

### Pratique de la ligne de commande

La ligne de commande peut sembler difficile au début, mais une fois que vous aurez appris quelques commandes de base, vous serez en mesure d'exécuter une grande variété de logiciels bioinformatiques. C'est comme si vous appreniez un autre langage (de programmation) ! Si vous êtes déjà à l'aise avec la navigation dans les répertoires de fichiers à l'aide de pwd et cd, avec la visualisation du contenu des répertoires à l'aide de ls, avec le déplacement de fichiers à l'aide de mv et avec la redirection d'entrées et de sorties à l'aide de pipes, vous pouvez sauter ce tutoriel.

Si vous êtes novice en matière de ligne de commande, nous vous suggérons de commencer par les didacticiels 1 à 4, 8 et 10 à 14 sur ce site Web: <a href="https://linuxjourney.com/lesson/the-shell">https://linuxjourney.com/lesson/the-shell</a>. Pour plus de pratique, vous pouvez également suivre le tutoriel sur les notions de base du Terminal ici: <a href="https://sandbox.bio/tutorials?id=terminal-basics">https://sandbox.bio/tutorials?id=terminal-basics</a>.

#### Remarques importantes pour suivre ce tutoriel :

- Le texte sur fond gris en police monospace représente des commandes à taper.
- Le texte en gras entouré de < > représente quelque chose que vous devrez remplacer par votre propre nom d'utilisateur.
- [file] et [dir] sont utilisés comme caractères de remplacement pour le chemin d'accès au fichier ou au répertoire sur lequel la commande est exécutée. [file/dir] signifie que la commande peut être exécutée sur un fichier ou un répertoire.

# Conseils généraux sur la ligne de commande

- Le répertoire HOME d'une machine Linux est /home/<username>, où <username> est le nom d'utilisateur que vous utilisez pour vous connecter à votre ordinateur. Au lieu d'écrire ce nom dans chaque chemin de fichier, il peut être utile de remplacer /home/<username> par ~ (le caractère tilde).
- Les seuls chemins de fichiers qui doivent commencer par une barre oblique sont les chemins d'accès aux fichiers absolus.
- Par défaut, toutes les commandes qui nomment des fichiers ou des dossiers et que vous exécutez dans la ligne de commande font référence aux fichiers du répertoire de travail actuel, sauf si vous utilisez le chemin absolu.
- Évitez d'utiliser des espaces dans les noms de fichiers et de dossiers.
- Les noms de fichiers et de dossiers dans les chemins d'accès sont SENSIBLES À LA CASSE.
- Soyez *exceptionnellement prudent* lorsque vous retirez ou supprimez des fichiers, car cette action ne peut être annulée.



### Instructions pour la configuration de l'ordinateur

Ce didacticiel utilise un certain nombre d'exemples de fichiers et de dossiers. Avant de commencer le tutoriel, suivez les étapes ci-dessous pour installer les fichiers nécessaires sur votre ordinateur :

- 1. Vérifiez que votre ordinateur a un dossier appelé *practice* dans le répertoire HOME. Ce dossier doit contenir trois sous-dossiers : *data, fastas* et *scripts*. Si ces sous-dossiers sont présents sur votre ordinateur, vous pouvez ignorer les étapes 2 à 6 ci-dessous et passer directement à la section suivante (*Pratique de la ligne de commande*).
- 2. Si vous n'avez pas encore le répertoire *practice* sur votre ordinateur, téléchargez-le en téléchargeant *linux-learning.zip* ici : <a href="https://github.com/CholGen/linux-learning/releases/download/v2/linux-learning.zip">https://github.com/CholGen/linux-learning/releases/download/v2/linux-learning.zip</a>.
- 3. Décompressez ce fichier sur votre ordinateur.
- 4. Déplacez le dossier *practice* que vous venez de télécharger dans le répertoire HOME de votre ordinateur. Pour ce faire, faites glisser le dossier *practice* de votre dossier Téléchargements (ou de l'endroit où il se trouve actuellement) vers votre répertoire HOME.
- 5. Confirmez que le dossier *practice* que vous avez téléchargé contient trois sous-dossiers : *data, fastas* et *scripts*.
- 6. Ouvrez la ligne de commande sur votre ordinateur. Sur les ordinateurs Mac et Linux, il s'agit de l'application appelée *Terminal*. Sur les ordinateurs Windows, vous devrez peut-être ouvrir un logiciel préinstallé tel que PuTTY ou cygwin. Si vous ne disposez pas encore d'une ligne de commande Linux fonctionnelle sur votre ordinateur, vous devrez d'abord configurer la ligne de commande selon les instructions de la section <u>Configuration de la ligne de commande</u>.



### Pratique de la ligne de commande

Les instructions ci-dessous sont présentées dans cette vidéo accessible au public : <a href="https://youtu.be/DSathAxg">https://youtu.be/DSathAxg</a> aA.

1. Utilisez la commande pwd pour connaître votre emplacement actuel sur l'ordinateur.

Tapez ce qui suit dans votre fenêtre de terminal et appuyez sur Entrée :

pwd

Vous devriez voir quelque chose comme ceci (peut différer légèrement sur les ordinateurs Windows) :

/home/**<username>** 

2. Utilisez la commande ls pour afficher le contenu de votre emplacement actuel (le répertoire dans lequel vous vous trouvez).

Tapez ce qui suit dans la fenêtre de votre terminal et appuyez sur **Entrée** :

ls

Vous devriez voir apparaître une liste de fichiers et de dossiers. Il s'agit de tous les éléments qui se trouvent dans votre répertoire actuel (le répertoire HOME). Cette liste devrait correspondre aux fichiers et dossiers que vous voyez lorsque vous ouvrez l'explorateur de fichiers et que vous naviguez jusqu'au répertoire HOME.

3. Utilisez la commande cd pour naviguer jusqu'au répertoire *practice* (qui devrait se trouver dans votre répertoire HOME).

Tapez ce qui suit dans la fenêtre de votre terminal et appuyez sur Entrée :

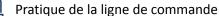
cd practice

N'oubliez pas que la ponctuation est importante ! Et n'hésitez pas à utiliser la touche de **tabulation** pour vous aider à parcourir les chemins d'accès aux fichiers.

4. Utilisez la commande pwd pour afficher le chemin d'accès absolu à votre emplacement actuel sur l'ordinateur.

Tapez ce qui suit dans la fenêtre de votre terminal et appuyez sur **Entrée** :

pwd





Vous devriez voir quelque chose comme ceci (peut différer légèrement sur les ordinateurs Windows) :

/home/**<username>**/practice

Ceci indique que vous vous êtes déplacé avec succès dans le répertoire practice.

5. Utilisez la commande ls pour afficher le contenu de votre emplacement actuel (le répertoire dans lequel vous vous trouvez).

Tapez ce qui suit dans la fenêtre de votre terminal et appuyez sur **Entrée** :

ls

Vous devriez voir une liste de fichiers et de dossiers. Il s'agit de tous les éléments qui se trouvent dans votre répertoire actuel (le répertoire *practice*). Cette liste doit correspondre aux fichiers et dossiers que vous voyez lorsque vous ouvrez l'explorateur de fichiers et que vous naviguez jusqu'au répertoire *practice*.

6. Utilisez la commande cd pour vous rendre dans le répertoire fastas, qui se trouve dans le répertoire practice.

Tapez ce qui suit dans votre fenêtre de terminal et appuyez sur Entrée :

cd fastas

N'oubliez pas que la ponctuation est importante ! Et n'hésitez pas à utiliser la touche de **tabulation** pour vous aider à parcourir les chemins d'accès aux fichiers.

7. Utilisez la commande pwd pour afficher le chemin d'accès absolu à votre emplacement actuel sur l'ordinateur.

Tapez ce qui suit dans votre fenêtre de terminal et appuyez sur Entrée :

pwd

Vous devriez voir quelque chose comme :

/home/<username>/practice/fastas

Cela indique que vous vous trouvez actuellement dans le répertoire *fastas*, qui se trouve dans le répertoire practice, qui se trouve dans le répertoire HOME de votre ordinateur.



8. Utilisez la commande cd pour revenir au répertoire HOME.

Tapez ce qui suit dans votre fenêtre de terminal et appuyez sur Entrée :

```
cd ~
```

Le caractère tilde (~) est l'abréviation du chemin d'accès au répertoire HOME. Cette commande vous ramènera toujours au répertoire HOME, quel que soit l'endroit où vous vous trouvez.

9. Utilisez la commande cd pour naviguer jusqu'au répertoire fastas, en utilisant un chemin d'accès relatif.

Tapez ce qui suit dans votre fenêtre de terminal et appuyez sur Entrée :

```
cd fastas
```

Vous devriez voir apparaître une erreur comme celle-ci :

```
cd: no such file or directory: fastas
```

Cette erreur vous indique qu'il n'y a pas de répertoire *fastas* dans votre répertoire courant (le répertoire HOME). Nous obtenons cette erreur parce que nous avons utilisé le chemin d'accès relatif au répertoire *fastas* avec la commande cd ci-dessus. Si vous ne fournissez pas le chemin d'accès complet, l'ordinateur suppose qu'il doit chercher dans le répertoire courant. Par conséquent, nous ne pouvons utiliser le chemin d'accès relatif pour le répertoire *fastas* que lorsque nous nous trouvons dans le répertoire *practice*, car c'est dans ce répertoire que se trouve le répertoire *fastas*.

10. Utilisez la commande cd pour naviguer jusqu'au répertoire *fastas*, en utilisant cette fois le chemin d'accès absolu.

Tapez ce qui suit dans votre fenêtre de terminal et appuyez sur Entrée :

```
cd ~/practice/fastas
```

Nous pouvons utiliser le chemin d'accès absolu pour n'importe quel fichier ou dossier et cela fonctionnera toujours, quel que soit l'endroit où nous nous trouvons sur l'ordinateur.

11. Montez d'un répertoire.

Il peut arriver que vous souhaitiez « monter » d'un répertoire, c'est-à-dire vous rendre dans le dossier qui contient le dossier dans lequel vous vous trouvez actuellement. Il existe un raccourci pratique pour cela. Tapez ce qui suit dans votre terminal et appuyez sur **Entrée** :



cd ..

Prenez un moment pour utiliser 1s et pwd afin de mieux comprendre votre position actuelle.

12. Utilisez la commande cd pour vous rendre dans le répertoire fastas.

Comme vous vous trouvez actuellement dans le répertoire *practice*, vous pouvez utiliser le chemin d'accès relatif ici. Tapez ce qui suit dans la fenêtre de votre terminal et appuyez sur **Entrée** :

```
cd Fastas
```

N'oubliez pas que la ligne de commande est sensible à la casse et que notre répertoire s'appelle *fastas* et non *Fastas*. En conséquence, vous devriez voir une erreur comme celle-ci :

```
cd: no such file or directory: Fastas
```

13. Utilisez la commande cd pour naviguer jusqu'au répertoire fastas en utilisant le chemin d'accès relatif.

Tapez ce qui suit dans votre fenêtre de terminal et appuyez sur Entrée :

```
cd fastas
```

Cette commande devrait fonctionner, puisque *fastas* se trouve dans votre répertoire actuel (en supposant que vous êtes dans le répertoire *practice*, si vous avez suivi les instructions ci-dessus) et qu'il est maintenant orthographié correctement et sans majuscule.

14. Utilisez la commande ls pour afficher le contenu du répertoire fastas.

Tapez ce qui suit dans votre fenêtre de terminal et appuyez sur Entrée :

```
ls
```

Vous devriez voir 4 fichiers avec l'extension .fasta et un fichier help.txt.

15. Utilisez la commande less pour afficher le contenu du fichier seq1.fasta.

Tapez ce qui suit dans votre fenêtre de terminal et appuyez sur **Entrée** :

```
less seq1.fasta
```

Ceci ouvrira une fenêtre de prévisualisation du fichier seq1.fasta. Utilisez les flèches ou le défilement pour voir plus sur le fichier. Appuyez sur la touche q de votre clavier à n'importe quel moment pour quitter cet aperçu.



16. Utilisez la commande cat pour afficher le contenu du fichier help.txt.

Tapez ce qui suit dans votre fenêtre de terminal et appuyez sur Entrée :

```
cat help.txt
```

Cela imprime le contenu du fichier help.txt à l'écran.

17. AVEC PRUDENCE, utilisez la commande rm pour supprimer le fichier seq1\_old.fasta.

Tapez ce qui suit dans votre fenêtre de terminal et appuyez sur Entrée :

```
rm seq1_old.fasta
```

Cela supprimera définitivement le fichier *seq1\_old.fasta*. Soyez extrêmement prudent lorsque vous utilisez la commande rm. Il n'y a aucun moyen d'annuler la suppression si vous faites une erreur, aussi ne l'utilisez que si c'est absolument nécessaire.

18. Exécutez la commande ls pour afficher le contenu du répertoire fastas.

Vous devriez maintenant voir 3 fichiers avec l'extension .fasta et un fichier help.txt.

19. Utilisez la commande my pour déplacer le fichier help.txt du répertoire fastas vers le répertoire practice.

La commande mv prend deux arguments en entrée. Lorsque nous utilisons la commande mv pour déplacer un fichier ou un dossier, ces arguments sont (1) le chemin d'accès au fichier/dossier que vous souhaitez déplacer et (2) le chemin d'accès au nouvel emplacement de ce fichier/dossier. Tapez ce qui suit dans votre fenêtre de terminal et appuyez sur **Entrée** :

```
mv help.txt ~/practice
```

Si vous exécutez maintenant la commande ls pour afficher le contenu du répertoire *fastas*, vous devriez voir 3 fichiers avec l'extension *.fasta* et aucun fichier *help.txt*. En revanche, si vous exécutez la commande ls ~/practice pour consulter le contenu du répertoire *practice*, vous devriez y trouver le fichier *help.txt*.

20. Utilisez la commande mv pour renommer le fichier *seq1.fasta* en *ref.fasta*.

La commande mv prend deux arguments en entrée. Lorsque nous utilisons la commande mv pour renommer un fichier ou un dossier, ces arguments sont (1) le chemin d'accès au fichier/dossier que vous souhaitez renommer et (2) le chemin d'accès au nouveau nom de ce fichier/dossier. Tapez ce qui suit dans votre fenêtre de terminal et appuyez sur **Entrée** :



```
mv seq1.fasta ref.fasta
```

Exécutez la commande ls pour afficher le contenu du répertoire *fastas*. Vous devriez voir le fichier avec le nouveau nom.

21. Montez d'un répertoire.

Tapez ce qui suit dans votre fenêtre de terminal et appuyez sur Entrée :

```
cd ..
```

Prenez un moment pour utiliser ls et pwd afin de mieux comprendre votre position actuelle.

22. Utilisez la commande mkdir pour créer un nouveau dossier appelé *my\_analysis* dans votre emplacement actuel.

Tapez ce qui suit dans votre fenêtre de terminal et appuyez sur Entrée :

```
mkdir my_analysis
```

Exécutez la commande ls pour afficher le contenu de votre répertoire actuel. Vous devriez voir le nouveau dossier.

23. Utilisez la commande ls pour afficher le contenu des répertoires *fastas, scripts* et *data*, en utilisant les chemins d'accès relatifs pour chacun d'eux (cela fonctionne si vous vous trouvez dans le répertoire *practice* qui contient ces sous-répertoires).

Tapez les 3 commandes suivantes séparément dans votre fenêtre de terminal et appuyez sur **Entrée** après chacune d'entre elles :

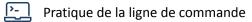
```
ls fastas
ls scripts
ls data
```

24. Utilisez la commande ls pour afficher le contenu du répertoire de *données (data)*, en utilisant le chemin d'accès absolu.

Tapez ce qui suit dans votre fenêtre de terminal et appuyez sur **Entrée** :

```
ls ~/practice/data
```

Cela devrait donner le même résultat que ls data ci-dessus. Ce répertoire devrait contenir un fichier appelé *my\_regions.bed*, que nous étudierons plus loin. Les fichiers qui se terminent par .bed sont souvent utilisés pour stocker des séquences d'amorces et leurs positions le long d'un génome de référence.



# Pratique de la ligne de commande

25. Utilisez la commande cd pour naviguer jusqu'au répertoire data.

Tapez ce qui suit dans votre fenêtre de terminal et appuyez sur Entrée :

cd data

26. Utilisez la commande head pour consulter les deux premières lignes du fichier my\_regions.bed.

Tapez ce qui suit dans votre fenêtre de terminal et appuyez sur Entrée :

```
head my_regions.bed
```

27. Utilisez la commande tail pour consulter les dernières lignes du fichier my\_regions.bed.

Tapez ce qui suit dans votre fenêtre de terminal et appuyez sur Entrée :

```
tail my_regions.bed
```

28. Utilisez la commande less pour afficher le contenu complet du fichier my regions.bed.

Tapez ce qui suit dans votre fenêtre de terminal et appuyez sur **Entrée** :

```
less my_regions.bed
```

Utilisez les flèches ou le défilement pour afficher davantage de détails sur le fichier. Appuyez sur la touche  ${\bf q}$  de votre clavier pour quitter cet aperçu.

29. Utilisez la commande wc pour connaître le nombre de lignes, de mots et de caractères dans le fichier  $my\_regions.bed$ .

Tapez ce qui suit dans votre fenêtre de terminal et appuyez sur Entrée :

```
wc my_regions.bed
```

Vous devriez voir 3 chiffres: (1) le nombre de lignes, (2) le nombre de mots, et (3) le nombre de caractères.

30. Utilisez la commande wc avec l'option lignes pour n'imprimer que le nombre de lignes dans my\_regions.bed.

Tapez ce qui suit dans votre fenêtre de terminal et appuyez sur Entrée :

```
wc -l my_regions.bed
```



Vous devriez voir un chiffre, le nombre de lignes dans le fichier.

31. Tout cela semble très simple - pourquoi est-ce que j'utilise la ligne de commande au lieu de cliquer sur mon ordinateur ?

Excellente question. Les commandes que vous avez utilisées aujourd'hui sont très basiques, mais la ligne de commande Linux peut être utilisée pour effectuer des tâches infiniment complexes sur votre ordinateur. Vous pouvez même écrire une liste de commandes (appelée script) et les exécuter toutes en même temps à l'aide d'une simple commande. Plus important encore, de nombreux logiciels de bio-informatique ne peuvent être exécutés qu'à partir de la ligne de commande. Il est donc utile de savoir exécuter des commandes et des programmes, même si vous n'êtes pas encore en mesure d'écrire des programmes vous-même.

Il existe de très nombreuses ressources en ligne (et imprimées) pour vous apprendre à utiliser la ligne de commande de Linux. Nous vous encourageons à continuer à pratiquer ces commandes et à consulter en ligne ou à poser des questions si vous en avez !