

Práctica de Laboratorio 1. Bioinformática y simulación de bioprocesos

Ejercicio 1. Indica que comandos debes usar si quieres generar un archivo de texto con esa información.

- `grep "PASS" file.vcf > resultados.txt`
- `grep "q10" file.vcf >> resultados.txt`

Tenemos un nuevo fichero file2.vcf que ha perdido la información de la cabecera. Sabemos que la cabecera del fichero file.vcf nos vale, añadir la cabecera de file.vcf al fichero file2.vcf creando un nuevo fichero. Indica los comandos usados.

- `Head -n 1 file.vcf`
- `Head -n 1 file.vcf > cabecera.vcf`
- `cat cabecera.vcf file2.vcf > merged.files`

Ejercicio 2. En el mismo directorio crea un nuevo archivo de texto llamado akkermansia.txt donde se seleccionen los siguientes aspectos (Indica los comandos usados).

- **La cabecera del archivo original prokaryotes.txt**
- **Todos los genomas de "Akkermansia"**
- `head -n 1 prokaryotes.txt > akkermansia.txt`
- `grep "Akkermansia" prokaryotes.txt >> akkermansia.txt`

¿Cómo pueden verse las primeras 10 líneas del archivo?

`head akkermansia.txt`

¿Cuántos genomas de Akkermansia muciniphila hay?

Hay 256 genomas

- `grep "Akkermansia muciniphila" akkermansia.txt | wc -l`

¿Cuántos de Akkermasia biwaensis?

Hay 1 de akkermansia biwaensis

- `grep "Akkermansia biwaensis" akkermansia.txt | wc -l`

Elimina el archivo= `rm prokaryotes.txt`

Ejercicio 3. Ejercicio 3: (1 pto)

Escribe un script llamado `fastq_script.sh` que muestre todos los nombres de archivos `.fastq` luego cuente el número de líneas en cada archivo y al finalizar diga un mensaje de "Terminado". Recuerda hacerlo ejecutable

```
Last login: Sun Oct 6 18:12:00 on console
sofiaenriquezvazquez@MacBook-Pro-de-Sofia ~ % lab1
zsh: command not found: lab1
sofiaenriquezvazquez@MacBook-Pro-de-Sofia ~ % cd lab1
sofiaenriquezvazquez@MacBook-Pro-de-Sofia lab1 % ls
cabecera.vcf  ejercicio2      fastq_script.sh file.vcf file2.vcf      merged.files
resultados.txt untrimmed_fastq
sofiaenriquezvazquez@MacBook-Pro-de-Sofia lab1 % nano script.sh
sofiaenriquezvazquez@MacBook-Pro-de-Sofia lab1 % chmod +x script.sh
sofiaenriquezvazquez@MacBook-Pro-de-Sofia lab1 % ./script.sh
*.fastq
wc: *.fastq: open: No such file or directory
terminado
sofiaenriquezvazquez@MacBook-Pro-de-Sofia lab1 % ls
cabecera.vcf  ejercicio2      fastq_script.sh file.vcf file2.vcf      merged.files
resultados.txt script.sh      untrimmed_fastq
sofiaenriquezvazquez@MacBook-Pro-de-Sofia lab1 % ./script.sh
SRR097977.fastq
    996 SRR097977.fastq
terminado
SRR098026.fastq
    996 SRR098026.fastq
terminado
sofiaenriquezvazquez@MacBook-Pro-de-Sofia lab1 % cd ..
```