

BIOINFORMATICA

Laboratorio Elementi di Architetture e Sistemi Operativi

- 1) Dato il file allegato: lista.txt si svolgano i seguenti punti
 - a. si scriva un comando di shell (eventualmente composto da 2 o 3 comandi in PIPE) che ordinino la lista per nome
 - b. si modifichi il punto precedente (a) facendo in modo che l'output, non venga stampato a video, ma mandato su un file a propria scelta
 - c. si modifichi il punto precedente (b) facendo in modo che venga mandato su file solo l'ultima riga della lista
 - d. si scriva una script di shell che preso in input dalla riga di comando il file contenete la lista visualizzi un piccolo menu che implementi i seguenti punti:
 - i. stampa del contenuto della lista
 - ii. tramite una serie di domande consenta di visualizzare il file ordinato (in senso normale o inverso) e selezionando quale campo usare per l'ordinamento
 - iii. si stampi il numero di righe presenti sul file
 - iv. esca dal programma

lista.txt:

1 Nicola Drago 22

2 Anna Mazzi 37

3 Mario Rossi 24

4 Giovanna Bianchi 11

5 Luca Rossi 7

6 Marco Blu 9

- 2) Si scriva una script di shell che preso da riga di comando il nome di un processo (il nome non il pid) termini tutte le istanze del processo.
Si presti attenzione che il grep filtrerà anche la riga contenente il grep stesso (**ps fax | grep ls** -> mi apparirà anche il pid di **grep ls** in quanto anche in questa riga c'è **ls**) per tale ragione si valuti di ordinare il risultato ed escludere prime o ultime righe con il comando tail o head