

TC3_ForLoop

Nombre: Edison Gonzales

Capturas

```
MINGW64/c/Users/asus/Desktop/BIOINFORMATICA/CSB-master/unix/sandbox
$ cd Desktop/BIOINFORMATICA/CSB-master/unix/data # vamos a data, se ara de una f
orma diferente, se copiara el documento marra para llevarlo a sandboxy saber el
tamaño del marra
$ cp Marra2014_data.fasta ../sandbox/
$ cd ../
$ cd sandbox/ # entramos a la carpeta sandbox y hacemos el conteo
$ wc Marra2014_data.fasta
  9515  13335 566026 Marra2014_data.fasta
$ # da a conocer el tamaño del documento
$ cp Marra2014_data.fasta my_file.fasta # copiamos el documento marra en un doc
umento nuevo llamado my_file.fasta
$ grep -c isogroup00036 my_file.fasta # usamos grep para buscar si hay palabras
iguales a isogroup00036
16
$ cat my_file.fasta | tr -s ' ' ',' my_file.fasta
tr: extra operand 'my_file.fasta'
Try 'tr --help' for more information.
$ cat my_file.fasta | tr -s ' ' ',' > my_file.fasta
$ cd ../
$ cd sandbox/ # entramos a la carpeta sandbox y hacemos el conteo
$ wc Marra2014_data.fasta
  9515  13335 566026 Marra2014_data.fasta
$ # da a conocer el tamaño del documento
$ cp Marra2014_data.fasta my_file.fasta # copiamos el documento marra en un doc
umento nuevo llamado my_file.fasta
$ grep -c isogroup00036 my_file.fasta # usamos grep para buscar si hay palabras
iguales a isogroup00036
16
$ cat my_file.fasta | tr -s ' ' ',' my_file.fasta
tr: extra operand 'my_file.fasta'
Try 'tr --help' for more information.
$ cat my_file.fasta | tr -s ' ' ',' > my_file.fasta
$ #en el anterior codigo se realizo el cambio de 2 espacios por 1 coma
$ grep '>' my_file.fasta | cut -d ',' -f 1,3 | sort -t '=' -k 2 -n -r | head -n
1
>contig00230,numreads=2400
```

Segundo ejercicio

```
MINGW64/c/Users/asus/Desktop/BIOINFORMATICA/CSB-master/unix/sandbox
GNU nano 6.2 ejercicio1.10.2.sh
#bash ejercicio 1.10.2
#item 1
echo "muestra, de los valores que hay desde la columna 3 "
head -n 3 Gesquiere2011_data.csv
echo "primera columna, e) como esta estructuradas"
cut -f 1 Gesquiere2011_data.csv | head -n 3
echo "columna 3 sin repeticiones"
cut -f 1 Gesquiere2011_data.csv | grep -c -w 3
echo "conteo de 3 a 27"
cut -f 1 Gesquiere2011_data.csv | grep -c -w 27

#bash item 2
echo "item 2"
tail -n +2 Gesquiere2011_data.csv | cut -f 1 | sort -n | uniq
#bash 3
echo " numero de veces que cada indibiduo fue muestreado"
:c

Read 19 lines
MINGW64/c/Users/asus/Desktop/BIOINFORMATICA/CSB-master/unix/sandbox
$ bash ejercicio1.10.2.sh
muestra, de los valores que hay desde la columna 3
maleID GC T
1 66.9 64.57
1 51.09 35.57
primera columna, e) como esta estructuradas
maleID
1
columna 3 sin repeticiones
61
conteo de 3 a 27
5
ejercicio1.10.2.sh: line 14: ID=: command not found
$ nano ejercicio1.10.2.sh
$ bash ejercicio1.10.2.sh
muestra, de los valores que hay desde la columna 3
maleID GC T
1 66.9 64.57
1 51.09 35.57
primera columna, e) como esta estructuradas
maleID
1
columna 3 sin repeticiones
61
conteo de 3 a 27
5
item 2
1
2
3
4
5
6
7
8
9
10
MINGW64/c/Users/asus/Desktop/BIOINFORMATICA/CSB-master/unix/sandbox
GNU nano 6.2 ejercicio1.10.2.sh
#bash ejercicio 1.10.2
#item 1
echo "muestra, de los valores que hay desde la columna 3 "
head -n 3 Gesquiere2011_data.csv
echo "primera columna, e) como esta estructuradas"
cut -f 1 Gesquiere2011_data.csv | head -n 3
echo "columna 3 sin repeticiones"
cut -f 1 Gesquiere2011_data.csv | grep -c -w 3
echo "conteo de 3 a 27"
cut -f 1 Gesquiere2011_data.csv | grep -c -w 27

#bash item 2
echo "item 2"
tail -n +2 Gesquiere2011_data.csv | cut -f 1 | sort -n | uniq
#bash 3
echo " numero de veces que cada indibiduo fue muestreado"
:c

Read 19 lines
```

Ítem 3

```
MINGW64/c/Users/asus/Desktop/BIOINFORMATICA/CSB-master/unix/data/Saavedra2013
[1/1]
1.10.3.sh
#item 1
echo "el numero de columnas es"
head -n 1 n1.txt | grep -o " " | wc -l
echo "el numero de filas es"
wc -l n1.txt
#item 2
echo "ejercicio 2"
for i in $(ls *.txt)
do
    echo "El numero de columnas es"
    head -n 1 $i | awk '{print NF}'
    echo "el numero de filas es"
    cat $i | wc -l
done

1.10.3.sh -- 14 lines
MINGW64/c/Users/asus/Desktop/BIOINFORMATICA/CSB-master/unix/data/Saavedra2013
25
e1 numero de filas es
16
e1 numero de columnas es
33
e1 numero de filas es
19
e1 numero de columnas es
22
e1 numero de filas es
12
$ nano ejercicio1.10.3item3.sh
$ bash ejercicio1.10.3item3.sh
ejercicio1.10.3item3.sh: line 2: 0: command not found
ejercicio1.10.3item3.sh: line 3: 0: command not found
e1 numero de columnas es
ejercicio1.10.3item3.sh: line 7: 80: command not found
e1 numero de filas es
ejercicio1.10.3item3.sh: line 10: 97: command not found
e1 numero de columnas es
ejercicio1.10.3item3.sh: line 7: 20: command not found
e1 numero de filas es
ejercicio1.10.3item3.sh: line 10: 14: command not found
e1 numero de columnas es
ejercicio1.10.3item3.sh: line 7: 91: command not found
e1 numero de filas es
ejercicio1.10.3item3.sh: line 10: 270: command not found
e1 numero de columnas es
ejercicio1.10.3item3.sh: line 7: 72: command not found
e1 numero de filas es
ejercicio1.10.3item3.sh: line 10: 7: command not found
e1 numero de columnas es
ejercicio1.10.3item3.sh: line 7: 17: command not found
MINGW64/c/Users/asus/Desktop/BIOINFORMATICA/CSB-master/unix/data/Saavedra2013
$ nano ejercicio 1.10.3.sh
$ bash ejercicio 1.10.3.sh
e1 numero de columnas es
80
e1 numero de filas es
97
e1 numero de columnas es
20
e1 numero de filas es
14
e1 numero de columnas es
91
e1 numero de filas es
270
e1 numero de columnas es
72
e1 numero de filas es
7
e1 numero de columnas es
17
e1 numero de filas es
61
e1 numero de columnas es
15
e1 numero de filas es
35
e1 numero de columnas es
11
e1 numero de filas es
38
e1 numero de columnas es
24
e1 numero de filas es
```

```
MINGW64/c/Users/asus/Desktop/BIOINFORMATICA/CSB-master/unix/data/Saavedra2013
ejercicio: line 14: syntax error: unexpected end of file

asus@LAPTOP-451E3HL9 MINGW64 ~/Desktop/BIOINFORMATICA/CSB-master/unix/data/Saave
dra2013 (master)
$ nano ejercicio 1.10.3.sh
asus@LAPTOP-451E3HL9 MINGW64 ~/Desktop/BIOINFORMATICA/CSB-master/unix/data/Saave
dra2013 (master)
$ bash ejercicio 1.10.3.sh
e1 numero de columnas es
80
e1 numero de filas es
97 n1.txt
E1 numero de columnas es
0
e1 numero de filas es

asus@LAPTOP-451E3HL9 MINGW64 ~/Desktop/BIOINFORMATICA/CSB-master/unix/data/Saave
dra2013 (master)
$ nano ejercicio 1.10.3.sh
asus@LAPTOP-451E3HL9 MINGW64 ~/Desktop/BIOINFORMATICA/CSB-master/unix/data/Saave
dra2013 (master)
$ bash ejercicio 1.10.3.sh
e1 numero de columnas es
80
e1 numero de filas es
97 n1.txt
ejercicio 2
E1 numero de columnas es
0
e1 numero de filas es

MINGW64/c/Users/asus/Desktop/BIOINFORMATICA/CSB-master/unix/data/Saavedra2013
GNU nano 6.2 ejercicio1.10.3item3.sh
#item3
var= 0
var1= 0
for i in $(ls *.txt)
do
echo "el numero de columnas es"
PARTE1=$(head -n 1 $i | awk '{print NF}')
echo $PARTE1
echo "el numero de filas es"
PARTE2=$(cat $i | wc -l)
echo $PARTE2
if ((PARTE1 > var1))
then COLUMNAS= $i
export var1=$PARTE1
fi
if ((PARTE2 > var))
then filas= $i
export var=$PARTE2
fi
done

[ Read 21 lines ]
^O Help ^O Write Out ^W where Is ^K Cut ^T Execute ^C Location M-U Undo M-A Set Mark M-J To Bracket M-Q Previous
```