

# Reporte de Resultados

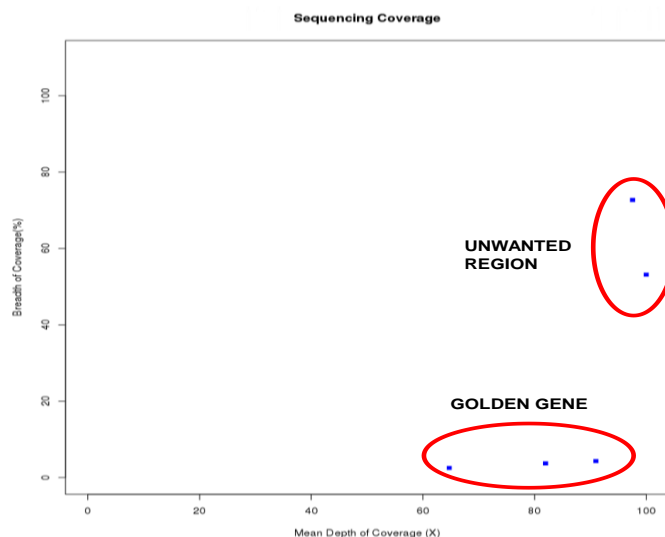
**Autor:** Mike Burton

**Fecha:** 06/03/2018

La empresa HSapiens.Inc desarrolló una nueva técnica de aislamiento de DNA, se evaluó la especificidad de la técnica para aislar un conjunto de “Golden Genes” sin aislar las regiones intermedias no deseadas entre dichos genes.

La profundidad de secuenciación se evaluó con un conjunto de 5 loci genómicos y mediante herramientas informáticas se calcularon dichos valores de cobertura que se describen a continuación:

<i><b>Gene Name</b></i>	<b>Breadth of Coverage</b>	<b>Mean depth of coverage</b>
<i>GOLDEN_GENE1</i>	82%	3,70732
<i>GOLDEN_GENE2</i>	91%	4,27473
<i>GOLDEN_GENE3</i>	64.6667%	2,47423
<i>UNWANTED_REGION1</i>	100%	53,14290
<i>UNWANTED_REGION2</i>	97.5%	72,66670



*Figura 1. Comparación de los valores de cobertura para los genes seleccionados y las regiones no deseadas.*

El promedio de los genes seleccionados de la amplitud de cobertura es de 79% con una media de profundidad de 3.48X, sin embargo, para las regiones no deseadas el promedio de amplitud fue de 99.49% con una profundidad de 62.9X.

De acuerdo a las observaciones en los datos obtenidos, la técnica desarrollada por HSapiens.Inc aún debe ser optimizada pues de acuerdo a las definiciones de cobertura y profundidad. La cobertura por base es la cantidad promedio de veces que se secuencia una base de un genoma. Siendo las regiones no deseadas las que cuentan con un valor sumamente alto en comparación con los genes de interés. Por lo tanto, es necesario replantear el método que utilizan para la especificidad ya que esta no es lo suficientemente específico y nos encontramos con varias lecturas que no necesitamos.