**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.

1. **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.

1. **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"

1. **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.

1. **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.

1. **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 utilisando 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

1. **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 ejenplo 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

1. **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

1. **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=nuccore&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