

# Metadatos PEC1

Inés Agustí

2024-11-01

## Metadatos del Conjunto de Datos

### Origen de los Datos

- Este conjunto de datos se genera a partir de análisis de espectrometría de masas, específicamente para la identificación y cuantificación de modificaciones post-traduccionales (PTMs) en proteínas.

### Descripción General

- El conjunto de datos incluye observaciones sobre modificaciones de proteínas en diferentes condiciones experimentales, como MSS (Modelo de Estudio de Sangre) y PD (Modelo de Enfermedad de Parkinson).

### Estructura de los Datos

- **Número de Filas:** 1438
- **Número de Columnas:** 18

### Variables

1. **SequenceModifications:** Modificaciones en la secuencia de aminoácidos (tipo de modificación).
2. **Accession:** Identificador de acceso a la proteína en bases de datos (ejemplo: O00560).
3. **Description:** Descripción de la proteína, incluyendo su nombre y organismo.
4. **Score:** Valor numérico que representa la calidad de la identificación de la modificación.
5. **CLASS:** Clasificación de la modificación (ejemplo: H para alta).
6. **PHOSPHO:** Indica si la modificación es fosforilación (Y para sí).

### Datos de la Tabla

- Las columnas adicionales representan diferentes muestras (ejemplo: M1\_1\_MSS, M1\_2\_MSS, etc.) con datos numéricos que corresponden a la intensidad de la señal de las modificaciones detectadas.

### Resumen de las Muestras

- **Grupo MSS:** Muestras relacionadas con el modelo de estudio de sangre.
- **Grupo PD:** Muestras relacionadas con el modelo de enfermedad de Parkinson.

### Información sobre el Preprocesamiento

- El conjunto de datos fue preprocesado para eliminar observaciones con valores faltantes y para normalizar las intensidades de las señales.

## Contacto

- Nombre: [Tu Nombre]
- Correo Electrónico: [Tu Correo Electrónico]