

## Herramientas bioinformáticas para analizar datos metabolómicos

Una investigación pionera ha examinado la capacidad de las herramientas bioinformáticas en el campo de la metabolómica, utilizando datos de estudios en humanos. Los resultados, publicados en *BMC Bioinformatics*, ponen en manifiesto la falta de homogenización y armonización a la hora de interpretar datos metabolómicos.

SINC

1/2/2018 13:48 CEST



Grupo de investigación que lidera Cristina Andrés Lacueva en la Universidad de Barcelona. / CIBERFES

El grupo de [Biomarcadores y Metabolómica Nutricional de los Alimentos](#) de la Universidad de Barcelona, perteneciente al Centro de Investigación Biomédica en Red de Fragilidad y Envejecimiento Saludable (CIBERFES), ha puesto a prueba el potencial de distintas herramientas bioinformáticas en el análisis de enriquecimiento o de 'sobrerepresentación' de datos metabolómicos, fase clave en el descubrimiento de nuevas rutas biológicas. Este trabajo ha sido publicado en la revista *BMC Bioinformatics*.

La era del *big data* en el campo de la biología de sistemas ha conllevado la

aparición creciente de potentes herramientas bioinformáticas que faciliten la interpretación, entendimiento e integración de datos.

---

La era del big data en el campo de la biología de sistemas ha conllevado la aparición creciente de potentes herramientas bioinformáticas

Ahora, por primera vez se ha examinado la capacidad de estas herramientas en el campo de la metabolómica, utilizando datos de estudios en humanos, publicados y disponibles en repositorios públicos y la utilización de datos simulados o sintéticos.

A pesar de la amplia utilización de las distintas herramientas bioinformáticas en otras ómicas como la genómica, los resultados de este estudio ponen en manifiesto la falta de homogenización y armonización de estas a la hora de interpretar datos metabolómicos.

Según apunta Anna Marco-Ramell, investigadora Juan de la Cierva y primera autora del trabajo: “este estudio representa un desafío en la mejora de las herramientas bioinformáticas, especialmente para su uso en la interpretación de datos masivos procedentes de la biología de sistemas”.

Los resultados forman parte del trabajo del grupo de investigación que lidera Cristina Andrés-Lacueva, jefa de grupo del CIBERFES en la Universidad de Barcelona, liderado, con la colaboración de Alex Sánchez-Pla, profesor de bioestadística de la misma universidad.

#### **Referencia bibliográfica:**

Marco-Ramell A, Palau-Rodriguez M, Alay A, et al (2018). Evaluation and comparison of bioinformatic tools for the enrichment analysis of metabolomics data. *BMC Bioinformatics* 19:1. doi: 10.1186/s12859-017-2006-0

Este trabajo ha sido financiado por el proyecto PI13/01172 (Plan N de

I+D+i 2013-2016), co-financiado por el ISCII-Subdirección General de Evaluación y Fomento de la Investigación y Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER) y por el Ministerio de Economía, Industria y Competitividad (MINECO) mediante la Acción Complementaria FOOTBALL-PCIN-2014-133 y la *Joint Programming Initiative "A Healthy Diet for a Healthy Life"* [JPI HDHL].

Derechos: **Creative Commons**

TAGS

CIBERFES | METABOLÓMICA | BIG DATA | BIOINFORMÁTICA |

#### Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)