



## El Secretariado de Infraestructura para la Investigación (SIPI)

# INFORMA

## **Adquisición del dos paquetes de software para análisis de datos proteómicos mediante data-dependent y data-independent acquisition (DDA y DIA).**

El **Servicio Central de Apoyo a la Investigación** de la UCO a través de sus unidades de Proteómica y Bioinformática ha incorporado dos paquetes de software para análisis de datos proteómicos mediante *data-dependent* y *data-independent acquisition*, con cargo al proyecto **EQC2018-005166-P** concedido por el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades a través de las Ayudas para la Adquisición de Equipamiento Científico-Técnico correspondientes al Subprograma Estatal de Infraestructuras de Investigación y Equipamiento Científico-Técnico (Plan Estatal I+D+i 2017-2020) (convocatoria 2018), cofinanciado por la Agencia Estatal de Investigación (AEI) y el Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER), cuyo Responsable Científico es el investigador Francisco J. Urbano Navarro.

### **OBJETIVO y FUNCIONALIDAD DEL EQUIPAMIENTO ADQUIRIDO**

#### Características del equipamiento adquirido.

El equipamiento consta de un ordenador sobremesa y un paquete de software (**Proteome Discoverer**) para análisis, en modo de adquisición dependiente de datos (DDA) de datos proteómicos adquiridos en instrumentos de espectrometría de masas.

Por otro lado, se ha adquirido asimismo un paquete de software (**Spectronaut**) para análisis, en modo de adquisición independiente de datos (DIA), de datos proteómicos adquiridos en instrumentos de espectrometría de masas.

#### Valor añadido e impacto científico-tecnológico de la adquisición

La adquisición de estos paquetes permite el análisis de datos de amplio espectro, garantizando resultados de distinto tipo en función de la estrategia de análisis elegida para el análisis de muestras biológicas. Con ello es posible analizar muestras desde el ámbito agroalimentario y ciencia básica hasta el de la salud y la Clínica abarcando todas las posibilidades para obtener resultados de calidad e incrementar la excelencia de las publicaciones y trabajos científicos.

#### Técnicas o investigaciones que el equipo permitirá desarrollar o abordar.

Análisis de proteomas complejos, cuantificación de proteínas y marcadores sin marcaje, análisis de modificaciones postraduccionales, análisis y cuantificación de muestras marcadas con isótopos y etiquetas isobáricas, creación de bibliotecas de péptidos.

#### Equipo responsable y potencial de utilización por parte de otros grupos de investigación.

Ambos softwares se encuentran instalados en computadoras de la Unidad de Proteómica del SCAI y su explotación se hará a través del personal del servicio.

