

P16

Informe automático y análisis de reproducibilidad de experimentos proteómicos cualitativos mediante la herramienta “MIAPE extractor”

Salvador Martínez-Bartolomé^{1,4}, J. Alberto Medina Auñón^{1,4}, Miguel Ángel García López^{2,4}, Alex Campos^{2,4}, Francesc Canals^{3,4}, Juan Pablo Albar Ramírez^{1,4}

¹Laboratorio de Proteómica, Centro Nacional de Biotecnología – CSIC, Madrid ²Plataforma de Proteómica, Parque Científico de Barcelona, Barcelona, ³Laboratorio de Proteómica, Hospital Universitario Vall d’Hebron, Barcelona ⁴Instituto Nacional de Proteómica – ProteoRed ISCIII

smartinez@proteored.org

Cada vez son más las herramientas bioinformáticas que utilizan o generan los estándares de representación de datos proteómicos definidos por la iniciativa de estandarización en proteómica de la Organización del Proteoma Humano (HUPO-PSI). El estándar para representar datos proteómicos crudos, esto es, mzML, parece que ha resuelto el problema de la imposibilidad de leer y comparar los ficheros propietarios de cada casa comercial; y el estándar mzIdentML es cada vez más usado para representar las identificaciones de péptidos en proteínas mediante motores de búsqueda en bases de datos.

La herramienta que llamamos “MIAPE extractor”, permite extraer de dichos estándares la información definida como mínima para explicar un experimento proteómico, es decir, la información definida en las directrices MIAPE, del inglés (Minimum Information About a Proteomics Experiment). Una vez extraída dicha información, se almacena remotamente en el repositorio de MIAPEs de ProteoRed, donde puede ser editada y/o consultada por medio de la herramienta web “MIAPE generator tool”.

Adicionalmente, la herramienta presenta una nueva funcionalidad (actualmente en fase piloto), con la que se permite realizar un análisis de reproducibilidad entre diferentes réplicas de un mismo experimento y entre varios experimentos, comparando gráficamente aspectos cualitativos de las identificaciones de péptidos y proteínas.

En este trabajo, se muestran los datos provenientes de un re-análisis centralizado de los datos crudos generados en el experimento multicentro 6 de ProteoRed (PME-6). En dicho experimento, en el que participaron 20 laboratorios, se analizó una misma muestra utilizando diversos tipos de espectrómetros de masas, generando 3 réplicas por cada laboratorio. Por medio de la herramienta, y utilizando los estándares de datos y los documentos MIAPE extraídos de ellos, se realizó una comparativa, la cual demuestra la utilidad de nuestra herramienta en este tipo de trabajos.