



Representación esquemática del funcionamiento del sistema de información Demiurge y su interacción con el programa T4 (izquierda). Después de un sencillo y rápido proceso de revisión científica, Demiurge publica un “compendio de diversidad genética” (derecha) compuesto por (a) la matriz geo-referenciada (en formato T4), y (b) cualquier documento o imagen que los autores consideren relevante. Tanto los autores de los compendios como los revisores reciben certificados electrónicos acreditativos.

Conservando la información genética necesaria para la conservación de la biodiversidad: el sistema de información *Demiurge* y el software T4

Juli Caujapé-Castells^{1*}, Izzat Sabbagh², Juan J. Castellano³, Rafael Ramos³, Francisco M. Quintana², Víctor Henríquez⁴, Dailos Medina⁵, Javier Toledo⁶, Fernando Ramírez⁷, Juan F. Rodríguez², Claudia Betancort⁸

¹Departamento de Biodiversidad Molecular y Banco de ADN, Jardín Botánico Canario “Viera y Clavijo” – Unidad Asociada CSIC (Cabildo de Gran Canaria); ²Instituto Tecnológico de Canarias (Gobierno de Canarias); ³Jablesoft; ⁴Inventiaplus; ⁵Mr Bicho; ⁶The Agile Monkeys; ⁷Imaginabit; ⁸Claudesign; * Autor para correspondencia: julicaujape@gmail.com

Datos sobre diversidad genética, información y conocimiento

Los datos genéticos poblacionales están adquiriendo cada vez más relevancia en la investigación de la diversidad de los organismos vivos y en la biología de la conservación. Además, los constantes avances científico-técnicos contribuyen a que cada vez pueda generarse información sobre mayor número de loci o de regiones de ADN a precios más competitivos. Esta situación

ha provocado un gran auge de las investigaciones sobre la diversidad genética de prácticamente cualquier organismo vivo, cuya publicación en revistas científicas es actualmente la manera más fiable de difundir novedoso conocimiento e importante información sobre la biodiversidad. No obstante, por varios motivos lógicos, ni las revistas científicas contienen todo el conocimiento que puede extraerse de la información en la que se basan los artículos sobre genética de poblaciones que publi-

can, ni estos artículos suministran la información de la que sus autores partieron para generar aquel conocimiento: las matrices de genotipos.

De la misma manera que ni tan siquiera el creativo Ferrán Adrià podría obtener un huevo frito usando como “materia prima” una tortilla a la francesa, tampoco se puede construir nuevo conocimiento sobre la biodiversidad a partir de datos ya “cocinados”, aunque estén publicados en las revistas del más excelso impacto científico. Sin duda, uno de los pocos problemas asociados a la generación de cantidades cada vez más ingentes de información genética sobre la biodiversidad es que el proceso está inextricablemente asociado a una pérdida de conocimiento, que es casi subrepticia, pero también constante e irreversible.

Dejando de lado cuestiones relativas a la “calidad” de los datos o la pericia de l@s investigador@s, es claro que si dispusiéramos de un soporte adecuado para conservar toda la información sobre diversidad genética que generamos, podríamos extraer más conocimiento de ella hoy mismo, o mediante desarrollos analíticos que sin duda surgirán en el futuro.

¿Cómo rescatar el conocimiento al que dejamos de acceder?

En genética de poblaciones, afrontar este reto implica diseñar nuevas herramientas bioinformáticas que, por una parte, pongan las matrices de genotipos en un formato estandarizado a disposición permanente de la creatividad humana. Por otra parte, deben superarse las actuales dificultades inherentes al análisis de estos datos mediante diferentes programas informáticos cuyos formatos de entrada son heterogéneos, complicados y (en la mayoría de casos) incompatibles entre ellos. El servidor web *Demiurge* y el software Transformer-4 (T4) son nuestra respuesta a la pregunta formulada.

Demiurge (<http://www.demiurge-project.org/>) es un sistema de información de datos y meta-datos asociados a matrices de genotipos derivadas de cualquier técnica molecular empleada en genética de poblaciones (excepto secuencias de ADN, por el momento) en cualquiera de los organismos que componen la biodiversidad de nuestro planeta. Todos los datos genéticos que albergará estarán en el formato T4, un software de nueva creación programado en Java (ver <http://www.demiurge-project.org/transformer4>), que permite analizar de forma estandarizada, rápida, versátil, libre y gratuita matrices de genotipos de cualquier tamaño y

configuración mediante más de 40 programas especializados. De esta forma, el investigador evita irritantes dificultades de análisis, y puede dedicarse en exclusiva (o casi) a su misión principal: la generación y discusión de datos e hipótesis.

Demiurge y T4 están siendo desarrolladas por actividades del proyecto *Demiurgo* (MAC/1/C20) cofinanciadas por los Proyectos de Cooperación Transnacional Madeira-Açores-Canarias, el Instituto Tecnológico de Canarias (ITC) y el Jardín Botánico Canario “Viera y Clavijo”-Unidad Asociada CSIC. Participan también las empresas canarias Jablesoft, Mr. Bicho, Inventiaplus, The Agile Monkeys, Imaginabit, Claudesign, y la Fundación Amurga. Aunque la mayoría de utilidades están ya siendo testadas, prevemos que la plena operatividad empiece a partir de finales de 2011.

Ámbito de aplicación

Demiurge está orientado tanto al almacenamiento de la información existente sobre la diversidad genética de la biodiversidad como a la generación y disseminación de nuevo conocimiento sobre ella mediante aproximaciones analíticas dirigidas por la creatividad humana. Por lo tanto, se relaciona más directamente con la investigación y el meta-análisis. No obstante, *Demiurge* es también útil como repositorio de datos para administraciones públicas, gestores, educadores y publicaciones científicas, especialmente si someten sus artículos a previa revisión por especialistas.

Aunque el ámbito de aplicación de *Demiurge* no se restringe al reino vegetal ni a un territorio determinado, puede hacer aportaciones para ampliar el conocimiento sobre la Flora Íbero-Macaronésica, contribuir a su conservación, aprovechar mejor la información que ya existe, o permitir detectar vacíos de conocimiento que interese llenar.

