

PRÁCTICAS BIOINFORMÁTICA

Marina Paz (143353)

Paula Guevara (145921)

Ejercicio 1

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

- Primero creamos un archivo de texto dentro de la carpeta de laboratorio1
nano resultadospractica1
- Seleccionamos los SNPs que han pasado todos los filtros y lo metemos en el archivo de texto *resultadospractica1*
grep "PASS" file.vcf > resultadospractica1
- Seleccionamos los SNPs que no han pasado el filtrado de calidad y los añadimos también a *resultadospractica1*
grep "q10" file.vcf >> resultadospractica1

2. **El fichero file2.vcf 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.**

- Creamos un nuevo archivo con la cabecera de file.vcf llamado cabecera.vcf
head -n 1 file.vcf > cabecera.vcf
- Unimos el archivo nuevo cabecera.vcf con el archivo file2.vcf en un archivo final llamado merged.files 2 cm
cat cabecera.vcf file2.vcf > merged.files

Ejercicio 2

1. **En el mismo directorio crea un nuevo archivo de texto llamado akkermansia.txt donde se seleccionen los siguientes aspectos: la cabecera del archivo original prokaryotes.txt y todos los genomas de "Akkermansia" . Indica los comandos usados.**

- Creamos la carpeta ejercicio2 y descargamos el archivo prokaryotes.txt.
mkdir ejercicio2
- Creamos un archivo con la cabecera de prokaryotes.txt llamado akkermansia.txt
head -n 1 prokaryotes.txt > akkermansia.txt
- Añadimos los genomas de "Akkermansia" en el archivo 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?
head akkermansia.txt
- ¿Cuántos genomas de Akkermansia muciniphila hay?
Hay 1205 genomas de Akkermansia muciniphila
grep -c "Akkermansia muciniphila" akkermansia.txt
- ¿Cuántos de Akkermansia biwaensis?
Hay 1 genoma de Akkermansia biwaensis
grep -c "Akkermansia biwaensis" akkermansia.txt

3. Por último, elimina el archivo prokaryots.txt

rm prokaryotes.txt