

ReadindDNA1

Manuel Gijón Agudo

8/10/2018

Contents

SetUp	1
Contenido del archivo	1

SetUp

Antes de hacer cualquier análisis, cargamos el contenido del archivo .fasta utilizando las funciones básicas de R.

```
#cadena <- file("Data/gi32141095_N_0.fa", open="r")
cadena <- file("Data/gi32141095_N_1.fa", open="r")
print(secuencia <- readLines(cadena)) # imprimimos el contenido del archivo
```

```
## [1] ">gi|32141095:c685095-684409 Streptomyces coelicolor A3(2) chromosome, complete genome (trozo)"
## [2] "GCACTCTGGCCGCGGTCCTGCTCACCCTGATCCCCTGGAGCGCGT"
```

```
close(cadena)
```

Contenido del archivo

```
#print(secuencia[1]) # anotaciones
print('La cadena es la siguiente:')
```

```
## [1] "La cadena es la siguiente:"
```

```
print(ADN <- secuencia[2]) # cadena
```

```
## [1] "GCACTCTGGCCGCGGTCCTGCTCACCCTGATCCCCTGGAGCGCGT"
```

```
bases <- data.frame(strsplit(ADN, NULL))
print('La secuencia tiene la siguiente longitud:')
```

```
## [1] "La secuencia tiene la siguiente longitud:"
```

```
print(length(strsplit(ADN, NULL)[[1]]))
```

```
## [1] 45
```

```
print('Las bases se reparten de la siguiente manera en la secuencia:')
```

```
## [1] "Las bases se reparten de la siguiente manera en la secuencia:"
```

```
table(bases)
```

```
## bases
##  A  C  G  T
##  4 19 13  9
```