

## Python4Proteomics (P4P)

### Introducción al manejo de datos proteómicos mediante Python.

Python es un lenguaje de programación muy cercano al lenguaje natural, muy sencillo de aprender y con un gran número de usuarios en diversos campos de aplicación, especialmente en el ámbito científico,

Python nos permite el tratamiento de datos proteómicos de manera reproducible y trazable. Su uso facilita la automatización de procedimientos rutinarios mediante *scripts* reutilizables y flexibles, evitando errores y otros problemas inherentes al tratamiento manual de datos con hojas de cálculo.

Python dispone además de potentes herramientas para el manejo, transformación y visualización de datos.

**Contenido:** En este curso aprenderemos a manejar de forma sencilla y automatizada datos proteómicos en formato excel, csv o similares procedentes de motores de búsqueda como Proteome Discoverer y MaxQuant. Aprenderemos a leer y operar archivos tipo fasta y mgf y a completar nuestros datos con información extraída de Uniprot u otros servicios on-line como BLAST. El contenido se organiza con criterios eminentemente prácticos, centrándose en problemas reales del trabajo diario y dando una especial importancia a los métodos de visualización de datos a través de aplicaciones como Matplotlib.

**Organización y docencia:** Joaquin Abián<sup>1</sup>, Gianluca Arauz<sup>2</sup> y Oscar Gallado<sup>1</sup>. <sup>1</sup> IIBB-CSIC, Barcelona. <sup>2</sup> IRBBBarcelona.

**Lugar y Fecha:** Residencia de Investigadores del CSIC en Barcelona, 11-13 Noviembre 2019. (18 horas). Posibilidad de reservar alojamiento en la misma Residencia.

**A quién va dirigido:** Se trata de un curso introductorio y eminentemente práctico, dirigido a cualquier personal implicado en el manejo de datos proteómicos. No es necesario experiencia previa en programación.

**Requisitos técnicos:** Todos los alumnos deberán contar con su propio ordenador portátil. Las instrucciones para la instalación del software necesario se harán llegar a los asistentes unas semanas antes del inicio del curso.

**Inscripción:** Gratuita para miembros de Proteored. Interesados enviar correo electrónico a Joaquim.abian.csic@uab.cat antes del 20 de octubre (Máximo 20 alumnos).