

Ejercicio 1:

- `grep "PASS" file.vcf > snps_pass.txt` → para seleccionar filas con esos caracteres (PASS) y crear un documento con la información / esas filas seleccionadas
`grep "q10" file.vcf > snps_q10.txt` → para seleccionar filas con esos caracteres (q10) y crear un documento con la información / esas filas seleccionadas

Para tenerlos separados, si lo quisieras tener juntos sería:

`grep "PASS" file.vcf > snps_seleccionados.txt` → para seleccionar filas con esos caracteres (PASS) y crear un documento con la información / esas filas seleccionadas
`grep "q10" file.vcf >> snps_seleccionados.txt` → para seleccionar los que sean q10 y meterlos en el documento anteriormente creado

- `grep "#" file.vcf > snps_#.txt` → crear documento con solo la cabecera
`cat #.txt file2.vcf > #file2.vcf` → unir el documento de la cabecera con el que le faltaba (file2.vcf)

Ejercicio 2:

- `grep "#" prokaryotes.txt > cabecera.txt`
`grep "Akkermansia" prokaryotes.txt > soloakkermansia.txt`
`cat cabecera.txt soloakkermansia.txt > akkermansia.txt`

o

`grep "#" prokaryotes.txt > akkermansia.txt`
`grep "Akkermansia" prokaryotes.txt >> akkermansia.txt`

¿Cómo pueden verse las primeras 10 líneas del archivo? Primeros tendrás que entrar en el documento nuevo (`cd akkermansia`) y luego buscar las 10 primeras líneas: `head akkermansia.txt`

¿Cuántos genomas de *Akkermansia muciniphila* hay? `grep "Akkermansia muciniphila" akkermansia.txt > akkermansiamuci.txt`, creando un documento con solo las *Akkermansia muciniphila*, y luego contamos las líneas de dicho documento, es decir, cuantas *Akkermansia muciniphila* hay: `wc -l akkermansiamuci.txt`
Esto nos dará 1205.

¿Cuántos de *Akkermansia biwaensis*? Seguiremos el mismo procedimiento que antes con *Akkermansia biwaensis* y nos dará 1.