



## Taller de bioinformática básica y sus aplicaciones en la genómica de especies no modelos

*Este workshop está orientado para estudiantes que no poseen experiencia en el área de genómica ni bioinformática, especialmente para la reconstrucción de genomas completos a partir de genomas de referencia*

Día 1: Familiarización del uso de la terminal bash

Día 2 : Herramientas genómicas de secuenciación: Cómo se generan los reads genómicos?. Uso de servidores remotos.

Día 3: Inicio en la reconstrucción de genomas completos.

Día 4: Ediciones generales de archivos BAM. Marcaje/remoción de reads duplicados, obtención de índices BAM y realineamientos locales.



## Taller de bioinformática básica y sus aplicaciones en la genómica de especies no modelos

# Terminal bash: Día 1



# GENÓMICA

## Jerarquía de habilidades previas al ensamblaje



① → Calidad y cobertura de Genomas

② → Diseño de scripts

③ → Uso de Servidores- Estructura

④ → Genomas Referencia NCBI

⑤ → Familiarización terminal

# Terminal

- Qué es la Terminal Linux/OX
- Navegar por stmas de directorios
- Interactuar con archivos
- Descargar y editar archivos
- Mover, copiar y borrar archivos

# Terminal LINUX

- La "shell" es una interfaz gráfica
- Opera a través de líneas de comando
- Los comandos son programas
- Actúan como interlocutor o intérprete entre sistemas complejos y nosotros

[Volver a la página de la agenda](#)

Multitarea  
Multiusuario



# Navegar entre stmas de archivos

## `pwd`

*Print working directory*

Permite saber dónde estás.

## `cd`

*Change directory*

Cambia el directorio actual

## `mkdir`

*Make directory*

Crea un directorio

## `ls`

*list*

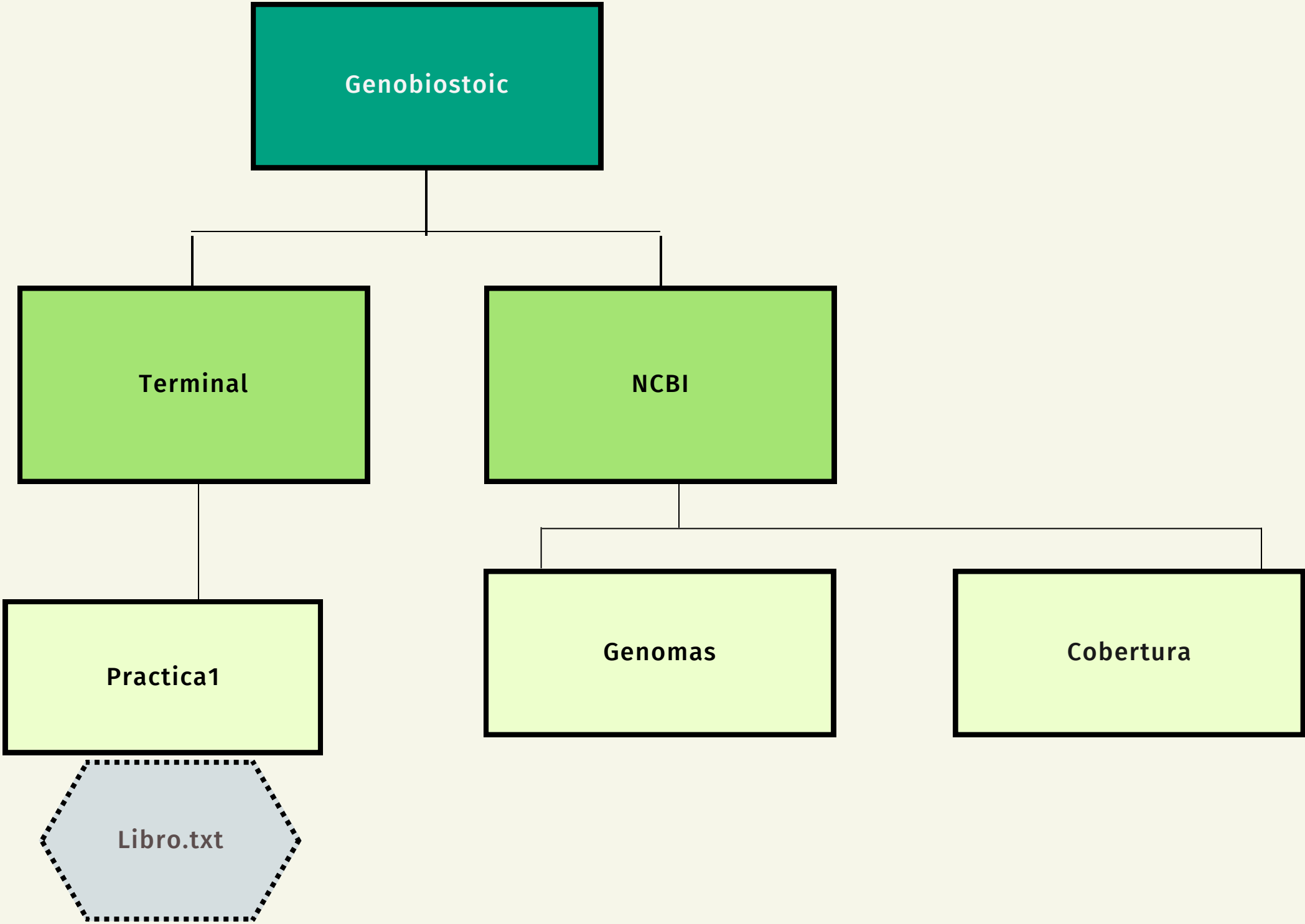
Lista los archivos en el directorio actual



[Volver a la página de la agenda](#)

# Creémos esta jerarquía de directorios y subdirectorios

[Volver a la página de la agenda](#)



# Descarga y edición de archivos

## wget y curl

Descarga remota de archivos.

---

## nano

Editor de texto plano.

---

[Volver a la página de la agenda](#)

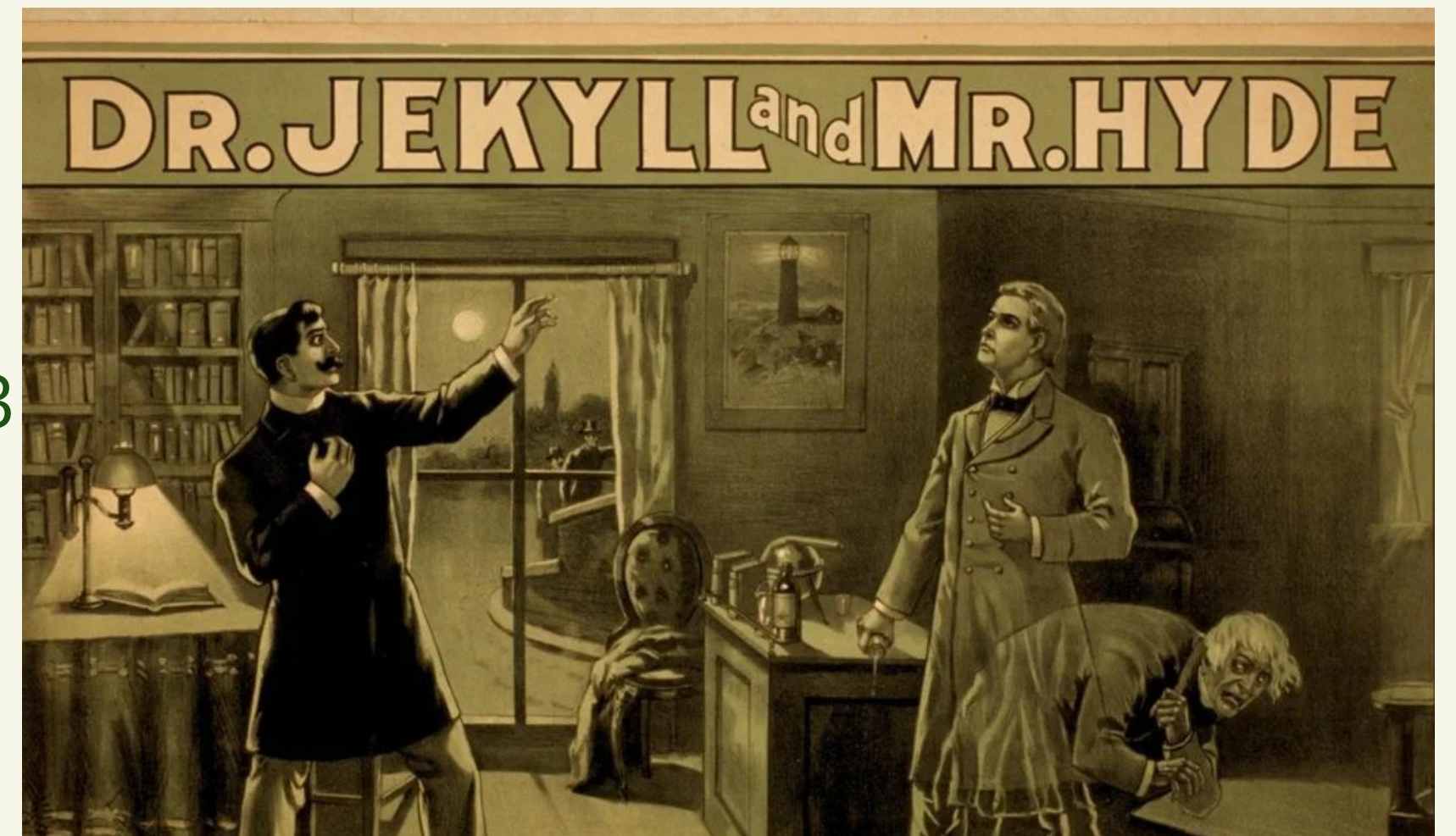


# Utilicemos las herramientas.

Editemos archivos de texto plano

wget

<https://www.gutenberg.org/cache/epub/43/pg43.txt>



# Interactuar con archivos.

Ahora tenemos herramientas poderosas

**cat**

*Print file*

Imprime el contenido de un archivo.

**head**

*Print head file*

Imprime el encabezado de un archivo.

**tail**

*Print tail file*

Imprime el final de un archivo.

**grep**

*global regular expression print*

Busca, filtra e imprime un item en un archivo.

[Volver a la página de la agenda](#)

# Lista de comandos básicos

Command	Function	Syntax/example usage
mkdir	make directory	mkdir <b>DIRECTORY</b>
cp	copy files/directories	cp <b>SOURCE DESTINATION</b>
man	manual page (help)	man <b>COMMAND</b>
mv	move files/directories	mv <b>SOURCE DESTINATION</b>
touch	create file	touch <b>FILE</b>
nano	edit file	nano <b>FILE</b>
less	view file (with more options)	less <b>FILE</b>
more	view file (with less options)	more <b>FILE</b>
cat	catalog file contents	cat <b>FILE</b>
head	show first few lines of a file	head <b>FILE</b>
tail	show last few lines of a file	tail <b>FILE</b>
rmdir	remove empty directory	rmdir <b>DIRECTORY</b>
rm	remove file(s)	rm <b>FILE</b>

# Transferencias de archivos



## scp, rsync y sftp

Descarga remota de archivos.

---

## md5sum

Verificador de calidad de transferencia

---

[Volver a la página de la agenda](#)