

LABORATORIO 1

Ejercicio 1: Usa el fichero con formato .vcf file.vcf. Explora el archivo usando el comando head. Aquí hay una explicación del tipo de archivo, aunque se comentará en clase.

Selecciona aquellos SNPs que han pasado todos los filtros (Tienen el texto PASS). Selecciona también aquellos SNPs que no han pasado el filtro de calidad (Tienen el texto q10). Indica que comandos debes usar si quieres generar un archivo de texto con esa información.

1. Explorar el archivo usando head

Para ver las primeras líneas del archivo file.vcf, usa:

```
head file.vcf
```

2. Seleccionar SNPs que han pasado todos los filtros (texto "PASS")

Para filtrar los SNPs que tienen "PASS" y guardar el resultado en un nuevo archivo llamado snps_pass.txt se utiliza:

```
grep "PASS" file.vcf > snps_pass.txt
```

3. Seleccionar SNPs que no han pasado el filtro de calidad (texto "q10")

Para filtrar los SNPs que tienen "q10" y guardar el resultado en otro archivo llamado snps_q10.txt se utiliza:

```
grep "q10" file.vcf > snps_q10.txt
```

Tenemos un nuevo fichero file2.vcf que ha perdido la información de la cabecera. Sabemos que la cabecera del fichero file.vcf nos vale, añadir la cabecera de file.vcf al fichero file2.vcf creando un nuevo fichero. Indica los comandos usados.

Paso 1: Crear un archivo temporal con solo el encabezado

Usamos este comando para extraer la cabecera de file.vcf y redirigirla a un nuevo archivo, por ejemplo, encabezado.txt:

```
head -n 1 file.vcf > encabezado.txt
```

Paso 2: Combinar el archivo de encabezado con file2.vcf

Usamos el comando cat para juntar encabezado.txt y file2.vcf en un nuevo archivo, por ejemplo, file2_nuevo.vcf:

```
cat encabezado.txt file2.vcf > file2_nuevo.vcf
```