

Bioinformática y análisis de datos ómicos

© Ignacio Varela Egocheaga

Este material se publica bajo licencia Creative Commons CC BY-NC-SA 4.0



EJERCICIOS TEMA 1. 2

Descarga la [carpeta para realizar los ejercicios del Tema 1](#) . A continuación, realiza las distintas actividades de abajo.

1.- Uno de los archivos de la carpeta no está codificado en código de texto ASCII. ¿Cuál es? ¿Qué pasa cuando intentamos leerlo con el comando `more` o el comando `less`?

2.- Comprueba los permisos de lectura, escritura y ejecución de todos los archivos de la carpeta.

3.- Modifica los permisos del archivo `Sample2.fastq` para que solo el propietario tenga permisos de escritura pero no el resto de usuarios.

4.- Imprime en pantalla las primeras 50 líneas del archivo `Datos.fastq`

5.- Genera un nuevo archivo de texto denominado “Encabezamiento.sam” con las primeras 200 líneas del archivo `Sample3.sam`

6.- Genera un nuevo archivo denominado “medio.sam” que contenga la información desde la línea 60 hasta la 240 del archivo `Sample1.sam`

7.- Dos de los archivos de la carpeta son en realidad el mismo archivo duplicado y con el nombre cambiado. Pega debajo el comando que puedes ejecutar para comprobar esto e indica qué archivos son los que corresponden al mismo archivo.