

Genética de la Conservación

La biología de la Conservación es una ciencia multidisciplinar cuyos aspectos biológicos entran frecuentemente en conflicto con políticas e intereses socioeconómicos antagónicos. Por este y otros motivos, la preservación de los hábitats naturales es difícil de llevar a cabo, y se hace altamente recomendable (cuando no prioritario) conservar la variación genética de los organismos fuera de sus áreas naturales de distribución (conservación *ex situ*).

Los marcadores genéticos moleculares poblacionales (p. e., isoenzimas, microsatélites, RAPDs, AFLPs) ofrecen una herramienta de conocimiento potente que puede ser utilizada para maximizar la cantidad de variación genética capturada.

Una de nuestras líneas de acción prioritaria en este sentido implica la utilización de la información molecular obtenida en taxones endémicos Canarios para diseñar metodologías de conservación *ex situ*.

Otro aspecto importante de nuestro interés en la Genética de la Conservación se relaciona con el desarrollo de nuevas herramientas bioinformáticas que ayuden a abordar los problemas asociados a la estimación y al muestreo de la variabilidad genética. Pensamos que la consecución de una plataforma informática con una interfaz de usuario sencilla que elimine el error humano en la interpretación de los patrones moleculares es especialmente importante para acelerar los análisis estadísticos de este tipo de datos. Este aspecto se hace tanto más deseable por cuanto muchos organismos requieren acciones de conservación urgentes, al estar amenazados por el insostenible desarrollo humano.

En este contexto, estamos desarrollando el proyecto Transformer, que persigue la optimización de la generación, almacenamiento, interpretación, procesado estadístico y aplicación de los datos moleculares en genética de poblaciones, con especial énfasis en la biología de la Conservación.

Transformer-2

Transformer-2 (Caujapé-Castells y Baccarani-Rosas 2004) es un programa informático dentro del proyecto Transformer que automatiza análisis y transformaciones de datos genéticos que son onerosos, complejos y proclives a inducir errores. Por su versatilidad y características, *Transformer-2* permite la implementación efectiva de "urgencia" en el creciente número de aplicaciones prácticas de la información molecular en genética de poblaciones.

Transformer-2 es el resultado de un esfuerzo de colaboración entre el Jardín Botánico Canario "Viera y Clavijo" y el Departamento de Ingeniería del Software del Instituto Tecnológico de Canarias (ITC).

Transformer-2 está programado en visual basic en un archivo Microsoft Excel[®]. Por consiguiente, puede funcionar en cualquier ordenador que pueda albergar Microsoft Office[®].

El programa puede utilizarse con marcadores moleculares co-dominantes (aloenzimas o microsatélites) para (como mínimo) 60 enzimas o cebadores que contengan hasta 10 loci por enzima o cebador (cada locus con un máximo de 10 alelos) en 66,000 individuos diploides.

Descarga Transformer-2

[transformer II\Transformer-2.zip](#)
[transformer II\transf-draw.zip](#)
[transformer II\transf-gntp.zip](#)

Cita *Transformer-2* si lo usas

Nadie esta obligado a descargar *Transformer-2* en su ordenador. Por lo tanto, si usas este programa, cítalo de la siguiente manera:

Caujapé-Castells J, Bacarani-Rosas M (2004) *Transformer-2*: a program for the analysis of molecular population genetic data. Jardín Botánico Canario "Viera y Clavijo" and Instituto Tecnológico de Canarias, Las Palmas de Gran Canaria, Spain.

El apoyo que recibimos a través de cada una de las citas es muy importante para facilitar la obtención de los medios necesarios para mejorar el programa.

Cualquier sugerencia, crítica o comentarios sobre *Transformer-2* puede dirigirse a

julicaujape@grancanaria.com o a mbaccarani@wanadoo.es

Conservation Genetics

Conservation Biology is a multidisciplinary science whose biological aspects often conflict with antagonistic socioeconomic policies and interests. Because of this reason, habitat preservation is often impossible to warrant, so that it is highly advisable (if not sheer urgent) to conserve the genetic variation of organisms out of their natural areas of occurrence (ex-situ conservation).

Polymorphic population genetic markers (e. g., isozymes, microsatellites, RAPDs, AFLPs) offer an increasingly powerful tool that can be exploited to select sampling targets for the ex-situ conservation of a consistent representation of genetic variation.

One line of action of our research at this level entails the design of conservation methodologies based on genetic information. The first applications of this line of action are already being applied to several Canarian endemic taxa.

Another important aspect of our interest in Conservation Genetics is related to the development of new bioinformatic tools that help streamline the complex decision processes that end up with the sampling of genetic variation or the definition of protected areas. Achieving a user-friendly informatic platform that eliminates human error in the interpretation of population molecular markers is particularly important to speed up the statistical analysis of this kind of data, especially in those organisms that are critically threatened by the unsustainable levels of human development.

In this context, the Transformer project aims at streamlining the generation, storage, interpretation, processing and application of molecular population genetic data, especially as related to Biological Conservation.

Transformer-2

Transformer-2 (Caujapé-Castells and Bacarani-Rosas 2004) is one computer program within the Transformer project. It allows the user to concentrate in the accurate interpretation of molecular patterns and in the discussion of quantitative results through automating data transformations and analyses that are otherwise burdensome, complex and prone to error.

Through saving research time while increasing accuracy, *Transformer-2* permits the effective implementation of urgency in the growing number of practical applications of molecular population genetic information.

Transformer-2 is the result of a collaborative effort between the Jardín Botánico Canario "Viera y Clavijo" and the Departamento de Ingeniería del Software of the Instituto Tecnológico de Canarias (ITC).

Transformer-2 is programmed in visual basic using a Microsoft Excel[®] sheet, so it will run in any computer that can contain the Microsoft Office[®] package.

This program is suitable for codominant (allozyme or microsatellite) data for at least 60 enzyme/primers with up to 10 loci (each containing a maximum of 10 alleles) per enzyme/primer in 66,000 diploid individuals.

Download *Transformer-2*

[transformer II\Transformer-2.zip](#)

[transformer II\transf-draw.zip](#)

[transformer II\transf-gntp.zip](#)

Cite *Transformer-2* if you use it

No one is obliged to download *Transformer-2*. Therefore, if you use this program, please cite it. This is how:

Caujapé-Castells J, Bacarani-Rosas M (2004) *Transformer-2*: a program for the analysis of molecular population genetic data. Jardín Botánico Canario "Viera y Clavijo" and Instituto Tecnológico de Canarias, Las Palmas de Gran Canaria, Spain.

The support we receive through your citations is also very important in order to facilitate our seeking the necessary means to improve the program further.

Suggestions, criticisms and comments on *Transformer-2* are very much welcome. Address them to

julicaujape@grancanaria.com or to *mbaccarani@wanadoo.es*