

## 4. BIOINFORMÁTICA

### Herramienta online de generación y almacenamiento de documentos MIAPE

*Martinez-Bartolome, S., Medina, J.A., Carazo J.M. y Albar J.P.*

La PSI (Proteomics Standards Initiative), se creó como grupo de trabajo de la HUPO (HUMAN Proteome Organization) en el 2002 con el principal objetivo de definir estándares de representación de datos en Proteómica para facilitar su comparación, intercambio y/o verificación. PSI trabaja en el desarrollo de estándares en Proteómica principalmente en tres áreas: la representación de datos (formatos de almacenamientos de datos proteómicos estándares), el desarrollo de vocabularios controlados u ontologías, y la definición de una serie de directrices con respecto a la mínima información necesaria para describir, y en su caso reproducir en lo posible, un experimento proteómico. Estas directrices se describen en los llamados documentos MIAPE (Minimum Information About a Proteomics Experiment) (Chris F. Taylor, 2007), específicos para cada técnica proteómica. Varias revistas científicas han empezado también a definir sus propias directrices (Wilkins, M.R. et al, 2006), (Bradshaw, R.A. et al, 2006), y cada vez es más común la obligatoriedad de almacenar los datos proteómicos en un repositorio público (Prince, J.T. et al, 2004), (Garwood, K. et al, 2004), (Hermjakob, H. et al, 2006) antes de su publicación en una revista, asegurando así, su persistencia y su máxima usabilidad.

Desde un principio, en ProteoRed hemos querido participar activamente en las actividades del HUPO-PSI, y aplicar en lo posible las estandarizaciones a nuestros laboratorios. Uno de nuestros objetivos es estandarizar el informe de resultados que cada servicio aporta a sus clientes, conteniendo la mínima información definida en los documentos MIAPE para cada técnica. Por ello, en el grupo de trabajo de Bioinformática de ProteoRed, hemos desarrollado una herramienta que facilita la generación de infor-

mes bajo las directrices MIAPE. Esta herramienta, accesible vía web, permite crear y almacenar online varios tipos de documentos MIAPE. Debido a que gran parte de la información contenida en estos documentos es común para distintos experimentos (composición de los búferes utilizados, parámetros de motores de búsqueda, etc...), la herramienta permite acceder y utilizar fácilmente información ya introducida en otros documentos, evitando así la ardua tarea de escribir en los formularios los mismos datos cada vez que queramos generar un documento de este tipo. La herramienta estará disponible para la comunidad científica en general en un tiempo razonablemente corto a través de la web <http://www.proteored.org>, e irá actualizándose paralelamente al trabajo del grupo HUPO-PSI en los documentos MIAPE. Actualmente, es posible la generación de los documentos MIAPE GE (Gel Electrophoresis), GI (Gel Informatics), MS (Mass Spectrometry) y MSI (Mass Spectrometry Informatics).

#### Bibliografía

- Bradshaw, R. A., A. L. Burlingame, et al. (2006). *Mol Cell Proteomics* 5: 787-8.
- Chris F Taylor, Norman W Paton, Kathryn S Lilley, et al. (2007) *Nat Biotechnol* 25: 887-893
- Garwood, K., T. McLaughlin, et al. (2004). *BMC Genomics* 5: 68.
- Hermjakob, H. and R. Apweiler (2006). *Expert Rev Proteomics* 3: 1-3.
- Prince, J. T., M. W. Carlson, et al. (2004). *Nat Biotechnol* 22: 471-2.
- Wilkins, M. R., R. D. Appel, et al. (2006). *Proteomics* 6: 4-8.