Inventario de extracción de información de fuentes de datos biomédicas

# Este documento contiene todos los bloques de información que somos capaces de extraer de todas las fuentes de Nuestro Sistema a fecha de 17/06/2025

# LAS SECCIONES SERÍAN LAS SIGUIENTES:

**SECCIÓN 1 = DESCRIPCIÓN  
SECCIÓN 2 = PROCESOS (Funcionoma)**

**SECCIÓN 3 = PATHWAYS**

**SECCION 4 = INTERACCIONES  
SECCIÓN 5 = ENFERMEDADES  
SECTION 6 = TERAPÉUTICA  
SECCIÓN 7 = REFERENCIAS**

# POTENCIALES WORKFLOWS:

**FULL WORKFLOW: Incluiría todas las secciones.**

**CLINICAL WORKFLOW: 1+3+5+6+7**

**REFERENCES WORKFLOW: 1+7**

**PHAROS WORKFLOW: cualquiera de los anteriores con las secciones en las que interviene**

**INTERACTORS WORKFLOW: 1+2+3+4**

**MANUAL WORKFLOW: Incluiría solo las secciones que vamos seleccionando ¿?**

# UniProt

### Método: function

Parser Method: parse\_function

Descripción: Extrae información sobre la función de la proteína incluyendo descripciones funcionales y evidencias

Imagen: Interfaz de usuario gráfica, Texto

El contenido generado por IA puede ser incorrecto.

### Método: subcellular\_location

Parser Method: parse\_subcellular\_location

Descripción: Obtiene información sobre la localización subcelular de la proteína

Imagen:

Interfaz de usuario gráfica, Aplicación

El contenido generado por IA puede ser incorrecto.

### Método: go\_terms

Parser Method: parse\_go\_terms

Descripción: Extrae términos de Gene Ontology (GO) asociados a la proteína. Nos suena que comentamos que no os hacía falta, pero por tener todas las posibilidades sobre la mesa, os lo mostramos.

Imagen: Imagen que contiene Tabla

El contenido generado por IA puede ser incorrecto.

### Método: disease

Parser Method: parse\_disease

Descripción: Obtiene información sobre enfermedades asociadas a la proteína

Imagen: Texto

El contenido generado por IA puede ser incorrecto.

### Método: disease\_publications

Parser Method: parse\_disease\_publications

Descripción: Obtiene publicaciones científicas relacionadas con enfermedades asociadas. Podemos agrupar la información por enfermedad para hacerlo más fácil de seguir.

Columna de agrupación: DiseaseID

Imagen: Captura de pantalla de un celular

El contenido generado por IA puede ser incorrecto.

### Método: interactions

Parser Method: parse\_interactions

Descripción: Extrae información sobre interacciones con otras proteínas

Imagen:

Pantalla de computadora con letras

El contenido generado por IA puede ser incorrecto.

# Pharos

## Procesador: PharosProcessor

### Método: df\_info

Parser Method: create\_info\_df

Descripción: Crea una tabla con información básica del target

Imagen: Texto

El contenido generado por IA puede ser incorrecto.

### Método: df\_omim

Parser Method: create\_omim\_df

Descripción: Crea una tabla con referencias OMIM. Al igual que en otros casos, intercambiaremos el ID de la table por un link como este: <https://www.omim.org/entry/105210>

Imagen: Interfaz de usuario gráfica, Texto, Aplicación

El contenido generado por IA puede ser incorrecto.

### Método: ligands

Parser Method: parse\_ligands

Descripción: Genera una tabla con ligandos asociados. Se podría completer la table con la información que se recupere de SelleckChem.

Imagen: Captura de pantalla de computadora

El contenido generado por IA puede ser incorrecto.

### Método: drugs

Parser Method: parse\_drugs

Descripción: Genera una tabla con fármacos asociados. Al igual que el caso anterior, se podría completer la table con la información que se recupere de SelleckChem.

### Interfaz de usuario gráfica, Texto, Aplicación, Chat o mensaje de texto El contenido generado por IA puede ser incorrecto.

### Método: create\_protein\_protein\_relations\_df

Parser Method: create\_protein\_protein\_relations\_df

Descripción: Genera una tabla con relaciones proteína-proteína. Se pueden ordenar por la clase diana.

Columna de agrupación: Proteina\_ID, Clase Diana

Imagen: Captura de pantalla en blanco y negro

El contenido generado por IA puede ser incorrecto.

### ~~Método: df\_numero\_vias\_por\_fuente~~

~~Parser Method: create\_numero\_vias\_por\_fuente\_df~~

~~Descripción: Crea una tabla con el número de vías por fuente~~

~~Imagen:~~

Tabla

El contenido generado por IA puede ser incorrecto.

### Método: pathways

Parser Method: create\_vias\_df

Descripción: Crea una tabla con los pathways asociados. Incluye algunas referencias de WikiPathways: <http://www.wikipathways.org/instance/WP4016_r101923>

Imagen: Texto

El contenido generado por IA puede ser incorrecto.

# Selleckchem

## Procesador: SelleckchemProcessor

### Método: obtener\_link\_selleckchem

Parser Method: obtener\_link\_selleckchem

Descripción: Obtiene un enlace de Selleckchem para un medicamento específico. Sólo obtiene el primero de los encontrados.

Imagen:

Interfaz de usuario gráfica, Aplicación

El contenido generado por IA puede ser incorrecto.

### Método: obtener\_links\_selleckchem

Parser Method: obtener\_links\_selleckchem

Descripción: Obtiene múltiples enlaces de Selleckchem para varios medicamentos en lugar de sólo obtener el primero encontrado.

Imagen: Texto

El contenido generado por IA puede ser incorrecto.

# Ensembl

## Procesador: EnsemblProcessor

### Método: ensembl\_id

Parser Method: parse\_id

Descripción: Obtiene el identificador Ensembl de un gen dado su nombre. Lo usamos como método auxiliar que nos permite interconectar distintas fuentes, pero para vosotras no tiene ninguna utilidad.

Imagen:

Interfaz de usuario gráfica, Aplicación

El contenido generado por IA puede ser incorrecto.

# StringDB

## Procesador: StringDbProcessor

### Método: get\_annotation

Parser Method: get\_annotation

Descripción: Obtiene anotaciones de interacciones proteína-proteína de STRING-DB. Necesita combinarse con el método de OpenTargets “parse\_interactions”.

Imagen: Imagen que contiene Interfaz de usuario gráfica

El contenido generado por IA puede ser incorrecto.

# PantherDB

## Procesador: PantherProcessor

### Método: annotation\_name

Parser Method: get\_annotation\_name

Descripción: Obtiene la PantherClass en solitario de PantherDB

Imagen:

Imagen que contiene Aplicación

El contenido generado por IA puede ser incorrecto.

### Método: annotations

Parser Method: parse\_annotations

Descripción: Muestra las anotaciones de PantherDB

Imagen: Texto

El contenido generado por IA puede ser incorrecto.

### Método: pathways

Parser Method: parse\_pathways

Descripción: Muestra las pathways de PantherDB. Link de ejemplo: <https://pantherdb.org/pathway/pathwayDiagram.jsp?catAccession=P04397>

Imagen: Texto

El contenido generado por IA puede ser incorrecto.

# PharmGKB

## Procesador: PharmGKBProcessor

### Método: gene\_symbols

Parser Method: parse\_gene\_symbols

Descripción: Muestra los genes relacionados con la proteína.

Imagen: Interfaz de usuario gráfica, Texto, Aplicación

El contenido generado por IA puede ser incorrecto.

### Método: label\_annotations

Parser Method: parse\_label\_annotations

Descripción: Analiza anotaciones de etiquetas de medicamentos

Imagen: Texto

El contenido generado por IA puede ser incorrecto.

### Método: literature

Parser Method: parse\_literature

Descripción: Muestra la literatura científica asociada. Recordamos que no aparecen todas las referencias que aparecen en la página directamente.

Imagen: Captura de pantalla de computadora

El contenido generado por IA puede ser incorrecto.

# GuideToPharmacology

## Procesador: PharmacologyProcessor

### Método: target\_id

Parser Method: parse\_target\_id

Descripción: Obtiene el ID del target en Guide to Pharmacology y su link correspondiente

Imagen: Interfaz de usuario gráfica, Aplicación

El contenido generado por IA puede ser incorrecto.

### Método: comments

Parser Method: parse\_comments

Descripción: Muestra comentarios sobre el target

Imagen: Texto

El contenido generado por IA puede ser incorrecto.

### Método: references

Parser Method: parse\_references

Descripción: Analiza referencias bibliográficas

Agrupable: No

Imagen: 

### Método: interactions

Parser Method: parse\_interactions

Descripción: Muestra las referencias de las interacciones. No aparecen todas las que aparecen en la Fuente de forma manual.

Imagen: Captura de pantalla de computadora

El contenido generado por IA puede ser incorrecto.

# DrugCentral

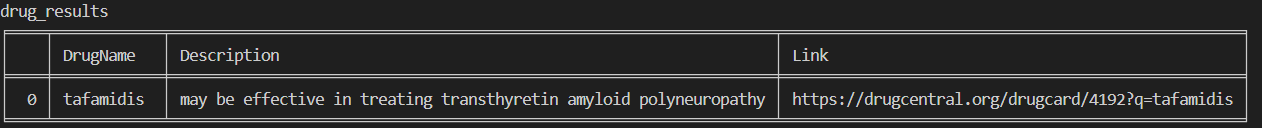
## Procesador: DrugCentralProcessor

### Método: drug\_results

Parser Method: parse\_drug\_results

Descripción: Obtiene la descripción y el link de un fármaco en DrugCentral. El link que insertamos es: <https://drugcentral.org/drugcard/4192?q=tafamidis>

Imagen:



# PPIAtlas

## Procesador: PPIAtlasProcessor

### Método: ppi\_table

Parser Method: parse\_ppi\_table

Descripción: Muestra la table de interacciones proteína-proteína del PPI Atlas

Imagen: 

# OpenTargets

## Procesador: OpenTargetsProcessor

### Método: basic\_info

Parser Method: create\_basic\_info\_df

Descripción: Crea una tabla con información básica del target

Imagen:

Un conjunto de letras blancas en un fondo blanco

El contenido generado por IA puede ser incorrecto.

### Método: pathways

Parser Method: create\_pathways\_df

Descripción: Crea una Tabla con vías del Reactome. El link que insertamos es: <https://reactome.org/content/detail/R-HSA-975634>

Pero podríamos insertar un link como este si lo preferís:

<https://pubchem.ncbi.nlm.nih.gov/pathway/Reactome:R-HSA-975634>

Imagen:

Captura de pantalla de computadora

El contenido generado por IA puede ser incorrecto.

### Método: known\_drugs

Parser Method: create\_known\_drugs\_df

Descripción: Crea una Tabla con medicamentos conocidos para el target. Podrían agruparse por enfermedad.

Imagen:

Tabla

El contenido generado por IA puede ser incorrecto.

### Método: associated\_diseases

Parser Method: create\_associated\_diseases\_df

Descripción: Crea una Tabla con enfermedades asociadas al target

Imagen: 

Método**:** interactions

Parser method: parse\_interactions

Descripción: Extrae información sobre interacciones con otras proteínas. Este método, combinado con la Fuente de StringDB, devuelve:

Imagen que contiene Interfaz de usuario gráfica

El contenido generado por IA puede ser incorrecto.

### ~~Método: mouse\_phenotypes~~

~~Parser Method: create\_mouse\_phenotypes\_df~~

~~Descripción: Crea una tabla con fenotipos de ratón relacionados con el target.~~

~~Imagen:~~

~~Texto

El contenido generado por IA puede ser incorrecto.~~