BIOINFORMATICA-Códigos Terminal

Moverse ---> cd

Salir de carpeta —> cd ..

Crear carpeta —> mkdir nombre

Crear archivo de texto (puedes crear varios a la vez en la misma linea de text de la terminal)—> touch *nombre.txt*

Borrar archivo —> rm *nombre*

Ver listado archivos (con fecha y hora de creación) —> ls -l

Ver contenido de archivo —> cat *nombre*

Editor de texto dentro de la terminal ---> nano txt

Crear editor de texto el texto que queramos escrito —> echo *contenido* > *nombre editor de texto*

Borrar contenido de carpeta (tengo que estar dentro de la carpeta) —> rm *

Cuando tenemos un archivo muy grande y queremos ver el encabezado solo (10 primeras líneas)—> head *nombre*

Cuando tenemos un archivo muy grande y queremos ver el final solo (10 ultimas líneas)—> tail *nombre*

Cambiar nombre archivo —> mv nombre antiguo nombre nuevo

Copiar archivo —> cp *nombre*

Ejecutar con salida a un archivo —> > nombre.txt (esto hay que ponerlo al final)

- -E -> EXPRESION REGULAR
- -c ---> contar
- -o —> sacar lo que buscamos (individualizarlo? Marcarlo?)
- ^ —> COMIENZO DE LÍNEA
- . —> Cualquier cosa+
- * —> Repeticiones de 0 a infinito Para acotar utilizamos { numero-numero}

Sed (al principio del comando) para reemplazar

-n —> me indica el numero de línea donde se encuentra lo que busco