**Ejercicio GEP-ISFG de interpretación de secuencias de ADNmt 2005-2006**

Estimados compañeros:

Con la intención de seguir mejorando en lo concerniente al análisis de ADNmt y con la intención de poder obtener información que pueda ser útil para todos, nos gustaría proponer un ejercicio de interpretación de secuencias de ADNmt.

A continuación exponemos someramente en que consistiría el ejercicio:

* OBJETIVOS
	+ Analizar cuestiones relacionadas con la nomenclatura
	+ Criterios de interpretación
	+ Criterios de valoración estadística
* PLANTEAMIENTO
	+ Tres supuestos prácticos de cierta complejidad en los que el único análisis factible es la secuenciación de ADNmt
	+ Los "raw data" correspondientes a las distintas muestras en cada uno de los ejercicios se encontrarán en zips que podrán ser descargados en esta página a partir del día 16 de diciembre de 2005
	+ También estará disponible el archivo correspondiente la matriz que se empleo en el análisis de las muestras
	+ Se enviará a cada participante un formulario de respuestas, donde se expondrán los distintos ejercicios y una clave para poder acceder a los zips con los raw data de los distintos supuestos
* SE SOLICITA
	+ Edición de las secuencias indicando el programa de análisis empleado
	+ Emisión de conclusiones
	+ Valoración estadística (indicar bases de datos empleadas, tamaño de la base de datos, tratamiento estadístico...)
	+ Indicar programa empleado en el análisis
	+ Remisión de resultados antes del día **17 de febrero de 2006**

En cada uno de los zips se encuentran los raw data de las distintas muestras implicadas en los diferentes ejercicios. Asimismo se adjunta el archivo correspondiente a la matriz con que dichos raw data fueron generados, por si algún laboratorio lo requiriera.

Normalmente para cada muestra tendremos 4 raw data, correspondientes a las lecturas "forward" y "reverse" de las regiones HV1 y HV2. Determinadas muestras han requerido secuenciaciones adicionales para definir ciertas regiones (tracto poliC de HV1) en éstas encontraremos 6 raw data. Cada raw data está descrito atendiendo al siguiente código:

Por ejemplo: M3.1HV1for15997

M3.1: Identificación de la muestra

HV1: región analizada

For: dirección de lectura ("forward)

15997: Posición de hibridación del primer empleado

[**Ejercicio 1**](http://www.gep-isfg.org/archivos/201301/Ejercicio%201%20GEP%20interpretADNmt.zip)**(zip - 1.292 Kb)**

[**Ejercicio 2**](http://www.gep-isfg.org/archivos/201301/Ejercicio%202%20GEP%20interpretADNmt.zip)**(zip - 839 Kb)**

[**Ejercicio 3**](http://www.gep-isfg.org/archivos/201301/Ejercicio%203%20GEP%20interpretADNmt.zip)**(zip - 1.667 Kb)**

[**Matriz**](http://www.gep-isfg.org/archivos/201301/BigdyeABI1.zip) **(zip - 514 b)**

Esperamos que este ejercicio que os planteamos resulte interesante para vosotros y os pediríamos que todos aquellos laboratorios que deseen participar nos lo comuniquen antes del día **15 de diciembre de 2005** a la dirección de correo:manuel.crespillo@mju.es.

No olvidéis enviar cumplimentado el archivo que se adjunta "Formulario de participación ejercicio interpretación ADNmt GEP 2005-2006". Para cualquier consulta que queráis realizar no dudéis en contactar con nosotros.

Muchas gracias a todos

**Grupo de ADNmt del GEP-ISFG**