

A rendre au plus tard le lundi 4 novembre par mail à `Gilles.Bernot@univ-cotedazur.fr` avec pour sujet du mail «Projet L3-BIM».

Nota : même si vous utilisez par ailleurs un système de dépôt des projets, cela ne vous dispense pas du rendu par mail.

Dans le mail, il faut fournir 2 fichiers attachés :

1. le fichier du shell script en `bash`.
2. un petit document accompagnateur contenant :
 - une description assez détaillée du principe de fonctionnement du script,
 - une description très courte des 2 ou 3 principales difficultés rencontrées et leur résolution.

Description du projet :

Il s'agit d'écrire une commande en `bash` appelée «**complémentaire**» qui prend en arguments l'adresse d'un ou de plusieurs fichiers contenant des séquences d'ATGC et qui, pour chacun des fichiers, fabrique un fichier de même nom mais préfixé par `compl-` et qui contient le brin complémentaire (non seulement chaque nucléotide est remplacé par son complémentaire mais aussi la séquence est en ordre inverse à cause du 5'-3'). On supposera que les fichiers ne peuvent contenir que des lignes constituées des caractères **A, T, G** ou **C** (en majuscules, sans espace mais avec des retour à la ligne de temps en temps). Par exemple si le fichier `yea.txt` contient

```
AAATT
CCCGGGTTAA
```

alors `complémentaire yea.txt` va créer le fichier `compl-yea.txt` qui contiendra

```
TTAACCCGGG
AATTT
```

On prendra soin de ne pas écraser un fichier existant : signaler à l'utilisateur que le fichier existe déjà et que la commande n'est pas effectuée pour ce fichier (mais continuer néanmoins à traiter les autres fichiers donnés en argument).

On supposera qu'aucun nom de fichier ne contient un espace.

Quelques commandes utiles : `tac`, `rev`, `sed` ou `tr...`