

## 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
```