

Session de formation 2018



- 12 Mars** Guide de survie à Linux : les commandes de base pour débiter sur un serveur linux
- 13 Mars** Linux avancé : manipuler et filtrer des fichiers sans connaissance de programmation
- 15 Mars** Initiation à l'utilisation du cluster bioinformatique itrop
- 22 Mars** Initiation à git
- 23 Mars** Initiation aux gestionnaires de workflow South Green: Galaxy ou TOGGLE
- 26 Mars** Initiation aux analyses de données transcriptomiques



Institut de Recherche
pour le Développement

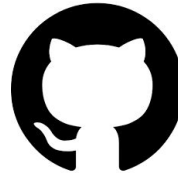
South Green
bioinformatics platform



plateau i-trop



www.southgreen.fr



<https://github.com/SouthGreenPlatform>



The South Green portal: a comprehensive resource for tropical and Mediterranean crop genomics, Current Plant Biology, 2016

Session de formation 2018



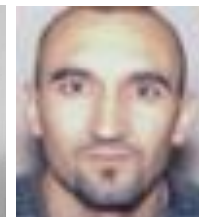
- Toutes nos formations :
<https://southgreenplatform.github.io/trainings/>
- Topo & TP : [Linux For Dummies](#)
- Environnement de travail : [Logiciels à installer](#)



Institut de Recherche
pour le Développement



South Green
bioinformatics platform



Guide de survie à Linux



www.southgreen.fr

<https://southgreenplatform.github.io/trainings>



The objectif!

Lancez vos analyses bioinformatiques sous Linux !



Applications

Connaître les principales commandes sous Linux

- Se déplacer dans l'arborescence de fichier : *pwd*, *ls*, *cd*, *mkdir* etc.
- Se connecter à un serveur, transférer les données : *ssh*, *scp*, *wget*
- Manipuler des fichiers : *head*, *tail*, *sort*, *cut*, *wc*
- Lancer des logiciels bioinformatiques en ligne de commande



Introduction

- **Système d'exploitation** réputé pour :
 - sa sécurité
 - ses mises à jour fréquentes
 - son prix et ses programmes gratuits

- Créé en 1991 par ***Linus Torvalds***

- Basé sur l'OS propriétaire Unix (1969)

- Linux ***gratuit*** et ***libre***

on peut avoir le code source, la “recette de fabrication”
on peut copier, modifier, redistribuer



- **Système robuste et multi-plateforme**

- **Système multi-utilisateurs**

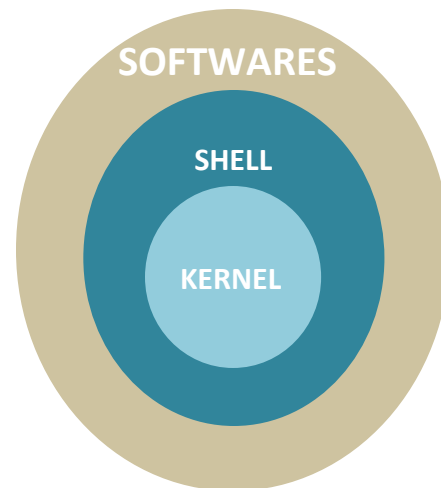
Plusieurs utilisateurs peuvent travailler en même temps

- **Système multi-tâches (processus/programmes)**

Chaque utilisateur peut lancer plusieurs programmes en même temps



Distribution : Noyau/Coeur + logiciels/programmes



- 2 façons d'utiliser linux :

en *mode graphique*



- 2 façons d'utiliser linux :

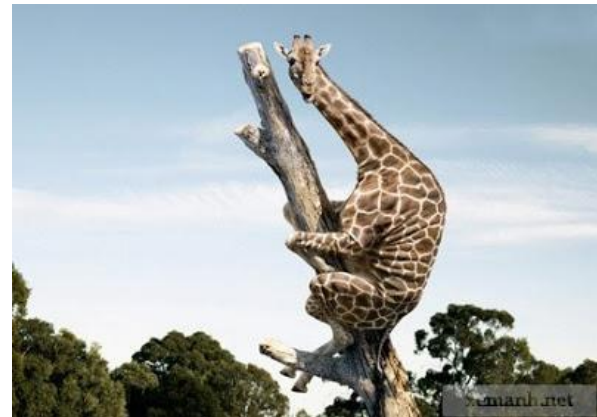
en *mode graphique*

en *mode console*

```

root@kali:~# cat /etc/passwd | grep root
root:x:0:0:root:/root:/bin/bash
root:x:1:1:root:/root:/bin/bash
root:x:2:2:root:/root:/bin/bash
root:x:3:3:root:/root:/bin/bash
root:x:4:4:root:/root:/bin/bash
root:x:5:5:root:/root:/bin/bash
root:x:6:6:root:/root:/bin/bash
root:x:7:7:root:/root:/bin/bash
root:x:8:8:root:/root:/bin/bash
root:x:9:9:root:/root:/bin/bash
root:x:10:10:root:/root:/bin/bash
root:x:11:11:root:/root:/bin/bash
root:x:12:12:root:/root:/bin/bash
root:x:13:13:root:/root:/bin/bash
root:x:14:14:root:/root:/bin/bash
root:x:15:15:root:/root:/bin/bash
root:x:16:16:root:/root:/bin/bash
root:x:17:17:root:/root:/bin/bash
root:x:18:18:root:/root:/bin/bash
root:x:19:19:root:/root:/bin/bash
root:x:20:20:root:/root:/bin/bash
root:x:21:21:root:/root:/bin/bash
root:x:22:22:root:/root:/bin/bash
root:x:23:23:root:/root:/bin/bash
root:x:24:24:root:/root:/bin/bash
root:x:25:25:root:/root:/bin/bash
root:x:26:26:root:/root:/bin/bash
root:x:27:27:root:/root:/bin/bash
root:x:28:28:root:/root:/bin/bash
root:x:29:29:root:/root:/bin/bash
root:x:30:30:root:/root:/bin/bash
root:x:31:31:root:/root:/bin/bash
root:x:32:32:root:/root:/bin/bash
root:x:33:33:root:/root:/bin/bash
root:x:34:34:root:/root:/bin/bash
root:x:35:35:root:/root:/bin/bash
root:x:36:36:root:/root:/bin/bash
root:x:37:37:root:/root:/bin/bash
root:x:38:38:root:/root:/bin/bash
root:x:39:39:root:/root:/bin/bash
root:x:40:40:root:/root:/bin/bash
root:x:41:41:root:/root:/bin/bash
root:x:42:42:root:/root:/bin/bash
root:x:43:43:root:/root:/bin/bash
root:x:44:44:root:/root:/bin/bash
root:x:45:45:root:/root:/bin/bash
root:x:46:46:root:/root:/bin/bash
root:x:47:47:root:/root:/bin/bash
root:x:48:48:root:/root:/bin/bash
root:x:49:49:root:/root:/bin/bash
root:x:50:50:root:/root:/bin/bash
root:x:51:51:root:/root:/bin/bash
root:x:52:52:root:/root:/bin/bash
root:x:53:53:root:/root:/bin/bash
root:x:54:54:root:/root:/bin/bash
root:x:55:55:root:/root:/bin/bash
root:x:56:56:root:/root:/bin/bash
root:x:57:57:root:/root:/bin/bash
root:x:58:58:root:/root:/bin/bash
root:x:59:59:root:/root:/bin/bash
root:x:60:60:root:/root:/bin/bash
root:x:61:61:root:/root:/bin/bash
root:x:62:62:root:/root:/bin/bash
root:x:63:63:root:/root:/bin/bash
root:x:64:64:root:/root:/bin/bash
root:x:65:65:root:/root:/bin/bash
root:x:66:66:root:/root:/bin/bash
root:x:67:67:root:/root:/bin/bash
root:x:68:68:root:/root:/bin/bash
root:x:69:69:root:/root:/bin/bash
root:x:70:70:root:/root:/bin/bash
root:x:71:71:root:/root:/bin/bash
root:x:72:72:root:/root:/bin/bash
root:x:73:73:root:/root:/bin/bash
root:x:74:74:root:/root:/bin/bash
root:x:75:75:root:/root:/bin/bash
root:x:76:76:root:/root:/bin/bash
root:x:77:77:root:/root:/bin/bash
root:x:78:78:root:/root:/bin/bash
root:x:79:79:root:/root:/bin/bash
root:x:80:80:root:/root:/bin/bash
root:x:81:81:root:/root:/bin/bash
root:x:82:82:root:/root:/bin/bash
root:x:83:83:root:/root:/bin/bash
root:x:84:84:root:/root:/bin/bash
root:x:85:85:root:/root:/bin/bash
root:x:86:86:root:/root:/bin/bash
root:x:87:87:root:/root:/bin/bash
root:x:88:88:root:/root:/bin/bash
root:x:89:89:root:/root:/bin/bash
root:x:90:90:root:/root:/bin/bash
root:x:91:91:root:/root:/bin/bash
root:x:92:92:root:/root:/bin/bash
root:x:93:93:root:/root:/bin/bash
root:x:94:94:root:/root:/bin/bash
root:x:95:95:root:/root:/bin/bash
root:x:96:96:root:/root:/bin/bash
root:x:97:97:root:/root:/bin/bash
root:x:98:98:root:/root:/bin/bash
root:x:99:99:root:/root:/bin/bash

```



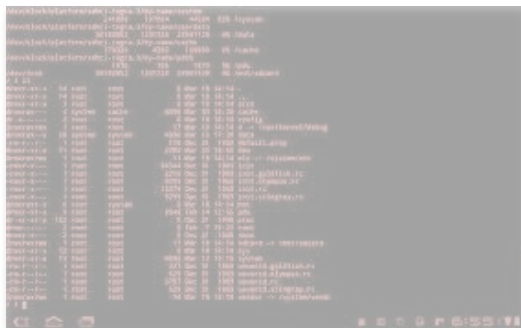


- Nombreux programmes rapides & puissants
- Facile de lier des commandes/programmes entre eux (workflow)
- Nombreux outils bioinformatique disponibles
- Pas besoin de ressources matérielles importantes
- 90% des serveurs fonctionnent sous Linux

Pourquoi utiliser Linux ?



- Nombreux programmes rapides & puissants
- Facile de lier des commandes/programmes entre eux (workflow)
- Nombreux outils bioinformatique disponibles
- Pas besoin de ressources matérielles importantes
- 90% des serveurs fonctionnent sous Linux



**Pas d'interfaces
graphiques**

**Convivialité de la ligne
de commande ?**





Nécessité de la pratique et de l'expérience

⇔ Investissement non négligeable pour de bons résultats rapidement

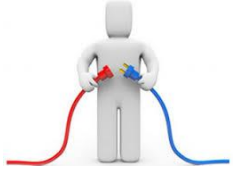


Environnement de travail

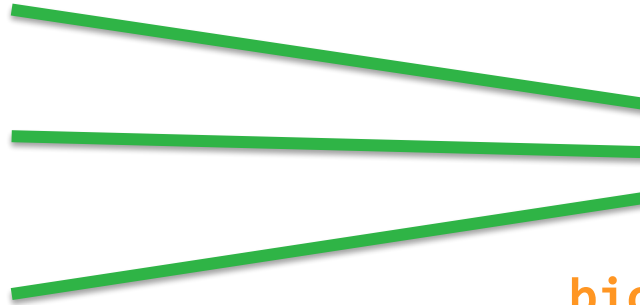
*Comment copier un fichier de son PC sur
le serveur ?*



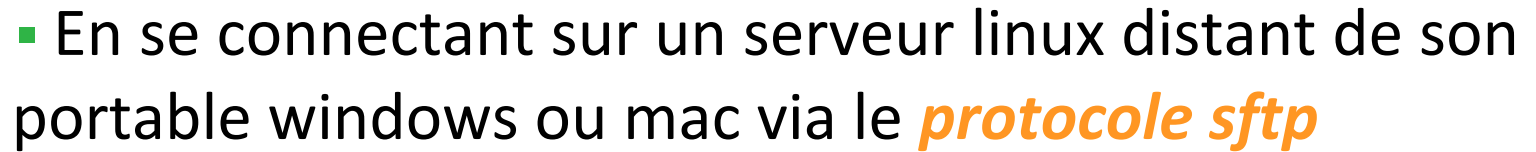
Copier un fichier de son PC sur le serveur ?



- En se connectant sur un serveur linux distant de son portable windows ou mac via le *protocole sftp*



bioinfo-nas.ird.fr



sftp



Practice

filezilla, sftp

1

Go to [Practice 1](#) on our github

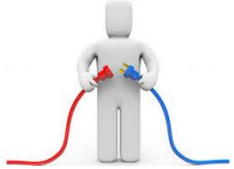


Environnement de travail

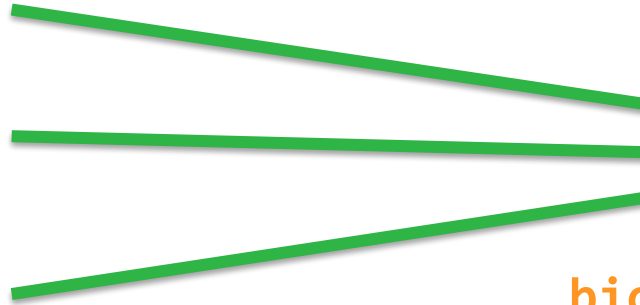
Comment travailler sur le serveur ?



Comment travailler sur le serveur ?



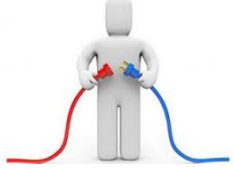
- En se connectant sur un serveur linux distant de son portable windows ou mac via le **protocole ssh**



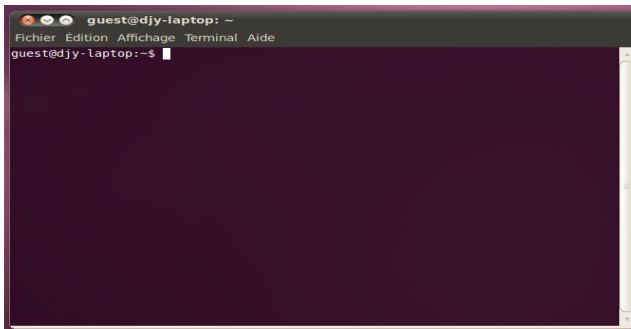
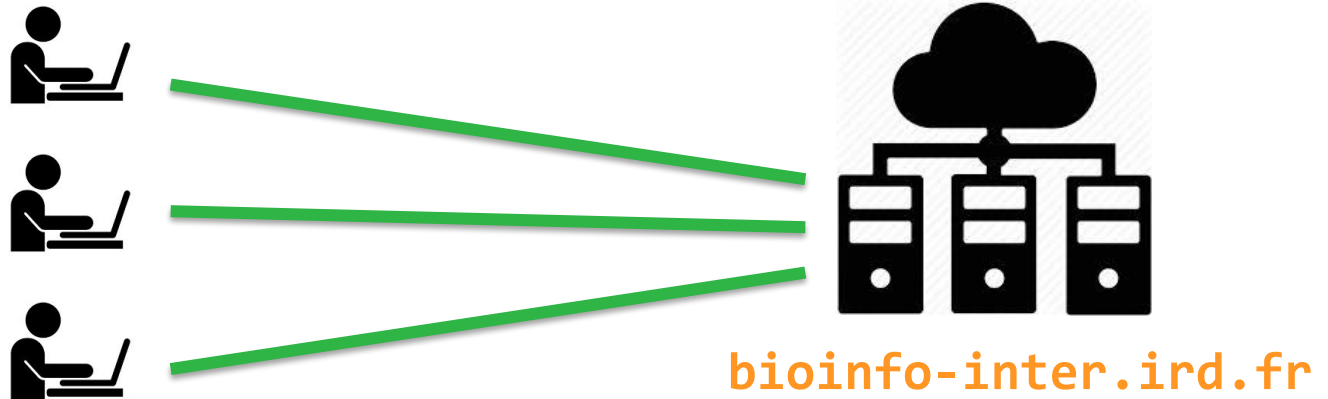
bioinfo-inter.ird.fr



Comment travailler sur le serveur ?



- En se connectant sur un serveur linux distant de son portable windows ou mac via le *protocole ssh*



PuTTY

ssh





Practice

putty,
terminal, ssh

2

Go to [Practice 2](#) on our github



Premiers Pas sur Linux

Commandes relatives à l'arborescence de
fichiers

Toujours présent sur le terminal, juste avant de taper la commande

Prompt `[tranchant@node6 data]$`

Toujours présent sur le terminal, juste avant de taper la commande

Prompt

```
[tranchant@node6 data]$
```

Nom
utilisateur

Nom
serveur

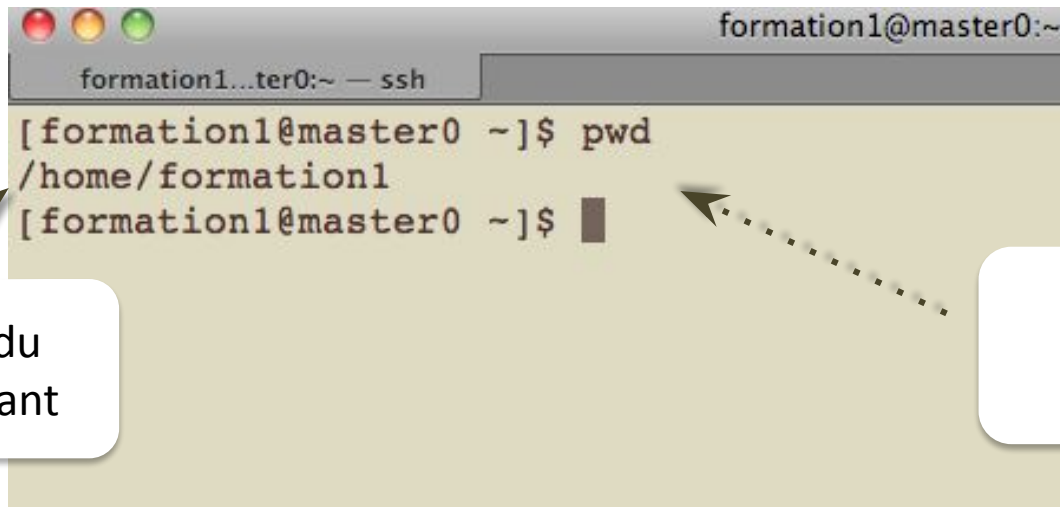
Répertoire
courant

commande [-options] [arguments]

pwd

Present Work Directory

affiche nom du répertoire courant (et son chemin complet)



```
formation1@master0:~  
[formation1@master0 ~]$ pwd  
/home/formation1  
[formation1@master0 ~]$
```

The screenshot shows a terminal window with a title bar containing three colored circles (red, yellow, green) and the text 'formation1...ter0:~ — ssh'. The terminal content shows the user 'formation1' at host 'master0' in the directory '~'. The command 'pwd' is entered, and the output is '/home/formation1'. The prompt returns to '[formation1@master0 ~]\$'.

Affiche le nom du
répertoire courant

Commande
sans options et
sans argument

ls
list

liste fichiers & répertoires présents dans le répertoire courant



```
formation1@master0:~ — ssh — 97x37  
formation1...ter0:~ — ssh  
[formation1@master0 ~]$ ls  
data  scripts
```

The image shows a terminal window with a title bar indicating an SSH session to 'master0'. The prompt is '[formation1@master0 ~]\$'. The user has entered the command 'ls', and the output shows two directories: 'data' and 'scripts'.

Liste des fichiers du répertoire courant (par défaut)

Commande sans options et sans argument

ls -l
list long

*liste les fichiers avec des informations pour
chaque fichier/répertoire*

Commande avec l'option l et le nom
d'un répertoire en argument

```
[formation1@master0 ~]$ ls -l /home/
total 312
drwx-----  6 abate      sat      4096 12 mars   2012 abate
drwx-----  5 adam       ggr      4096 23 mars   2012 adam
drwx----- 31 admin     admin    4096  3 août   11:35 admin
drwx-----  9 alizon    ete      4096 21 août   14:23 alizon
drwx----- 12 alvaro-wis effecteurs 4096 17 juin   16:19 alvaro-wis
drwx-----  4 auguy     rhizogenesis 4096  2 mars   2012 auguy
drwx-----  5 ayoubia   team1    4096 13 avril  2012 ayoubia
drwx-----  5 beule     bdp      4096  8 oct.   17:49 beule
drwx-----  9 bouniol   ggr      4096  2 oct.   15:00 bouniol
drwx----- 10 castillo  bdp      4096 10 oct.   15:55 castillo
```

liste détaillée des
fichiers

Comment obtenir de l'aide sur une commande?

- avec l'option *--help* ou *-h* *ls --help* *ls -h* *blastn -h*
- avec la commande *man* *man ls*

Arborescence linux

pwd

Affiche le chemin absolu

ls

Liste tous les fichiers/répertoires

ls -l

Affiche toutes les informations sur les fichiers



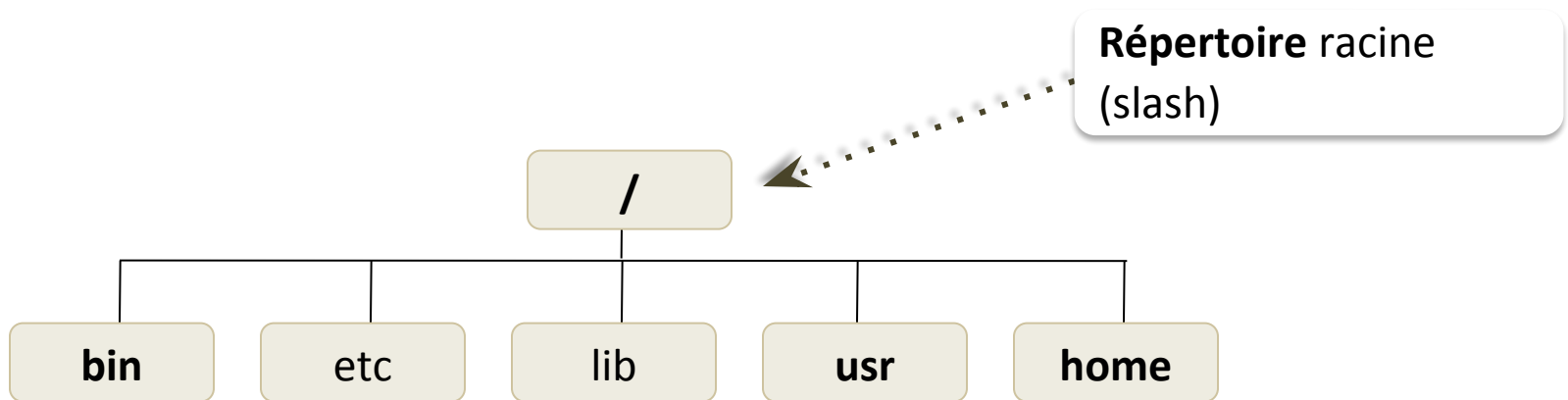
Practice

prompt, pwd

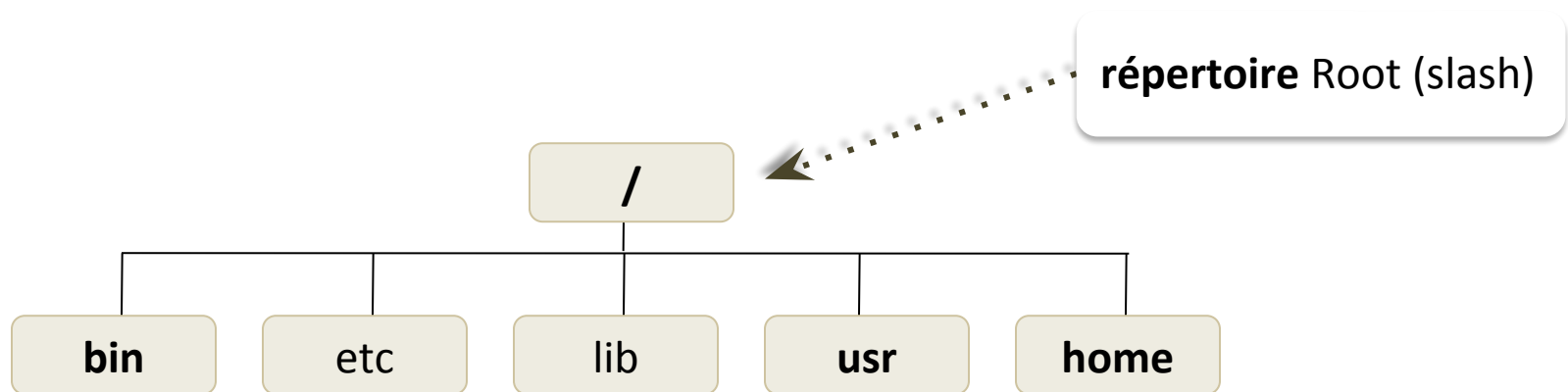
3

Go to [Practice 3](#) on our github

- Arborescence = système de fichiers
- Répertoire racine appelé “/”



Principaux répertoires



/bin	commandes principales
/usr, /opt	Applications et librairies
/usr/bin	Autres commandes
/home	répertoire des utilisateurs (1 par utilisateur/login)

Chemin (path) : chemin d'accès à un fichier/répertoire

Chemin (path) : chemin d'accès à un fichier/répertoire

absolu

- chemin complet du fichier en partant du répertoire racine /

Chemin (path) : chemin d'accès à un fichier/répertoire

absolu

- chemin complet du fichier en partant du répertoire racine /
- *commence toujours par /*
- Toujours correct peut importe où on l'on travaille

Chemin (path) : chemin d'accès à un fichier/répertoire

absolu

- chemin complet du fichier en partant du répertoire racine /
- commence toujours par /
- Toujours correct peut importe où on l'on travaille

relatif

- chemin défini par rapport où on est dans l'arborescence

Chemin (path) : chemin d'accès à un fichier/répertoire

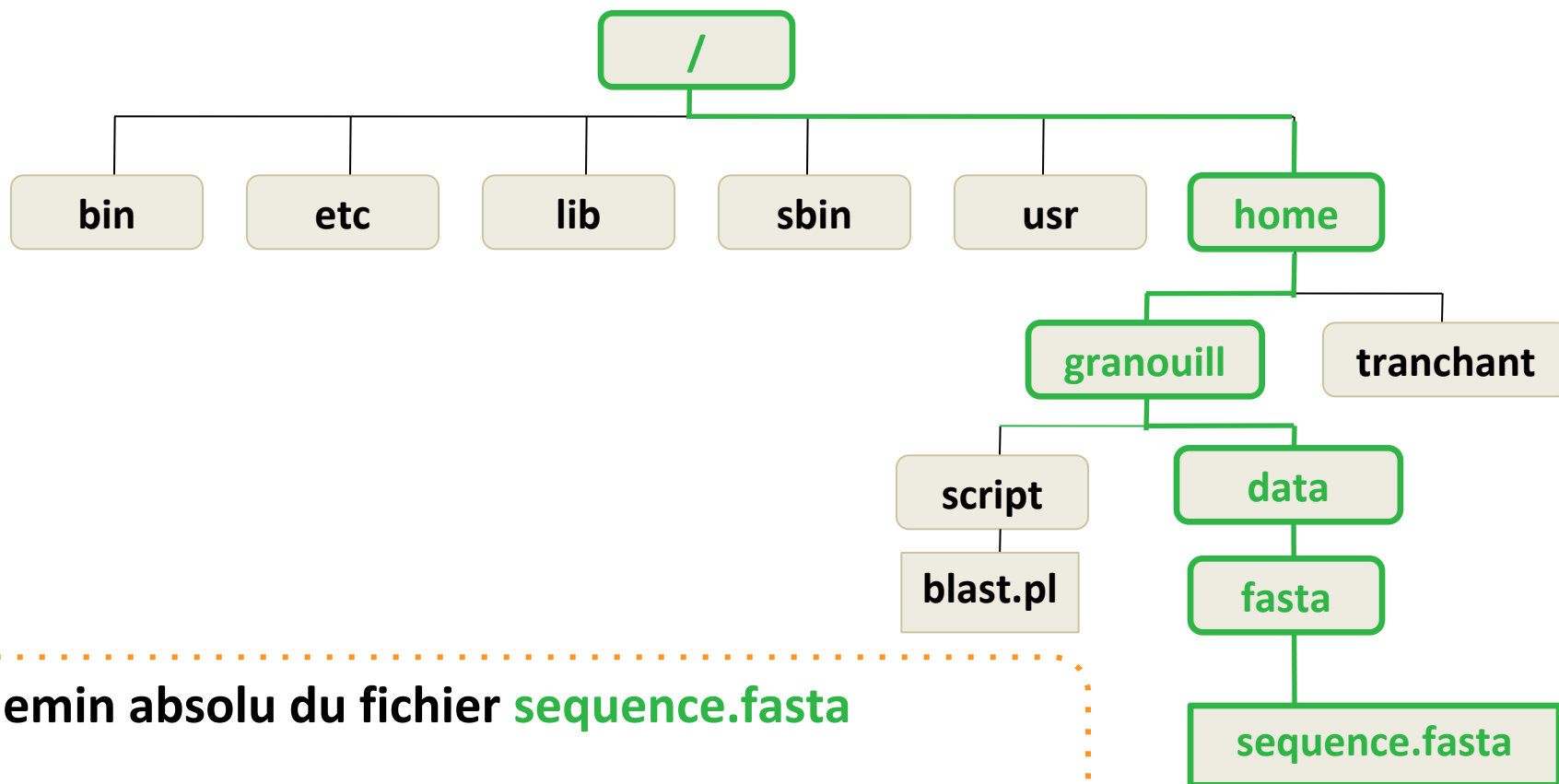
absolu

- chemin complet du fichier en partant du répertoire racine /
- commence toujours par /
- Toujours correct peut importe où on l'on travaille

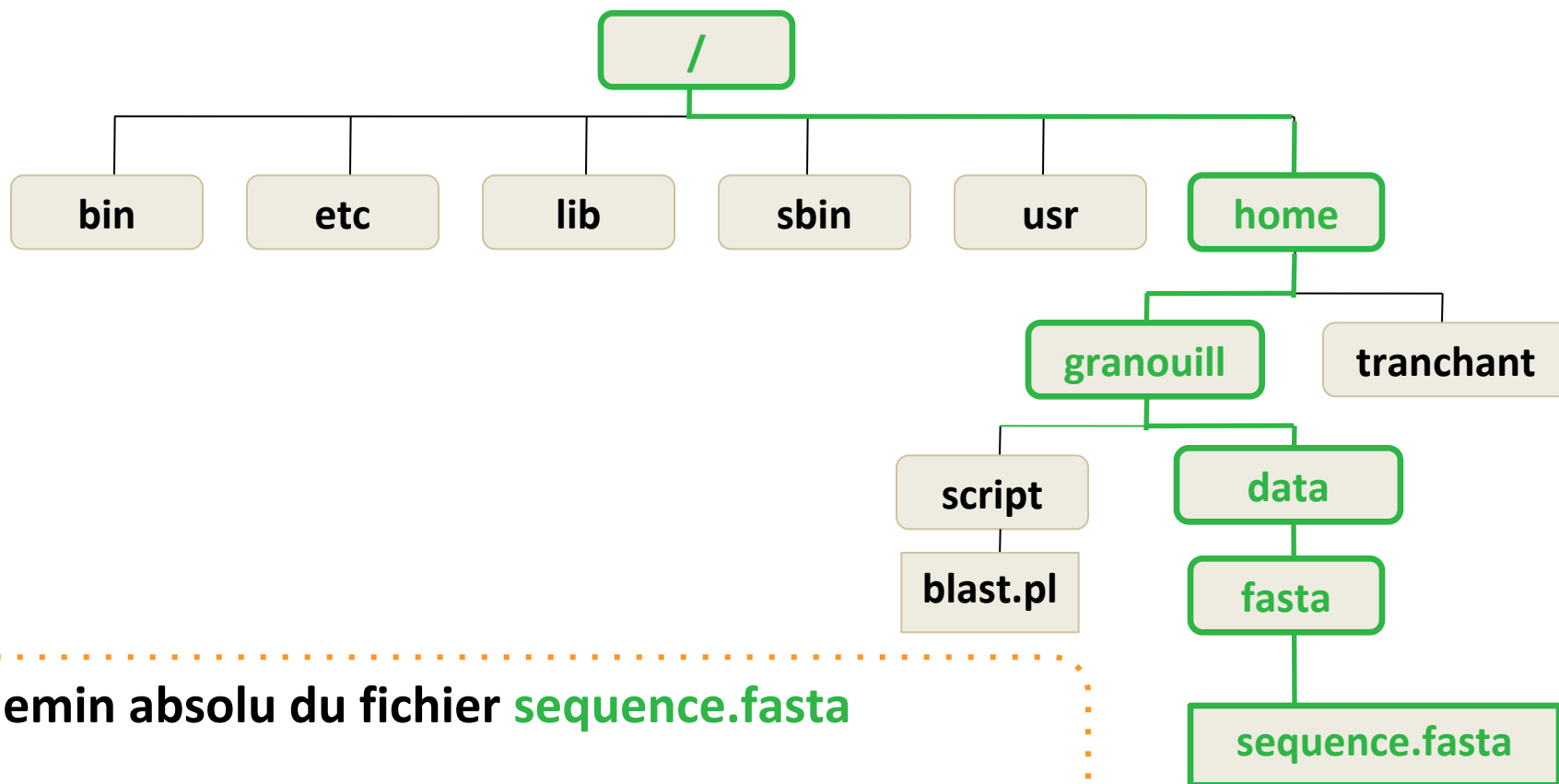
relatif

- chemin défini par rapport où on est dans l'arborescence
- *Ne commence jamais par /*
- **Change selon on l'on travaille**

- Commence toujours par / (le répertoire racine)
- Toujours correct peu importe où on l'on travaille



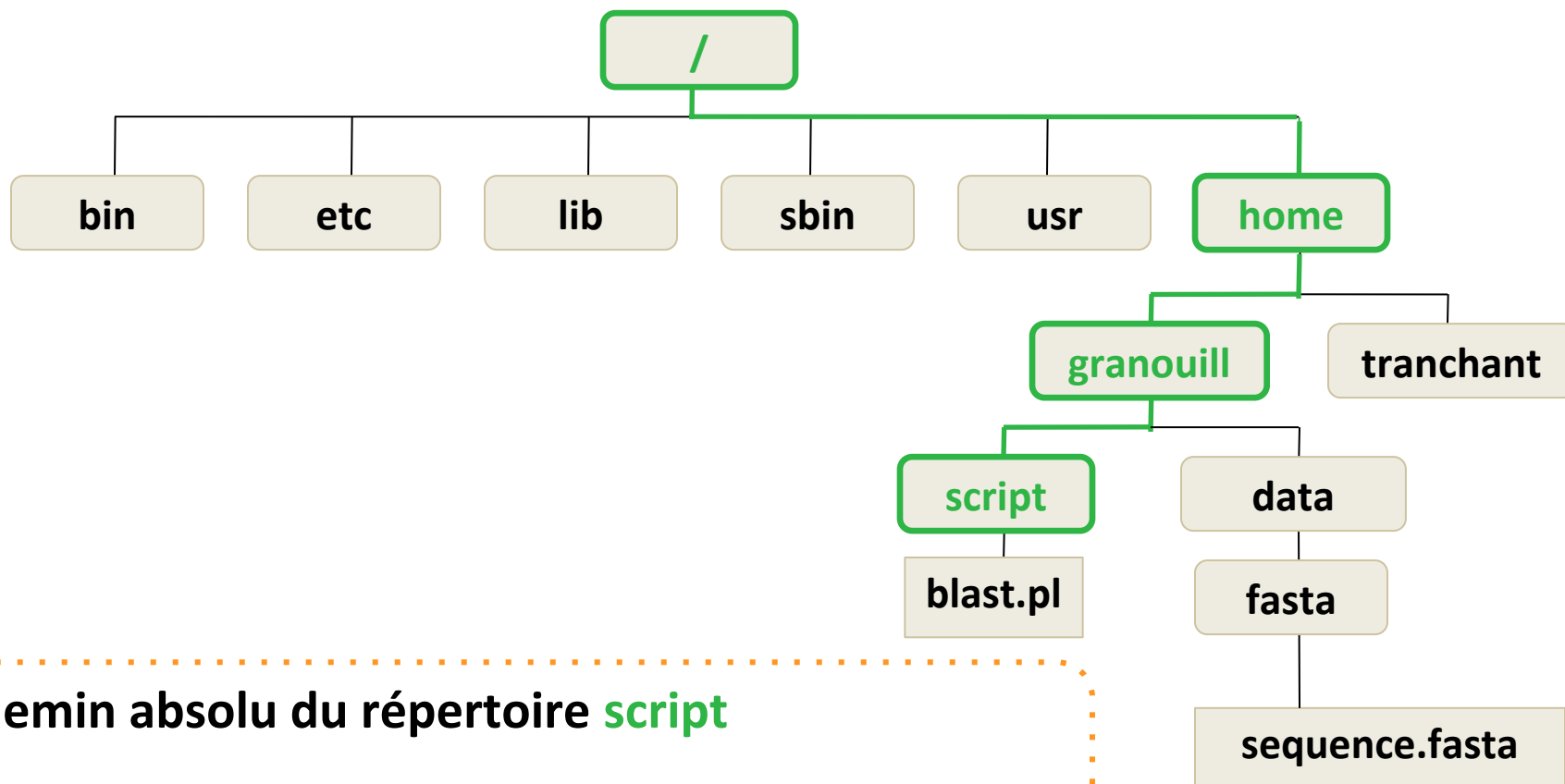
- Commence toujours par `/` (le répertoire racine)
- Toujours correct peu importe où on l'on travaille



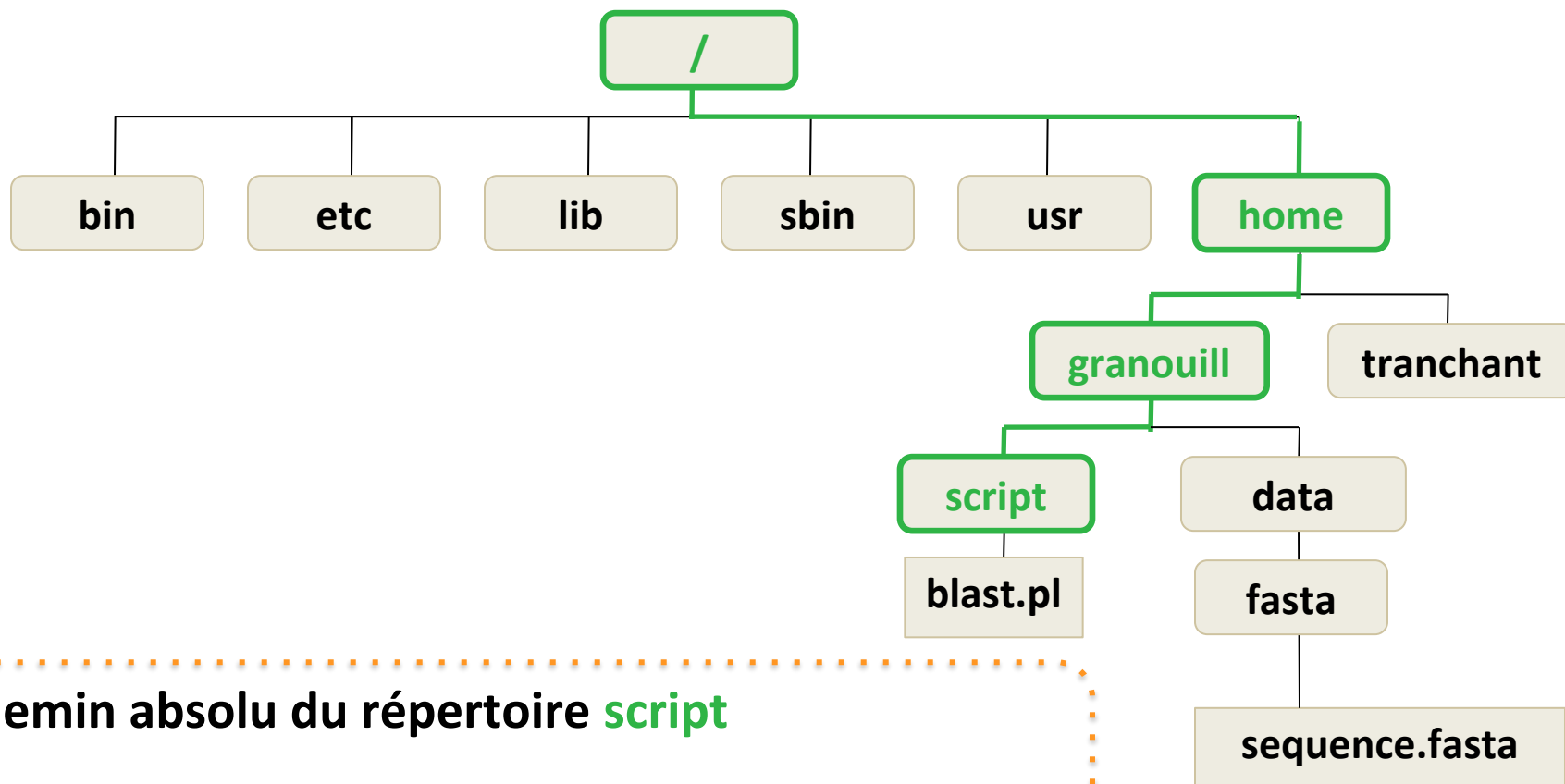
Chemin absolu du fichier **sequence.fasta**

`/home/granouill/data/fasta/sequence.fasta`

- Commence toujours par / (le répertoire racine)
- Toujours correct peu importe où on l'on travaille



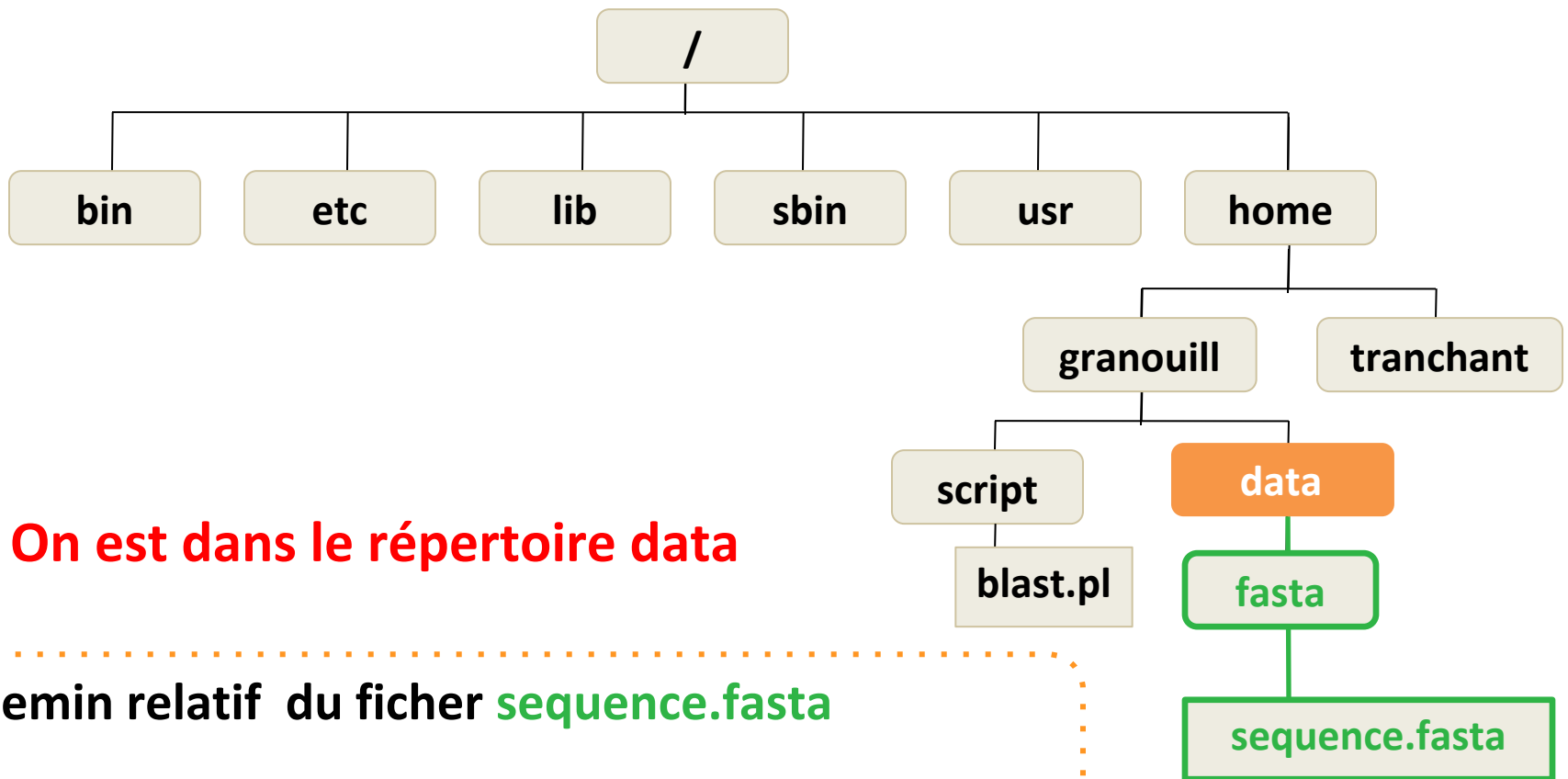
- Commence toujours par `/` (le répertoire racine)
- Toujours correct peu importe où on l'on travaille



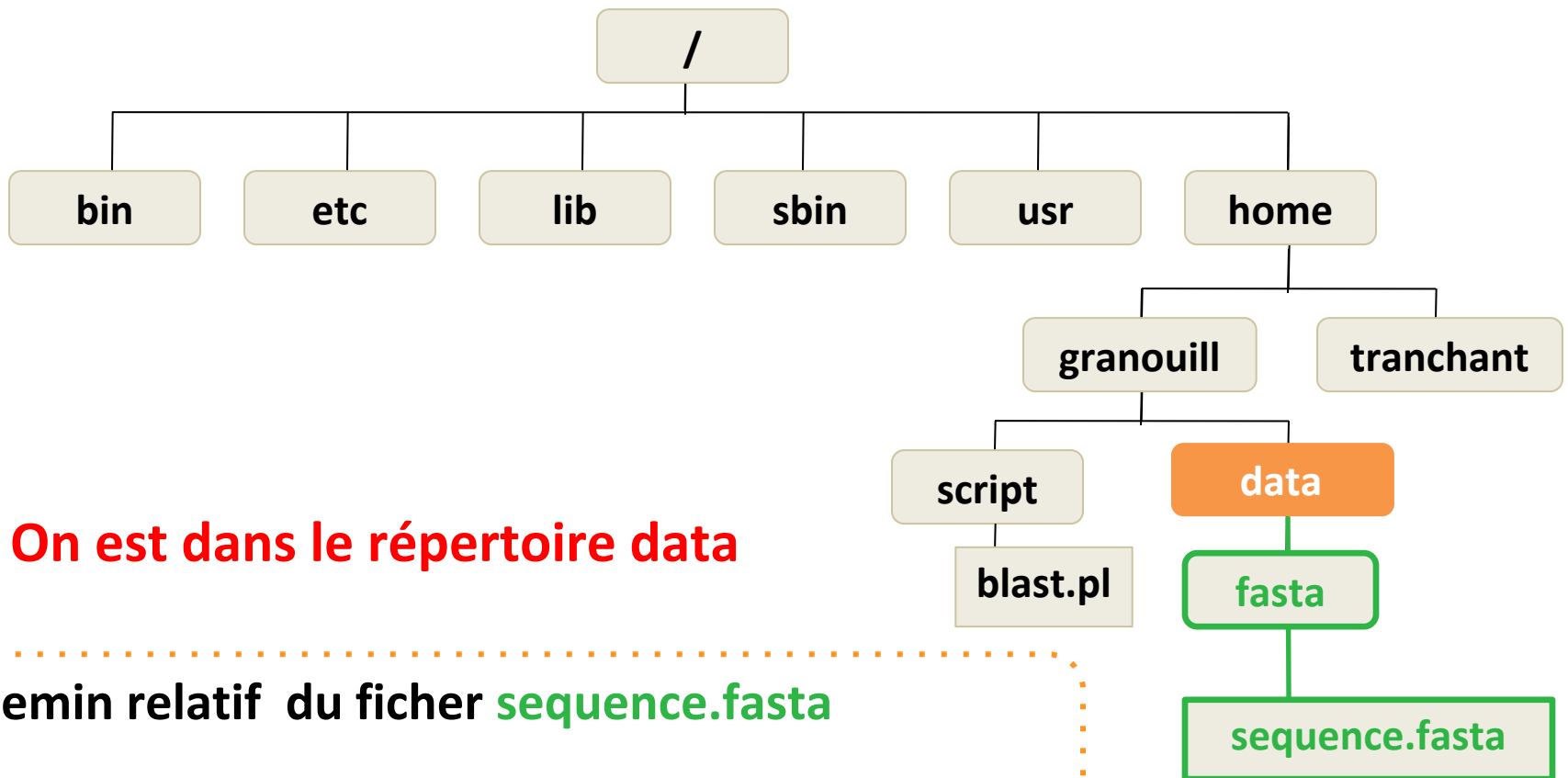
Chemin absolu du répertoire **script**

`/home/granouill/data/script`

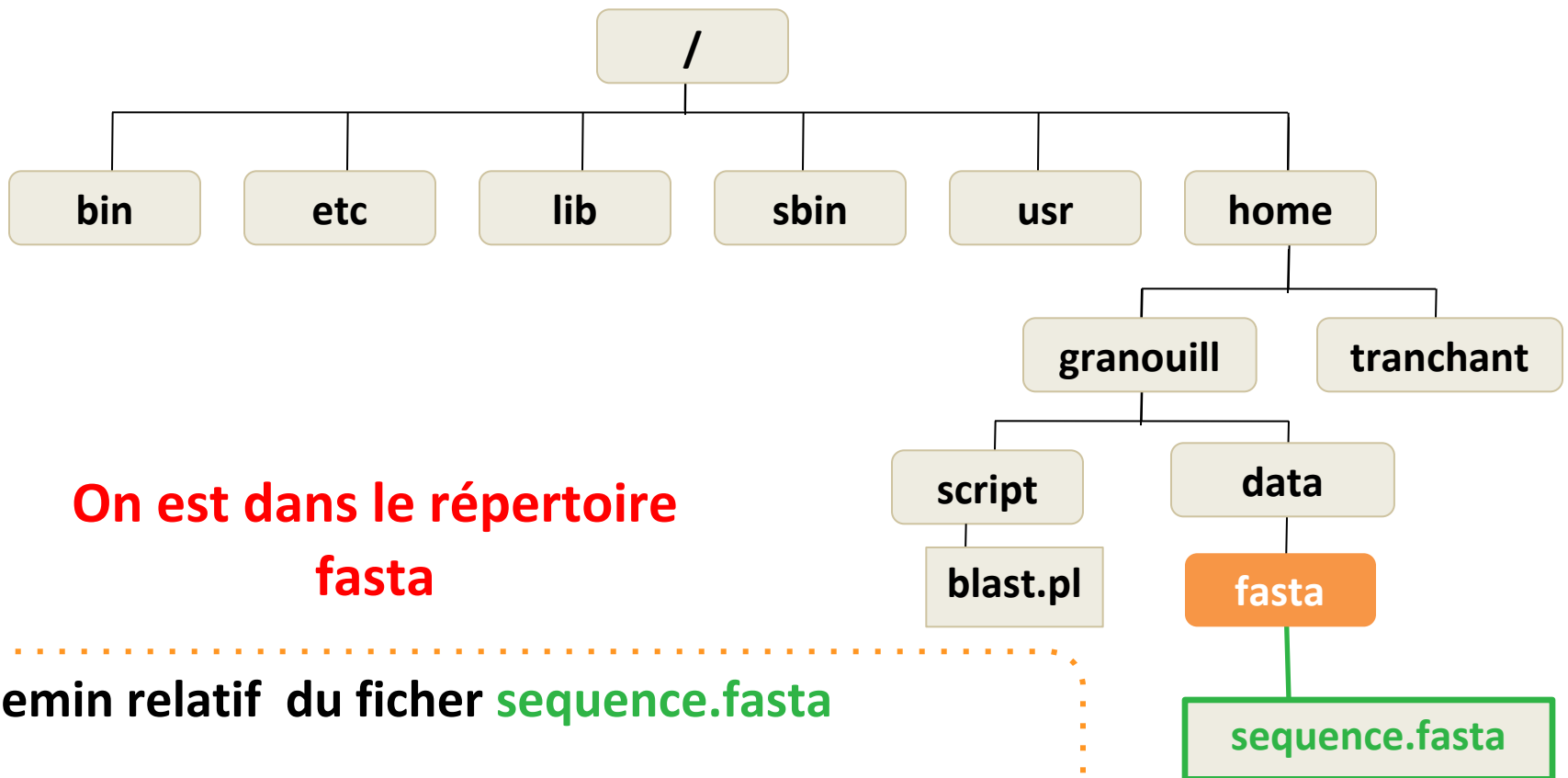
- Défini par rapport où on est dans l'arborescence
- **Ne commence jamais par /**



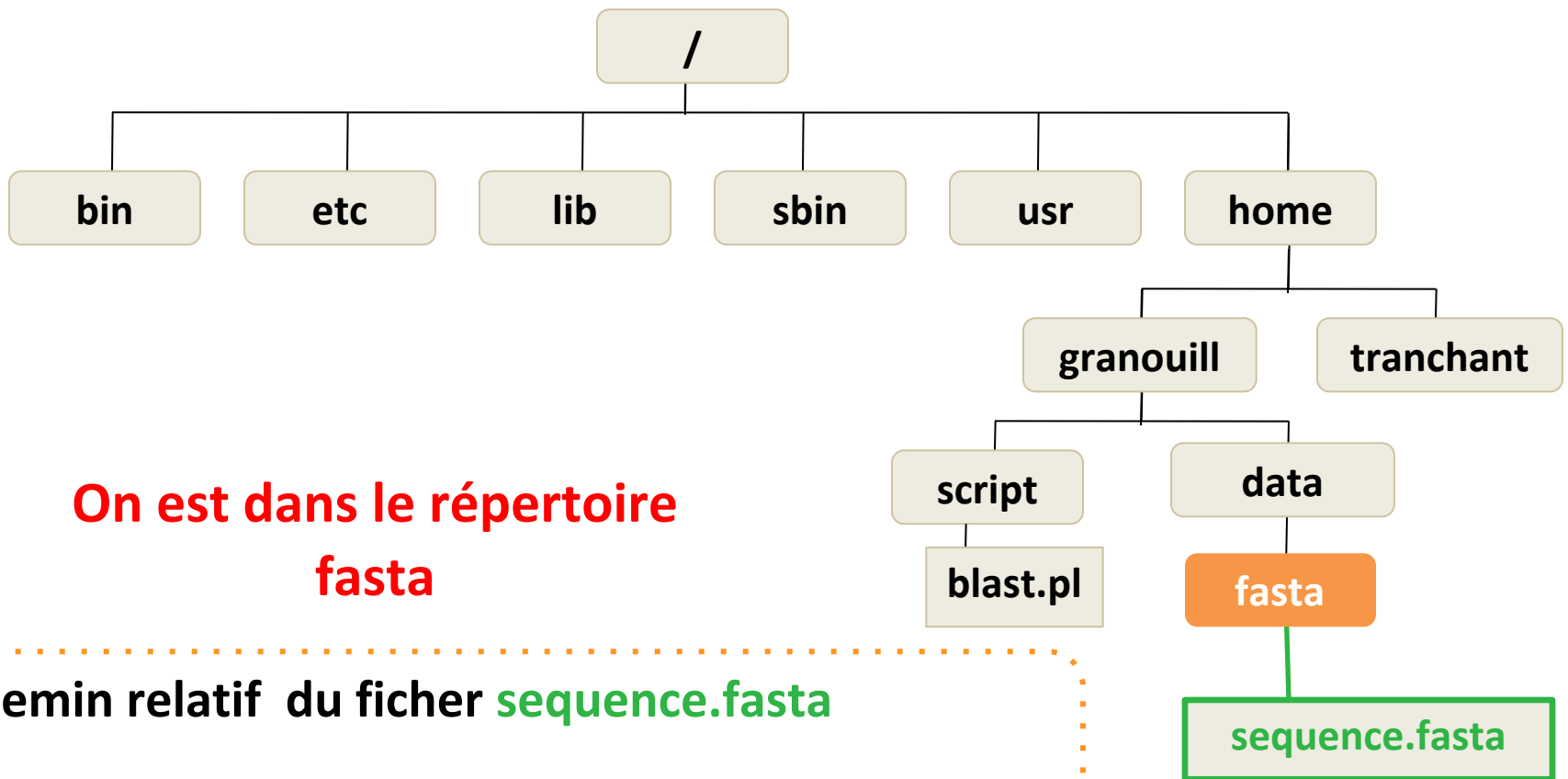
- Défini par rapport où on est dans l'arborescence
- **Ne commence jamais par /**



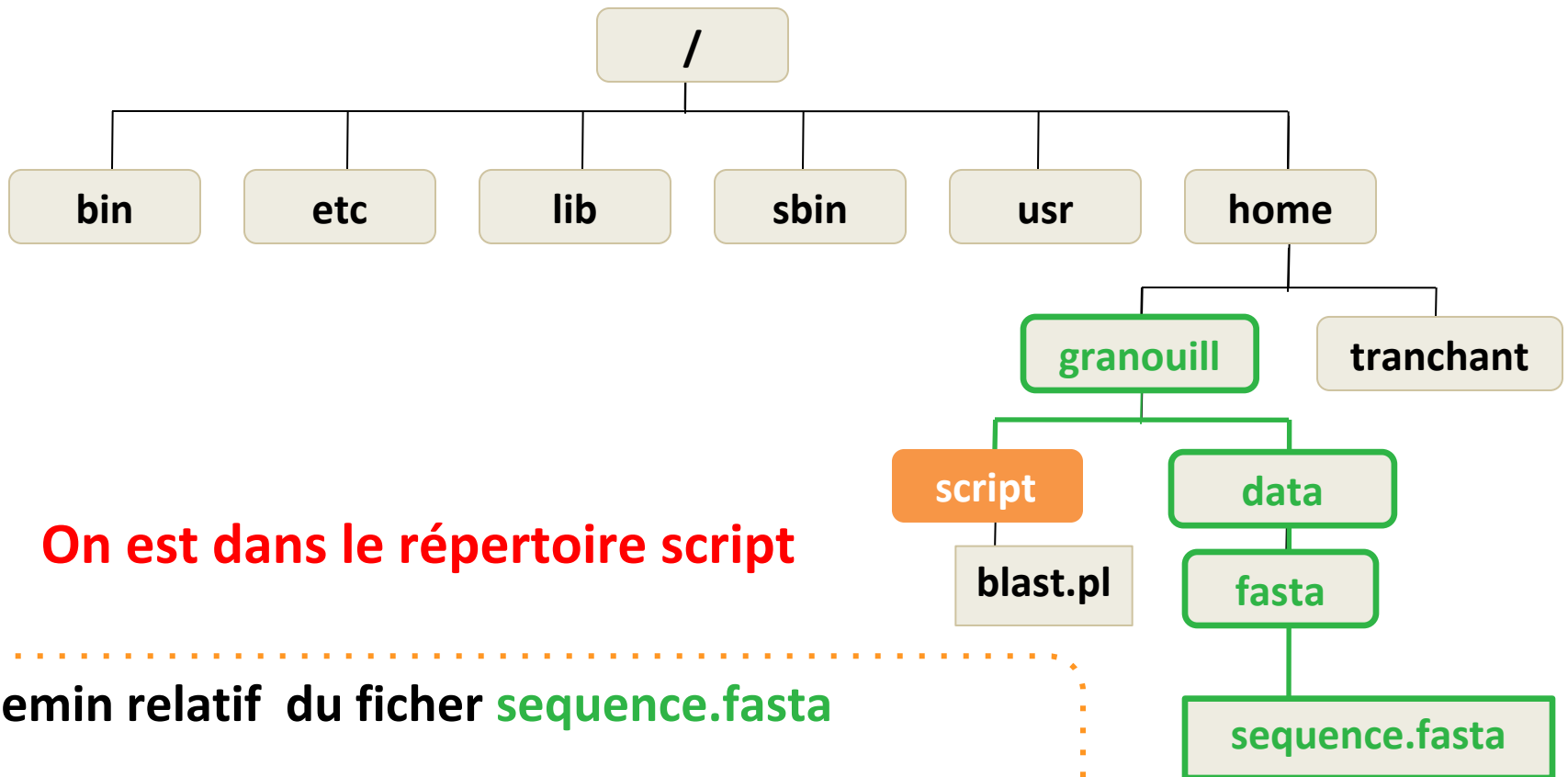
- Défini par rapport où on est dans l'arborescence
- **Ne commence jamais par /**



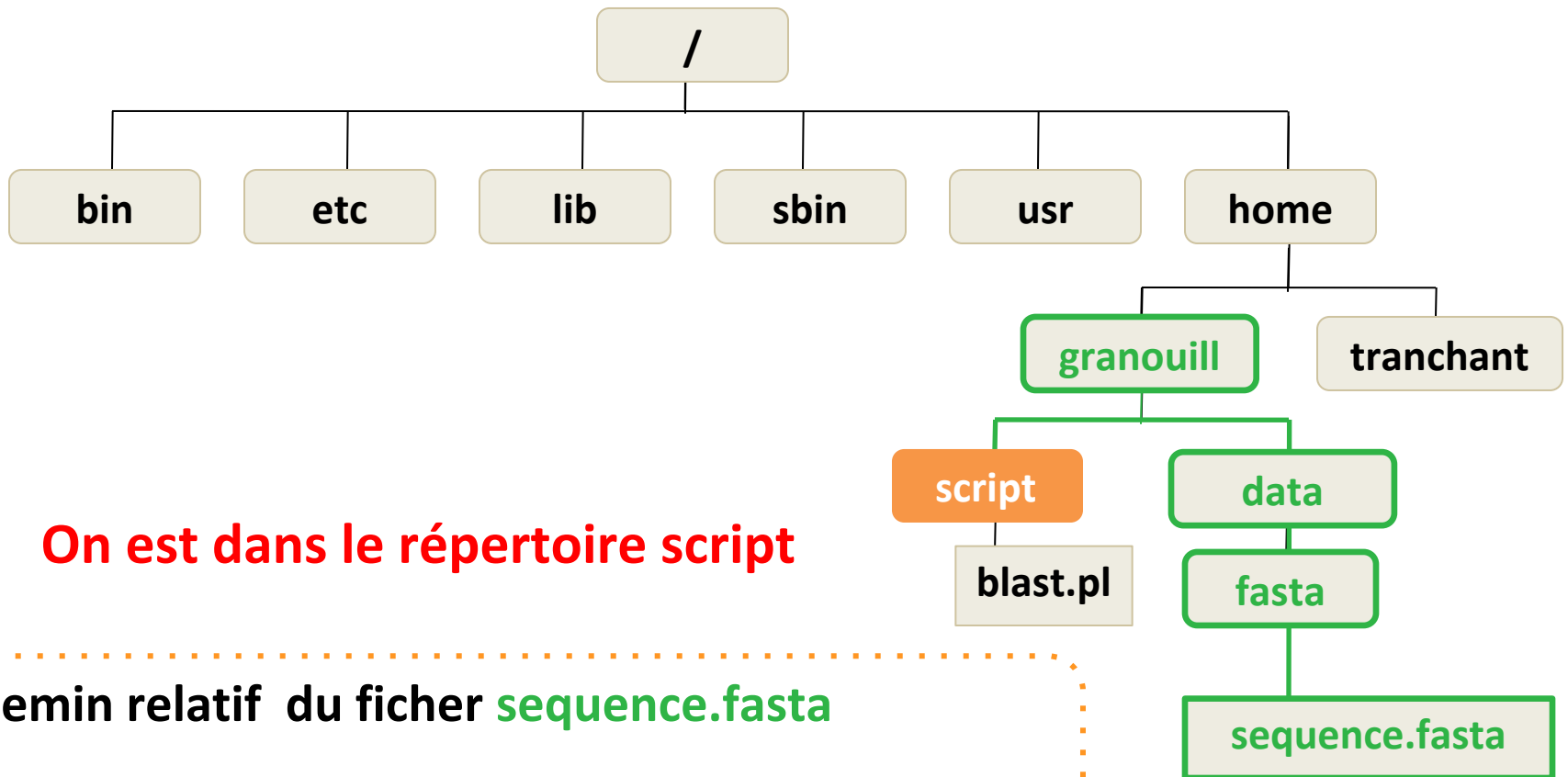
- Défini par rapport où on est dans l'arborescence
- **Ne commence jamais par /**



- Défini par rapport où on est dans l'arborescence
- **Ne commence jamais par /**



- Défini par rapport où on est dans l'arborescence
- **Ne commence jamais par /**



On est dans le répertoire script

Chemin relatif du fichier **sequence.fasta**

../data/fasta/sequence.fasta



Practice

Is

4

Go to [Practice 4](#) on our github

pour naviguer dans l'historique de vos commandes

<↑> <↓>

pour passer en revue les commandes utilisées avant

<Ctrl> + r

Rechercher une commande précédemment tapée

<Tab>

Complète automatiquement un nom s'il est unique

<Tab><Tab>

Affiche la liste des différentes possibilités si le choix
n'est pas unique

<Ctrl> + c

Tue le processus en cours dans la console

- Linux est sensible à la case
- Utiliser uniquement des lettres, chiffres et caractères _ . –
- PAS d'espaces, accents et caractères spéciaux qui ont des significations particulières pour linux

& ~ # " ' { ([| ` \ ^ @)] } \$ * % ! / ; , ?

- Le suffixe des noms de fichiers (.txt, . fasta, .fa, .fq etc.) est optionnel et peut contenir des chiffres ou des lettres



Commandes relative à l'arborescence de fichiers

Métacaractères : *, []

ls -l
list long

*liste les fichiers avec des informations pour
chaque fichier/répertoire*

On peut utiliser la commande ls sur un jeu de fichiers dont on ne connaît pas les noms en utilisant les caractères spéciaux (Metacharacters)

*

N'importe quelle chaîne de caractère



KYVF-01.R1.fastq

KYVF-02.R1.fastq

KYVF.sam

ZO16.fastq

KYVF-01.R2.fastq

KYVF-02.R2.fastq

KYVF.bam

ZO16.bam

```
ls *fastq
```

*

N'importe quelle chaîne de caractère



KYVF-01.R1.fastq	KYVF-02.R1.fastq	KYVF.sam	ZO16.fastq
KYVF-01.R2.fastq	KYVF-02.R2.fastq	KYVF.bam	ZO16.bam

ls *fastq

KYVF-01.R1.fastq	KYVF-02.R1.fastq	ZO16.fastq
KYVF-01.R2.fastq	KYVF-02.R2.fastq	

*

N'importe quelle chaîne de caractère



KYVF-01.R1.fastq

KYVF-02.R1.fastq

KYVF.sam

ZO16.fastq

KYVF-01.R2.fastq

KYVF-02.R2.fastq

KYVF.bam

ZO16.bam

```
ls KYVF*fastq
```

*

N'importe quelle chaîne de caractère



KYVF-01.R1.fastq

KYVF-02.R1.fastq

KYVF.sam

ZO16.fastq

KYVF-01.R2.fastq

KYVF-02.R2.fastq

KYVF.bam

ZO16.bam

ls KYVF*fastq

KYVF-01.R1.fastq

KYVF-02.R1.fastq

KYVF-01.R2.fastq

KYVF-02.R2.fastq

*

N'importe quelle chaîne de caractère

[ensemble]

Tous les caractères dans l'ensemble

[!ensemble]

Tous les caractères pas dans l'ensemble



KYVF-01.R1.fastq

KYVF-02.R1.fastq

KYVF.sam

ZO16.fastq

KYVF-01.R2.fastq

KYVF-02.R2.fastq

KYVF.bam

ZO16.bam

```
ls *. [sb]am
```

*

N'importe quelle chaîne de caractère

[ensemble]

Tous les caractères dans l'ensemble

[!ensemble]

Tous les caractères pas dans l'ensemble



KYVF-01.R1.fastq

KYVF-02.R1.fastq

KYVF.sam

ZO16.fastq

KYVF-01.R2.fastq

KYVF-02.R2.fastq

KYVF.bam

ZO16.bam

```
ls *. [sb]am
```

KYVF.sam ZO16.bam

KYVF.bam

```
= ls *. [!f]*
```



Practice

ls, *

5

Go to [Practice 5](#) on our github



Commandes relative à l'arborescence de fichiers

commande **cd**

cd

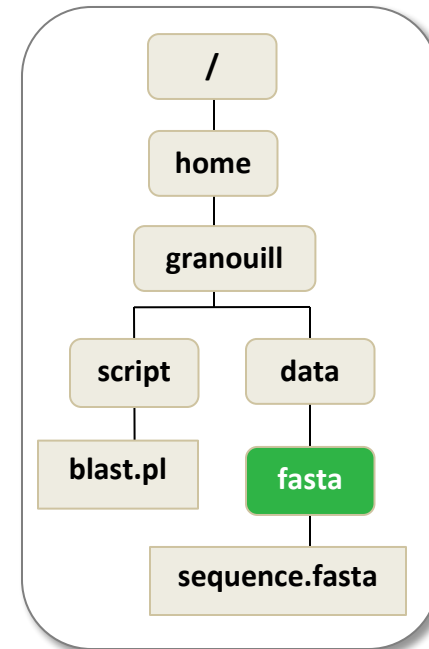
pour se déplacer dans l'arborescence

Change Directory

```
cd nom_repertoire (chemin absolu ou relatif)
```

cd nom_repertoire(chemin absolu ou relatif)

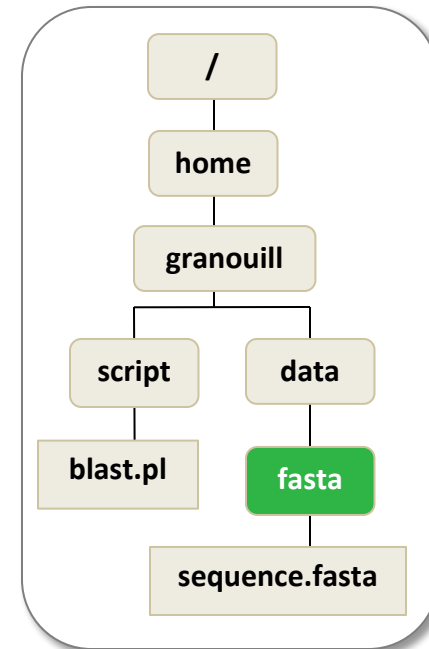
Chemin absolu :



cd nom_repertoire(chemin absolu ou relatif)

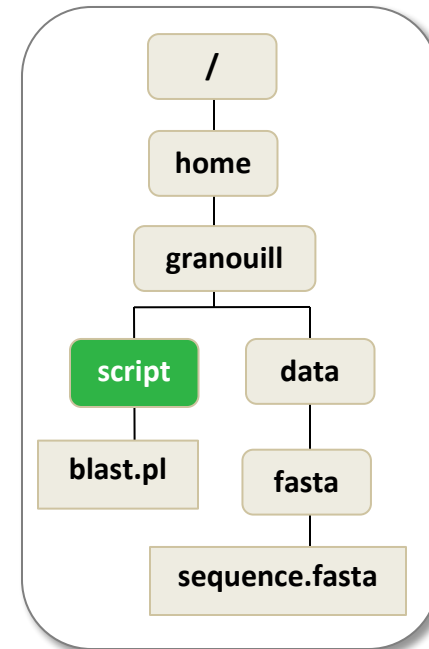
Chemin absolu :

cd /home/granouill/data/fasta



cd nom_repertoire(chemin absolu ou relatif)

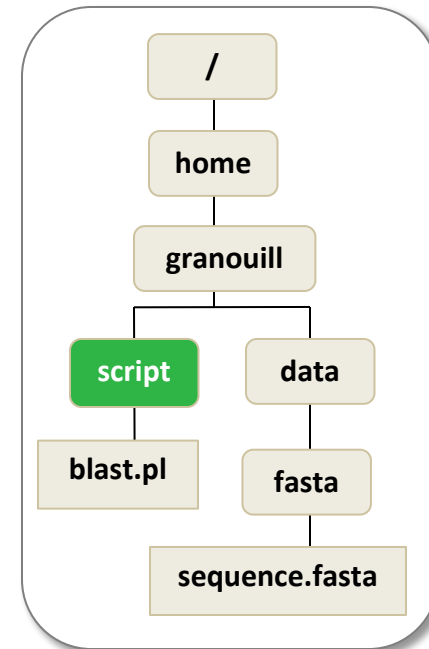
Chemin absolu :



cd nom_repertoire(chemin absolu ou relatif)

Chemin absolu :

cd /home/granouill/script/



`cd nom_repertoire(chemin absolu ou relatif)`

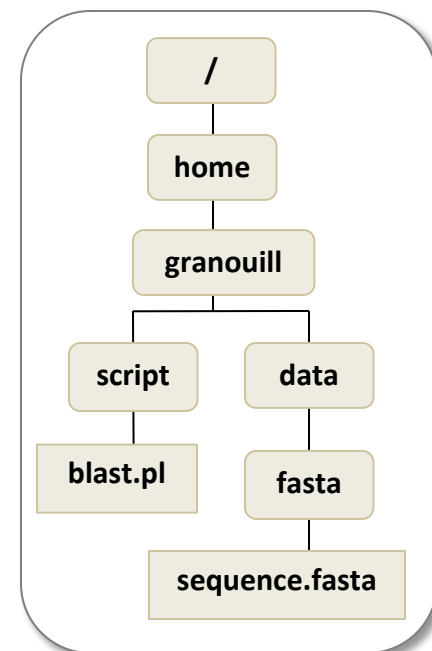
Chemin relatif :

Commande	Se déplace dans
<code>cd directory_name</code>	<code>directory_name</code>
<code>cd</code>	<i>home directory</i>
<code>cd ..</code>	le répertoire parent
<code>cd ../..</code>	?

Retour au répertoire de l'utilisateur courant home

Remonte d'1 répertoire

Remonte de 2 répertoires



Arborescence linux

pwd

Affiche le chemin absolu

ls

Liste tous les fichiers/répertoires

cd rep_name

Se déplace dans rep_name

mkdir rep_name

Crée un répertoire

rm nom_fichier

Supprime un fichier

cp fichier_source repertoire_cible

Copie un fichier dans un répertoire

cp fichier_source nouveau_fichier

Copie un fichier sous un nouveau nom



Practice

`pwd, cd, ls`

6

Go to [Practice 6](#) on our github



Practice

`mkdir, mv, ls, cp, rm`

7

Go to [Practice 7](#) on our github



**Des commandes pour éditer
des fichiers et les manipuler**

cat nom_fichier

Affiche le contenu d'un fichier sans pagination

```
MacBook-Pro-de-Christine:Data tranchan$ cat Data/Fasta/sequence.fasta
>Gxbjbsjxbjs
CCACCCCTCTTACAGTCTTCACCAAATGTCCTTTAAAACTCCACCTAAAGTATCCAAAGA
CTCGAGAAATGCTGTGCCACAACCAGCTTTTGAGTCATCCATGACCGTTGATCTTCCTTT
GCCCCCAGAGTGGGGCCTAGCACCATCTAGCTACTACTTGCCCTTTCATACCCATCATTGG
GATACCCTGAATACCTATCTTATAAGTTCCATATGGCTTATATTTCTAAGTAAGAGATGC
ACTTAGTAAGTGCATGTCGTCTTGACTTGTTTATACTCTAATGTATGATATTTATATCCC
TATAATATAGTGTTACTAATATATGTTTGGTATTGTGTAGACTCCATTGTACCATGGTGT
GCTAATTAGAAATAACATGCCAGCTTTGCTATTGTGGTTTGCAAGTAAAGTAAAAAAA
MacBook-Pro-de-Christine:Data tranchan$
```

less nom_fichier

Affiche le contenu d'un fichier

<space> pour défiler

q pour quitter

less Data/Fasta/EST-68566-Coffeacaneephora.fasta

```
>gi|315911382|gb|GT649553.1|GT649553 CC00-XX-SH3-053-F02-EM.F Coffea canephora SH3 Coffea canephora cDNA clone CC00-XX-SH3-053-F02-EM, mRNA sequence
```

```
AATATTTTGGTGTACCGTTCACCGCTAATCTTTCTGCACAAAGTAAGAGAAGGGTAACAAGTAAAAGGG
AGCGAGACTATGGCTGCCACATCTGCTGCAGTACTAAATGGATTGGGCTCTCCCTTCTTGACTGGTGGAA
GGAAAAGTCAGGCCCTGCTGGCTTCACCAGCTGCAGCTAGAGTCGGTGGTGCTGCTGCTGTTGCTCCAAA
GAGATTAGTTGTGGTAGCTGCTCGTCTCCCAAGAAGTCATGGATTCCTGGTGTTAGAACTGGTCCAGGC
TTCTTTGACCCCGAGTATCTCGATGGCTCGCTCCCTGGTGACTACGGTTTTGATCCACTTGGTCTTGGCA
AGGATCCAGCATTCTTGAAATGGTATAGAGAAGCTGAGCTCATTTCATGGCAGATGGGCAATGACTGCAGT
TGTGGGAATCTTTGTTGGCCAGGCATGGAGTGGTATCCCATGGTTTCAAGCTGGCGCTGACCCCTGGTGCC
ATTGCGCCATTCTCCTTTGGTTCGCTCCTCGGTACTCAACTCCTGCTCA
```

```
>gi|315911381|gb|GT649552.1|GT649552 CC00-XX-SH3-077-D04-EM.F Coffea canephora SH3 Coffea canephora cDNA clone CC00-XX-SH3-077-D04-EM, mRNA sequence
```

```
ATTCATCGTATCTTTGCCCTCTTTCTTTTCATCTCTCCTCTTCTTTTGATCAGCATCAGAGGCACCGGCAGC
TTTTAAAAGCTTTATCACACACACACACATTCTTTGTAGTCAGTCAGTGGCAACAATTACTGAGTACT
ACTAGTTACTTATCGAACAATTTCGATTAGCTTTGCTAGGAGGTACCGTTTCGGTTGGTTGTACTTGTGTG
AGTATAAATATTGATGGCTGGGATGCTGTGCGGAGTTAATTCATGGAGGCGAGACTGAAACAGCTAAACCA
GTCGAGCCTAATTCTCAGTCGGCTAGGCGGAGGAGGATGGAAATTCATCACTTCATATTTGTAGCTTCGG
```

```
Data/Fasta/EST-68566-Coffeacaneephora.fasta
```

- | | | |
|-------------|---|---|
| head | Affiche les premières lignes d'un fichier
(n=10, 10 lignes par défaut) | <code>head -n 20 script.pl</code> |
| tail | affiche les dernières lignes d'un fichier
(n=10 par défaut) | <code>tail -n 5 script.pl</code> |
| wc | Compter le nombre de lignes, mots ou caractères d'un fichier | <code>wc script.pl</code>
<code>wc -l script.pl</code> |



Practice

Is

8

Go to [Practice 8](#) on our github

grep

pour rechercher un motif dans une ligne

```
grep [options] motif [file1, ... ]
```

grep

pour rechercher un motif dans une ligne

```
grep [options] motif [file1, ... ]
```

Option	Description
-c	Compte le nombre de lignes dans lesquelles le motif a été trouvées
-n	Affiche le numéro de ligne et la ligne dans laquelle le motif a été trouvé
-i	Recherche le motif sans tenir compte de la casse
-v	Affiche seulement les lignes sans le motif
-l	Affiche uniquement les noms de fichiers dans lesquels le motif a été trouvé



Practice

9

Go to [Practice 9](#) on our github

sort sort fichier

Trie un fichier

sort -k2g,2g fichier

sort -k2gr,2gr fichier

sort -k2g,2g -k1r,1r fichier

sort -t: -k3g,3g fichier

sort	sort fichier	Trie un fichier
	sort -k2g,2g fichier	
	sort -k2gr,2gr fichier	
	sort -k2g,2g -k1r,1r fichier	
	sort -t: -k3g,3g fichier	
cut	cut -d séparateur -f champs [fichiers]	Sélection de colonnes/champs d'un fichier
	cut -d ":" -f1,5 /etc/passwd	



Practice

10

Go to [Practice 10](#) on our github

Formateurs itrop / South Green

- Christine Tranchant-Dubreuil
- Sebastien Ravel
- Alexis Dereeper
- Ndomassi Tando
- François Sabot
- Gautier Sarah
- Bruno Granouillac



Merci pour votre attention !



Le matériel pédagogique utilisé pour ces enseignements est mis à disposition selon les termes de la licence Creative Commons Attribution - Pas d'Utilisation Commerciale - Partage dans les Mêmes Conditions (BY-NC-SA) 4.0 International:

<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/>



Autres commandes utiles

Compresser des fichiers **tar, gzip**

```
tar -zcvf tarfile.tar.gz dirToCompress  
gzip fileToCompress
```

Décompresser une archive **gunzip, tar**

```
gunzip file.gzip  
tar -xvf file.tar  
tar -zxvf file.tar.gz
```

Afficher le contenu d'une archive **zcat**

```
zmore data.txt.gz
```

Rechercher une expression/motif dans une archive **zgrep**

```
zgrep 'NM_000020' data.gz
```


rename

Exemple	Description
<code>rename 's/.txt/.fasta/' *</code>	rename the extension of all files
<code>rename 'y/a-z/A-Z/' *</code>	rename files in uppercase

Commande ls -l

```
$ ls -l filename  
drwxrwxrwx 3 user user 4096 2012-02-11 20:21 file_name
```

Permissions

Proprio

Groupe

Taille

Heure et date de la dernière modification

Type

-Interprétation/Légendes des permissions

- : fichier normal

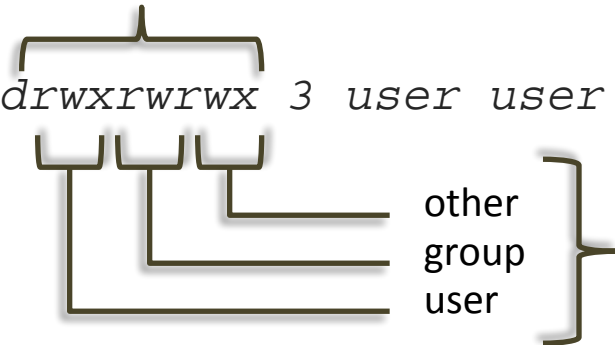
d : répertoire

l : lien symbolique

ls -l command

Permissions

`drwxrwxrwx 3 user user 4096 2012-02-11 20:21 file_name`



other
group
user

3 classes

3 types of permissions :

Permission	File	Directory
Read r	Ouverture et Lecture	Lister et copier les fichiers
Write w	Modiier et supprimer	Manipuler le contenu : copier, créer, modifier, écraser
Execution x	Executer le fichier	Accès seulement au fichier pour l'exécuter

commande pour la gestion des permissions : **chmod**

```
chmod <perm> file_name
```

Chaque permission = 1 valeur

R	4
W	2
X	1
none	0

Exemple

```
chmod 740 script.sh
```

```
# Owner=rwx Group=r-- Other=---
```

```
chmod 755 script.sh
```

```
# Owner=rwx Group=r-x Other=r-x
```

chmod, ls

Donner le nom du propriétaire, du groupe et les droits des fichiers contenus dans le répertoire “~/Data/454-projet1/raw”

Changer les droits du fichier Scripts/blast.pl pour qu’il soit :
en lecture/écriture pour le groupe,
lecture/écriture/exécution
pour le propriétaire
et lecture au public

