Genomica Evolutiva 2021-2: Práctica 1

Deberan crear equipos de 2 a 4 personas para elaborar la practica y cada integrante debe participar en contestar las preguntas

Para cada una de las preguntas se deberan reportar los comandos que utilizaron

1-Crear una carpeta con el nombre de su equipo (comando mkdir)

2-Dentro de la carpera creada (punto 1), descargar la carpeta "Practica1_GenomicaEvolutiva.tar.gz" que se encuentra en la dirección de GitHub: https://github.com/Labevo/Clase_GenomicaEvolutiva.git (https://github.com/Labevo/Clase_GenomicaEvolutiva.git)

Pueden clonarlo con el comando:

```
git clone https://github.com/Labevo/Clase_GenomicaEvolutiva.git
```

O pueden descargarlo con wget o curl:

```
wget https://github.com/Labevo/Clase_GenomicaEvolutiva/archive/master.zip .
```

- 3-Descomprimir la carpeta (investigar descomprimir archivos con extención .tar.gz, .zip y .gzip)
- 4-Cuantos archivos contiene la carpeta "Practica1_GenomicaEvolutiva" y cuál es el tamaño de cada uno?
- 5- Que tipo de archivos son y que extensión tienen?
- 6- Cuantas secuencias hay en cada archivo?
- **7-** Calcular el tamaño del genoma y número de bases utilizando el script "script_stats_genome.sh" en el archivo con extensión .fna

Para ejecutar el script:

```
./script_stats_genome.sh Genoma_ensamble.fna Sequences_genome.fasta > Result_stats.txt
```

El resultado va a quedar guardado en el archivo Result_stats.txt

- 8- Cual es la base más y menos frecuente (pueden hacer gráficas)?
- 9- Que significan las "N" (investigar)?
- 10- Que proporcion del genoma es codificante, proporcion de elementos transponibles y proporcion de GC?
- 11- Repetir el ejercicio (7-11), crear una carpeta nueva y descargar un genoma desde NCBI (Ver video)

Nota: Puede tardar algunos minutos el analisis con el genoma que descargaron de NCBI

12- Eliminar los archivos de ensamble y comprimir los archivos restantes