

# Practicas1

**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 que comandos debes usar si quieres generar un archivo de texto con esa información.**

```
$ grep -w "PASS" file.vcf > resultado.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.**

```
$ head -n 1 file.vcf > cabecera.txt
```

```
$ cat cabecera.txt file2.vcf > file2complete.vcf
```

**En el mismo directorio crea un nuevo archivo de texto llamado akkermansia.txt donde se seleccionen los siguientes aspectos (Indica los comandos usados)**

**La cabecera del archivo original prokaryots.txt**

**Todos los genomas de "Akkermansia".**

```
$ head -n 1 prokaryotes.txt > cabecera2
```

```
$ grep "Akkermansia" prokaryotes.txt > akkermansiagenes
```

```
$ cat cabecera2 akkermansiagenes > Akkermansia.txt
```

**¿Cómo pueden verse las primeras 10 líneas del archivo?**

```
$ head -n 10 Akkermansia.txt
```

**¿Cuántos genomas de Akkermansia muciniphila hay?**

```
$ grep "Akkermansia muciniphila" Akkermansia.txt > Akkermansiamuciniphila.txt
```

```
$ wc -l Akkermansiamuciniphila.txt
```

```
1205
```

**¿Cuántos de Akkermasia biwaensis?**

```
$grep "Akkermansia biwaensis" Akkermansia.txt > Akkermansiabiwaensis.txt
```

```
$ wc -l Akkermansiabiwaensis.txt
```

```
1
```