

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 https://github.com/gualapuromoises/2022ii_gbi6_exam1.git. 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 https://github.com/gualapuromoises/2022ii_gbi6_exam1.git. 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.