

EXAMEN BIOINFORMÁTICA — PARTE 3

Areliz Maíla

Fecha: 08/07/2022

Explicación.

- Con el comando `cd` entrar a la carpeta `exam1`
- Crear el archivo shell usando primero el código nano, se crea `exam1 - loops.sh`

↳ Dentro de nano

```
#!/bin/bash
```

- 1.- Con el comando `cp` copio los archivos que terminan en `1` de la carpeta `multi` dentro de `data`.

```
Cp.. /data/multi/*1.txt./multi_copia.
```

2. Los siguientes códigos sirven para escoger la primera fila y borrar los espacios, para después contar

```
for f in ./multi_copia/*.txt  
do
```

```
x=$(head -n1 "$f" | grep -o " " | wc -l)
```

3. El siguiente código sirve para contar los pares e impares y poner delimitantes

```
if [ $((x % 2)) -eq 0 ];
```

```
then
```

```
echo "Par: $f tiene $x columnas" >> for_if.txt
```

```
else
```

```
echo "Impar: $f tiene $x columnas" >> for_if.txt
```

```
fi
```

```
done
```

Al final los resultados se guardan en el archivo `for_if.txt`.