

Ejercicios - Clase 0

1. Navegación básica

- Abre tu terminal o shell.
- Utiliza el comando `pwd` para identificar en qué directorio te encuentras.
- Navega al directorio raíz utilizando el comando `cd /`.
- Lista el contenido del directorio raíz con `ls`.
- Desde el directorio raíz, navega a tu directorio de usuario utilizando una ruta absoluta `cd /home/tu_usuario`.
- Usa `pwd` para confirmar que estás en el lugar correcto.

2. Exploración de directorios

- Desde tu directorio de usuario, crea un nuevo directorio llamado `practica` utilizando el comando `mkdir`.
- Entra al directorio `practica` usando el comando `cd`.
- Dentro de `practica`, crea tres directorios: `dir1`, `dir2` y `dir3`.
- Navega al directorio `dir1` y crea un archivo vacío llamado `archivo1.txt` (puedes usar `touch archivo1.txt`).
- Sin salir de `dir1`, usa una ruta relativa para listar el contenido del directorio `dir2`.

3. Variables - crear una Variable

- crear una variable llamada `nombre` y asignarle su nombre.

```
nombre="TuNombre"
```

- Mostrar el Contenido de la Variable: impriman el contenido de la variable usando `echo`.

```
echo "Mi nombre es $nombre"
```

- Modificar el Valor de la Variable: cambien el valor de la variable `nombre`.

```
nombre="NuevoNombre"
```

- Imprimir el Nuevo Valor: imprimir el contenido de la variable para ver el cambio.

```
echo "Mi nuevo nombre es $nombre"
```

4. Uso de rutas absolutas

- Desde cualquier ubicación en la terminal, navega al directorio `practica` utilizando una ruta absoluta. (Ejemplo: `cd /home/tu_usuario/practica`).
- Una vez dentro de `practica`, usa una ruta absoluta para mover `archivo1.txt` desde `dir1` a `dir3`. (Puedes usar el comando `mv` junto con las rutas absolutas).
- Lista el contenido de `dir3` para confirmar que `archivo1.txt` está allí.

5. Regreso al inicio y limpieza

- Sin importar en qué directorio te encuentres, regresa a tu directorio de usuario usando el comando `cd` sin argumentos adicionales.
- Lista el contenido de tu directorio de usuario para confirmar que el directorio `practica` está allí.
- Elimina el directorio `practica` y todo su contenido. (¡Ten cuidado con este paso! Puedes usar `rm -r practica`).
- Usa `ls` para confirmar que `practica` ha sido eliminado.

6. Creación de una estructura de directorios para un proyecto de bioinformática

Supongamos que estás trabajando en un proyecto de secuenciación. Necesitas organizar tus datos crudos, scripts, resultados y literatura. Aquí tienes un ejercicio paso a paso para simular este escenario:

- Crea un directorio llamado `proyecto_secuenciacion` en tu directorio de usuario.

```
mkdir ~/proyecto_secuenciacion
```

- Navega al directorio que acabas de crear.

```
cd ~/proyecto_secuenciacion
```

- Crea los siguientes directorios: `datos_crudos`, `scripts`, `resultados` y `literatura`.

```
mkdir datos_crudos scripts resultados literatura
```

- Dentro de `datos_crudos`, crea dos directorios: `RNA_seq` y `DNA_seq`.

```
cd datos_crudos
```

```
mkdir RNA_seq DNA_seq
```

- Dentro de cada uno de estos subdirectorios, crea 3 archivos FASTQ simulados (solo como placeholders, estarán vacíos).

```
cd RNA_seq
```

```
touch muestra1_R1.fastq muestra1_R2.fastq muestra2_R1.fastq
```

```
cd ../DNA_seq
```

```
touch sampleA_R1.fastq sampleA_R2.fastq sampleB_R1.fastq
```

- En el directorio `scripts`, crea un archivo de script vacío llamado `analisis.sh`.

```
cd ../../scripts
```

```
touch analisis.sh
```

- En el directorio `literatura`, crea un archivo vacío llamado `articulo_referencia.pdf`.

```
cd ../literatura
```

touch articulo_referencia.pdf

cd ../literatura

touch articulo_referencia.pdf

- Visualice todo utilizando a un explorador de archivos y ve si la estructura esta correcta.
- Si deseas eliminar todo lo que creaste durante este ejercicio, asegúrate de estar en tu directorio de usuario y ejecuta:

rm -r ~/proyecto_secuenciacion

7. Variables - Operaciones con valores

- Crear tres variables: edad, nombre y profesion, asignándoles valores. Ejemplo:

```
edad=25
nombre="Juan"
profesion="ingeniero"
```

- Concatenar y Mostrar Variables:

```
mensaje="Hola, me llamo $nombre, tengo $edad años y soy un $profesion."
echo $mensaje
```

- Poden realizar operaciones matemáticas con las variables en la shel. Haga un ejemplo con "edad".

```
edad=$((edad + 5))
echo "Después de 5 años, mi edad será $edad años."
```

```
mensaje="Hola, me llamo $nombre, tengo $edad años y soy un $profesion."
echo $mensaje
```

Condicionales con Variables:

- Utilice una estructura condicional para verificar si la edad es mayor o igual a 25.

```
if [ $edad -ge 25 ]; then
    echo "¡Me gusta Friends! :)"
else
    echo "Me gusta How I meet your mother :("
fi
```

8. Verificación de Archivos y Directorios

- Crear una variable archivo y otra directorio. Atribua un valor de directorio que exista y de un archivo ficticio que no exista. Ejemplo:

```
directorio='/home/mi-usuario'  
archivo='/home/mi-usuario/archivo-que-no-exista'
```

- Utilize a un condicional para verificar si el archivo existe.

```
if [ -e "$archivo" ]; then  
    echo "El archivo $archivo existe."  
else  
    echo "El archivo $archivo no existe."  
fi
```

- Utilize otro condicional para verificar si el directorio existe.

```
if [ -d "$directorio" ]; then  
    echo "El directorio $directorio existe."  
else  
    echo "El directorio $directorio no existe."  
fi
```

9. Script para Descargar Secuencias en Formato FASTA desde NCBI

- Objetivo: Crear un script llamado descargar_fasta.sh que tome un identificador de secuencia (ID) y un nombre de archivo como parámetros. El script deberá descargar la secuencia en formato FASTA correspondiente al ID y guardarla en el archivo especificado.
- Crear un script llamado descargar_fasta.sh
- Abre en tu editor de texto preferido (por ejemplo, gedit, sublime, vs code, notepad++.)
Escribe el siguiente contenido en el archivo:

```
#!/bin/bash  
  
# Verifica si se proporcionaron los dos argumentos  
if [ "$#" -ne 2 ]; then  
    echo "Uso: $0 <ID_secuencia> <nombre_archivo>"  
    exit 1  
fi  
  
ID_SEC=$1  
NOMBRE_ARCHIVO=$2  
  
# Utiliza wget para descargar la secuencia y guardarla en el archivo especificado  
wget -q -O -  
"https://eutils.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/eutils/efetch.fcgi?db=nucleotide&id=$ID_SEC&rettype=fasta" > $NOMBRE_ARCHIVO
```

```
# Mensaje para confirmar la descarga
echo "Secuencia $ID_SEC descargada y guardada en $NOMBRE_ARCHIVO"
```

- Guarda y sierra el archivo en um directorio llamado ref, en su /home/usuario
- Haz el script ejecutable: RECUERDA SIEMPRE LOS PERMISSOS CON ls -lh

```
chmod +x descargar_fasta.sh
```

- Adentra el directorio y ejecuta el script

```
./descargar_fasta.sh NC_XXXXX mi_secuencia.fasta
```

- Hazlo para DENV1, 2, 3 y 4.

```
DENV1 NC_001477
```

```
DENV2 NC_001474
```

```
DENV3 NC_001475
```

```
DENV4 NC_002640
```

- Arregla los archivos para que empiezen com DENVx

```
>DENV1 NC_001477 Dengue virus 1, complete genome. [Dengue virus 1 |
11053.35]
```

- En el directorio que descargaste los archivos, usa a cat para poner todo en un unico archivo

```
cat *.fasta > reference.fasta
```