

Trabajar fácilmente con datos proteómicos con PRIDEViewer

Para facilitar el manejo de los datos de proteínas existentes en el repositorio PRIDE, el grupo de Juan Pablo Albar del Centro Nacional de Biotecnología del CSIC pone de forma gratuita a disposición de toda la comunidad científica el programa PRIDEViewer.

La enorme cantidad de datos biológicos que se tienen en la actualidad hacen necesaria una estandarización a la hora de presentarlos. Es la única manera de que se pueda tener un acceso sencillo a todos ellos y desde cualquier laboratorio del mundo. En el caso de la proteómica, el repositorio PRIDE facilita la obtención y tratamiento de los mismos gracias al formato XML.

Sin embargo, el manejo de documentos XML no facilita la visualización de los datos, por lo que en el Centro Nacional de Biotecnología del CSIC, el grupo de **Juan Pablo Albar** ha desarrollado un programa gratuito, [PRIDEViewer](http://prideviewer.cnb.csic.es), que facilita enormemente esta tarea (<http://proteo.cnb.csic.es/prideviewer>).

Con PRIDEViewer se une así la facilidad de compartir los datos de la espectrometría de masas que proporciona el formato XML con una interfaz gráfica gracias a la cual el usuario puede manejar sus datos de una manera sencilla e intuitiva.

El hecho de estar desarrollado con Java permite que pueda ser utilizado desde cualquier ordenador, independientemente del sistema operativo que se utilice.

