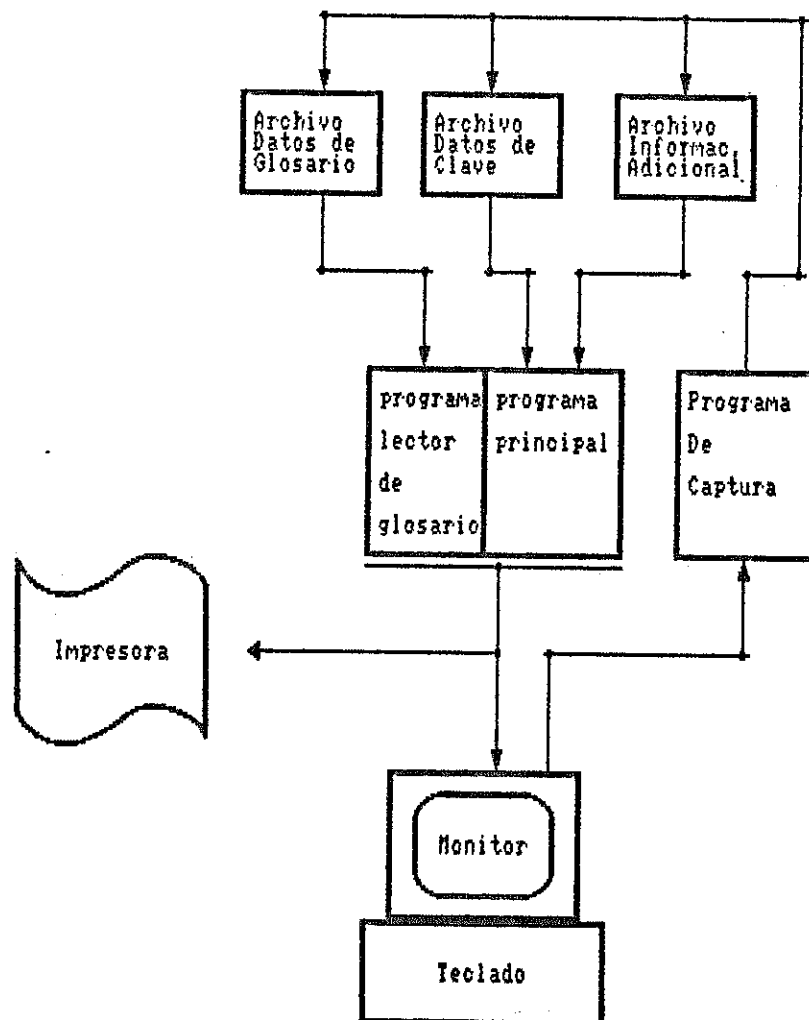


fig. 1

Diagrama de flujo del sistema

RESULTADOS:

Como resultado, se desarrolló MICROTAX, un programa para manejo de información taxonómica por microcomputadora, consistente en tres módulos integrados que incluyen una subrutina de lectura de glosario. El programa se compiló con QUICKBASIC, de MICROSOFT. El manual del programa se incluye en el apéndice II y el listado original está a disposición de quien lo solicite, en forma de archivo ASCII.

El disco flexible que contiene el ejecutable MTAX (que es el programa original traducido a lenguaje de máquina y que ocupa aproximadamente 25 Kb de memoria), incluye un módulo de tiempo de ejecución necesario para ejecutarlo; "BRUN20.EXE" (70 Kb, este módulo está formado por las rutinas o procedimientos más utilizados por el programa), y además, tres archivos demostrativos que contienen datos de los cetáceos de aguas del Pacífico noroccidental. Se elaboró un manual para el uso del programa, el cual se incluye en el apéndice II. Este programa requiere del uso del sistema operativo en disco (MS/DOS versión 2.1 o posterior); y mínimamente 128 Kb de memoria RAM (Memoria de acceso aleatorio), un lector de discos flexibles de 5 1/4, monitor monocromo y una impresora IBM o compatible.

El programa MICROTAX está integrado de la siguiente forma:

(Programa de acceso: Menù)

Acceso a los módulos

Impresión de archivos

(Módulo 1: Programa Principal)

Subrutina de Identificación

Subrutina de Glosario

Subrutina lector de Información

(Módulo 2: Captura)

Captura de datos para llave

Captura de datos para Información

Captura de datos para Glosario

Integrados en un solo programa que produce y accesa:

(Archivos de Información)

Información de la llave

Información Adicional

Información de Glosario

Cuyos diagramas de flujo se incluyen a continuación:

A) PROGRAMA DE ACCESO

El programa de acceso permite indicar al programa si el monitor con que se cuenta es de color o monocromo. A continuación muestra un menú que permite la transferencia hacia los dos diferentes módulos (identificación y manejo de archivos), hacia una subrutina de impresión de contenidos de archivo, o a la salida del programa.

La impresión de los archivos también se realiza por medio de menús que permiten al usuario escoger el tipo de archivo a imprimir, y el dispositivo de salida (pantalla o impresora), además de el número de registros que se imprimirán.

B) PROGRAMA PRINCIPAL

El programa principal hace uso de los tres tipos de archivos generados por los módulos de captura de información.

En primer lugar, pide un nombre general de archivo, le añade la extensión "LL" (Llave) y lo abre. Lee el primer registro y muestra la información por la pantalla. Pide una respuesta y si ésta es "S" ó "N", lee el registro correspondiente (ver fig. 2), o si se ha llegado a una especie, accesa automáticamente el archivo de información y muestra las características de la especie. Si la respuesta es "G", entonces el programa abrirá el archivo correspondiente al nombre general que se le indicó, pero con la extensión "GL" (Glosario). Pedirá una palabra problema y la buscará en el archivo antes mencionado ("GL"). Al encontrarla, mostrará su significado, en caso contrario pedirá otra palabra.

Si la palabra que se le da es "NO", el lector de glosario cerrará el archivo "GL" y regresará la ejecución al programa principal (fig.4), exactamente en la pregunta en que se quedó.

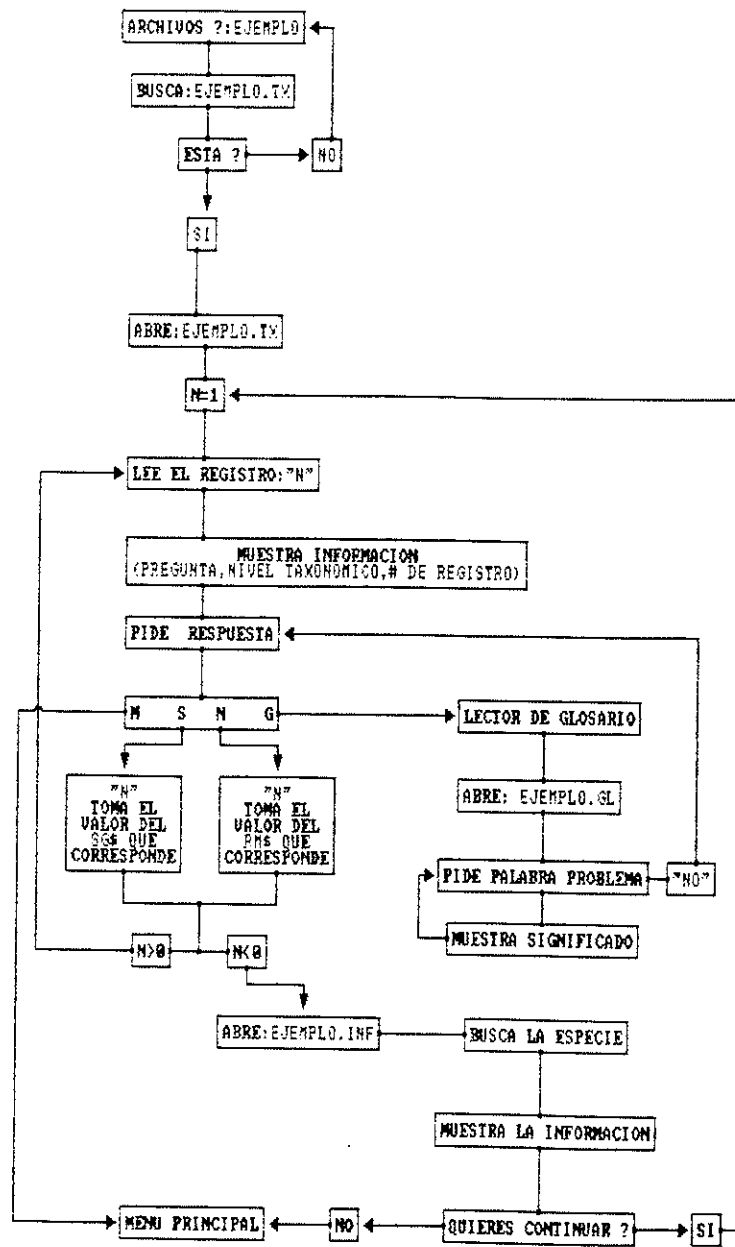


fig. 3

Diagrama de Flujo del Programa Principal

Esta subrutina distingue entre palabras en mayúsculas y minúsculas, por lo que hay que procurar respetar esta convención en todos los registros, ya que de lo contrario, el programa no encontrará la información de la palabra "EJEMPLO", si en el registro se introdujo la palabra "Ejemplo"

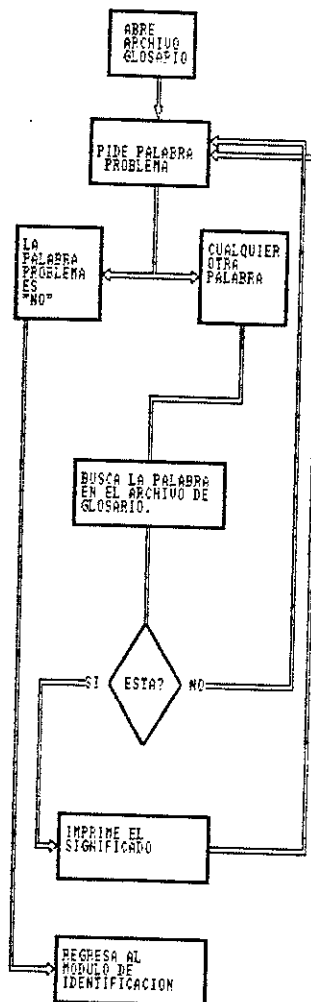


fig. 4

Diagrama de flujo del lector de Glosario"

C) MODULOS DE CAPTURA Y MANEJO DE INFORMACION

Estos módulos se accesan por medio de un menú, que permite escoger el tipo de archivo que se quiere crear o editar. Al seleccionar éste, el programa automáticamente le añade la extensión correspondiente (.LL, .GL o .INF) y especifica el formato de entrada y salida de la información. (cada tipo de archivo es diferente en su estructura y contenido).

Si el archivo no existe, se muestra en pantalla la opción: "SE DEBE CREAR? S/N" en caso de responder afirmativamente, se generará un nuevo archivo con el nombre que se ha dado, y con la extensión correspondiente. En caso contrario, se vuelve a solicitar un archivo a accesar.

A continuación, se pide el número de registros (tamaño) del archivo, y se muestra la pantalla de manejo de archivos. Para que el programa distinga entre registros vacíos y llenos, es necesario que se coloque una marca al principio de cada uno. Esto se realiza fácilmente al escoger la opción 1) de la pantalla de manejo de archivos, lo que nos lleva a la pregunta "SEGURO ? S/N", ya que la colocación de la marca también borra cualquier información en el registro correspondiente.

A continuación se pregunta por el primer y el último número de registro a borrar (o marcar de vacío). Si no se colocan estas marcas en los registros, el programa "creerá" que todos están llenos y cada vez que se quiera grabar información con la opción 2), preguntará "SOBREESCRIBIR ?", a lo que habrá que contestar "S" si se desea escribir sobre el contenido, o "N" si se quiere dejar como está.

La tercera opción de esta pantalla permite ver el contenido de los registros, uno a uno con el fin de detectar errores y proceder a modificaciones con la opción 2).

Si se desea un listado continuo del contenido de un archivo, habrá que regresar hasta el menú principal y escoger la opción 3).-"Listados".

Una vez que se han escrito los registros deseados, se regresa al menú de "Manejo de archivos" tecleando la opción 4).

Debido a la forma de leer y escribir los registros, la lectura de los mismos por el programa no siempre implica una lectura "física" del disco. Generalmente se cargan a memoria varios registros al mismo tiempo.

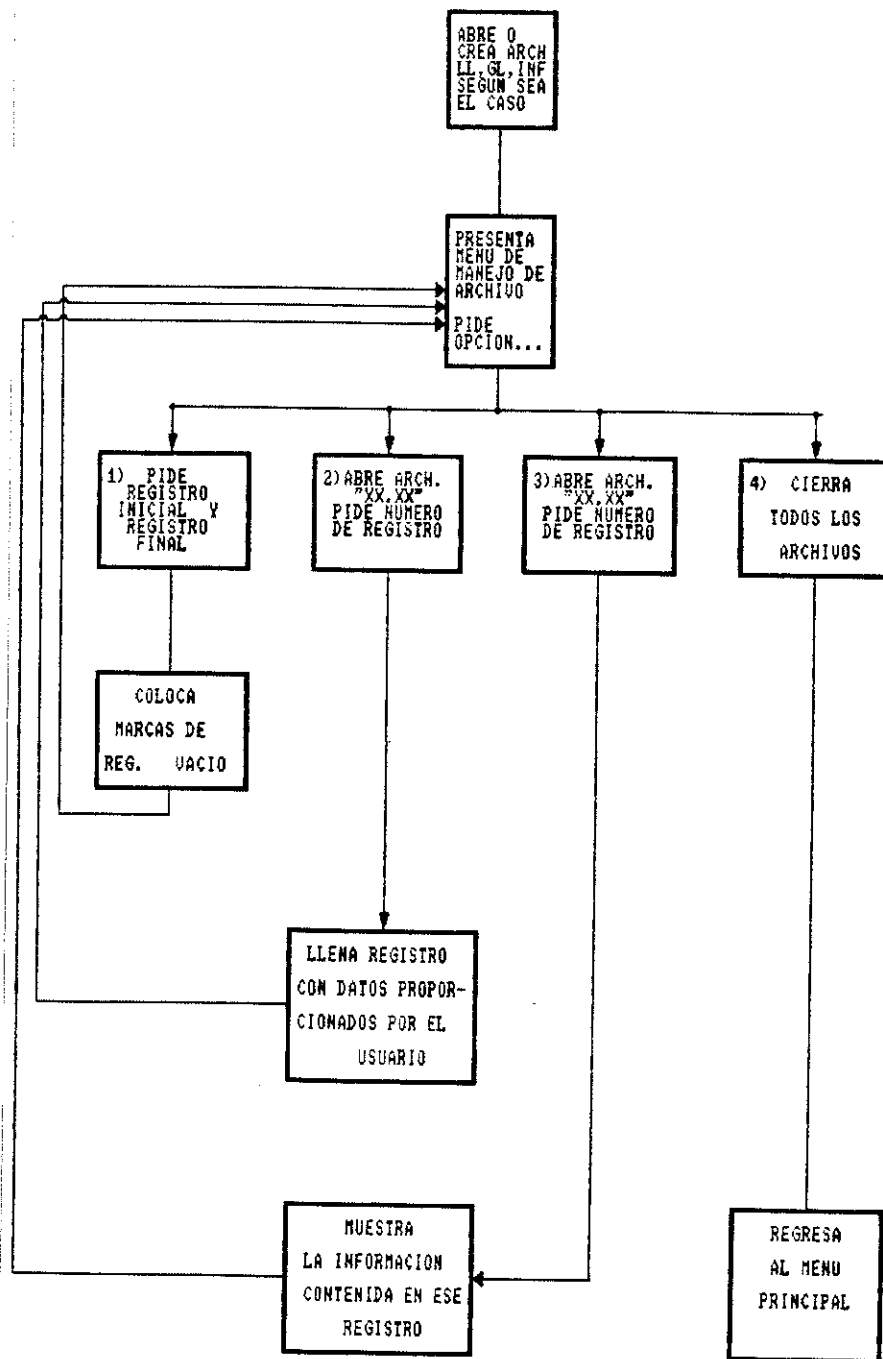


fig. 5

Diagrama de Flujo de los Módulos de Captura
y Manejo de Información

D) ARCHIVOS DE DATOS

Es importante notar la forma en que está guardada la información en los archivos .LL .GL e .INF, ya que la comprensión de esto permitirá la adaptación de MICROTAX a usos específicos. Los archivos o bases de datos, están formados por grupos de datos o información sobre determinado tema, denominados REGISTROS, cada REGISTRO contiene una o varias unidades de información llamadas CAMPOS, de longitud definida por la instrucción FIELD en el módulo de captura (ver fig.6).

Veamos un ejemplo con la estructura de un archivo ".LL:"
los CAMPOS en estos archivos se definen con la instrucción: 1 AS MRK\$,80 AS D\$,2 AS SG\$,2 AS RM\$,15 AS N\$,15 AS SUB\$

Lo que le indica al programa que cada REGISTRO en el archivo recién accesado (#1 en este caso) tendrá los siguientes campos:

1	Espacio al que se referirá como MRK\$(Campo#1)
80	Espacios a los que se referirá como D\$(Campo#2)
2	Espacios a los que se referirá como SG\$(Campo#3)
2	Espacios a los que se referirá como RM\$(Campo#4)
15	Espacios a los que se referirá como N\$(Campo#6)
15	Espacios a los que se referirá como SUB\$(Campo#7)

125	Espacios que forman un REGISTRO con 6 CAMPOS

De la misma manera, los archivos .GL y .INF se crean y accesan con definiciones FIELD especificas al formato en que se escribe y lee la información.

Cuando se desea modificar el programa para aplicaciones particulares, es necesario tomar en cuenta las instrucciones FIELD y modificarlas en los 2 módulos del sistema, para obtener un manejo adecuado de la información. También hay que considerar que si se cambia la longitud o el numero de CAMPOS en un REGISTRO, habrá que hacer lo mismo con las instrucciones INPUT correspondientes. Por ejemplo:

Si tenemos los registros de los archivos .GL definidos como: 1 AS MRK\$,20 AS PAL\$,80 AS SIG\$ que son llenados por las instrucciones:

```
INPUT"PALABRA";XPAL$:INPUT"SIGNIFICA";XSIG$
```

```
LSET PAL$+XPAL$:LSET SIG$+XSIG$
```

y los cambiamos a :1 AS MRK\$,20 AS PAL\$,50 AS SIG\$,50 AS SIN\$

tendremos que llenarlos con las instrucciones:

```
INPUT"PALABRA";XPAL$:INPUT"SIGNIFICA";XSIG$
```

```
INPUT"SINONIMO";XSIN$
```

```
LSET PAL$=XPAL$:LSET SIG$=XSIG$:LSET SIN$=XSIN$
```

y hacer lo propio con la subrutina lector de glosario, que es la que accesa archivos ".GL".

registro 1	campo numero 1	campo numero 2	campo numero 3
registro 2	campo numero 1	campo numero 2	campo numero 3
registro 3	campo numero 1	campo numero 2	campo numero 3
registro 4	campo numero 1	campo numero 2	campo numero 3
registro 5	campo numero 1	campo numero 2	campo numero 3
registro 6	campo numero 1	campo numero 2	campo numero 3
registro 7	campo numero 1	campo numero 2	campo numero 3
registro 8	campo numero 1	campo numero 2	campo numero 3

ARCHIVO DE DATOS

fig. 6

Estructura de un archivo de datos

DISCUSION:

Una vez creados los archivos de datos, correr el programa es muy sencillo, ya que sólo requiere dar el nombre de los archivos que se desean utilizar, y el resto del procedimiento consiste en responder afirmativa o negativamente a las preguntas que el mismo programa muestra en la pantalla. Comparado con la utilización manual de claves para identificación dicotómica, este proceso resulta mucho más sencillo y rápido, además de que se cuenta con un glosario accesible en todo momento, en la misma pantalla y sin que el uso de éste interrumpa el curso normal de una identificación. Todo ello contenido en un disco flexible, o alternativamente en el disco fijo, en cuyo caso la búsqueda es mas rápida.

Una vez compilado, el programa corre a una velocidad mayor, que es adecuada para la velocidad de comprensión de cada pregunta, y la toma de decisión en base a las características de la muestra. A pesar de ello, cuando se cuenta con grandes archivos de datos el programa tardará un poco más en encontrar los registros correspondientes, especialmente en el caso de los archivos de glosario, ya que realiza una búsqueda secuencial en todo el archivo, registro por registro. Aquí resulta necesario distinguir entre una búsqueda binaria, que se caracteriza por el procedimiento que consiste en

ramificar o transferir la ejecución a un renglón determinado, dependiendo del resultado de una operación, (positivo o negativo) y una búsqueda **secuencial**, en donde cada se examina un renglón tras otro, hasta encontrar la información requerida. Esta última forma de búsqueda es necesariamente más lenta, ya que implica la lectura de todos los renglones anteriores hasta que se llega a una respuesta. Otra limitante del programa es la cantidad de caracteres totales, que está limitada a 128 caracteres por registro y que se debe a la versión del intérprete BASIC utilizada, que además impone también un límite al tamaño de los programas que se pueden desarrollar en él, a un máximo de 64 Kb. (IBMpcjr BASIC Reference Manual, 1981). Tales limitantes se deben a que al usar BASIC, el programa que en realidad se corre en la computadora es el intérprete BASIC, para el cual el programa BASIC y sus datos se accesan con un solo segmento de datos de 64 KB. (Norton, 1986).

CONCLUSION

- * Se desarrolla un programa en BASIC para la identificación de organismos marinos.
- * El programa tiene las siguientes características:
 - a) Utiliza 3 archivos de información, uno para la llave taxonómica, otro para información adicional, y otro para el glosario.
 - b) Requiere de una computadora IBM compatible con mínimo 128 Kb de memoria RAM, un lector de discos de 5 1/4, monitor monocromo, sistema operativo DOS versión 2.1 o posterior, y una impresora IBM o compatible.
 - c) Es adaptable para usarse con cualquier tipo de sujetos que se identifiquen en base a una búsqueda binaria.
- * La utilización del programa es mas rápida que los métodos tradicionales de consulta a documentos impresos y glosarios o diccionarios técnicos.

RECOMENDACIONES

Los problemas de tamaño en los programas BASIC, se podrían solucionar adoptando otro lenguaje de programación como el DBASE (Ashton-Tate Corp.), un Sistema de Manejo de Bases de Datos (esto es, archivos que contienen datos organizados por registros y que se llaman "Bases de Datos" y que son muy parecidos a los archivos que utiliza MICROTAX), el cual utiliza un lenguaje estructurado de alto nivel, no presenta la limitante de 64 kb, y permite la elaboración de códigos más pequeños y eficientes. Entre otras características favorables para este tipo de aplicación, está la rapidez con que encuentra la información (menos de 2 segundos para encontrar cualquier registro empleando índices) y la facilidad de utilizar registros de hasta 254 caracteres totales, incluyendo decimales. Por lo que parece ser la herramienta más recomendable para el desarrollo de versiones posteriores de este programa.

(Ashton-Tate Corp., 1982)

Este tipo de lenguaje también haría posible la utilización de bases de datos gráficas, permitiendo presentar la imagen de la estructura u organismo en cuestión.

APENDICE I

DESCRIPCION DEL PROGRAMA INTERACTIVO PRECURSOR
Y DE LA ADAPTACION DE LLAVES DICOTOMICAS

Adaptación de llaves dicotómicas:

Al utilizar una llave dicotómica, fué necesario "adaptarla", o sea, cambiar la numeración de los renglones, que se encuentra como x y x', a una numeración adecuada para el manejo por parte del programa. Veamos cómo se hizo esto.

Los números originales de las preguntas, se sustituyeron por los números en **negritas** (ver página 8) y en base a esa nueva numeración se escribió el siguiente programa:

```
10 SCREEN 1:SCREEN 0,1,,0:WIDTH 80:KEY OFF:CLS
20 LOCATE 25,2:COLOR 14:PRINT"1=NO 2=SI [ENTER] PARA
REGRESAR"
30 LOCATE 1,1
40 COLOR 2
50 GOSUB 150:GOSUB 890:ON X GOTO 50,70,60
60 GOSUB 160:GOSUB 890:ON X GOTO 50,230,50
70 GOSUB 170:GOSUB 890:ON X GOTO 60,90,80
80 GOSUB 180:GOSUB 890:ON X GOTO 70,210,90
90 GOSUB 190:GOSUB 890:ON X GOTO 80,100,960
100 GOSUB 200:GOSUB 890:ON X GOTO 90,90,110
110 GOSUB 210:GOSUB 890:ON X GOTO 100,120,170
```

```

120 GOSUB 220:GOSUB 890:ON X GOTO 110,110,130
130 GOSUB 230:GOSUB 890:ON X GOTO 120,140,970
140 GOSUB 240:GOSUB 890:ON X GOTO 130,130,150
150 PRINT "TALO > 10 CM, PRINCIPALMENTE INTER Y SUBMAREAL-
":RETURN
160 PRINT "TALO < 8 CM., PRINCIPALMENTE MEDIO-ALTO
170 PRINT "POCAS RAMAS, IRREGULARMENTE ARREGLADAS":RETURN
180 PRINT "MUCHAS RAMAS, ESPACIADAS CASI REGULARMENTE":RE-
TURN
190 PRINT "EJES CILINDRICOS A COMPRIMIDOS,ULTIMAS RAMIFI-
CACIONES DE MAS DE .6 mm. DE ANCHO":RETURN
200 PRINT "EJES COMPRIMIDOS A PLANOS, ULTIMAS RAMIFICACIO-
NES DE MENOS DE .6 mm DE ANCHO":RETURN
210 PRINT "ULTIMAS RAMIFICACIONES MUCHO MENORES DE
1 mm."
220 PRINT "ULTIMAS RAMIFICACIONES MUCHO MAYORES DE
1 mm."
230 PRINT "EJES POSTRADOS COMPRIMIDOS,EJES ERECTOS
CILINDRICOS,TALO USUALMENTE MAYOR DE 2 cm."
240 PRINT "EJES POSTRADOS CILINDRICOS, EJES ERECTOS
COMPRIMIDOS,
TALO USUALMENTE MENOR DE 2 cm."
890 INPUT "RESPUESTA (1=SI,2=NO)",X:IF X>3 OR X<0 THEN
890
900 X=X+1:RETURN
950 COLOR 26:PRINT "Gelidium arborescens":GOTO 2000

```



```

960 COLOR 26:PRINT "Gelidium nudifrons":GOTO 2000
970 COLOR 26:PRINT "Gelidium purpurascens": GOTO 2000
980 COLOR 26:PRINT "Gelidium robustum": GOTO 2000
990 COLOR 26:PRINT "Gelidium coulteri": GOTO 2000
1000 COLOR 26:PRINT "Gelidium pusillum": GOTO 2000
2000 COLOR 10:LOCATE 25,50:PRINT "OPRIMA 1 PARA VOLVER
A EMPEZAR" 2010 INPUT " ",X:IF X=1 THEN 10 ELSE END

```

En este programa, la sentencia base es:

```
GOSUB (N):GOSUB Y:ON X GOTO (A),(B),(C)
```

Donde:

N= Número de línea que contiene la
instrucción: PRINT"(Pregunta)":RETURN

Y = Número (Constante) de la línea que
contiene la instrucción: INPUT;X, donde
se pide un numero X

A,B,C = Números de línea en que continúa la
ejecucion del programa, dependiendo
del valor de X. Estas líneas pueden
ser mas preguntas,o informacion de la
especie en cuestión, al llegar al final
de una serie de preguntas.

APENDICE II.

MANUAL DE OPERACION

MICROTAX-MANEJO DE INFORMACION TAXONOMICA

VERSION 1.0

FACULTAD DE CIENCIAS MARINAS U.A.B.C.

MANUAL DE OPERACION

MARZO, 1987

Contenido del Disco Flexible:

MTAX.EXE	(El programa compilado)
BRUN20.EXE	(El modulo de librerias)
CETA.LL	(Archivo de llave)
CETA.GL	(Archivo de glosario)
CETA.INF	(Archivo de informacion)

(Se requiere: Microcomputadora IBMpc o compatible, con un minimo de 128 Kb de memoria RAM, lector de diskettes de 5 1/4 pulg. y sistema operativo PC-DOS 2.10 en adelante)

Entrada al programa:

Tecleando el nombre del ejecutable:

MTAX y <ENTER>

La primera pregunta es con el fin de seleccionar el tipo de monitor, de color o monocromo.

A continuacion se presenta el menú principal :

- 1.-Identificacion
- 2.-Manejo de Archivos
- 3.-Listado de Archivos
- 4.-Fin

Para empezar a trabajar, se requiere la existencia de tres archivos: llave, glosario e informacion. Cada archivo se identifica por su extension :".LL" para llave, ".GL" para glosario, y ".INF" para informacion .Todos los archivos pertenecientes a una materia deben tener un NOMBRE GENERICO, esto quiere decir que deben llamarse igual. El programa les agrega automaticamente la extensión que requieran. En el disco se proveen tres archivos de muestra, con informacion perteneciente a los cetaceos de aguas del Pacifico noroccidental. Observese que todos se llaman CETA y que sólo difieren en su extension.

Se puede incluir informacion para otros tipos de sujetos, creando nuevos archivos de datos.

ADAPTACION DE LLAVES DICOTOMICAS

Tomemos como ejemplo la llave para el género Gelidium, un grupo de algas rojas; la secuencia original de preguntas es:

- 1 1 -Talo mayor de 10 cm.,principalmente inter y submareal.-----2
- 2 1'-Talo menor de 8 cm.,principalmente medio-alto mareal.-----5
- 3 2 -Pocas ramas, irregularmente arregladas.----3
- 4 2'-Muchas ramas, espaciadas casi regularmente.-4
- 5 3 -Ejes cilindricos a comprimidos, ultimas remificaciones de mas de 0.6 mm de ancho-----G.arborescens
- 6 3'-Ejes comprimidos a planos,ultimas ramificaciones de menos de 0.6 mm de ancho-----G.nudifrons
- 7 4 -Ultimas ramificaciones mucho menores de 1 mm. de ancho-----G.purpurascens
- 8 4'-Ultimas ramificaciones mucho mayores de 1 mm. de ancho -----G.robustum
- 9 5 -Ejes postrados comprimidos, ejes erectos cilindricos, talo usualmente mayor de 2 cm.-----G.coultieri
- 10 5'-Ejes postrados cilindricos, ejes erectos comprimidos, talo usualmente menor de 2 cm.-----G.pusillum

Primeramente, se renumeran todos los renglones (ver **numeros en negritas**) y en base al numero de cada renglon, se sustituyen los numeros originales de ramificacion, y se añaden los numeros de ramificacion por respuesta negativa. ejemplo:

ANTES

AHORA

El renglon 1 ramifica al 2
en caso de respuesta positiva
y al 1' en caso de respuesta
negativa.

renglon : 1
si: 2
no: 1'

El renglon 1 ramifica
al 3 en caso de
respuesta positiva y
al 2 en caso de
respuesta negativa.

renglon: 1
si: 3
no: 2

El renglon 3 llega a una especie
en caso de respuesta positiva
o al 3' en caso de respuesta
negativa

renglon: 1
si: fin-G.Arborescens
no: 3'

El renglon 5 ramifica
a 0 en caso de respuesta
positiva o al 6 en
caso de respuesta
negativa.

renglon: 5
si: 0
no: 6

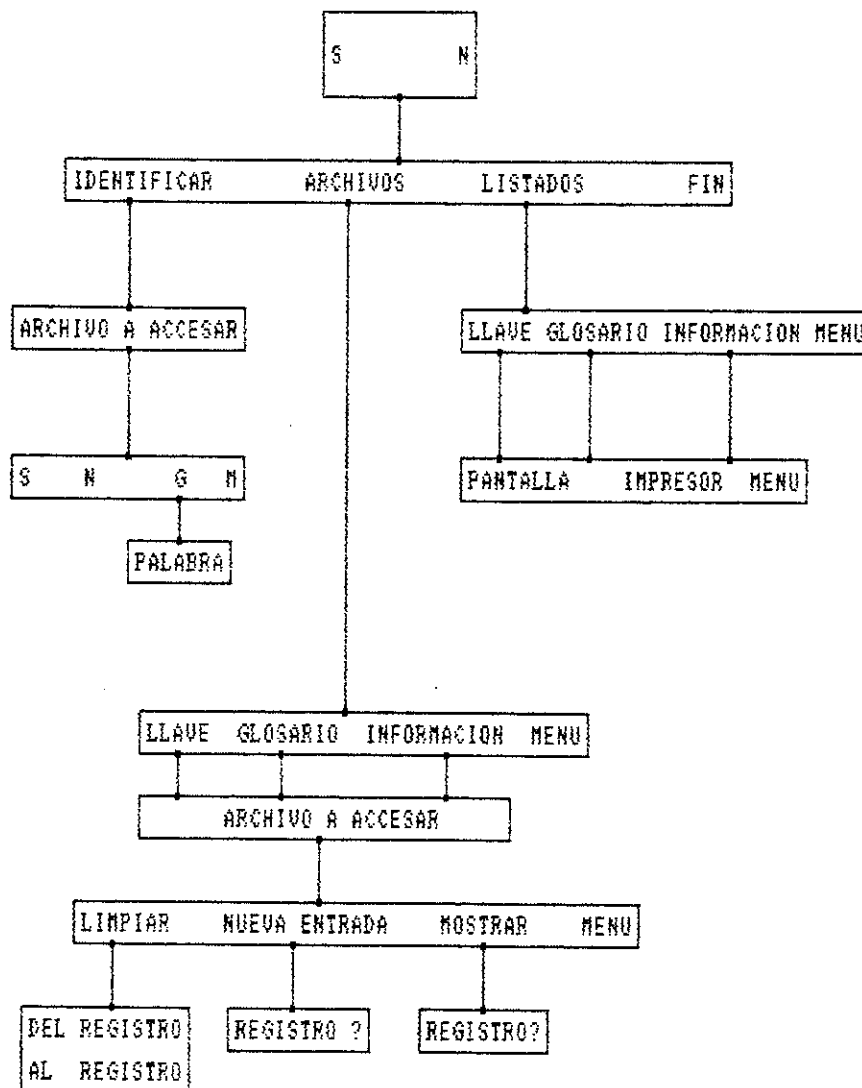


DIAGRAMA DE FLUJO DE LOS MENUS
DEL PROGRAMA MICROTAX

I D E N T I F I C A C I O N

El modulo de identificacion se accesa por medio de la opcion 1) del menu principal. De inmediato el programa pregunta por un archivo a accesar:

ARCHIVO A ACCESAR:>>

debiendose contestar con el nombre generico de los archivos. Por ejemplo: CETA para utilizar los archivos de demostracion. En caso de que el archivo no se encuentre en el disco, se genera un mensaje de error y se vuelve a requerir el nombre del archivo a accesar.

Nota: En todos los casos en que se requiera el nombre de un archivo, debe de proporcionarse el **nombre generico** del mismo, esto es, sin extension, ya que el programa le añade automaticamente la extension necesaria para "abrirlo" o "cerrarlo".

Una vez proporcionado el nombre del archivo, se muestra en pantalla la primera pregunta, el nivel taxonomico y el numero de registro de que se trata. Unicamente es necesario responder con "N" o "S" mayuscula o minuscula hasta llegar a la identificacion de una especie.

G L O S A R I O

En cualquier momento se puede pedir el glosario; oprimiendo la tecla de [cursor hacia abajo] y <ENTER>. Esto da como resultado que se muestre en pantalla la pregunta:

PALABRA:

A la que hay que responder con la palabra que se requiere, o con un "NO" para regresar a la identificación. Hay que considerar que el programa distingue entre palabras en mayúscula y en minúscula, por lo que si contiene la palabra "BALLENA" y se le pide que busque la palabra "Ballena", no la encontrará y mostrará el mensaje:

"Ballena" no existe en el glosario

intenta con otra palabra

debiéndose introducir la palabra en mayúscula para obtener la respuesta correcta.

ENTRADA DE INFORMACION

La información se introduce por medio de la opción 2) que nos lleva al menu de manejo de archivos:

- 1.-Archivos de Llave
- 2.-Archivos de Glosario
- 3.-Archivos de Informacion
- 4.-Menu Principal

Escogiendo de las opciones 1) a 3), podemos editar el contenido de un archivo, o crear uno nuevo. La siguiente pregunta del programa es:

ARCHIVO A CREAR O ACCESAR >>

A lo que se debera responder con el nombre del archivo, sin la extension. Si el archivo no existe, se presenta el mensaje:

EL NOMBRE "(nombre)" CORRESPONDE A UN ARCHIVO INEXISTENTE
SE DEBE CREAR? S/N :

Si la respuesta es "S", el programa abrirá un archivo nuevo, con la extension correspondiente a la opción escogida. Si la respuesta es "N", se volverá a requerir un nombre de archivo.

A continuacion, se pide el numero de registros que deberá tener el archivo, y se muestra la pantalla de edicion de archivos.

En esta pantalla, las opciones se muestran en el último renglón, además del nombre y tipo de archivo que se está trabajando, y el número de registros asignado.

Al crear un archivo nuevo, deben de marcarse todos los renglones que se usarán, con la opción 1) de este menú. Tal procedimiento coloca una marca de "renglón vacío" para que el programa lo reconozca como tal, y además borra toda la información que se encuentre en ese registro, por lo que también puede usarse para "limpiar" registros.

Cuando se escoge esta opción, el programa pregunta si se está seguro y procede a pedir el número del primer registro a borrar y el número del último registro. Si no se realiza esta operación, el programa considerará como "llenos" todos los registros que no tengan la marca, y preguntará: SOBREScribir ? cada vez que se quiera grabar información en ese registro.

Para introducir nueva información, o modificar el contenido de un registro, la opción 2) nos pregunta por el número de registro, y si lo encuentra ocupado pregunta: SOBREScribir? a lo que habrá que responder con una "S" si se desea borrar el contenido del registro. Cualquier otra respuesta tendrá como efecto cancelar la acción de escritura, y regresar al menú principal.

Cuando se quiere revisar el contenido de un registro sin alterarlo, se elige la opción 3), que nos pide un número de registro y muestra su contenido en la pantalla. Esta opción sólo permite la lectura de registros uno a uno. Para lecturas extendidas habrá que regresar al menú principal y escoger "Listados".

Por último, la salida al menú de manejo de archivos se realiza con la opción 4), que tiene como efecto cerrar el archivo de trabajo, y regresar al menú.

ENTRADA DE DATOS PARA ARCHIVOS DE LLAVE

Los datos de llave son introducidos contestando a las siguientes preguntas:

DESCRIPCION: -Aquí debiera ir la pregunta o descripción correspondiente al nivel en que se encuentre.

SI: -Responder con el numero de registro hacia el cual se debiera realizar la transferencia en caso de que la respuesta sea "S". Si se ha llegado al final de una ramificación y se desea que el programa muestre el nombre de la especie y busque sus características en el disco, responder con un "O" a esta pregunta.

NO: -Responder con el numero de registro hacia el cual se debiera ramificar en caso de que la respuesta sea "N"

NIVEL: -El programa pregunta por el nivel taxonomico a que corresponde este registro.

ESPECIE: -El programa pregunta por la especie,
 en caso de haber llegado al final
 de una ramificacion en la llave.

A continuacion, se devuelve la ejecucion al menú
y se queda en modo: ELIGE... desde donde se puede llenar
otro registro, o ver su contenido con las opciones
2) y 3) respectivamente.

ENTRADA DE DATOS PARA ARCHIVOS DE GLOSARIO

Los registros de estos archivos sólo tienen dos
campos: PALABRA y SIGNIFICADO. Para añadir nuevas palabras
o corregir las existentes, sólo se requiere escoger
la opcion 2) y proporcionar un número de registro. Las
preguntas serán:

PALABRA: -Se pide la palabra o frase de hasta
20 caracteres que contendrá este registro.
Esta palabra se guardará respetando
la forma en que se introduzca (MAYUSCULAS
o minusculas o Combinaciones) y de la
misma forma la buscará el programa lector,
del módulo 1.

SIGNIFICA: -Escribir el significado de la palabra,
se cuenta con 80 caracteres.

ENTRADA DE INFORMACION ADICIONAL

La informacion adicional se lee solamente cuando se ha llegado al final de una ramificacion, y su introduccion se hace en base a las siguientes preguntas:

ESPECIE: -Se deberá proporcionar el nombre de la especie, y este deberá ser escrito de manera identica a como se encuentra en el registro del archivo de llave, pues de otra manera el programa no lo encontrará y mostrará el mensaje "NO HAY INFORMACION SOBRE ESTA ESPECIE".

LONGITUD TOTAL: -Se pregunta por la longitud total (en metros).

DISTRIBUCION: -La distribucion en general de la especie.

NOMBRES COMUNES: -El nombre o nombres comunes de la especie.

ESPECIES PARECIDAS: -Las especies similares en la localidad.

GUIA RAPIDA PARA MTAX

IDENTIFICACION:

Contestar en el siguiente orden: 1)

Nombre de archivo

s/n/m/ (dependiendo

de la pregunta)

GLOSARIO:

Cuando se está corriendo el programa de identificación, oprimir la tecla "G" y <enter>. Responder con la palabra problema, respetando mayúsculas y minúsculas. Para salir del glosario, responder "NO".

MANEJO DE ARCHIVOS:

Escoger la opción 2) del menú principal. Escoger una de las opciones del menú de manejo de archivos.

Contestar con el nombre de archivo. Para evitar acceder o generar un archivo, responder "NO" a la pregunta.

SALIDA DE LOS MENUS

En todos, con la opción 4.

SALIDA DEL PROGRAMA DE IDENTIFICACION

Una vez corriendo el programa, se puede salir respondiendo "m" (menú) a la pregunta.

BIBLIOGRAFIA:

- Abbott, I. y D. Hollenberg. (1982). Marine Algae of California. Stanford Univ. Press. Stanford, Ca. 782pp.
- Allen, R.K. (1973) Common Intertidal Invertebrates of Southern California. Peek Publ. Palo Alto Ca. 94306 316 pp.
- Ayestaràn, A. (1987). Informatica y soberania. Informacion Cientifica y Tecnológica, México. (9)127:27-30
- D. Doumec, A. Foubert (1984). A micro-computerised method for actinian taxonomy: key to the global genera" Ann. Inst. Oceanogr., Paris (Nouv. Ser.) (60)1:43-86
- Crovello T.J. (1967). Problems in the use of electronic data processing in biological collections. Taxon 16:481-494
- Hall, E.R. (1981). The Mammals of North America Vol. 2 Second. ed. John Wiley and Sons Inc.
- I.B.M. Corporation (1983). The IBM PCjr Basic. Personal Computer Hardware Reference Library. I.B.M., Florida U.S.A.
- Isenhour, Th.L. y P.C. Jurs (1972). Introduction to Computer Programming for Chemists. Allyn and Bacon Inc. Boston U.S.A. 237-239
- Norton, P. (1986). Inside the IBM PC Revised and Enlarged. Brady Communications Co. Inc. Prentice Hall Press U.S.A.

- Ratliff, W. (1982). Dbase Assembly Language Relational Database Management System. User's Manual. Ashton-Tate Corporation, California U.S.A.
- Sneath, P.H. y R.R. Sokal (1973). Numerical Taxonomy. W.H. Freeman and Co. A series of books in biology. S.F.- U.S.A.
- Soper, J.H. (1964). Mapping the distribution of plants by machine. Can J. Bot., 42: 1087-1100
- Sota, E.R. de la (1973). La Taxonomía y La Revolución en Las Ciencias Biológicas. Prog. Gen. Des. Cient. y Tec. Dpto. Asuntos Científicos G.E.A. Washington D.C.
- Williamson, M. (1987). A Knowledgeable database need not be an expert. Computers in Science (1)1:52-57
- Z. Zo. (1980). Ecological identification of marine planktonic copepods. (Univ. Tx. Dallas) Diss. Abs. Int. Pt. B-Sci and Eng. (41)3