SouthGreen bioinformatics platform

Modules de formation 2022

agap

Bioversity International

diade

PHIM

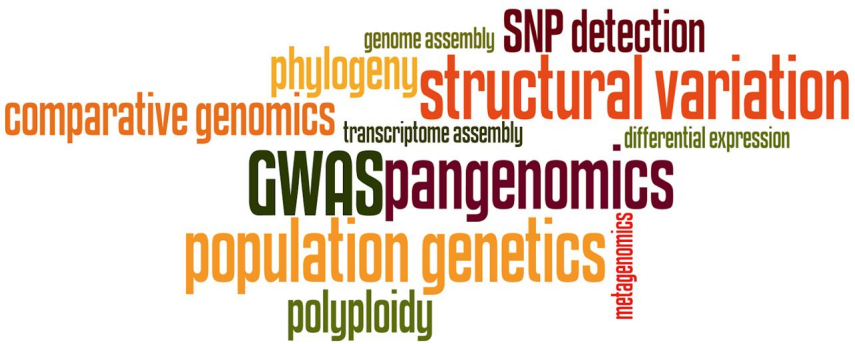
intertryp

MiVEGEC

TransVIHMI

SouthGreen bioinformatics platform

Bioinformatics platform dedicated to the genetics and genomics of tropical and Mediterranean plants and their pathogens




Rice

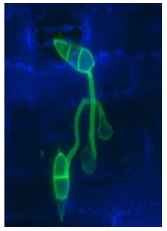

Banana


Palm


Sorghum


Coffee


Cassava


Magnaporthe

www.southgreen.fr

SouthGreen bioinformatics platform

Charte

eDiade

Larmande Pierre
Orjuela-Bouniol Julie
Sabot François
Tando Ndomassi
Tranchant-Dubreuil Christine

PHIM

Comte Aurore
Dereeper Alexis
Ravel Sébastien

agap

Bocs Stephanie
Boizet Alice
De Lamotte Frédéric
Droc Gaetan
Dufayard Jean-François
Hamelin Chantal
Martin Guillaume
Pitollat Bertrand
Ruiz Manuel
Sarah Gautier
Summo Marilyne

Bioversity International

Rouard Mathieu
Guignon Valentin
Catherine Breton

Intertryp

Sempere Guilhem

Bioversity International

cirad

IRD Institut de Recherche pour le Développement FRANCE

INRA SCIENCE & IMPACT

SouthGreen bioinformatics platform

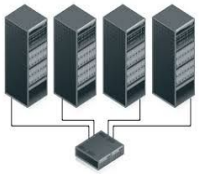
Workflow manager

TOGGLE
Toolbox for generic NGS analyses

SNAKEMAKE

Galaxy

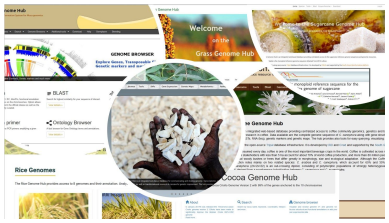
HPC and trainings….

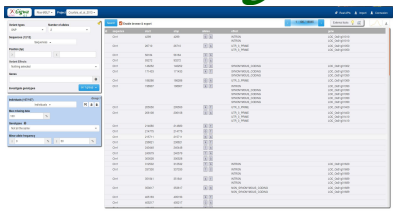


IRD Institut de Recherche pour le Développement

cirad

Genome Hubs & Information System

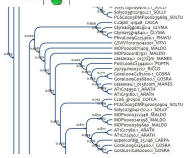




SNPs and Indels

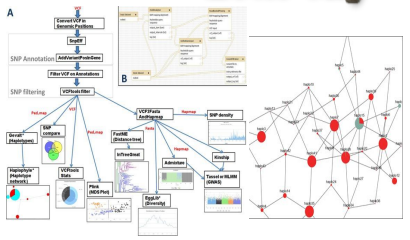
GreenPhyl

Family Id	Family Name	Number of sequences	Status
GP000010	Cytochrome P450 superfamily	6942	
GP000017	AP2/EREBP transcription factor family: ERF/DREB group (partial)	5142	
GP000020	NAC transcription factor family	4574	
GP000028	MADS transcription factor family		
GP000018	Haem peroxidase superfamily		
GP000066	General substrate transporter superfamily		
GP000022	Subtilisin-like Serine Proteases family		
GP000019	NPF, NRT1/PTR FAMILY		



Gene families

SNiPlay



https://github.com/SouthGreenPlatform

@green_bioinfo

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

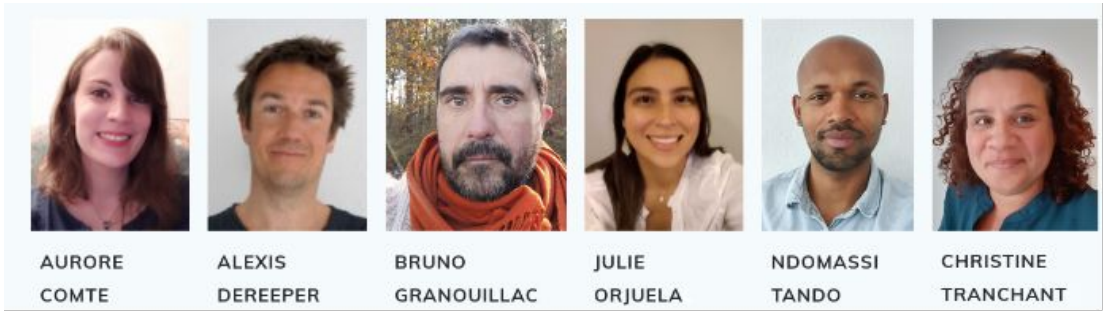
I-Trop

Plant & Health Bioinformatics Platform

Institut de Recherche pour le Développement FRANCE

EURO-QUALITY SYSTEM ISO 9001

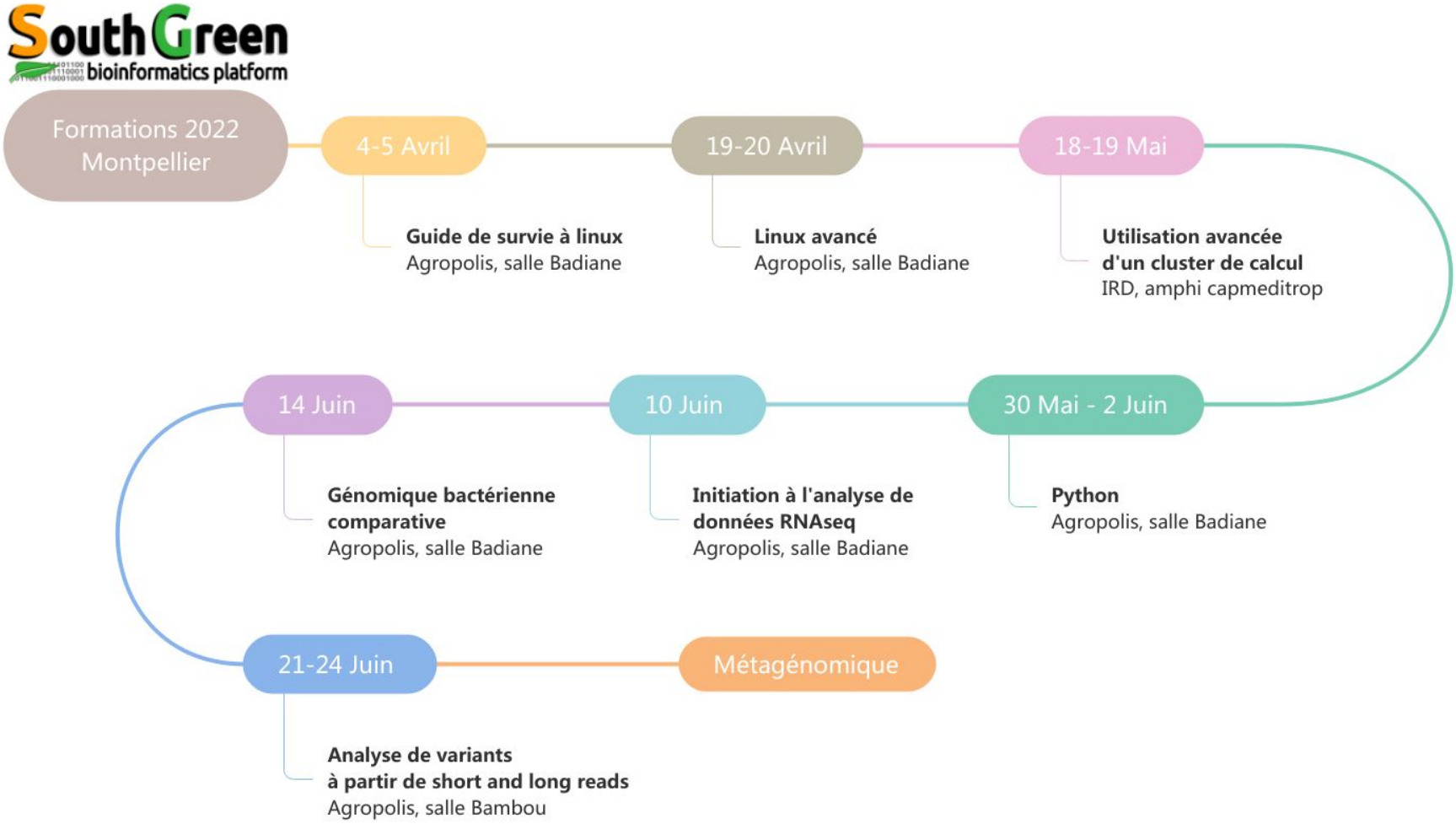
https://bioinfo.ird.fr/



AURORE COMTE	ALEXIS DEREEPER	BRUNO GRANOUILLAC	JULIE ORJUELA	NDOMASSI TANDO	CHRISTINE TRANCHANT
IE bioinfo	IE bioinfo	IE systèmes d'information	IE bioinfo	IE systèmes	IR bioinfo

bioinfo@ird.fr

@ItropBioinfo


Formations 2022
Montpellier
4-5 Avril
Guide de survie à linux
Agropolis, salle Badiane
19-20 Avril
Linux avancé
Agropolis, salle Badiane
18-19 Mai
Utilisation avancée
d'un cluster de calcul
IRD, amphi capmeditrop
30 Mai - 2 Juin
Python
Agropolis, salle Badiane
10 Juin
Initiation à l'analyse de
données RNAseq
Agropolis, salle Badiane
14 Juin
Génomique bactérienne
comparative
Agropolis, salle Badiane
21-24 Juin
Analyse de variants
à partir de short and long reads
Agropolis, salle Bambou
Métagénomique

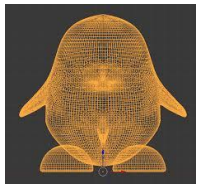
Modules de formation 2022

- Toutes nos formations :
  https://southgreenplatform.github.io/trainings/
- Topo & TP : Linux For Jedi
- Environnement de travail : Logiciels à installer

Linux Avancé

www.southgreen.fr

https://southgreenplatform.github.io/trainings



Objectifs du module

The objectif!

Optimiser vos analyses bioinformatiques sur un cluster en utilisant la puissance de Linux

Applications

- Travailler avec de larges volumes de données (eg.: fastq, bam, gff, vcf).
- Filtrer rapidement des fichiers volumineux pour par ex substituer un motif, filtrer sur la taille de séquence, sur un chromosome
- Modifier le contenu d'un fichier avec des outils puissants : ***sed***, ***awk***
- Réaliser rapidement la même action sur plusieurs fichiers
- Ecrire de simple scripts bash

SouthGreen bioinformatics platform

Rappel Commandes de Base

SouthGreen bioinformatics platform

Previously

pwd	Affiche le chemin (où je suis)
ls -alrt	Liste le contenu d'un répertoire
cd	Change de répertoire

SouthGreen bioinformatics platform

Previously

pwd	Affiche le chemin (où je suis)
ls -alrt	Liste le contenu d'un répertoire
cd	Change de répertoire

mkdir	Crée un répertoire
rmdir	Supprime un répertoire vide
rm	Supprime un fichier
rm -r	Supprime répertoire & fichiers
cp source cible	Copie/renomme
mv	Déplace un fichier/répertoire

SouthGreen bioinformatics platform

Previously

pwd	Affiche le chemin (où je suis)
ls -alrt	Liste le contenu d'un répertoire
cd	Change de répertoire

mkdir	Crée un répertoire
rmdir	Supprime un répertoire vide
rm	Supprime un fichier
rm -r	Supprime répertoire & fichiers
cp source cible	Copie/renomme
mv	Déplace un fichier/répertoire

cat	Affiche fichier (court)
less	Affiche fichier (long)
head/tail	Affiche début/fin fichier
wc -l	Compte nombre de lignes

SouthGreen bioinformatics platform

Previously

pwd	Affiche le chemin (où je suis)
ls -alrt	Liste le contenu d'un répertoire
cd	Change de répertoire

mkdir	Crée un répertoire
rmdir	Supprime un répertoire vide
rm	Supprime un fichier
rm -r	Supprime répertoire & fichiers
cp source cible	Copie/renomme
mv	Déplace un fichier/répertoire

(z)cat	Affiche fichier (court)
less	Affiche fichier (long)
head/tail	Affiche début/fin fichier
wc -l	Compte nombre de lignes

(z)grep -icv	rechercher un motif
cut -d -f	Extrait colonnes d'un fichier
sort -t -kgr	Trie une colonne d'un fichier
uniq	Garder les valeurs uniques

SouthGreen bioinformatics platform

Previously

pwd	Affiche le chemin (où je suis)
ls -alrt	Liste le contenu d'un répertoire
cd	Change de répertoire

mkdir	Crée un répertoire
rmdir	Supprime un répertoire vide
rm	Supprime un fichier
rm -r	Supprime répertoire & fichiers
cp source cible	Copie/renomme
mv	Déplace un fichier/répertoire

chmod	Change les droits
chown	Change le propriétaire
chgrp	Change le groupe

(z)cat	Affiche fichier (court)
less	Affiche fichier (long)
head/tail	Affiche début/fin fichier
wc -l	Compte nombre de lignes

(z)grep -icv	rechercher un motif
cut -d -f	Extrait colonnes d'un fichier
sort -t -kngr	Trie une colonne d'un fichier

SouthGreen bioinformatics platform

Previously

pwd	Affiche le chemin (où je suis)
ls -alrt	Liste le contenu d'un répertoire
cd	Change de répertoire

mkdir	Crée un répertoire
rmdir	Supprime un répertoire vide
rm	Supprime un fichier
rm -r	Supprime répertoire & fichiers
cp source cible	Copie/renomme
mv	Déplace un fichier/répertoire

chmod	Change les droits
chown	Change le propriétaire
chgrp	Change le groupe

find	rechercher un fichier

(z)cat	Affiche fichier (court)
less	Affiche fichier (long)
head/tail	Affiche début/fin fichier
wc -l	Compte nombre de lignes

(z)grep -icv	rechercher un motif
cut -d -f	Extrait colonnes d'un fichier
sort -t -kngr	Trie une colonne d'un fichier

history	**zcat, zgrep**
tar / gzip	Compresser, Décompresser
df -h	**du -sh**
wget	**ln -s**

SouthGreen bioinformatics platform

Previously

Caractères joker

*	N'importe quel caractère
[sb]	Caractère de l'ensemble

Previously

Caractères joker

*	N'importe quel caractère
[sb]	Caractère de l'ensemble

Redirection Entrées/sorties

>	>>	vers un fichier
|		vers une commande

SouthGreen bioinformatics platform

Previously

Caractères joker

*	N'importe quel caractère
[sb]	Caractère de l'ensemble

Redirection Entrées/sorties

>	>>	vers un fichier
|		vers une commande

Interagir avec les processus

<Ctrl> + C	Arrêter le processus en cours sous le terminal

Previously

Caractères joker

*	N'importe quel caractère
[sb]	Caractère de l'ensemble

Redirection Entrées/sorties

>	>>	vers un fichier
|		vers une commande

Interagir avec les processus

<Ctrl> + C	Arrêter le processus en cours sous le terminal

Tab completion

<Tab>	Complète automatiquement le nom d'un fichier/ répertoire qui est en cours de saisie (choix unique)
<Tab><Tab>	Affiche la liste des différentes possibilités si le choix n'est pas unique

SouthGreen bioinformatics platform

Previously

Interagir avec l'historique de commandes

Flèche bas/haut	Afficher la commande précédente/suivante Presser plusieurs fois pour naviguer dans l'historique
<Ctrl> + R	Afficher la dernière commande qui contient les caractères saisis. Presser les touches et commencer à taper la commande recherchée

SouthGreen bioinformatics platform

Previously

Interagir avec l'historique de commandes

Flèche bas/haut Afficher la commande précédente/suivante
Presser plusieurs fois pour naviguer dans l'historique

<Ctrl> + R Afficher la dernière commande qui contient les caractères saisis.
Presser les touches et commencer à taper la commande recherchée

Nomenclature fichiers

- Linux = sensible à la casse
- PAS d'espaces, accents et caractères spéciaux **& ~ # " ' { ([| ` \ ^ @)] } $ * % ! / ; , ?**
- Suffixe des noms de fichiers (.txt, . fasta, .fa, .fq etc.) optionnel

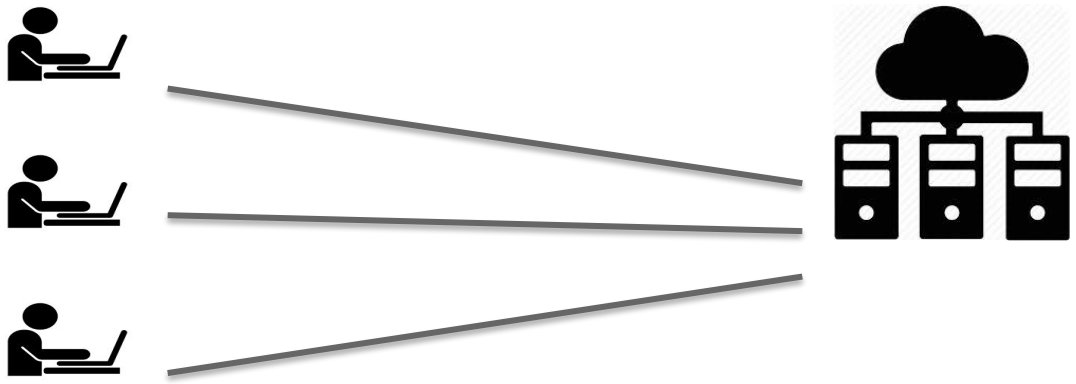
SouthGreen bioinformatics platform

Environnement de travail

Comment travailler sur le serveur ?

Comment travailler sur le serveur ?

En se connectant sur un serveur linux distant de son ordinateur via le ***protocole ssh***



HPC South Green

- itrop (IRD)

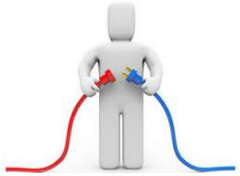
bioinfo-inter.ird.fr

Environnement de travail

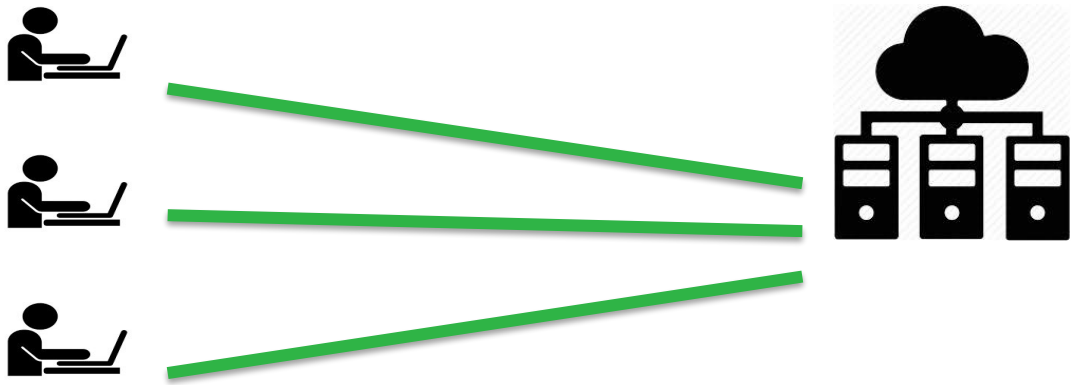
Comment transférer un fichier de son PC sur le serveur ?

Comment éditer un fichier à distance ?

Copier un fichier de son PC sur le serveur ?



- En se connectant sur un serveur linux distant de son ordinateur via le ***protocole sftp***



HPC South Green

- itrop (IRD) **bioinfo-nas.ird.fr**

Practice

mobaXterm
terminal, ssh

qrsh, cd, mkdir

1

Go to Practice 1 *&* Practice 2 *on our github*

Process monitoring

commande w, ps, kill, top

SouthGreen bioinformatics platform

Comment suivre l'activité sur un serveur ?

w *affiche les utilisateurs et les processus associés*

```
[tranchant@master0 ~]$ w
 16:27:57 up 129 days,  5:28, 27 users,  load average: 0,20, 0,25, 0,23
USER     TTY      FROM              LOGIN@   IDLE    JCPU   PCPU    WHAT
klein    pts/5    10.21.129.115     lun.17   1:38m   10.57s  9.93s   qrsh -pe ompi 8
escobar  pts/7    10.23.128.31      14:37    46:05   0.22s   0.09s   ssh node20
daron    pts/8    10.21.141.158     mer.12   1:17m   3:43    10.21s  -bash
tranchan pts/9    ngo34-1-78-210-1 09:16    31:01   1.69s   1.55s  qrsh -pe ompi 12
```

- Nom utilisateur
- Connecté depuis
- Temps cumulé par tous les ps
- Temps cumulé par le ps actif
- ps en cours

SouthGreen bioinformatics platform

Comment suivre l'activité sur une serveur ?

ps *liste les processus en train de tourner*

`ps -uax` affiche la liste de tous les processus associés à chaque utilisateur

```
[tranchant@node10 ~]$ ps aux | head -4
USER        PID %CPU %MEM    VSZ   RSS TTY      STAT START   TIME COMMAND
trancha+   1272  0.0  0.0 116768  3376 pts/2    Ss   09:52   0:00 -bash
trancha+   3753  0.0  0.0 139512  1680 pts/2    R+   10:34   0:00 ps au
mariac    26118  197  9.1 4598024 4514192 pts/0 RNl+ 07:34 356:07 sniffles …
```

Etat du processus

R	running
S	sleeping
T	Stopped
Z	Zombie

SouthGreen bioinformatics platform

Comment suivre l'activité sur un serveur ?

top *liste les processus en train de tourner*

```
top - 16:44:51 up 156 days, 23:10,  1 user,  load average: 10,37, 9,80, 9,71
Tasks: 200 total,   3 running, 197 sleeping,   0 stopped,   0 zombie
%Cpu(s):  0,0 us,  0,1 sy, 88,5 ni, 11,5 id,  0,0 wa,  0,0 hi,  0,0 si,  0,0 st
KiB Mem : 65774384 total, 42442784 free,  1907228 used, 21424372 buff/cache
KiB Swap:  8388604 total,  5512296 free,  2876308 used. 62871460 avail Mem

  PID USER      PR  NI    VIRT    RES    SHR S  %CPU %MEM     TIME+ COMMAND
18905 daron     30  10  916508 307308    976 R 960,8  0,5  51:38.57 admixture
 3446 daron     30  10 1130556 937640   2584 R 100,0  1,4 308:00.92 treemix
19307 trancha+  20   0  146164   2124   1424 R   0,3  0,0   0:00.02 top
22389 root      20   0       0      0      0 S   0,3  0,0   0:00.17 kworker/10:2
```

c → Afficher la commande complète en exécution

V → Afficher en mode arborescence

M,P -> Trier les ps par %mem et %cpu

1 → Afficher l'activité CPU (une ligne/CPU)

u → Faire une recherche sur un utilisateur en particulier

i → Ne pas afficher les tâches inactives (idle)

q → pour quitter

SouthGreen bioinformatics platform

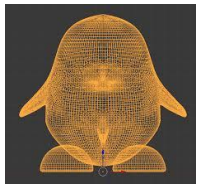
Comment supprimer un processus ?

kill -9 PID *tuer un processus*

```
[tranchant@master0 ~]$ ps aux | grep "tranchant"
tranchant   20999  0.0  0.0 116748  3532 pts/1    Ss+  13:24   0:00 -bash
tranchant   21669  0.0  0.0 176384 22752 pts/1    R    13:33   0:00 perl
toggleGenerator.pl -d /data3/projects/riceAnnot/TOG5681/Illumina/

[tranchant@master0 ~]$kill -9 21669
```

Lancer plusieurs commandes simultanément



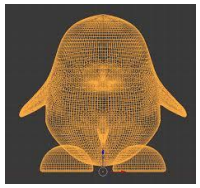
Comment lancer plusieurs commandes successives

Lancer plusieurs commandes en une ligne

;	cmd2 exécutée une fois la cmd1 finie	`cmd1 ; cmd2`
&&	cmd2 exécutée uniquement si cmd1 correctement finie	`cmd1 && cmd2`

```
wget linux.tar.gz && tar -zxvf linux.tar.gz
```

SouthGreen bioinformatics platform



Comment lancer plusieurs ps en même temps ?

Lancer un processus en “arrière plan”

&	Lancer un processus en arrière plan	`cmd1 &`
jobs	Connaître les processus qui tournent en arrière-plan	`jobs`
fg	Récupérer un processus au premier plan	`fg <job_number>`
bg	Envoyer un processus en arrière plan	`bg <job_number>`
nohup	“Détacher” le processus de la console. Fonctionne même quand la console est fermée, si deconnexion	`nohup cmd1 &`
Ctrl + Z	Stopper un processus	

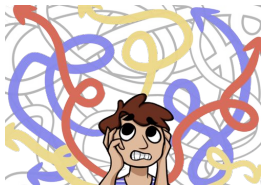
SouthGreen bioinformatics platform

Practice

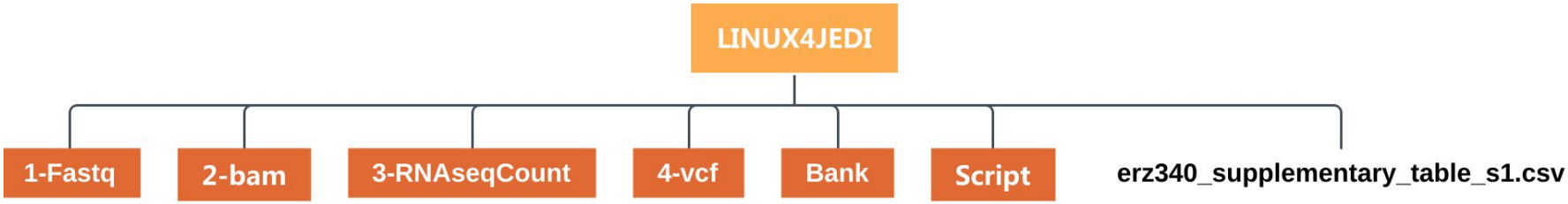
&&

3

Go to Practice 3 on our github



kezako ces données ?



RESEARCH PAPER

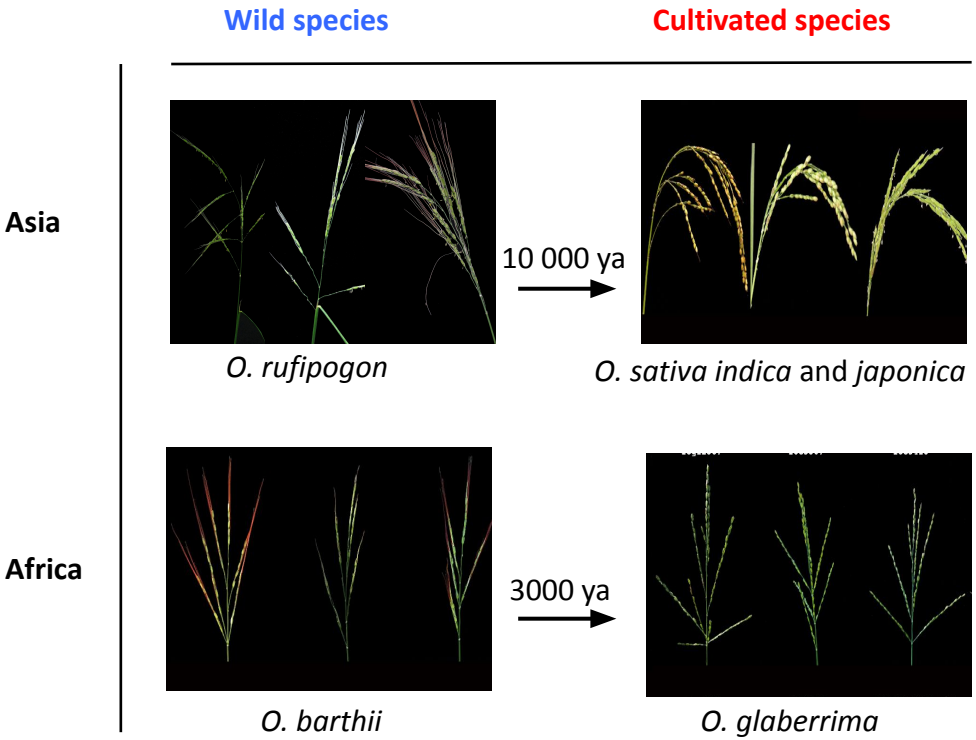
A set of *AP2*-like genes is associated with inflorescence branching and architecture in domesticated rice

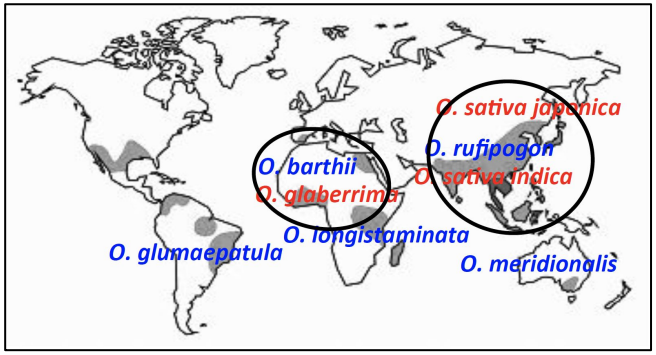
Thomas W. R. Harrop[1], Otho Mantegazza[2], Ai My Luong[2], Kevin Béthune[2], Mathias Lorieux[3], Stefan Jouannic[2] and Hélène Adam[2,*]

https://academic.oup.com/jxb/article/70/20/5617/5538968

Panicle branching diversity and the 2 processes of rice domestication

Thomas Harrop, Otho Mantegazza, Ai My Luong, Mathias Lorieux, Kevin Bethune, Stefan Jouannic, **Hélène Adam**

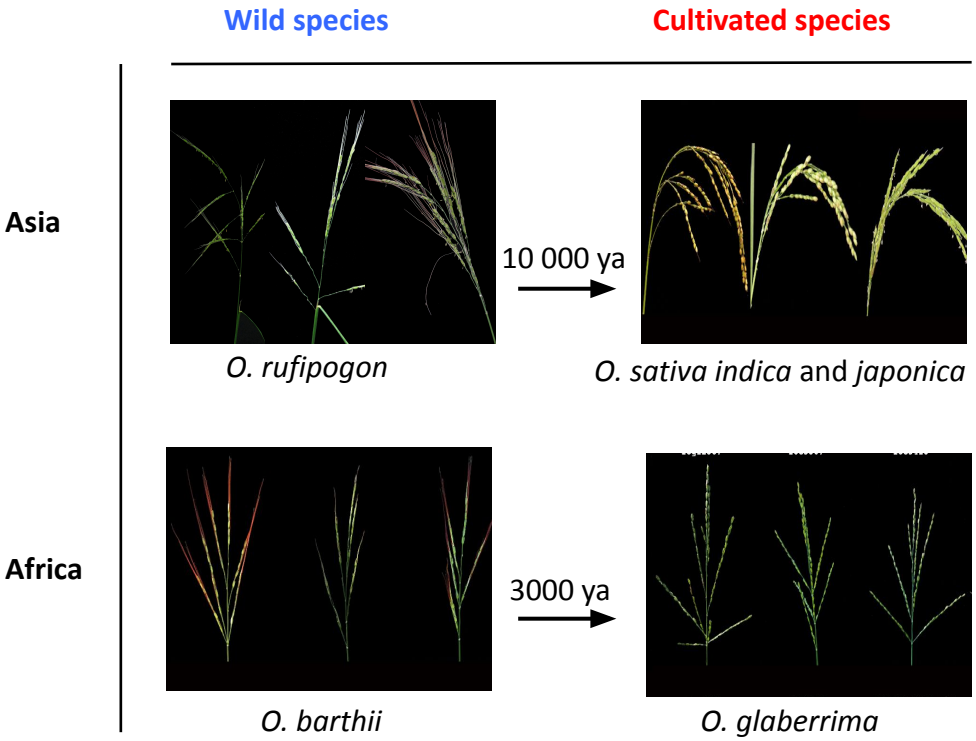


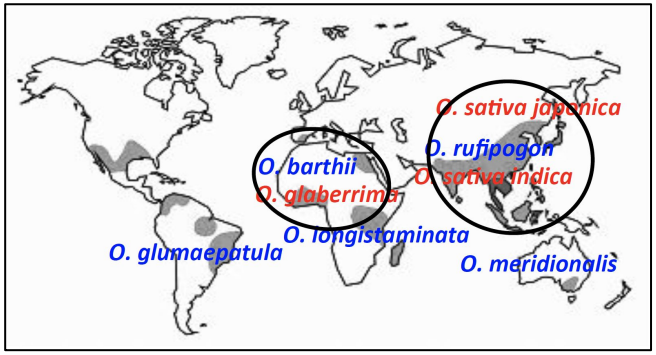


From H. Adam

Panicle branching diversity and the 2 processes of rice domestication

Thomas Harrop, Otho Mantegazza, Ai My Luong, Mathias Lorieux, Kevin Bethune, Stefan Jouannic, **Hélène Adam**

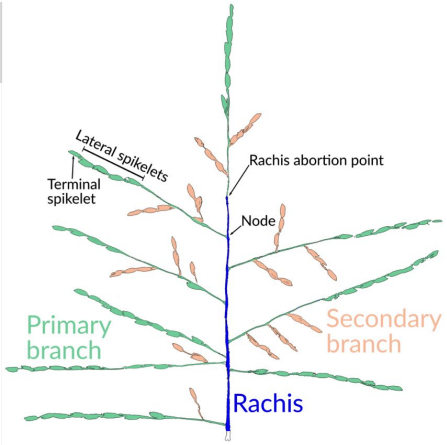


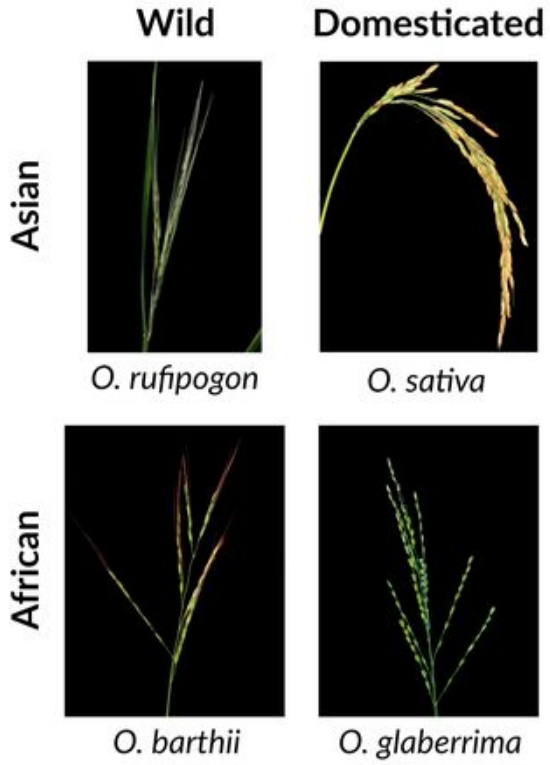


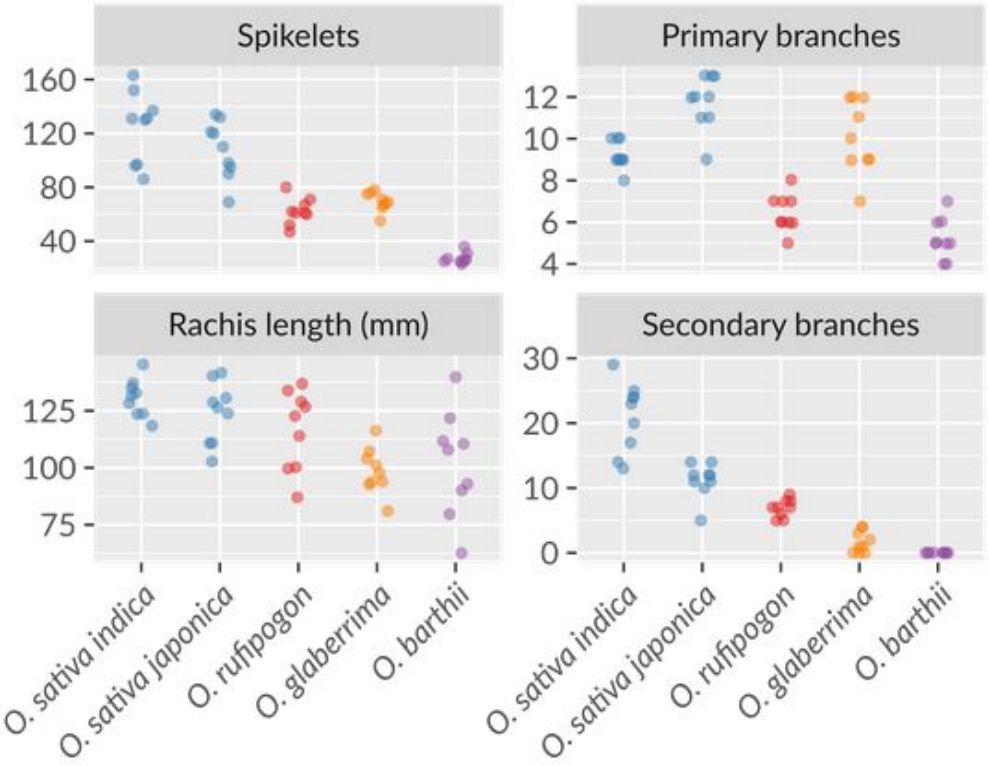
- **What are the molecular mechanisms related to panicle branching complexity ?**
- **In which way they explain the diversity of panicle branching observed between these 4 species?**

From H. Adam

Panicle architecture diversity







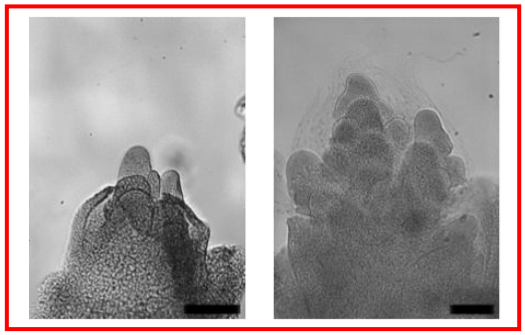
From H. Adam

Several approaches

- Panicle morphological traits related to panicle diversity - 90 African and Asian rice accessions

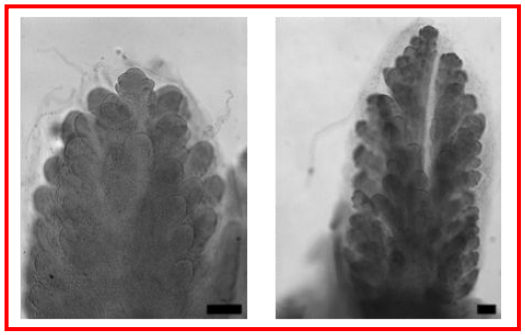
- **Molecular mechanisms related to panicle branching diversity?**

Whole transcriptome RNA sequencing
of **indeterminate** vs **determinate** stages of young inflorescences in the 4 species



primary and higher order branches initiation and formation **(IM)**

VS



Spikelet/floret differentiation **(DM)**

From H. Adam

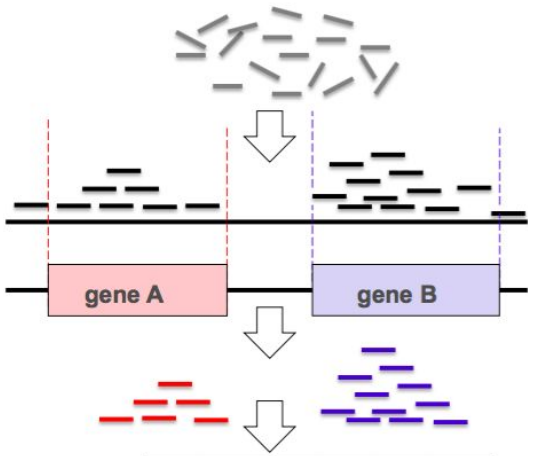
Several approaches

- Panicle morphological traits related to panicle diversity - 90 African and Asian rice accessions

- **Molecular mechanisms related to panicle branching diversity?**

Whole transcriptome RNA sequencing
of **indeterminate** vs **determinate** stages of young inflorescences in the 4 species

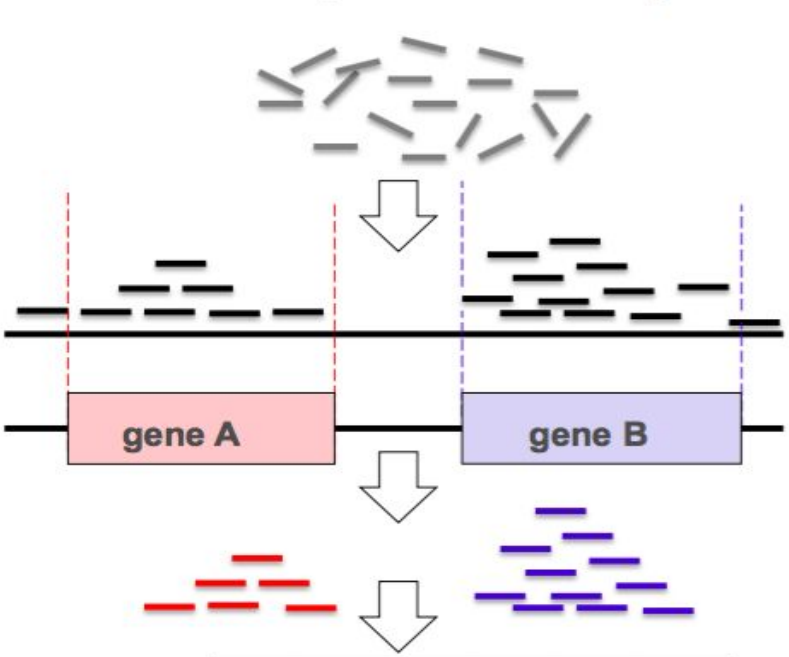
RNA-seq data analysis:



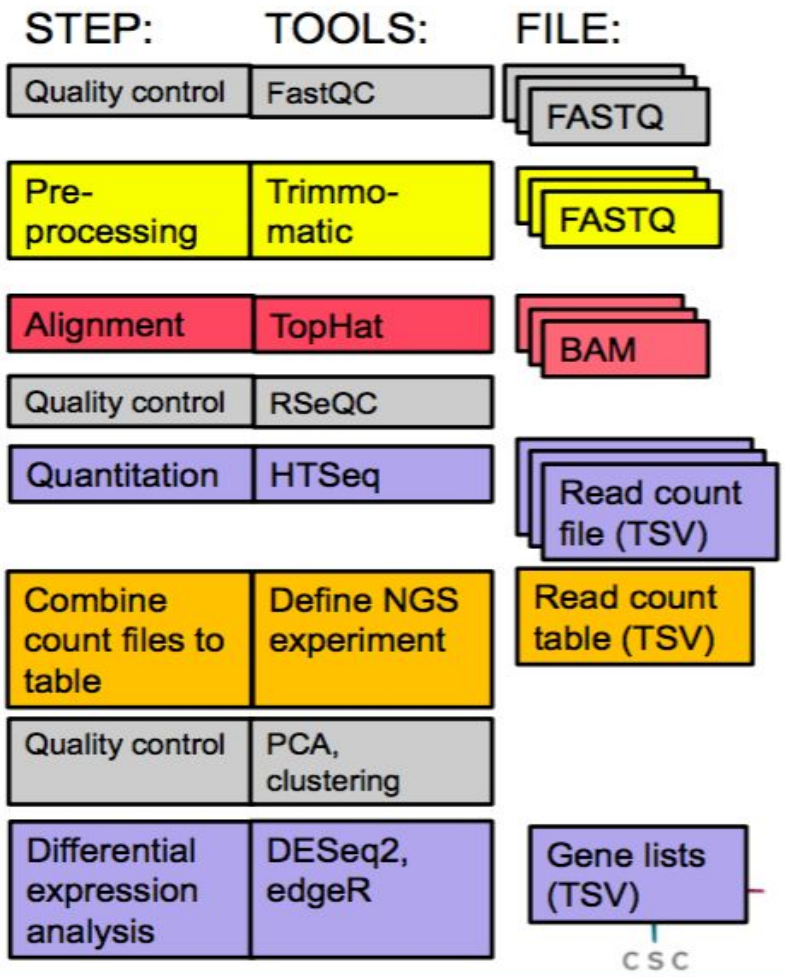
	Control 1	Control 2	Control 3	Sample 1	Sample 2	Sample 3
Gene A	6	5	7	17	10	11
Gene B	11	11	10	3	4	2
Gene C	200	150	355	50	1	3
Gene D	0	1	0	2	0	1

- Mapping vs genome reference (*O. sativa japonica*)
- Exploring/ PCA analysis
- DESeq analysis
- Correlation with phenotype

RNA-seq data analysis : typical steps



	Control 1	Control 2	Control 3	Sample 1	Sample 2	Sample 3
Gene A	6	5	7	17	10	11
Gene B	11	11	10	3	4	2
Gene C	200	150	355	50	1	3
Gene D	0	1	0	2	0	1



Practice

w

ps

kill

top

4

Go to Practice 4 on our github

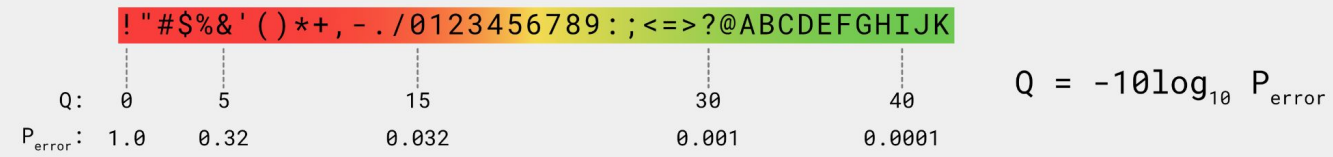
What is a fastq file ?

1 séquence = 4 lignes

FASTQ file sample:

```
@SRR6407486.1 1 length=100
CCTCGTCTACAGCGACAACGTCCAGACCCGCGAACGGGTGATGCGGGCCCTGGGCAAACGGTTGCACCCGGATCTGCCCGATTTGACCTACGTCGAAGTG
+SRR6407486.1 1 length=100
BBBBBFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFF<FFFFFFFFFFFFFFFFBFFFFFFFFFFFFFFFFFFFBFFFFFFFFFFF7FFFF<FF
```

Quality scores as ASCII characters:

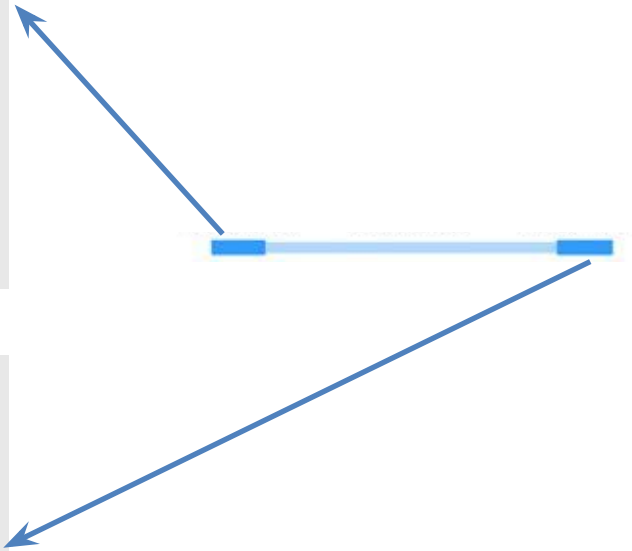


https://gencoded.com/index.php/2020/05/20/fastq-format-an-overview/

Illumina paire-end

==> T_1.fq <==
@H4:C399DACXX:7:1101:1551:33084/1
CTATAACTAAGTAAAACAGCAGAATATGTGCTTAACGACATCTAAGTTAAGATTACATCAAAC
ACAACATGATTATTTTGCACAATGTAATTACCATGAGC
+
@@BFFFFFGHFFFHEGDHIIFIIJGJGIIIJJJJJJJEHGGGICEGD<DGIHII@FDEGCBHIIJGJJJGIE
HEFEEHFDEFFFDEEEEFDFEDDDDCCAC
@H4:C399DACXX:7:1101:1598:2675/1
AAATATATAAATTTATAGAGTATAGAAATTTGTTGTATGAGACTTTAATATTTATGAATTTGTAA
TGCGAGACTTTTATGGAAATTTCAAGGGCATGGAAG
+
@@CFFFFFH8FFHIDHIFIC<EHIHH>?FHIECEHBHHAEG?EGGEGHICGHIGIIE:F?DHFEHIIIIG
GFECF7@GHGBCH>EHFHB>C@DACECBCCC
@H4:C399DACXX:7:1101:1627:23379/1
AAATTTCTAGCTTTTTCGTTACATCATTTTAATTTCAACAAAACTTTCAATTTTGACGTGAACTA
AACATTCCAGAATGATCAGCTGCTGGGCAAAACCGT

==> T_2.fq <==
@H4:C399DACXX:7:1101:1551:33084/2
GAAAGACATCAACAAAAACATTTTCTTGTCAGTGAGACAGAATTTTGATCCCAAGATCGGTGC
TTGATGCCTTGCACAGTACAACAATATGCAAATTCTTT
+
@CCFFDFFDFHHHGIJGJJJJGIGIIGGGGGIHIJIJJIJGII9FGGIFHGHIIJIJJIIJGIEIJGDIHGFFHG
DDFFDCCEEED?CCCDDD@ACDDDDD
@H4:C399DACXX:7:1101:1598:2675/2
TATATAAAATTAGCATTATATGAAAGTACTTCAAAATTTGAATCTAGTGATATAACATGCATAA
CACTTAGTATAGATATAGTTAGTATGACTATTAGTAA
+
@@@FFDFBF?FDDHGI@B<CIGIJ9EC>EHJHGIGCFHJIGCHIIIJFECFHIDDHIIGGGIIDEJGIHII
JIIGEC@FGGG=CGHJEIC>C>CEEFE@CE
@H4:C399DACXX:7:1101:1627:23379/2
GTTCACACTAAACTGATACAGTGCAGTGCAGTTAAATACTACTATATTAATACGACACCACGA
TGATTCCAGCCGACCCGTGAACCAGAAATTCAGAATCG



Practice

w

ps

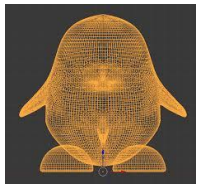
kill

top

4

Go to Practice 4 on our github

Expression Régulière (ER)



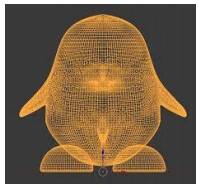
Commande grep

grep *pour rechercher un motif dans un fichier*

```
[tranchant@node10 Bank]$  grep "gene" all.gff3 | head -3
Chr1 MSU_osa1r7     gene 2903 10817     .    +    .
ID=LOC_Os01g01010;Name=LOC_Os01g01010;Note=TBC%20domain%20containing%20protein%2C%20expressed
Chr1 MSU_osa1r7     gene 11218     12435     .    +    .
ID=LOC_Os01g01019;Name=LOC_Os01g01019;Note=expressed%20protein
Chr1 MSU_osa1r7     gene 12648     15915     .    +    .
ID=LOC_Os01g01030;Name=LOC_Os01g01030;Note=monocopper%20oxidase%2C%20putative%2C%20expressed

[tranchant@node10 Bank]$  grep "gene" all.gff3 | tail -3
ChrSy     MSU_osa1r7     mRNA 589676    589999    .    +    .
ID=ChrSy.fgenesh.mRNA.89;Parent=ChrSy.fgenesh.gene.89;Name=ChrSy.fgenesh.mRNA.89
ChrSy     MSU_osa1r7     CDS  589676    589999    11.35     +    0
ID=ChrSy.fgenesh.CDS.327;Parent=ChrSy.fgenesh.mRNA.89;score=11.35
ChrSy     MSU_osa1r7     exon 589676    589999    11.35     +    .
ID=ChrSy.fgenesh.exon.327;Parent=ChrSy.fgenesh.mRNA.89;score=11.35
```

SouthGreen bioinformatics platform



Commande grep

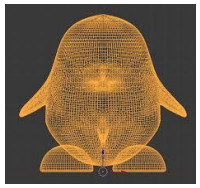
grep *pour rechercher un motif dans un fichier*

```
[tranchant@node10 Bank]$  grep "gene" all.gff3 | head -3
Chr1 MSU_osa1r7     gene 2903 10817     .    +    .
ID=LOC_Os01g01010;Name=LOC_Os01g01010;Note=TBC%20domain%20containing%20protein%2C%20expressed
Chr1 MSU_osa1r7     gene 11218     12435     .    +    .
ID=LOC_Os01g01019;Name=LOC_Os01g01019;Note=expressed%20protein
Chr1 MSU_osa1r7     gene 12648     15915     .    +    .
ID=LOC_Os01g01030;Name=LOC_Os01g01030;Note=monocopper%20oxidase%2C%20putative%2C%20expressed

[tranchant@node10 Bank]$  grep "gene" all.gff3 | tail -3
ChrSy     MSU_osa1r7     mRNA 589676    589999    .    +    .
ID=ChrSy.fgenesh.mRNA.89;Parent=ChrSy.fgenesh.gene.89;Name=ChrSy.fgenesh.mRNA.89
ChrSy     MSU_osa1r7     CDS  589676    589999    11.35     +    0
ID=ChrSy.fgenesh.CDS.327;Parent=ChrSy.fgenesh.mRNA.89;score=11.35
ChrSy     MSU_osa1r7     exon 589676    589999    11.35     +    .
ID=ChrSy.fgenesh.exon.327;Parent=ChrSy.fgenesh.mRNA.89;score=11.35
```

grep -E "gene\s" all.gff3

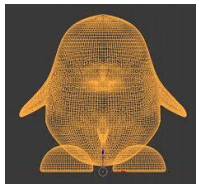
SouthGreen bioinformatics platform



Expression Régulière

Rechercher un motif (pattern) dans une chaine de caractère /MOTIF/

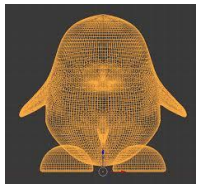
site restriction *EcoRI*	ATCGCGAATTCAC	/ATCGCGAATTCAC/
site *AvaII*	GGACC ou GGTCC	/GGACC|GGTCC/
		/GG[AT]CC/
site restriction BisI	GCNGC	?



Expression Régulière

Rechercher un motif (pattern) dans une chaine de caractère /MOTIF/

site restriction *EcoRI*	ATCGCGAATTCAC	/ATCGCGAATTCAC/
site *AvaII*	GGACC ou GGTCC	/GGACC|GGTCC/
		/GG[AT]CC/
site restriction *BisI*	GCNGC	/GC[ACGT]GC/

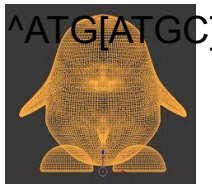


Expression Régulière

Rechercher un motif (pattern) dans une chaine de caractère /MOTIF/

site restriction *EcoRI*	ATCGCGAATTCAC	/ATCGCGAATTCAC/
site *AvaII*	GGACC ou GGTCC	/GGACC|GGTCC/
		/GG[AT]CC/
site restriction *BisI*	GCNGC	/GC[ACGT]GC/

SouthGreen bioinformatics platform



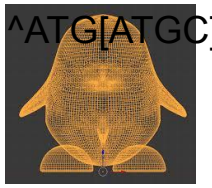
Expression Régulière

^ATG[ATGC]{30,1000}A{5,10}$

Rechercher un motif (pattern) dans une chaine de caractère /MOTIF/

Motif avec une base T présente 3 à n fois	GATC GATTC …	/A{3,}/
Motif avec une base T présente 0 à 7 fois	GAC GATC GATTC …	/T{,7}/
Motif présent en début de chaine	AAAGGG	**^AAA**
Motif présent en fin de chaine	AAAGGG	**GGG$**

SouthGreen bioinformatics platform



Expression Régulière

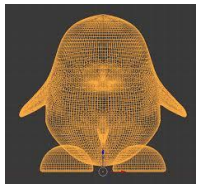
Rechercher un motif (pattern) dans une chaine de caractère /MOTIF/

Motif avec une base T présente 3 à n fois	GATC GATTC …	/A{3,}/
Motif avec une base T présente 0 à 7 fois	GAC GATC GATTC …	/T{,7}/
Motif présent en début de chaine	AAAGGG	**^AAA**
Motif présent en fin de chaine	AAAGGG	**GGG$**

^ATG[ATGC]{30,1000}A{5,10}$

^ATG[ATGC]{30,1000}A{5,10}$

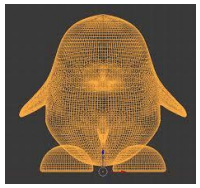
SouthGreen bioinformatics platform



Expression régulière ou rationnelle

Motif qui décrit un ensemble de chaînes de caractères possibles permettant de faire des sélections

SouthGreen bioinformatics platform



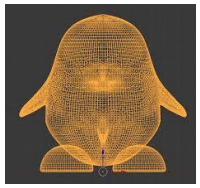
Expression régulière ou rationnelle

Chaîne de caractères qui décrit un ensemble de chaînes de caractères possibles permettant de faire des sélections

Communes aux ERs basiques et *étendues*

^	début de ligne	*^LOC1*
$	fin de ligne	LOC1$
.	n'importe quel caractère	^L.C1
*	0 à n fois	ATCA*T
[...]	plage de caractères permis	[ATGC]
[^...]	plage de caractères interdits	[^ATGC]

SouthGreen bioinformatics platform



Expression régulière ou rationnelle

[0-9]	N'importe quel chiffre
[a-z]	N'importe quelle lettre en minuscule
[^A-Z]	N'importe quel caractère excepté une lettre en majuscule
[a-zA-Z]	N'importe quelle lettre en minuscule ou majuscule
\s	espace
\t	tabulation

Practice

5

Go to Practice 5 on our github

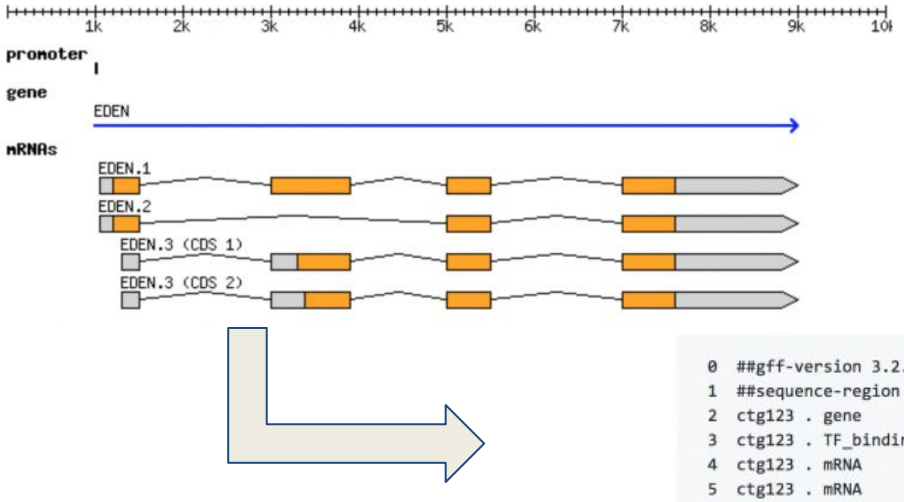
Practice

grep -E

6

Go to Practice 6 on our github

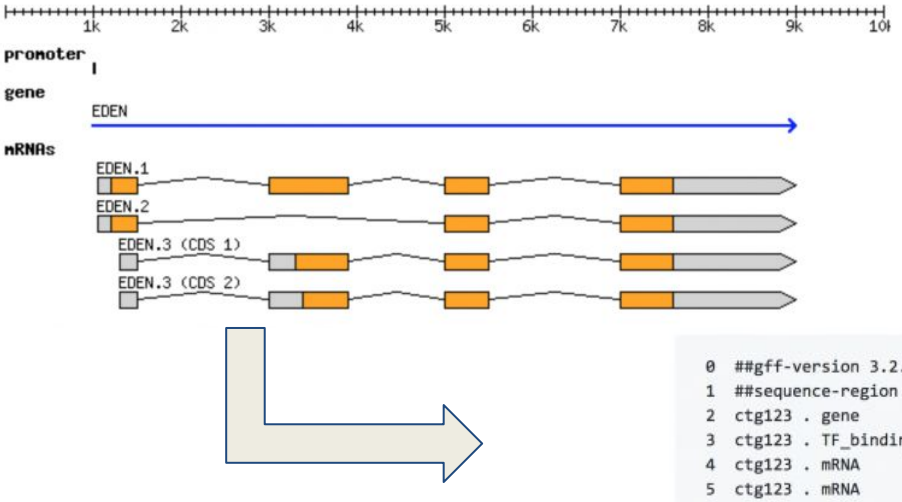
What is a gff file ?



same information can be represented in GFF3 format:

```
 0  ##gff-version 3.2.1
 1  ##sequence-region ctg123 1 1497228
 2  ctg123 . gene            1000  9000  .  +  .  ID=gene00001;Name=EDEN
 3  ctg123 . TF_binding_site 1000  1012  .  +  .  ID=tfbs00001;Parent=gene00001
 4  ctg123 . mRNA            1050  9000  .  +  .  ID=mRNA00001;Parent=gene00001;Name=EDEN.1
 5  ctg123 . mRNA            1050  9000  .  +  .  ID=mRNA00002;Parent=gene00001;Name=EDEN.2
 6  ctg123 . mRNA            1300  9000  .  +  .  ID=mRNA00003;Parent=gene00001;Name=EDEN.3
 7  ctg123 . exon            1300  1500  .  +  .  ID=exon00001;Parent=mRNA00003
 8  ctg123 . exon            1050  1500  .  +  .  ID=exon00002;Parent=mRNA00001,mRNA00002
 9  ctg123 . exon            3000  3902  .  +  .  ID=exon00003;Parent=mRNA00001,mRNA00003
10  ctg123 . exon            5000  5500  .  +  .  ID=exon00004;Parent=mRNA00001,mRNA00002,mRNA00003
11  ctg123 . exon            7000  9000  .  +  .  ID=exon00005;Parent=mRNA00001,mRNA00002,mRNA00003
12  ctg123 . CDS             1201  1500  .  +  0  ID=cds00001;Parent=mRNA00001;Name=edenprotein.1
13  ctg123 . CDS             3000  3902  .  +  0  ID=cds00001;Parent=mRNA00001;Name=edenprotein.1
14  ctg123 . CDS             5000  5500  .  +  0  ID=cds00001;Parent=mRNA00001;Name=edenprotein.1
15  ctg123 . CDS             7000  7600  .  +  0  ID=cds00001;Parent=mRNA00001;Name=edenprotein.1
16  ctg123 . CDS             1201  1500  .  +  0  ID=cds00002;Parent=mRNA00002;Name=edenprotein.2
17  ctg123 . CDS             5000  5500  .  +  0  ID=cds00002;Parent=mRNA00002;Name=edenprotein.2
18  ctg123 . CDS             7000  7600  .  +  0  ID=cds00002;Parent=mRNA00002;Name=edenprotein.2
19  ctg123 . CDS             3301  3902  .  +  0  ID=cds00003;Parent=mRNA00003;Name=edenprotein.3
20  ctg123 . CDS             5000  5500  .  +  1  ID=cds00003;Parent=mRNA00003;Name=edenprotein.3
21  ctg123 . CDS             7000  7600  .  +  1  ID=cds00003;Parent=mRNA00003;Name=edenprotein.3
22  ctg123 . CDS             3391  3902  .  +  0  ID=cds00004;Parent=mRNA00003;Name=edenprotein.4
23  ctg123 . CDS             5000  5500  .  +  1  ID=cds00004;Parent=mRNA00003;Name=edenprotein.4
24  ctg123 . CDS             7000  7600  .  +  1  ID=cds00004;Parent=mRNA00003;Name=edenprotein.4
```

What is a gff file ?



same information can be represented in GFF3 format:

```
0  ##gff-version 3.2.1
1  ##sequence-region ctg123 1 1497228
2  ctg123 . gene            1000  9000  .  +  .  ID=gene00001;Name=EDEN
3  ctg123 . TF_binding_site 1000  1012  .  +  .  ID=tfbs00001;Parent=gene00001
4  ctg123 . mRNA            1050  9000  .  +  .  ID=mRNA00001;Parent=gene00001;Name=EDEN.1
5  ctg123 . mRNA            1050  9000  .  +  .  ID=mRNA00002;Parent=gene00001;Name=EDEN.2
6  ctg123 . mRNA            1300  9000  .  +  .  ID=mRNA00003;Parent=gene00001;Name=EDEN.3
7  ctg123 . exon            1300  1500  .  +  .  ID=exon00001;Parent=mRNA00003
8  ctg123 . exon            1050  1500  .  +  .  ID=exon00002;Parent=mRNA00001,mRNA00002
9  ctg123 . exon            3000  3902  .  +  .  ID=exon00003;Parent=mRNA00001,mRNA00003
10 ctg123 . exon            5000  5500  .  +  .  ID=exon00004;Parent=mRNA00001,mRNA00002,mRNA00003
11 ctg123 . exon            7000  9000  .  +  .  ID=exon00005;Parent=mRNA00001,mRNA00002,mRNA00003
12 ctg123 . CDS             1201  1500  .  +  0  ID=cds00001;Parent=mRNA00001;Name=edenprotein.1
13 ctg123 . CDS             3000  3902  .  +  0  ID=cds00001;Parent=mRNA00001;Name=edenprotein.1
14 ctg123 . CDS             5000  5500  .  +  0  ID=cds00001;Parent=mRNA00001;Name=edenprotein.1
15 ctg123 . CDS             7000  7600  .  +  0  ID=cds00001;Parent=mRNA00001;Name=edenprotein.1
16 ctg123 . CDS             1201  1500  .  +  0  ID=cds00002;Parent=mRNA00002;Name=edenprotein.2
17 ctg123 . CDS             5000  5500  .  +  0  ID=cds00002;Parent=mRNA00002;Name=edenprotein.2
18 ctg123 . CDS             7000  7600  .  +  0  ID=cds00002;Parent=mRNA00002;Name=edenprotein.2
19 ctg123 . CDS             3301  3902  .  +  0  ID=cds00003;Parent=mRNA00003;Name=edenprotein.3
20 ctg123 . CDS             5000  5500  .  +  1  ID=cds00003;Parent=mRNA00003;Name=edenprotein.3
21 ctg123 . CDS             7000  7600  .  +  1  ID=cds00003;Parent=mRNA00003;Name=edenprotein.3
22 ctg123 . CDS             3391  3902  .  +  0  ID=cds00004;Parent=mRNA00003;Name=edenprotein.4
23 ctg123 . CDS             5000  5500  .  +  1  ID=cds00004;Parent=mRNA00003;Name=edenprotein.4
24 ctg123 . CDS             7000  7600  .  +  1  ID=cds00004;Parent=mRNA00003;Name=edenprotein.4
```

Download it into your directory:
http://rice.uga.edu/pub/data/Eukaryotic_Projects/o_sativa/annotation_dbs/pseudomolecules/version_7.0/all.dir/all.gff3
Take a look at it and see what it looks like!

Practice

grep

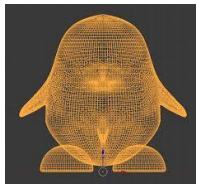
6

Go to Practice 6 on our github

Des commandes pour rechercher et modifier des fichiers

commande sed

SouthGreen bioinformatics platform

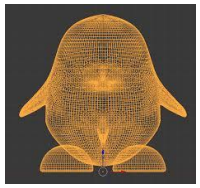


sed , Stream EDitor

PRINT LINES

Sélection et affichage de lignes dans un fichier *par numero de ligne*

```
sed -n 'line p '   inputfile
```



sed , Stream EDitor

PRINT LINES

Sélection et affichage de lignes dans un fichier *par numero de ligne*

```
sed -n 'line p '   inputfile
```

Affiche la 5ème ligne	`sed -n '5p' all.gff3`
	`sed -n '5p' *.fastq` `sed -n -s '5p' *.fastq`
Affiche la ligne 1 et 8	`sed -n "1p; 8p' test.txt`
Affiche la ligne 1 à 8	`sed -n "1,8 p' test.txt`
Affiche à partir de la ligne 1, toutes les 4 lignes	`sed -n '1~4p' ir.fastq`

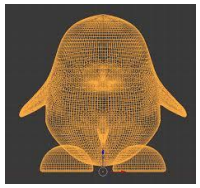
SouthGreen bioinformatics platform

Practice

printing with sed

7

Go to Practice 7 on our github



sed , Stream EDitor

DELETE LINES

Suppression de lignes dans un fichier par numero de ligne

```
sed 'line d '   inputfile
```

```
sed "2d; 4d" test.txt                    # supprime ligne 2 et 4
sed "2,4 d" test.txt                     # supprime ligne 2 à 4
sed  '2~4d' irigin1_1.fastq
```

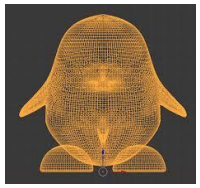
SouthGreen bioinformatics platform

Practice

deleting with sed

8

Go to Practice 8 on our github



sed , Stream EDitor

ER : PRINT/DELETE LINE

Sélection de lignes dans un fichier par motif

```
sed 'ER'   inputfile
```

```
sed '/^#/d' test.sed

sed -n '/^Bonjour/p; /^Au revoir/p' test.sed

sed -n '/^Bonjour/,/4.$/p' test.sed
```

SouthGreen bioinformatics platform

Practice

sed using ER

9

Go to Practice 9 on our github

What is a vcf file ?

```
##fileformat=VCFv4.3
##fileDate=20090805
##source=myImputationProgramV3.1
##reference=file:///seq/references/1000GenomesPilot-NCBI36.fasta
##contig=<ID=20,length=62435964,assembly=B36,md5=f126cdf8a6e0c7f379d618ff66beb2da,species="Homo sapiens",taxonomy=x>
##phasing=partial
##INFO=<ID=NS,Number=1,Type=Integer,Description="Number of Samples With Data">
##INFO=<ID=DP,Number=1,Type=Integer,Description="Total Depth">
##INFO=<ID=AF,Number=A,Type=Float,Description="Allele Frequency">
##INFO=<ID=AA,Number=1,Type=String,Description="Ancestral Allele">
##INFO=<ID=DB,Number=0,Type=Flag,Description="dbSNP membership, build 129">
##INFO=<ID=H2,Number=0,Type=Flag,Description="HapMap2 membership">
##FILTER=<ID=q10,Description="Quality below 10">
##FILTER=<ID=s50,Description="Less than 50% of samples have data">
##FORMAT=<ID=GT,Number=1,Type=String,Description="Genotype">
##FORMAT=<ID=GQ,Number=1,Type=Integer,Description="Genotype Quality">
##FORMAT=<ID=DP,Number=1,Type=Integer,Description="Read Depth">
##FORMAT=<ID=HQ,Number=2,Type=Integer,Description="Haplotype Quality">
#CHROM POS     ID        REF  ALT     QUAL FILTER  INFO                              FORMAT      NA00001        NA00002        NA00003
20     14370   rs6054257 G    A       29   PASS    NS=3;DP=14;AF=0.5;DB;H2           GT:GQ:DP:HQ 0|0:48:1:51,51 1|0:48:8:51,51  1/1:43:5:.,.
20     17330   .         T    A       3    q10     NS=3;DP=11;AF=0.017               GT:GQ:DP:HQ 0|0:49:3:58,50 0|1:3:5:65,3    0/0:41:3
20     1110696 rs6040355 A    G,T     67   PASS    NS=2;DP=10;AF=0.333,0.667;AA=T;DB GT:GQ:DP:HQ 1|2:21:6:23,27 2|1:2:0:18,2    2/2:35:4
20     1230237 .         T    .       47   PASS    NS=3;DP=13;AA=T                   GT:GQ:DP:HQ 0|0:54:7:56,60 0|0:48:4:51,51  0/0:61:2
20     1234567 microsat1 GTC  G,GTCT  50   PASS    NS=3;DP=9;AA=G                    GT:GQ:DP    0/1:35:4       0/2:17:2       1/1:40:3
```

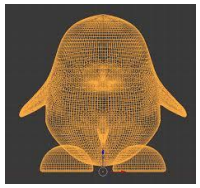
Métadonnées
Descripteur des colonnes
Données de l'individu NA0001
Données pour une variation

Practice

sed using ER

9

Go to Practice 9 on our github

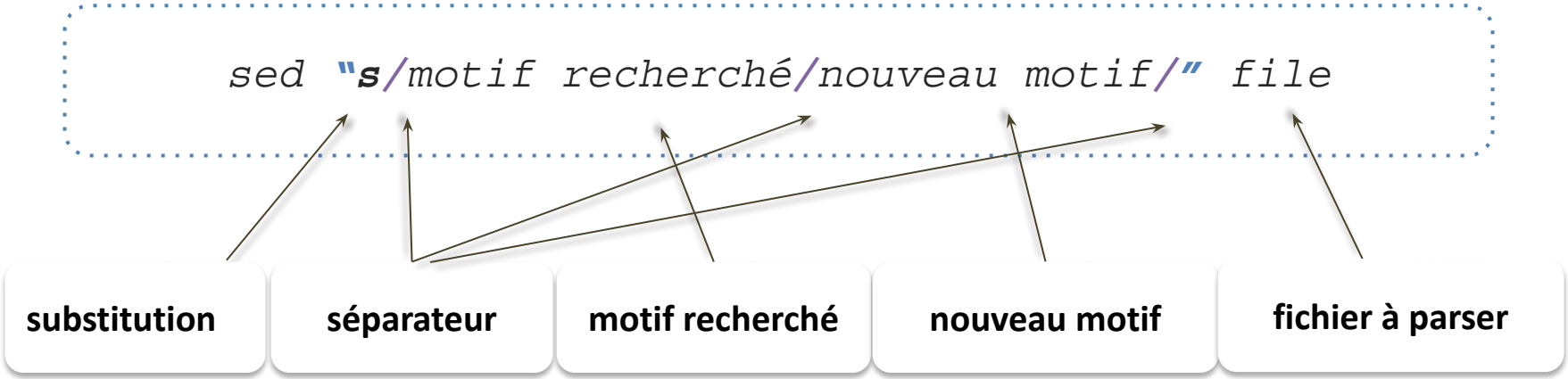


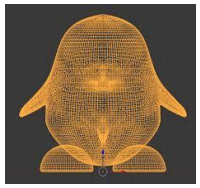
sed , Stream EDitor

ER : SUBSTITUTION

Substitution/Remplacement dans lignes

Sélection de lignes dans un fichier vérifiant une expression régulière
ET appliquant une modification ou un traitement



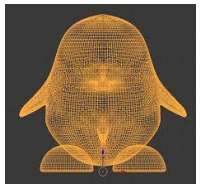


sed , Stream EDitor

ER : SUBSTITUTION

Sed : Quelques exemples

Example	Description
`sed "s/day/night/" file`	Change la 1ère occurrence de “day” par “night” **par ligne**
`sed "s/linux/LINUX/2” file`	Change la 2ème occurrence de “linux” par “LINUX” **par ligne**
`sed "s/[lL]inux/LINUX/g” file`	Change toutes occurrences de “linux” par “LINUX”



sed , Stream EDitor

ER : SUBSTITUTION

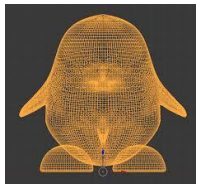
Sélection et Substitition de lignes dans un fichier **par motif**

```
sed 's/ / /'   inputfile
sed 'y/éè/ee/' inputfile
```

```
sed -n '2~4s/T/u/p;' irigin1_1.fastq

sed -n '2~4y/Tt/Uu/p;' irigin1_1.fastq
```

SouthGreen bioinformatics platform



sed

sed : rechercher et modifier une ligne

Selection de lignes dans un fichier vérifiant une expression régulière
ET appliquant une modification ou un traitement

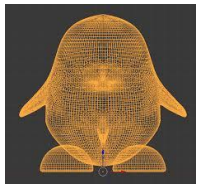
```
sed "s/[0-9][0-9]*/nouveau motif/" file
```

- **substitution**
- **motif recherché**
- **nouveau motif**
- **fichier à parser**

Recherche une chaine de caractères
commençant par un chiffre suivi par 0 ou plusieurs nombres

=> Chaîne de caractère enregistrée dans la variable \1

SouthGreen bioinformatics platform



sed , Stream EDitor

ER : SUBSTITUTION

Example	Description
`sed 's/\([a-z]*\)\t/\1/' abcd.txt`	abcd
`sed -E 's/([a-z]*)\t(.*)/\2 \1/' abcd.txt`	123 abcd

SouthGreen bioinformatics platform

Practice

sed

10

Go to Practice 10 on our github

Des commandes pour rechercher et modifier des fichiers

commande awk

awk

awk: Langage pour manipuler un fichier ligne par ligne

- Nom des auteurs : “Aho, Weinberger, and Kernighan”

awk

awk: Langage pour manipuler un fichier ligne par ligne

- Nom des auteurs : “Aho, Weinberger, and Kernighan”
- Un langage de programmation qui permet facilement de manipuler des fichiers tabulés (blast, sam, vcf) et d’extraire une partie des données
- Un langage utilisé pour rechercher des motifs et pour effectuer des opérations, des actions associées.

awk

awk: Langage pour manipuler un fichier ligne par ligne

Principales caractéristiques d'awk

- Fichier en entrée tabulé
- Comme tout langage de programmation, awk a des variables et peut appliquer des conditions
- awk peut faire des opérations sur les nombres et les chaînes de caractères
- awk peut générer et afficher des données/rapports suite à des manipulations

SouthGreen bioinformatics platform

awk

awk: Langage pour manipuler un fichier ligne par ligne

```
Syntax : awk [-F] 'program' file
```

Option	Description
-F	Donne la nature des séparateurs de champs

awk

awk: Langage pour manipuler un fichier ligne par ligne

Syntax : awk [-F] 'program' file

Option	Description
-F	Donne la nature des séparateurs de champs

Variables prédéfinies utilisées par awk

Variable	Description
$0	ligne entière
NR	Numéro de la ligne lue
NF	Nombre de champs dans la ligne

awk

awk voit le fichier en entrée
comme des enregistrements et des champs

Helene	56	edu	hcyr@sun.com
jean	32	ri	jeanc@inexpress.net
julie	22	adm	juliem@sympatico.ca
michel	24	inf	michel@uqo.ca
richard	25	inf	rcaron@videotron.ca

File: contact.txt

awk

Helene	56	edu	hcyr@sun.com
jean	32	ri	jeanc@inexpress.net
julie	22	adm	juliem@sympatico.ca
michel	24	inf	michel@uqo.ca
richard	25	inf	rcaron@videotron.ca

File: contact.txt

```
awk '{print $0}' contact.txt
```

```
Helene 56 edu hcyr@sun.com
jean 32 ri jeanc@inexpress.net
julie 22 adm juliem@sympatico.ca
michel 24 inf michel@uqo.ca
richard 25 inf rcaron@videotron.ca
```

Affiche chaque ligne

SouthGreen bioinformatics platform

awk

Helene	56	edu	hcyr@sun.com
jean	32	ri	jeanc@inexpress.net
julie	22	adm	juliem@sympatico.ca
michel	24	inf	michel@uqo.ca
richard	25	inf	rcaron@videotron.ca

File: contact.txt

```
$awk '{print NR,$1,$2}' contact.txt
```

```
1 Helene 56
2 jean 32
3 julie 22
4 michel 24
5 richard 25
```

Affiche
le numéro de la ligne lue
Puis le 1er champ
puis le 2e champ du fichier tabulé

SouthGreen bioinformatics platform

awk

Helene	56	edu	hcyr@sun.com
jean	32	ri	jeanc@inexpress.net
julie	22	adm	juliem@sympatico.ca
michel	24	inf	michel@uqo.ca
richard	25	inf	rcaron@videotron.ca

```
$awk '{print $1,$2};
END { print NR "lignes lues en tout" }'  contact.txt
```

```
Helene 56
Jean 32
Julie 22
Michel 24
Richard 25
5 lignes lues en tout
```

Instruction exécutée une fois le fichier lu dans son intégralité

SouthGreen bioinformatics platform

awk

Helene	56	edu	hcyr@sun.com
jean	32	ri	jeanc@inexpress.net
julie	22	adm	juliem@sympatico.ca
michel	24	inf	michel@uqo.ca
richard	25	inf	rcaron@videotron.ca

```
$awk '{print $1,$3; somme+=$2}
END { print "Somme des ages égale à ", somme }' contact.txt
```

```
Helene edu
jean ri
julie adm
michel inf
richard inf
Somme des ages égale à 159
```

On ajoute l'âge ($2) à la variable somme à chaque ligne lue

Puis on affiche la somme calculée à la fin de la lecture du fichier

awk

Helene	56	edu	hcyr@sun.com
jean	32	ri	jeanc@inexpress.net
julie	22	adm	juliem@sympatico.ca
michel	24	inf	michel@uqo.ca
richard	25	inf	rcaron@videotron.ca

File: contact.txt

```
$awk '{somme+=$2}
END { print " Age moyen = ", somme/NR }'  contact.txt
```

```
Age moyen = 31,8
```

On ajoute l'âge ($2) à la variable somme à chaque ligne lue

Puis on affiche la moyenne une fois le fichier lu

SouthGreen bioinformatics platform

awk

awk: Langage pour manipuler un fichier ligne par ligne

avec une liste d'instructions et **de conditions aussi**

Condition {Instr-1; Instr-2; ...; Instr-n}

```
awk '{if($2 > 24 && $2 < 50) { print "Age de ", $1, "compris entre 24 et 50 : egal a ",  $2 }}' contact.txt
```

```
Age Helene compris entre 24 et 50 : egal a 56
Age jean compris entre 24 et 50 : egal a 32
Age richard compris entre 24 et 50 : egal a 25
```

Avec 2 conditions

SouthGreen bioinformatics platform

awk

awk: Langage pour manipuler un fichier ligne par ligne

```
awk '{if($3 == "inf") {print $0}}' contact.txt
```

```
michel 24 inf michel@uqo.ca
richard 25 inf rcaron@videotron.ca
```

```
$awk '/j/  {print $0}' contact.txt
```

```
jean 32 ri jeanc@inexpress.net
julie 22 adm juliem@sympatico.ca
```

SouthGreen bioinformatics platform

awk

awk: Langage pour manipuler un fichier ligne par ligne

```
awk '{print $1, $2-10}' contact.txt
```

```
Helene 46
Jean 12
Julie 12
Michel 14
Richard 15
```

```
awk '{if($2 > 30 && $3 == "ri") {print $0}}' contact.txt
```

```
jean 32 ri jeanc@inexpress.net
```

Ces commandes peuvent être utilisées avec en entrée la sortie standard ou un fichier tabulé (comme .gff, fichier blast m8 , .vcf)

SouthGreen bioinformatics platform

Practice

sed using ER

9

Go to Practice 9 on our github

enleve ligne vide
fastq -> fasta
Manipulating all files with a given extension

```
# power chasis
for f in directory/*.ext ; do n=`basename $f` fn=${n%.ext}; mycodehere >
outdir/${fn}.newext ; done

# for example quality filter all bam files in a directory
for f in bam-uf/*.bam ; do n=`basename $f` fn=${n%.bam}; samtools view -b -q 20 -f 0x002 -F
0x004 -F 0x008 $f > bam-mq20/${fn}.q20.bam ; done
```

Remove empty lines

Practice

awk

11

Go to Practice 11 *on our github*

awk - fonctions

Manipulation de chaîne de caractères

`length(myText)`	longueur de myText
`substr(myText,start,length)`	Extrait la sous chaine de la chaine ***myText*** à partir de la position ***start*** sur une longueur ***Length***
`tolower(myText)`	Modifie la casse de myText en minuscule
`toupper(myText)`	Modifie la casse de myText en majuscule
`split(myText, array, fieldsep)`	decoupe myText *split($2,monTab,"|") ; print(monTab[2])*
`gsub(search,replace,var)`	*gsub(";","-",$3)*
`sub(ER,replace, var)`	

SouthGreen bioinformatics platform

awk - fonctions

Manipulation de nombres

`int(myNb)`	partie entière de myNb
`log(myNb)`	logarithme de myNb
`sqrt(myNb)`	racine carée de myNb

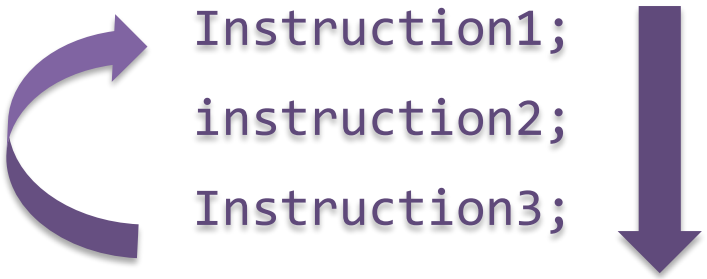
Pour automatiser le lancement de commandes

bash

Boucle for

Exécuter une boucle

for…



- To parse a directory
- To run the same instuction on each file of the dirctory Exécuter les mêmes instructions sur chaque élément de la liste

```
for file in * ;
do
   instruction1
   instruction2
done
```

Practice

12

Go to Practice 12 on our github

Exécuter un script bash

sh nom_script.sh

```
[tranchant@node10 Bash]$ sh helloWorld.sh
```

Premier script en bash

- Toujours débuter par : `#!/bin/sh`
- Suivis par les instructions, une instruction par ligne
- **Chaque instruction doit se terminer par** `;`
- N'hésitez pas à commenter votre script en plaçant un `#` devant votre commentaire

Premier script en bash

- Toujours débuter par : `#!/bin/sh`
- Suivis par les instructions, une instruction par ligne
- **Chaque instruction doit se terminer par** `;`
- N'hésitez pas à commenter votre script en plaçant un `#` devant votre commentaire
  - Pour vous et vos collègues pour comprendre le code
  - ignore le texte placé après un #
  - Commentaires libres

Premier script en bash

- Pas d'accent
- Premières instructions

```
echo 'text';          pour écrire sur la sortie (écran)
echo -e "text \n";    pour réaliser un saut de ligne
```

Modifier le script

P1.2

- Sauver le script ***helloWorld.sh*** sous un nouveau nom (ex : helloWorld-v2.sh)
- Modifier le code de ce nouveau script en affichant d'autres textes avec ***\n***
- Exécuter ce nouveau script

Modifier le script

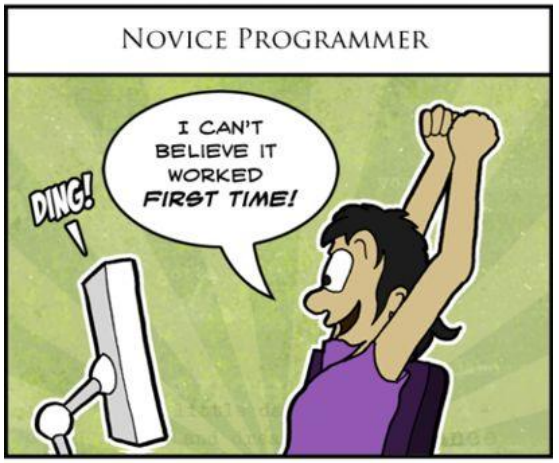
P1.3

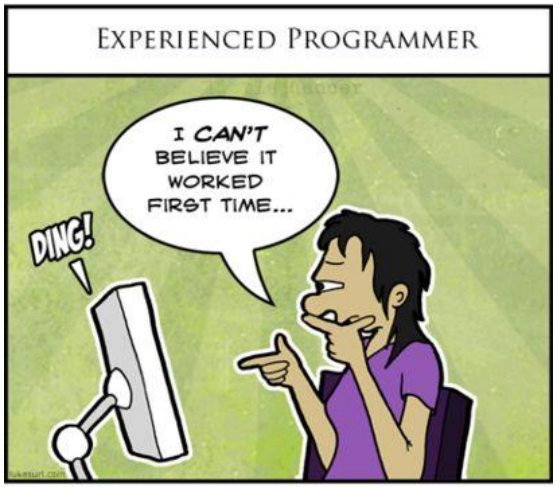
- Créer volontairement des erreurs dans votre code en retirant un ; puis un # et un “
- Observer les messages d’erreurs

Modifier le script

P1.3

- Créer volontairement des erreurs dans votre code en retirant un ; puis un # et un “
- Observer les messages d’erreurs





Une des principales activités du programmeur est de « débugger »…

Souvent aussi longue qu’écrire le code !

Il faut donc s’entrainer à décoder les messages d’erreurs !

SouthGreen bioinformatics platform

Les variables

Qu'est ce une variable ?

Variable...

```
nom="Hello World";
echo $nom;
```

« conteneur », « boîte » dans lesquels on peut stocker un objet, une information.

Règles

- Noms de variables uniquement avec des caractères *alpha-numériques (A-Z, a-z,* 0-9) ou *underscore*
- **Sensible à la casse et pas d'espace**

Une variable variable...

Variable...

```
maVar= “Hello World!!!”;
echo $maVar;              # Hello World
echo ${maVar:6}           # World!!!
echo ${maVar:0:3};          # Hel
echo ${maVar:6:3};          # Wor
echo ${maVar: -2};          # !!
```

Une variable variable...

Variable...

```
file=BCU_AAOSW_3_1_C39R6ACX.bam
echo $file                  # BCU_AAOSW_3_1_C39R6ACX.bam
echo ${file:5}              # AOSW_3_1_C39R6ACXX.bam

echo ${file/.bam/.sam}    #BCU_AAOSW_3_1_C39R6ACXX.sam
```

Substitution au sein d'une variable

Variable...

```
maVar= “Hello World!!!”;
echo $maVar;              # Hello World!!!
echo ${maVar/o/}          # Hell World!!!
echo ${maVar//o/};           # Hell Wrld!!!
```

Practice

Go to Practice 13 *on our github*

Arguments d’un script

Condition avec des nombres

- Transmettre au script des valeurs saisies dans la ligne de commande : arguments, paramètres
- Affectées aux variables réservées 1, 2, ... et appellées $1, $2, ...

```
sh testNum.sh 25
```

```
#!/bin/bash

myNum=$1;

if [[ $myNum = 10 ]]
then
        echo "Egal a 10";
elif [[ $myNum -le  10 ]]
then
        echo "Inferieur ou egal a 10";
else
        echo "Superieur a 10";
fi
```

Les conditions

Condition avec une chaine de caractère

Variable...

```
#!/bin/bash

myText="Hello world ! ";

if [[ $maText = "Hello" ]]; then
        echo "Very Nice";
else
        echo "No nice";
fi
```

```
sh script.sh
```

Condition avec une chaine de caractère

Variable...

```
#!/bin/bash

myText="Hello world ! ";

if [[ $maText =~ "Hello" ]]; then
        echo "Very Nice";
else
        echo "No nice";
fi

sh script.sh                # Very Nice
```

Condition avec des nombres

```
#!/bin/bash

myNum=18;

if [[ $myNum = 10 ]]
then
        echo "Egal a 10";
elif [[ $myNum -le  10 ]]
then
        echo "Inferieur ou egal a 10";
elif [[ $myNum -gt 10 ]]
then
        echo "Superieur a 10";
else echo "C'est quoi ce bins?";
fi
```

Opérateur de comparaison

Nombres

`$a -eq $b`	$a égal à $b
`$a -ne $b`	$a différent de $b
`$a -lt $b`	$a inférieur à $b
`$a -gt $b`	$a supérieur à $b
`$a -le $b`	$a inférieur ou égal à $b
`$a -ge $b`	$a supérieur ou égal à $b

Formateurs

- **Christine Tranchant-Dubreuil**
- **Gautier Sarah**
- **Valérie Noël**
- **Ndomassi Tando**
- **Frédéric Mahé**
- **François Sabot**






Support created by C. Tranchant and G. Sarah and updated…

Citations

Si vous utilisez les ressources du plateau i-Trop.

Merci de nous citer avec:

“ The authors acknowledge the ISO 9001 certified IRD i-Trop HPC (South Green Platform) at IRD montpellier for providing HPC resources that have contributed to the research results reported within this paper.
URL: https://bioinfo.ird.fr/- http://www.southgreen.fr”

Projets

- Pensez à inclure un budget ressources de calcul dans vos réponses à projets

- Besoin en disques dur, renouvellement de machines etc…

- Devis disponibles

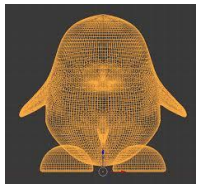
- Contactez bioinfo@ird.fr : aide, définition de besoins, devis...

En informatique, la pensée magique ne fonctionne pas !

- Il faut pratiquer … et … *restez calme !*
- *à vous de jouer !*

Merci pour votre attention !

File format conversion



Commande dos2unix, mac2unix

- Diversité de formats, même entre différents OS

\n	*UNIX*
\r	*Mac*
\r\n	*Windows*

dos2unix, mac2unix *convertir un fichier texte au format UNIX pour qu'il soit lu correctement*

Fusionner des fichiers : la commande join

Commande join

join fichier1 fichier2

```
:~$ cat fichier1
1 Bash
2 Python
3 Perl
4 Java
5 C++
:~$ cat fichier2
1 sympa
2 cool
3 no comment
4 pfff
5 ouille
```

```
:~$ join fichier1 fichier2
1 Bash sympa
2 Python cool
3 Perl no comment
4 Java pfff
5 C++ ouille
```

SouthGreen bioinformatics platform

Commande join

Fusionner en précisant les colonnes communes :

join -1 2 -2 1 fichier1 fichier3

Préciser les colonnes à afficher :

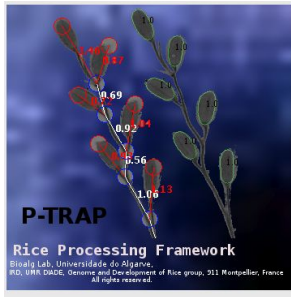
join -1 2 -2 1 fichier1 fichier3 -o 2.1,2.2

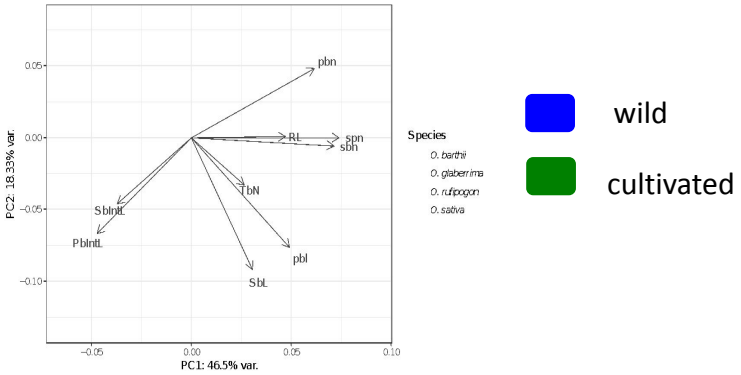
Les fichiers doivent être triés au préalable

SouthGreen bioinformatics platform

- **Panicle morphological traits related to panicle diversity**

Panicle Traits Phenotyping in 90 African and Asian rice accessions

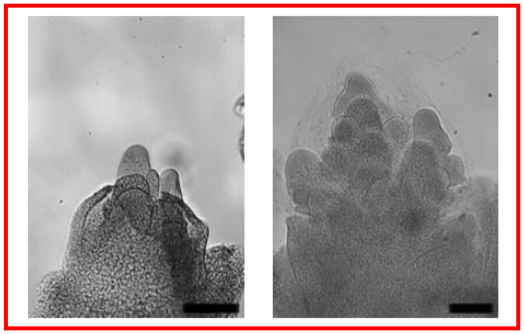




Phenotypic similarity of inflorescence architecture between the 2 domesticated lineages

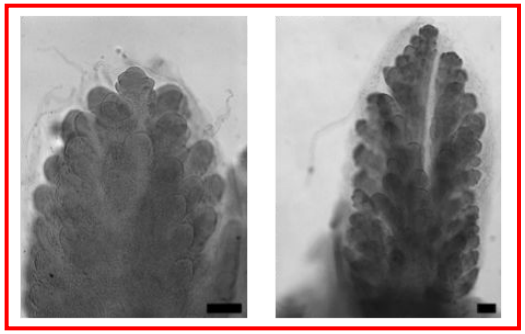
- **Molecular mechanisms related to panicle branching diversity?**

Whole transcriptome RNA sequencing of **indeterminate** vs **determinate** stages of young inflorescences in the 4 species



primary and higher order branches initiation and formation (**IM**)

VS

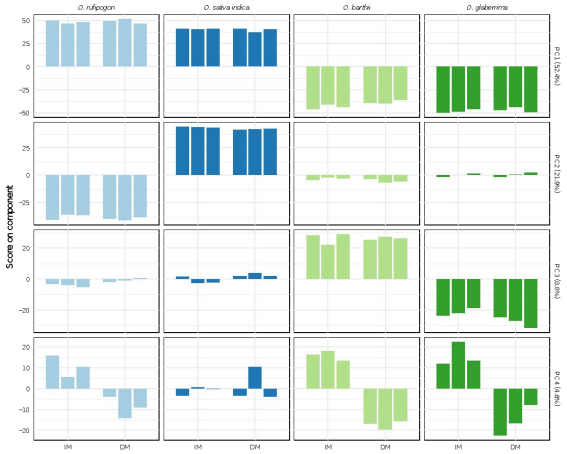


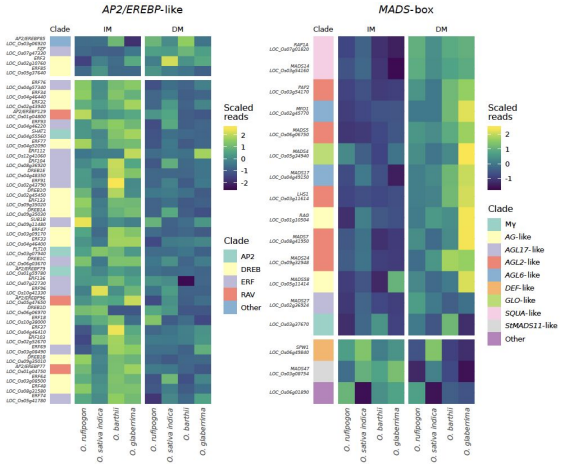
Spikelet/floret differentiation (**DM**)

- Mapping vs MSU7
- Exploring/ PCA analysis
- Correlation with phenotype
- DESeq analysis

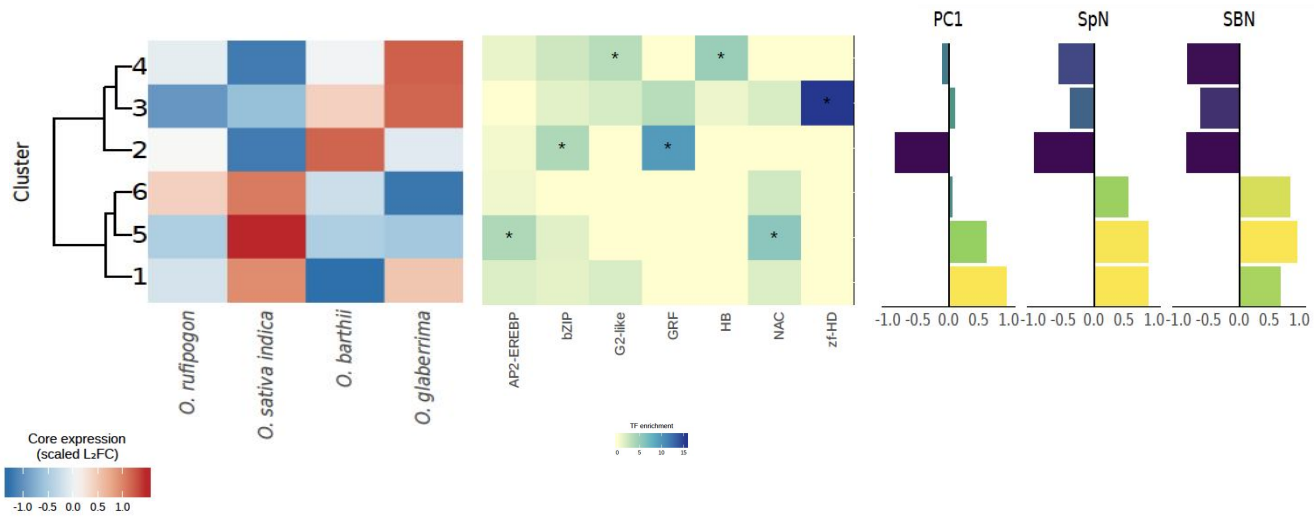
- Identification of a **core set of TFs controlling the transition from IM to DM phase**
  - Exploring/ PCA analysis
  - DESeq analysis

enriched in **AP2 TFs**

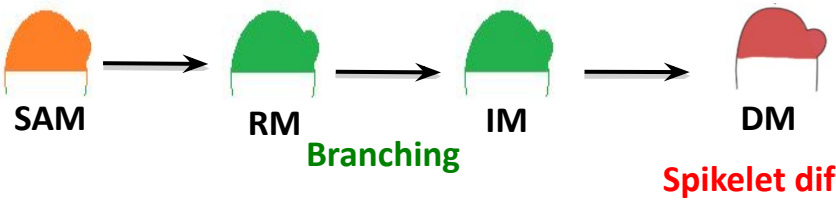


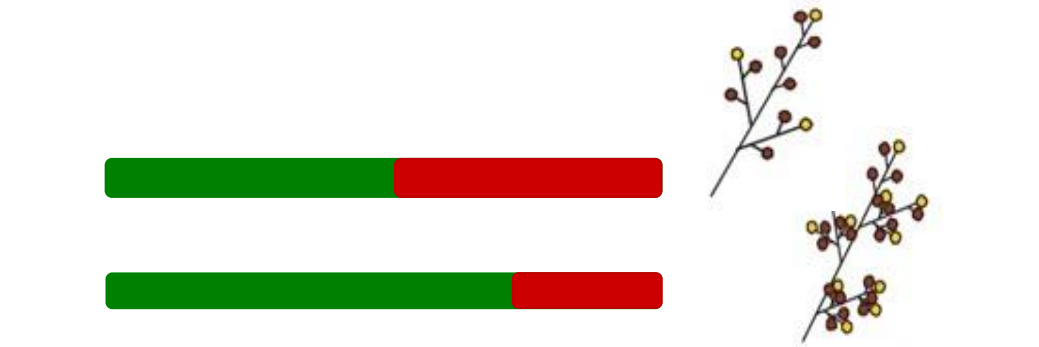


- Identification of **a set of TFs at branching stage correlated with panicle architecture variation and domestication**
  - Divergence of Expression pattern IM/DM
  - Clustering analysis (Dstage and species) and Correlation with phenotype



Cluster associated wit higher branching complexity is enriched in **AP2 TFs**





Shoot or non-floral identity — Indeterminate phase : AP2

Floral identity — Determinate phase : MADS box

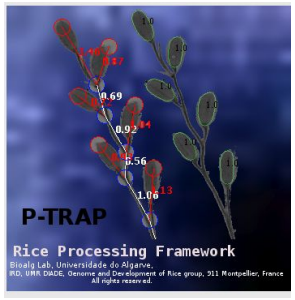
Variations of panicle complexity :

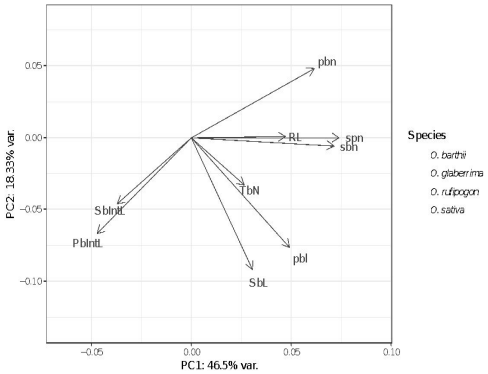
- Cellular description along time course between species?
- heterochronic change during time course between species?
- Time of acquisition of spikelet fate?
- integration of molecular and cellular data

Several approaches

- **Panicle morphological traits related to panicle diversity**

Panicle Traits Phenotyping in 90 African and Asian rice accessions





wild

cultivated

Phenotypic similarity of inflorescence architecture between the 2 domesticated lineages

From H. Adam

What is a fastq file ?

1 séquence = 4 lignes

```
@H4:C7C99ACXX:6:1101:1360:74584/2
CTGTTTCTTAGTATTTTTGTAGTCATTCCGTGTTGGTTTAGTTGCAAGGT
+
@@@DADFFHHFFHIIEFEIGJGGHI4FFIEIGHI<FHGAHGGGB@3?BDB9D
@H4:C7C99ACXX:6:1101:1452:19906/2
CTGAGATCAATTGGATCCTGATGATACTGTGCTTAGCTATTACCTTTGGT
+
@@@DDDD>FFFAFBEABB4C+3?:CBB@<<A?E4A???9C@CFF*9*B3D?B
@H4:C7C99ACXX:6:1101:1476:35220/2
CATGTGCTATTACCAAAAGTGCAGTAACGACCTATAAATTTTAAAGTAGC
+
@CFFFFFGGHHHHIJJJIEE<HHHIJJIGBHGGEEIIJJEIEIJIHHJFIIJJJGHJJ
@H4:C7C99ACXX:6:1101:1491:94128/2
AGAAGTCTTCGGAAAAGTTCGGGTATGGCTCTAGTAGCTTTTGTCTTAT
+
@C@FFFFFGGHHDHGIIEEHIII<CGHIJIJIIJ:?FC9DGAFGHII?DGBFIIJHBI
@H4:C7C99ACXX:6:1101:1538:34462/2
ACAAAAAGCTAAAAGAACACAGTTGCTTGAAGCAGCAAACACAAGAAC
+
B@@DFFFFGHHHHJIIIIIJJJIIGJCHHEIII>GHIG@GHIDHGJIIFIFHIJJIJJJG
@H4:C7C99ACXX:6:1101:1568:67898/2
ACAAATGGGTGTGTAAGAGTTAAAAAACAATTAATGAGCAACTGAGTTC
+
@@CFFFFFHFFHFGIJJIHHIIJJIIIHIJJJECGHIJJCHGICDGGGHJ<FGGIJJ
@H4:C7C99ACXX:6:1101:1575:18963/2
AACATGTTTGTCGGGGGTTGGGAAATTGTCACTTTCTGCTACAATGCCG
+
@<@DDDDDHFFFFDIIBDFGHHGG;FGGCHHAGGGIIH@E>AEDDEECAB>
```

COMMENT CONSERVER LES INFORMATIONS (SÉQUENCES, QUALITÉ) DANS UN SEUL FICHIER ?

1 séquence = 4 lignes

```
@H4:C7C99ACXX:6:1101:1360:74584/2
CTGTTTCTTAGTATTTTTGTAGTCATTCCGTGTTGGTTTAGTTGCAAGGT
+
@@@DADFFHHFFHIIEFEIGJGGHI4FFIEIGHI<FHGAHGGGB@3?BDB9D
@H4:C7C99ACXX:6:1101:1452:19906/2
CTGAGATCAATTGGATCCTGATGATACTGTGCTTAGCTATTACCTTTGGT
+
@@@DDDD>FFFAFBEABB4C+3?:CBB@<<A?E4A???9C@CFF*9*B3D?B
@H4:C7C99ACXX:6:1101:1476:35220/2
CATGTGCTATTACCAAAAGTGCAGTAACGACCTATAAATTTTAAAGTAGC
+
@CFFFFFGGHHHHIJJJIEE<HHHIJJIGBHGGEEIIJJEIEIJIHHJFIIJJJGHJJ
@H4:C7C99ACXX:6:1101:1491:94128/2
AGAAGTCTTCGGAAAAGTTCGGGTATGGCTCTAGTAGCTTTTGTCTTAT
+
@C@FFFFFGGHHDHGIIEEHIII<CGHIJIJIIJ:?FC9DGAFGHII?DGBFIIJHBI
@H4:C7C99ACXX:6:1101:1538:34462/2
ACAAAAAGCTAAAAGAACACAGTTGCTTGAAGCAGCAAACACAAGAAC
+
B@@DFFFFGHHHHJIIIIIJJJIIGJCHHEIII>GHIG@GHIDHGJIIFIFHIJJIJJJG
@H4:C7C99ACXX:6:1101:1568:67898/2
ACAAATGGGTGTGTAAGAGTTAAAAAACAATTAATGAGCAACTGAGTTC
+
@@CFFFFFHFFHFGIJJIHHIIJJIIIHIJJJECGHIJJCHGICDGGGHJ<FGGIJJ
@H4:C7C99ACXX:6:1101:1575:18963/2
AACATGTTTGTCGGGGGTTGGGAAATTGTCACTTTCTGCTACAATGCCG
+
@<@DDDDDHFFFFDIIBDFGHHGG;FGGCHHAGGGIIH@E>AEDDEECAB>
```

- @identifiant de la séquence
- Séquence
- + (id séquence).
- Qualité de la séquence = un caractère ASCII pour chaque base

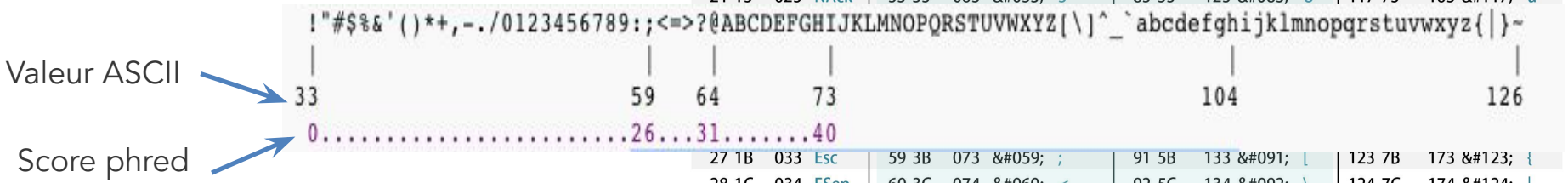
EAS139	the unique instrument name
136	the run id
FC706VJ	the flowcell id
2	flowcell lane
2104	tile number within the flowcell lane
15343	'x'-coordinate of the cluster within the tile
197393	'y'-coordinate of the cluster within the tile
1	the member of a pair, 1 or 2 *(paired-end or mate-pair reads only)*
Y	Y if the read fails filter (read is bad), N otherwise
18	0 when none of the control bits are on, otherwise it is an even number
ATCACG	index sequence

ET DANS LE FASTQ, COMMENT EST DETERMINÉ LE PHRED SCORE

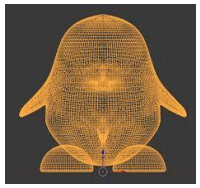
Code ASCII

Phred Quality Score	Probability of incorrect base call	Base call accuracy
10	1 in 10	90%
20	1 in 100	99%
30	1 in 1000	99.9%
40	1 in 10000	99,99%
50	1 in 100000	99.999 %

ENCODAGE SANGER



Dec	Hex	Oct	Chr	Dec	Hex	Oct	HTML	Chr	Dec	Hex	Oct	HTML	Chr	Dec	Hex	Oct	HTML	Chr
0	0	000	NULL	32	20	040		Space	64	40	100	@	@	96	60	140	`	`
1	1	001	SoH	33	21	041	!	!	65	41	101	A	A	97	61	141	a	a
2	2	002	SoTxt	34	22	042	"	"	66	42	102	B	B	98	62	142	b	b
3	3	003	EoTxt	35	23	043	#	#	67	43	103	C	C	99	63	143	c	c
4	4	004	EoT	36	24	044	$	$	68	44	104	D	D	100	64	144	d	d
5	5	005	Enq	37	25	045	%	%	69	45	105	E	E	101	65	145	e	e
6	6	006	Ack	38	26	046	&	&	70	46	106	F	F	102	66	146	f	f
7	7	007	Bell	39	27	047	'	'	71	47	107	G	G	103	67	147	g	g
8	8	010	Bsp	40	28	050	(	(	72	48	110	H	H	104	68	150	h	h
9	9	011	HTab	41	29	051	)	)	73	49	111	I	I	105	69	151	i	i
10	A	012	LFeed	42	2A	052	*	*	74	4A	112	J	J	106	6A	152	j	j
11	B	013	VTab	43	2B	053	+	+	75	4B	113	K	K	107	6B	153	k	k
12	C	014	FFeed	44	2C	054	,	,	76	4C	114	L	L	108	6C	154	l	l
13	D	015	CR	45	2D	055	-	-	77	4D	115	M	M	109	6D	155	m	m
14	E	016	SOut	46	2E	056	.	.	78	4E	116	N	N	110	6E	156	n	n
15	F	017	SIn	47	2F	057	/	/	79	4F	117	O	O	111	6F	157	o	o
16	10	020	DLE	48	30	060	0	0	80	50	120	P	P	112	70	160	p	p
17	11	021	DC1	49	31	061	1	1	81	51	121	Q	Q	113	71	161	q	q
18	12	022	DC2	50	32	062	2	2	82	52	122	R	R	114	72	162	r	r
19	13	023	DC3	51	33	063	3	3	83	53	123	S	S	115	73	163	s	s
20	14	024	DC4	52	34	064	4	4	84	54	124	T	T	116	74	164	t	t
21	15	025	NAck	53	35	065	5	5	85	55	125	U	U	117	75	165	u	u
22	16	026	SYN	54	36	066	6	6	86	56	126	V	V	118	76	166	v	v
23	17	027	ETB	55	37	067	7	7	87	57	127	W	W	119	77	167	w	w
24	18	030	Can	56	38	070	8	8	88	58	130	X	X	120	78	170	x	x
25	19	031	EM	57	39	071	9	9	89	59	131	Y	Y	121	79	171	y	y
26	1A	032	Sub	58	3A	072	:	:	90	5A	132	Z	Z	122	7A	172	z	z
27	1B	033	Esc	59	3B	073	;	;	91	5B	133	[	[	123	7B	173	{	{
28	1C	034	FSep	60	3C	074	<	<	92	5C	134	\	\	124	7C	174			|
29	1D	035	GSep	61	3D	075	=	=	93	5D	135	]	]	125	7D	175	}	}
30	1E	036	RSep	62	3E	076	>	>	94	5E	136	^	^	126	7E	176	~	~
31	1F	037	USep	63	3F	077	?	?	95	5F	137	_	_					



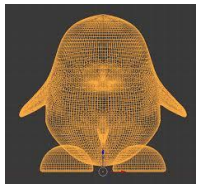
Expression régulière ou rationnelle

Chaîne de caractères qui décrit un ensemble de chaînes de caractères possibles permettant de faire des sélections

Communes aux ERs basiques (vi, grep, sed)

\{n\}	n répétitions du caractère placé devant	
\{n,x\}	entre n et x fois le caractère précédent	
\{n,\}	au minimum n fois le caractère précédent	
\{,n\}	au maximum n fois le caractère précédent	
\(ERb\)	mémorisation d'une ER basique	
\1 \2	rappel de mémorisation	

SouthGreen bioinformatics platform



sed, Stream EDitor

SYNTAX

sed : "Stream **Ed**itor"
pour rechercher et modifier une ligne

```
Syntax :  sed OPTIONS 'operation' inputfile
```

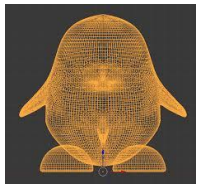
Option	Description
-n	écrit seulement les lignes spécifiées sur la sortie standard
-e	permet de spécifier les commandes à appliquer sur le fichier.
-s	Consider files as separate rather than as a single continuous long stream.
-iSUFFIX	edit files in place (makes backup if SUFFIX is supplied)

Expression régulière ou rationnelle

Chaîne de caractères qui décrit un ensemble de chaînes de caractères possibles permettant de faire des sélections

Communes aux ER étendues (grep -E, awk)

{n}	n repetitions du caractère placé devant	
\{n,x}	entre n et x fois le caractère précédent	
\{n,}	au minimum n fois le caractère précédent	
+	1 ou plus occurences du caractère/groupe de caractère précédent	
?	0 ou 1 occurence du caractère/groupe de caractère précédent	



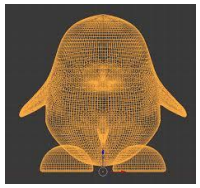
sed , Stream EDitor

ER : SUBSTITUTION

Sed : Quelques exemples

Chr1	2903
Chr1	3354
Chr1	4357
Chr1	5457

Chr1	2903	2903
Chr1	3354	3354
Chr1	4357	4357
Chr1	5457	5457



sed , Stream EDitor

ER : SUBSTITUTION

Sed : Quelques exemples

Chr1	2903
Chr1	3354
Chr1	4357
Chr1	5457

Chr1	2903	2903
Chr1	3354	3354
Chr1	4357	4357
Chr1	5457	5457

```
sed 's/\s[0-9]*/& &/'
```

Pattern trouvé sauvegardé dans le caractère spécial &

SouthGreen bioinformatics platform