

Universidad Regional Amazónica Ikiam
Bioinformática

Nombre: Tatiana Shiguango

Fecha: 07/07/2022

Funciones de comandos utilizados en Git

FORMA 1

Comandos utilizados

[Git Branch]: sirve para crear una rama

[mkdir]: utilizado para crear un nuevo directorio/ carpeta

[cat]: mostrar los detalles

[grep -c] : cuenta cuantas veces hay palabra de interés en un archivo de interes

[grep] : Busca la palabra de interés en el archivo y regresa un resultado

[sort -n]: ordenar los números

[cd]: ingresar a los repositorios

[nano]: utilizado para abrir un archivo para editar y colocar un detalle o script

[for]: indica una actividad a ejecuta

[if]: condiciona

[head]: procesa y detalla los archivos

[wc-l]: Cuenta solo líneas (sort -w, sort -c)

[grep -o]: busca palabras de similitud

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. Creo una carpeta para registrar mis datos utilizando [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. Con nano se abrió una archivo **exam1_loops.sh** donde se creó el siguiente script
2. Se asigna un permiso

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

8. Creo 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 cuenta el numero de
columna
    if [ $(( "x" % 2 )) -eq 0 ]; #
    then
        echo " $i tiene $x columnas es par" >> for_if.txt #Si es verdad
    else
        echo "$i tiene $x columna es impar" >> for_if.txt #Si es verdad
    fi
done
```