



Introduction Rapide à Linux

Ghislain Bidaut - Bioformation

Mai 2025

Introduction à Linux

- Qu'est ce que **Linux** ?
- La ligne de commande
- La manipulation de fichiers
- Utilisation du **cluster de l'IFB**

Linux

- C'est un système d'exploitation **ouvert** et **libre**, issu du monde de la recherche.
- Cela signifie que **tout le monde** peut l'utiliser, le modifier et l'étudier.
- Vous l'utiliser probablement déjà car il est à la base d'Android et fait tourner un grand nombre de serveurs Web (67% source: W3Tech).
- **Linux** est stricto-sensu le **noyau**. Le système complet est **GNU-Linux**, souvent **distribué** avec de nombreux programmes (éditeurs, terminaux, etc..)

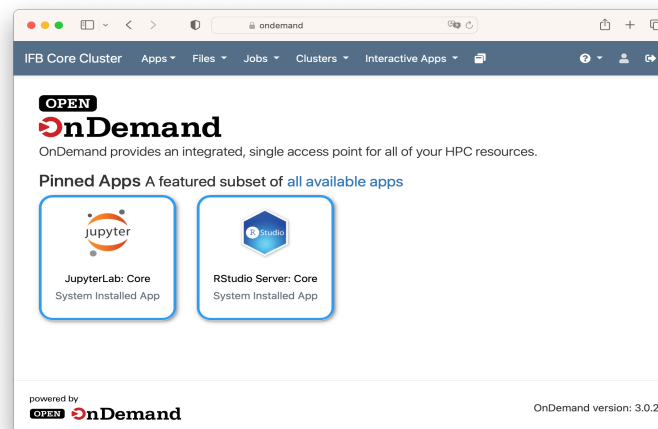
Il est accessible sous forme de **Distribution**: dont les deux familles **principales** sont:

- *Ubuntu, Mint, Debian,*
- *RedHat, CentOS, etc...*

(Voir le site <http://distrowatch.com>)

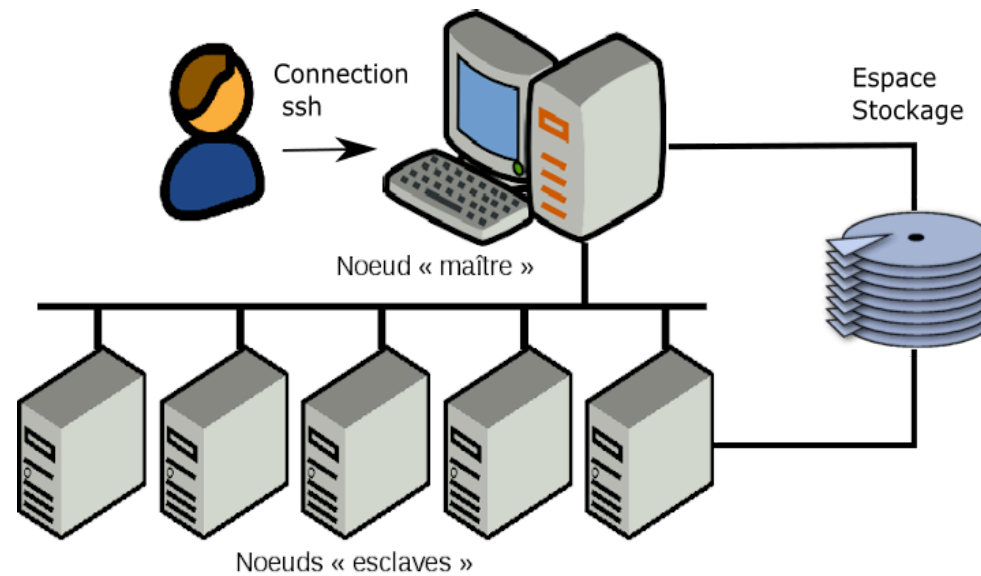
Organisation

- **Multi-utilisateur:** chaque utilisateur possède un **espace propre** accessible par un **mot de passe**
- Plusieurs utilisateurs peuvent travailler en même temps sur une même machine, par la console, ou par des connections distantes
- Nous nous connectons sur le **Cluster de l'Institut Français de Bioinformatique** à distance par l'adresse:
<https://ondemand.cluster.france-bioinformatique.fr/>



Organisation du cluster IFB

- Connexion par le Noeud Maître
- Calculs exécutés sur les Noeuds de calcul qui partagent le même espace de stockage



La ligne de commande

Pourquoi une ligne de commande ?

Linux est un dérivé d'*Unix*, un système conçu dans les années 70, sur lesquels un moyen naturel de communiquer était par ligne de commande:

- C'est un moyen plus puissant que l'interface graphique
- Peu gourmand en ressources
- Ligne de commande = Shell = **Bash**
- C'est un véritable **Langage de programmation** permettant de scripter des tâches pour les automatiser!

Comment interagir avec Linux ?

- Nous utilisons le *Terminal* qui permet d'accéder à la liugne de commande.
- Sur le cluster de l'IFB,nous utilisons le **Bourne Again Shell** (*bash*). Il s'utilise par la saisie d'une ligne de commande, suivi par un appui sur **Entree**.

```
utilisateur@machine:~$
```

Les commandes essentielles

Lister les fichiers: `ls`

```
ls
```

copier un fichier: `cp`

```
cp fichier_source destination
```

Navigation dans l'arborescence avec `cd`

```
cd chemin  
cd .. # pour "remonter"
```

Lancer un programme

```
nom_du_programme # exemple "top"
```


Raccourcis utiles

Il est possible d'éviter de taper entièrement une commande: **utiliser la complétion par TAB**

Recherche dans les commandes: **Flèches haut** ou **Flèche bas**.

Annuler l'exécution d'une commande: **CTRL-C**

```
du -sh^C
```

Voir le contenu d'un fichier: **less**

```
less sample.vcf
```

“Installer” un programme

Tous les programmes ne sont pas accessibles immédiatement sur le cluster de l'IFB. Ils doivent être chargés par la commande `module`.

Exemple: chargement de `samtools`

```
module load samtools
```

Quelques sources d'information supplémentaires:

- Présentation du système Linux: <https://jplu.developpez.com>
- Tutoriel de l'ENS: <https://www.tuteurs.ens.fr/unix/>
- Doc Cluster IFB: <https://ifb-elixirfr.gitlab.io/cluster/doc/>
- Youtube....

Licence



Cette œuvre est mise à disposition selon les termes de la [Licence Creative Commons:](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/)
Attribution - Pas d'Utilisation Commerciale - Pas de Modification 4.0 International (CC BY-NC-ND 4.0).