

Bioinformatica

Nombre: Ilady Erazo

Fecha: 7-07-2022

Parte final del examen parcil

- Se genero un bash script de nombre exam1_loop.sh
- Se creo en el un directorio multi_copia (mkdir multi_copia)
- Con el mv se movieron los archivos solo que terminaban en 9
- Se cuenta el numero de columnas y se ve si son par o impar y se gurda los archivos en un for_if.txt

```
x#! /bin/bash
for f in exam1/multi_copia/*.txt
do
    x=$( head -n1 "$f" |grep -o " " | wc -l )
    if [ $(( "x" % 2 )) -eq 0 ];
    then
        echo "Par: $f tiene $x columnas" >> for_if.txt
    #Imprime
    los pares
    else
        echo "Impar: $f tiene $x columnas" >>
for_if.txt #Imprime
    los impares
    fi
done
```

- Fin ☹️