(共6页、第1页)

课程名称:Linux 系统概论 课程内容/章节:高级 Linux 命令 / 第 8&9 章

授课对象:生物医学工程与技术学院 2016 级生信班 (本) 听课人数:28

授课方式:理论讲授 学时数:2 教材版本:Unix 入门经典,第1版

教学目的与要求(分掌握、熟悉、了解、自学四个层次):

• 掌握常见的元字符, find 的使用, grep 的使用, sed 的使用, AWK 的使用。

- 熟悉正则表达式的构建, find 的常用测试, grep 的常用选项, sed 的工作原理, AWK 的工作原理和脚本结构。
- 了解 Linux 中的文本处理命令。
- 自学文本处理命令在生物信息学中的应用。

授课内容及学时分配:

- (5') 引言与导入:回顾 Linux 命令的基本格式以及常用的 Linux 命令,引申出授课内容。
- (20') 正则表达式和元字符:介绍正则表达式和元字符的概念,讲解元字符中的字符、字符集、量词和边界,举例说明正则表达式的构建。
- (20') find 和 grep: 讲解 find 的常用测试并通过实例进行演示, 讲解 grep 的常用选项并通过 实例进行演示。
- (5') 文本处理命令: 总结 Linux 中常用的文本处理命令。
- (40') sed 和 AWK: 讲解 sed 的工作原理、定位规则和常用命令,通过实例演示 sed 的使用; 讲解 AWK 的工作原理和脚本结构,通过实例演示 AWK 的使用。
- (5') 生物信息学中的应用: 举例说明文本处理命令在生物信息学中的应用。
- (5') 总结与答疑: 总结授课内容中的知识点与技能、解答学生疑问。

教学重点、难点及解决策略:

- 重点:元字符, find 的使用, grep 的使用。
- 难点: 元字符, sed 的使用, AWK 的使用。
- 解决策略:通过实例讲解与操作演示帮助学生理解、记忆。

专业外语词汇或术语:

正则表达式 (regular expression) 字符集 (character class) 元字符 (metacharacter) 模式空间 (pattern space)

辅助教学情况:

- 多媒体: 元字符, find 的测试, grep 的选项, sed 和 AWK 的工作原理。
- 板书: 常见的元字符, 正则表达式的构建与解析。
- 演示: find、grep、sed 和 AWK 的基本使用。

复习思考题:

- 列举五个常见的元字符并解释其含义。
- 根据要求编写正则表达式。
- 根据要求使用 find 查找文件。
- 根据要求使用 grep 查找字符串。

- 根据要求组合使用文本处理命令。
- 根据要求编写 sed 脚本编辑文件。
- 根据要求编写 AWK 脚本输出特定字段。
- 根据要求处理生物信息学文本数据。

参考资料:

- (美) Harley Hahn 著, 张杰良 译。Unix & Linux 大学教程, 清华大学出版社, 2010。
- 鸟哥 著, 王世江 改编。鸟哥的 Linux 私房菜——基础学习篇(第三版), 人民邮电出版社, 2010。
- (美) Ben Forta 著,杨涛 等译。正则表达式必知必会,人民邮电出版社,2007。
- 维基百科等网络资源。

主任签字: 年 月 日 教务处制

(共6页、第2页)

一、 引言与导入 (5分钟)

- 1. 回顾: Linux 命令的基本格式,常用的 Linux 命令
- 2. 介绍:正则表达式和元字符, find、grep、sed、AWK 等高级命令
- 二、 正则表达式和元字符(20分钟)
 - 1. 简介
 - 正则表达式: 具有一定句法的集合或短语, 包含元字符或普通字符, 表示某类文本或字符串。
 - 元字符: 代表一组字符或命令的字符, 用最小的字符集表示多组文本。
 - 相关命令: less, more, grep, sed, AWK, vim, ……
 - 2. 【重点、难点】元字符(结合实例讲解每一个元字符)
 - 字符: 一般字符, ., [], [a-z], [0-9], [^], \
 - 字符集: \d, \D, \s, \S, w, \W
 - 量词: ?, *, +, {m}, {m,n}
 - 边界: ^,\$其他: (), |

正则表达式	描述	示 例
^	行起始标记	^tux 匹配以tux起始的行
\$	行尾标记	tux\$ 匹配以tux结尾的行
	匹配任意一个字符	Hack.匹配Hackl和Hacki,但是不能匹配Hackl2和 Hackil,它只能匹配单个字符
[]	匹配包含在[字符]之中的任意一个字符	coo[kl] 匹配cook或cool
[^] .	匹配除 [^字符] 之外的任意一个字符	9[^01] 匹配92、93,但是不匹配91或90
[-]	匹配 [] 中指定范围内的任意一个字符	[1-5] 匹配从1~5的任意一个数字
?	匹配之前的项1次或0次	colou?r 匹配color或colour, 但是不能匹配colouur
+	匹配之前的项1次或多次	Rollno-9+匹配Rollno-99、Rollno-9,但是不能匹配Rollno-
*	匹配之前的项0次或多次	co*1 匹配cl、col、coool等
()	创建一个用于匹配的子串	ma(tri)? 匹配max或maxtrix
{n}	匹配之前的项n次	[0-9]{3} 匹配任意一个三位数, [0-9]{3}可以 扩展为[0-9][0-9][0-9]
{n,}	之前的项至少需要匹配n次	[0-9]{2,} 匹配任意一个两位或更多位的数字
{n,m}	指定之前的项所必需匹配的最小次数和最大 次数	[0-9]{2,5} 匹配从两位数到五位数之间的任意 一个数字
1	交替——匹配 两边的任意一项	Oct (1st 2nd) 匹配Oct 1st或Oct 2nd
\	转义符可以将上面介绍的特殊字符进行转义	a\.b匹配a.b,但不能匹配ajb。通过在 · 之间加上 前缀 \ ,从而忽略了 · 的特殊意义

3. 正则表达式

- a. /^[A-Z]..\$/ 查找文本中所有以大写字母开头、后跟两个任意字符,再跟一个换行符的行。查找结果是第 5 行的 Dan。
- b. /^[A-Z][a-z]*3[0-5]/ 查找所有以大写字母开头、后跟零个或多个小写字母或空格,再跟数字3和一个0~5之间的数字的行。查找结果是第2行。
- c. /[a-z]*\ / 查找包含跟在零个或多个小写字母后的句点的行。结果是第 1、2、7、8 行。
- d. /^ *[A-Z][a-z][a-z]\$/ 查找以零个或多个空格开头(注意: 制表符不算空格),后跟一个大写字母、两个小写字母和一个换行符的行。结果将是第 4 行的 Tom 和第 5 行的 Dan。
- e. /^[A-Za-z]*[^,][A-Za-z]*\$/ 查找以零个或多个大/小写字母开头,后跟一个非逗号的字符,再跟零个或多个大/小写字母和一个换行符的行。结果是第5行。

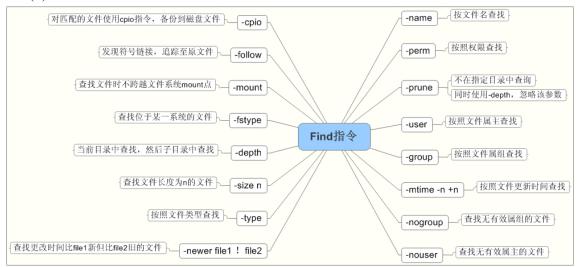
(共6页、第3页)

command结束符:"\" 后面的分号进行转义

find . -name "*. jpg" -exec \underline{rm} -fv $\{\}$ \;

找出以".jpg"结尾的文件> (rm -fv 进行删除操作)

- 三、 grep 和 find (20 分钟)
 - 1. 【重点】find (实例讲解、操作演示)
 - (1) 测试



- (2) 实例
 - find /etc -name passwd
 - find /home -user USER
 - find /home -size +2G -print
- (大表find过滤出来的以".jpg"结尾的文件 2. 【重点】grep (实例讲解、操作演示)
 - (1) 简介
 - 定义 Globally search a Regular Expression and Print (全局正则表达式打印)
 - 功能 在文件中搜索用户所指定的序列, 然后将结果打印出来
 - 用途 搜索文件或者在文件中进行查找
 - 结构 grep StringToSearchFor FileToSearch
 - (2) 选项



(3) 实例

命令	显示	
grep '[A-Z]' list	list 中包含一个大写字母的行	
grep '[0-9]' data	data 中包含数字的行	
grep '[A-Z][0-9]' list	list 中包含以大写字母开始、数字结尾的 5 个字符组合的行	
grep \.pic\$' filelist	filelist 中以.pic 结尾的行	

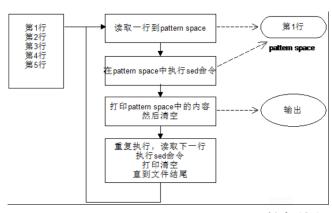
(共6页、第4页)

四、 文本处理命令 (5分钟)



五、 sed 和 AWK (40 分钟)

- 1 简介
 - sed: 处理纯文本流的文本编辑器
 - AWK: 一种输出格式化语言
 - 对象:已有文本(管道,命令,文本文件)
- 2. 【难点】sed (实例讲解、操作演示)
 - (1) 工作原理
 - (2) 定位
 - (3) 命令



(共6页、第5页)

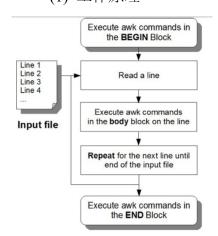
(4) 实例

- sed -n '1,3!p' 123.txt
- sed -n -e '/the/p' -e '/the/=' 123.txt
- sed 's/this/that/g' 123.txt
- echo "hello" | sed 's/\$/.txt/q'
- ls -1 | sed -n '1,3p'

命令	助记	说明	命令	说明
р	Print	打印匹配行		
=	_	显示匹配行的行号	n	第 n 行
d	Delete	删除匹配行	\$	最后一行
a\	Append	在指定行后面追加文本	m n	从第 m 行到第 n 行
i\	Insert	在指定行后面插入文本	m,n	
c\	Correct	用新文本替换指定行	/pattern/	包含指定模式的行
s	Substitute	替换命令	/pattern/,n	从包含指定模式的行到第 n 行
1	List	显示指定行中的所有字符	<u>-</u>	
r	Read	读取文件	n,/pattern/	从第 n 行到包含指定模式的行
W	Write	写入文件	/pattern1/,/pattern2/	从包含模式 1 的行到包含模式 2 的行
n	Next	读取指定行的下一行	, passeziiz, ,, passeziiz,	
q	Quit	退出 sed	!	反向选择,不包含指定行,如m,n!

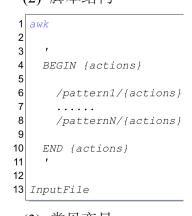
3. 【难点】AWK (实例讲解、操作演示)

(1) 工作原理



- ① 如果存在 BEGIN, awk 首先执行它指定的 actions
- ② awk 从输入中读取一行, 称为一条输入记录
- ③ awk 将读入的记录分割成数个字段,并将第一个字段放入变量 \$1 中,第二个放入变量 \$2 中,以此类推;\$0表示整条记录; 字段分隔符可以通过选项 -F 指定,否则使用缺省的分隔符。
- ④ 把当前输入记录依次与每一个 awk cmd 中 pattern 比较: 如果相匹配,就执行对应的 actions; jnu_simba 如果不匹配,就跳过对应的 actions,直到完成所有的 awk cmd
- ⑤ 当一条输入记录处理完毕后, <u>awk</u>读取输入的下一行, 重复上面的处理过程, 直到所有输入全部处理完毕。
- ⑥ awk 处理完所有的输入后, 若存在 END, 执行相应的 actions
- ⑦ 如果输入是文件列表, awk 将按顺序处理列表中的每个文件。

(2) 脚本结构





- (3) 常见变量
- (4) 记录与字段
- (5) 命令构成
 - 编辑命令 (一个、一组命令或一个命令文件)
 - 模式: 只编辑与模式相匹配的记录行; 没有提供模式时, 匹配所有行
 - 命令: 具体执行的编辑命令; 没有指定命令时, 打印整个记录行
 - 要编辑的数据(数据或数据文件)

(共6页、第6页)

(6) 实例

- awk '{print \$0}' 123.txt
- ls -l | awk '{if(\$1 !~ /^d/) {print \$0}}'
- awk '{printf("%03d %s\n", NR, \$0)}' ori.txt > dst.txt
- awk 'BEGIN{FS=" ";OFS="\t"}{print \$1,\$2} ori.txt > dst.txt

变量	描述
\$n	当前记录的第n个字段,字段间由FS分隔。
\$0	完整的输入记录。
ARGC	命令行参数的数目。
ARGIND	命令行中当前文件的位置(从0开始算)。
ARGV	包含命令行参数的数组。
CONVFMT	数字转换格式(默认值为%.6g)
ENVIRON	环境变量关联数组。
ERRNO	最后一个系统错误的描述。
FIELDWIDTHS	字段宽度列表(用空格键分隔)。
FILENAME	当前文件名。

FNR	同NR,但相对于当前文件。
FS	字段分隔符(默认是任何空格)。
IGNORECASE	如果为真,则进行忽略大小写的匹配。
NF	当前记录中的字段数。
NR	当前记录数。
OFMT	数字的输出格式(默认值是%.6g)。
OFS	输出字段分隔符(默认值是一个空格)。
ORS	输出记录分隔符(默认值是一个换行符)。
RLENGTH	由match函数所匹配的字符串的长度。
RS	记录分隔符(默认是一个换行符)。
RSTART	由match函数所匹配的字符串的第一个位置。
SUBSEP	数组下标分隔符(默认值是\034)。

六、 生物信息学中的应用 (5分钟)

- 1. 实例 (对命令进行逐一解析)
 - grep '>' file.fasta | wc -l
 - awk $'/^>/{s=++d".fa"}$ {print > s}' multi.fa
 - sed -n $1^4s/^0/p;2^4p$ file.fg > file.fa
 - cat file.txt | awk '\$1=="1"' |
 awk '\$3>=1000000' | awk '\$3<=2000000'</pre>
 - echo {A,C,T,G}{A,C,T,G}{A,C,T,G}
 - grep -c \$'\tgene\t' yourannots.gff3
 - grep -v '^#' GFF3 | cut -s -f 3 | sort | uniq
 - cut -f1,6 gene.bed | sort | uniq -c | sort -nr
 - cat myfile.fq | awk '((NR-2)%4==0) {read=\$1;total++;count[read]++}
 END{for(read in count) {if(!max||count[read]>max)
 {max=count[read];maxRead=read};if(count[read]==1) {unique++}};
 print total,unique,unique*100/total,maxRead,count[maxRead],
 count[maxRead]*100/total}'

七、 总结与答疑 (5分钟)

- 1. 知识点
 - 元字符:字符,字符集,量词,边界
 - 正则表达式: 构建, 解析
 - find: 常用测试, 日常使用
 - grep: 常用选项, 日常使用
 - 文本处理命令: cut, wc, sort, uniq, ...
 - sed: 工作原理, 定位方式, 编辑命令
 - AWK: 脚本结构, 工作原理, 常见变量, 记录, 字段
- 2. 技能
 - 解析并编写正则表达式
 - find 和 grep 的基本用法
 - 文本处理命令的日常应用
 - 使用 sed 和 AWK 处理文本
 - 正则表达式在 grep、sed 和 AWK 中的应用