Líneas de código del Examen parcial 1 de Bioinformática

JAIRO CALAPUCHA

Actividad 2

Genere un bash script de nombre exam1_grep.sh, donde los comandos deben realizar lo siguiente:

Pasos

- 1. Con nano se abrió una archivo **exam1_grep.sh** donde se creó el siguiente script
- 2. #!/bin/bash/ → se asigna un permiso de ejecución
- 3.
 cat ../data/data_INFg.txt → cat lee y muestra los datos del archivo data_INFg.txt
- 4. Permite crear una carpeta para registrar datos utilizando con [mkdir] mkdir grep
- 5. Selecciono todos los archivos "**complete cds**" del archivo **data_INFg.txt**, utilizando el comando [grep-c] y guardo en un nuevo texto **cds_full.txt** en la carpeta **grep**

grep -c "complete cds" ../data/data_INFg.txt > grep/cds_full.txt

6. Selecciono todos los archivos "linear DNA" del archivo **data_INFg.txt**, utilizando el comando [grep-c]y guardo en un nuevo texto "linear_dna.txt" en la carpeta **grep**

grep -c "linear DNA" ../data/data_INFg.txt > grep/linear_dna.txt

7. Selecciono los pared de base (bp) del archivo **data_INFg.txt** y guardo los resultados en un archivo llamado grep/bp.txt ,**de una forma ordenada utilizando** sort -n.

grep "bp" ../data/data_INFg.txt |sort -n > grep/bp.txt

Actividad 3

Genere un bash script de nombre exam1_loops.sh, donde los comandos deben realizar lo siguiente:

Pasos

- 1. Ejecutamos nano para crear el for loop *exam1_loops.sh* donde se creó el siguiente script
- 2. Se asigna un permiso

#!/bin/bash/ → se asigna un permiso de ejecución

- 8. Creamos una carpeta para registrar mis datos utilizando [mkdir] mkdir multi_copia
- 3. Creo un for loops, donde

```
for i in n*.txt # i es la direccion de los diferentes archivos
```

do

```
x=$( head -n1 "$i" |grep -o " " | wc -l ) # se uenta el numero de columna
if [ $(( "x" % 2 )) -eq o ]; #
then
    echo " $i tiene $x columnas es par" >> for_if.txt #Si es verdad que x es par,>
else
    echo "$i tiene $x columna es impar" >> for_if.txt #Si es verdad que que x es>
fi
```

done