**pd\_table\_complete**

name 🡪 el nombre de la proteína

organism 🡪 nombre del organismo

accessions 🡪 columna de códigos de accesión

accession 🡪 cada una de las filas de la columna accessions

acc\_code 🡪 accession transformado a lista

acc 🡪 dentro de cada acc\_code puede haber mas de un código (péptidos no únicos). Esta variable sería cada 1 individualmente

protein\_name 🡪 diccionario con los nombres de las proteínas

organism\_name 🡪 diccionario con los nombres de los organismos

exception\_list 🡪 es una lista con los códigos de proteínas que han dado error en la búsqueda

**pd\_table\_selection**

uniques 🡪 guarda la información de si un péptido es único o no

final\_organism 🡪 el organism escogido en los peptidos no unicos

final\_accession 🡪 el codigo uniprot escogido en los peptidos no unicos

final\_protein\_name 🡪 el nombre de proteina escogido en los peptidos no únicos

query\_names 🡪 nombres de organismos posibles en péptidos no únicos

species 🡪 nombres de proteínas posibles en péptidos no únicos

accession 🡪 los distintos códigos de accession asociados a un péptido no único

acc\_code 🡪 accession transformado a lista

acc 🡪 dentro de cada acc\_code puede haber mas de un código (péptidos no únicos). Esta variable sería cada 1 individualmente

**pd\_maldi\_match**

identifications 🡪 las identificaciones hechas por proteome discoverer y filtradas según las 2 funciones anteriores

options 🡪 indica el número de proteínas que tiene un péptido (único o no único)

list\_po = contiene la lista de proteins, organismos y codigos uniprot de un péptido

acc 🡪 el código uniprot de la proteína de list\_po concreta

answer 🡪 codigos uniprot del fichero de representación de la proteína dentro de la mezcla de proteome discoverer

position 🡪 la posición que ocupa dentro del del fichero de representación de la proteína dentro de la mezcla de proteome discoverer

prot\_def 🡪 dentro de list\_po la escogida

**protein\_signals**

accessions 🡪 columna de códigos de accesión

accession 🡪 cada una de las filas de la columna accessions

acc\_code 🡪 accession transformado a lista

acc 🡪 dentro de cada acc\_code puede haber mas de un código (péptidos no únicos). Esta variable sería cada 1 individualmente

access\_cod 🡪 accession code asociada a una señal según el maldi

organism 🡪 organismo asociado a una señal según el maldi

protein\_ 🡪 proteina asociada a una señal según el maldi