

J., Madoz-Gúrpide, M., Cañamero, L., Sánchez, J., Solano, P., Alfonso, JI., Casal. *Molecular&Cellular Proteomics* 2007, 6, 12, 2150-2164.

S., Vorderwülbecke, S., Cleverley, SR., Weinberger, A., Wiesner. *Nature Methods*, 2005, 2, 393–395.

Desarrollo de una base de datos de proteínas identificadas en estudios de interacción patógeno-hospedador: PROTEOPATHOGEN

Fernández Vital V, Pascual-Montano A, Gil C.

Departamento Microbiología II, Unidad I. Facultad de Farmacia. UCM

Introducción

A medida que la tecnología proteómica mejora en sensibilidad y resolución se hace necesario el uso de herramientas adecuadas que permitan almacenar, analizar e interpretar los datos generados en los experimentos, tareas en las que la bioinformática juega un papel esencial. La combinación de técnicas como la electroforesis bidimensional y cromatografía, usadas para la separación de proteínas; y la espectrometría de masas, para su identificación, generan una enorme cantidad de datos muy complejos que han de ser convenientemente almacenados para que puedan ser consultados y analizados de manera eficiente. El objetivo de este trabajo es el desarrollo de una base de datos que resuelva esta necesidad existente en un laboratorio de proteómica.

Material y métodos

Datos biológicos. Los datos almacenados corresponden a proteínas procedentes de diversos experimentos enmarcados en estudios de patogenicidad microbiana e interacción patógeno-hospedador. La mayor parte de las identificaciones corresponden a la levadura *Candida albicans* (Fernández-Arenas et al., 2007) y a proteínas de macrófagos murinos (Martínez-Solano et al., 2006).

Implementación y estructura de la aplicación. La base de datos se presenta como un modelo servidor-cliente que permite múltiples conexiones y consultas a través de una interfaz web de acceso. El sistema gestor de bases de datos relacionales utilizado es PostgreSQL. Otros recursos usados en el desarrollo son php, Apache, Perl y R-cran. En todos los casos

se trata de software de libre acceso, ampliamente utilizado y de comprobada robustez y fiabilidad.

Resultados

PROTEOPATHOGEN es una base de datos en desarrollo que almacena y relaciona de forma eficiente información relativa a proteínas implicadas en interacción patógeno-hospedador. Además la creación de una interfaz de acceso web permite realizar consultas de manera sencilla e intuitiva. La unidad básica de consulta es la proteína, a través de la cual se puede recuperar información como el experimento y la especie de origen, los identificadores o la lista de péptidos correspondiente a la identificación.

Conclusiones

El desarrollo de una base de datos que integre y relacione la información generada en experimentos de proteómica no solo supone la forma adecuada de almacenar los datos sino que proporciona una herramienta de gran utilidad para el análisis e interpretación de los resultados de experimentos en proteómica.

Bibliografía

- Fernández-Arenas, E., Cabezón, V., Bermejo, C., Arroyo, J., Nombela, C., Díez-Orejas, R., Gil, C., 2007. *Molecular and Cellular Proteomics* 6(3), 460-78
- Martínez-Solano, L., Nombela, C., Molero, G., Gil, C., 2006. *Proteomics* 6:S133-S144