

Examen Bioinformática

Nombre: Mateo Fernández

Curso: 602

Fecha: 07/07/2022

① Utilice el comando `mkdir` para crear multicopia

② Utilice `cp` para copiar los archivos `nx3.txt`, así copie todos los archivos que terminen en `3` y los coloque en la carpeta `multicop`

③ Cree el comando para hacer el loop de columnas

• `for i in nx.txt` : Utilizamos el comando `for` donde `i` será la dirección de todos los archivos `nx.txt`

• `do` aquí comienza la acción

```
x=$(head -n1 "$i" | grep -o "|" | wc -l)
```

Aquí se contará las columnas que dará en número

```
if [ $(($x % 2)) == 0 ]
```

do `$x` divisible por dos y su residuo es 0

será verdadero

`then` si es verdadero se imprimirá lo siguiente

```
echo "$i tiene $x columnas es par" >> for-if.txt
```

`else` si es falso se imprimirá lo siguiente

```
echo "$i tiene $x columnas es impar" >> for-if.txt
```

`fi` se cierra el `if`

`done` se cierra el `do`