

Laboratorio I: Shell scripting

Ejercicio 1: (4 ptos)

- 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 qué comandos debes usar si quieres generar un archivo de texto con esa información.

```
ruizl@LAPTOP-IUI555GP MINGW64 ~/hello-world/laboratorio1 (main)
$ grep "PASS" file.vcf > RESULTADOEJ1.txt

ruizl@LAPTOP-IUI555GP MINGW64 ~/hello-world/laboratorio1 (main)
$ grep "q10" file.vcf >> RESULTADOEJ1.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.

La cabecera es la primera línea de nuestro archivo file.vcf. primero la extraemos y colocamos en un archivo nuevo:

```
ruizl@LAPTOP-IUI555GP MINGW64 ~/hello-world/laboratorio1 (main)
$ head -1 file.vcf > nuevo_file2.vcf
```

Como el archivo file2.vcf ha perdido la información de la cabecera, usamos el comando tail -n +2 para ignorar la primera línea al procesar el contenido. Usamos tail para saltarnos la primera línea de file2.vcf y añadir el resto al nuevo archivo.

```
ruizl@LAPTOP-IUI555GP MINGW64 ~/hello-world/laboratorio1 (main)
$ tail -n +2 file2.vcf >> nuevo_file2.vcf
```

Ejercicio 2: (5 ptos)

- Sobre el archivo akkermansia.txt conteste indicando el comando usado:
 - **¿Cómo pueden verse las primeras 10 líneas del archivo?**
Para ver las primeras 10 líneas de un archivo, usamos el comando head.

```
ruizl@LAPTOP-IUI555GP MINGW64 ~/hello-world/laboratorio1 (main)
$ nano akkermansia.txt
```

- **¿Cuántos genomas de Akkermansia muciniphila hay?**
Gracias a la comanda -c de grep podemos contar el número de coincidencias de la búsqueda.

```
ruizl@LAPTOP-IUI555GP MINGW64 ~/hello-world/laboratorio1 (main)
$ grep -c "Akkermansia muciniphila" akkermansia.txt
1205
```

- **¿Cuántos de Akkermasia biwaensis?**

```
ruizl@LAPTOP-IUI555GP MINGW64 ~/hello-world/laboratorio1 (main)
$ grep -c "Akkermansia biwaensis" akkermansia.txt
1
```

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.

```
#!/bin/bash

# Mostrar todos los archivos .fastq en el directorio actual
echo "Archivos .fastq en el directorio actual:"
ls *.fastq

# Contar el número de líneas en cada archivo .fastq
for file in *.fastq
do
    echo "Contando líneas en $file..."
    wc -l "$file"
done

# Mensaje final
echo "Terminado"
```

Para hacer el script ejecutable usamos este comando

```
ruizl@LAPTOP-IUI555GP MINGW64 ~/hello-world/laboratorio1/untrimmed_fastq (main)
$ chmod +x fastq_script.sh
```

María Ruiz-Longarte 141354
Julia Marcó 141374

Para ejecutar el script usamos este comando:

```
ruizl@LAPTOP-IUI555GP MINGW64 ~/hello-world/laboratorio1/untrimmed_fastq (main)
$ ./fastq_script.sh
Archivos .fastq en el directorio actual:
SRR097977.fastq SRR098026.fastq
Contando líneas en SRR097977.fastq...
996 SRR097977.fastq
Contando líneas en SRR098026.fastq...
996 SRR098026.fastq
Terminado
```