

Prácticas del Tema 1: Introducción al biocómputo en sistemas GNU/Linux

Pablo Vinuesa

2018-07-01

Contents

Tema 1. Introducción al biocómputo en sistemas GNU/Linux	2
Descarga los apuntes y ejercicios al directorio Descargas tu máquina	2
Exploremos el sistema en el que estamos trabajando	2
ssh establecer sesion remota encriptada (segura) via ssh al servidor ivory	2
hostname muestra el nombre del host (la máquina a la que estoy conectado) y la IP	2
uname muestra el sistema operativo del host	2
muestra las especificaciones de la distribución del sistema operativo	3
Variables de ambiente: \$HOME \$PATH \$USER	3
EXPLORACIÓN EL SISTEMA DE ARCHIVOS	3
pwd imprime la ruta absoluta del directorio actual	3
ls lista contenidos de un directorio	3
Veamos y filtremos el contenido de directorios particulares (ls; ls -a; ls -l; ls -ltr; ls -al)	7
expansión de caracteres con * y ?	8
Navega por la estructura de directorios con cd usando rutas absolutas y relativas (cd /usr/local/bin; cd ../.; cd)	9
Generación de directorios y permisos, copiado de archivos y directorios	10
mkdir genera nuevos directorios	10
asignación de variables: guardemos el directorio de trabajo actual en una variable para su fácil acceso; var=\$(pwd)	11
copiar, mover, renombrar y borrar directorios y archivos: cp ; mv	11
Copiado recursivo de un directorio: cp -r dir1 dir2	12
generar un directorio, mover un archivo/directorio a un directorio, y borrar un directorio (rm -rf ; recursively and force)	12
ln -s generación de una liga simbólica	13
mv para mover o renombrar una la liga o cualquier archivo o directorio	13
Visualización de contenidos de archivos	13
head y tail para desplegar la cabecera y cola de archivos	13
**cat* despliega uno o más archivos, concatenándolos	14
el paginador less despliega archivos página a página	14
Edición de archivos con vim o gedit	15
Uso de tuberías de herramientas UNIX/Linux para filtrado de texto con cut , grep , sort , uniq , wc	15
wc cuenta líneas, palabras y caracteres	15
cut , sort , uniq y pipes ' ' para procesar datos	15
man despliega el manual de cada comando	16
grep Filtra las líneas de un archivo que contienen (o no) caracteres o expresiones regulares	17
> redireccionado de la salida STOUT a un archivo	19
Inicios de programación en Bash	19
asignación y uso de variables	19
condicionales if/fin if/else/fin	19
bucles for	20
alinear todos los archivos fasta en el directorio seq_data y modificación de nombres en variables	20

Tema 1. Introducción al biocómputo en sistemas GNU/Linux

Este repositorio GitHub fue creado para el Taller de Filoinformática - UNLP, 2-6 Julio 2018, por Pablo Vinuesa, CCG-UNAM.

version: 2018-07-01

Una vez que domines los comandos básicos que se presentarán seguidamente, recomiendo revisar tutoriales mucho más detallados y completos como los siguientes:

- Bash Reference Manual
 - Advanced Bash Scripting Guide
-

Descarga los apuntes y ejercicios al directorio Descargas tu máquina

1. Descarga los archivos html y pdf del tema 1 al directorio **Descargas** de tu máquina.
2. Ve al directorio **Descargas** y abre el archivo *working_with_linux_commands.html* o *working_with_linux_commands.pdf* para que puedas seguir la práctica.

Exploremos el sistema en el que estamos trabajando

En este Taller vamos a trabajar en **sesiones locales**, es decir, directamente sobre tu laptop o en las máquinas del salón de cómputo. Pero para hacer análisis con conjuntos grandes de datos (por ejemplo múltiples genomas), generamente trabajaremos en servidores con múltiples CPUs y cores, a los cuales accedemos estableciendo **sesiones remotas** con el comando *ssh*

ssh establecer sesion remota encriptada (segura) via ssh al servidor ivory

un terminal y ejecuta el comando mostrado abajo

```
ssh -X $USER@***.***.***.19:/home/$USER
```

hostname muestra el nombre del host (la máquina a la que estoy conectado) y la IP

```
hostname
hostname -i
```

```
## pablo-lap
## 127.0.1.1
```

uname muestra el sistema operativo del host

```
uname
uname -a
```

```
## Linux
## Linux pablo-lap 4.15.0-23-generic #25-Ubuntu SMP Wed May 23 18:02:16 UTC 2018 x86_64 x86_64 x86_64 G
```

muestra las especificaciones de la distribución del sistema operativo

```
cat /etc/os-release

## NAME="Ubuntu"
## VERSION="18.04 LTS (Bionic Beaver)"
## ID=ubuntu
## ID_LIKE=debian
## PRETTY_NAME="Ubuntu 18.04 LTS"
## VERSION_ID="18.04"
## HOME_URL="https://www.ubuntu.com/"
## SUPPORT_URL="https://help.ubuntu.com/"
## BUG_REPORT_URL="https://bugs.launchpad.net/ubuntu/"
## PRIVACY_POLICY_URL="https://www.ubuntu.com/legal/terms-and-policies/privacy-policy"
## VERSION_CODENAME=bionic
## UBUNTU_CODENAME=bionic
```

Variables de ambiente: \$HOME \$PATH \$USER

```
# imprime el contenido de la variable de ambiente $HOME
echo "$HOME"
```

```
## /home/vinuesa
```

```
# imprime el contenido de la variable de ambiente $USER
echo "$USER"
```

```
# Nota que son equivalentes las siguientes expresiones
echo "$HOME"
echo "/home/$USER"
```

```
## vinuesa
## /home/vinuesa
## /home/vinuesa
```

```
# imprime el contenido de la variable de ambiente PATH; esto variará de máquina a máquina
echo "$PATH"
```

```
## /home/vinuesa/Software_downloads/get_homologues-x86_64-20160504/:/home/vinuesa/bin:/usr/local/sbin:/usr/local/bin:/usr/sbin:/usr/bin:/sbin:/bin
```

EXPLORACIÓN EL SISTEMA DE ARCHIVOS

pwd imprime la ruta absoluta del directorio actual

```
# dónde me encuentro en el sistema?
pwd
```

```
## /home/vinuesa/Cursos/intro2phyloinfo_UNLP_Jul18
```

ls lista contenidos de un directorio

```
# ¿Dónde estoy en el sistema de archivos? - ruta absoluta  
pwd
```

```
## /home/vinuesa/Cursos/intro2phyloinfo_UNLP_Jul18
```

```
# Qué contiene el directorio actual? - ejecuta el comando en tu terminal  
ls
```

```
## administration.cmds  
## Batch.cmds  
## Category.cmds  
## C.cmds  
## clase3_GET_PHYLO_y_Stenotrophomonas_phylogenomics  
## Filesystem.cmds  
## Filesystem_commands.tab  
## FORTRAN77.cmds  
## hist_head.out  
## hist_tail.out  
## Intro2biocomputo_sistemas_en_sistemas_UNIX-Linux.pdf  
## intro2filoinfo  
## intro2linux  
## intro_biocomputo_Linux_pt1.odp  
## introduccion_a_la_pangenomica_microbiana_OMICAS-UAEM_Mar18.pdf  
## linux_commands.tab  
## linux_very_basic_commands_table.csv  
## management.cmds  
## Misc.cmds  
## Network.cmds  
## Pangenomica_y_filogenomica_bacteriana_OMICAS-UAEM_2Mar18.odp  
## Phylogenomics_pan-genomics  
## Process.cmds  
## processing.cmds  
## programming.cmds  
## Programming.cmds  
## README.md  
## SCCS.cmds  
## Shell.cmds  
## System.cmds  
## Text.cmds  
## utilities.cmds  
## working_with_linux_commands.code  
## working_with_linux_commands.html  
## working_with_linux_commands.pdf  
## working_with_linux_commands.Rmd
```

```
# mostrar todos (-a all) los archivos, incluidos los ocultos - ejecuta el comando en tu terminal  
ls -a
```

```
## .  
## ..  
## administration.cmds  
## Batch.cmds  
## Category.cmds  
## C.cmds  
## clase3_GET_PHYLO_y_Stenotrophomonas_phylogenomics  
## Filesystem.cmds
```

```
## Filesystem_commands.tab
## FORTRAN77.cmds
## hist_head.out
## hist_tail.out
## Intro2biocomputo_sistemas_en_sistemas_UNIX-Linux.pdf
## intro2filoinfo
## intro2linux
## intro_biocomputo_Linux_pt1.odp
## introduccion_a_la_pangenomica_microbiana_OMICAS-UAEM_Mar18.pdf
## linux_commands.tab
## linux_very_basic_commands_table.csv
## management.cmds
## Misc.cmds
## Network.cmds
## Pangenomica_y_filogenomica_bacteriana_OMICAS-UAEM_2Mar18.odp
## Phylogenomics_pan-genomics
## Process.cmds
## processing.cmds
## programming.cmds
## Programming.cmds
## README.md
## .Rhistory
## SCCS.cmds
## Shell.cmds
## System.cmds
## Text.cmds
## utilities.cmds
## working_with_linux_commands.code
## working_with_linux_commands.html
## working_with_linux_commands.pdf
## working_with_linux_commands.Rmd
```

```
# mostrar los archivos y sus atributos
```

```
ls -l
```

```
## total 21184
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa      78 Jul  1 16:35 administration.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa     492 Jul  1 16:35 Batch.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa      75 Jul  1 16:35 Category.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa    2835 Jul  1 16:35 C.cmds
## drwxr-xr-x 2 vinuesa vinuesa    4096 Jun 30 09:20 clase3_GET_PHYLO_y_Stenotrophomonas_phylogenomics
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa    1814 Jul  1 16:35 Filesystem.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa    1814 Jul  1 16:35 Filesystem_commands.tab
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa      54 Jul  1 16:35 FORTRAN77.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa       0 Jul  1 16:35 hist_head.out
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa       0 Jul  1 16:35 hist_tail.out
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 2302077 Jul  1 13:18 Intro2biocomputo_sistemas_en_sistemas_UNIX-Linux.p
## drwxr-xr-x 3 vinuesa vinuesa    4096 Jul  1 12:10 intro2filoinfo
## drwxr-xr-x 2 vinuesa vinuesa    4096 Jul  1 13:30 intro2linux
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 1683925 Jul  1 13:18 intro_biocomputo_Linux_pt1.odp
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 8755024 Jun 30 09:21 introduccion_a_la_pangenomica_microbiana_OMICAS-UA
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa   10193 Jul  1 16:35 linux_commands.tab
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa    1705 Jul  1 13:18 linux_very_basic_commands_table.csv
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa    1042 Jul  1 16:35 management.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa    2133 Jul  1 16:35 Misc.cmds
```

```
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa      215 Jul  1 16:35 Network.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 7745946 Jun 30 09:21 Pangenomica_y_filogenomica_bacteriana_OMICAS-UAEM_1
## drwxr-xr-x 3 vinuesa vinuesa      4096 Jun 30 09:21 Phylogenomics_pan-genomics
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa      1138 Jul  1 16:35 Process.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa      2000 Jul  1 16:35 processing.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa      1735 Jul  1 16:35 programming.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa        81 Jul  1 16:35 Programming.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa      3590 Jun 30 09:43 README.md
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa        528 Jul  1 16:35 SCCS.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa      1038 Jul  1 16:35 Shell.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa      1394 Jul  1 16:35 System.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa      2000 Jul  1 16:35 Text.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa        567 Jul  1 16:35 utilities.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa      6047 Jul  1 13:18 working_with_linux_commands.code
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 794032 Jul  1 16:35 working_with_linux_commands.html
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 257162 Jul  1 13:18 working_with_linux_commands.pdf
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa     13718 Jul  1 16:36 working_with_linux_commands.Rmd
```

mostrar todos (-a all) los archivos y sus atributos - ejecuta el comando en tu terminal
ls -la

```
## total 21192
## drwxr-xr-x 6 vinuesa vinuesa      4096 Jul  1 16:35 .
## drwxr-xr-x 21 vinuesa vinuesa     4096 Jul  1 12:57 ..
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa        78 Jul  1 16:35 administration.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa       492 Jul  1 16:35 Batch.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa        75 Jul  1 16:35 Category.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa      2835 Jul  1 16:35 C.cmds
## drwxr-xr-x 2 vinuesa vinuesa      4096 Jun 30 09:20 clase3_GET_PHYLO_y_Stenotrophomonas_phylogenomics
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa      1814 Jul  1 16:35 Filesystem.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa      1814 Jul  1 16:35 Filesystem_commands.tab
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa        54 Jul  1 16:35 FORTRAN77.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa         0 Jul  1 16:35 hist_head.out
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa         0 Jul  1 16:35 hist_tail.out
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 2302077 Jul  1 13:18 Intro2biocomputo_sistemas_en_sistemas_UNIX-Linux.pdf
## drwxr-xr-x 3 vinuesa vinuesa      4096 Jul  1 12:10 intro2filoinfo
## drwxr-xr-x 2 vinuesa vinuesa      4096 Jul  1 13:30 intro2linux
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 1683925 Jul  1 13:18 intro_biocomputo_Linux_pt1.odp
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 8755024 Jun 30 09:21 introduccion_a_la_pangenomica_microbiana_OMICAS-UAEM
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa     10193 Jul  1 16:35 linux_commands.tab
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa      1705 Jul  1 13:18 linux_very_basic_commands_table.csv
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa      1042 Jul  1 16:35 management.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa      2133 Jul  1 16:35 Misc.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa        215 Jul  1 16:35 Network.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 7745946 Jun 30 09:21 Pangenomica_y_filogenomica_bacteriana_OMICAS-UAEM_1
## drwxr-xr-x 3 vinuesa vinuesa      4096 Jun 30 09:21 Phylogenomics_pan-genomics
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa      1138 Jul  1 16:35 Process.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa      2000 Jul  1 16:35 processing.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa      1735 Jul  1 16:35 programming.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa        81 Jul  1 16:35 Programming.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa      3590 Jun 30 09:43 README.md
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa         0 Jul  1 12:54 .Rhistory
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa        528 Jul  1 16:35 SCCS.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa      1038 Jul  1 16:35 Shell.cmds
```

```
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 1394 Jul 1 16:35 System.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 2000 Jul 1 16:35 Text.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 567 Jul 1 16:35 utilities.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 6047 Jul 1 13:18 working_with_linux_commands.code
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 794032 Jul 1 16:35 working_with_linux_commands.html
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 257162 Jul 1 13:18 working_with_linux_commands.pdf
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 13718 Jul 1 16:36 working_with_linux_commands.Rmd
```

Veamos y filtremos el contenido de directorios particulares (ls; ls -a; ls -l, ls -ltr; ls -al)

```
ls /
```

```
## bin
## boot
## cdrom
## dev
## etc
## home
## initrd.img
## initrd.img.old
## lib
## lib64
## libnss3.so
## lost+found
## media
## mnt
## opt
## proc
## root
## run
## sbin
## snap
## srv
## sys
## tmp
## usr
## var
## vmlinuz
## vmlinuz.old
```

```
### Lista todos los archivos del directorio /bin
```

```
# ejecuta primero este comando
```

```
ls /bin
```

```
### Veamos ahora los primeros 20 filtrando la salida con | head -20
# ahora filtra la salida añadiendo | head -20 (explicaremos con más detalle el comando '|')
ls /bin | head -20
```

```
## bash
## brltty
## bunzip2
## busybox
## bzip2
## bzip2
## bzcat
## bzcmp
## bzdiff
```

```
## bzegrep
## bzexe
## bzfgrep
## bzgrep
## bzip2
## bzip2recover
## bzless
## bzmores
## cat
## chacl
## chgrp
## chmod
## chown
```

expansión de caracteres con * y ?

```
### Lista los programas que inician con b del directorio /bin usando el comodín '*'
ls /bin/b*
```

```
## /bin/bash
## /bin/brlty
## /bin/bunzip2
## /bin/busybox
## /bin/bzcat
## /bin/bzcmp
## /bin/bzdiff
## /bin/bzegrep
## /bin/bzexe
## /bin/bzfgrep
## /bin/bzgrep
## /bin/bzip2
## /bin/bzip2recover
## /bin/bzless
## /bin/bzmores
```

```
### idem, pero con detalles de permisos etc de los archivos contenidos en /bin
```

```
ls -l /bin/b*
```

```
## -rwxr-xr-x 1 root root 1113504 Apr  4 13:30 /bin/bash
## -rwxr-xr-x 1 root root 748968 Apr 17 05:46 /bin/brlty
## -rwxr-xr-x 3 root root 34888 Jan 29 2017 /bin/bunzip2
## -rwxr-xr-x 1 root root 2022480 Dec 12 2017 /bin/busybox
## -rwxr-xr-x 3 root root 34888 Jan 29 2017 /bin/bzcat
## lrwxrwxrwx 1 root root 6 Jan 29 2017 /bin/bzcmp -> bzdiff
## -rwxr-xr-x 1 root root 2140 Jan 29 2017 /bin/bzdiff
## lrwxrwxrwx 1 root root 6 Jan 29 2017 /bin/bzegrep -> bzgrep
## -rwxr-xr-x 1 root root 4877 Jan 29 2017 /bin/bzexe
## lrwxrwxrwx 1 root root 6 Jan 29 2017 /bin/bzfgrep -> bzgrep
## -rwxr-xr-x 1 root root 3642 Jan 29 2017 /bin/bzgrep
## -rwxr-xr-x 3 root root 34888 Jan 29 2017 /bin/bzip2
## -rwxr-xr-x 1 root root 14328 Jan 29 2017 /bin/bzip2recover
## lrwxrwxrwx 1 root root 6 Jan 29 2017 /bin/bzless -> bzmores
## -rwxr-xr-x 1 root root 1297 Jan 29 2017 /bin/bzmores
```



```
# idem, pero ordenando los archivos por fechas de modificacion (-t), listando los mas recientes al final
ls -ltr /bin/b*
```

```
## -rwxr-xr-x 1 root root      1297 Jan 29  2017 /bin/bzmore
## lrwxrwxrwx 1 root root         6 Jan 29  2017 /bin/bzless -> bzmore
## -rwxr-xr-x 1 root root    14328 Jan 29  2017 /bin/bzip2recover
## -rwxr-xr-x 3 root root   34888 Jan 29  2017 /bin/bzip2
## -rwxr-xr-x 1 root root    3642 Jan 29  2017 /bin/bzgrep
## lrwxrwxrwx 1 root root         6 Jan 29  2017 /bin/bzfgrep -> bzgrep
## -rwxr-xr-x 1 root root    4877 Jan 29  2017 /bin/bzexe
## lrwxrwxrwx 1 root root         6 Jan 29  2017 /bin/bzegrep -> bzgrep
## -rwxr-xr-x 1 root root    2140 Jan 29  2017 /bin/bzdiff
## lrwxrwxrwx 1 root root         6 Jan 29  2017 /bin/bzcmp -> bzdiff
## -rwxr-xr-x 3 root root   34888 Jan 29  2017 /bin/bzcat
## -rwxr-xr-x 3 root root   34888 Jan 29  2017 /bin/bunzip2
## -rwxr-xr-x 1 root root 2022480 Dec 12  2017 /bin/busybox
## -rwxr-xr-x 1 root root 1113504 Apr  4 13:30 /bin/bash
## -rwxr-xr-x 1 root root 748968 Apr 17 05:46 /bin/brlty
```

```
# lista los archivos en /bin que empiezan por las letras b y c, y que terminen en 2 y t, respectivamente
ls /bin/b*2
ls /bin/c*t
```

```
## /bin/bunzip2
## /bin/bzip2
## /bin/cat
## /bin/chvt
```

```
# lista los archivos en /bin que empiezan por la letra c seguida de uno o dos caracteres más
ls /bin/c?
ls /bin/c??
```

```
## /bin/cp
## /bin/cat
```

Navega por la estructura de directorios con cd usando rutas absolutas y relativas (cd /usr/local/bin; cd ../.; cd)

```
### de nuevo, donde estoy?
pwd
```

```
## /home/vinuesa/Cursos/intro2phyloinfo_UNLP_Jul18
```

```
### sube un directorio usando RUTA RELATIVA
cd ..
```

```
# o cd ../
```

```
### donde estoy?
pwd
```

```
## /home/vinuesa/Cursos/intro2phyloinfo_UNLP_Jul18
```

```
### regresa a tu home
cd $HOME
```

```
# ve al directorio raíz
cd /

# La manera más rápida de regresar a tu $HOME es:
cd
```

Generación de directorios y permisos, copiado de archivos y directorios

mkdir genera nuevos directorios

```
# vamos a $HOME y generamos el directorio Cursos/intro2filoinfo
cd
mkdir Cursos && cd Cursos; mkdir intro2filoinfo

# AVANZADO: uso de condicionales: if [ CONDITION_IS_TRUE ]; then DO_THIS; else DOT_THAT; fi
if [ -d intro2filoinfo ]; then
    echo "found dir intro2filoinfo"
else
    mkdir intro2filoinfo
fi

## mkdir: no se puede crear el directorio «Cursos»: El archivo ya existe
## mkdir: no se puede crear el directorio «intro2filoinfo»: El archivo ya existe
## found dir intro2filoinfo

### comprueba los **permisos** del nuevo directorio con ls -l
pwd
ls -l

## /home/vinuesa/Cursos/intro2phyloinfo_UNLP_Jul18
## total 21184
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa      78 Jul  1 16:35 administration.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa    492 Jul  1 16:35 Batch.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa     75 Jul  1 16:35 Category.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa   2835 Jul  1 16:35 C.cmds
## drwxr-xr-x 2 vinuesa vinuesa   4096 Jun 30 09:20 clase3_GET_PHYLO_y_Stenotrophomonas_phylogenomics
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa   1814 Jul  1 16:35 Filesystem.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa   1814 Jul  1 16:35 Filesystem_commands.tab
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa     54 Jul  1 16:35 FORTRAN77.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa      0 Jul  1 16:35 hist_head.out
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa      0 Jul  1 16:35 hist_tail.out
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 2302077 Jul  1 13:18 Intro2biocomputo_sistemas_en_sistemas_UNIX-Linux.p
## drwxr-xr-x 3 vinuesa vinuesa   4096 Jul  1 12:10 intro2filoinfo
## drwxr-xr-x 2 vinuesa vinuesa   4096 Jul  1 13:30 intro2linux
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 1683925 Jul  1 13:18 intro_biocomputo_Linux_pt1.odp
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 8755024 Jun 30 09:21 introduccion_a_la_pangenomica_microbiana_OMICAS-UA
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa   10193 Jul  1 16:35 linux_commands.tab
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa   1705 Jul  1 13:18 linux_very_basic_commands_table.csv
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa   1042 Jul  1 16:35 management.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa   2133 Jul  1 16:35 Misc.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa    215 Jul  1 16:35 Network.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 7745946 Jun 30 09:21 Pangenomica_y_filogenomica_bacteriana_OMICAS-UAEM_?
## drwxr-xr-x 3 vinuesa vinuesa   4096 Jun 30 09:21 Phylogenomics_pan-genomics
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa   1138 Jul  1 16:35 Process.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa   2000 Jul  1 16:35 processing.cmds
```

```
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 1735 Jul 1 16:35 programming.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 81 Jul 1 16:35 Programming.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 3590 Jun 30 09:43 README.md
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 528 Jul 1 16:35 SCCS.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 1038 Jul 1 16:35 Shell.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 1394 Jul 1 16:35 System.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 2000 Jul 1 16:35 Text.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 567 Jul 1 16:35 utilities.cmds
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 6047 Jul 1 13:18 working_with_linux_commands.code
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 794032 Jul 1 16:35 working_with_linux_commands.html
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 257162 Jul 1 13:18 working_with_linux_commands.pdf
## -rw-r--r-- 1 vinuesa vinuesa 13718 Jul 1 16:36 working_with_linux_commands.Rmd
```

```
### generemos un subdirectorio por debajo del que acabamos de crear y movámonos a él
mkdir -p intro2filoinfo/lunes/sesion1_linux && cd intro2filoinfo/lunes/sesion1_linux
```

asignación de variables: guardemos el directorio de trabajo actual en una variable para su fácil acceso; `var=$(pwd)`

```
# imprime la ruta absoluta del directorio en el que nos encontramos ahora
pwd
```

```
# almacena la ruta (path) en una variable de nombre arbitrario (wkdir en este caso)
wkdir=$(pwd)
```

```
# imprime el contenido de la variable con echo, e interpolando el contenido de la misma con $
echo "$wkdir"
```

```
## /home/vinuesa/Cursos/intro2phyloinfo_UNLP_Jul18
## /home/vinuesa/Cursos/intro2phyloinfo_UNLP_Jul18
```

copiar, mover, renombrar y borrar directorios y archivos: `cp`; `mv`

Vamos a copiar los archivos que necesitamos para lo que sigue de las prácticas a subdirectorios de nuestro directorio de trabajo

```
### copia el archivo $HOME/Descargas/linux_commands.tab al directorio actual
# Noten el punto al final del comando, significa: copia X al directorio actual
```

```
cp $HOME/Descargas/linux_commands.tab .
ls
```

```
## administration.cmds
## Batch.cmds
## Category.cmds
## C.cmds
## clase3_GET_PHYLO_y_Stenotrophomonas_phylogenomics
## Filesystem.cmds
## Filesystem_commands.tab
## FORTRAN77.cmds
## hist_head.out
## hist_tail.out
## Intro2biocomputo_sistemas_en_sistemas_UNIX-Linux.pdf
## intro2filoinfo
## intro2linux
```

```
## intro_biocomputo_Linux_pt1.odp
## introduccion_a_la_pangenomica_microbiana_OMICAS-UAEM_Mar18.pdf
## linux_commands.tab
## linux_very_basic_commands_table.csv
## management.cmds
## Misc.cmds
## Network.cmds
## Pangenomica_y_filogenomica_bacteriana_OMICAS-UAEM_2Mar18.odp
## Phylogenomics_pan-genomics
## Process.cmds
## processing.cmds
## programming.cmds
## Programming.cmds
## README.md
## SCCS.cmds
## Shell.cmds
## System.cmds
## Text.cmds
## utilities.cmds
## working_with_linux_commands.code
## working_with_linux_commands.html
## working_with_linux_commands.pdf
## working_with_linux_commands.Rmd
```

Copiado recursivo de un directorio: cp -r dir1 dir2

```
### Copia el directorio $HOME/intro2filoinfo/sesion1_linux/ a tu $HOME
# 1 vamos a nuestro $HOME
cd
pwd
```

```
# 2. Noten cp -r (recursively) y el punto '.' (directorio de destino), necesarios para copiar directorio
cp -r $wkdir .
ls -ltr
```

```
# usando rutas absolutas, abreviadas mediante el uso de la variable de ambiente $HOME
# cp -r /home/$USER/intro2filoinfo/lunes/sesion1_linux/ $HOME/Descargas
```

generar un directorio, mover un archivo/directorio a un directorio, y borrar un directorio (rm -rf; recursively and force)

```
# generamos un nuevo directorio con un nombre sospechoso ;)
mkdir borrame
```

```
# qué hará este comando?
mv sesion1_linux borrame
```

```
# genera un listado recursivo de directorios y archivos con ls -R
ls -R borrame
```

```
# borra un archivo particular usando la ruta relativa al mismo
pwd
rm borrame/sesion1_linux/working_with_linux_commands.pdf
```

```
# elimina el directorio de nombre sospechoso;
# inténtalo primero con rm borrame
rm -rf borrame
```

ln -s generación de una liga simbolica

Este comando es muy importante, ya que permite ahorrar mucho espacio en disco al evitar la multiplicación de copias físicas en el disco duro del mismo archivo de gran tamaño (no es el caso de `linux_basic_commands.tab`)

```
# generamos la liga simbólica en nuestro $HOME

ln -s $wkdir/linux_commands.tab comandos_de_linux.tab
# confirmamos que se genero la liga
ls -l

# podemos renombrar la liga
mv comandos_de_linux.tab comandos_basicos.tab
ls

# y eliminarla
rm comandos_basicos.tab
ls

# sin perder el archivo original
ls -l $wkdir/linux_commands.tab
```

mv para mover o renombrar una la liga o cualquier archivo o directorio

```
mv $wkdir/linux_commands.tab .
ls

rm linux_commands.tab
```

Visualización de contenidos de archivos

head y tail para desplegar la cabecera y cola de archivos

```
pwd
head linux_commands.tab
```

```
## /home/vinuesa/Cursos/intro2phyloinfo_UNLP_Jul18
## IEEE Std 1003.1-2008 utilities Name Category Description First appeared
## admin SCCS Create and administer SCCS files PWB UNIX
## alias Misc Define or display aliases
## ar Misc Create and maintain library archives Version 1 AT&T UNIX
## asa Text processing Interpret carriage-control characters System V
## at Process management Execute commands at a later time Version 7 AT&T UNIX
## awk Text processing Pattern scanning and processing language Version 7 AT&T UNIX
## basename Filesystem Return non-directory portion of a pathname; see also dirname Version 7 A
## batch Process management Schedule commands to be executed in a batch queue
## bc Misc Arbitrary-precision arithmetic language Version 6 AT&T UNIX
```

```
tail linux_commands.tab
```

```
## val  SCCS      Validate SCCS files      System III
## vi   Text processing      Screen-oriented (visual) display editor      1BSD
## wait Process management  Await process completion      Version 4 AT&T UNIX
## wc   Text processing      Line, word and byte or character count  Version 1 AT&T UNIX
## what  SCCS      Identify SCCS files      PWB UNIX
## who   System administration  Display who is on the system      Version 1 AT&T UNIX
## write Misc      Write to another user's terminal      Version 1 AT&T UNIX
## xargs Shell programming  Construct argument lists and invoke utility      PWB UNIX
## yacc  C programming  Yet another compiler compiler      PWB UNIX
## zcat  Text processing      Expand and concatenate data      4.3BSD
```

```
# le podemos indicar el numero de lineas a desplegar
```

```
head -3 linux_commands.tab
```

```
## IEEE Std 1003.1-2008 utilities Name Category Description First appeared
## admin  SCCS      Create and administer SCCS files      PWB UNIX
## alias  Misc      Define or display aliases
```

```
tail -1 linux_commands.tab
```

```
## zcat  Text processing      Expand and concatenate data      4.3BSD
```

****cat* despliega uno o más archivos, concatenándolos**

```
# el comando history permite acceder al historial de comandos ejecutados
```

```
# guardemos la cabecera y cola de nuestro historial en dos archivos independientes, respectivamente
```

```
history | head > hist_head.out
```

```
history | tail > hist_tail.out
```

```
# ahora concatenamos, es decir, pegamos o juntamos verticalmente un archivo detrás del otro
cat hist*out
```

```
# si queremos concatenar los archivos en un orden particular:
```

```
cat hist_tail.out hist_head.out
```

```
# si le pasamos a cat un solo nombre de archivo, simplemente lo despliega en pantalla
cat hist_head.out
```

```
# podemos numerar las líneas
```

```
cat -n hist*out
```

el paginador less despliega archivos página a página

```
less linux_commands.tab | head
```

```
## IEEE Std 1003.1-2008 utilities Name Category Description First appeared
## admin  SCCS      Create and administer SCCS files      PWB UNIX
## alias  Misc      Define or display aliases
## ar     Misc      Create and maintain library archives      Version 1 AT&T UNIX
## asa   Text processing      Interpret carriage-control characters      System V
## at    Process management  Execute commands at a later time      Version 7 AT&T UNIX
## awk   Text processing      Pattern scanning and processing language      Version 7 AT&T UNIX
## basename Filesystem      Return non-directory portion of a pathname; see also dirname      Version 7 A
## batch Process management  Schedule commands to be executed in a batch queue
```

```
## bc      Misc      Arbitrary-precision arithmetic language      Version 6 AT&T UNIX
```

Edición de archivos con vim o gedit

```
# vim es un editor muy potente, usado por defecto en los sistemas Linux.
# Es muy conveniente aprender a usarlo, pero requiere tiempo del que no disponemos aquí
# pueden usar el comando 'vimtutor' para estudiar el tutorial integrado de vim

# 'gedit' es un editor con ambiente gráfico, que usaremos rutinariamente en nuestras prácticas
# Noten el uso de & al final de la sentencia para enviar el proceso al fondo
# para evitar que bloquee la terminal

gedit linux_commands.tab &
```

Uso de tuberías de herramientas UNIX/Linux para filtrado de texto con cut, grep, sort, uniq, wc

wc cuenta líneas, palabras y caracteres

```
# dame el número de líneas, palabras y caracteres del archivo
wc linux_commands.tab

# Cuántas líneas tiene el archivo linux_commands.tab?
wc -l linux_commands.tab

##      161      1553 10193 linux_commands.tab
## 161 linux_commands.tab
```

cut, sort, uniq y pipes '|' para procesar datos

- cut corta líneas de texto/tablas por delimitadores de campo específicos extrayendo campos particulares
- sort ordena
- uniq regresa listas de valores únicos
- el pipe '|' conecta la salida de un comando con la entrada de otro

```
# saca la segunda columna del archivo y ordenalos
cut -f2 linux_commands.tab | head
```

```
## Category
## SCCS
## Misc
## Misc
## Text processing
## Process management
## Text processing
## Filesystem
## Process management
## Misc
```

```
# cuantos elementos unicos tiene?
cut -f2 linux_commands.tab | sort -u | wc -l
```

```
## 13
```

```
# cuenta las ocurrencias de las diferentes palabras contenidas en la segunda columna del archivo linux_  
cut -f2 linux_commands.tab | sort | uniq -c
```

```
##      11 Batch utilities  
##       1 Category  
##       9 C programming  
##      28 Filesystem  
##       1 FORTRAN77 programming  
##      38 Misc  
##       4 Network  
##      14 Process management  
##       1 Programming  
##      10 SCCS  
##      14 Shell programming  
##       1 System administration  
##      29 Text processing
```

man despliega el manual de cada comando

```
# mira las opciones de cut y sort en la manpage  
man cut | head -30
```

```
## CUT(1) User Commands  
##  
## NAME  
##      cut - remove sections from each line of files  
##  
## SYNOPSIS  
##      cut OPTION... [FILE]...  
##  
## DESCRIPTION  
##      Print selected parts of lines from each FILE to standard output.  
##  
##      With no FILE, or when FILE is -, read standard input.  
##  
##      Mandatory arguments to long options are mandatory for short options too.  
##  
##      -b, --bytes=LIST  
##          select only these bytes  
##  
##      -c, --characters=LIST  
##          select only these characters  
##  
##      -d, --delimiter=DELIM  
##          use DELIM instead of TAB for field delimiter  
##  
##      -f, --fields=LIST  
##          select only these fields; also print any line that contains no delimiter character, un  
##  
##      -n      (ignored)  
##  
##      --complement
```



```
man sort | head -20
```

```
## SORT(1)                                                    User Commands
##
## NAME
##      sort - sort lines of text files
##
## SYNOPSIS
##      sort [OPTION]... [FILE]...
##      sort [OPTION]... --files0-from=F
##
## DESCRIPTION
##      Write sorted concatenation of all FILE(s) to standard output.
##
##      With no FILE, or when FILE is -, read standard input.
##
##      Mandatory arguments to long options are mandatory for short options too.  Ordering options:
##
##      -b, --ignore-leading-blanks
##              ignore leading blanks
##
##      -d, --dictionary-order
```

grep Filtra las líneas de un archivo que contienen (o no) caracteres o expresiones regulares

```
grep Filesystem linux_commands.tab | head
```

```
## basename      Filesystem Return non-directory portion of a pathname; see also dirname  Version 7 A
## cat   Filesystem Concatenate and print files      Version 1 AT&T UNIX
## cd    Filesystem Change the working directory     Version 6 AT&T UNIX
## chgrp  Filesystem Change the file group ownership  PWB UNIX
## chmod  Filesystem Change the file modes/attributes/permissions  Version 1 AT&T UNIX
## chown  Filesystem Change the file ownership       Version 1 AT&T UNIX
## cksum  Filesystem Write file checksums and sizes  4.4BSD
## cmp    Filesystem Compare two files; see also diff  Version 1 AT&T UNIX
## compress Filesystem Compress data 4.3BSD
## cp     Filesystem Copy files  Version 1 AT&T UNIX
```

ojo: Linux es sensible a mayúsculas y minúsculas: prueba este comando para comprobarlo

```
grep filesystem linux_commands.tab
```

```
grep Filesystem linux_commands.tab | head
```

grep -i lo hace insensible a la fuente

```
grep -i filesystem linux_commands.tab | head
```

```
## basename      Filesystem Return non-directory portion of a pathname; see also dirname  Version 7 A
## cat   Filesystem Concatenate and print files      Version 1 AT&T UNIX
## cd    Filesystem Change the working directory     Version 6 AT&T UNIX
## chgrp  Filesystem Change the file group ownership  PWB UNIX
## chmod  Filesystem Change the file modes/attributes/permissions  Version 1 AT&T UNIX
## chown  Filesystem Change the file ownership       Version 1 AT&T UNIX
## cksum  Filesystem Write file checksums and sizes  4.4BSD
## cmp    Filesystem Compare two files; see also diff  Version 1 AT&T UNIX
```

```

## compress      Filesystem Compress data    4.3BSD
## cp            Filesystem Copy files    Version 1 AT&T UNIX
## basename      Filesystem Return non-directory portion of a pathname; see also dirname    Version 7 AT&T UNIX
## cat           Filesystem Concatenate and print files    Version 1 AT&T UNIX
## cd            Filesystem Change the working directory    Version 6 AT&T UNIX
## chgrp         Filesystem Change the file group ownership    PWB UNIX
## chmod         Filesystem Change the file modes/attributes/permissions    Version 1 AT&T UNIX
## chown         Filesystem Change the file ownership    Version 1 AT&T UNIX
## cksum         Filesystem Write file checksums and sizes    4.4BSD
## cmp           Filesystem Compare two files; see also diff    Version 1 AT&T UNIX
## compress      Filesystem Compress data    4.3BSD
## cp            Filesystem Copy files    Version 1 AT&T UNIX
# filtra las lineas que contienen Filesystem o Text processing
egrep 'Filesy|Text processing' linux_commands.tab

## asa           Text processing Interpret carriage-control characters    System V
## awk           Text processing Pattern scanning and processing language    Version 7 AT&T UNIX
## basename      Filesystem Return non-directory portion of a pathname; see also dirname    Version 7 AT&T UNIX
## cat           Filesystem Concatenate and print files    Version 1 AT&T UNIX
## cd            Filesystem Change the working directory    Version 6 AT&T UNIX
## chgrp         Filesystem Change the file group ownership    PWB UNIX
## chmod         Filesystem Change the file modes/attributes/permissions    Version 1 AT&T UNIX
## chown         Filesystem Change the file ownership    Version 1 AT&T UNIX
## cksum         Filesystem Write file checksums and sizes    4.4BSD
## cmp           Filesystem Compare two files; see also diff    Version 1 AT&T UNIX
## comm          Text processing Select or reject lines common to two files    Version 4 AT&T UNIX
## compress      Filesystem Compress data    4.3BSD
## cp            Filesystem Copy files    Version 1 AT&T UNIX
## csplit        Text processing Split files based on context    PWB UNIX
## cut           Text processing Cut out selected fields of each line of a file    System III
## dd            Filesystem Convert and copy a file    Version 5 AT&T UNIX
## df            Filesystem Report free disk space    Version 1 AT&T UNIX
## diff          Text processing Compare two files; see also cmp    Version 5 AT&T UNIX
## dirname       Filesystem Return the directory portion of a pathname; see also basename    System III
## du            Filesystem Estimate file space usage    Version 1 AT&T UNIX
## ed            Text processing The standard text editor    Version 1 AT&T UNIX
## ex            Text processing Text editor    1BSD
## expand        Text processing Convert tabs to spaces    3BSD
## file          Filesystem Determine file type    Version 4 AT&T UNIX
## find          Filesystem Find files    Version 1 AT&T UNIX
## fold          Text processing Filter for folding lines    1BSD
## head          Text processing Copy the first part of files    PWB UNIX[citation needed]
## iconv         Text processing Codeset conversion    HP-UX
## join          Text processing Merges two sorted text files based on the presence of a common field
## link          Filesystem Create a hard link to a file    Version 1 AT&T UNIX
## ln            Filesystem Link files    Version 1 AT&T UNIX
## lp            Text processing Send files to a printer    System V
## ls            Filesystem List directory contents    Version 1 AT&T UNIX
## mkdir         Filesystem Make directories    Version 1 AT&T UNIX
## mkfifo        Filesystem Make FIFO special files    4.4BSD[dubious - discuss]
## more          Text processing Display files on a page-by-page basis    3BSD
## mv            Filesystem Move files    Version 1 AT&T UNIX
## nl            Text processing Line numbering filter    System III
## paste         Text processing Merge corresponding or subsequent lines of files    Version 32V AT&T UNIX

```

```

## patch      Text processing      Apply changes to files    4.3BSD
## pathchk    Filesystem    Check pathnames
## pr         Text processing      Print files          Version 1 AT&T UNIX
## pwd        Filesystem    print working directory - Return working directory name      Version 5 AT&T UNIX
## rm         Filesystem    Remove directory entries      Version 1 AT&T UNIX
## rmdir      Filesystem    Remove directories    Version 1 AT&T UNIX
## sed        Text processing      Stream editor      Version 7 AT&T UNIX
## sort       Text processing      Sort, merge, or sequence check text files    Version 1 AT&T UNIX
## tail       Text processing      Copy the last part of a file    PWB UNIX[citation needed]
## touch      Filesystem    Change file access and modification times    Version 7 AT&T UNIX
## tr         Text processing      Translate characters    Version 4 AT&T UNIX
## tsort      Text processing      Topological sort      Version 7 AT&T UNIX
## unexpand   Text processing      Convert spaces to tabs    3BSD
## uniq       Text processing      Report or filter out repeated lines in a file    Version 3 AT&T UNIX
## unlink     Filesystem    Call the unlink function    Version 1 AT&T UNIX
## vi         Text processing      Screen-oriented (visual) display editor      1BSD
## wc         Text processing      Line, word and byte or character count    Version 1 AT&T UNIX
## zcat       Text processing      Expand and concatenate data    4.3BSD

```

> redireccionado de la salida STOUT a un archivo

```
grep Filesystem linux_commands.tab > Filesystem_commands.tab
```

Inicios de programación en Bash

asignación y uso de variables

```

# vamos a HOME
cd

wkdir=$(pwd)

cadena_loca="cadena arbitraria s dlfdl ladf adf asñldf"

# recuerda, para recuperar el valor de la variable tenemos que dereferenciarla con '$'
# podemos usar echo para imprimir texto junto con variables; toda la cadena debe estar
# escrita entre comillas para que echo la interprete como un solo argumento
echo "working in: $wkdir"
echo "$cadena_loca"

## working in: /home/vinuesa
## cadena arbitraria s dlfdl ladf adf asñldf

```

condicionales if/fi if/else/fi

```

if [ -d intro2filoinfo ]; then
    echo "dir intro2filoinfo exists, will move into it"
    cd intro2filoinfo
else

```

```
mkdir intro2filoinfo && cd intro2filoinfo
fi
```

dir intro2filoinfo exists, will move into it

bucles for

*#>>> AVANZADO: usa un bucle for, acoplado a las herramientas de filtrado arriba mostradas,
para generar archivos que contengan solo los comandos de las diferentes categorias
nombrando a los archivos por estas*

```
for type in $(cut -f2 linux_commands.tab | sort -u); do
    grep "$type" linux_commands.tab > ${type}.cmds
done
```

o en una línea for type in \$(cut -f2 linux_commands.tab | sort -u); do grep "\$type" linux_commands.ta

veamos el resultado de ejecutar el bucle anterior:

```
ls *cmds
```

```
## administration.cmds
## Batch.cmds
## Category.cmds
## C.cmds
## Filesystem.cmds
## FORTRAN77.cmds
## management.cmds
## Misc.cmds
## Network.cmds
## Process.cmds
## processing.cmds
## programming.cmds
## Programming.cmds
## SCCS.cmds
## Shell.cmds
## System.cmds
## Text.cmds
## utilities.cmds
```

alinear todos los archivo fasta en el directorio seq_data y modificación de nombres en variables

Este es un ejemplo hipotético. Asumimos que tenemos un directorio seq_data con las secuencias a alinear en formato FASTA.

```
# 1. ir al directorio con las secuencias
cd $HOME/seq_data
```

```
# 2. corremos el alineador muscle dentro de un bucle for
# pasándole cada archivo fasta del directorio en forma
# del alias $f; muscle lee $f (muscle < $f) y escribe
# el lineamiento a un nuevo archivo (> ${f%.*}_musAln.fas)
```

```
#    que se llamará así: nombre_de_archivo_original_musAln.fas
for f in *fasta; do muscle < $f > ${f%.*}_musAln.fas; done
```