

Experiencia del Laboratorio de Malacología del Museo Nacional de Historia Natural en la elaboración de su base de datos

Experience of the Malacology Laboratory of the National Museum of Natural History in developing its database

Sergio Letelier V. ^{*1,2}, Sergio Soto-Acuña^{2,3} y Andrea Rebolledo U.^{1,2}

¹Laboratorio de Malacología, Museo Nacional de Historia Natural-Interior, Quinta Normal s/n. Casilla 787 Santiago, Chile.

*Autor corresponsal, e-mail: sletelier@mnhn.cl

²Sociedad Malacológica de Chile, Interior Quinta Normal s/n. Casilla 787 Santiago, Chile.

³Laboratorio de Ontogenia y Filogenia, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. Las Palmeras 3425 Santiago, Chile.

Una base de datos define una colección de antecedentes más la estructura en la cual estos se almacenan y organizan, así como los medios para rescatar información útil de ésta (McLeod y Guralnick, 2000; Uhen *et al.*, 2013). En la labor científica y curatorial, las bases de datos permiten almacenar información que generalmente no está disponible en publicaciones científicas, además de ayudar a agilizar el trabajo taxonómico que realizan los investigadores y coleccionistas en torno a las colecciones biológicas.

El Laboratorio de Malacología del Museo Nacional de Historia Natural, Santiago, Chile (MNHNCL), es repositorio de una colección de moluscos constituida por un número aproximado de 60 mil lotes (entendiendo por lote, un conjunto constituido por uno o más individuos de una misma especie), los que corresponden principalmente a gasterópodos, bivalvos, cefalópodos, poliplacóforos, así como otros grupos de menor representación numérica. Teniendo esto en cuenta, a partir del año 2003 se implementó una planilla Excel sobre registros de moluscos presentes en la colección, de forma complementaria a los catálogos de registro (Letelier *et al.*, 2003). Alrededor de 13.000 ejemplares se encuentran actualmente ingresados en el catálogo de la colección. Desde octubre de 2009, a partir de un proyecto IABIN-OEA y con el patrocinio de la Sociedad Malacológica de Chile (SMACH), estos datos registrados se reorganizaron para su posterior ingreso a una base de datos. Mil de estos ejemplares fueron almacenados en una base de datos a través de BIOTICA. Este intento por obtener una futura estandarización entre la in-

formación derivada de esta base de datos y de colecciones formadas por otras instituciones chilenas se materializó a través de un acuerdo entre el MNHNCL y la Comisión Nacional del Medio Ambiente (ex- CONAMA, actualmente Ministerio del Medio Ambiente, MMA), instituciones que seleccionaron el software BIOTICA como el adecuado para avanzar en la creación de bases de datos nacionales modernas.

El objetivo de esta comunicación es dar a conocer al lector la experiencia obtenida durante el proceso de elaboración de la base de datos, según formato Darwin CORE y el proceso de ingreso de datos al programa BIOTICA.

Recopilación y registro de bibliografía

Se realizó la actualización de la información bibliográfica de moluscos disponible con énfasis en la literatura basada en los especímenes depositados en la colección malacológica del MNHNCL. Se localizó literatura científica especializada que permitiera ingresar los datos bibliográficos a BIOTICA conforme a los parámetros exigidos por el software. Previo al registro de los datos bibliográficos en la base de datos se construyó una tabla en formato .xls denominada "Bibliografía", la que está desglosada en campos descriptivos sobre la literatura utilizada y campos del taxón de las especies para relacionarlas a las referencias bibliográficas. Se vinculó además la URL de las publicaciones disponibles en Internet.

Digitalización de la información en catálogo de colecciones

Se confeccionó una tabla de datos en formato .xls que incluía toda la información asociada a los ejemplares proveniente de distintos catálogos de colección. Se actualizaron los datos de lotes con información incompleta, dando énfasis en el ingreso de datos georreferenciados. Esta planilla fue formateada siguiendo el sistema Darwin Core (DwC), formato desarrollado y promovido por *Taxonomic Databases Working Group* (TDWG) utilizado por la red *Global Biodiversity Information Facility* (GBIF) que constituye el sistema de información estándar para compartir datos sobre biodiversidad (Wieczorek *et al.*, 2012).

Actualización de coordenadas geográficas

Una de las deficiencias encontradas en algunos datos de la colección fue la falta de georreferenciación. Esto debido, mayoritariamente, a la antigüedad de la colecta de dichas piezas. En estos casos se realizó una búsqueda exhaustiva de coordenadas geográficas para aquellos ejemplares con mínima información geográfica (sitio, localidades y regiones asociadas). La mayoría de los lotes actualizados se dividieron en los dos grupos siguientes:

1. Lotes de Cefalópodos de IFOP (Instituto de Fomento Pesquero): corresponden en su mayoría a bulbos bucales y mandíbulas de cefalópodos digeridos, obtenidos del contenido estomacal de vertebrados depredadores (peces y tiburones), siendo las mandíbulas de importancia taxonómica (Clarke, 1986; Iverson y Pinkas, 1971; Wolf, 1984). Las coordenadas geográficas que se asociaron a estos lotes corresponden a las de los lances realizados para captura de estos depredadores en aguas del Océano Pacífico, frente a las costas chilenas. Estos son datos pesqueros que difieren de los terrestres o acuícolas continentales, por la forma de obtener estos recursos y naturalmente por ser especies migratorias.

2. Moluscos sin coordenadas geográficas: Estos ejemplares fueron actualizados mediante el uso de software con información geográfica mundial (Google Earth Pro). El formato y tipo de coordenadas asignadas dependió del tipo de información geográfica previamente conocido para el ejemplar. El software BIOTICA 5.0 organiza la información geográfica en tres listas principales de “*data relacionales*”: Sitio, que corresponde a la coordenada de colecta, Localidad, que corresponde al nombre del punto de colecta y Regiones, que corresponde

al área geográfica (política o física) donde se realizó la colecta. Los lotes con localidad o región conocida fueron asociados a una coordenada siguiendo el siguiente esquema: Localidades, las coordenadas se asignaron en formato de punto-radio en kilómetros, y depende básicamente de la extensión de la localidad y el tipo de ambiente o hábitat usado por el molusco. Para Regiones se asignaron coordenadas extremas, que corresponden a las latitudes y longitudes máximas y mínimas que encierran en forma cuadrangular la región geográfica. Se utilizaron desde un nivel mínimo de comuna hasta un nivel continental (para el caso de ejemplares con escasa información geográfica asociada).

Ingreso a BIOTICA

La incorporación de la información a la base de datos se realizó con BIOTICA 5.0, software proporcionado por CONABIO de México (Corporación Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad), que cumple con campos descriptivos compatibles con las unidades básicas de información (UBIS), diseñadas por el Instituto Nacional de Biodiversidad de Costa Rica (INBio).

Ingreso de información taxonómica, sistemática y filogenética: Para el ingreso de la información sistemática se construyó un dendrograma que representa las relaciones de parentesco dentro del Phylum Mollusca. Se consideraron los esquemas filogenéticos más recientes para los grandes clados de moluscos (Kocot *et al.*, 2011; Smith *et al.*, 2011). El software permite el ingreso de *taxa* desde grupos más inclusivos a más pequeños. De este modo se digitalizó la información desde el nivel taxonómico de Clase hasta el nivel de especie, siguiendo el Código Internacional de Nomenclatura Zoológica (ICZN, 1999).

Gastropoda: Se siguió principalmente la sistemática y nomenclatura propuesta por Bouchet y Rocroi (2005). Debido a que BIOTICA 5.0 exige el ingreso obligatorio de niveles taxonómicos linneanos se ingresaron algunos de los clados no categorizados taxonómicamente (“*unranked*”) de Bouchet y Rocroi (2005) utilizando la sistemática de Ponder y Lindberg (1997). Para algunos grupos se utilizó literatura más específica, en particular para conoideos (Bouchet *et al.*, 2011; Puillandré *et al.*, 2011) y muricoideos (Barco *et al.*, 2010).

Bivalvia: se utilizó la sistemática y nomenclatura propuesta por Bouchet *et al.* (2010). Para algunos subgrupos se utilizó bibliografía más específica y actualizada (Chen *et al.*, 2011; Giribet y Wheeler,

2002; Giribet *et al.*, 2006; Harper *et al.*, 2006; Kappner *et al.*, 2006).

Cephalopoda: Se siguió la sistemática de Jereb y Roper (2005, 2010) complementándose con trabajos cladísticos en cefalópodos y subclados de esta clase (Allcock *et al.*, 2011; Lindgren, 2004, 2010; Strugnell *et al.*, 2005; Strugnell y Nishiguchi, 2007).

Polyplacophora: Se siguió la sistemática propuesta por Sirenko (2006) y la hipótesis filogenética de Okusu *et al.* (2003).

Aplacophora (Incluyendo Chaetodermomorpha y Neomeniomorpha): se siguió el trabajo de Scheltema y Schander (2000) complementado con Sigwart y Sutton (2007).

Monoplacophora: Según la sistemática de Schwabe (2008).

Como resultado del proceso hasta el año 2011, se integró, actualizó y estandarizó la información proveniente de 13.480 lotes, los que comprenden ejemplares tanto chilenos como exóticos, ingresados a una planilla .xls, con formato DwC.

Los lotes ingresados en la planilla incluyen cinco Clases, 342 Familias y 1287 géneros, junto con 1.028 lotes taxonómicamente indeterminados (Tablas 1 y 2). De éstos se almacenó la información de 1.000 ejemplares en la base de datos a través de BIOTICA.

La planilla de datos en formato DwC así como la base de datos con los ingresos mencionados se encuentran actualmente en IABIN-OEA y MMA de Chile.

Tabla 1. Número de Familias y Géneros por Clase, representados por ejemplares de la colección del Laboratorio de Malacología (MNHCL) siguiendo el formato Darwin Core (DwC).

Table 1. Number of Families and Genera of Class represented by specimens from the collection of the Laboratory of Malacology (MNHCL) following Darwin Core format (DWC).

Clase	Familias	Géneros
Bivalvia	65	68
Cephalopoda	27	63
Gastropoda	241	1.129
Monoplacophora	1	1
Poliplacophora	8	26
No determinados	0	0

Tabla 2. Porcentajes de registros por Clase.

Table 2. Date record percentages by Class.

Clase	% del total de registros por Clase
Bivalvia	13
Cephalopoda	15
Gastropoda	64
Monoplacophora	0
Poliplacophora	0
Indeterminados	8
Total	100

Comentarios

El uso del formato Darwin Core en la confección de bases de datos de colecciones en diferentes disciplinas científicas como paleontología, zoología, botánica se ha extendido paulatinamente en los últimos años, pues ofrece un formato estandarizado y fácil de manejar a través de planillas .xls. Basándonos en este formato se digitalizó la información de moluscos de la colección del museo a través de BIOTICA 5.0. Estas herramientas, junto a una capacitación entregada por la ex- CONAMA, permitió detectar algunos inconvenientes, particularmente durante el ingreso de información a través de BIOTICA 5.0:

Captura y Modificación de taxones: sólo se permite el ingreso de categorías basadas en la taxonomía Linneana (Linnaeus, 1758), pero no se permite el ingreso de clados sin categorías taxonómicas (“*unranked*”). Esto es problemático desde un punto de vista filogenético, ya que existen muchos grupos para los cuales no existe un nivel taxonómico asignado y además no existen grupos de jerarquía intermedia entre Orden y Familia (*e.g.* Gastropoda: Cocculinoidea, Bouchet y Rocroi, 2005).

Ingreso de ejemplares en niveles taxonómicos altos: BIOTICA 5.0 no permite el ingreso de ejemplares determinados por sobre el nivel taxonómico de orden. En muchas colecciones científicas el material disponible de un ejemplar no permite su identificación taxonómica a niveles más precisos, ya sea por la mala calidad del espécimen o la falta de estructuras diagnósticas, entre otros factores.

El actual retraso que se observa en la catalogación de la colección de moluscos del MNHCL se debe a múltiples causas, que históricamente llevó a una ausencia casi completa del

manejo ordenado de la colección. A comienzos de los años 90 no existían datos organizados que respondieran a un concepto moderno de registro curatorial, así como datos sobre depósito y conservación del material, careciendo por lo tanto, de una documentación o actualización científica adecuada de los lotes, para su ingreso o migración a base de datos. Lamentablemente el manejo de datos organizados de especímenes de invertebrados en Chile ha sido un proceso con falta de apoyo de los organismos vinculados a la biodiversidad, además de estar ausente en las políticas de las instituciones especializadas en temas de biodiversidad, como los museos de historia natural.

La falta de cursos o actividades de capacitación en la malla curricular de la formación de los estudiantes de carreras técnico-profesionales relacionados con manejo de colecciones científicas, sobre el ingreso y registro de datos sobre colecciones así como el valor científico de estos, ha retrasado el desarrollo de bases de datos en Chile. En el caso del MNHNCL, en la década del 2000-2010, se incorporó el programa BIOTICA, como parte de un esfuerzo institucional por organizar sus datos en forma moderna. En este sentido, este proyecto IABIN-OEA cierra este ciclo iniciado por el MNHNCL. Sin embargo, la falta de experiencia y de recursos humanos calificados en este tema, ha conspirado para alcanzar mejores resultados. Por ello, SMACH y el Laboratorio de Malacología del MNHNCL valoran en grado sumo el aporte modesto, pero significativo del proyecto semilla IABIN-OEA, ex-CONAMA en colaborar en la solución de este déficit programático del manejo de datos.

Por otra parte, un aspecto problemático en las colecciones de biodiversidad del país, en particular de moluscos, se refiere al debido resguardo en inmuebles e instituciones que satisfagan los requerimientos necesarios de un repositorio adecuado para este fin. La pérdida de colecciones, ya ingresadas en bases de datos, representan un alto valor en recursos financieros y es imposible de calcular en términos biológicos.

Finalmente, se recalca la importancia de consolidar un equipo de trabajo en este tema malacológico. El aporte de la Sociedad Malacológica de Chile fue significativo para alcanzar los actuales logros. La experiencia adquirida permitirá seguir avanzando en el ingreso de datos, lo que necesariamente requerirá de un nuevo enfoque del trabajo a futuro, en el Laboratorio de Malacología del MNHNCL, situación que pasa por la conformación de equipos multidisciplinarios, incluido un digitali-

zador especializado, tanto en malacología como en otros grupos de taxonómicos, así como un presupuesto adecuado para cumplir este objetivo.

Agradecimientos

Los autores agradecen al Sr. Reinaldo Avilés, Profesional del Dpto de Recursos Naturales Renovables, División de Recursos Naturales Renovables y Biodiversidad, Ministerio de Medio Ambiente, por el apoyo prestado al desarrollo de este proyecto y sus valiosas sugerencias para llevarlo a cabo en aspectos técnicos y teóricos. Nuestros sinceros agradecimientos al Sr. Pedro Báez, Curador Jefe del Área de Zoología de Invertebrados del MNHNCL por sus oportunas opiniones y correcciones sobre el manuscrito.

Referencias bibliográficas

- Allcock, A.L., I.R. Cooke y J. Strugnell. 2011. What can the mitochondrial genome reveal about higher-level phylogeny of the molluscan class Cephalopoda?. *Zoological Journal of the Linnean Society* 161: 573-586.
- Barco, A., M. Claremont, D.G. Reid, R. Houart, P. Bouchet, S.T. Williams, C. Cruaud, A. Couloux y M. Oliverio. 2010. A molecular phylogenetic framework for the Muricidae, a diverse family of carnivorous gastropods. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 56 (3): 1025-1039.
- Bouchet, P. y J.P. Rocroi. 2005. Classification and Nomenclator of Gastropod Families. *Malacologia: International Journal of Malacology* 47(1-2): 397 pp.
- Bouchet, P., J.P. Rocroi, R. Bieler, J.G. Carter y E.V. Coan. 2010. Nomenclator of Bivalve Families with a Classification of Bivalve Families. *Malacologia* 52(2): 1-184.
- Bouchet, P., Yu.I. Kantor, A. Sysoev y N. Puillandre. 2011. A new operational classification of the Conoidea. *Journal of Molluscan Studies* 77: 273-308.
- Chen J, Q. Li, L. Kong y X. Zheng. 2011. Molecular phylogeny of venus clams (Mollusca, Bivalvia, Veneridae) with emphasis on the systematic position of taxa along the coast of Mainland, China. *Zoologica Scripta* 40: 260-271.

- Clarke, M. R. 1986. A handbook for the identification of cephalopod beaks. Clarendon Press, Oxford. 273 pp.
- Giribet, G. y W. Wheeler. 2002. On bivalve phylogeny: a high-level analysis of the Bivalvia (Mollusca) based on combined morphology and DNA sequence data. *Invertebrate Biology* 121(4): 271-324.
- Giribet, G., A. Okusu, R. Lindgren, S.W. Huff, M. Schrödl y M.K. Nishiguchi. 2006. Evidence for a clade composed of molluscs with serially repeated structures: monoplacophorans are related to chitons. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 103: 7723-7728.
- Harper, E., H. Dreyer y G. Steiner. 2006. Reconstructing the Anomalodesmata (Mollusca:Bivalvia): morphology and molecules. *Zoological Journal of the Linnean Society* 148 (3): 395-420.
- International Commission on Zoological Nomenclature. 1999. International Code of Zoological Nomenclature. The International Trust for Zoological Nomenclature. La Garangola, Padova, Italy. 306 pp.
- Iverson, I.L. y L. Pinkas. 1971. A pictorial guide to beaks of certain Eastern Pacific Cephalopods. *Food Habits. Fish Bulletin* 152: 83-10.
- Jereb, P y C.F.E. Roper. 2005. Cephalopods of the world. An annotated and Illustrated catalogue of species known to date. Volume 1. Chambered nautilus and sepioids (Nautilidae, Sepiidae, Sepiolidae, Sepiadariidae, Idiosepiidae and Spirulidae). *FAO Species Catalogue for Fishery Purposes No. 4, Vol. 1.* FAO, Rome. 262 pp.
- Jereb, P y C.F.E. Roper. 2010. Cephalopods of the world. An annotated and Illustrated catalogue of species known to date. Vol. 2, Myopsid and Oegopsid Squids. *FAO Species Catalogue for Fishery Purposes. No. 4, Vol. 2.* FAO, Rome. 605 pp.
- Kappner, I. y R. Bieler. 2006. Phylogeny of Venus clams (Bivalvia: Venerinae) as inferred from nuclear and mitochondrial gene sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 40(2):317-331.
- Kocot, K.M., J.T. Cannon, C. Todt, M.R. Citarella, A.B. Kohn, A. Meyer, S.R. Santos, C. Schander, L.L. Moroz, B. Lieb y K.M. Halanych. 2011. Phylogenomics reveals deep molluscan relationships. *Nature* 477(7365): 452-456.
- Letelier, S., M.A. Vega, A.M. Ramos y E. Carreño. 2003. Base de datos del Museo Nacional de Historia Natural: Moluscos de Chile. *Revista de Biología Tropical* 51 (Suppl. 3): 33-147.
- MacLeod, N. y R. Guralnick. 2000. Paleoinformatics. En. Lane R.H, F. F. Steininger, R. L. Kaesler, W. Ziegler, y J.H. Lipps (eds.). *Fossils and the Future: Paleontology in the 21st Century.* E. Schweizerbart, Frankfurt. pp. 31-36
- Lindgren, A.R., G. Giribet, M.K. Nishiguchi. 2004. A combined approach to the phylogeny of Cephalopoda (Mollusca). *Cladistics* 20: 454-486.
- Lindgren, A.R. 2010. Molecular inference of phylogenetic relationships among Decapodiformes (Mollusca: Cephalopoda) with special focus on the squid Order Oegopsida. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 56: 77-90.
- Linnaeus, C. 1758. *Systema Naturae*, Ed. X. (Systema naturae per regna tria naturae, secundum classes, ordines, genera, species, cum characteribus, differentiis, synonymis, locis. Tomus I. Editio decima, reformata.) Holmiae. Source: *Systema Naturae*. Ed. 10, Vol.1. pp. 1-824.
- Okusu, A., E. Schwabe, D.J. Eernisse y G. Giribet. 2003. Towards a phylogeny of chitons (Mollusca, Polyplacophora) based on combined analysis of five molecular loci. *Organisms Diversity and Evolution* 3(4): 281-302.
- Ponder, W. y D.R., Lindberg. 1997. Towards a phylogeny of gastropod molluscs; an analysis using morphological characters. *Zoological Journal of the Linnean Society* 119: 83-265.
- Puillandre, N., Yu.I. Kantor, A. Couloux, C. Meyer, T. Rawlings, J.A. Todd y P. Bouchet. 2011. The dragon tamed? A molecular phylogeny of the Conoidea (Gastropoda). *Journal of Molluscan Studies* 77(3): 259-272.
- Scheltema, A.H. y C. Schander. 2000. Discrimination and phylogeny of Solenogaster species through the morphology of hard parts (Mollusca, Aplacophora, Neomeniomorpha). *Biological Bulletin* 198: 121-151.
- Schwabe, E. 2008. A summary of reports of abyssal and hadal Monoplacophora and Polyplacophora (Mollusca). *Zootaxa* 1866: 205-222.

- Sigwart, J.D. y M.D. Sutton. 2007. Deep molluscan phylogeny: synthesis of palaeontological and neontological data. *Proceedings of the Royal Society Series B* 274(1624): 2413-2419.
- Sirenko, B. I. 2006. New outlook on the system of chitons (Mollusca: Polyplacophora). *Venus* 65(1-2): 27-49.
- Smith, S.A., N.G. Wilson, F.E. Goetz, C. Feehery, S.N.C.S. Andrade, G.W. Rouse, G. Giribet y C.W. Dunn. 2011. Resolving the evolutionary relationships of molluscs with phylogenomic tools. *Nature* 480(7377): 364-367.
- Strugnell, J., M. Norman, J. Jackson, A.J. Drummond y A. Cooper. 2005. Molecular Phylogeny of coleoid cephalopods (Mollusca: Cephalopoda) using a multigene approach; the effect of data partitioning on resolving phylogenies in a Bayesian framework. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 37: 426-441.
- Strugnell, J. y M.K. Nishiguchi. 2007. Molecular phylogeny of coleoid cephalopods (Mollusca: Cephalopoda) inferred from three mitochondrial and six nuclear loci: a comparison of alignment, implied alignment and analysis methods. *Journal of Molluscan Studies* 73: 399-410.
- Uhen, M.D., A.D. Barnosky, B. Bills, J. Blois, M.T. Carrano, M.A. Carrasco, G.M. Erickson, J.T. Eronen, M. Fortelius, R.W. Graham, E.C. Grimm, M.A. O'Leary, A. Mast, W.H. Piel, P.D. Polly y L.K. Säilä. 2013. From card catalogs to computers: databases in vertebrate paleontology. *Journal of Vertebrate Paleontology* 33(1): 13-28.
- Wieczorek, J., D. Bloom, R. Guralnick, S. Blum, M. Döring, R. Giovanni, T. Robertson y D. Vieglais. 2012. Darwin Core: An Evolving Community-Developed Biodiversity Data Standard. *PLoS ONE* 7(1): e29715. doi:10.1371/journal.pone.0029715.
- Wolff, G.A. 1984. Identification and estimation of size from the Beaks of 18 species of Cephalopods from the Pacific Ocean. NOAA/National Marine Fisheries Service. NOAA Technical Report NMFS 17. 50 pp.

Recibido: 9 de enero de 2013.

Aceptado: 18 de marzo de 2013.