Programación con Shell Scripting: Sesión 11

Máster Universitario en Bioinformática

Universidad Internacional de Valencia

Dra. Paula Soler Vila
paula.solerv@professor.universidadviu.com

De:
Planeta Formación y Universidades

Aspectos a tratar

1. Finalizando el comando awk

2. Listas, vectores o *Arrays*

3. Sentencias de control de flujo:

Bucles o *loops*

- *for*
- *while*

Ejercicio final -> Comando awk

```
> $ cat data.txt
seq1 chr1 19
seq3 chr1 34
seq2 chr2 182

seq1 chr10 55
seq2 chr11 33

seq4 chr3 22
```

1. Imprime las líneas que no contengan el 33 en el campo 3.

awk '{if($3!=33) print $0}' data.txt

2. Imprime las líneas que contengan el 182 en el campo 3.

awk '{if($3==182) print $0}' data.txt

3. Imprime las líneas que contengan un valor mayor o igual a 50 en el campo 3.

awk '{if($3>=50) print $0}' data.txt

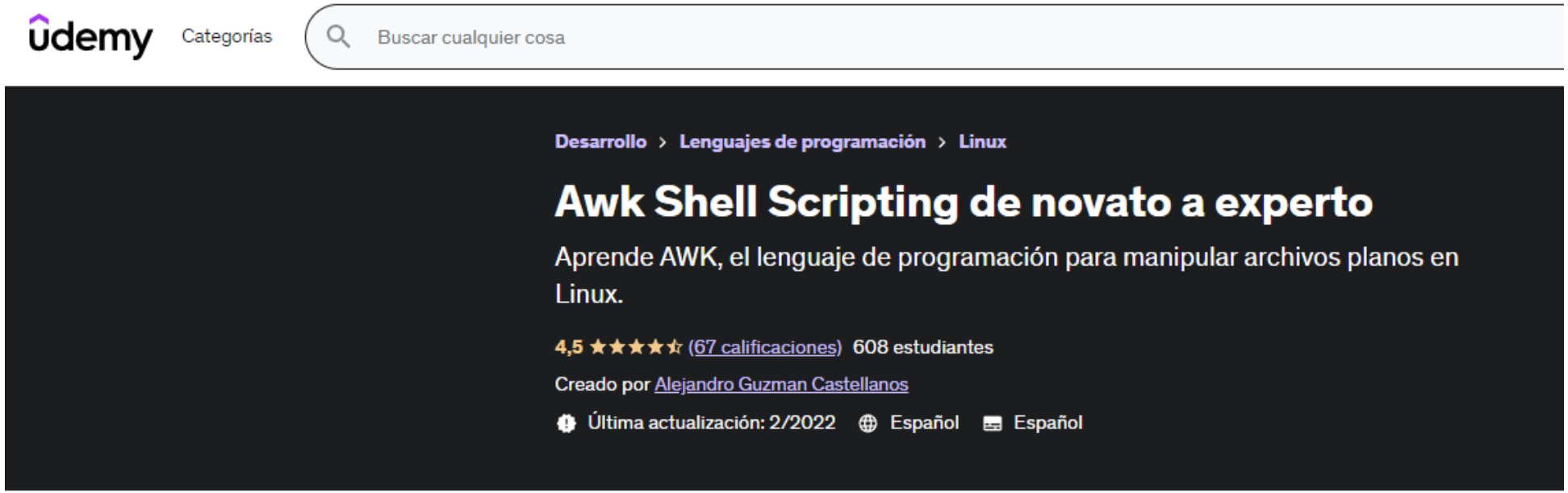
Ejercicio final -> Comando awk

```
> $ cat data.txt
seq1 chr1 19
seq3 chr1 34
seq2 chr2 182

seq1 chr10 55
seq2 chr11 33

seq4 chr3 22
```

4. Calcula el promedio del campo 3

```
sed '/^$/d' data.txt | awk 'BEGIN{valor=0}{valor += $3}END{print valor/NR}'
```

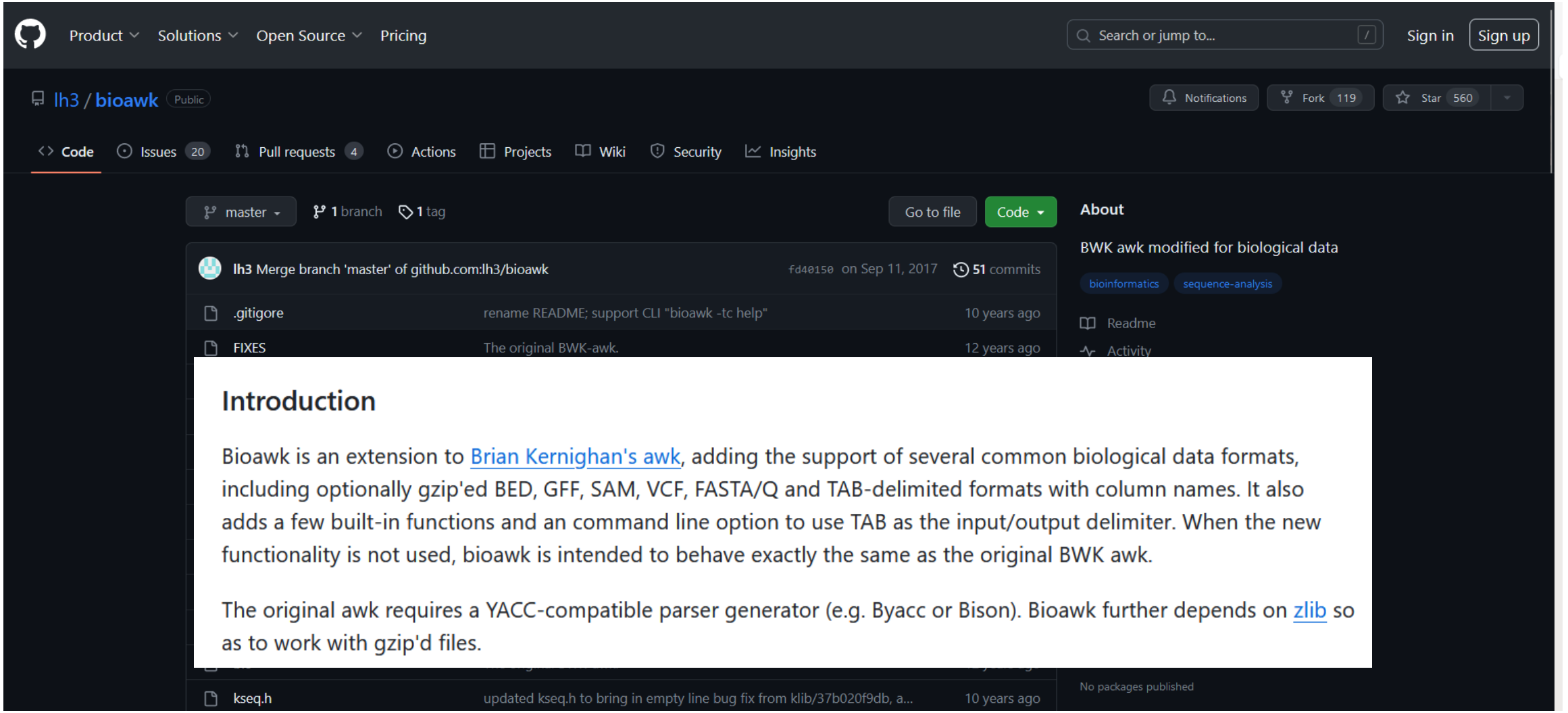
Cursos de AWK Shell Scripting



Lo que aprenderás

- ✓ Aprenderas hacer operaciones rápidas sobre archivos estructurados.
- ✓ Dominaras un lenguaje sencillo pero poderoso para realizar diversas tareas de básicas a completas en la administración de Sistemas.
- ✓ Aprenderás a utilizar un lenguaje de programación orientado a búsqueda de patrones y operaciones especificas sobre el resultado.

BIOAWK



https://github.com/lh3/bioawk

Instalación de BIOAWK

```
$ bioawk
bash: bioawk: command not found

$ conda install -c bioconda bioawk
Retrieving notices: ...working... done
Collecting package metadata (current_repodata.json): done
Solving environment: done

$ bioawk -c help
bed:
    1:chrom 2:start 3:end 4:name 5:score 6:strand 7:thickstart 8:thickend 9:rgb 10:blockcount 11:blocksizes 12:blockstarts
sam:
    1:qname 2:flag 3:rname 4:pos 5:mapq 6:cigar 7:rnext 8:pnext 9:tlen 10:seq 11:qual
vcf:
    1:chrom 2:pos 3:id 4:ref 5:alt 6:qual 7:filter 8:info
gff:
    1:seqname 2:source 3:feature 4:start 5:end 6:score 7:filter 8:strand 9:group 10:attribute
fastx:
    1:name 2:seq 3:qual 4:comment
```

Universidad Internacional de Valencia

Aspectos a tratar

1. Finalizando el comando awk

2. Listas, vectores o *Arrays*

3. Sentencias de control de flujo:

Bucles o *loops*

- *for*
- *while*

Arrays (listas) con Bash

```
array=(a1.fasta  chr1  35  "human genome"  sox13)
```

1. Variable con múltiples valores (distinta naturaleza)
2. Valores secuenciales
3. **NO** hay límite máximo
4. El índice del campo comienza en cero

¿Cómo declaramos una lista de valores?

1. array=(comp1 comp2 comp3)

```
$ numeros=(1 2 3 4 5)
```

0 1 2 3 4 (índices de posición)

2.
```
array[0]=comp1
array[1]=comp2
array[2]=comp3
```

```
$ num[0]=1
$ num[1]=2
$ num[2]=3
```

*El nombre de los **arrays** siguen las mismas normas, convenciones y pautas, que los nombres de las variables*

Mostrar el contenido completo de una lista

`echo ${lista[@]}` = `echo ${lista[*]}`

```
$ chrom=(chr1 chr2 chr3 chr4 chr5)

$ echo ${chrom[*]}
chr1 chr2 chr3 chr4 chr5

$ echo ${chrom[@]}
chr1 chr2 chr3 chr4 chr5
```

Acceder a un elemento de una lista

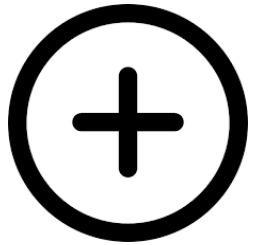
echo ${lista[ÍNDICE]}

```
$ chrom=(chr1 chr2 chr3 chr4 chr5)

$ echo ${chrom[*]}
chr1 chr2 chr3 chr4 chr5

$ echo ${chrom[@]}
chr1 chr2 chr3 chr4 chr5

$ echo ${chrom[2]}
chr3

$ echo ${chrom[10]}
```

Añadir o modificar un elemento del array

lista[índice o posición]=nuevo_valor

```
$ echo ${chrom[@]}

chr1 chr2 chr3 chr4 chr5

$ chrom[2]=chr21

$ echo ${chrom[@]}

chr1 chr2 chr21 chr4 chr5
```



```
$ echo ${chrom[@]}

chr1 chr2 chr3 chr4 chr5

$ chrom[5]=chrX

$ echo ${chrom[@]}

chr1 chr2 chr21 chr4 chr5 chrX
```

Añadir al final, sin necesidad de especificar el índice

lista+=(nuevo_valor(es))

```
$ chrom=(chr1 chr2 chr3 chr4 chr5)
$ chrom+=(sox13 baf1 ctcf)
$ echo ${chrom[@]}
chr1 chr2 chr3 chr4 chr5 sox13 baf1 ctcf

$ pos=(10 256 8900 10000)
$ concatenado=(${chrom[@]} ${pos[@]})
$ echo ${concatenado[@]}
chr1 chr2 chr3 chr4 chr5 sox13 baf1 ctcf 10 256 8900 10000
```

Eliminar un elemento del array

unset lista[índice o posición]

```
$ echo ${chrom[@]}
chr1 chr2 chr3 chr4 chr5 sox13 baf1 ctcf

$ unset chrom[0]
$ echo ${chrom[@]}
chr2 chr3 chr4 chr5 sox13 baf1 ctcf

$ unset chrom
$ echo ${chrom[@]}
```

Arrays (listas) con Bash

Características del array

1. Verificar el índice de cada elemento -> **echo ${!numeros[*]}**

```
numeros=(1 2 3 4 5)
numeros[10]=6
echo "Contenido del array:"
echo ${numeros[*]}
echo "Índices del array:"
echo ${!numeros[*]}

Y mostraría:
Contenido del array:
1 2 3 4 5 6

Índices del array:
0 1 2 3 4 10
```

Arrays (listas) con Bash

Características del array

2. Verificar la longitud del array-> **echo ${#numeros[*]}**

```
$ echo ${numeros[*]}
1 100 3 4 5 6


$ echo ${numeros[*]} | wc -w
6


$ echo ${#numeros[*]}
6
```

Creación de rangos dentro de listas **{inicio..fin}**

```
cifrasLetras=(  {A..Z}  {a..z}  {0..9}  )

$ echo ${cifrasLetras[*]}

A B C D E F G H I J K L M N O P Q R S T U V W X Y Z
a b c d e f g h i j k l m n o p q r s t u v w x y z
0 1 2 3 4 5 6 7 8 9
```

¿Cómo generarías una lista con todos los cromosomas humanos?

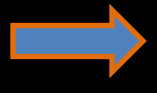
```
$ cromosomas=(chr{1..22} chrX chrY)

$ echo ${cromosomas[*]}
chr1 chr2 chr3 chr4 chr5 chr6 chr7 chr8 chr9 chr10 chr11 chr12 chr13 chr14 chr15 chr16 chr17 chr18 chr19
chr20 chr21 chr22 chrX chrY
```

Listado de archivos en un array

```
$ ls
genes.txt  seq1.fasta  seq2.fasta  seq3.fasta

$ fichero=(`ls *.fasta`)
```

con los acentos graves está diciendo quiero que listes todos los archivos que tengan una expansión .fasta

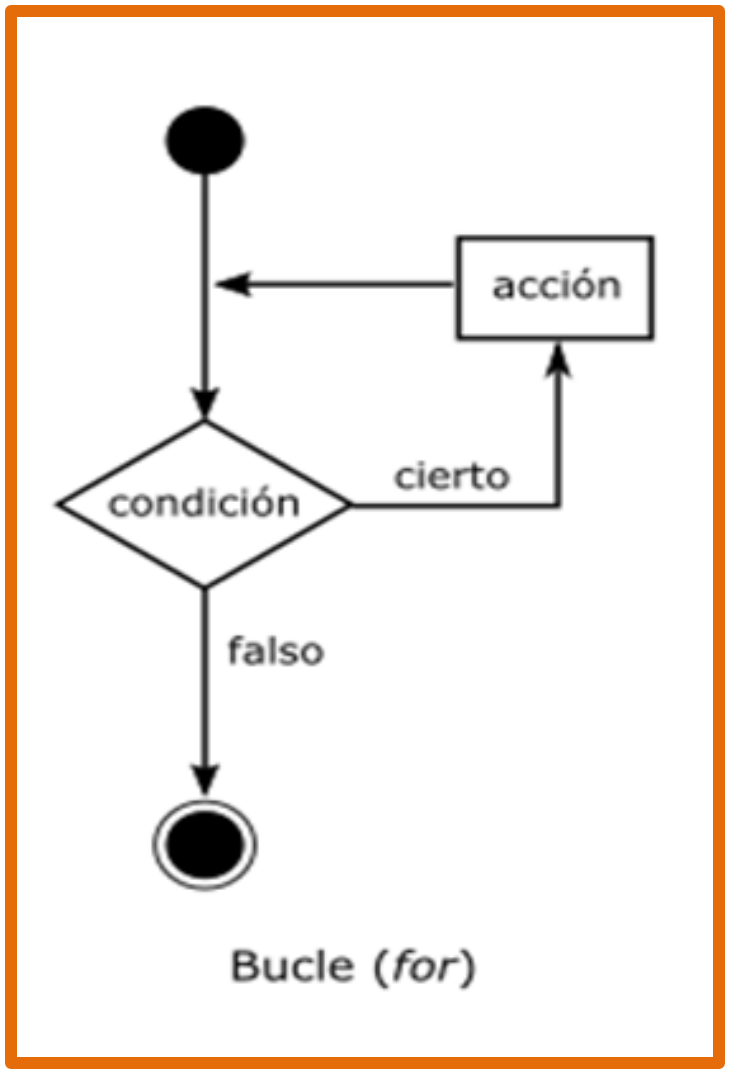
```
$ echo ${fichero[*]}
seq1.fasta seq2.fasta seq3.fasta

$ echo ${#fichero[*]}
3

$ echo ${fichero[0]}
seq1.fasta
```



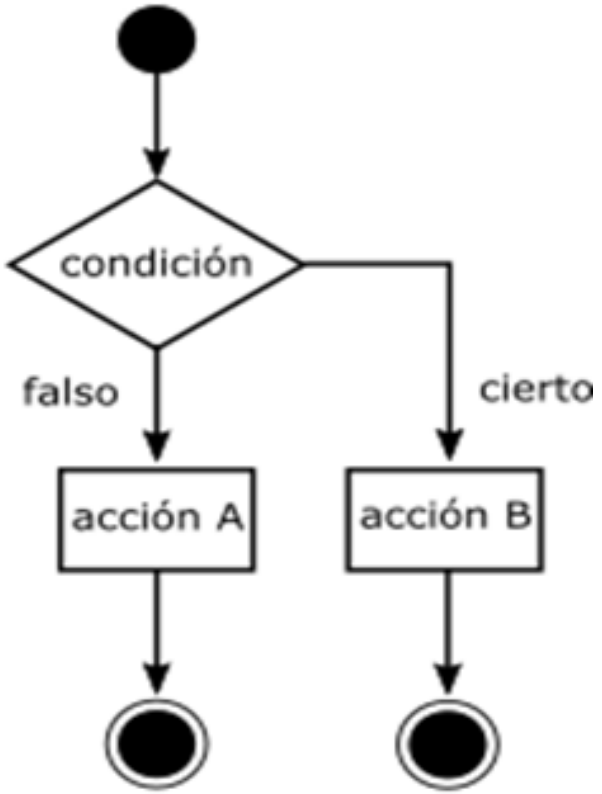
¿Interacción con **cada elemento** del array ?

Control de flujo

Ejecución
línea a línea

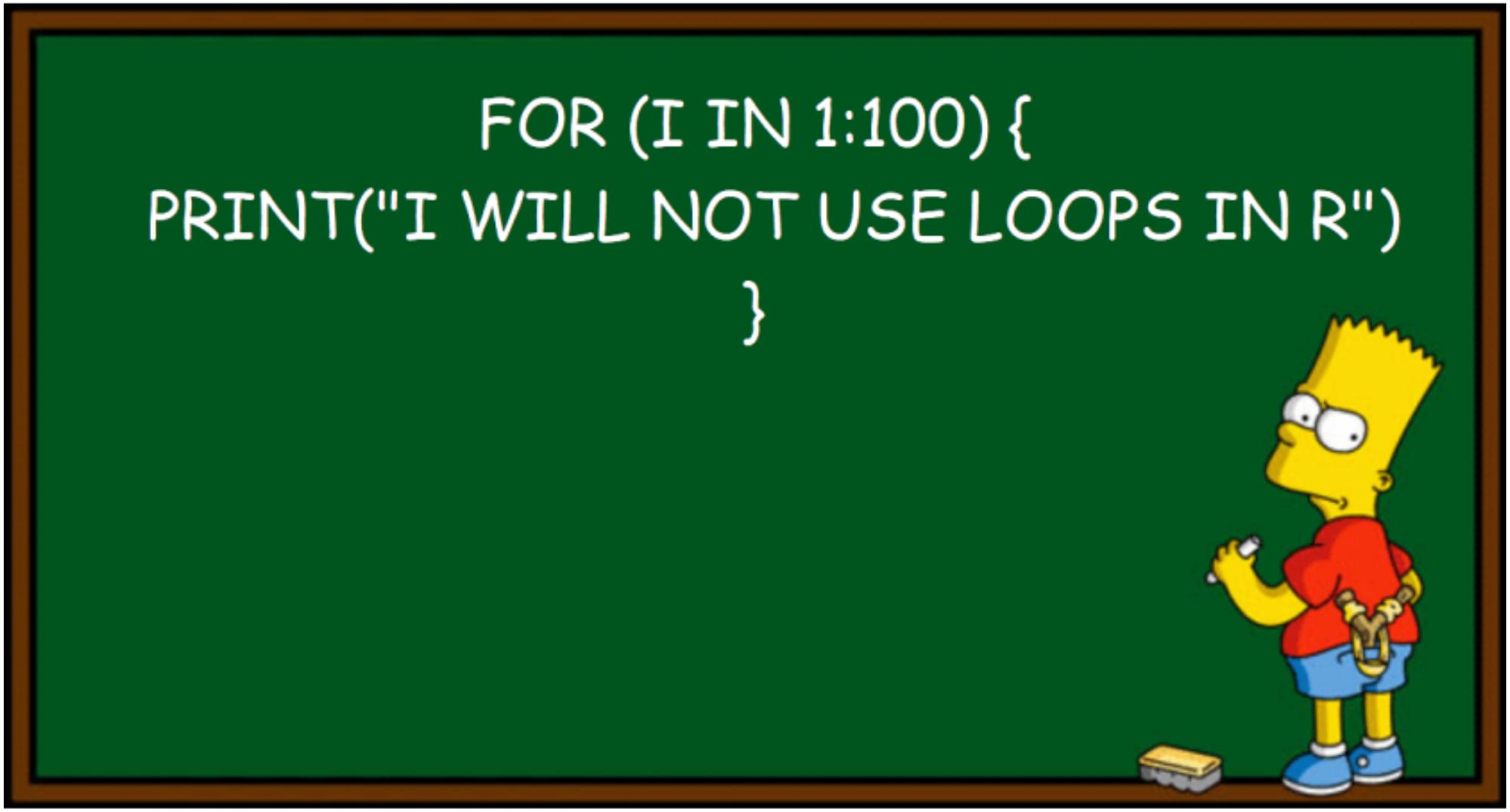


Bucle (*for*)



Condicional (*if*)

Control de flujo: Bucles



Control de flujo: Bucles

```
[UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr ~]$ echo "Tengo que repetir esta frase 1 vez“
[UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr ~]$ echo "Tengo que repetir esta frase 1 vez"
[UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr ~]$ echo "Tengo que repetir esta frase 1 vez"
[UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr ~]$ echo "Tengo que repetir esta frase 1 vez"
[UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr ~]$ echo "Tengo que repetir esta frase 1 vez"
[UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr ~]$ echo "Tengo que repetir esta frase 1 vez"
[UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr ~]$ echo "Tengo que repetir esta frase 1 vez"
[UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr ~]$ echo "Tengo que repetir esta frase 1 vez"
[UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr ~]$ echo "Tengo que repetir esta frase 1 vez"
[UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr ~]$ echo "Tengo que repetir esta frase 1 vez"
[UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr ~]$ echo "Tengo que repetir esta frase 1 vez"
[UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr ~]$ echo "Tengo que repetir esta frase 1 vez"
[UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr ~]$ echo "Tengo que repetir esta frase 1 vez"
[UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr ~]$ echo "Tengo que repetir esta frase 1 vez"
```

EL BUCLE FOR

Sintaxis del bucle FOR

Se usa para ejecutar un conjunto de comandos dado un número **conocido** de veces

```
for i in 1 2 3 4 5 .. N

do
    command1
    command2
    commandN

done
```

Lista de elementos

Iterador

el iterador se puede llamar como sea

Sintaxis del bucle FOR

Se usa para ejecutar un conjunto de comandos dado un número **conocido** de veces

Sangrado
(NO es esencial)

```
for i in 1 2 3 4 5 .. N

do
    command1
    command2
    commandN

done
```

Bucles for aplicado a listas de números

```
#!/usr/bin/bash
for num in 1 2 3 4 5
do
        echo "Hello $num"
done
```

script.sh

```
$ bash script.sh
Hello 1
Hello 2
Hello 3
Hello 4
Hello 5
```

Bucles for aplicado a listas de números

Línea de comandos

```
$ for num in 1 2 3 4 5; do echo “Hello $num”; done
Hello 1
Hello 2
Hello 3
Hello 4
Hello 5

$ for i in 3 43 44 11 9; do echo $i; done
3
43
44
11
9
```

Orden establecido

Bucles for aplicado a listas de números: Rangos

```
#!/usr/bin/bash
for num in 1 2 3 4 5
do
 echo "Hello $num"
done
```

```
#!/usr/bin/bash
for num in {1..5}
do
 echo "Hello $num"
done
```

```
$ for num in {1..10..2}; do echo $num; done
1
3
5
7
9
```

Bucles for aplicado a listas de números: Creación de *arrays*

```
#!/usr/bin/bash
for num in 1 2 3 4 5
do
 echo "Hello $num"
done
```

```
#!/usr/bin/bash
for num in {1..5}
do
 echo "Hello $num"
done
```

```
#!/usr/bin/bash
num=(1 2 3 4 5) / num=(`seq 1 5`)
for i in ${num[@]}
do
 echo "Hello $i"
done
```

Bucles for aplicado a listas de palabras

```
#!/usr/bin/bash
genes=(SOX13 PAX5 TC1 ADF)
for gen in ${genes[@]}
do
 echo “La longitud de $gen es ${#gen}"
done
```

```
$ for gen in ${genes[@]}; do echo "La longitud de $gen es ${#gen}"; done

La longitud de SOX13 es 5
La longitud de PAX5 es 4
La longitud de TC1 es 3
La longitud de ADF es 3
```

Bucles for aplicado a listas de archivos

```
#!/usr/bin/bash
for archivo in *.fasta
do
    grep ATGC $archivo
    echo "El patron se ha encontrado en el archivo $archivo"
done

El patron se ha encontrado en el archivo fast1.fasta
El patron se ha encontrado en el archivo fast2.fasta
El patron se ha encontrado en el archivo fast3.fasta
El patron se ha encontrado en el archivo fast4.fasta
ATGC
El patron se ha encontrado en el archivo fast5.fasta
```

Bucles for aplicado a varios comandos

```
#!/usr/bin/bash

nombre=(`cat /etc/passwd | cut -d : -f1`)

for user in ${nombre[@]}
do
        echo "El nombre del usuario es: $user"
done
```

```
(base) [UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr ~]$ bash usuario.sh
El nombre de usuario es: root
El nombre de usuario es: bin
El nombre de usuario es: daemon
El nombre de usuario es: adm
El nombre de usuario es: lp
El nombre de usuario es: sync
El nombre de usuario es: shutdown
...
```

Creando un bucle de tres expresiones

```
for (( EXP1; EXP2; EXP3 ))
do
    command1
    command2
    command3
done
```

Este bucle se compone de **tres** expresiones escritas:

- un inicializador (**EXP1**).
- una condición (**EXP2**).
- una expresión de conteo (**EXP3**).

Creando un bucle de tres expresiones

```
#!/usr/bin/bash
for (( c=1; c<=5; c++ ))
do
  echo “Loop number: $c"
done
```

Este bucle se compone de tres expresiones escritas:

- un inicializador (**EXP1**) -> c=1
- una condición (**EXP2**) -> c<=5
- una expresión de conteo (**EXP3**) -> c++

Creando un bucle de tres expresiones

```
$ for ((c=1; c<=5; c++)); do echo "Loop number: $c"; done


Loop number: 1

Loop number: 2

Loop number: 3

Loop number: 4

Loop number: 5
```

c+=1

Creando un bucle de tres expresiones

```
$ for ((c=15; c>0; c-=1)); do echo "Loop number: $c"; done
Loop number: 15
Loop number: 14
Loop number: 13
Loop number: 12
Loop number: 11
Loop number: 10
Loop number: 9
Loop number: 8
Loop number: 7
Loop number: 6
Loop number: 5
Loop number: 4
Loop number: 3
Loop number: 2
Loop number: 1
```

El bucle **FOR:** RESUMEN

```
for i in 1 2 3 4 5 6;
```

```
for i in {1..6};
```

```
for i in archivo1 archivo2 archivo3;
```

```
for i in ${lista[@]};
```

```
for i in ((exp1; exp2; exp3));
```

Universidad
Internacional
de Valencia

universidadviu.com

De:
Planeta Formación y Universidades