Sprawozdanie ćwiczenia 5

Piotr Rywczak

1. Przetestować działanie komend kopiujących i wycinających całe linie tekstu bądź pojedyncze słowa. Zademonstrować prowadzącemu wycięcie i wklejenie w innym miejscu 3 linii tekstu poniżej kursora na raz.

```
linia 1 teskt teskt teskt
linia 2 tekst tekst
linia 2 tekst tekst
linia 3 tekst
linia 4
linia 3 tekst
linia 4
linia 5 tekstteskt
linia 5 tekstteskt
linia 7 teskt teskt teskstktestk
```

2. Stworzyć plik tekstowy (dowolny, wpisać przykładowe parę słów, zapamiętać nazwę). Następnie otworzyć nowy plik tekstowy i przetestować działanie komendy:r.

```
piotryw@DESKIOP-5/A3GCO: ~/cw_05

zadanie 2 linia pierwsza
wklejany plik poleceniem " :r NAZWA_PLIKU"
linia 1 teskt teskt teskt
linia 2 tekst tekst
linia 3 tekst
linia 3 tekst
linia 4
linia 3 tekst
linia 4
linia 5 tekstteskt
linia 6 teskttekst
linia 7 teskt teskt teskstk

zadanie 2 ostatnia linia tekstu
```

3. Proszę przeanalizować powyższą komendę (za co odpowiada który fragment).

:%s/stary/nowy/g

%s – szukanie we wszystkich liniach dokumentu; g – zamiana wszystkich znalezionych wystąpień; stary – miejsce gdzie się wpisuje szukane słowo; nowy – miejsce gdzie się wpisuje to na co zamieniamy znalezione słowo.

4. Dokonać zamiany całej kolumny tekstu, z ':' na '--' w pliku:

```
piotrryw@DESKTOP-57A3GCO: ~/
0:fwefwef
1:grggrerhsh
2:f23f2gagasg
3:fdqf qwfqwf
4:ff wegwgwg wgwg
5: fqfqef qwegqwegwg wg
```

```
piotrryw@DESKTOP-57A3GCO: ~/cw

0--fwefwef

1--grggrerhsh

2--f23f2gagasg

3--fdqf qwfqwf

4--ff wegwgwg wgwg

5-- fqfqef qwegqwegwg wg
```

:%s/:/--/g

5. Zaproponować fragment kodu dla pliku konfiguracyjnego (~/.vimrc), którym uruchomi się podświetlanie składni różnych języków programowania (syntax), wyłączy automatyczne wcięcia (autoindent) i ustawi listę poziomów cofania operacji na 50.

podświetlanie składni różnych języków programowania (syntax)

:set syntax = python

wyłączy automatyczne wcięcia (autoindent)

:set noautoindent

ustawi listę poziomów cofania operacji na 50

```
:set undolevels=50
```

- **6. K**tóre z poniższych ciągów tekstowych nie są reprezentowane przez powyższe wyrażenie regularne?
 - [a-zA-Z0-9._-]+@[a-zA-Z0-9.-]+\.[a-zA-Z]{2,4}
 - 1. @nowhere.com

- 2. linux.bioinfo@gmail.com
- 3. tux@free penguins.org
- 4. forza@milan.italy

Nie są 3 (bo _ w części po znaku @) oraz 4 (bo italy ma więcej niż 4 znaki)

7. Jak należy zmodyfikować komendę aby dodatkowo wyświetliła linię zawierająca opis sekwencji?

```
grep '^.AG..A' oligos.fasta -B 1
```

8. Jakie polecenie należy wydać aby określić liczbę sekwencji zapisanych w pliku oligos.fasta.

```
grep '^.AG..A' oligos.fasta -c
```

- 9. W oparciu o powyższe informacje proszę spróbować przewidzieć (zawsze można poeksperymentować na stworzonych przez siebie plikach) efekt działania komendy:
 - sed -e 's/^[\t]*//' infile

Powoduje usunięcie wszystkich tabulatorów z pliku

```
trryw@DESKTOP-57A3GCO:~/cw_05$ cat testowy2
aaaaaaaaaa
    aaaaaaaaaaaaaa
aaaaaaaaaa
aaaaaaaaaaa
aaaaaaaaaa
aaaaaaaaaa
aaaaaaaaaaa
aaaaaaaaaaa
aaaaaaaaaa
aaaaaaaaaa
     aaaaaaaaaaaaaaa
     aaaaaaaaaaaaaa
     aaaaaaaaaaaaaaa
     aaaaaaaaaaaaaa
     aaaaaaaaaaaaaa
     aaaaaaaaaaaaaa
     aaaaaaaaaaaaa
trryw@DESKTOP-57A3GCO:~/cw 05$ sed -e 's/^[ \t]*//' testowy2
aaaaaaaaaa
aaaaaaaaaaaaa
aaaaaaaaaa
aaaaaaaaaa
aaaaaaaaaa
aaaaaaaaaaa
aaaaaaaaaa
aaaaaaaaaaa
aaaaaaaaaa
aaaaaaaaaaa
aaaaaaaaaaaaa
aaaaaaaaaaaa
aaaaaaaaaaaa
aaaaaaaaaaaa
aaaaaaaaaaaa
aaaaaaaaaaaaa
```

10. W oparciu o przedstawione wcześniej informacje proszę zinterpretować wydaną komendę.

```
sed -e '/^>/! s/T/U/g' s100b.fasta
```

Polecenie powoduje zamianę wszystkich T na U, pomijając pierwszą linię, bo ona zaczyna się od znaku " > ".

11. Proszę przenieść powyższy skrypt do pliku, wykonać go na wcześniej pobranym pliku oligos. fasta oraz przedstawić wyniki.

```
DESKTOP-57A3GCO:~/cw_05$ awk -f input-file oligos.fasta
Seq:
        1
               Length: 40
               Length:
Seq:
        2
                        10
                        16
Seq:
        3
              Length:
Seq:
              Length:
                        26
Seq:
        5
              Length:
                        47
Seq:
        6
              Length:
                        18
Seq:
              Length:
Seq:
        8
              Length:
                        42
Seq:
        9
              Length:
                        42
Seq:
        10
              Length:
                        49
Seq:
        11
               Length:
                       12
Seq:
        12
               Length:
Seq:
        13
               Length: 42
Seq:
        14
               Length:
                        29
Seq:
        15
               Length:
Seq:
        16
               Length: 18
                       30
Seq:
        17
               Length:
        18
               Length:
                        37
Seq:
         19
                         35
Seq:
               Length:
Seq:
        20
               Length: 29
```

•

```
151
               Length:
                        49
Seq:
        152
                        12
Seq:
               Length:
        153
               Length:
                        16
Seq:
Seq:
        154
               Length:
                        47
        155
Seq:
               Length:
                        22
        156
Seq:
               Length:
                        40
Seq:
        157
                        23
               Length:
        158
                        48
Seq:
               Length:
              Length: 43
Seq:
        159
        160
Seq:
              Length:
                        19
Seq:
        161
               Length:
                        12
Seq:
        162
                        23
               Length:
Seq:
        163
               Length:
                        28
        164
Seq:
               Length:
                        45
Total length of 164 sequences is 4688 nucleotides
```

Program zliczył długość wszystkich linii zaczynających się od A/G/C/Ti dodał je do siebie.

12. Proszę przy pomocy programu grep zidentyfikować w pliku 1adb.pdb numery atomów odpowiadające dowolnym dwóm jonom cynku (znajdujące się we wpisach zawierających dane o

położeniu heteroatomów - znacznik HETATM) a następnie wykonać poniższy skrypt (w pierwszej linii należy zmiennym a oraz b przypisać odpowiednie wartości znalezione przy pomocy grep) i podać wynik

```
HETATM 6786 ZN
HETATM 6787 ZN
                                                             1.00 14.21
                                  -5.233 -10.509 -24.793
23.259 -2.638 -28.043
                   ZN A 375
                   ZN A 376
                                  -23.259
                                                             1.00 18.96
                   ZN B 375
                                  -10.146
                                           0.818 -67.555
HETATM 6845
                                                            1.00 16.12
ETATM 6846
                        376
                                  -5.191
                                          -18.236 -65.594
 iotrryw@DESKTOP-57A3GCO:~/cw_05$ awk -f skrypt.1 1adb.pdb
```

13. Plik data zawiera wyniki stu pomiarów pewnych trzech wielkości. Proszę przygotować skrypt, który będzie wyliczał średnie wartości każdej z mierzonych wielkości. Dane wewnątrz pliku uporządkowane są w kolumnach: pierwsza z nich odpowiada kolejnemu numerowi pomiaru, trzy następne zawierają zmierzone wartości. Należy także wziąć pod uwagę fakt, iż w pliku występują puste linie oraz komentarze zawarte w liniach zaczynających się od znaku #. Wszystkie numery

Nie mogłem pobrać pliku dat ze strony z instrukcją

pomiarów zapisane są od pierwszego znaku każdej odpowiedniej linii.

19.9362