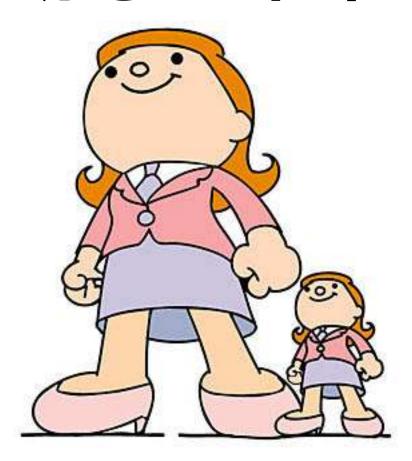
Python入門



本講義にあたって

- テキストが穴埋めになっています 埋めて完成させてください
- クイズがたくさんあります めざせ全問正解!
- 実習がたくさんあります とにかく書いてみるのが理解の早道です



あなたは解析担当者です Perlを使ってバリバリ仕事しています 共同研究者から一本の電話がかかって きました



頼んでたPerlのスクリプトだけど Pythonで書いてくれる?

PythonはPerlと同じスクリプト言語で Perlとよく似ています

(Perlじゃダメ なんですか...?)

その時です



Pythonのほうが 他人が見てもわかりやすい スクリプトが書けるよ!

PythonはPerlより「文法にうるさい」 誰が書いても似たスクリプトになります

このため他人のスクリプトでも

「
理解しやすい
という利点があります



Perlとの使いわけの 提案です



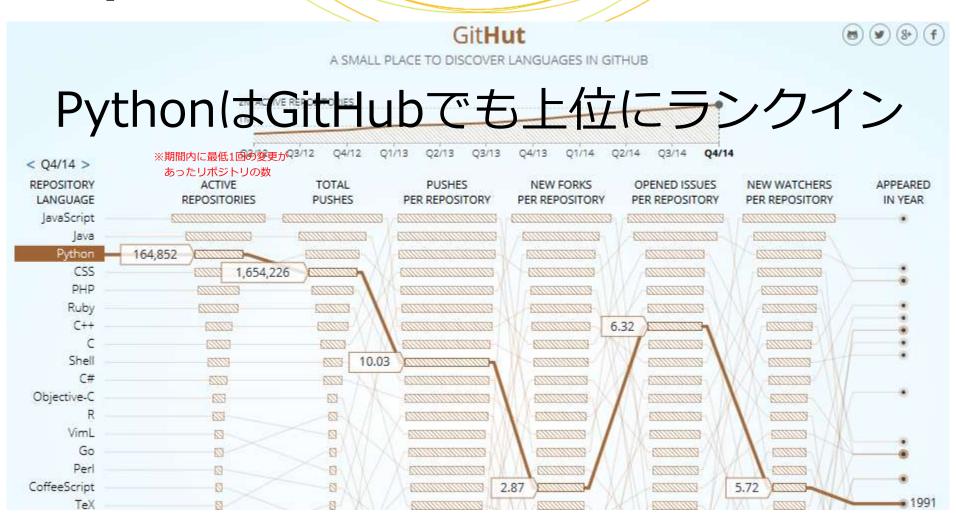
他人に渡す スクリプト →**Python**



自分しか使わない or 1回しか使わない スクリプト →**Perl**

気軽に書ける プライベートな手帳





それに、Perlが書ける人なら Pythonの勉強も捗ると思うよ!





じやあPython やってみようかな

Perlよりちょっと厳しい。 だからみんなに優しい。



本講義の内容

PerlとPythonの比較

文法の話

・リストとタプル

辞書

• ファイル入出力

- 関数
- ・ライブラリ

Pythonのバージョン

Pythonの2と3は大きく仕様が変わっています本テキストはなるべくPython2でも3でも動くような記述にしました
※Biolinux8にはPython2もPython3も入っています

Python2と3で仕様が変わっているところには説明を入れるようにしました

Pythonのバージョン

BioLinux8では

Python2を実行するには「python」コマンドを Python3を実行するには「python3」コマンドを 使います

```
$ python foo.py
```

Python2で実行される

```
$ python3 foo.py
```

Python3で実行される

実習では、どちらも試してみてください

実習環境

- 1. 仮想環境を起動します
- 2. デスクトップに「python」ディレクトリ を作成します

```
$ cd ~/Desktop
$ mkdir python
$ cd python
```

本日の実習はすべてこの中で行います

実習環境

テストデータ

デスクトップの「Sample Data」から以下の1ファイルを「python」にコピーしてください

「../S」だけ入力してTabキーを押すと「Sample¥ Data」まで入ります

\$ cp ../Sample\(\) Data/peptide_seqs/p
eptides_longer_headers.fasta .

改行を入れ ずに続けて 入力

Fastaフォーマットのファイルです

Fastaフォーマット

>で始まるID行と配列行(塩基またはアミノ酸)から成るフォーマットです ゲノムや遺伝子の配列を表すのによく使われます

>NP 571718.1|DRERSOX9A

ID行

MNLLDPYLKMTDEQEKCLSDAPSPSMSET SPCPSASGSDTENTRPAENSLLAADGTLGDF KKDEEDKFPVCIREAVSQVLKGYDWTLVPMPVRVNGSSKNKPHVKRPMNAFMVWAQAARRKLA DQYPHLHNAELSKTLGKLWRLLNEVEKRPFVEEAERLRVQHKKDHPDYKYQPRRRKSVKNGQS ESEDGSEQTHISPNAIFKALQQADSPASSMGEVHSPSEHSGQSQGPPTPPTTPKTDTQPGKAD LKREARPLQENTGRPLSINFQDVDIGELSSDVIETFDVNEFDQYLPPNG

Copyright © Amelieff Corporation All Rights Reserved.

本講義の達成目標

以下の作業をPythonスクリプトで実行 できるようになります

「BioPythonを用いてFastaファイルを 操作できる」

PythonとPerlの比較

例:変数iが5未満なら"S"、5以上なら"L"と出力せよ Perlではいろいろな書き方ができ、どれも正解

○整頓したい派

```
if ( $i < 5 ) {
   print "S\formalf n";
}
else {
   print "L\formalf n";
}</pre>
```

if(\$i<5){print "S\n"}else{print "L\n"}</pre>



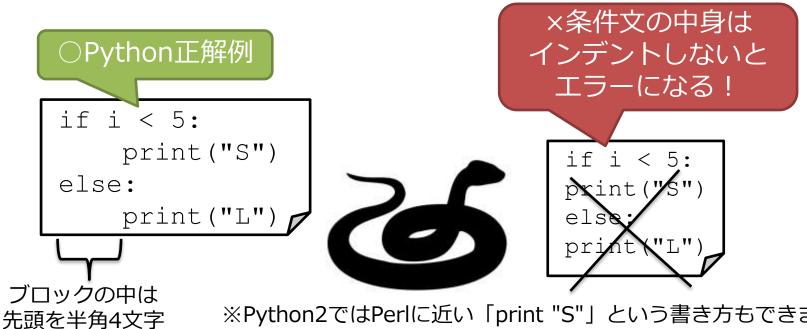
○1行に収めたい派

○無頼派

PythonとPerlの比較

下げる

例:変数iが5未満なら"S"、5以上なら"L"と出力せよ PythonではPerlほどの自由度が無い



※Python2ではPerlに近い「print "S"」という書き方もできますが 本資料ではPython3と互換性のある「print("S")」を用います

PythonとPerlの比較

- 行末に「;」がつくのがPerl、つかないのがPython
- 変数名に\$、@、%がつくのがPerl、つかないのがPython
- ブロック構造(繰り返し処理や条件分岐)を {}で囲むの がPerl、「:」とインデントで示すのがPython



```
if ($i < 5) {
   print "S\n";
}
else {
   print "L\n";
}</pre>
```



```
if i < 5:
    print("S")
else:
    print("L")</pre>
```

Pythonの「print」関数はデフォルトで 末尾に改行をつけます

データ型

Pythonにはいろいろなデータ型があります 文字列、数値、論理値、...

「type」関数でデータ型を確認できます

「str」関数で数値を文字列に変換できます

```
a = 'a'
b = 1
print(type(a))
print(type(b))
c = str(b)
print(type(c))
「str(文字列)」であることが示される
「int(整数型の数値)」であることが示される
```

実習1

次のPythonスクリプト・py1.pyを 書いて実行してみましょう

Hello!と出力するPythonスクリプトです

\$ gedit py1.py

py1.pyにこの2行を書いて保存し 右のコマンドを実行します

```
print('Hello!')
print(type('Hello!'))
```

```
$ python py1.py
```

Hello!
<type 'str'>

```
$ python3 py1.py
```

Hello!
<class 'str'>

演算子

Pythonの主な演算子

算術演算子

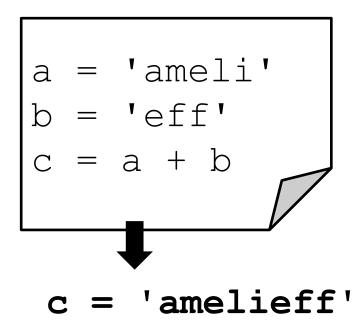
A + B	足し算
A - B	引き算
A * B	掛け算
A / B	割り算
A % B	剰余
A ** B	べき乗

比較演算子

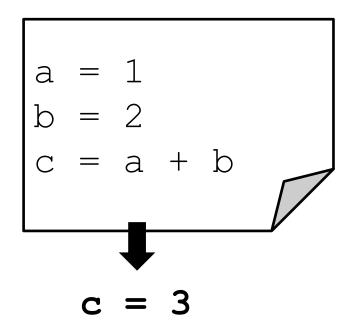
A == B	A=Bなら
A != B	A≠Bなら
A < B	A <bなら< td=""></bなら<>
A <= B	A≦Bなら
A >= B	A≧Bなら
A > B	A>Bなら

+は文字列にも数値にも使える

文字列を結合する



数値を足し算する



クイズ

実行結果はどうなりますか?

gene = 'p53 '
value = 20

result = gene + value
print(result)

A

p53

20

B

p53 20

C

p5320

D

エラーになる

クイズ

正解は、

レ
!
!
エラーになる

```
Traceback (most recent call last): File "Q1.py", line
4, in <module> result = gene + valueTypeError:
cannot concatenate 'str' and 'int' objects
```

文字列と数値はそのままでは結合できません 以下のように、数値を文字列に変換すれば結合できます

result = gene + str(value)

条件付き処理

```
if 条件1:
    条件1を満たした時の処理
elif 条件2:
    条件1は満たさなかったが、
    条件2を満たした時の処理
else:
    どの条件も満たさなかった
時の処理
```

条件の後ろの「:| を

参考: Perlの場合

```
if(条件1){
    条件1を満たした時の処理
}
elsif(条件2){
    条件1は満たさなかったが、
    条件2を満たした時の処理
}
else{
    どの条件も満たさなかった
    時の処理
}
```

処理の前のインデントを 忘れないこと!

繰り返し処理

for 要素 in リストやタプル: 各要素に対する処理

例

```
gene_arr = ["Oct4", \{
"Sox2", "Kif4", "c-Myc"]

for gene in gene_arr:
    print(gene)
```

参考: Perlの場合

```
my @gene_arr = ("Oct4",
  "Sox2", "Kif4", "c-Myc");

for my $gene(@gene_arr) {
   print $gene, "\n";
}
```

(複数回答可)

クイズ

エラーが出るのはどれでしょう

Α

```
a=1
if a == 1:
    print('a is 1')
else:
    print('a is not 1')
```

```
for i in (1, 2, 3):
    print(i)
```

```
a=1
if a == 1:
    print('a is 1')
else
    print('a is not 1')
```

```
for i in (1, 2, 3):
    print(i):
```

クイズ

正解は、



D i i

В

```
a=1
if a == 1:
    print('a is 1')
else
    print('a is not 1')
```

- 「else」のあとにも「:」が 必要です

D

```
for i in (1, 2, 3):

print(i):
```

-「for」のあとには「:」が必要ですが、その中の実行文には必要ありません

リストとタプル

Perlの配列にあたるものが Pythonのリストとタプルです

「リスト」は値の変更や追加が可能ですが 「タプル」は値の変更や追加ができません

→ 一回定義したら値が変わらないものや、
辞書のキーにするものはタプルにすると良い
初心者は、迷ったらとりあえずリストを使っておけばいいと思います

リスト

リストxの作成

$$x = [2, 4, 7, 3]$$

要素をコンマ区切りで[]内に羅列します

リストxの1番目の要素をyに代入

添字は 0スタート

$$\lambda = x[0]$$

リストxの2番目の値を「5」に変更

$$x[1] = 5$$

リストの操作

リストxの末尾に新しい要素を追加

x.append(8)

リストxの最初の値を削除

del x[0]

タプル

タプルxの作成

$$x = (2, 4, 7, 3)$$

リストは[]で タプルは()です

タプルxの1番目の要素をyに代入

$$y = x[0]$$

※タプルは値の変更や追加ができません

リストとタプル

リストとタプルの違いの覚え方(©服部)

初めに入れた値を変えたいんだけど...

かく (角) も柔軟、 リストくん

丸いが頑固な タプルちゃん

リスト・タプルの共通操作

リスト/タプルxの要素数

```
len(x)
```

※ちなみにlen(文字列)で文字列長が得られます

リスト/タプルxの最小値と最大値

```
max(x)
min(x)
```

リスト・タプルの共通操作

リスト/タプルxの各値を出力

```
for y in x:
    print(y)
```

リスト/タプルxに値'4'があるか調べる

```
if 4 in x:
    print('yes')
```

リスト・タプルの相互変換

リストxをタプルに変換

```
x = [2, 4, 7, 3]
x = tuple(x)
type(x)
```

タプルxをリストに変換

```
x = (2, 4, 7, 3)

x = list(x)

type(x)
```

実習2

次のPythonスクリプト・py2.pyを書いて実行してみましょう

リストxを作って最初の値を出力するPythonスクリプトです

\$ gedit py2.py

py2.pyにこの2行を書いて保存し実行します

$$x = [1, 2, 3]$$

print(x[0])

\$ python py2.py

1と出力されればOK

実習3

次のPythonスクリプト・py3.pyを書いて実行してみましょう

タプルxを作って最後の値を出力するPythonスクリプトです

\$ gedit py3.py

py3.pyにこの3行を書いて保存し実行します

```
x = (1, 2, 3)

index = len(x) - 1

print(x[index])
```

\$ python py3.py
3と出力されればOK

以下の実行結果を得るためには、どのスクリプトを 実行すればよいでしょう?

実行結果

Hello Python

Α

```
for w in ['Hello', 'Python']:
    print(w)
```

В

```
for w in ['Hello', 'Python']:
print(w)
```

 C

```
for w in ['Hello', 'Python']
    print(w)
```

正解はA!

Hello Python

エラー! for文の末尾に「:」がない

Α

for w in ['Hello', 'Python']:
 print(w)

C

for w in ['Hello', 'Python']
 print(w)



Hello Python

В

for w in ['Hello', 'Python']:
print(w)

エラー! forの中身がインデントされていない 【参考】改行をつけなくする

Python2の場合:,をつける

print w,

Python3の場合: end=""をつける

print(w,end="")

実行結果はどうなりますか?

```
a = ['A', 'B', 'C']
b = ('D', 'E', 'F')
a.append('G')
print(len(a))
print(b[1])
```

A

3

D

В

3

F

C

4

Ε

4

正解は、【!!

```
4
E
```

```
a = ['A', 'B', 'C']
b = ('D', 'E', 'F')
a.append('G')
print(len(a))
print(b[1])
b = ('D', 'E', 'F')
```

コメント

行の頭に「#」をつけるとその行はコメントとなり 処理に無関係になります

This is comment.

複数行に渡るコメントを書くには、「"」または「"」を3つ連続で書いたもので囲います

These are comment lines.

下のスクリプトを実行した後、 リスト a の要素のうち 'spam' はいくつでしょうか。

正解は、 3個!!

答: ['egg','spam','tomato','spam','bacon','spam']

辞書

Perlのハッシュにあたるものが Pythonの辞書(ディクショナリ)です

キーと値をセットで格納します

辞書

辞書xの作成

キー:値をコンマ区切りで{}内に羅列します

$$x = \{ 'a':1, 'c':4 \}$$

辞書xのキーが'a'の値をyに代入

辞書xのキーが'c'の値を「5」に変更

$$x['c'] = 5$$

辞書の操作

辞書xに新しいキーと値を追加

$$x['b'] = 10$$

辞書xにキー「'a'」が含まれるか調べる

```
if 'a' in x:
```

辞書xの要素数

```
len(x)
```

実習4

次のPythonスクリプト・py4.pyを 書いて実行してみましょう

```
x = {'even':0}
for i in [1,2,3,4,5]:
    if i % 2 == 0:
        x['even'] += 1

print('even=' + str(x['even']))
```

\$ python py4.py

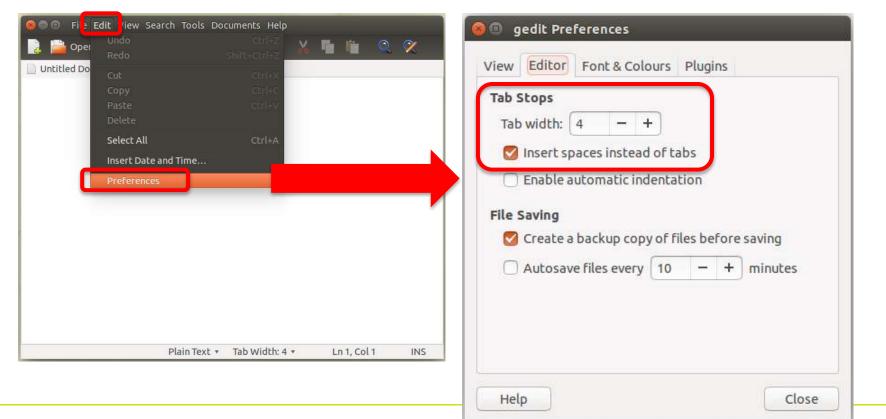
even=2と出力されればOK

a+= 1はa = a +1と 同じ意味になります

- ・1から5までの間の偶数の数を数える スクリプトです
- ・余裕のある方はelseを使って奇数 (odd)の数も数えてみましょう

geditで楽にインデントする方法

Tabキーを一回押した時に半角スペースを4つ入れるように設定できます



Copyright © Amelieff Corporation Air Rights Reserved.

実行結果は どうなりますか?

orange = {'price': 1, 'stock': 30}
orange['stock'] = 'sold out'
print(orange['stock'])

A

30

 C

orange

B

エラーになる

D

sold out

正解は、 !!

sold out

辞書の値には、

文字列も使用可能です

```
orange = {'price': 1, 'stock': 30}
orange['stock'] = 'sold out'
print(orange['stock'])
```

実行結果は どうなりますか?

```
orange = {'price': 1, 'stock': 30}
# add 20 oranges
orange['stock'] += 20
for key in orange:
    print(key+': '+str(orange[key]))
```

A

key: value

B

50

C

price : 1

stock: 50

D

1

20

正解は、【!!

price: 1

stock: 50

```
orange = {'price': 1, 'stock': 30}
# add 20 oranges
orange['stock'] += 20
for key in orange:
    print(key+': '+str(orange[key]))
```



itemsメソッドを使うと

辞書のキーと値を

セットで取得できます

```
orange = {'price': 1, 'stock': 30}
# add 20 oranges
orange['stock'] += 20
for key, value in orange.items():
    print(key+': '+str(value))
```

値の整形

formatを使うと、printの中に値を埋め込んだり、数値の桁数を揃えたりできます

```
print('My name is {0}'.format("Alice"))
```

My name is Alice.

```
print('My name is {0} {1}.'.format("Alice", "Liddell"))
```

My name is Alice Liddell.

```
print('I have {0} yen.'.format(100))
```

I have 100 yen.

print(' π is {0:.2f} '.format(3.1415926535))

п is 3.14

辞書からキーと 値を取得したい です。

どう書けばいい でしょうか?

```
orange = {'price': 1, 'stock': 30}
orange['stock'] += 20
.
```



?

price : 1

stock: 50

A

```
for key in orange:
    print('{0} : {1}'.format(key, orange[key]))
```

B

```
for key, value in orange.items():
    print('{0}: {1}'.format(key, value))
```

クイズ どちらも**正解**!!

```
orange = {'price': 1, 'stock': 30}
orange['stock'] += 20
for key, value in orange.items():
    print('{0} : {1}'.format(key, value))
```

文字列の挿入は、formatメソッドで指定します formatの引数は、順に0,1に挿入されます

Pythonのお作法: PEP8

http://pep8-ja.readthedocs.org/ja/latest/



1行の文字数を長くしすぎない

PEP8では、1行あたり79文字(コメントは72文字)までにすることが推奨されています行の途中で改行するには、改行位置に¥を書きます

PEP8に準拠しているか チェック・修正する

pep8:スクリプトがPEP8に準拠するかチェックする autopep8:スクリプトをPEP8に準拠した内容に修正する

```
// pipのインストール
$ wget https://raw.github.com/pypa/pip/master/contrib/get-pip.py
$ sudo python get-pip.py

// pep8とautopep8のインストール
$ sudo pip install pep8
$ sudo pip install autopep8

// pep8およびautopep8の実行
$ pep8 py4.py
$ autopep8 -I py4.py
```

関数

関数は、オブジェクト(引数)を受け取って、 処理を行い、結果(戻り値)を返します

関数は以下のように定義します

def関数名(引数):処理内容return戻り値

関数内はインデントする

関数

関数の例

```
def tashizan(num1, num2):
    result = num1 + num2
    return result

test = tashizan(1, 2)
print(test)
# 3
```

二つの数値を受け取り 合計を返す関数

実習5

次のPythonスクリプト・py5.pyを 書いて実行してみましょう

```
def U_to_T(nuc):
    if nuc == 'U':
        return 'T'
    else:
        return nuc

print(U_to_T('U'))
```

\$ python py5.py

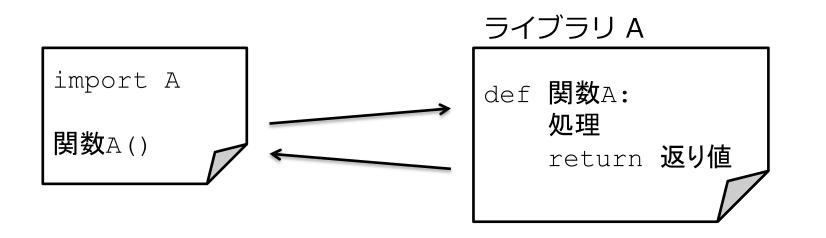
Tと出力されればOK

実習6

次のPythonスクリプト・py6.pyを 書いて実行してみましょう

ライブラリ

ライブラリとは、Pythonスクリプトを他のPythonスクリプトから呼び出せるようにしたものです
Pythonではたくさんのライブラリが提供されています
ライブラリをインストールすると
import関数で呼び出して使うことができます



ライブラリ

ライブラリのインストールはライブラリ付属の setup.pyや、ライブラリ管理コマンド(pip、 easy_installなど)で行います

プラットフ ォーム	標準のインストール場所	デフォルト値
Unix (pure)	<pre>prefix/lib/pythonX.Y/site- packages</pre>	/usr/local/lib/pythonX.Y/site- packages
Unix (non- pure)	<pre>exec-prefix/lib/pythonX.Y/site- packages</pre>	/usr/local/lib/pythonX.Y/site- packages
Windows	prefix\Lib\site-packages	C:\PythonXY\Lib\site-packages

http://docs.python.jp/2.7/install/index.html

コマンドライン引数

コマンドラインから引数を受け取るには sysライブラリをimportします

import sys

引数は、リスト sys.argv に入ります

sys.argv[0]:スクリプト名

sys.argv[1]:1つ目の引数

sys.argv[2]: 2つ目の引数

:

スクリプトを終了する

スクリプトを終了するには sys.exit() を実行します

正常終了時は sys.exit(0) エラー終了時は sys.exit("エラーメッセージ")

実習7

次のPythonスクリプト・py7.pyを 書いて実行してみましょう

```
import sys

if len(sys.argv) < 2:
    sys.exit("Less argument.")

arg1 = sys.argv[1]
    print("1st: " + str(arg1))

$ python py7.py A

$ python py7.py A</pre>
```

シバンと日本語化

コード内で日本語(マルチバイト文字)を使用する には、テキストエンコーディングを指定します

一般的には、ソースコードの2行目に以下のように 記述します (エンコーディングはUTF-8にしておけば問題ありません)

```
#!/usr/bin/python
# -*- coding: utf-8 -*-
```

BioPython

BioPythonはバイオインフォマティクスの ライブラリです

http://biopython.org/wiki/Main_Page

http://biopython.org/DIST/docs/tutorial/Tutorial.html

BioLinux8には最初からインストールされています

BioPythonでできること

- ファイルの操作 Blast、Clustalw、FASTA、GenBank、PubMed、UniGene、 ...
- オンラインサービスへのアクセス
 Blast、Entrez、PubMed、Swiss-Prot、Prosite
- プログラムの実行
 Blast、Clustalw、EMBOSS command line tools

など多数

BioPythonDimport

BioパッケージからSeqIOインタフェースを読み込む

from Bio import SeqIO

Fastaファイルを読み込んで各配列のIDと塩基配列を 出力する

```
for seq_record in SeqIO.parse(Fastaファイル, "fasta"):
    print(seq_record.id)
    print(seq_record.seq)
```

ファイル入出力

ファイル'a.txt'から読み込んでリストlinesに入れる(linesには1行ずつが要素として入る)

```
f = open('a.txt', 'r')
lines = f.readlines()
f.close()
```

openの一つ目にファイル名、 二つ目にmodeを指定します

r: 読み込み用

w: 書き込み用

a: 追記用

ファイル'a.txt'に'A'と書き込む

```
f = open('a.txt', 'w')
f.write('A')
f.close()
```

最終課題

次のPythonスクリプト・py8.pyを書いて実行してみましょう

- 1. コマンドライン引数で与えたFastaファイルを変数「in_fasta」に読み込む
- 2. 各配列の「ID」と「配列」と「配列長」を出力する

\$ python py8.py peptides_longer_headers.fasta

最終課題

```
import sys
from Bio import SeqIO

in_fasta = sys.argv[1]

for seq_record in SeqIO.parse(in_fasta, "fasta"):
    print("ID: " + seq_record.id)
    print("Seq: " + seq_record.seq)
    print("Length: " + str(len(seq_record.seq)))
```

\$ python py8.py peptides_longer_headers.fasta

参考資料

(Perl入門の最終課題をPythonで書いたら)

- コマンドライン引数で指定したファイルを読込用で開いて、
 1行ずつ読み込んで改行コードを削除する
- 2. 読み込んだ行がID行以外なら、一文字ずつ区切って各アミノ 酸の出現頻度をハッシュでカウントする
- 3. カウント結果を出力
- コマンドライン引数にpeptides_longer_headers.fastaを 与えて実行

参考資料

(Perl入門の最終課題をPythonで書いたら)

```
#!/usr/bin/perl
use strict:
use warnings;
use autodie;
my file = ARGV[0];
my %aaCount;
open my $fh, "<", $file;
while(<$fh>){
  chomp;
  if($ !~ /^>/){
    my @aaArr = split(//, \$);
       for my $aa(@aaArr) {
         $aaCount{$aa} ++;
close $fh;
while(my ($aa, $count) = each %aaCount) {
  print $aa, ":", $count, "\forall n";
```

```
#!/usr/bin/python
import sys
file = sys.arqv[1]
aaCount = {}
f = open(file, 'r')
lines = f.readlines()
f.close()
for line in lines:
    if not line.startswith(">"):
        aaArr = list(line.rstrip("\forall n"))
        for aa in aaArr:
            if aa not in aaCount:
                aaCount[aa] = 0
            aaCount[aa] += 1
for aa, count in aaCount.items():
    print(aa + ":" + str(count))
```

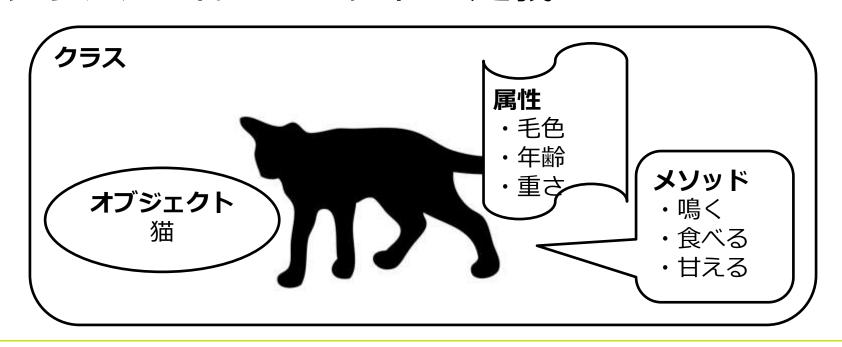
オブジェクト指向とは

プログラミングの書き方の一つで、 データを「属性」や「 メソッド 」を持つ 「オブジェクト」として扱います

Pythonはオブジェクト指向に対応した言語と して開発されました

オブジェクト指向とは

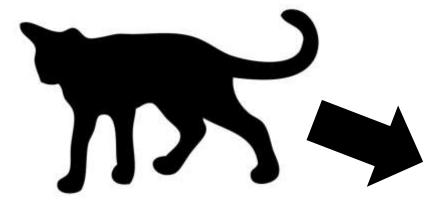
オブジェクト=属性とメソッド クラス=オブジェクトの定義



オブジェクト指向とは

クラスを実現化したもの=インスタンス

クラス



インスタンス



実習9

次のPythonスクリプト・py9.pyを 書いて実行してみましょう

```
class Cat():
    def setName(self, name):
        self.name = name
    def getName(self):
        return self.name

mycat = Cat()
mycat.setName("Tom")
print mycat.getName()
```

\$ python py9.py

指定した名前が出力されればOK

現在いる場所を確認する【pwd】

現在Linuxのどのディレクトリにいるか確認するには次のコマンドを 実行します

\$ pwd

コマンドを入力した後、Enterキーを押すとコマンドが 実行されます

ディレクトリ内を確認する【Is】

現在いる場所にどのようなファイル・ディレクトリがあるか確認するには 次のコマンドを実行します

\$ ls -1

-lをつけて実行するとlsだけを実行するより詳しい結果が表示されます(アクセス権限など) -lを「オプション」と呼びます

他のディレクトリに移動する【cd】

他のディレクトリに移動するには次のコマンドを実行します

\$ cd *移動先ディレクトリ*

コマンドとオプションの間、コマンドと値の間には 半角空白を1つ以上入れます

ディレクトリを作成する【mkdir】

\$ mkdir 移動先ディレクトリ

ファイルを作成する【 t o u c h 】

\$ touch 作成するファイル名

ファイルを閲覧するにはlessやmore、 ファイルを編集するにはgeditやviを使います

ファイルを編集する【gedit】

\$ gedit 編集するファイル名

ファイルが存在しない場合は新規作成されます GUI環境がない場合はviを使います

ファイルまたはディレクトリをコピーする【 c p 】

\$ cp ファイル名 | ディレクトリ名 コピー先名

ファイルまたはディレクトリを移動する【mv】

\$ mv ファイル名 ディレクトリ名 コピー先名

アクセス権限を変更する【chmod】

\$ chmod 付与する権限 ファイル名 | ディレクトリ名

権限の例) 755: 全員に読み書き実行を許可、700: 所有者のみに読み書き実行を許可

主な解凍コマンド

拡張子	圧縮形式	コマンド
.tar.gz	gzip	\$ tar zxvf ファイル名
.tar.bz2	bzip2	\$ tar jxvf ファイル名
.gz	gzip	\$ gunzip ファイル名
		\$ gzip -d <i>ファイル名</i>
.bz2	bzip2	\$ bunzip2 ファイル名
		\$ bzip2 -d ファイル名
.zip	zip	\$ unzip ファイル名
.tar	tar	\$ tar xvf ファイル名

Linuxのテキストエディタ

GUIのエディタとCUIのエディタがあります

GUI: Windows/Macソフトのように、マウスで操作する

長所:Linux初心者にも操作が容易

短所:GUIがない環境では使えない

CUI: キーボードからコマンドで操作する

長所:GUIがない環境でも使える

短所:操作コマンドを覚える必要がある

gedit

CentOSにはデフォルトでgeditというGUI工ディタが入っています

geditを起動するには

\$ gedit

コマンドを実行します



v i

CentOSにはデフォルトでviというCUI工ディタが入っています

viを起動するには

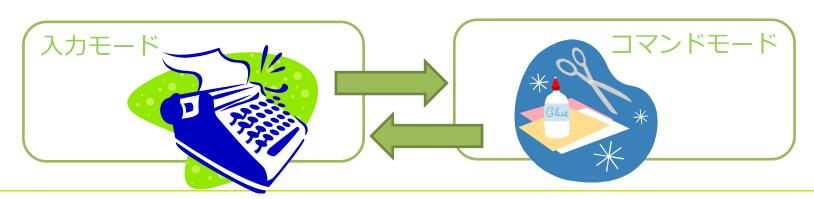
\$ vi

コマンドを実行します

viには2つのモードがあり、モードを切り替えながら操作します

入力モード:文字を入力する

コマンドモード:編集する(切り貼り、ファイルの保存など)



v i

入力モードのコマンド

コマンドモードのコマンド

a	入力モードに移行(カーソルの右から入力)	
0	入力モードに移行(次の行の行頭から入力)	
X	1文字カット	
dd	今いる行をカット	
уу	1行コピー	
р	カットした行をペースト	
[数字]g	[数字]行に移動	
G	最終行に移動	
:%s/foo/bar/	文字列置換(fooをbarに置換)	