



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

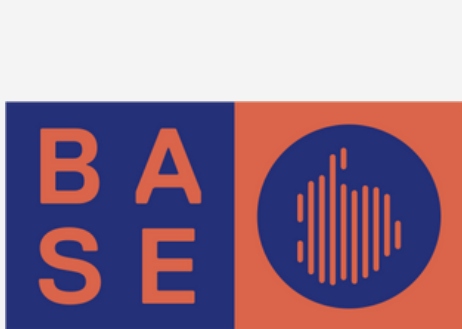
Este workshop está orientado para estudiantes que no poseen experiencia en el área de genómica ni bioinformática, especialmente para la reconstrucción de genomas completos a partir de genomas de referencia

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



Multitarea
Multiusuario

[Volver a la página de la agenda](#)

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

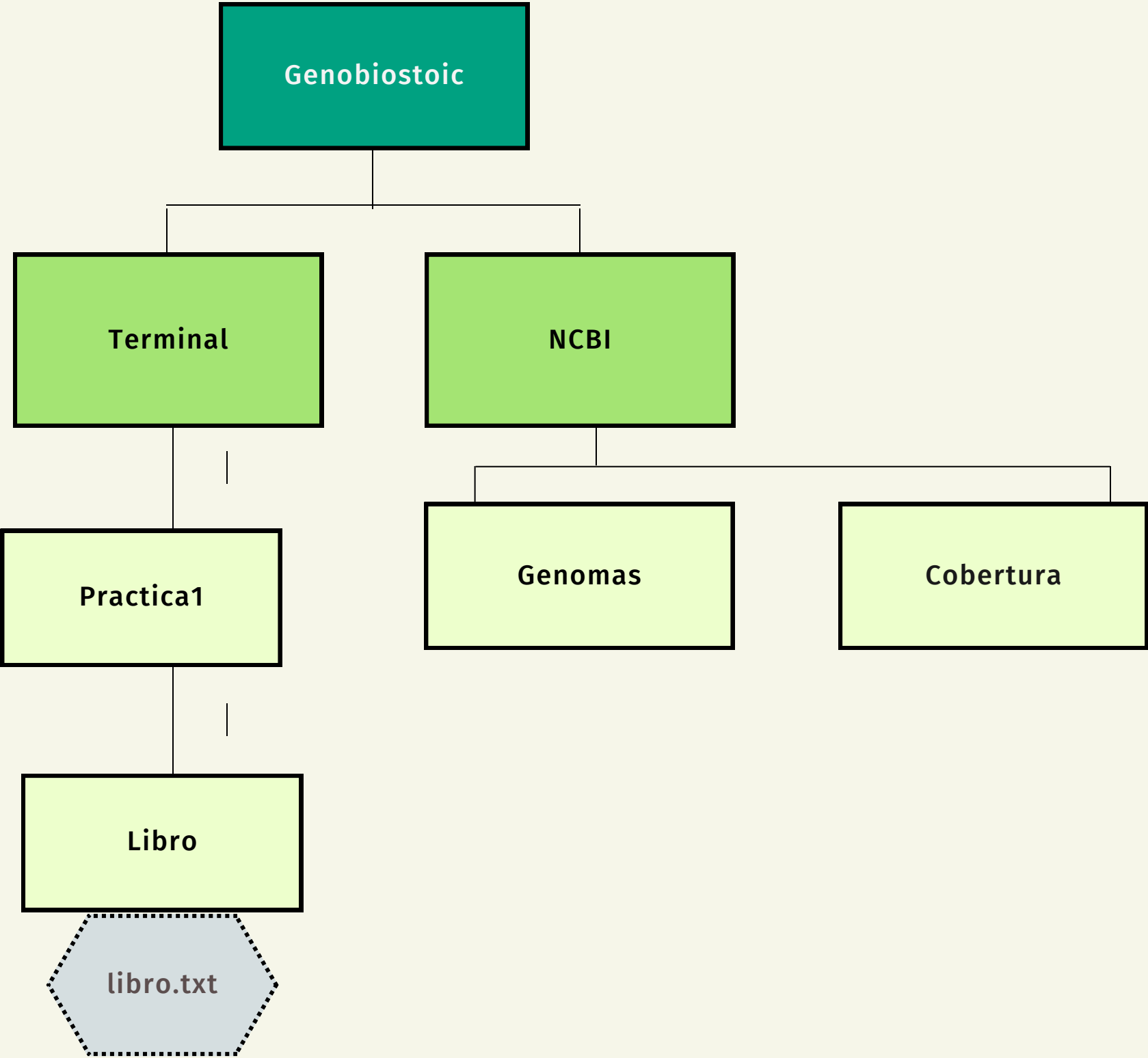
Lista los archivos en el directorio actual



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

Transferencias de archivos

scp, rsync y sftp

Descarga remota de archivos.

md5sum

Verificador de calidad de transferencia

[Volver a la página de la agenda](#)