

Informe de Metadatos del Estudio ST000284

Introducción

Este documento describe la tabla de metadatos correspondiente al estudio de metabolómica identificado como **ST000284**. Los metadatos contienen información sobre muestras biológicas de suero sanguíneo, clasificadas según la condición clínica de los pacientes.

Descripción de la Tabla

La tabla contiene seis columnas principales:

1. **local_sample_id**: Identificador único de cada muestra dentro del estudio.
2. **study_id**: Código del estudio, en este caso "ST000284".
3. **sample_source**: Fuente biológica de la muestra, en este conjunto de datos todas provienen de *Blood (serum)*.
4. **mb_sample_id**: Identificador de muestra utilizado en la base de datos o laboratorio.
5. **raw_data**: Campo reservado para datos crudos asociados a la muestra (actualmente vacío en la tabla).
6. **Patient_group**: Clasificación de los pacientes en función de su condición clínica:
 - **Healthy** (sano)
 - **Polyp** (pólipo)
 - **CRC** (cáncer colorrectal)

Contenido de la Tabla

A continuación, se presenta un resumen de algunas muestras contenidas en la tabla:

local_sample_id	mb_sample_id	sample_source	Patient_group
1	SA012482	Blood (serum)	Healthy
10	SA012495	Blood (serum)	Polyp
100	SA012480	Blood (serum)	Healthy
102	SA012523	Blood (serum)	Polyp
106	SA012532	Blood (serum)	Polyp
107	SA012440	Blood (serum)	Healthy
108	SA012429	Blood (serum)	Healthy
109	SA012356	Blood (serum)	CRC

Observaciones

- Todas las muestras provienen de suero sanguíneo.
- El campo **raw_data** está vacío, lo que sugiere que los datos crudos no han sido vinculados o registrados en esta tabla.

- Se identifican tres grupos de pacientes en la clasificación: *Healthy*, *Polyp* y *CRC*.

Recomendaciones

- Completar la columna `raw_data` si existen archivos asociados a estas muestras.
- Verificar si `mb_sample_id` es un identificador único o si puede haber duplicados en otras fuentes.
- Incluir detalles adicionales sobre el método de análisis (LC-MS, GC-MS, etc.) en caso de ser relevante.

Conclusión

Este conjunto de metadatos proporciona una base organizada para el análisis de metabolómica en muestras de suero sanguíneo. La clasificación de los pacientes permite realizar comparaciones entre grupos con diferentes condiciones clínicas. Es recomendable completar la información faltante en `raw_data` y verificar la unicidad de los identificadores para asegurar una correcta trazabilidad de las muestras.