

1 Taller 2A: Uso de comandos de shell para procesar archivos

2 Ejercicio Final

Utilizando los comandos anteriores: 1. Cree un nuevo archivo con información de interés para usted. Archíve los resultados en el directorio Result/. Indique que combinaciones y operador usted ha utilizado 2. Utilice al menos tres combinaciones de comandos para generar nueva información.

Solución

¿Cuáles codones terminan en "G" y se traducen a un aminoácido terminado en "ine"? (13 líneas)

```
grep "G,.*ine" Data/genetic_code.txt | cut -d ',' f1
```

¿Cuáles son las secuencias de *Drosophila simulans*? (178 líneas)

```
grep -A1 "Dro.*lans" Data/mature.fa | grep -v '>' | grep -v '-'
```

Liste las especies que tienen secuencias que no contienen "A" (35 líneas)

```
grep -B1 -v "A" Data/mature.fa | grep '>' | cut -d ' ' -f3,4 | sort | uniq
```

- Obtenemos líneas que no contienen "A" (Todos los encabezados tienen "A". Solo se obtienen secuencias.)
- Incluimos la línea inmediatamente anterior a cada línea del paso anterior con "-B1".
- Obtenemos los encabezados con '¿'.
- Obtenemos las columnas 3 y 4 que corresponden al nombre de la especie.
- Ordenamos los resultados
- Obtenemos una línea por cada especie con "uniq"