

# Programación con Shell Scripting: Sesión 10

Máster Universitario en Bioinformática



**Universidad**  
Internacional  
de Valencia

Dra. Paula Soler Vila  
[paula.solerv@professor.universidadviu.com](mailto:paula.solerv@professor.universidadviu.com)

De:  
 Planeta Formación y Universidades



## Aspectos a tratar

1

Comandos para el procesamiento de datos:

- grep
- sed
- awk

# Comando grep: Archivo multifasta

```
$ cat multifasta.txt  
>test1  
  
ATAGATAGTAGTA  
  
>test2  
  
GGGGTTTTTT  
  
>test3  
  
AAAAAAAAAAAAAA
```

## 1) Identificación de una secuencia de interés

```
$ grep -E -A1 "^.>test1" multifasta.txt > sequence_remove.txt
```

## 2) Comparación de ficheros con extracción inversa de coincidencias totales

```
$ cat sequence_remove.txt  
>test1  
  
ATAGATAGTAGTA  
  
$ grep -v -w -f sequence_remove.txt multifasta.txt  
>test2  
  
GGGGTTTTTT  
  
>test3  
  
AAAAAAAAAAAAAA
```



# Comando sed (*stream editor*)

Editor de flujo de texto que se utiliza para realizar  
**transformaciones** de texto

1

No realiza ningún cambio directamente en el archivo.

2

Opera línea a línea

3

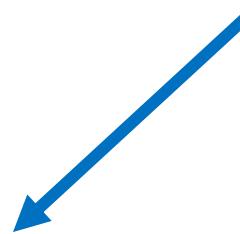
Búsqueda y sustitución

4

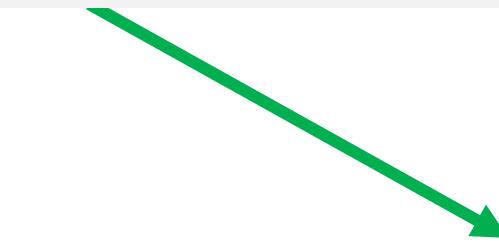
Da soporte a las expresiones regulares

# Sintaxis básica

```
sed [opción(es)] 'orden(es)' archivo(s)
```



Se especifican mediante un guión – y la opción correspondiente con una letra  
(-e , -f , -n , -i,...)



Se especifican entre comillas simples  
*p: print*  
*d: delete*  
*i: insert*  
*s: substitute*

# Sintaxis básica: Opciones

Parámetro	Explicación
-e	Hace que utilicen uno o varios scripts SED
-f	Hace que el script se extraiga de un archivo
-n	Los resultados no se deben emitir
-i	Crea un archivo temporal que posteriormente sustituye al archivo de origen
-u	No se utiliza ningún buffer de datos
-s	Varios archivos se tratan por separado en lugar de ser un único largo flujo de datos
-r	El comando acepta expresiones regulares ampliadas

# Sintaxis básica: Órdenes

Orden	Descripción
a	append: añade a las líneas seleccionadas una o más líneas más
c	change: reemplaza las líneas seleccionadas por un nuevo contenido
d	delete: borra las líneas seleccionadas
g	get: copia el contenido del hold space al pattern space
G	GetNewline: añade el contenido del hold space al pattern space
h	hold: copia el contenido del pattern space al hold space
H	HoldNewLine: añade el contenido del pattern space al hold space
i	insert: inserta una o más líneas antes de las líneas seleccionadas
l	listing: muestra todos los caracteres no imprimibles
n	next: cambia a la siguiente orden de la línea siguiente del comando
p	print: muestra las líneas seleccionadas
q	quit: finaliza el comando SED de Linux
r	read: lee las líneas seleccionadas de un archivo
s	substitute: reemplaza una determinada cadena de caracteres por otra
x	xchange: intercambia el pattern space y el hold space entre sí
y	yank: sustituye un determinado carácter por otro
w	write: escribe líneas en el archivo de texto
!	Negation: aplica el comando a las líneas que no coinciden con la entrada.

## Comando sed : ''

```
$ cat dias_de_la_semana.txt  
Lunes  
Martes  
Miércoles  
Jueves  
Viernes  
Sábado  
Domingo
```

*dias\_de\_la\_semana.txt*

**sed '' dias\_de\_la\_semana.txt**



```
$ sed '' dias_de_la_semana.txt  
Lunes  
Martes  
Miércoles  
Jueves  
Viernes  
Sábado  
Domingo
```

## Comando sed : '' -n (--quiet --silent)

```
$ cat dias_de_la_semana.txt  
Lunes  
Martes  
Miércoles  
Jueves  
Viernes  
Sábado  
Domingo
```

*dias\_de\_la\_semana.txt*

sed '' -n dias\_de\_la\_semana.txt



```
$ sed '' -n dias_de_la_semana.txt
```

por defecto sed imprime de forma automática todas las líneas, pero con la opción -n va a suprimir esta impresión automática que tiene establecida por defecto

## Comando sed : ‘p’(print) -> Impresión específica de líneas de un archivo

```
$ cat dias_de_la_semana.txt  
Lunes  
Martes  
Miércoles  
Jueves  
Viernes  
Sábado  
Domingo
```

*dias\_de\_la\_semana.txt*

**sed '1p'** dias\_de\_la\_semana.txt



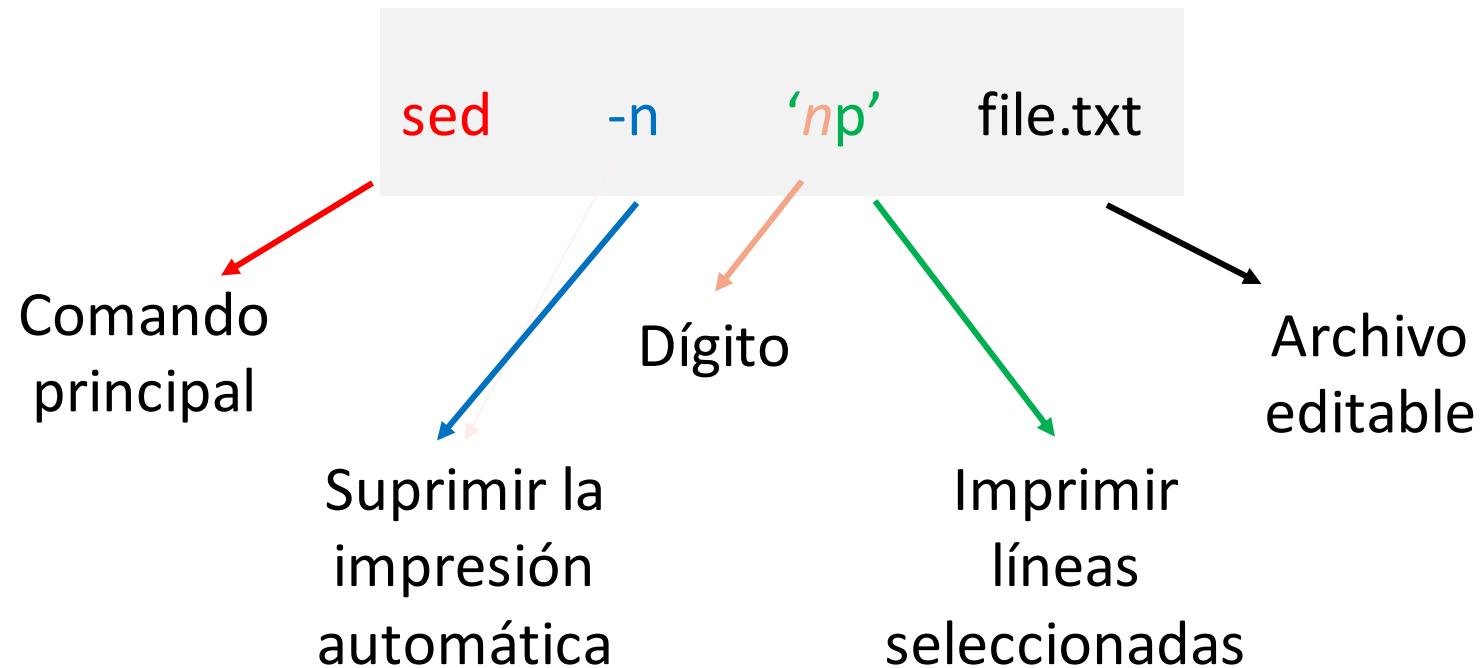
```
$ sed '1p' dias_de_la_semana.txt  
Lunes  
Lunes  
Martes  
Miércoles  
Jueves  
Viernes  
Sábado  
Domingo
```

**sed -n '1p'** dias\_de\_la\_semana.txt



```
$ sed -n '1p' dias_de_la_semana.txt  
Lunes
```

# Impresión de rangos de líneas sed



## Impresión de rangos de líneas sed

- `sed -n '1p'` diasSemana.txt # imprime la primera línea
- `sed -n '1,5p'` diasSemana.txt # imprime las primeras 5 líneas
- `sed -n '1,+4p'` diasSemana.txt # imprime las primeras 5 líneas
- `sed -n '1~2p'` diasSemana.txt # imprime cada 2 líneas
- `sed -n -e '2p' -e '4p'` diasSemana.txt # imprime líneas específicas

## Comando sed : 'd'(delete) -> Eliminación específica de líneas de un archivo

```
sed -n '1d' diasSemana.txt # elimina la primera línea
```

```
sed -n '1,5d' diasSemana.txt # elimina las primeras 5 líneas
```

```
sed -n '1,+4d' diasSemana.txt # elimina las primeras 5 líneas
```

```
sed -n '1~2d' diasSemana.txt # elimina cada 2 líneas
```

## Comando sed : 'd'(delete) -> Eliminación específica de líneas de un archivo

```
sed '1d' diasSemana.txt # elimina la primera línea  
  
sed '1,5d' diasSemana.txt # elimina las primeras 5 líneas  
  
sed '1,+4d' diasSemana.txt # elimina las primeras 5 líneas  
  
sed '1~2d' diasSemana.txt # elimina cada 2 líneas
```

Para observar el resultado se debe **eliminar** la opción **-n**

## Comando sed : 'i'(insert) -> Insertar líneas específicas de un archivo

```
$ cat dias_de_la_semana.txt
Lunes
Martes
Miércoles
Jueves
Viernes
Sábado
Domingo
```

```
$ sed '1i Días de la semana' dias_de_la_semana.txt
Días de la semana
Lunes
Martes
Miércoles
Jueves
Viernes
Sábado
Domingo
```

# Comando sed : insertar/modificar

```
$ sed '7i ++++' dias_de_la_semana.txt  
Lunes  
Martes  
Miércoles  
Jueves  
Viernes  
Sábado  
++++  
Domingo
```

◀ BEFORE

```
$ sed '7a ++++' dias_de_la_semana.txt  
Lunes  
Martes  
Miércoles  
Jueves  
Viernes  
Sábado  
Domingo  
++++
```

AFTER ▶

## Comando sed : 'c'(change) -> Cambia líneas específicas de un archivo

```
$ cat dias_de_la_semana.txt  
Lunes  
Martes  
Miércoles  
Jueves  
Viernes  
Sábado  
Domingo
```

```
$ sed '7c Sabado_again' dias_de_la_semana.txt  
Lunes  
Martes  
Miércoles  
Jueves  
Viernes  
Sábado  
Sabado_again
```

```
$ sed -e '7c Sabado_again' -e '1c Domingo' dias_de_la_semana.txt  
Domingo  
Martes  
Miércoles  
Jueves  
Viernes  
Sábado  
Sabado_again
```

# Comando sed



Busca patrones de texto usando **patrones** y **expresiones regulares**.

**sed '/texto\_a\_buscar/p' fichero > fichero\_nuevo**

- '' : comillas simples donde introducimos el texto a buscar y el texto a reemplazar.
- // : delimitadores
- p: imprimir las líneas coincidentes.
- <fichero>: Es nombre del fichero en que se buscan las partes de texto.
- >fichero\_nuevo : Es un nuevo fichero que se generará con el texto localizado.

```
$ sed -n '/Lunes/p' dias_de_la_semana.txt
```

Lunes

```
$ sed -n '^[MN]/p' dias_de_la_semana.txt
```

Martes

Miércoles

## Comando sed : 's'(substitute)

Función mas importante del Sed



**sed** permite la **sustitución de texto**

**Busca patrones** de texto y **reemplaza** el texto encontrado.

```
sed 's/texto_a_buscar/texto_a_reemplazar/' fichero_a_reemplazar > fichero_nuevo
```

- '' : comillas simples donde introducimos el texto a buscar y el texto a reemplazar.
- // : Dentro del primer delimitador incluimos la cadena de texto a buscar y dentro del segundo la cadena de texto que reemplaza a la que estamos buscando.
- s indica que queremos buscar y reemplazar.
- <fichero\_a\_reemplazar>: Es nombre del fichero en que se buscan las partes de texto a modificar.
- >fichero\_nuevo : Es un nuevo fichero que se generará con el texto reemplazado.

## Sustitución básica de texto 's' (*substitute*)

```
$ sed 's/Lunes/Inicio de semana/' dias_de_la_semana.txt
```

Inicio de semana

Martes

Miércoles

Jueves

Viernes

Sábado

Domingo

```
$ sed -n 's/Lunes/Inicio de semana/' dias_de_la_semana.txt
```

```
$ sed -n 's/Lunes/Inicio de semana/p' dias_de_la_semana.txt
```

Inicio de semana

## Comando sed : 's' (substitute)

- 1 **sed** reemplaza patrones, **no** palabras.
- 2 Por defecto, la orden **s opera en la primera coincidencia** de una línea y luego pasa a la siguiente línea.
- 3 Para que **sed reemplace cada instancia** de un patrón en lugar de solo la primera instancia en cada línea, debe añadir la **orden opcional g** al comando **s**

```
sed 's/on/forward/g' song.txt
```

## Comando sed : 's' (substitute)

```
$ cat song.txt
this is the song that never ends
yes, it goes on and on, my friend
some people started saying it
not knowing what it was
and they'll continue saying it forever
just because...
```

sed 's/on/ON/' song.txt

this is the s~~ON~~g that never ends  
yes, it goes ~~ON~~ and on, my friend  
some people started saying it  
not knowing what it was  
and they'll c~~ON~~tinue saying it forever  
just because...



sed 's/on/ON/g' song.txt

this is the s~~ON~~g that never ends  
yes, it goes ~~ON~~ and ~~ON~~, my friend  
some people started saying it  
not knowing what it was  
and they'll c~~ON~~tinue saying it forever  
just because...

## Comando sed -i

Cuando usamos **sed** es importante tener en cuenta que nuestro archivo **fuente no se ve afectado**

Las ediciones que se realizan con los comandos de sed **se envían a la salida estándar**

Si queremos **guardar nuestras ediciones**, podemos **redirigir** la salida estándar a un archivo usando el metacarácter > o usar **la opción –i** que alterará el archivo **fuente**.

```
sed -i '1~2d' diasSemana.txt # elimina cada dos líneas y modifica diasSemana.txt
```



## Creación de un archivo de respaldo (*history*)

```
[UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr ~]$ sed -i '1~2d' dias_de_la_semana.txt
[UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr ~]$ cat dias_de_la_semana.txt
Martes
Jueves
Sábado
[UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr ~]$ vim dias_de_la_semana.txt
[UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr ~]$ sed -i.back '1~2d' dias_de_la_semana.txt
[UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr ~]$ ls
comandos  dates.txt      Downloads      lista_secundaria  Public      script.sh      Sesion5      words.txt
comandos.txt Desktop      expression.txt   Music        references2.txt  sequences.bis.sort.txt Templates
core.31938  dias_de_la_semana.txt  gencode_annotation_42  numeros.txt  references.txt  sequences.bis.txt  uniq.txt
core.4554  dias_de_la_semana.txt.back  human_genome_hg38  num_genes.txt  samples.txt  sequences.sort.txt  variables_especiales.sh
data.txt  Documents      lista_principal.txt  Pictures      Scripts      sequences.txt  Videos
[UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr ~]$ cat dias_de_la_semana.txt
Martes
Jueves
Sábado
[UNIVERSIDADVIU\paula.soler@a-3edhijmqygwxr ~]$ cat dias_de_la_semana.txt.back
Lunes
Martes
Miércoles
Jueves
Viernes
Sábado
Domingo
```

## Ejercicio final: Comando sed

```
> $ cat data.txt
seq1  chr1   19
seq2  chr1   33
seq3  chr12   36
seq4  chr13   100
seq5  chr13   150
seq6  chr3   200
```

**1. Reemplazar los tabuladores por comas**  
sed 's/\t/,/g' data.txt

**2. Imprimir la línea 3 y 5**  
sed -n -e '3p' -e '5p' data.txt  
sed -n '3p;5p' data.txt

**3. Reemplazar todos los números por A**  
sed 's/[0-9]/A/g' data.txt

**4. Eliminar las líneas vacías.**  
sed -i '/^\$/d' data.txt

Si eliminás el 200 con este comando: sed '/200/d' data.txt, no estas eliminando solo el numero 200, si no toda la línea, porque SED TRABAJA CON LÍNEAS

## Convirtiendo un archivo FASTQ a un archivo FASTA

```
>SRR1984406.1 1 length=135
GACGACTGCCATCTGAACGTGTGGAATCAACGGAGCCACATCTGACTTCCAGTATCCATCCATTCAATAGTGAGGAATCTG

>SRR1984406.2 2 length=134
TTTGGGAATTCCTGTATCCATCCGAAGTTCTCCATTCAATAGTGAGGAATCTGACGACTGCCATCTGAACGTGTGGAATCAACGGAGCCA
```



## Aspectos a tratar

1

Comandos para el procesamiento de datos:

- grep
- sed
- awk

# awk

**awk** es un lenguaje de programación y un **procesador de texto** que se puede utilizar para manipular datos de texto

Excelente para analizar y manipular **archivos de texto**

Opera línea por línea y recorre todo el archivo.

## Sintaxis de awk

```
awk '/patrón_búsqueda/{acción_a_realizar_coincidencia;otra_acción}' archivo
```

- La **búsqueda** se especifica entre **barras /**
- La **acción** a realizar se indica entre **llaves** separando cada acción con **punto y coma ;**

```
awk '/patrón_búsqueda/{acción_a_realizar_coincidencia;otra_acción}' archivo
```

```
awk '/patrón_búsqueda/{acción_a_realizar_coincidencia;otra_acción}' archivo
```

# Sintaxis de awk

## Omitiendo el patrón de búsqueda

```
$ awk '{print}' song.txt
this is the song that never ends
yes, it goes on and on, my friend
some people started saying it
not knowing what it was
and they'll continue saying it forever
just because...
```

**awk '/~~patrón\_busqueda~~/~~{acción\_a\_realizar\_coincidencia;otra\_acción}~~' archivo**

## Omitiendo la acción a realizar

```
$ awk '/people/' song.txt
some people started saying it
```

**awk '/~~patrón\_búsqueda~~/~~{acción\_a\_realizar\_coincidencia;otra\_acción}~~' archivo**

## Sintaxis de awk

```
$ awk '{print}' song.txt
this is the song that never ends
yes, it goes on and on, my friend
some people started saying it
not knowing what it was
and they'll continue saying it forever
just because...
```

awk '/s\$/ {print \$1}' archivo

Líneas que finalicen con el carácter s

Impresión específicamente el primer campo

# Sintaxis de awk

```
$ awk '{print}' song.txt
this is the song that never ends
yes, it goes on and on, my friend
some people started saying it
not knowing what it was
and they'll continue saying it forever
just because...
```

```
$ awk '/s$/ {print $1}' song.txt
this
not
```

```
$ awk '/s$/ {print $2}' song.txt
is
knowing
```

```
$ awk '/s$/ {print $0}' song.txt
this is the song that never ends
not knowing what it was
```

Es como si no pusieras nada, solo print e imprime toda la línea

## Sintaxis de awk (opción -F = Field separator)

```
$ cat word_guion.txt  
amarillo-3  
azul-7  
verde-4  
negro-6
```

```
$ awk '/^a/{print $1}' word_guion.txt  
amarillo-3  
azul-7      EL DELIMITADOR QUE ENTIENDE ES POR ESPACIOS, NO GUION, POR TANTO TE LO VA A IMPRIMIR COMO SI FUERA LA MISMA PALABRA
```

```
$ awk -F '-' '/^a/{print $1}' word_guion.txt      y aqui le defines el separador  
amarillo  
azul  
$ awk -F '-' '/^a/{print $2}' word_guion.txt  
3  
7
```

# Sintaxis de awk (opción -F / VARIABLES INTERNAS)

## OPCIONES

```
$ awk -F '-' '/^a/{print $1}' word_guion.txt  
amarillo  
azul  
$ awk -F '-' '/^a/{print $2}' word_guion.txt  
3  
7
```

## VARIABLES INTERNAS PREDEFINIDAS (FS => FIELD SEPARATOR)

```
$ awk -v FS='-' '/^a/{print $2}' word_guion.txt  
3  
7
```

Sin espacios en blanco

# Variables internas predefinidas en AWK

BINMODE: Especifica el modo binario de I/O en sistemas no Unix: 1,2,3  
CONVFMT: Controla la conversión de strings a números, pasa a sprintf  
FIELDWIDTHS: Lista de columnas separadas cuando no es delimitada la entrada  
FPAT: Regex que reconoce los campos para separarlos  
FS: Separador de los campos de entrada  
IGNORECASE: Si es no cero o no nulo, las comparaciones son case-indep  
LINT: Cuando esta variable es verdadera, activa la opción de lint  
OFMT: Controla la conversión de números a strings  
OFS: Controla el separador de la salida  
ORS: Separador de final de línea de cada registro  
PREC: Precisión en las operaciones de punto flotante  
ROUNDMODE: Modo de redondeo de números  
RS: Separador de registros en la entrada  
SUBSEP: Separador de subscripts en arrays multidimensionales  
TEXTDOMAIN: Se usa para la internacionalización de programas de AWK  
ARGC: Número de argumentos de línea de comandos  
ARGV: Lista de argumentos de línea de comandos  
ARGIND: índice de ARGV del archivo que está siendo procesado  
ENVIRON: Array con los valores de las variables de ambiente  
ERRNO: Guarda el valor del error durante un getline o close  
FILENAME: Nombre del archivo que está siendo procesado  
FNR: Número de registro que está siendo procesado  
NF: Número de campos en el registro que está siendo procesado  
FUNCTAB: Array con valores de funciones utilizadas  
NR: Número de registros que awk ha procesado desde el inicio  
PROCINFO: Array con información sobre el programa de awk  
RLENGTH: Longitud de la cadena encontrada por un regex  
RSTART: Índice del substring donde comienza un match  
RT: Texto que se encuentra usando RS como separador  
SYMTAB: Array con variables globales y arrays en el programa

## AWK como lenguaje de programación: Variables internas

```
$ awk '{print $0}' references2.txt  
seq1 ref2 K562 10  
seq2 ref800 K562 20  
seq2 ref800 GM1787 50  
seq3 ref201 GM1787 100
```

```
$ awk '{print NF}' references2.txt -> (field number/columnas)  
4  
4  
4  
4  
4
```

```
$ awk '{print NR}' references2.txt -> (register number/filas)  
1  
2  
3  
4
```

# AWK como lenguaje de programación: Criterios

```
$ cat references2.txt  
seq1 ref2 K562 10 20  
seq2 ref800 K562,20  
seq2 ref800 GM1787 50  
seq3 ref201 GM1787 10
```

```
$ awk '{print NF}' references2.txt  
5  
3  
4  
4
```

## CRITERIOS

```
$ awk 'NF > 4 {print $0}' references2.txt  
seq1 ref2 K562 10 20
```

<	Menor que
>	Mayor que
<=	Menor o igual que
>=	Mayor o igual que
==	Igual a
!=	desigual a

# AWK como lenguaje de programación

```
$ ls -lh | head
total 415M
drwxr-xr-x 4 UNIVERSIDADVIU\paula.soler UNIVERSIDADVIU\domain users 4.0K Oct 23 09:21 comandos
-rw-r--r-- 1 UNIVERSIDADVIU\paula.soler UNIVERSIDADVIU\domain users 26K Oct 24 13:52 comandos.txt
-rw----- 1 UNIVERSIDADVIU\paula.soler UNIVERSIDADVIU\domain users 318M Jul 13 15:49 core.31938
-rw----- 1 UNIVERSIDADVIU\paula.soler UNIVERSIDADVIU\domain users 204M Aug 17 16:56 core.4554
-rw-r--r-- 1 UNIVERSIDADVIU\paula.soler UNIVERSIDADVIU\domain users 72 Oct 26 10:26 data.txt
-rw-r--r-- 1 UNIVERSIDADVIU\paula.soler UNIVERSIDADVIU\domain users 189 Oct 26 18:13 dates.txt
drwxr-xr-x 2 UNIVERSIDADVIU\paula.soler UNIVERSIDADVIU\domain users 4.0K Jul 13 15:48 Desktop
-rw-r--r-- 1 UNIVERSIDADVIU\paula.soler UNIVERSIDADVIU\domain users 56 Nov 3 11:40 dias_de_la_semana.txt
drwxr-xr-x 6 UNIVERSIDADVIU\paula.soler UNIVERSIDADVIU\domain users 4.0K Oct 20 08:19 Documents
```

```
$ ls -lh | awk '{print $6}' | head
```

4.0K

26K

318M

204M

72

189

4.0K

56

4.0K

# AWK como lenguaje de programación: Elementos de control

```
$ awk '{print $0}' references2.txt  
seq1 ref2 K562 10  
seq2 ref800 K562 20  
seq2 ref800 GM1787 50  
seq3 ref201 GM1787 100
```

```
$ awk '{if ($4 > 20) print $0}' references2.txt      "Si algun valor de la columna 4 es mayor que 20, imprime toda la fila"  
seq2 ref800 GM1787 50  
seq3 ref201 GM1787 100
```

- if ( expr ) statement
- if ( expr ) statement else statement
- while ( expr ) statement
- do statement while ( expr )
- for ( opt\_expr ; opt\_expr ; opt\_expr ) statement
- for ( var in array ) statement

## Lenguaje de programación: Scripts con AWK

También hay bloques **BEGIN** y **END** **opcionales** que pueden contener comandos para ejecutar antes y después del procesamiento del archivo, respectivamente.

- La sección **BEGIN** se ejecuta antes del tratamiento del primer registro de datos. Se usa esencialmente para iniciar el contexto de ejecución.
- Puede haber varias secciones intermedias que se ejecutarán sobre cada registro.
- La sección **END** se ejecuta después del tratamiento del último registro de datos. Se usa para explotar los resultados obtenidos del tratamiento de datos.

## Lenguaje de programación: Scripts con AWK

```
$ awk '{print $0}' references2.txt  
seq1 ref2 K562 10  
seq2 ref800 K562 20  
seq2 ref800 GM1787 50  
seq3 ref201 GM1787 100
```



```
> awk 'BEGIN{suma=0}{suma += $4}END{print suma}' references2.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
```

- 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



Categorías



Buscar cualquier cosa

Desarrollo > Lenguajes de programación > Linux

## Awk Shell Scripting de novato a experto

Aprende AWK, el lenguaje de programación para manipular archivos planos en Linux.

4,5 ★★★★★ (67 calificaciones) 608 estudiantes

Creado por [Alejandro Guzman Castellanos](#)

Última actualización: 2/2022    Español    Español

### Lo que aprenderás

- ✓ Aprenderás 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 específicas sobre el resultado.

The screenshot shows the GitHub repository page for 'lh3/bioawk'. The top navigation bar includes links for Product, Solutions, Open Source, Pricing, a search bar, and options to Sign in or Sign up. The repository name 'lh3 / bioawk' is displayed with a 'Public' badge. Below the header, there are tabs for Code, Issues (20), Pull requests (4), Actions, Projects, Wiki, Security, and Insights. The 'Code' tab is selected. A dropdown menu shows 'master' is the active branch, with 1 branch and 1 tag. To the right, there's a 'Go to file' button and a 'Code' dropdown. The main content area features a list of recent commits:

Author	Commit Message	Date
lh3	Merge branch 'master' of github.com:lh3/bioawk	fd40150 on Sep 11, 2017
.gitignore	rename README; support CLI "bioawk -tc help"	10 years ago
FIXES	The original BWK-awk.	12 years ago

**About**

BWK awk modified for biological data

bioinformatics sequence-analysis

Readme Activity

## Introduction

Bioawk is an extension to [Brian Kernighan's awk](#), adding the support of several common biological data formats, including optionally gzip'ed BED, GFF, SAM, VCF, FASTA/Q and TAB-delimited formats with column names. It also adds a few built-in functions and a command line option to use TAB as the input/output delimiter. When the new functionality is not used, bioawk is intended to behave exactly the same as the original BWK awk.

The original awk requires a YACC-compatible parser generator (e.g. Byacc or Bison). Bioawk further depends on [zlib](#) so as to work with gzip'd files.

File: kseq.h  
updated kseq.h to bring in empty line bug fix from klib/37b020f9db, a...  
10 years ago  
No packages published

<https://github.com/lh3/bioawk>



viu

**Universidad**  
Internacional  
de Valencia

[universidadviu.com](http://universidadviu.com)

De:  
 Planeta Formación y Universidades