

VisualCGH: UNA HERRAMIENTA DE ANÁLISIS DE DATOS DE MICROARRAYS GENÓMICOS

J.E. de Paz¹, C. Zato¹, A. Rodríguez-Vicente², M. Abáigar², R. Benito³, J.M. Hernández^{2,3}, J.M. Corchado¹

¹Informática y Automática. Universidad de Salamanca. ²IBMCC. Centro de Investigación del Cáncer. Universidad de Salamanca-CSIC. ³Servicio de Hematología. Hospital Clínico Universitario de Salamanca

Fundamentos: La posibilidad de analizar, en un solo estudio, la totalidad del genoma tumoral ha ampliado en gran manera el conocimiento de las alteraciones genéticas existentes en las hemopatías malignas. Sin embargo, su aplicación en la práctica clínica no es fácil por la complejidad que supone la realización de estos estudios basados en la hibridación de *microarrays* de ADN. Además no se dispone de herramientas informáticas que permitan un análisis sencillo y eficaz de las alteraciones. La mayoría de los programas están limitados a un tipo de *array*, las visualizaciones se centran en etapas previas a la segmentación y presentan una interacción limitada.

Objetivos: El objetivo de este proyecto fue desarrollar una herramienta que facilite el análisis visual, mediante diferentes visualizaciones y modelos de interacción, de manera que el usuario pueda, en todo momento: **1.** Modificar los límites de detección. **2.** Obtener una visión global del conjunto de ganancias y pérdidas. **3.** Sea aplicable a cualquier tipo de plataforma de *microarrays*.

Material y métodos: Se analizaron 252 enfermos diagnosticados de hemopatías malignas y en los que se habían realizado estudios de *microarrays*: 68 hibridados con un BAC Array que contenía 3500 sondas, 141 con un *array* de oligonucleótidos (133k de Nimblegen) y 43 enfermos SNP Array 2.0 (Affymetrix). Para el desarrollo se usó Java, JPA con Hibernate y el gestor HSQLDB.

Resultados: Los resultados fueron similares a los obtenidos con los sistemas convencionales. Sin embargo, VisualCGH se caracterizó por la facilidad de interacción de los usuarios hacia la visualización: **1.** Presentó mayor interactividad facilitando la selección de posibles regiones de interés y el acceso a la información asociada a las regiones y pacientes; **2.** Proporcionó varios diagramas, una representación acumulada para facilitar la selección de las regiones mínimas y una representación de ganancias y pérdidas por paciente que permitió analizar los pacientes por categorías y pacientes; **3.** A partir de las regiones marcadas como relevantes, la herramienta fue capaz de recuperar información de bases de datos on-line, como UCSC, sobre genes, proteínas, patologías, variaciones y duplicaciones. También facilitó el análisis de regiones concretas mediante la navegación por UCSC y Ensembl.; y **4.** Proporcionó funcionalidad para la realización de cluster y la revisión visual de la similitud de individuos.

Conclusiones: VisualCGH facilita el análisis de *microarrays* genómicos de varias plataformas. Permite agrupar los casos y facilita la obtención de regiones de relevancia mediante la generación de vínculos con las bases de datos genómicas y proteómicas (<http://bisite.usal.es/visualcgh>).