

**ST62-G02 EXAMEN DE MEDIO SEMESTRE**

**Apellidos, Nombres:**

Este examen debe ser resuelto en su totalidad utilizando las herramientas **GitBash** y **Nano**.  
Todos los archivos tipo de código y de resultados deben guardarse en las carpetas **code** y **data** por separado.

1. [0.5 puntos] Realiza un fork del repositorio repositorio. Coloque las iniciales de sus nombres al final del nombre del repositorio.
2. [0.5 puntos] Crea un repositorio principal donde debes clonar el repositorio que realizó el fork en el paso anterior.

Para las siguientes preguntas use el archivo "grampa.csv"

3. [0.5 puntos] Inicia el control de la versión y crea los archivos: *bacteria.sh* y *secuencia.sh*. Envía estos archivos vacíos al repositorio principal con el mensaje "Apellido Nombre ha creado los archivos bash".
4. [2.5 puntos] En *bacteria.sh* escriba las instrucciones que:
  - a. cuente el número de registros de cada bacteria [*bacterium*].
  - b. imprima la especie y el conteo más alto.
  - c. imprima la especie y el conteo más bajo.
  - d. guarde el resultado en *bacteria.csv*.
  - e. envíe los cambios al repositorio principal con la leyenda "Apellido Nombre ha contado las bacterias".
5. [2.5 puntos] En *secuencia.sh* escriba las instrucciones que:
  - a. cuente la cantidad de registros de cada tipo de péptido [*sequence*] y guarde el resultado en *amp.txt*.
  - b. calcule la longitud de los péptidos que tienen el dominio "WGS" y guarde los registros y su conteo en el "wgs.csv"
  - c. envíe los cambios al repositorio principal con la leyenda "Apellido Nombre ha determinado los péptidos con dominio WGS".
6. [2.5 puntos] En el repositorio de GitHub realice lo siguiente:
  - a. Cree una rama de nombre "generador"
  - b. Dentro de la nueva rama cree el archivo "generador.sh".
  - c. Haga un **pull** desde GitBash a la rama "generador" e ingrese a esa rama.
  - d. En el archivo *generador.sh* escriba el código genere archivos tipo .csv para cada especie de bacteria. El nombre de la bacteria debe ser también el nombre del archivo.
  - e. Empate los contenidos de las ramas "master" o "main" y la rama "generador".
  - f. envíe los cambios al repositorio principal con la leyenda "Apellido Nombre ha generado archivos en la rama generador".
7. [1.0 puntos] Consolide el documento README.md que contenga:
  - a. El logo de Bash Scripting:  
<https://upload.wikimedia.org/wikipedia/commons/thumb/8/82/Gnu-bash-logo.svg/2560px-Gnu-bash-logo.svg.png>
  - b. Datos del curso.
  - c. Datos personales.
  - d. Datos de su equipo en forma de tabla.

**ST62-G02 EXAMEN DE MEDIO SEMESTRE**

**Apellidos, Nombres:**

Este examen debe ser resuelto en su totalidad utilizando las herramientas **GitBash** y **Nano**.  
Todos los archivos tipo de código y de resultados deben guardarse en las carpetas **code** y **data** por separado.

8. [0.5 puntos] Realiza un fork del repositorio repositorio. Coloque las iniciales de sus nombres al final del nombre del repositorio.
9. [0.5 puntos] Crea un repositorio principal donde debes clonar el repositorio que realizó el fork en el paso anterior.

Para las siguientes preguntas use el archivo "cancermine.csv"

10. [0.5 puntos] Inicia el control de la versión y crea los archivos: *role.sh* y *cancer.sh*. Envía estos archivos vacíos al repositorio principal con el mensaje "*Apellido Nombre ha creado los archivos bash*".
11. [2.5 puntos] En *bacteria.sh* escriba las instrucciones que:
  - a. cuente el número de registros de cada rol del gen *[role]*.
  - b. imprima la especie y el conteo más alto.
  - c. imprima la especie y el conteo más bajo.
  - d. guarde el resultado en *roles.txt*.
  - e. envíe los cambios al repositorio principal con la leyenda "*Apellido Nombre ha contado los roles de los genes*".
12. [2.5 puntos] En *secuencia.sh* escriba las instrucciones que:
  - a. cuente la cantidad de registros de cada tipo de péptido [*cancer\_normalized*] y guarde el resultado en *cancer.txt*.
  - b. calcule la cantidad de registros del término "carcinoma" por tipo de cancer y guarde los registros y su conteo en el "*carcinoma.txt*"
  - c. envíe los cambios al repositorio principal con la leyenda "*Apellido Nombre ha determinado los cánceres de tipo carcinoma*".
13. [2.5 puntos] En el repositorio de GitHub realice lo siguiente:
  - a. Cree una rama de nombre "*canceres*"
  - b. Dentro de la nueva rama cree el archivo "*canceres.sh*".
  - c. Haga un **pull** desde GitBash a la rama "*canceres*" e ingrese a esa rama.
  - d. En el archivo *canceres.sh* escriba el código genere archivos tipo .txt para cada tipo de rol. El nombre de la *role* debe ser también el nombre del archivo.
  - e. Empate los contenidos de las ramas "*master*" o "*main*" y la rama "*canceres*".
  - f. envíe los cambios al repositorio principal con la leyenda "*Apellido Nombre ha generado archivos de cancer en la rama generador*".
14. [1.0 puntos] Consolide el documento README.md que contenga:
  - a. El logo de Bash Scripting:  
<https://upload.wikimedia.org/wikipedia/commons/thumb/8/82/Gnu-bash-logo.svg/2560px-Gnu-bash-logo.svg.png>
  - b. Datos del Curso.
  - c. Datos personales.
  - d. Datos de su equipo en forma de tabla.