

# Análise exploratória

Jean Resende

## Contexto

Este relatório refere-se a exploração da extração de TCR e BCR da coorte TCGA-ACC. O Objetivo é visualizar a quantidade de sequências, quantidade de receptores por gêneros e perfil esteroidal. Estou considerando tanto as sequências brutas de TCR e BCR, quanto as sequências de clonótipos (geradas na análise de clones).

```
# -- arquivos necessarios
load("tcgaACC_pre_processed.RData")

outputTrust4_report <-
  "../../../Projetos/Bigdata/BigData/BigData/repertorio_tcrbcr_acc/data/outputTrust4_report

files <- list.files(outputTrust4_report)

writeLines(files, "samplesNames.txt") # gerando samplesNames.txt
file.exists("samplesNames.txt")

while read SAMP
do
  echo "processing ${SAMP}"
  python3 trust-stats.py -r ../../../Projetos/Bigdata/BigData/BigData/repertorio_tcrbcr_
done < samplesNames.txt
```