

# Session de formation 2018



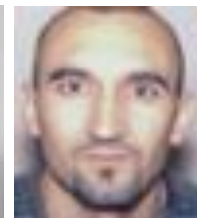
- 12 Mars**     **Guide de survie à Linux : les commandes de base pour débiter sur un serveur linux**
- 13 Mars**     Linux avancé : manipuler et filtrer des fichiers sans connaissance de programmation
- 15 Mars**     Initiation à l'utilisation du cluster bioinformatique itrop
- 22 Mars**     Initiation 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





Institut de Recherche  
pour le Développement

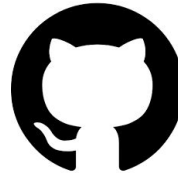
**South Green**  
bioinformatics platform



plateau i-trop



[www.southgreen.fr](http://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](#)

# Guide de survie à Linux



[www.southgreen.fr](http://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



- **Systeme 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**

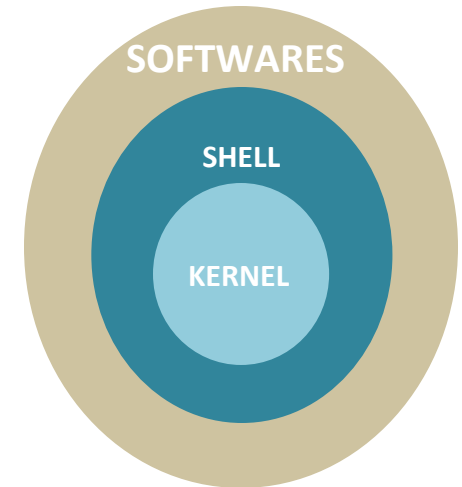
Plusieurs utilisateurs peuvent travailler en même temps

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

Chaque utilisateur peut lancer plusieurs programmes en même temps



**Distribution** : Noyau/Coeur + logiciels/programmes



- 2 façons d'utiliser linux :

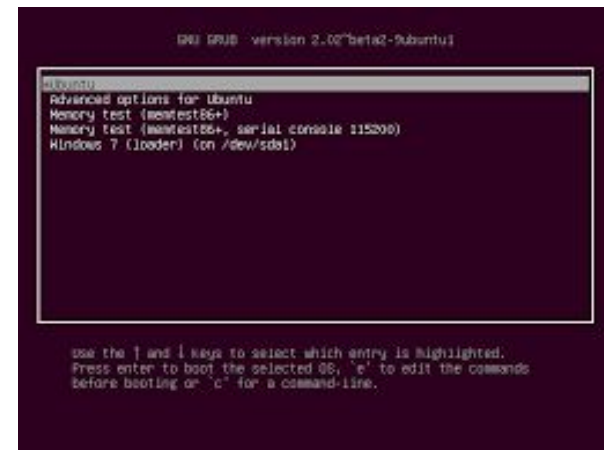
en **mode graphique** (équivalent windows)



- en ***mode console*** (équivalent DOS en mieux)



- Installer linux et windows sur son ordinateur et choisir au démarrage de son ordinateur

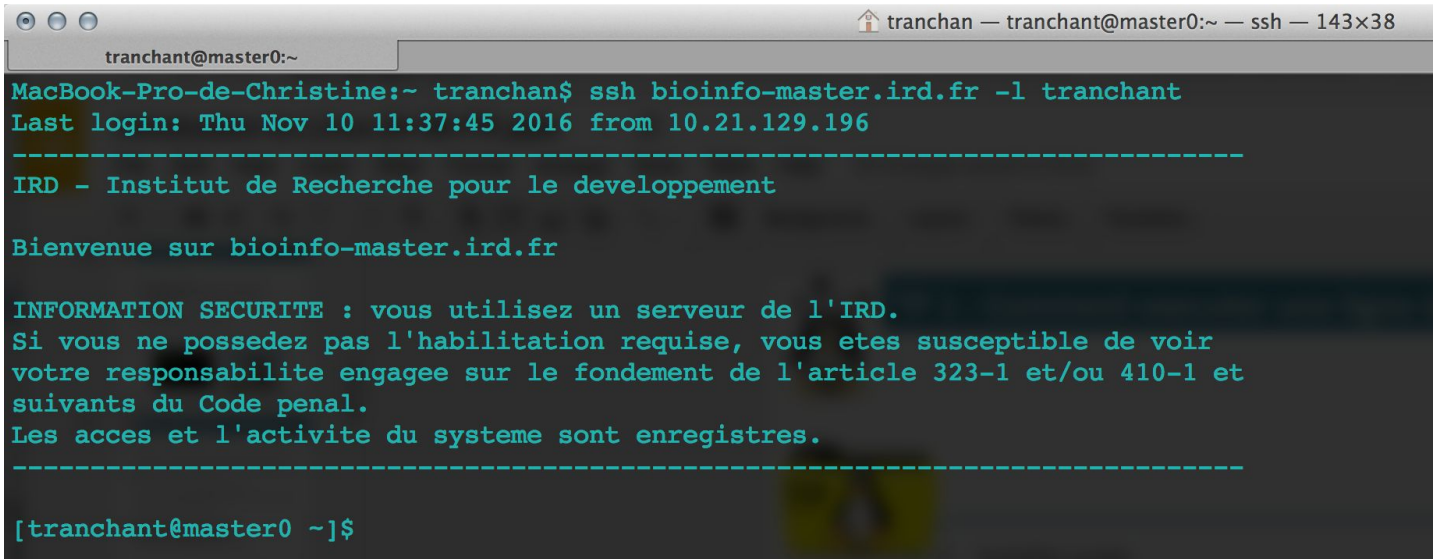


- Installer linux et windows **sur son ordinateur** et choisir au démarrage de son ordinateur
- **Sur son ordinateur**, à partir de windows ou mac os via une machine virtuelle ou docker





- Installer linux et windows **sur son ordinateur** et choisir au démarrage de son ordinateur
- **Sur son ordinateur**, à partir de windows ou mac os via une machine virtuelle ou docker
- En se connectant sur un serveur linux distant de windows ou mac (via le protocole ssh)



```
tranchant@master0:~  
MacBook-Pro-de-Christine:~ tranchan$ ssh bioinfo-master.ird.fr -l tranchant  
Last login: Thu Nov 10 11:37:45 2016 from 10.21.129.196  
-----  
IRD - Institut de Recherche pour le developpement  
  
Bienvenue sur bioinfo-master.ird.fr  
  
INFORMATION SECURITE : vous utilisez un serveur de l'IRD.  
Si vous ne possédez pas l'habilitation requise, vous etes susceptible de voir  
votre responsabilite engagee sur le fondement de l'article 323-1 et/ou 410-1 et  
suivants du Code penal.  
Les acces et l'activite du systeme sont enregistres.  
-----  
[tranchant@master0 ~]$
```





- 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 ?

# 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



Nécessité de la pratique et de l'expérience

⇔ **Investissement non négligeable pour de bons résultats rapidement**

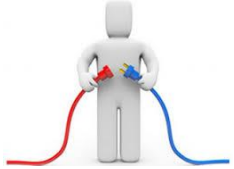


# Environnement de travail

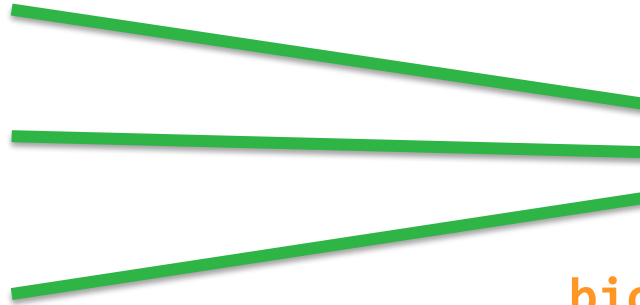
*Comment copier un fichier de son PC sur  
le serveur ?*



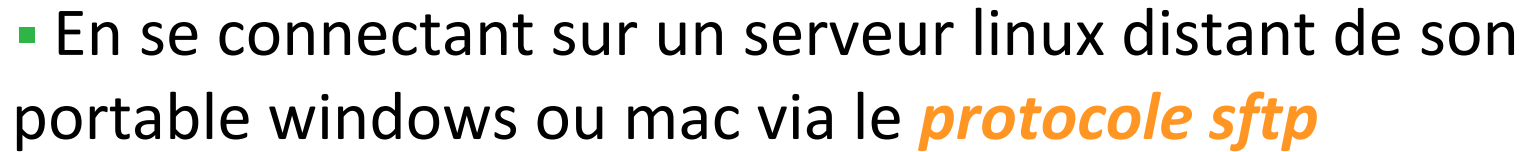
# Copier un fichier de son PC sur le serveur ?



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



[bioinfo-nas.ird.fr](https://bioinfo-nas.ird.fr)



*sftp*



# Practice

filezilla, sftp

1

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



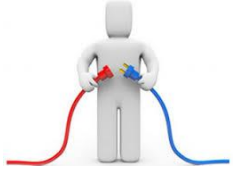
# Environnement de travail

*Comment travailler sur le serveur ?*

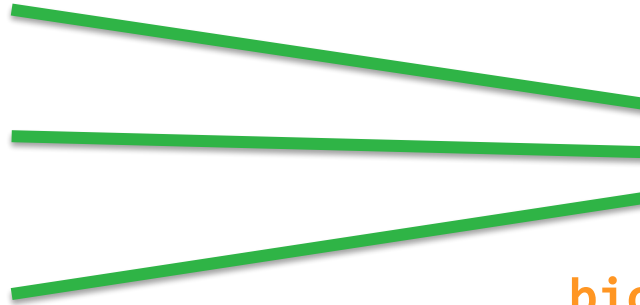




# Comment travailler sur le serveur ?



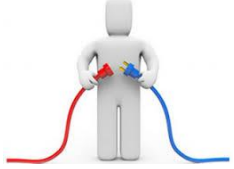
- En se connectant sur un serveur linux distant de son portable windows ou mac via le **protocole ssh**



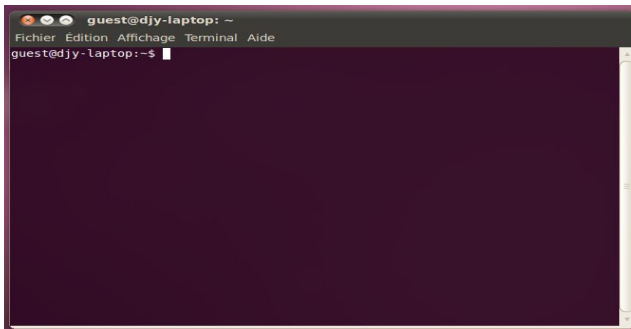
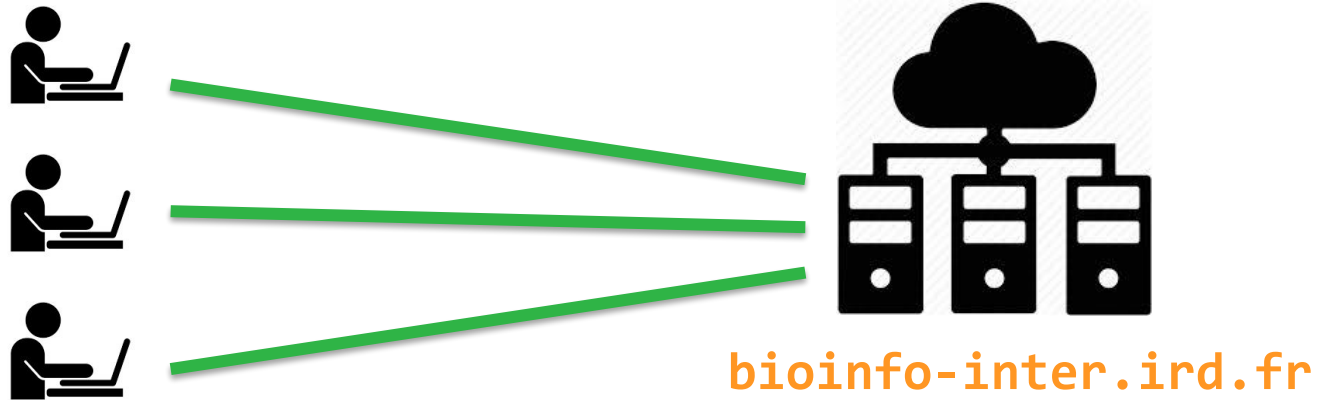
**bioinfo-inter.ird.fr**



# 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

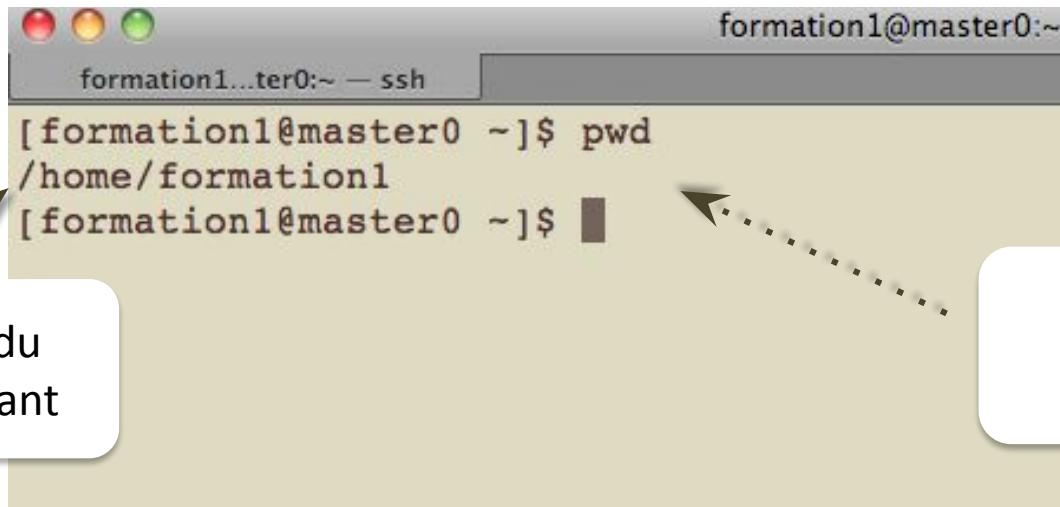
Répertoire  
courant

*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@master0:~'. Below the title bar, there is a tab labeled 'formation1...ter0:~ — ssh'. The terminal content shows the command 'pwd' being entered and executed, resulting in the output '/home/formation1'. The prompt '[formation1@master0 ~]\$' is shown before and after the command.

Affiche le nom du  
répertoire courant

Commande  
sans options et  
sans argument



**ls**  
list

*liste fichiers & répertoires présents dans le répertoire courant*



A terminal window titled 'formation1@master0:~ — ssh — 97x37'. The prompt is '[formation1@master0 ~]\$'. The command 'ls' has been entered, and the output shows 'data' in blue and 'scripts' in blue. A dashed arrow points from the 'ls' command to the output, and another dashed arrow points from the 'ls' command to a callout box.

```
formation1@master0:~ — ssh — 97x37
[formation1@master0 ~]$ ls
data  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 ayoubas   team1    4096 13 avril  2012 ayoubas
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



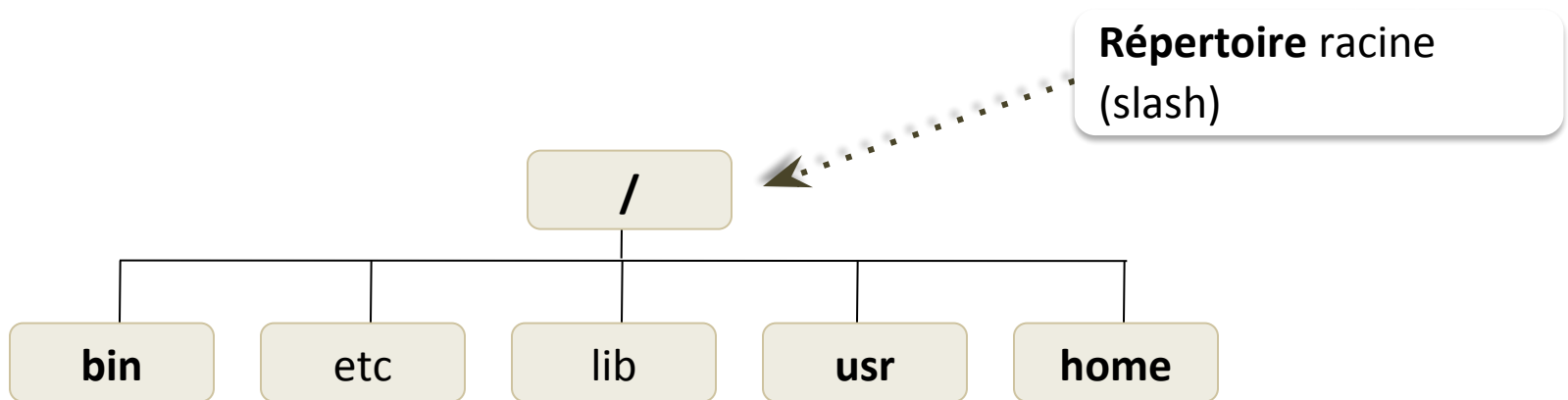
# Practice

prompt, pwd

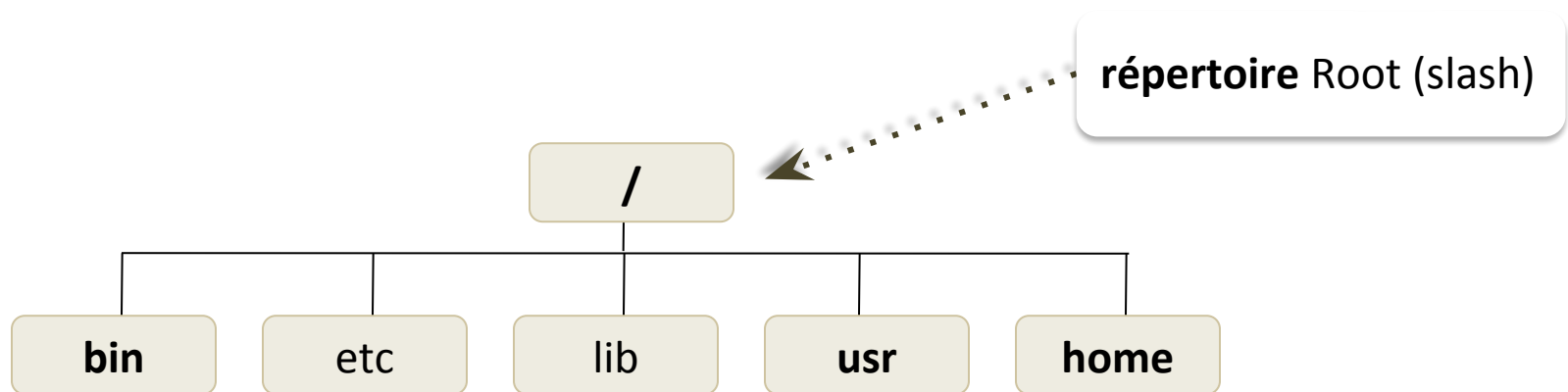
3

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

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



## Principaux répertoires



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

**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

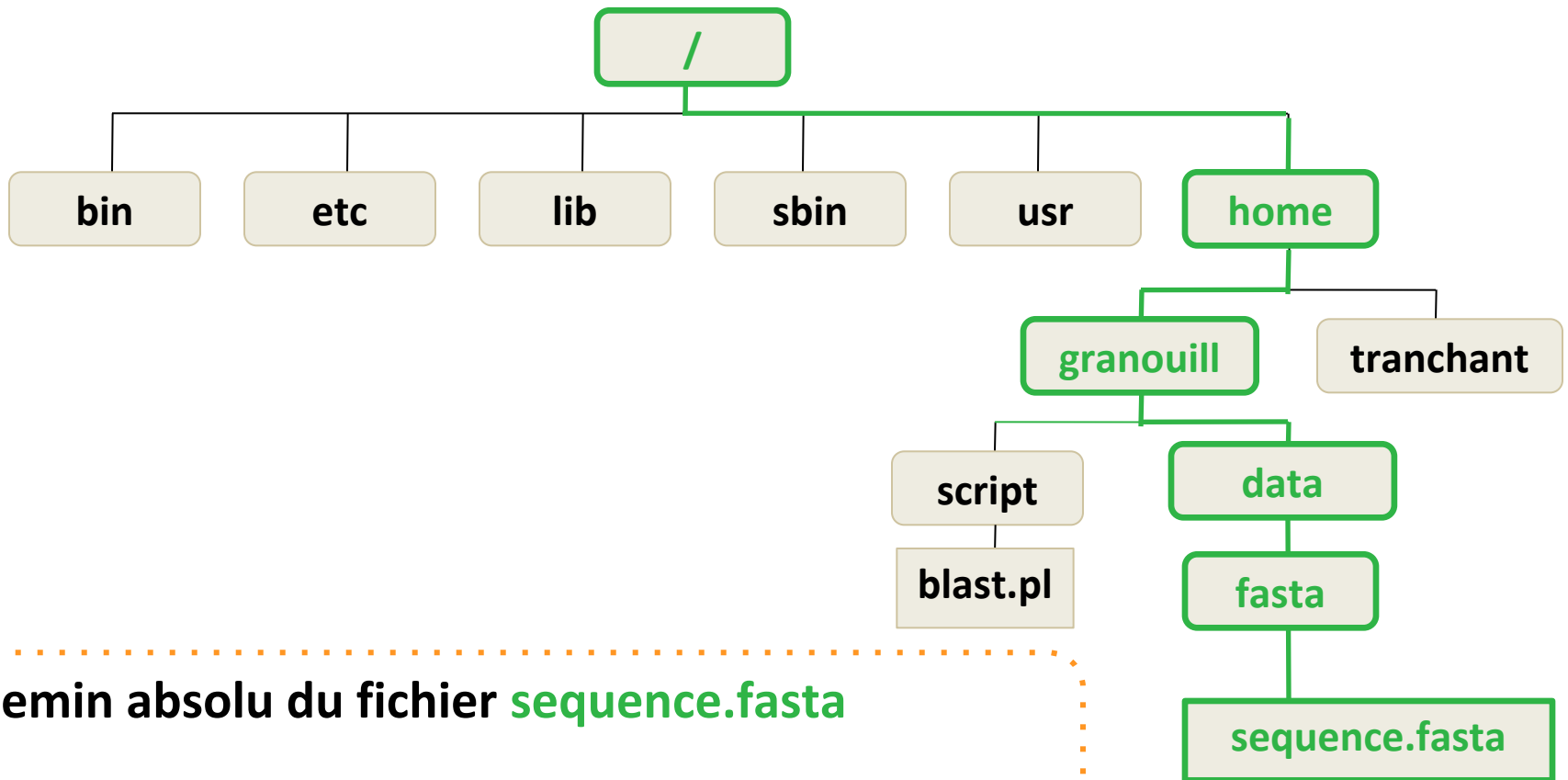
## absolu

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

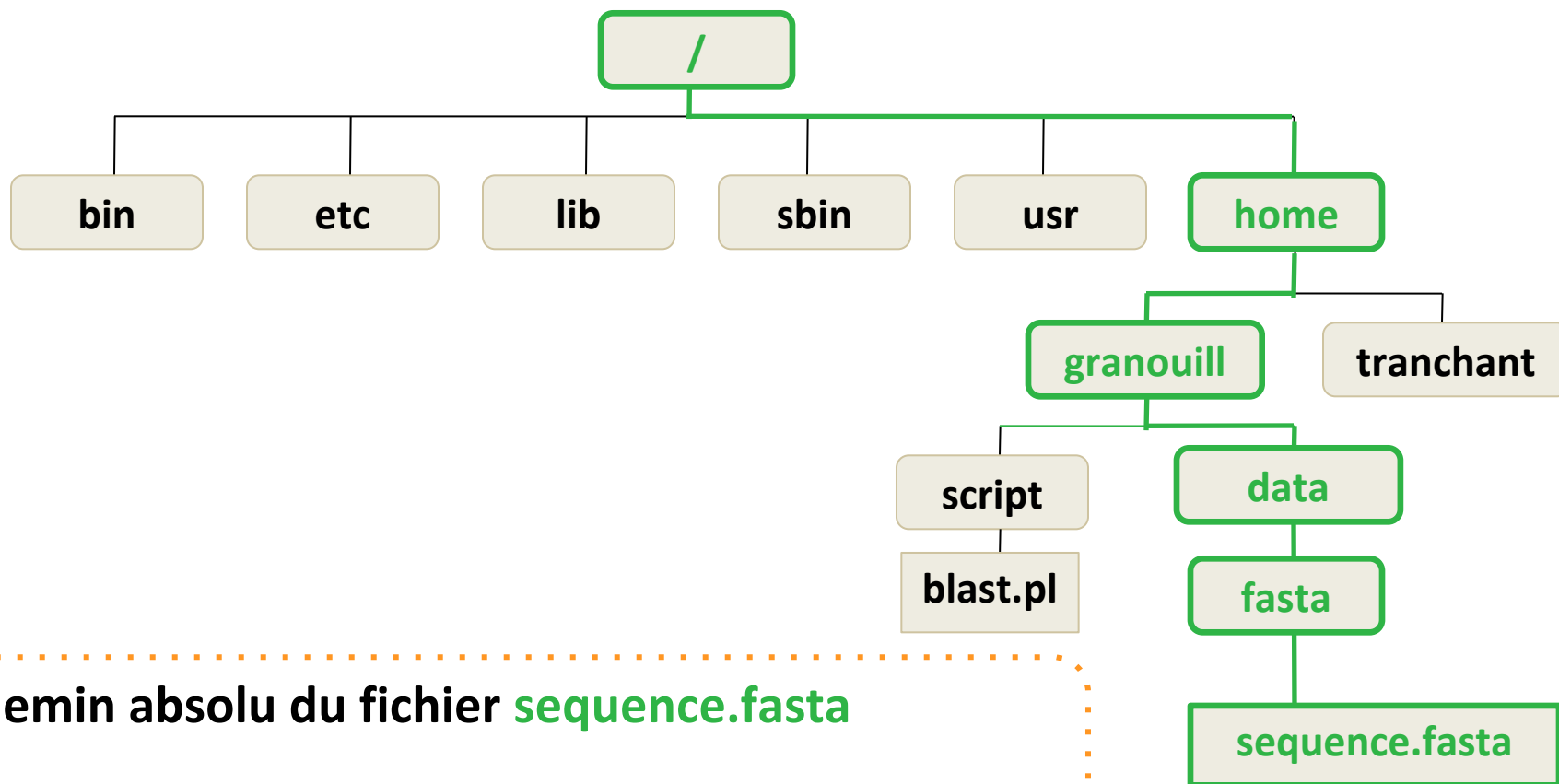
## relatif

- 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



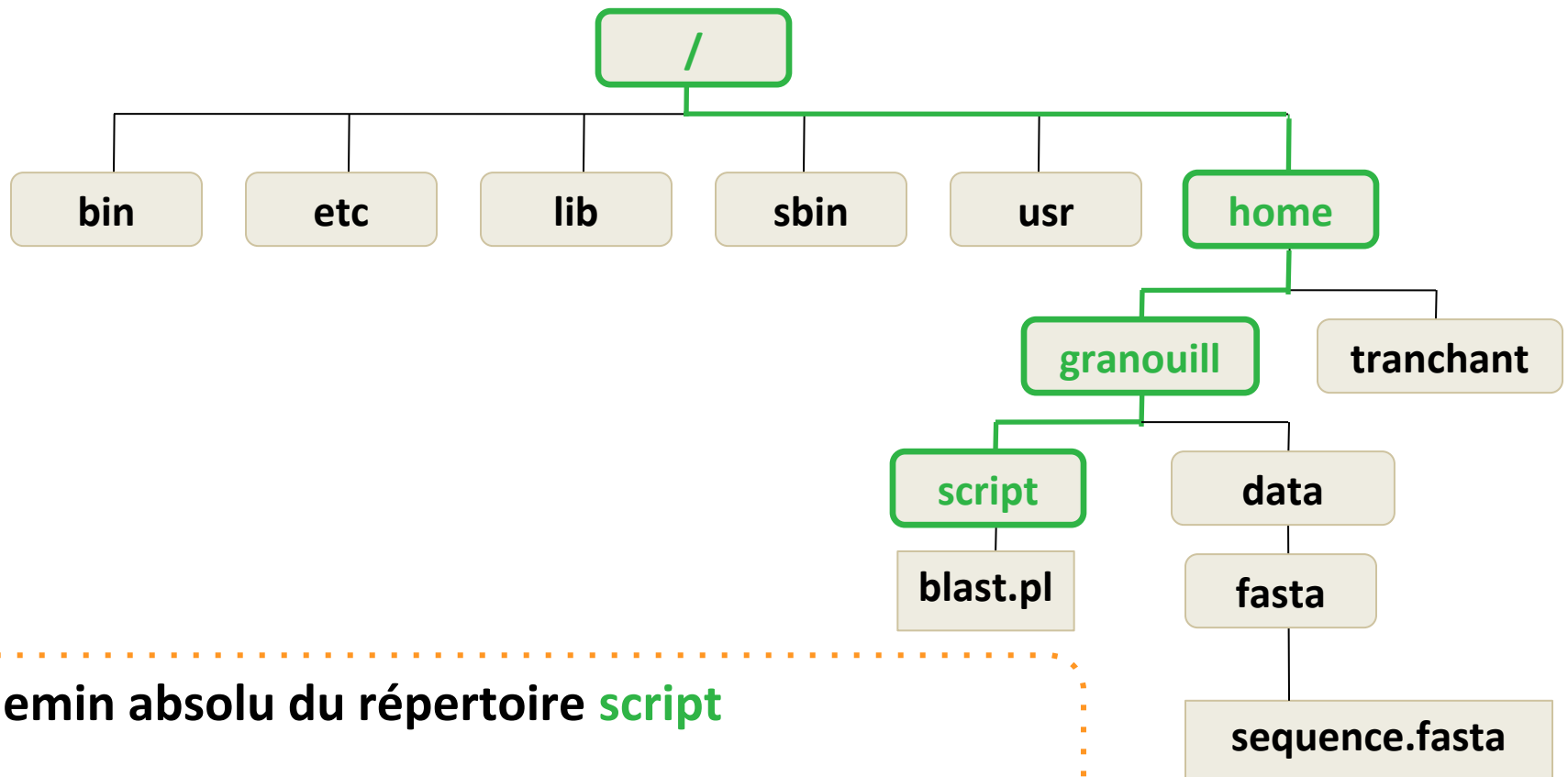
- Commence toujours par `/` (le répertoire racine)
- Toujours correct peu importe où on l'on travaille



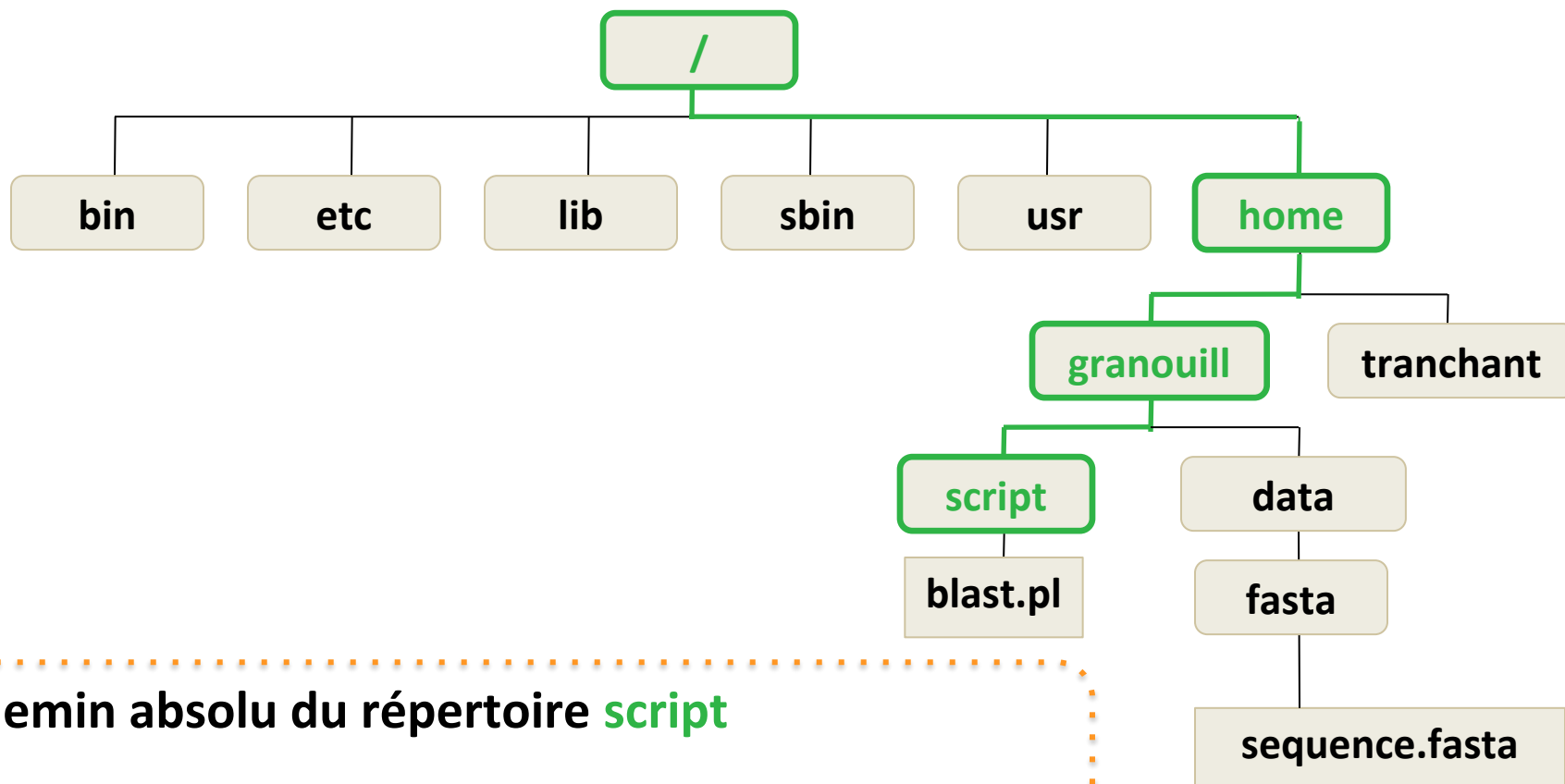
Chemin absolu du fichier **sequence.fasta**

`/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

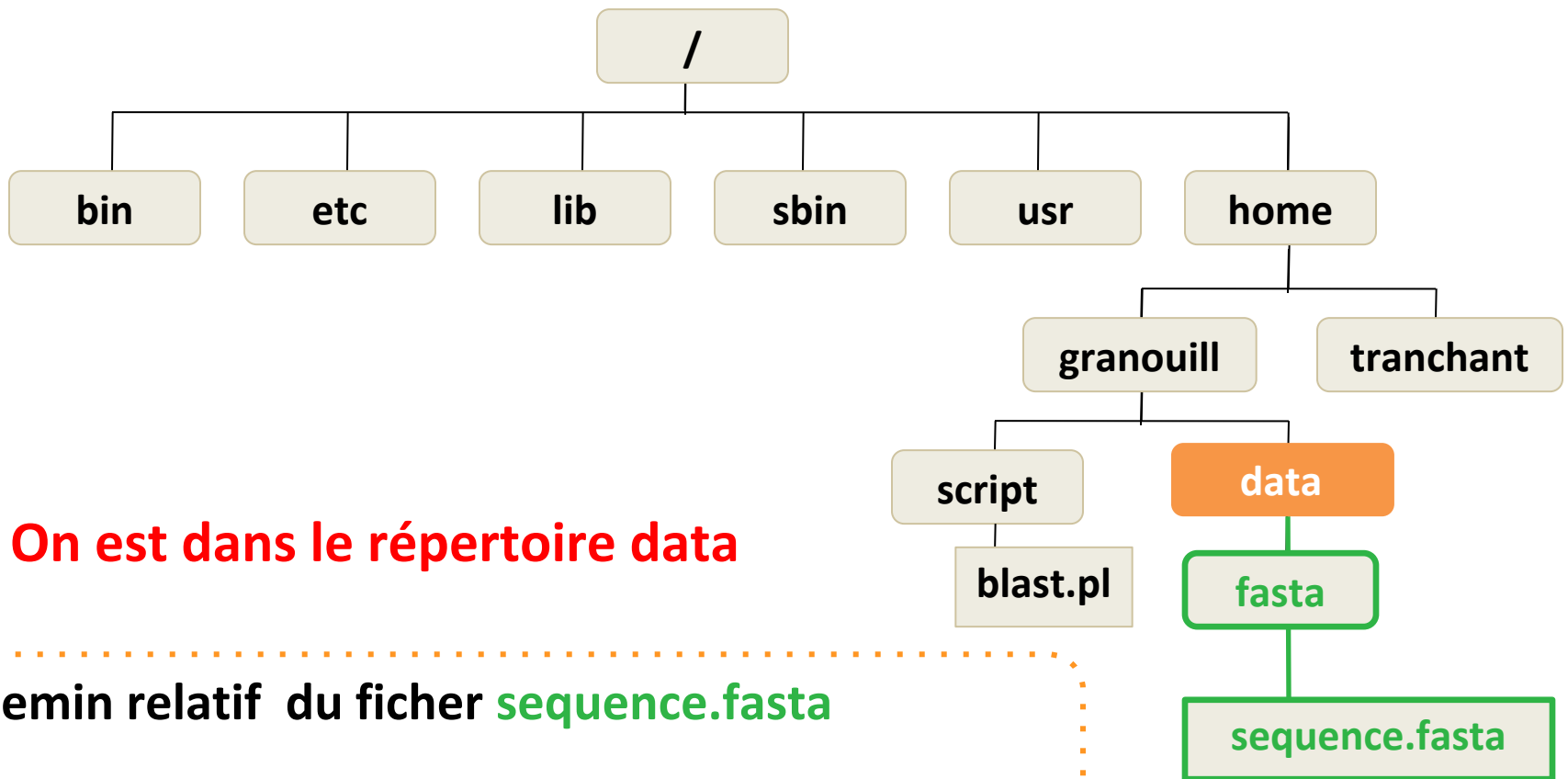


Chemin absolu du répertoire **script**

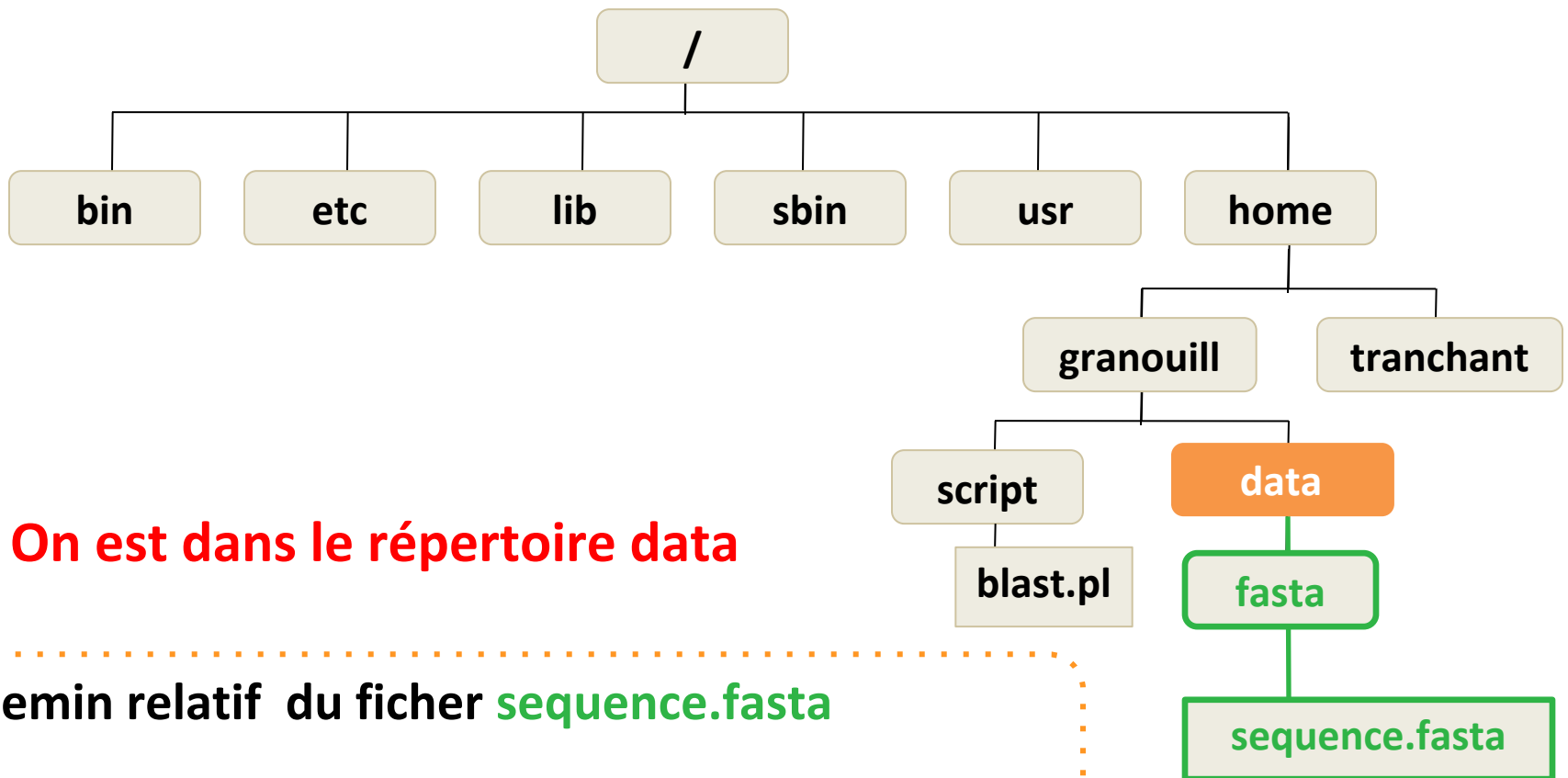
`/home/granouill/data/script`



- 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 /**

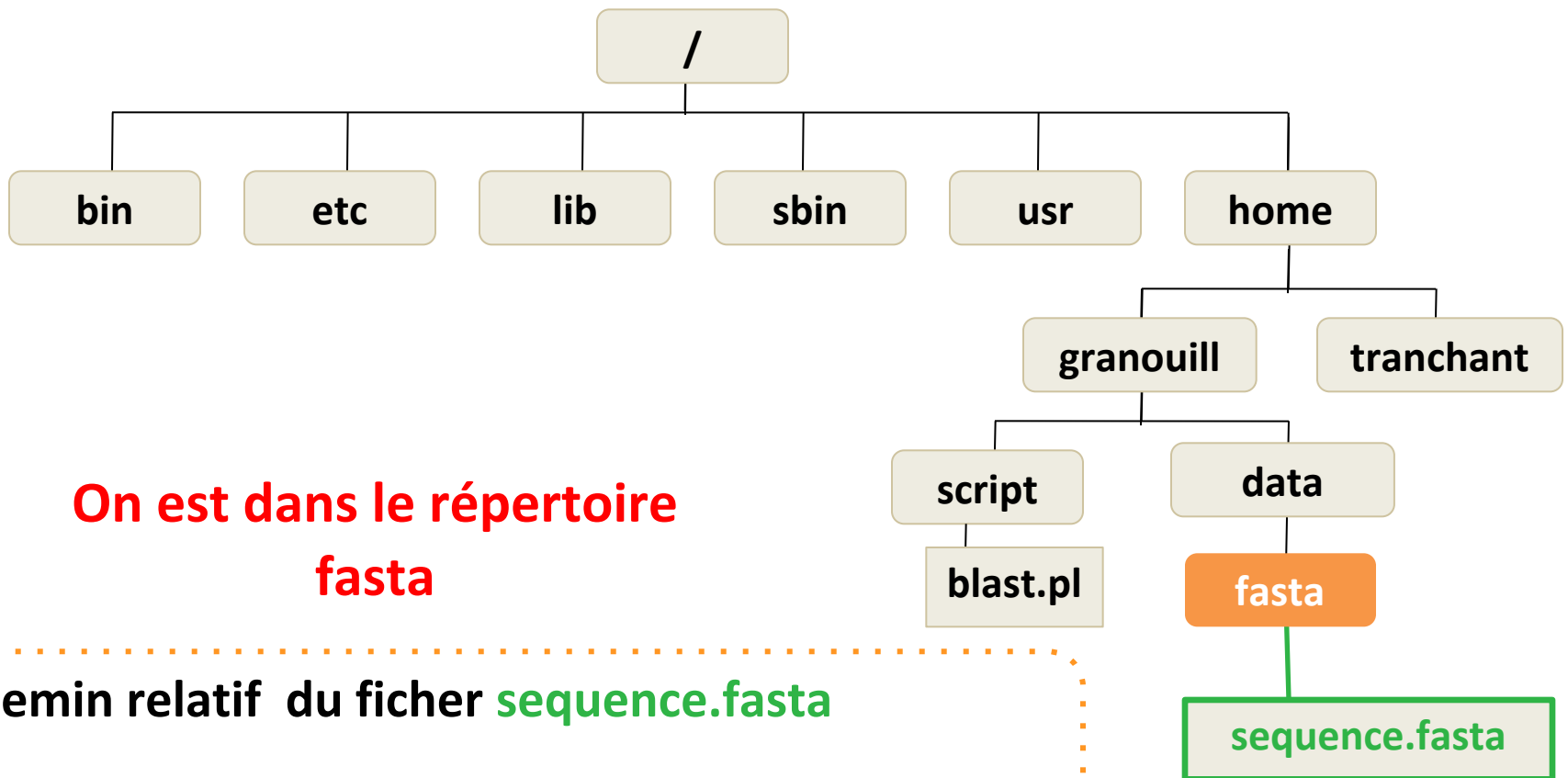


**On est dans le répertoire data**

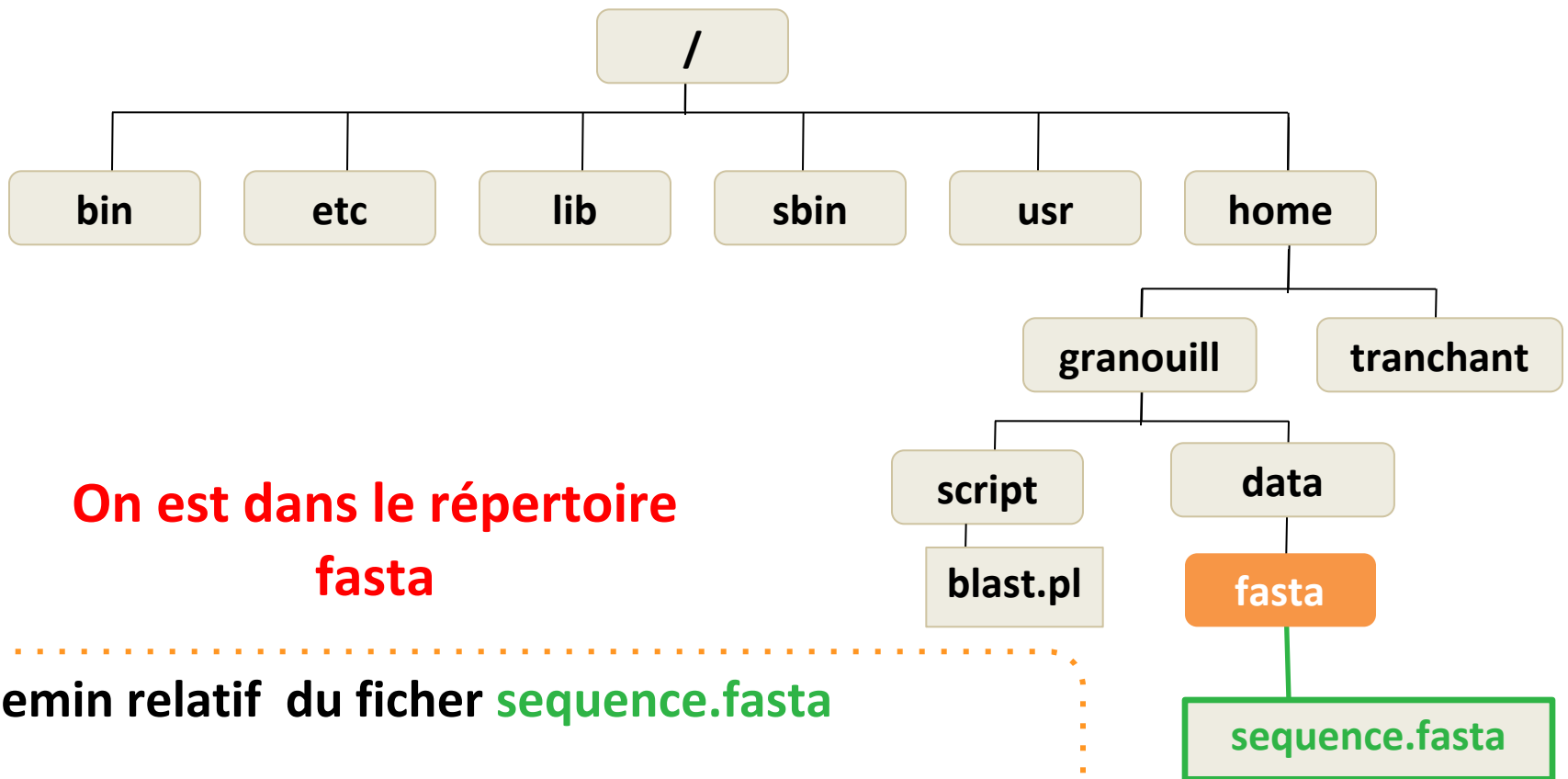
Chemin relatif du fichier **sequence.fasta**

**fasta/sequence.fasta**

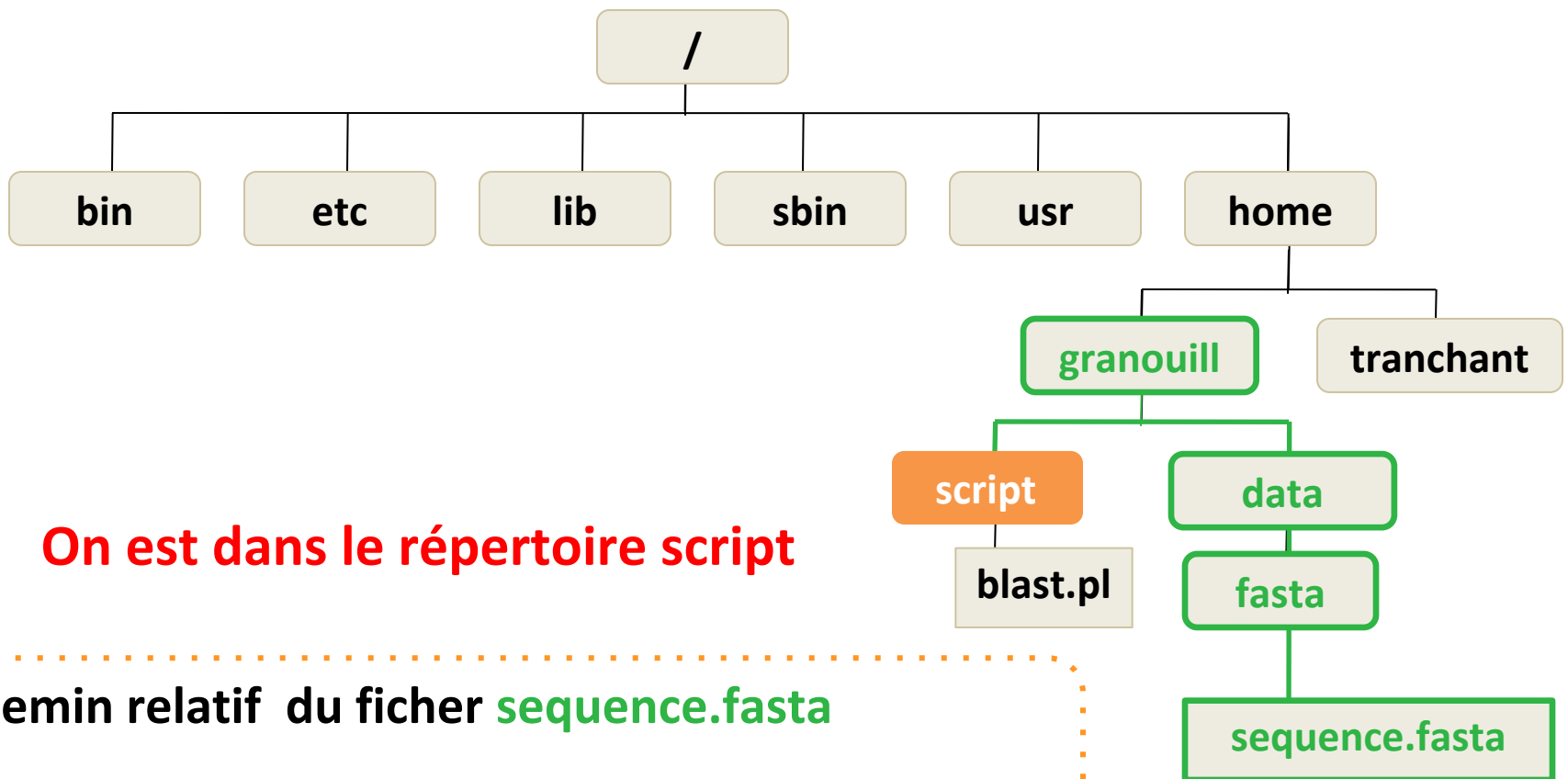
- Défini par rapport où on est dans l'arborescence
- **Ne commence jamais par /**



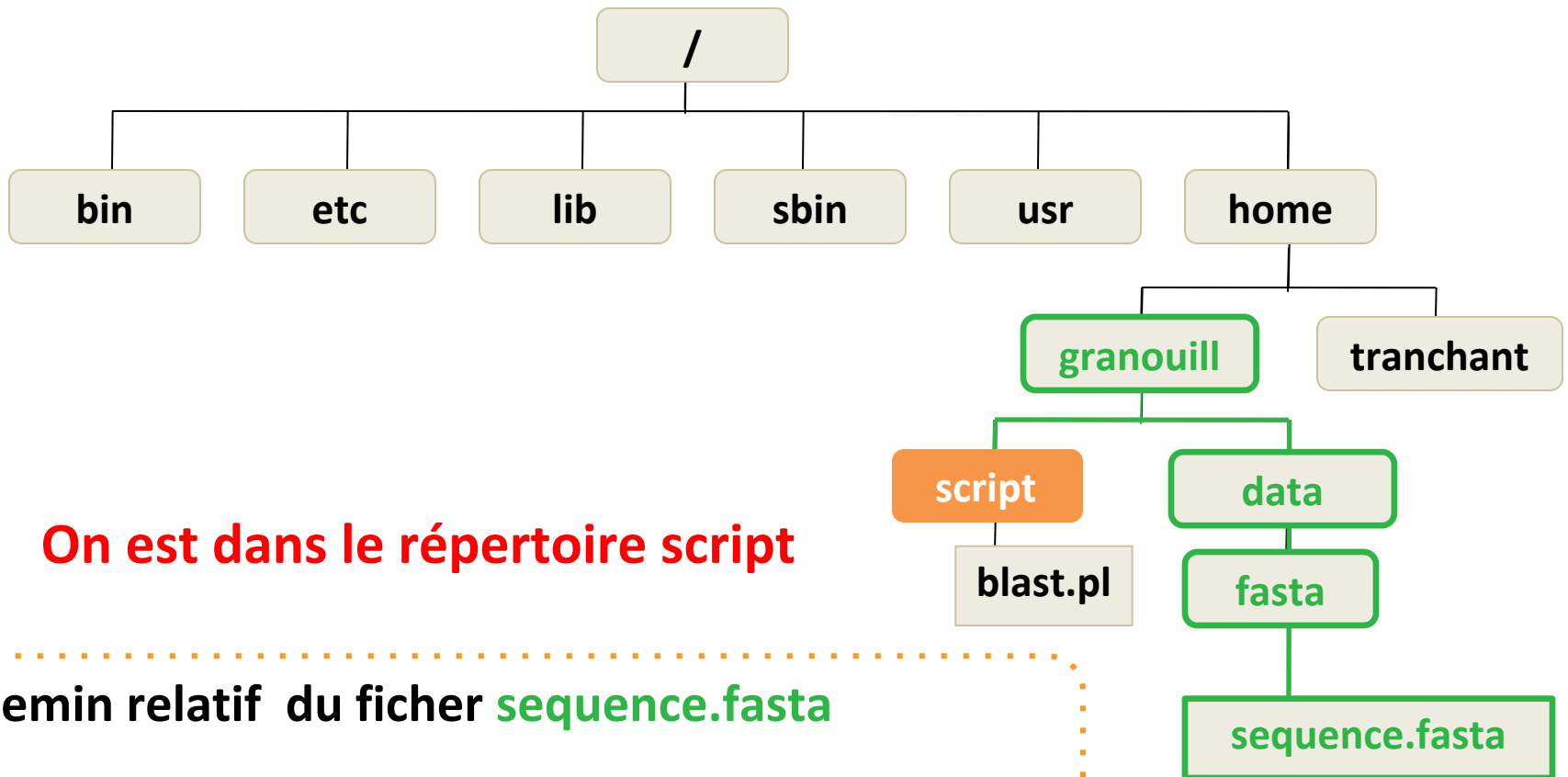
- Défini par rapport où on est dans l'arborescence
- **Ne commence jamais par /**



- 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**

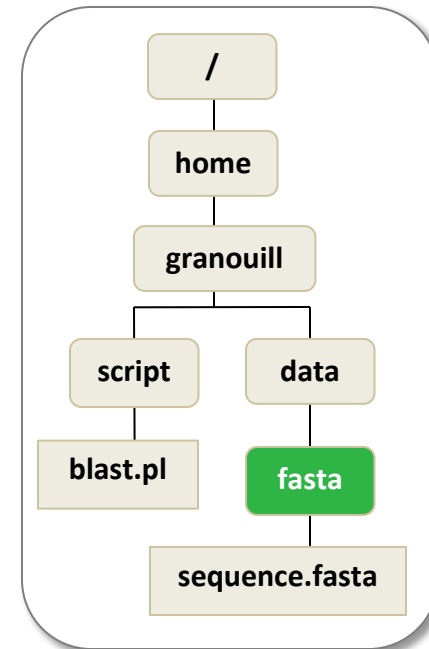
*pour se déplacer dans l'arborescence*

*Change Directory*

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

*cd nom\_repertoire(chemin absolu ou relatif)*

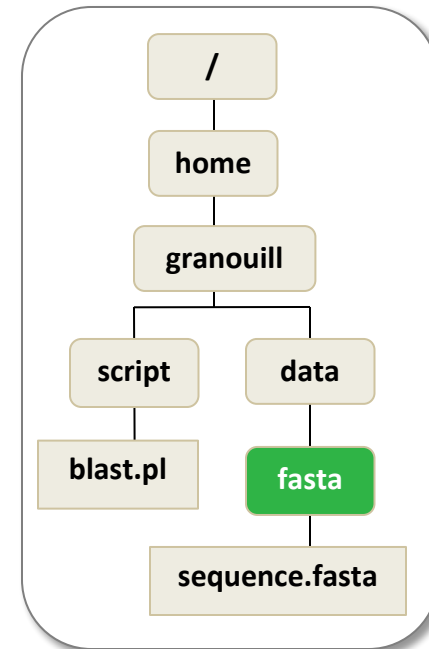
**Chemin absolu :**



*cd nom\_repertoire(chemin absolu ou relatif)*

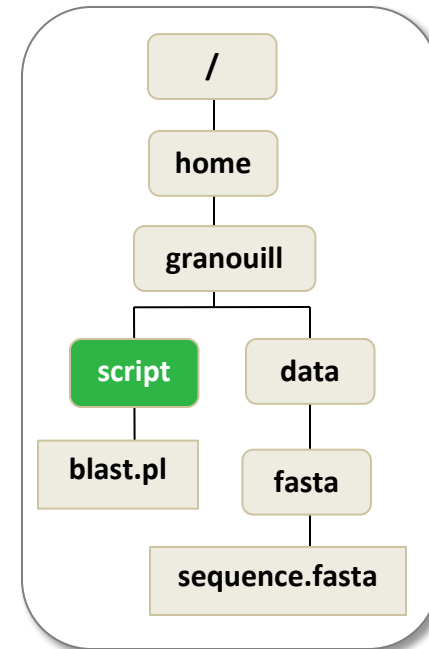
**Chemin absolu :**

**cd /home/granouill/data/fasta**



*cd nom\_repertoire(chemin absolu ou relatif)*

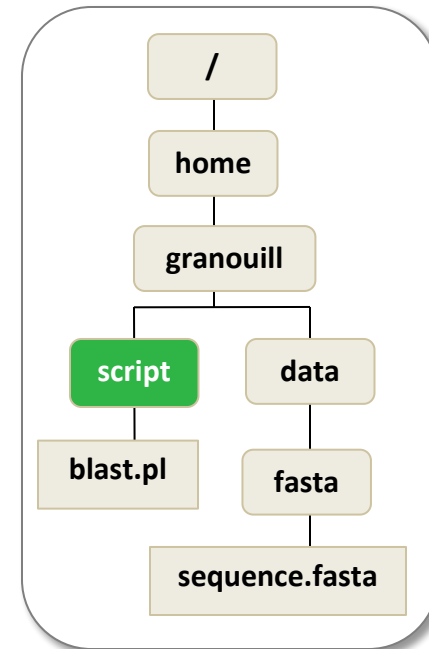
**Chemin absolu :**



*cd nom\_repertoire(chemin absolu ou relatif)*

**Chemin absolu :**

**cd /home/granouill/script/**





`cd nom_repertoire(chemin absolu ou relatif)`

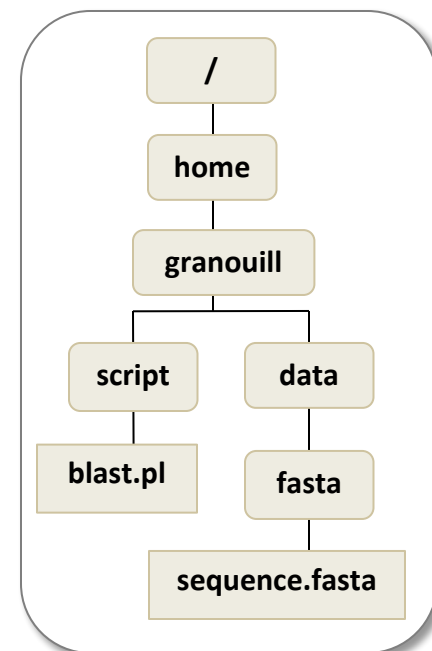
## Chemin relatif :

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
CCACCCCTCTTACAGTCTTCACCAAATGTCCTTTAAACTCCACCTAAAGTATCCAAAGA
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
AGGATCCAGCATTCTTGAAATGGTATAGAGAAGCTGAGCTCATTATGGCAGATGGGCAATGACTGCAGT
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
```

```
ATTCATCGTATCTTTGCCCTCTTTCTTTATCTCTCCTCTTCTTTTGATCAGCATCAGAGGCACCGGCAGC
TTTTAAAAGCTTTATCACACACACACACATTCTTTGTAGTCAGTCAGTGGCAACAATTACTGAGTACT
ACTAGTTACTTATCGAACAATTTCGATTAGCTTTGCTAGGAGGTACCGTTTCGGTTGGTTGTACTTGTGTG
AGTATAAATATTGATGGCTGGGATGCTGTGCGGAGTTAATTCATGGAGGCGAGACTGAAACAGCTAAACCA
GTCGAGCCTAATTCTCAGTCGGCTAGGCGGAGGAGGATGGAAATTCATCACTTCATATTTGTAGCTTCGG
```

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

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





# Practice

Is

8

*Go to [Practice 8](#) 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

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



# Practice

9

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



**Des commandes pour  
rechercher dans un fichier**

**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

10

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

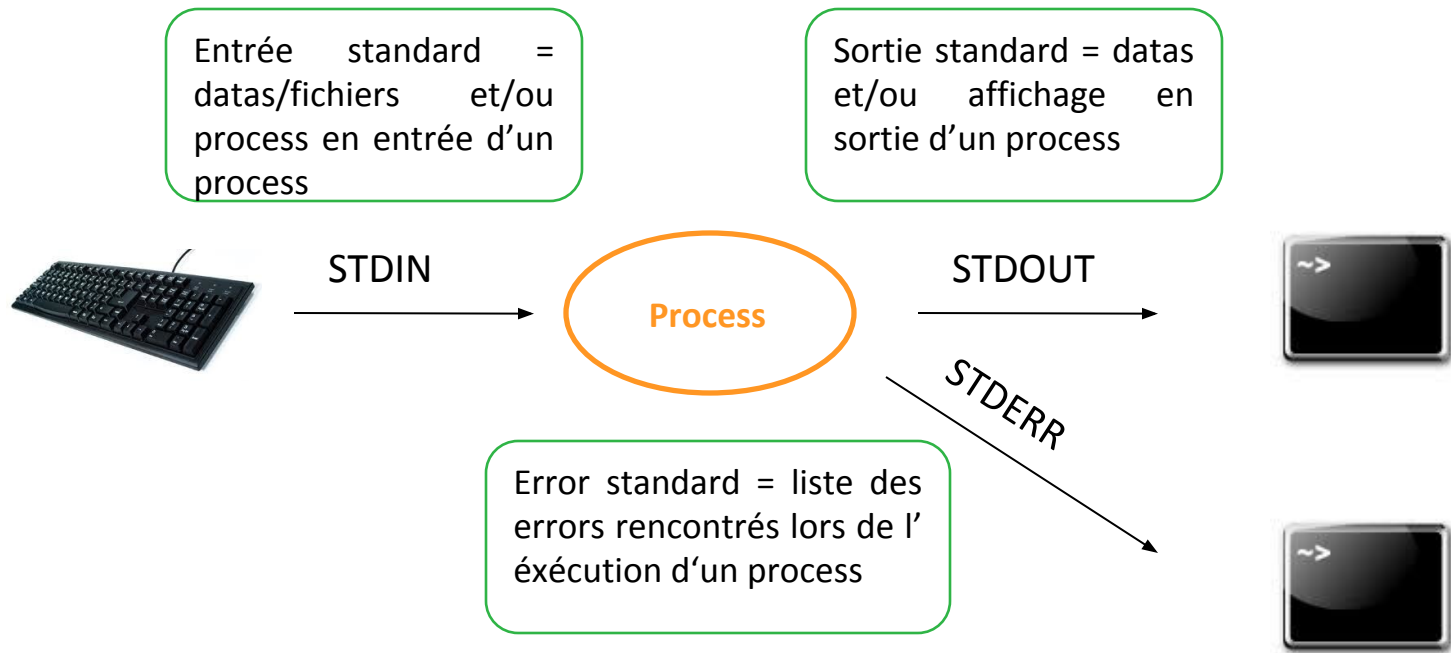




# Les entrées / sorties

**pour sauvegarder la sortie d'une  
commande dans un fichier**

Lors d'exécution d'une commande : 3 flux sont ouverts par le Shell



Lors d'exécution d'une commande : 3 flux sont ouverts par le Shell

on peut rediriger la sortie standard  
dans un fichier de stockage avec le  
caractère >



```
$cut -d: -f1 /etc/passwd > user_name.list
```

## Redirection

## Action

Command > file

Redirige la sortie vers un nouveau fichier qui sera créé

Command >> file

Redirige la sortie :

- à la fin d'un fichier si le fichier existe déjà
- sinon crée un nouveau fichier



# Practice

wget, grep

11

*Go to [Practice](#) 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

<b>R</b>	<b>4</b>
<b>W</b>	<b>2</b>
<b>X</b>	<b>1</b>
<b>none</b>	<b>0</b>

## 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

