

Nombre: Amada Villarruel

TAREA 3

Ejercicio 1.10.1

```
MINGW64:/c/Users/AMADA/Desktop/Bioinformática/CSB-master/unix/sandbox
GNU nano 6.4 Ejercicio1.sh Modified
echo "Tamaño del archivo"

ls -lh ../data/Marra2014_data.fasta

echo "Copia del archivo en sandbox"

cp ../data/Marra2014_data.fasta my_file.fasta

echo "Conting como isogroup00036"

grep -c isogroup00036 my_file.fasta

echo "separador el delimitador de dos espacios con una coma"

cat my_file.fasta | tr -s ' ' ',' | head -n 3

echo "guardar y sobrescribir "

cat my_file.fasta | tr -s ' ' ',' > my_file.tmp

mv my_file.tmp my_file.fasta

echo "isogrupos unicos en le archivo"

grep '>' my_file.fasta | cut -d ',' -f 4 | sort | uniq | wc -l

echo "contig con mayor numero de lectura "

grep '>' my_file.fasta | cut -d ',' -f 1,3 | head -n 3

echo "ordenar segun el numero de lec"

echo '>' my_file.fasta | cut -d ',' -f 4 | sort -t '=' -k 2 -n | head -n 5

^G Help      ^O Write Out  ^W Where Is   ^K Cut        ^T Execute    ^C Location
^X Exit      ^R Read File  ^\ Replace    ^U Paste      ^J Justify    ^/ Go To Line
```

```
MINGW64:/c/Users/AMADA/Desktop/Bioinformática/CSB-master/unix/sandbox
AMADA@LAPTOP-9DM4Q230 MINGW64 ~
$ cd Desktop/Bioinformática/CSB-master/unix/sandbox/

AMADA@LAPTOP-9DM4Q230 MINGW64 ~/Desktop/Bioinformática/CSB-master/unix/sandbox
$ nano Ejercicio1.sh

AMADA@LAPTOP-9DM4Q230 MINGW64 ~/Desktop/Bioinformática/CSB-master/unix/sandbox
$ bash Ejercicio1.sh
Tamaño del archivo
-rw-r--r-- 1 AMADA 197121 553K Jan 28 2019 ../data/Marra2014_data.fasta
Copia del archivo en sandbox
Conting como isogroup00036
16
separador el delimitador de dos espacios con una coma
>contig00001,length=527,numreads=2,gene=isogroup00001,status=it_thresh
ATCCTAGCTACTCTGGAGACTGAGGATTGAAGTTCAAAGTCAGCTCAAGCAAGAGATTTG
TTTACAATTAACCCACAAAAGGCTGTTACTGAAGGTGTGGCTTAAGTGTGAGAGCAACAG
guardar y sobrescribir
isogrupos unicos en le archivo
43
contig con mayor numero de lectura
>contig00001,numreads=2
>contig00002,numreads=8
>contig00003,numreads=2
ordenar segun el numero de lec
> my_file.fasta

AMADA@LAPTOP-9DM4Q230 MINGW64 ~/Desktop/Bioinformática/CSB-master/unix/sandbox
$
```

Ejercicio 1.10.2

```
MINGW64:/c/Users/AMADA/Desktop/Bioinformática/CSB-master/unix/sandbox
GNU nano 6.4 Ejercicio2.sh Modified
# 2.1 veces en las que los individuos 3 y 27 fueron grabados

echo "se usa la columna 3"

cut -f 1 ../data/Gesquiere2011_data.csv | head -n 3

echo "contar el numero de ocurrencias"

cut -f 1 ../data/Gesquiere2011_data.csv | grep -c -w 3

echo "identificación masculina 3"

cut -f 1 ../data/Gesquiere2011_data.csv | grep -c -w 3

echo "identificación masculina 27"

cut -f 1 ../data/Gesquiere2011_data.csv | grep -c -w 27

# 2.2 script tomando como entrada el nombre del archivo e ID del individuo

cut -f 1 $1 | grep -c -w $2 ../data/Gesquiere2011_data.csv 27

^G Help      ^O Write Out ^W Where Is  ^K Cut       ^T Execute   ^C Location
^X Exit      ^R Read File ^\ Replace   ^U Paste     ^J Justify   ^_ Go To Line
```

```
MINGW64:/c/Users/AMADA/Desktop/Bioinformática/CSB-master/unix/sandbox
AMADA@LAPTOP-9DM4Q23O MINGW64 ~/Desktop/Bioinformática/CSB-master/unix/sandbox
$ nano Ejercicio2.sh

AMADA@LAPTOP-9DM4Q23O MINGW64 ~/Desktop/Bioinformática/CSB-master/unix/sandbox
$ bash Ejercicio2.sh
se usa la columna 3
maleID
1
1
contar el numero de ocurrencias
61
identificación masculina 3
61
identificación masculina 27
5
```

Ejercicio 1.10.3

```
MINGW64:/c/Users/AMADA/Desktop/Bioinformática/CSB-master/unix/sandbox
GNU nano 6.4 Ejercicio3.sh Modified
#1 script que toma los archivos y determina el numero de filas de los polinizadores>

echo "filas"
wc -l n10.txt

echo "regresion"
cat n10.txt | wc -l

echo "columnas"
head -n 1 n10.txt

echo "eliminacion de espacios y del terminador linea"
head -n 1 n10.txt | tr -d '\n'

echo "conteo de caracteres"
head -n 1 n10.txt | tr -d '\n' | wc -c

#2 script que imprima el numero de filas y columnas para cada red

bash Ejercicio3.2.sh

#3 red con mas filas y cual es el mayor numero de columnas

echo "red con mas filas"
bash Ejercicio3.2.sh | sort -n -r -k 2 | head -n 1

echo "columnas"
bash Ejercicio3.2.sh | sort -n -r -k 3 | head -n 1

^G Help      ^O Write Out  ^W Where Is   ^K Cut        ^T Execute    ^C Location
^X Exit      ^R Read File  ^\ Replace    ^U Paste      ^J Justify    ^_ Go To Line

AMADA@LAPTOP-9DM4Q230 MINGW64 ~/Desktop/Bioinformática/CSB-master/unix/sandbox
$ cat Ejercicio3.2.sh
FILES=*.txt
for f in $FILES
do
    myrow= cat $f | wc -l
    mycol= head -n 1 $f | tr -d ' ' | tr -d '\n' | wc -c
done
```

Ejercicio 1.10.4

```
MINGW64:/c/Users/AMADA/Desktop/Bioinformática/CSB-master/unix/sandbox
GNU nano 6.4 Ejercicio4.sh Modified
#Script que para un archivo csv dado y un numero de columna imprima

echo "nombre de la columna"
cut -d ',' -f 7 ../data/Buzzard2015_data.csv | head -n 1

echo "valores distintos"
cut -d ',' -f 7 ../data/Buzzard2015_data.csv | tail -n +2 | sort | uniq | wc -l

echo "valor maximo"
cut -d ',' -f 7 ../data/Buzzard2015_data.csv | tail -n +2 | sort -n | tail -n 1

echo "valor minimo"
cut -d ',' -f 7 ../data/Buzzard2015_data.csv | tail -n +2 | sort -n | head -n 1

^G Help      ^O Write Out ^W Where Is  ^K Cut       ^T Execute   ^C Location
^X Exit      ^R Read File ^\ Replace   ^U Paste     ^J Justify   ^_ Go To Line
```

MINGW64:/c/Users/AMADA/Desktop/Bioinformática/CSB-master/unix/sandbox

AMADA@LAPTOP-9DM4Q230 MINGW64 ~

\$ cd Desktop/Bioinformática/CSB-master/unix/sandbox/

AMADA@LAPTOP-9DM4Q230 MINGW64 ~/Desktop/Bioinformática/CSB-master/unix/sandbox

\$ nano Ejercicio4.sh

AMADA@LAPTOP-9DM4Q230 MINGW64 ~/Desktop/Bioinformática/CSB-master/unix/sandbox

\$ bash Ejercicio4.sh

nombre de la columna

biomass

valores distintos

285

valor maximo

14897.29471

valor minimo

1.048466198

AMADA@LAPTOP-9DM4Q230 MINGW64 ~/Desktop/Bioinformática/CSB-master/unix/sandbox

\$ |