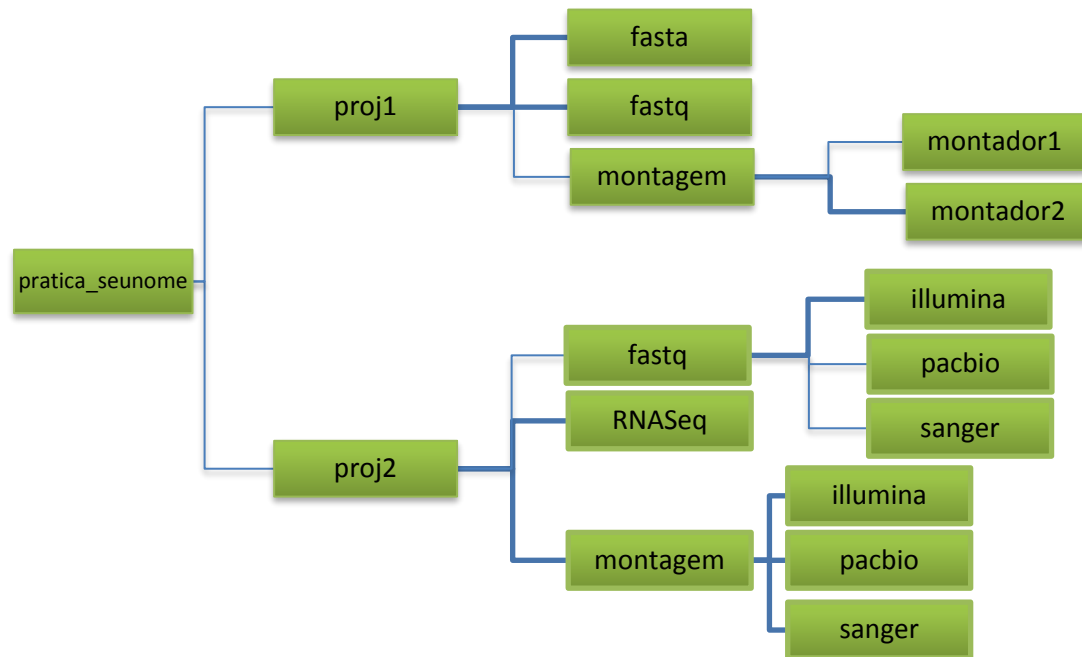


Prática de Linux

- 1) Criar no seu diretório home (user01, user02, ...), a seguinte estrutura de diretórios.



- 2) Renomear diretórios:
 - “proj2/fastq/sanger” para “proj2/fastq/454”
 - “proj2/montagem/sanger” para “proj2/montagem/454”

- 3) Remover diretório “proj2/RNASeq”.

- 4) Renomear diretório “proj2” para “Arroz”

- 5) Fazer download dos seguintes arquivos.

http://www.lactad.unicamp.br/DATA/curso_XV/SRR454342_1.fasta.gz

http://www.lactad.unicamp.br/DATA/curso_XV/SRR454342_2.fasta.gz

http://www.lactad.unicamp.br/DATA/curso_XV/SRR507778_1.1.fastq.gz

http://www.lactad.unicamp.br/DATA/curso_XV/SRR507778_1.2.fastq.gz

http://www.lactad.unicamp.br/DATA/curso_XV/SRR507778_1.3.fastq.gz

http://www.lactad.unicamp.br/DATA/curso_XV/SRR507778_1.4.fastq.gz
http://www.lactad.unicamp.br/DATA/curso_XV/SRR507778_2.1.fastq.gz
http://www.lactad.unicamp.br/DATA/curso_XV/SRR507778_2.2.fastq.gz
http://www.lactad.unicamp.br/DATA/curso_XV/SRR507778_2.3.fastq.gz
http://www.lactad.unicamp.br/DATA/curso_XV/SRR507778_2.4.fastq.gz

6) Mover arquivos “fasta.gz” para diretório “proj1/fasta”, e descompactá-los.

7) Mover arquivos “fastq.gz” para diretório “proj1/fastq”, e descompactá-los.

8) Sabendo que o arquivo fasta possui o caracter ‘>’ para indicar a linha de descrição de cada sequência, conte o número de sequencias de cada arquivo fasta do diretório “proj1/fasta”.

9) No diretório “proj1/fastq”:

a) criar um único arquivo chamado “SRR507778_1.fastq” com o conteúdo dos arquivos:

- SRR507778_1.1.fastq
- SRR507778_1.2.fastq
- SRR507778_1.3.fastq
- SRR507778_1.4.fastq

b) criar um único arquivo chamado “SRR507778_2.fastq” com o conteúdo dos arquivos:

- SRR507778_2.1.fastq
- SRR507778_2.2.fastq
- SRR507778_2.3.fastq
- SRR507778_2.4.fastq

10) Rodar o programa “fastx_quality_stats” para os arquivos criados no exercicio anterior (“SRR507778_1.fastq”, “SRR507778_2.fastq”).

- Passar o argumento “-Q33” para o programa.
- Use o argumento “-h” para ver como o programa funciona.