

Pablo Vinuesa (vinuesa[at]ccg.unam.mx)

Centro de Ciencias Genómicas-UNAM, México

<http://www.ccg.unam.mx/~vinuesa/>

Tema 1: Introducción al biocómputo en sistemas Unix/Linux

<https://github.com/vinuesa/TIB-filoinfo>

- ¿Qué son la bioinformática y el biocómputo, y cómo pueden ayudarme para mi trabajo en biología?
- ¿Qué es UNIX y Linux?
- Tengo una PC que corre Windows, ¿cómo puedo correr Linux en mi máquina?
- ¿Cómo hago trabajar a UNIX/Linux? – el shell: comandos y conceptos básicos
- Sesión práctica: uso de tuberías de comandos UNIX/Linux para procesar archivos de secuencias

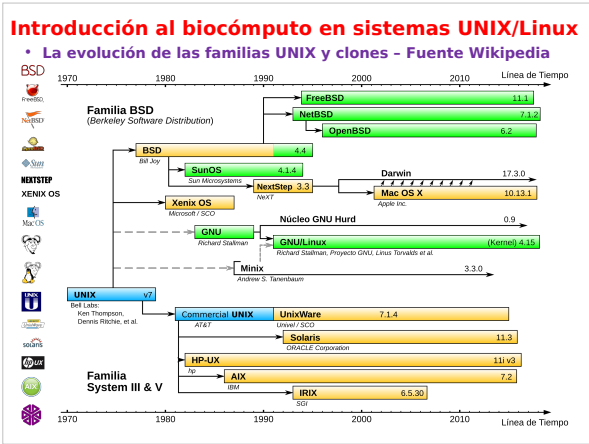
Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• ¿Qué es UNIX? - fuente: Wikipedia

- Unix (registrado oficialmente como UNIX®) es un sistema operativo portable, multitarea y multiusuario
- su desarrollo inicia en 1969 por un grupo de empleados de los laboratorios Bell de AT&T, entre los que figuran Ken Thompson, Dennis Ritchie y Douglas McIlroy
- UNIX es un Sistema Operativo no libre muy popular, porque está basado en una arquitectura que ha demostrado ser técnicamente estable.
- MacOS X es un derivado de UNIX BSD!



Ken Thompson y Dennis Ritchie
Fuente: Wikipedia



¿Dónde estoy y cómo desarrollo habilidades en biocómputo?

Biología	Biología computacional	Bioinformática	C. de la computación
Yo uso Windows y software pirata viejo, además de free-ware de código fuente cerrado: Virus, spyware, malware me acosan... SOCORRO!	Yo programo en el ambiente Linux y uso software de código fuente abierto		
	Bash, Perl, Python, R, MySQL, PHP, HTML5, Apache ...		
	*****	C, C#, C++, Java ...	
	Sé un poco de R	*****	
	Sé un poco de Perl o Python	*****	Ensamblador FTW
	Sé un poco de Linux y Shell	*****	
Hago filogenias con MEGA y gráficas con Excel			
Corro BLAST en el portal de NCBI con secuencias que almaceno en documentos Word			

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• ¿Qué es Linux? - Evolución de sistemas UNIX y similares a UNIX (fuente: Wikipedia)

GNU: En 1983, Richard Stallman anunció el Proyecto GNU, un ambicioso esfuerzo para crear un sistema similar a Unix, que pudiese ser distribuido libremente. El software desarrollado por este proyecto -por ejemplo, GNU Emacs y GCC- también han sido parte fundamental de otros sistemas UNIX. (vean conferencias de R. Stallman en youtube ...)



Richard Stallman

Linus Torvalds

Linux: En 1991, cuando Linus Torvalds empezó a proponer el núcleo Linux y a reunir colaboradores. Las herramientas GNU eran la elección perfecta. Al combinarse ambos elementos, conformaron la base del sistema operativo (basado en POSIX) que hoy se conoce como GNU/Linux.

Las distribuciones basadas en el núcleo, el software GNU y otros agregados como Red Hat Linux y Debian GNU/Linux, se han hecho populares tanto entre los aficionados a la computación como en el mundo empresarial y científico. Linux tiene un origen independiente, por lo que se considera un 'clon' de UNIX y no un UNIX en el sentido histórico.

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

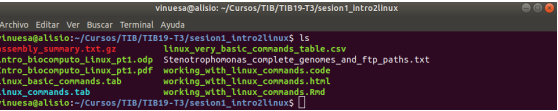
• Tengo una PC que corre windows, ¿cómo puedo correr Linux en mi máquina?

- Puedes instalar Linux en una nueva partición (Lo más recomendable) .
descargas gratuitas de distribuciones desde:
=> 1. Ubuntu 18.04 LTS - <http://www.ubuntu.com/getubuntu/download>
Ver instrucciones de instalación aquí:
<http://www.ubuntu.com/download/desktop/install-desktop-latest>
Centos - <https://www.centos.org/download/>
Fedora - <http://fedoraproject.org/es/get-fedora>
Biolinux - <http://environmentalomics.org/bio-linux/>
- Puedes instalar MobaXterm, que proporciona una terminal para Windows con un servidor de ambiente gráfico X11, un cliente SSH para establecer sesiones remotas seguras con un servidor, diversas herramientas de red y más.
<https://mobaxterm.mobatek.net/download.html>

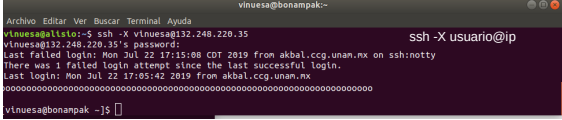
Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

Tipos de sesiones shell

1) local (acceder a tu computadora)

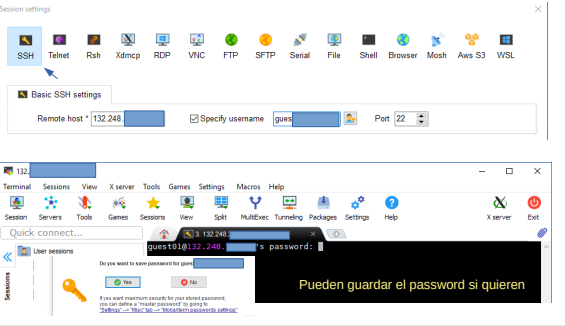


2) remota (login; conexión a otra máquina en Internet, vía protocolo ssh)



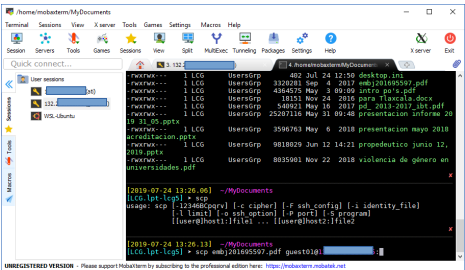
Uso de MobaXterm para establecer sesiones remotas a un servidor vía protocolo SSH

- 1. Para establecer una conexión remota vía SSH elige el protocolo SSH y usa la IP, usuario y contraseña indicados en el taller



Uso de MobaXterm para trabajo con sesiones remotas y locales

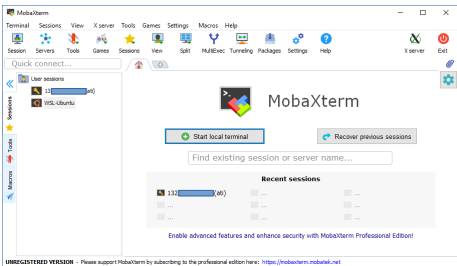
Una vez establecida la sesión remota al servidor, estarán trabajando en él !



- El panel mostrado a la izquierda tiene abierta una sesión remota.
- La terminal de la derecha corre una sesión local (en tu computadora)
- Pueden copiar un archivo de su máquina local al servidor con:
\$ scp file user@xxx.xxx.xxx:/path/to/final/dir

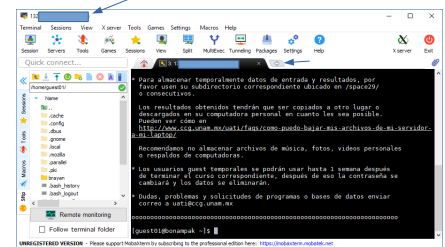
Si usas Windows, descarga el MobaXterm installer desde:
https://download.mobatek.net/1102018093083521/MobaXterm_Installer_v11.0.zip

- Descomprime MobaXterm_Installer_v11.0.zip e instálalo en tu máquina (x2click)



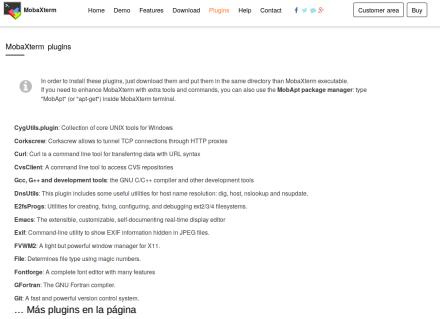
Uso de MobaXterm para establecer sesiones remotas a un servidor vía protocolo SSH

Una vez establecida la sesión remota al servidor, estarán trabajando en él !



- El panel mostrado a la izquierda les sirve para navegar el sistema remoto, pero lo haremos desde la línea de comandos que nos ofrece la terminal (área negra).
- Pueden abrir más pestañas en la terminal. Estas serán sesiones locales (si no hacen ssh)

Expande MobaXterm con plugins
<https://mobaxterm.mobatek.net/plugins.html>



- Recomendamos instalar GCC dev. Tools, Git, Nedit, Perl y Zip

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

- explorando el nuevo ambiente ... El shell y la interpretación de comandos, unos ejemplos

1. – ¿Qué máquina es ésta a la que estoy conectado?

- **hostname** - read or set the hostname or the NIS domain name

```
vinuesa@bonampak:/$ hostname
bonampak.ccg.unam.mx
vinuesa@bonampak:/$ hostname -i # corre también hostname --help
132.248.*.*
```

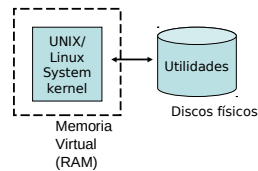
- **uname** - Print certain system information

```
vinuesa@bonampak:~$ uname
Linux
vinuesa@bonampak:~$ uname -a
Linux bonampak.ccg.unam.mx 3.10.0-862.9.1.el7.x86_64 #1 SMP Mon Jul 16 16:29:36 UTC 2018 x86_64 x86_64 x86_64 GNU/Linux
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

- explorando el nuevo ambiente ... El shell (consola) y la interpretación de comandos

- ¿Qué es el shell?



Los sistemas UNIX/Linux se dividen lógicamente en dos piezas: el **kernel** y las **utilidades**.

El **kernel** es el corazón del sistema y reside en la memoria de la computadora desde el momento que se arranca y hasta que se apaga.

Las **utilidades** (comandos), residen en el disco físico y se cargan en memoria sólo cuando son llamadas.

El shell también es un programa. Se carga automáticamente en memoria desde que uno hace el login a una máquina para que el usuario pueda interactuar con ella.

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

- explorando el nuevo ambiente ... El shell y la interpretación de comandos

– ¿Dónde encuentro una lista y descripción básica de los comandos disponibles ?

1. Mira estas entradas en Wikipedia:

http://en.wikibooks.org/wiki/Linux_Guide/Linux_commands

http://en.wikipedia.org/wiki/List_of_Unix_programs

2. Y corre estos comandos para ver parte de los programas del sistema instalados en el servidor o en tu máquina:

```
ls /bin
```

```
ls /usr/bin
```

3. Un sencillo tutorial que todos deberían haber revisado ya (caps 1-5): <http://www.ee.surrey.ac.uk/Teaching/Unix/>

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

- explorando el nuevo ambiente ... El shell y la interpretación de comandos, unos ejemplos

1. – ¿Qué procesos se están corriendo en el sistema?

- **top** - monitor system load

```
vinuesa@bonampak:/$ top
top - 19:13:22 up 184 days, 3:14, 9 users, load average: 1.93, 2.10, 2.13
Tasks: 669 total, 2 running, 667 sleeping, 0 stopped, 0 zombie
%Cpu(s): 1.9 us, 2.0 sy, 0.0 ni, 96.1 id, 0.0 wa, 0.0 hi, 0.0 si, 0.0 st
KiB Mem : 52807612+total, 4045748 free, 11181945+used, 41381091+buff/cache
KiB Swap: 13421772+total, 13331803+free, 899696 used, 41411052+avail Mem

  PID USER      PR  NI  VIRT  RES  SHR S %CPU  %MEM    TIME+  COMMAND
 84375 llozano    20   0 9587984   5.1g 1388 R 139.7  1.0 48721:34 spades-hammer
191547 ati      20   0  67.3g 63.0g  63.0g S 109.9 12.5 322566:44 VBoxHeadless
181971 ati      20   0  34.4g 32.2g  32.2g S  1.3  6.4 124996:03 VBoxHeadless
53501 ropomari  20   0 158872 2684 1224 S  0.7  0.0  0:03.54 sshd
1587  root      20   0 13216 524 524 S  0.3  0.0  26:48.50 rngd
54660 vinuesa   20   0 162500 2024 1576 R  0.3  0.0  0:00.26 top
...
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

- explorando el nuevo ambiente ... El shell y la interpretación de comandos

- Las responsabilidades del shell -



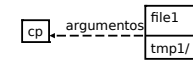
Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

- explorando el nuevo ambiente ... El shell y la interpretación de comandos

- Ejecución de programas por el shell – ejemplos

- **formato básico de un comando**

comando [argumento1 arg2 arg3 ...]



```
-bash-3.1$
```

```
-bash-3.1$ cp file1 tmp1/
```

```
-bash-3.1$
```

¡los espacios separan argumentos!
necesito al menos 1 espacio entre comandos y argumentos!

Nombres de archivos en UNIX/Linux de preferencia no deben contener espacios

- Además de **argumentos**, los comandos pueden tener **opciones**, las cuales preceden a los argumentos y llevan un guión sencillo delante de una o más opciones.

```
-bash-3.1$ ls -l /home # prueba también solo ls /home
drwxr-xr-x. 2 aagarcia students 4096 Oct 30 2014 aagarcia
drwxr-xr-x. 2 aanaya students 4096 Oct 30 2014 aanaya
drwxr-xr-x. 2 acampos students 4096 Oct 30 2014 acampos
drwxr-xr-x. 2 acarmona students 4096 Oct 30 2014 acarmona
drwxr-xr-x. 4 agodinez students 4096 Jul 1 2016 agodinez
drwxr-xr-x. 2 aguzman students 4096 Oct 30 2014 aguzman
```

Comandos Básicos (cont)

Vim – the Linux power text editor

- 2 modes
 - Input mode
 - ESC to back to cmd mode
 - Command mode
 - Cursor movement
 - h (left), j (down), k (up), l (right)
 - ^f (page down)
 - ^b (page up)
 - ^ (first char.)
 - \$ (last char.)
 - G (bottom page)
 - :1 (goto first line)
 - Switch to input mode
 - a (append)
 - i (insert)
 - o (insert line after)
 - O (insert line before)
 - Delete
 - dd (delete a line)
 - d10d (delete 10 lines)
 - d\$ (delete till end of line)
 - dG (delete till end of file)
 - x (current char.)
 - Paste
 - p (paste after)
 - P (paste before)
 - Undo
 - u
 - Search
 - /
 - Save/Quit
 - :w (write)
 - :q (quit)
 - :wq (write and quit)
 - :q! (give up changes)

Prácticas - Navegando el sistema de archivos y herramientas de filtrado <https://github.com/vinuesa/TIB-filoinfo>

1. Instala git en tu máquina (sesión local) con \$ sudo apt install git

2. genera un directorio GitHub en tu \$HOME y clona el repositorio así:

```
$ cd && mkdir GitHub && cd GitHub
git clone https://github.com/vinuesa/TIB-filoinfo.git
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• Comandos y conceptos básicos – I/O

3.- Standard Input / Standard Output

salida del comando **who** a **STDOUT** (pantalla por lo general)

```
-bash-3.1$ who
root pts/1 2009-03-17 12:39 (:0.0)
heladia pts/3 2009-05-18 23:55 (itzamna.ccg.unam.mx)
vinuesa pts/4 2009-06-20 19:36 (uxmal.ccg.unam.mx)
rzayas pts/7 2009-06-02 10:57 (kay.ccg.unam.mx)
rzayas pts/8 2009-06-02 10:58 (kay.ccg.unam.mx)
```

redireccionamos la salida de who a un archivo con >

```
-bash-3.1$ who > users.out
```

podemos ver el contenido de **users.out** con **cat** ó **less** ó **more**

```
-bash-3.1$ cat users.out
root pts/1 2009-03-17 12:39 (:0.0)
heladia pts/3 2009-05-18 23:55 (itzamna.ccg.unam.mx)
vinuesa pts/4 2009-06-20 19:36 (uxmal.ccg.unam.mx)
rzayas pts/7 2009-06-02 10:57 (kay.ccg.unam.mx)
rzayas pts/8 2009-06-02 10:58 (kay.ccg.unam.mx)
-bash-3.1$
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• explorando el nuevo ambiente ... Trabajando eficientemente con el shell

¿Cómo me muevo en la línea de comandos?

- Usa **ctrl-e** para ir al final de la línea
- Usa **ctrl-a** para ir al principio de la línea

¿Cómo edito la línea de comandos?

- Usa la techa **backspace** para eliminar uno a uno caracteres (del final hacia el principio)
- Usa **ctrl-w** para eliminar una palabra completa (del final hacia el principio)
- Usa **ctrl-u** para eliminar la línea completa (del final hacia el principio)

¿Cómo aborto o suspendo la ejecución de un comando?

Usa **ctrl-c** para abortar la ejecución del último comando

- Usa **ctrl-z** para suspender la ejecución del último comando

- Usa **bg** para poner este último comando a correr en el fondo (background)

Repetición de la ejecución de un comando y completado de nombres de comandos/archivos

- Unix recuerda los comandos ejecutados: usa flecha arriba o abajo para moverte por el historial de comandos "history" file o escribe **history | grep comando**
- Usa **TAB** para completar automáticamente el nombre de comandos, archivos o directorios

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• Comandos y conceptos básicos – I/O

3.- Standard Input / Standard Output

uso del comando cat para con **CAT**enar texto o archivos al final de otro usando >>

tecleamos el comando y enter; escribimos el texto y salimos con Ctrl-D

```
-bash-3.1$ cat >> users.out
estas son líneas adicionales al final del archivo gracias a '>>'
y una segunda línea
y una tercera
```

veamos el contenido de users.out con **less**

```
bash-3.1$ less users.out # (equivalente a less < users.out)
root pts/1 2009-03-17 12:39 (:0.0)
heladia pts/3 2009-05-18 23:55 (itzamna.ccg.unam.mx)
vinuesa pts/4 2009-06-20 19:36 (uxmal.ccg.unam.mx)
rzayas pts/7 2009-06-02 10:57 (kay.ccg.unam.mx)
rzayas pts/8 2009-06-02 10:58 (kay.ccg.unam.mx)
estas son líneas adicionales al final del archivo gracias a '>>'
y una segunda línea
y una tercera
(END)
```

de esta manera añadimos el contenido de file1 al final de users.out

```
-bash-3.1$ cat file1 >> users.out
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• Comandos y conceptos básicos – I/O

3.– Standard Input / Standard Output – más ejemplos de I/O con cat

```
# el comando echo imprime a STOUT su argumento(s); redirigimos salida a archivo1.txt
# simplemente para tener un archivo de texto con contenido

-bash-3.1$ echo 'línea uno' > archivo1.txt
-bash-3.1$ less archivo1.txt
línea uno

# lo mismo lo podemos hacer con el comando cat, como ya hemos visto anteriormente
-bash-3.1$ cat > archivo2.txt
línea dos
^D # usen CTRL-D para interrumpir la escritura a archivo2.txt con cat
-bash-3.1$ cat archivo2.txt archivo1.txt # concatena ambos archivos
línea dos
línea uno

# redirigimos con '>' la salida de cat a un archivo
-bash-3.1$ cat archivo2.txt archivo1.txt > archivos2-1_concatenados.txt

-bash-3.1$ cat archivos2-1_concatenados.txt
línea dos
línea uno
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• Comandos y conceptos básicos – herramientas de filtrado usadas en pipes

7.– Veremos las siguientes herramientas: grep, cut, sort y uniq (exploren uds. tr y sed)

• grep

```
-bash-3.1$ grep --help # selección de opciones (hay muchas más)
Usage: grep [OPTION]... PATTERN [FILE] ...
Search for PATTERN in each FILE or standard input.
Example: grep -i 'hello world' menu.h main.c

Regex selection and interpretation:
-P, --perl-regexp      PATTERN is a Perl regular expression
-e, --regexp=PATTERN   use PATTERN as a regular expression
-f, --file=FILE         obtain PATTERN from FILE
-l, --ignore-case       ignore case distinctions
-W, --word-regexp       force PATTERN to match only whole words
-x, --line-regexp       force PATTERN to match only whole lines

Miscellaneous:
-v, --invert-match      select non-matching lines

Output control:
-n, --line-number       print line number with output lines
-l, --line-buffered     flush output on every line
-L, --files-without-match only print FILE names containing no match
-l, --files-with-matches only print FILE names containing matches
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• Comandos y conceptos básicos – herramientas de filtrado usadas en pipes

7.– Veremos las siguientes herramientas: grep, cut, sort y uniq (exploren uds. tr y sed)

• sort

```
-bash-3.1$ sort --help # selección de opciones (hay algunas más)
Usage: sort [OPTION]... [FILE]...
Write sorted concatenation of all FILE(s) to standard output.

Mandatory arguments to long options are mandatory for short options too.
Ordering options:
-b, --ignore-leading-blanks ignore leading blanks
-d, --dictionary-order      consider only blanks and alphanumeric characters
-f, --ignore-case           fold lower case to upper case characters
-g, --general-numeric-sort  compare according to general numerical value
-i, --ignore-nonprinting    consider only printable characters
-M, --month-sort            compare (unknown) < 'JAN' < ... < 'DEC'
-n, --numeric-sort          compare according to string numerical value
-r, --reverse               reverse the result of comparisons

Other options:
-m, --merge                 merge already sorted files; do not sort
-o, --output=FILE           write result to FILE instead of standard output
-t, --field-separator=SEP   use SEP instead of non-blank to blank transition

-u, --unique                with -c, check for strict ordering;
                           without -c, output only the first of an equal run
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• Comandos y conceptos básicos – Pipes (tuberías)

4.– pipes '|' – conecta la salida (stdout) de un comando directamente con la entrada estándar (stdin) de otro comando, filtrando la salida del primero por el segundo programa. Típicos programas de filtrado son grep, cut, sort, sed, awk, head, tail ...

```
# veamos estos comandos de filtrado en acción usando el archivo
# /etc/passwd
vinuesa@ivory:~$ cat /etc/passwd
root:x:0:0:root:/root:/bin/bash
daemon:x:1:1:daemon:/usr/sbin:/bin/sh
bin:x:2:2:bin:/bin:/bin/sh
sys:x:3:3:sys:/dev:/bin/sh
sync:x:4:65534:sync:/bin:/bin/sync
...

# cuantas entradas o líneas hay en dicho archivo? => contamos con wc
vinuesa@ivory:~$ cat /etc/passwd | wc
115    147    5876 # líneas palabras caracteres

# con opción -l cuenta sólo las líneas
vinuesa@ivory:~$ cat /etc/passwd | wc -l
115
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• Comandos y conceptos básicos – herramientas de filtrado usadas en pipes

7.– Veremos las siguientes herramientas: grep, cut, sort y uniq (exploren uds. tr y sed)

• cut

```
-bash-3.1$ cut --help # selección de opciones (hay muchas más)

Usage: cut [OPTION]... [FILE]...
Print selected parts of lines from each FILE to standard output.

Mandatory arguments to long options are mandatory for short options too.
-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, unless
                           the -s option is specified
With no FILE, or when FILE is -, read standard input.
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• Comandos y conceptos básicos – herramientas de filtrado usadas en pipes

• uniq

```
-bash-3.1$ uniq --help
Usage: uniq [OPTION]... [INPUT [OUTPUT]]
Discard all but one of successive identical lines from INPUT (or
standard input), writing to OUTPUT (or standard output).

Mandatory arguments to long options are mandatory for short options too.
-c, --count               prefix lines by the number of occurrences
-d, --repeated            only print duplicate lines
-D, --all-repeated[=delimit-method] print all duplicate lines
                           delimit-method=(none(default),prepend,separate)
                           Delimiting is done with blank lines.
-f, --skip-fields=N        avoid comparing the first N fields
-i, --ignore-case          ignore differences in case when comparing
-s, --skip-chars=N         avoid comparing the first N characters
-u, --unique              only print unique lines
-w, --check-chars=N        compare no more than N characters in lines
--help                    display this help and exit
--version                 output version information and exit

A field is a run of whitespace, then non-whitespace characters.
Fields are skipped before chars.

Report bugs to <bug-coreutils@gnu.org>.
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

Comandos y conceptos básicos – Pipes (tuberías)

comandos de filtrado (grep, wc) en acción usando el archivo /etc/passwd (cont.)

```
# cuantas entradas en /etc/passwd corresponden a cuentas de usuario ($HOME)
vinuesa@ivory:~$ cat /etc/passwd | grep home | wc -l
89

# cuantas entradas en /etc/passwd corresponden a cuentas de usuario
# ($HOME) que NO correspondan a curso?
vinuesa@ivory:~$ cat /etc/passwd | grep home | grep -v curso | wc -l
39

# cuantos usuarios usan el bash y cuántos usan otro shell?
vinuesa@ivory:~$ cat /etc/passwd | grep home | grep -c bash
81
vinuesa@ivory:~$ cat /etc/passwd | grep home | grep -vc bash
8
```

Práctica 2 -
parseo y filtrado de archivos FASTA

- https://vinuesa.github.io/OMICAS_UAEM/practica2_pars_eo_fastas/

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

Comandos y conceptos básicos

1.– trabajando con archivos – atributos de archivos y directorios (permisos)

```
bash-3.1$ ls -lFtr
-rw-r--r-- 1 vinuesa cifn-ux 10061 Jun 14 00:46 profesores.html # - archivo
drwxr-xr-x 2 vinuesa cifn-ux 96 Jun 15 18:08 perl_scripts/ # d directorio
```

modo de acceso o permisos:
 ↑
 links

usuario
 grupo
 otros

Parámetros para el comando chmod (change mode)		
User	Type	Rights
u - user	+	r - read
g - group	-	w - write
o - others		x - execute
a - all		

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

Comandos y conceptos básicos – Pipes (tuberías)

comandos de filtrado (grep, cut, sort, uniq) en acción usando el archivo /etc/passwd (cont.)

```
# muestra los usuarios que no usan bash como shell ordenados alfabéticamente
vinuesa@ivory:~$ cat /etc/passwd | grep home | grep -v bash | cut -d: -f1,7 | sort
alemc:/bin/tcsh
cemg:/bin/tcsh
javiemb:/bin/tcsh
jmanuel:/bin/tcsh
#nan:/bin/tcsh
syslog:/bin/false
#viri:/bin/tcsh
zuemy:/bin/tcsh

# genera estadísticas de uso de shell para todas las entradas en /etc/passwd
vinuesa@ivory:~$ cat /etc/passwd | cut -d: -f7 | sort | uniq -c
82 /bin/bash
6 /bin/false
17 /bin/sh
1 /bin/sync
7 /bin/tcsh
2 /usr/sbin/nologin
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

Comandos y conceptos básicos

1.– trabajando con archivos – atributos de archivos (permisos)

```
bash-3.1$ ls -lFtr
-rw-r--r-- 1 vinuesa cifn-ux 10061 Jun 14 00:46 profesores.html # - archivo
drwxr-xr-x 2 vinuesa cifn-ux 96 Jun 15 18:08 perl_scripts/ # d directorio
```

modo de acceso o permisos:
 ↑
 links

usuario
 grupo
 otros

Parámetros para el comando chmod (change mode)		
User	Group	Others
r w x	r w x	r w x
4 2 1	4 2 1	4 2 1

Read =4
Write =2
Execute =1

Ej. **chmod 651 archivo** -> lo hace u: r+w; g: r+x; o: x

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• Comandos y conceptos básicos

1.- trabajando con archivos – atributos de archivos y cambio de permisos de acceso

```
-bash-3.1$ ls -l
drwxr-xr-x 2 vinuesa cifn-ux 1.0K Jun 20 20:13 .
drwxr-xr-x 8 vinuesa cifn-ux 1.0K Jun 20 20:13 ..
-rw-r--r-- 1 vinuesa cifn-ux 76 Jun 17 14:00 inscitos_forma_inscr.lliner
-rw-r--r-- 1 vinuesa cifn-ux 392 Jun 14 20:02 poster_lliners.txt

-bash-3.1$ chmod u+x,g-r,o-r inscitos_forma_inscr.lliner

-bash-3.1$ ls -l
-rwx----- 1 vinuesa cifn-ux 76 Jun 17 14:00 inscitos_forma_inscr.lliner
-rw-r--r-- 1 vinuesa cifn-ux 392 Jun 14 20:02 poster_lliners.txt

-bash-3.1$ chmod 760 poster_lliners.txt
-bash-3.1$ ls -l
-rwx----- 1 vinuesa cifn-ux 76 Jun 17 14:00 inscitos_forma_inscr.lliner
-rwxrwx--- 1 vinuesa cifn-ux 392 Jun 14 20:02 poster_lliners.txt
-bash-3.1$
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• Comandos y conceptos básicos

1.- trabajando con archivos – atributos de archivos y cambio de permisos de acceso

- 1) Al escribir un archivo de texto con un editor estándar, como al escribir un programa en Bash o Perl, el sistema operativo por defecto le otorga los permisos

rw-rw-r-- (662)

Por tanto para poder ejecutar el script necesitamos primero cambiarle los permisos, generalment con

chmod 755 mi_script (rwxr-xr-x)

- 2) Si el script no queda guardado en un directorio del PATH, tendremos que indicar

la ruta de acceso al mismo, sea la ruta absoluta o relativa

./mi_script # desde el dir actual o ruta relativa
/ruta/completa/a/mi_script # ruta absoluta

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• Comandos y conceptos básicos

1.- trabajando con archivos – atributos de archivos y cambio de permisos de acceso

```
vinuesa@ivory:~/cursos/perl4bioinfo$ ls -l
-rw-rw-r-- 1 vinuesa vinuesa 133 Aug 7 17:52 hello_shell.sh # (662)
```

Por tanto para poder ejecutar el script necesitamos primero cambiarle los permisos, generalment con **chmod 755 mi_script**

```
vinuesa@ivory:~/cursos/perl4bioinfo$ chmod 755
hello_shell.sh
vinuesa@ivory:~/cursos/perl4bioinfo$ ls -l
-rwxr-xr-x 1 vinuesa vinuesa 133 Aug 7 17:52
hello_shell.sh

# y ahora corro el script
vinuesa@ivory:~/cursos/perl4bioinfo$ ./hello_shell.sh
Hola vinuesa!
hoy es: Wed Aug 7 18:03:31 CDT 2013
usas el shell: /bin/bash
y tu computadora es: Linux
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• Comandos y conceptos básicos

1.- trabajando con archivos – atributos de archivos y cambio de permisos de acceso

Para que un archivo que contiene un programa (sea un binario o un script) pueda ser ejecutado desde cualquier directorio del sistema tiene que cumplir 2 condiciones:

- 1.El archivo tiene que estar en el PATH
- 2.El usuario tiene que tener permisos de lectura y ejecución para dicho archivo

Comprueba los permisos de los binarios estándar de Linux ejecutando:

```
vinuesa@vinuesa-laptop:~$ ls -l /bin
total 9040
-rwxr-xr-x 1 root root 959120 Mar 28 12:02 bash
-rwxr-xr-x 3 root root 31112 Dec 15 2011 bunzip2
-rwxr-xr-x 1 root root 1832016 Nov 16 2012 busybox
-rwxr-xr-x 3 root root 31112 Dec 15 2011 bzip2
lrwxrwxrwx 1 root root 6 Dec 15 2011 bzip2 -> bzdiff
...
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• Comandos y conceptos básicos

1.- trabajando con archivos – atributos de archivos y cambio de permisos de acceso

Veamos un ejemplo: vamos a escribir y ejecutar nuestro primer script de shell.

Teclea lo siguiente en la terminal:

```
vinuesa@ivory:~/cursos/perl4bioinfo$ cat > hello_shell.sh # enter
echo "Hola $USER!"
echo -n 'hoy es: '; date
echo "usas el shell: $SHELL"
echo -n 'y tu computadora es: '; uname
^D # esto es Ctrl-D
```

```
vinuesa@ivory:~/cursos/perl4bioinfo$ ls -l
-rw-rw-r-- 1 vinuesa vinuesa 133 Aug 7 17:52 hello_shell.sh #
(662)
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• Comandos y conceptos básicos

1.- trabajando con archivos – sustitución de nombres de archivos

```
-bash-3.1$ ls
inscitos_forma_inscr.lliner posters_old13Jun.html posters_old4.html
poster_lliners.txt posters_old3.html posters_old.html

-bash-3.1$ ls *txt # lista sólo los archivos terminados en .txt
poster_lliners.txt

-bash-3.1$ ls *old?.html
posters_old3.html posters_old4.html
-bash-3.1$

-bash-3.1$ ls *[0-9]*
inscitos_forma_inscr.lliner poster_lliners.txt posters_old13Jun.html
posters_old3.html posters_old4.html
-bash-3.1$

-bash-3.1$ rm *[2-9]* # Elimina todos los archivos que contienen
# dígitos del 2-9 en sus nombres

-bash-3.1$ ls
posters_old.html poster_lliners.txt posters_old.html
-bash-3.1$ cp *.* ~/temp # copia los archivos que quedan a ~/temp
```


Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• Comandos y conceptos básicos

1.- trabajando con archivos

- **cat** – Visualizar o concatenar el contenido de archivos

Usage: cat [OPTION] [FILE]...
Concatenate FILE(s), or standard input, to standard output.

```
-b, --number-nonblank  number nonblank output lines
-n, --number           number all output lines
-s, --squeeze-blank    never more than one single blank line
-T, --show-tabs        display TAB characters as ^I
```

- **nedit** es un buen editor gráfico;
prueba a correr: **nedit hello_shell.sh &**

- **(vi)/vim**, son los editores estándar de UNIX/Linux (no gráfico), también **pico** y **emacs**

- **less** – es un paginador (muestra archivos por pantalla)

- **more** – es otro paginador (más viejo y con menor funcionalidad, por tanto: "less is more")

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• Comandos y conceptos básicos

1. - trabajando con archivos: descarga de archivos y tarros comprimidos
2. de la web con **wget** y su descompresión y extacción con **tar**

```
# estamos en $HOME/practicass_unix y queremos descargar datos.tgz
# de http://www.ccg.unam.mx/~vinuesa/per14biofno/data
wget -c http://www.ccg.unam.mx/~vinuesa/per14biofno/data/datos.tgz
```

```
# para ver el contenido del tarro sin extraer su contenido
tar -tvzf datos.tgz # t=liST contents v=Verbose z=Zipped f=File
```

```
# uso de tar y gunzip para descomprimir tarro y extraer su contenido
tar -xvzf datos.tgz # x=eXtract v=Verbose z=Zipped f=File
```

```
# uso de tar y gunzip para extraer un archivo particular de un tarro
# comprimido
tar -xvzf datos.tgz archivo1 # x=eXtract v=Verbose z=Zipped f=File
```

```
# generación de un tarro comprimido, al que metemos dir1 dir2
# y todos los archivos *pl *sh y *tab
tar -cvzf nombre_de_mi_tarro.tgz dir1/ dir2/ *pl *sh *tab
# c=Create v=Verbose z=Zipped f=File
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• Comandos y conceptos básicos

2. - trabajando con directorios: rutas absolutas y relativas

- Siempre podemos regresar a nuestro home tecleando cualquiera de las siguientes órdenes:

```
# iniciamos desde este directorio: /home/vinuesa/cursos/intro2bioinfo
```

```
# 1) vamos a nuestro $HOME usando cd sin argumento
vinuesa@ivory:~/cursos/intro2bioinfo$ cd
vinuesa@ivory:~$ pwd
/home/vinuesa
vinuesa@ivory:~$ cd cursos/intro2bioinfo/ # volvemos al dir per14bioinfo
```

```
# 2) vamos a nuestro $HOME usando cd ~
vinuesa@ivory:~/cursos/intro2bioinfo$ cd ~
vinuesa@ivory:~$ pwd
/home/vinuesa
vinuesa@ivory:~$ cd cursos/intro2bioinfo/ # volvemos al dir per14bioinfo
```

```
# 3) haciendo cd $HOME
vinuesa@ivory:~$ cd $HOME
vinuesa@ivory:~$ pwd
/home/vinuesa
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• Comandos y conceptos básicos

1.- trabajando con archivos

- **less** – un paginador con muchas opciones (ver 'man less')

MOVING

```
f  ^F  ^V  SPACE  * Forward one window (or N lines).
b  ^B  ESC-v    * Backward one window (or N lines).
nG                      * Go TO LINE no. N
```

SEARCHING

```
/pattern      * Search forward for (N-th) matching line.
?pattern      * Search backward for (N-th) matching line.
```

QUIT

```
q
Ejemplo:
pablo@Tenerife:~$ less /etc/passwd
root:x:0:0:root:/root:/bin/bash
daemon:x:1:1:daemon:/usr/sbin:/bin/sh
bin:x:2:2:bin:/bin:/bin/sh
...
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• Comandos y conceptos básicos

2. - trabajando con directorios: rutas absolutas y relativas

- La **ruta absoluta** de un archivo o directorio es aquella que **apunta hacia éste desde el directorio raíz /**, tal y como se ve en la salida del comando **pwd**.
- La **ruta relativa** es aquella que parte del directorio actual, el cual se representa por un punto **.** y el directorio parental (uno arriba) mediante dos puntos **..**

```
# iniciamos desde este directorio: /home/vinuesa/cursos/intro2bioinfo
```

```
# vamos a nuestro $HOME usando la ruta relativa, es decir, 2 dirs arriba
vinuesa@ivory:~/cursos/intro2bioinfo$ cd ../../
vinuesa@ivory:~$ pwd
/home/vinuesa
vinuesa@ivory:~$ cd cursos/intro2bioinfo/ # volvemos al dir intro2bioinfo
```

```
# vamos a nuestro $HOME usando la ruta absoluta, es decir, desde /
vinuesa@ivory:~/cursos/intro2bioinfo$ cd /home/vinuesa
vinuesa@ivory:~$ pwd
/home/vinuesa
vinuesa@ivory:~$
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• Comandos y conceptos básicos

2. - trabajando con directorios: rutas absolutas y relativas

- Más ejemplos del uso de rutas absolutas y relativas:

```
# estamos en: /home/vinuesa/cursos/per14bioinfo
```

```
# 1) queremos ver contenido del directorio /usr/bin
vinuesa@ivory:~$ ls /usr/bin # [ó: ls ../../../../usr/bin]
```

```
# 2) queremos copiar el archivo hello_shell.sh a $HOME/bin
vinuesa@ivory:~$ cp hello_shell.sh $HOME/bin
[ó: cp hello_shell.sh ../../bin]
[ó: cp hello_shell.sh ~/bin]
```

El usuario decide qué es más práctico, usar rutas relativas o absolutas. El punto está en que podemos ejecutar cualquier comando que lee o escribe archivos desde un directorio diferente al actual, y poner el resultado del comando en el directorio que nos convenga.

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• Comandos y conceptos básicos

2. - trabajando con directorios: generación de directorios

Podemos en UNIX/Linux ejecutar varios comandos en una sola línea, separándolos con ;
Si la línea es muy larga, podemos introducir saltos de línea (return), escapándolo con \

```
mkdir => genera directorio; no dejar espacios en blanco en el nombre, usar guión bajo!!!
cd    => cambia al directorio
touch => genera archivos vacíos, para nuestra práctica
mv    => mueve o renombra un archivo o directorio

vinuesa@ivory:~$ mkdir practicas_UNIX; cd practicas_UNIX; \
touch file1.txt file2.txt file3.txt; cd ../; ls -laF practicas_UNIX;
total 0
drwxrwxr-x 2 vinuesa vinuesa 4096 Aug  8 11:52 ./
drwxr-xr-x 6 vinuesa vinuesa 4096 Aug  8 11:52 ../
-rw-rw-r-- 1 vinuesa vinuesa  0 Aug  8 11:52 file1.txt
-rw-rw-r-- 1 vinuesa vinuesa  0 Aug  8 11:52 file2.txt
-rw-rw-r-- 1 vinuesa vinuesa  0 Aug  8 11:52 file3.txt

vinuesa@ivory:~$ ls -d practicas_UNIX/
practicas_UNIX/
vinuesa@ivory:~$ ls practicas_UNIX/
file1.txt file2.txt file3.txt
vinuesa@ivory:~$ mkdir borrame; mv practicas_UNIX/ borrame/
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• Comandos y conceptos básicos

2. - trabajando con directorios: copiado y borrado de directorios

estamos en /home/vinuesa y revisamos el contenido del dir
practicas_unix y borramos todos los archivos que contiene

```
vinuesa@ivory:~$ ls -lF practicas_unix/
total 0
-rw-rw-r-- 1 vinuesa vinuesa 0 Aug  8 12:15 file1.txt
-rw-rw-r-- 1 vinuesa vinuesa 0 Aug  8 12:15 file2.txt
-rw-rw-r-- 1 vinuesa vinuesa 0 Aug  8 12:15 file3.txt

vinuesa@ivory:~$ rm practicas_unix/*.*
vinuesa@ivory:~$ ls -lF practicas_unix/
total 0
vinuesa@ivory:~$

# una vez vacío, podemos usar rmdir para eliminar el dir vacío
vinuesa@ivory:~$ rmdir practicas_unix/ # o usar rm -rf pract*
vinuesa@ivory:~$ ls
Cursos
vinuesa@ivory:~$
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• Comandos y conceptos básicos

2. - trabajando con directorios: copiado y borrado de directorios

estamos en /home/vinuesa y revisamos el contenido del dir
vinuesa@ivory:~\$ ls
borrame cursos

veamos el contenido de borrame
vinuesa@ivory:~\$ ls -F borrame/
practicas_unix/

ahora copiamos practicas_unix al directorio actual
(\$HOME)
vinuesa@ivory:~\$ cp -r borrame/practicas_unix .

borramos el directorio borrame
vinuesa@ivory:~\$ rm -rf borrame

vemos contenido del dir practicas_unix y borramos todos
los archivos que contiene

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• Comandos y conceptos básicos

2. - trabajando con archivos y directorios: resumen

• Podemos ejecutar varios comandos en una sola línea, separándolos con ;

• Si la línea es muy larga, podemos introducir saltos de línea, escapándolo con \

```
mkdir => genera directorio; no dejar espacios en blanco en el nombre, usar guión bajo!!!
cd    => cambia al directorio
touch => genera archivos vacíos, para nuestra práctica
mv file2 dir1; mv file3 file1 => mueve o renombra un archivo o directorio
cp file1 dir1 => copia file1 a dir1
cp -r dir1 dir2 => copia dir1 y su contenido (-r recursivamente) a dir2
rm dir1/file1 => borra file1 en dir1/
rm -rf dir1 dir2 => elimina los directorios dir1 y dir2
find . -type d => muestra recursivamente los subdirectorios del directorio indicado
ls -d dir* => muestra sólo los nombres de los directorios que empiecen por dir
ls dir1 => muestra el contenido del directorio dir1
tar (-cvzf|-tvzf|-xvzf) => crea, lista contenidos o extrae archivos/dirs de un
tarro comprimido
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• Comandos y conceptos básicos – Introducción a la programación en bash

- Uso de variables e impresión de su contenido desde línea de comandos

-bash-3.1\$ STR='Hello World'; echo \$STR

- Uso de condicionales y su ejecución desde un "script". Hacerlo ejecutable
con chmod +x script

```
#!/bin/bash
# program: simple_conditionals.sh

# 1)check that two arguments are passed to the script from the command
line
if [ $# != 2 ]; then
    echo "# $0 needs two string arguments to compare"
    echo "# usage: $0 string1 string2"
    exit 1
fi

# 2) assign positional parameters to named variables
string1="$1"
string2="$2"

# 3) make the string comparisons within an if-else-fi structure
if [ "$string1" = "$string2" ]; then
    echo "$string1 = $string2, therefore expression evaluated as true"
else
    echo "$string1 != $string2, therefore expression evaluated as false"
fi
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

- Comandos y conceptos básicos – Introducción a la programación en bash
- Uso de bucles y condicionales desde un script

```
#!/bin/bash

# program: find_directories.sh

# 1) inicializamos variables; var=$(comando) guarda salida de comando UNIX en var
workdir=$(pwd)
counter=0

# 2) recorremos cada archivo/dir en pwd; si es un dir, imprimimos e incrementamos
contador
for i in $(ls); do
    if [ -d $i ]; then
        echo found directory: $i
        let counter=counter+1
    fi
done

# 3) evaluamos el contenido de la variable contador e imprimimos resumen
correspondiente
if [ $counter = 0 ]; then
    echo "There are no directories in $workdir"
    exit 0
elif [ $counter > 0 ]; then
    echo "There are $counter directories in $workdir"
fi
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

- Comandos y conceptos básicos – miscelánea de comandos muy importantes
- generar un tarro (tar file o "carpeta"), añadirle archivos, comprimir el tarro y enviarlo a una máquina remota mediante scp:

vamos a generar un tarro comprimido con gzip, que contenga todos los *.sh scripts
presentes en el directorio actual

```
pablo@Tenerife:~/WinXP/Cursos/TLEM11$ ls *sh
align_seqs_clustal_or_muscle.sh find_directories.sh simple_conditionals.sh
pablo@Tenerife:~/WinXP/Cursos/TLEM11$ tar -cvzf sample_bash_scripts.tgz *sh
align_seqs_clustal_or_muscle.sh
find_directories.sh
simple_conditionals.sh
```

ahora vamos a copiar el tarro comprimido mediante scp de mi una máquina a otra

```
pablo@Tenerife:~/WinXP/Cursos/TLEM11$ ls *tgz
sample_bash_scripts.tgz
pablo@Tenerife:~/WinXP/Cursos/TLEM11$ scp sample_bash_scripts.tgz \
vinuesa@132.248.34.3:/home/vinuesa/public_html/tlem
sample_bash_scripts.tgz 100% 1485 1.5KB/s 00:00
pablo@Tenerife:~/WinXP/Cursos/TLEM11$
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

- Comandos y conceptos básicos – miscelánea de comandos muy importantes
- bajar archivos de la web desde la terminal:

```
# y ahora vamos a bajar un archivo de configuración ".bashrc" del ambiente para
# que puedan trabajar más agusto en su casa $HOME
# vayan a su directorio home
cd ~;
[vinuesa@xibalba ~]$ wget -c \
http://www.ccg.unam.mx/~vinuesa/tlem/docs/sample_bashrc.txt
Resolving www.ccg.unam.mx... 132.248.34.17
Connecting to www.ccg.unam.mx[132.248.34.17]:80... connected.
HTTP request sent, awaiting response... 200 OK
Length: 1,812 (1.8K) [text/plain]
```

```
100%[=====] 1,812 --K/s
20:51:52 (63.30 MB/s) - 'sample_bashrc.txt' saved [1812/1812]
```

```
# ahora lo renombramos a .bashrc
[vinuesa@xibalba ~]$ mv sample_bashrc.txt .bashrc
```

```
# y activamos el ambiente, ejecutando el script de configuración
[vinuesa@xibalba ~]$ source .bashrc .profile
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

- Comandos y conceptos básicos – Introducción a la programación en bash
- Uso de bucles y condicionales desde la línea de comandos

```
for i in $(ls); do if [ -f $i ]; then echo file $i; elif [ -d $i ]; then
echo dir $i; fi; done
```

```
# SALIDA
file find_directories.sh
file lista_login_accounts.tab
file lista_login_accounts.txt
file parse_seleccionados1_html.1liners
file samble_bashrc.txt
file seleccionados1.html
file simple_conditionals.sh
dir tmp
```

- El uso de bucles y condicionales desde la línea de comandos puede ser muy útil. Este ejemplo alinea todos los archivos fasta con terminación fna presentes en el directorio actual, usando muscle

```
for file in *.fna; do muscle < $file > ${file%.fna}_muscle_alignment.fna; done
for file in *.fna
do
    muscle < $file > ${file%.fna}_muscle_alignment.fna
done
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

- Comandos y conceptos básicos – miscelánea de comandos muy importantes
- bajar archivos de la web desde la terminal:

```
# si no lo han hecho aún, generen los siguientes directorios en su $HOME
mkdir practicas_unix_bin seq_data;
[vinuesa@xibalba ~]$ cd bin/
[vinuesa@xibalba bin]$ wget -c \
http://www.ccg.unam.mx/~vinuesa/tlem/shell_scripts/sample_bash_scripts.tgz
--19:56:13-- http://www.ccg.unam.mx/~vinuesa/tlem/shell_scripts/sample_bash_scripts.tgz
=> 'sample_bash_scripts.tgz'
Resolving www.ccg.unam.mx... 132.248.34.17
Connecting to www.ccg.unam.mx[132.248.34.17]:80... connected.
HTTP request sent, awaiting response... 200 OK
Length: 1,485 (1.5K) [application/x-gzip]
```

```
100%[=====] 1,485 --K/s
19:56:13 (59.26 MB/s) - 'sample_bash_scripts.tgz' saved [1485/1485]
# ahora podemos desempacar y descomprimir los archivos contenidos en el tarro
comprimido
[vinuesa@xibalba bin]$ tar xvzf sample_bash_scripts.tgz
align_seqs_clustal_or_muscle.sh
find_directories.sh
simple_conditionals.sh
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

- Referencias sobre Shell y Bash libremente disponibles en la web

una lista de comandos y ejemplos de uso los encuentras aquí:

- http://en.wikipedia.org/wiki/List_of_Unix_programs

Estos son unos tutoriales que si los estudias te harán un experto programador de Bash. Comienza por el primero de ellos, que es muy corto. Los últimos 2 son tutoriales avanzados sobre Bash scripting

- <http://tldp.org/HOWTO/Bash-Intro-HOWTO.html>

- <http://www.ee.surrey.ac.uk/Teaching/Unix/>

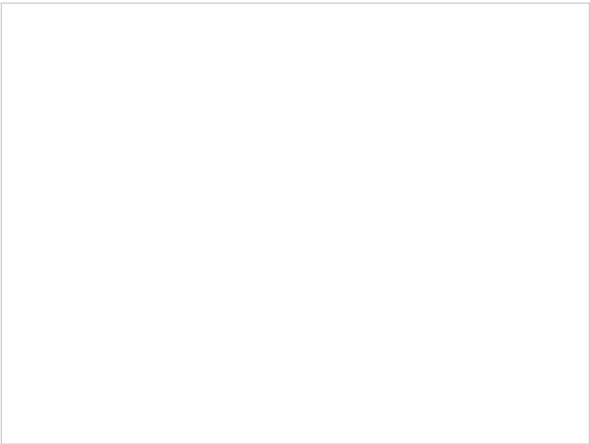
- <http://tldp.org/LDP/Bash-Beginners-Guide/html/index.html>

- <http://www.museum.state.il.us/ismdepts/library/linuxguides/abs-guide/index.html>

Si buscas libros de referencia, mira aquí

- http://en.wikibooks.org/wiki/Guide_to_Unix

- <http://www.ee.surrey.ac.uk/Teaching/Unix/books-uk.html>



Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

Veán también: http://en.wikipedia.org/wiki/List_of_Unix_programs

Comandos y conceptos básicos

2.– trabajando con directorios (cont.)

- df – despliega información de uso de disco
- du – despliega información de uso de disco por archivo
- ln – genera una liga simbólica a un archivo o directorio

3.– trabajando con texto

- grep – busca patrones en archivos
- cut – selecciona caracteres o campos de archivos
- sort – ordena y/o conjunta archivos
- uniq – muestra líneas únicas
- tr – reemplaza caracteres indicados
- sed – edición no interactiva de archivos
- awk – filtrado de archivos por campos
- vim – editor programable estándar de Linux
- nedit – editor con ambiente gráfico

4.– trabajando con procesos y comandos

- top – despliegue dinámico de estatus de procesos
- ps – despliegue de estatus de procesos
- kill – mata procesos por PID
- nice – cambia la prioridad de un comando
- which – muestra dónde se ubica un comando en el PATH
- history – muestra historial de comandos

NAVEGACIÓN DEL SISTEMA Y MANEJO DE ARCHIVOS - detalles

Comandos básicos:

pwd

— Print name of current working directory.

cd

— Change directory.

ls

— List directory contents.

Ejecuta los comandos provistos en el archivo "working_with_linux_commands.code" que puedes descargar desde moodle

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

Veán también: http://en.wikipedia.org/wiki/List_of_Unix_programs

Comandos y conceptos básicos – una selección de comandos

1.– moviéndonos por el sistema y trabajando con archivos

- ls – lista información sobre archivos y directorio
- cat – despliega contenidos de un archivo o los concatena
- less – un paginador que despliega el contenido de un archivo página a página
- wc – cuenta líneas, palabras y caracteres
- cp – copia archivos
- mv – renombra o mueve archivos
- rm – elimina un archivo o directorio
- chmod – cambia permisos de archivos y directorios
- tar – crea un "jarro" de archivos y/o directorios
- zip – comprime archivos
- head – despliega la cabecera del archivo
- tail – despliega la cola del archivo
- file – muestra la clasificación de un archivo

2.– trabajando con directorios

- pwd – print working directory
- mkdir – crea un directorio
- cd – cambia de directorio
- rmdir – elimina directorio (sólo si están vacíos)
- find – busca archivos y directorios en base a características definidas por el usuario

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

Veán también: http://en.wikipedia.org/wiki/List_of_Unix_programs

Comandos y conceptos básicos

5.– trabajando en la red con directorios y archivos remotos

- ssh – ejecuta comandos de manera segura en un sistema remoto
- scp – copia de manera segura uno o más archivos desde o hacia un sistema remoto
- sftp – copia de manera segura archivos desde un sistema remoto hacia una máquina local
- wget – descarga archivos desde una URL

6.– comandos para compilación de programas

- configure – configura código fuente de manera automática
- gcc – compila programas escritos en C y C++
- make – utilidad para construir binarios y librerías a partir de código fuente mediante la lectura de instrucciones contenidas en archivos llamados makefiles que especifican cómo derivar el programa diana.

El sistema de archivos

Igual que en Windows, los sistemas operativos tipo UNIX como Linux organiza sus archivos en una estructura jerárquica de directorios. El primer directorio del sistema Se conoce como el **directorio raíz /**, que contiene archivos y subdirectorios.

Existen interfaces gráficas para navegar y explorar el sistema como se muestra abajo, pero la manera más poderosa y flexible de hacerlo es mediante comandos como **cd**, **ls** y **pwd**



Vista parcial del árbol de directorios usando el ambiente gráfico gnome con el navegador Nautilus

El sistema de archivos – su navegación

Comandos básicos: **pwd**, **ls**, **cd**

```
vinuesa@yaxche[-]$ pwd # imprime directorio actual
/home/vinuesa # ruta absoluta, desde el directorio raíz '/'

vinuesa@yaxche[-]$ ls / # lista contenidos directorio raíz
bin  etc  initrd.img  lib64  mnt  root  selinux  tmp  vmlinuz
boot export initrd.img.old lost+found opt  run  srv  usr  vmlinuz.old
dev  home  lib          media  proc /sbin  sys  var

vinuesa@yaxche[-]$ cd /; pwd # separa múltiples comandos con ;
/

vinuesa@yaxche[/]$ ls
bin  etc  initrd.img  lib64  mnt  root  selinux  tmp  vmlinuz
boot export initrd.img.old lost+found opt  run  srv  usr  vmlinuz.old
dev  home  lib          media  proc /sbin  sys  var

vinuesa@yaxche[/]$ cd; pwd # cd sin argumento nos regresa a $HOME
vinuesa@yaxche[-]$ pwd
/home/vinuesa
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• Comandos y conceptos básicos

Explorando la estructura de directorios con el comando **ls**

```
pablo@Tenerife:~$ ls -F / # exploremos el directorio raíz
'/'
bin/  cdrom@  etc/  initrd.img@  lib/  lib64@  media/  opt/
root/  selinux/  sys/  usr/  vmlinuz@  xorg.conf.new boot/  dev/  home/
initrd.img.old@ lib32/  lost+found/  mnt/  proc/ /sbin/  srv/  tmp/
var/  vmlinuz.old@

pablo@Tenerife:~$ ls -F /bin # veamos el contenido de /bin
bash*  bzless@  dbus-cleanup-sockets*  egrep*  kbd_mode*  ls*
bunzip2*  bzmored*  dbus-daemon*  false*  kill*  lsmod*
busybox*  cat*  dbus-uuidgen*  fgconsole*  ksh@  mkdir*
bzcat*  chgrp*  dd*  fgrep*  less*  mknod*
bzcmp@  chmod*  df*  fuser*  lessecho*  mktmp*
bzdiff*  chown*  dir*  fusermount*  lessfile@  more*
bzegrep@  chvt*  dmesg*  grep*  lesskey*  mount*
bzexe*  cp*  dnsdomainname*  gunzip*  lesspipe*  mountpoint*
bzfgrep@  cpio*  domainname*  gzexe*  ln*  mt@
bzgrep*  csh@  dumpkeys*  gzip*  loadkeys*  mt-gnu*
bzzip2*  dash*  echo*  hostname*  login*  mv*
bzzip2recover*  date*  ed*  ip*  lowntfs-3g*  nano*
... y muchos más
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• Comandos y conceptos básicos

1.- trabajando con archivos

• **ls** – lista información sobre archivos y directorio

opciones importantes:

- a display all, including hidden files .file.txt
- d display information about directory
- l long format
- F classify
- h human readable sizes
- r reverse sorted order
- R recursively lists subdirectories
- s display sorted by size
- t display sorted by creation time
- x display files sorted by lines (default is by columns)
- l display files one per line

Ejemplo:

```
ls -ltr # imprime lista de archivos ordenados reversamente por tiempo de modificación
```

Introducción al biocómputo en sistemas UNIX/Linux

• Comandos y conceptos básicos

1.- trabajando con archivos – ¿dónde estoy en el árbol de directorios?

• **pwd** – print working directory

```
-bash-3.1$ pwd
/home/vinuesa/public_html/tlem09
-bash-3.1$ ls -lFtr
total 472
drwxr-xr-x 2 vinuesa cifn-ux 1024 Apr 3 19:21 css/
drwxr-xr-x 2 vinuesa cifn-ux 1024 Apr 13 14:12 images/
-rw-r--r-- 1 vinuesa cifn-ux 15877 May 14 01:22 index.html.save
drwxr-xr-x 2 vinuesa cifn-ux 1024 May 25 12:03 docs/
-rw-r--r-- 1 vinuesa cifn-ux 17947 Jun 10 11:36 index.html
-rw-r--r-- 1 vinuesa cifn-ux 17640 Jun 10 11:58 recursos_bioinformatica.html
-rw-r--r-- 1 vinuesa cifn-ux 121862 Jun 13 14:53 posters_new.html
-rw-r--r-- 1 vinuesa cifn-ux 10061 Jun 14 00:46 profesores.html
drwxr-xr-x 2 vinuesa cifn-ux 96 Jun 15 18:08 perl_scripts/
...
-bash-3.1$
```