



Taller de Genómica y Bioinformática: Estructura Genómica poblacional

Este workshop está orientado a participantes cuyo objetivo, principal o secundario, sea el análisis de estructura genómica a partir de archivos VCFs

Día 1: Breve repaso de comandos básicos de la terminal bash. Conceptos básicos sobre los archivos VCFs. Edición y manejo de archivos VCFs. Filtros básicos y especiales

Día 2 : Análisis exploratorios de estructura. Análisis de componentes principales PCA, Análisis de Coordenadas Principales PCoA, Admixture.

Día 3: Matrices de diferenciación F_{st} Weir and Cockherman, gráficas de Manhattan Plots por cromosomas.

Día 4: Ediciones generales de archivos BAM. Marcaje/remoción de reads duplicados, obtención de índices BAM y realineamientos locales.





Taller de Genómica y Bioinformática: Estructura Genómica poblacionales

Terminal bash: comandos básicos



Terminal

- Qué es la Terminal Linux/OX
- Navegar por stmas de directorios
- Interactuar con archivos
- Descargar y editar archivos
- Mover, copiar y borrar archivos

Terminal LINUX

- La "shell" es una interfaz gráfica
- Opera a través de líneas de comando
- Los comandos son programas
- Actúan como interlocutor o intérprete entre sistemas complejos y nosotros



Multitarea
Multiusuario

[Volver a la página de la agenda](#)

Navegar entre stmas de archivos

`pwd`

Print working directory

Permite saber dónde estás.

`cd`

Change directory

Cambia el directorio actual

`mkdir`

Make directory

Crea un directorio

`ls`

list

Lista los archivos en el directorio actual



[Volver a la página de la agenda](#)



Descarga y edición de archivos

git clone

Clona y descarga remota de archivos.

nano

Editor de texto plano.

[Volver a la página de la agenda](#)

Interactuar con archivos.

Ahora tenemos herramientas poderosas

cat

Print file

Imprime el contenido de un archivo.

head

Print head file

Imprime el encabezado de un archivo.

tail

Print tail file

Imprime el final de un archivo.

grep

global regular expression print

Busca, filtra e imprime un item en un archivo.

[Volver a la página de la agenda](#)

Lista de comandos básicos

Command	Function	Syntax/example usage
mkdir	make directory	mkdir DIRECTORY
cp	copy files/directories	cp SOURCE DESTINATION
man	manual page (help)	man COMMAND
mv	move files/directories	mv SOURCE DESTINATION
touch	create file	touch FILE
nano	edit file	nano FILE
less	view file (with more options)	less FILE
more	view file (with less options)	more FILE
cat	catalog file contents	cat FILE
head	show first few lines of a file	head FILE
tail	show last few lines of a file	tail FILE
rmdir	remove empty directory	rmdir DIRECTORY
rm	remove file(s)	rm FILE

Transferencias de archivos

scp, rsync y sftp

Descarga remota de archivos.

[Volver a la página de la agenda](#)

Elaboración de scripts.



Frontend

nohup ./

```
source activate samtools
```

```
samtools view -q 20 -f 0x2 -bSh -@ 20 /data6/testacc/fabiola/10ADI_Enovo.sam > /data6/testacc/fabiola/10ADI_Enovo.bam
```

```
samtools view -q 20 -f 0x2 -bSh -@ 20 /data6/testacc/fabiola/10ADYI_Enovo.sam > /data6/testacc/fabiola/10ADYI_Enovo.bam
```



Taller de Genómica y Bioinformática: Estructura Genómica poblacionales

Archivos VCFs: Conceptos e edición e interacción





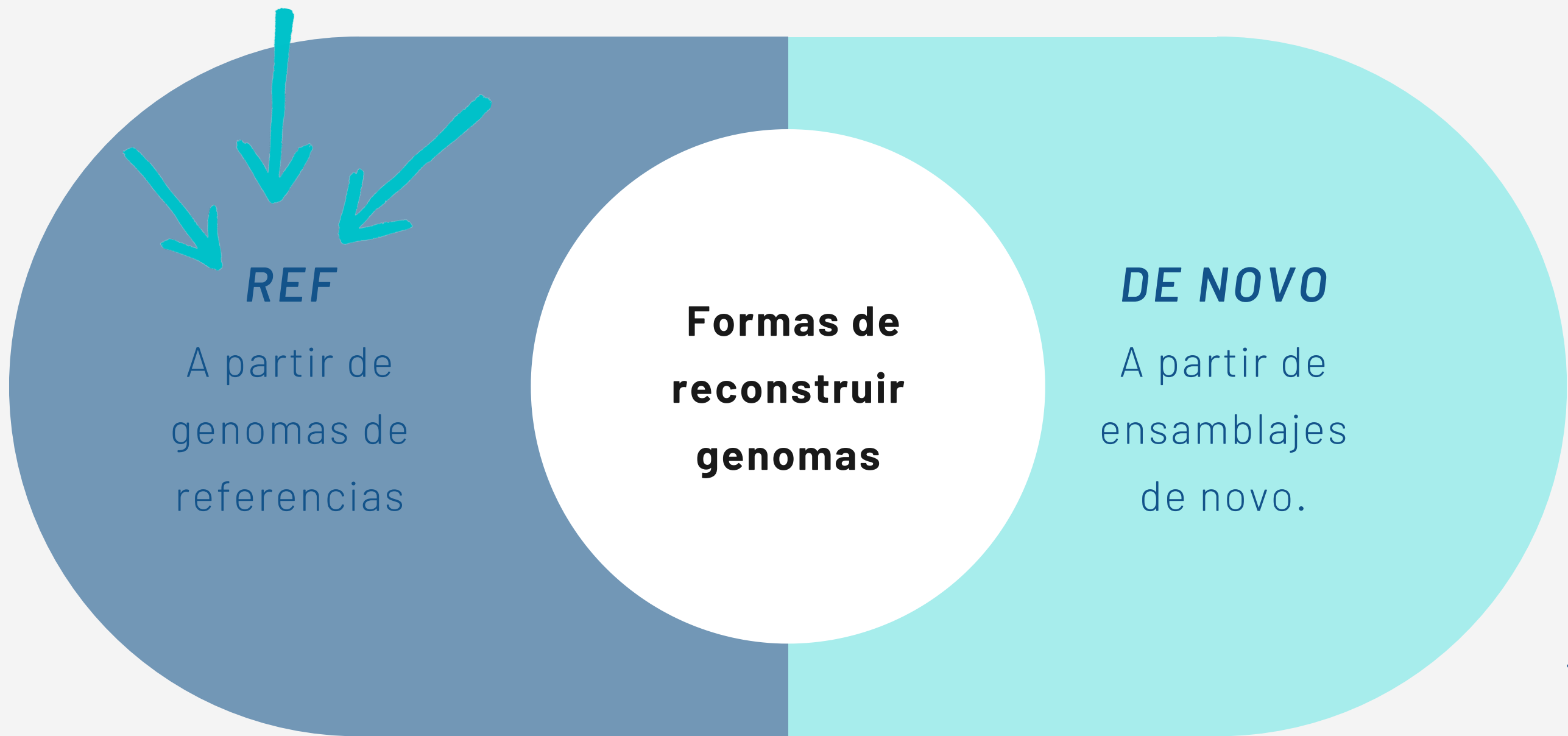
Archivos VCFs

Es un archivo de texto de llamado de variantes (.vcf)

Es el resultado de un proceso de bioinformático donde se congrega información de los sitios genéticos variantes y/o invariantes una o más muestras.

Contiene información relevante como nombre de cromosomas, posición, ID de los individuos, etc.





GENÓMICA

Proceso de resecuenciación contra genoma de referencia

