

Welcome to The Carpentries Etherpad!

This pad is synchronized as you type, so that everyone viewing this page sees the same text. This allows you to collaborate seamlessly on documents.

Use of this service is restricted to members of The Carpentries community; this is not for general purpose use (for that, try <https://etherpad.wikimedia.org>).

Users are expected to follow our code of conduct: [https://docs.carpentries.org/topic\\_folders/policies/code-of-conduct.html](https://docs.carpentries.org/topic_folders/policies/code-of-conduct.html)

All content is publicly available under the Creative Commons Attribution License:  
<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>

-----  
Antes de empezar llenemos el siguiente formulario:

Pre-workshop survey: <https://carpentries.typeform.com/to/wi32rS?slug=2024-12-10-Workshop-Bash>

Cuestionario post workshop:

<https://carpentries.typeform.com/to/UgVdRQ?slug=2024-12-10-Workshop-Bash>

Las lecciones se encuentran en [https://iscb-rsg-mexico.github.io/Workshop\\_Bash2024/](https://iscb-rsg-mexico.github.io/Workshop_Bash2024/)  
Basandonos en la leccion de Software Carpentry <https://swcarpentry.github.io/shell-novice-es/> y RSG-Ecuador <https://rsg-ecuador.github.io/unix.bioinfo.rsgecuador/README.html>

La pagina oficial generada para Software Carpentry <https://iscb-rsg-mexico.github.io/2024-12-10-Workshop-Bash/>

Sus usuarios y contraseñas se encuentra aquí

[https://docs.google.com/spreadsheets/d/1dbiq4Dyhd9MwKwhb5GByQ\\_yRcVMrNv3iNRtzuTAnm3M/edit?usp=drivesdk](https://docs.google.com/spreadsheets/d/1dbiq4Dyhd9MwKwhb5GByQ_yRcVMrNv3iNRtzuTAnm3M/edit?usp=drivesdk)

VieRnes de Bioinformatica

- Pagina web con videos: <https://viernesbioinformatica.github.io/rnes/playlist/>
- Github 2023 - parte 0 <https://github.com/EveliaCoss/ViernesBioinfo2023>
- Github 2024 - Parte 1 <https://github.com/EveliaCoss/ViernesBioinfo2024>
- Github 2024 - Parte 3 [https://github.com/EveliaCoss/ViernesBioinfo2024\\_parte2](https://github.com/EveliaCoss/ViernesBioinfo2024_parte2)
- Curso: Bases para la inferencia filogenética, construcción, lectura e interpretación de árboles filogenéticos [https://github.com/EveliaCoss/Filogenetic\\_Workshop2024](https://github.com/EveliaCoss/Filogenetic_Workshop2024)

----- Asistencia 10 de diciembre 2024 -----

Nombre de los asistentes, institucion, Pais y correo

Ejemplo: Evelia Lorena Coss Navarrete, LIIGH-UNAM, Mexico, [ecosnav@gmail.com](mailto:ecosnav@gmail.com)

1. Ameyalli Flores Herrera, Tec de Monterrey, [amefloher@gmail.com](mailto:amefloher@gmail.com) +
2. Clere Mishell López Marmolejo, UAEMéx, México, [marmolejoclere@gmail.com](mailto:marmolejoclere@gmail.com) +
3. Andrea Iridiana Barraza Ochoa, INECOL A.C., México, [andrea.irid@gmail.com](mailto:andrea.irid@gmail.com) +
4. Blanca Judith Valdovinos Navarro, CICESE, México, [valdovinos@cicese.edu.mx](mailto:valdovinos@cicese.edu.mx)
5. Rodelo Noriega Eldrwich Rafael, UAS (Sinaloa, México), [rafaelrodello.fcqb@uas.edu.mx](mailto:rafaelrodello.fcqb@uas.edu.mx)

6. Luis Jose Hume Quiroz, UNT, Perú, lujojiu@gmail.com +
7. Karen Sevilla Landaverde, Instituto de Química, UNAM, sevilalandaverde@gmail.com +
8. Víctor Miguel García Velásquez, CINVESTAV, México, victor.garcia@cinvestav.mx +
9. Jesús Javier López López, CIAD, México, javierll2910@gmail.com+
10. Sara Elizabeth Quiroz Morales, Instituto de Investigaciones Biomedicas, UNAM, México squiroz@iibiomedicas.unam.mx +
11. Marco Antonio Morales, UASLP (San Luis Potosi, México) marcoantoniorrt73@gmail.com+
12. Alma Jaqueline Heredia Mendez UV (Xalapa, México) herediamendezj@gmail.com
13. David Ramírez Salmerón, UAGro (México), orfedrs@gmail.com +
14. María José Castro Mondragón, Egresada de la Lic. en Genómica, México, mond.soc@gmail.com +
15. Luis Alberto Villanueva Espino, ENES Morelia, México, lvillanueva@cieco.unam.mx +
16. Wendy Berenice Castellanos Blanco, Egresada en Ing. en Biotecnología en la UPPue, México, ween.cb@gmail.com +
17. Valeria Morgan Rodríguez, CIAD, México, morganvaleria.v2@gmail.com +
18. Ingrid Yaritzit Carreón Cortés. Universidad Autónoma del Estado de Morelos (UAEM), México. + ingrid.carreon@uaem.edu.mx o yaricaci@gmail.com.
19. Robert Sebastian Carrion Loja, IPICYT, Mexico. carrionrobert72.rc@gmail.com+
20. Jahaziel Jiménez Reyes, Fes Zaragoza-UNAM, México, jahazieljimenez0@gmail.com +
21. César Alejandro Ávila Hernández, CINVESTAV-IRAPUATO, México, alejandrob19@gmail.com +
22. Jazmín Fuentes Becerril, Universidad Autónoma del Estado de México (UAEMéx), México, jazminfuentes.1213@gmail.com +
23. Lizbeth Guadalupe Chavez Ramos, Universidad Autónoma de Sinaloa, México. lizchavez.fcqb@uas.edu.mx. +

## **VieRnes de Bioinformática**

<https://viernesbioinformatica.github.io/>

## **Curso de github**

[https://github.com/EveliaCoss/Workshop\\_GitGithub2024](https://github.com/EveliaCoss/Workshop_GitGithub2024)

## **CURSO METAGENÓMICA**

<https://carpentries-lab.github.io/metagenomics-analysis/03-trimming-filtering/index.html>

## **BASES DE DATOS PARA PRACTICAR DESCARGA DE DATOS**

Aquí ponemos algunos enlaces de como descargar datos de secunciación para que puedan practicar sus habilidades aprendidas.

**NCBI:** <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

**ENA:** <https://www.ebi.ac.uk/ena/browser/home>

**Cómo acceder a ENA mediante terminal:**

<https://ena-docs.readthedocs.io/en/latest/retrieval/programmatic-access.html>

**Otras herramientas para obtener conjuntos de datos genómicos con los que trabajar se pueden encontrar aquí:**

Descargar mediante **ncbi-genome-download** <https://carpentries-incubator.github.io/pangenomics/02-downloading-genomes/index.html>

**NCBI Datasets** es un recurso que te permite obtener fácilmente datos de las bases de datos de NCBI. Puedes obtener los datos a través de diferentes interfaces:

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/datasets/docs/v2/how-tos/genomes/large-download/>

**Natural Products Discovery Center** es una colección compartida de cepas actinobacterianas de vanguardia y una base de datos genómica. Enlace: <https://npdc.rc.ufl.edu/home>

**AllTheBacteria** es una buena base de datos que contiene 1.9 millones de genomas que han sido uniformemente procesados nuevamente para cumplir con criterios de calidad y taxonomía. Enlace: <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2024.03.08.584059v1>

## • Redes sociales:

Aaron E Jaime @aaronejaime.bsky.social en Bluesky, @aaron\_jaimee en X

### Soluciones de los problemas

Coloquen su ejercicio, nombres y su solución

**Nota Evelia:** Eliminar el **ejercicio 3** para futuros cosas.

#### Ejercicio: 1

Nombres: Jahaziel Jiménez Reyes, Maria Jose Castro Mondragon, Valeria Morgan Rodríguez

Solución: `grep -c "NNNNNNNNNN" secuencias1.fastq secuencias2.fastq secuencias3.fastq`

#### Ejercicio 4:

Nombres: Jesus Javier Lopez Lopez, Marco Antonio Morales, Lizbeth Guadalupe Chaves Ramos

Solución: `grep -v "@" *.fastq | grep -v "+" | grep -v "!" > secuencias.txt`

- `wc -l secuencias.txt`

#### Ejercicio 5:

`grep -A 1 "^@SRR" *.fastq | grep -v "^@SRR" > sequences_only.txt`