

# 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")
print(secuencia <- readLines(cadena)) # imprimimos el contenido del archivo

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

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] "ATGACTTGTCATGATCGCGCCAAAATTCAACTCGCCGGAAGGGCCCGACGGGCGACGACCCTCGTCCTCA"
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] 70
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
## 16 24 18 12
```