

LABORATORIO 1 SERGIO SUALDEA (NP: 1464979) Y JUAN JARÉN (NP: 146860)

EJERCICIO 1

1. **Selecciona aquellos SNPs que han pasado todos los filtros (Tienen el texto PASS). Selecciona también aquellos SNPs que no han pasado el filtro de calidad (Tienen el texto q10). Indica que comandos debes usar si quieres generar un archivo de texto con esa información.**

```
$ grep "PASS" file.vcf > ejercicio1.txt
```

```
$ grep "q10" file.vcf >> ejercicio1.txt
```

2. **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.**

```
$ grep "#" file.vcf > file2cabeceras.txt (file2cabeceras.txt es el archivo que hemos creado nosotros para incluir las cabeceras de file1 en los datos de file2)
```

```
$ cat file2cabeceras.txt file2.vcf >> file2cabeceras.txt
```

EJERCICIO 2

1. **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".**

```
$ grep "TaxID" prokaryotes.txt > akkermansia.txt
```

```
$ grep "Akkermansia" prokaryotes.txt >> akkermansia.txt
```

2. **Sobre el archivo akkermansia.txt conteste indicando el comando usado:**
¿Cómo pueden verse las primeras 10 líneas del archivo?
¿Cuántos genomas de Akkermansia muciniphila hay?
¿Cuántos de Akkermansia biwaensis?

```
$ head akkermansia.txt
```

```
$ grep -c "Akkermansia muciniphila" akkermansia.txt → 1205 genomas de Akkermansia muciniphila
```

```
$ grep -c "Akkermansia biwaensis" akkermansia.txt → 1 genoma de Akkermansia biwaensis
```