

Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu
Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt

Pracownia Informatyczna

ważne polecenia i elementy powłoki BASH, skrypty

LISTA 4

Szymon Armata
117360

Bioinformatyka, rok III, grupa II

1. Komenda find

Zapoznaj się z opisem komendy find (man find) i za jej pomocą wykonaj podanie poniżej polecenia.

1.1. Przeszukując katalog domowy, znajdź plik tekstowy o nazwie bos.txt

```
find -name bos.txt
```

1.2. Wyświetl listę wszystkich plików w Twoim katalogu domowym, które zostały zmodyfikowane w ciągu ostatnich 10 dni

```
find -mtime -10
```

1.3. Przejdź na Pulpit Twojego komputera. Wyświetl listę wszystkich plików znajdujących się w bieżącym katalogu, które zostały zmodyfikowane w ciągu ostatniego dnia

```
cd Pulpit  
find -mtime -1
```

1.4. Wyświetl listę wszystkich plików znajdujących się w bieżącym katalogu, które mają rozmiar większy niż 1 megabajt

```
find -size 1M
```

2. Kombinacje klawiszy

a. **CTRL + C** - przerwanie (kill) bieżącego procesu pierwszoplanowego uruchomionego w terminalu

b. **CTRL + R** - przywołuje ostatnie polecenie pasujące do podanych znaków - naciśnij ten skrót i rozpocząć wpisywanie, aby przeszukać historię basha w poszukiwaniu polecenia

c. **CTRL + L** - wyczyść ekran - jest to podobne do uruchomienia polecenia "clear"

d. **CTRL + K** - wycięcie fragmentu linii za kursorem i dodanie go do schowka

e. **CTRL + Y** - wklejenie ostatniej wyciętej rzeczy z schowka

f. **ALT + F** - przejście w prawo (do przodu) o jedno słowo

g. **ALT + B** - przejście w lewo (do tyłu) o jedno słowo

3. Zmienne środowiskowe

```
echo $HOME
```

wyświetla katalog domowy użytkownika

```
echo $USER
```

wyświetla nazwę użytkownika

```
echo $PWD
```

wyświetla bieżącą ścieżkę

```
echo $OLDPWD
```

wyświetla ostatnią ścieżkę przed bieżącą

4. Aliasy

Dowiedz się co to jest alias i wykorzystaj go do skrócenia ulubionej komendy systemowej. Przykładowo – użytkownik zniecierpliwił się już wpisywaniem całej komendy `ls -lrth`. Zastąp je krótszym poleceniem `lm`.

```
alias lm = 'ls -lrth '
```

Pamiętaj, że tak zdefiniowany alias będzie obowiązywał tylko w danej sesji powłoki. Znajdź informacje na temat tego, co należy zrobić, aby był on dostępny przy każdym jej uruchomieniu.

```
Alias trwały – zadeklarowanie go w pliku  
~/.bash_profile lub ~/.bashrc
```

5. Skrypt - menu

Napisz skrypt, który po uruchomieniu zaproponuje menu z możliwymi opcjami do wyboru. Użytkownik ma możliwość wybrania odpowiedzi tylko raz. Program powinien poinformować użytkownika, jeśli wpisze złą wartość liczbową. Nie używaj instrukcji warunkowych, lecz instrukcję wyboru „case”.

Składnia :

```
case zmienna in
wzorzec1) polecenie1 ;;
wzorzec2) polecenie2 ;;
wzorzec3) polecenie3 ;;
*) polecenie_domyslne (spoza zakresu)
Esac
```

```
echo -n "MENU_UZYTEKOWNIKA
1. _Pokaz _zalogowanych _uzytkownikow
2. _Wylistuj _zawartosc _biezacego _katalogu
3. _Pokaz _sciezke _do _biezacego _katalogu
4. _Wyswietl _aktualna _data _i _godzine
"

echo "Wprowadz _numer"
read Numer
echo $Numer
case $Numer in
"1") who ;;
"2") ls ;;
"3") echo $PWD ;;
"4") echo date ;;
*) echo "zla _liczba"
esac
```

6. Skrypt - menu - uruchomienie wielokrotne

W jaki sposób uruchomić w terminalu program z zadania 5, tak aby menu i możliwość odpowiedzi pojawiły się 3 razy?

```

for i in {1..3} ; do
    echo -n "MENU_UZYTEKOWNIKA
    1. Pokaz zalogowanych uzytkownikow
    2. Wylistuj zawartosc biezacego katalogu
    3. Pokaz sciezke do biezacego katalogu
    4. Wswietl aktualna data i godzine
    "
    echo "Wprowadz numer"
    read Numer
    echo $Numer
    case $Numer in
        "1") who ;;
        "2") ls ;;
        "3") echo $PWD ;;
        "4") echo date ;;
        *) echo "zla liczba "
    esac
done

```

7. Skrypt - analiza odczytów

Z theta.edu.pl pobierz pliki z .rmdup_fs.txt, które są standardowymi plikami zawierającymi informacje odnośnie procesu przyrównania krótkich odczytów do genomu referencyjnego.

Napisz skrypt, który: a. dla każdego ze zwierząt wypisze na ekran całkowitą liczbę analizowanych odczytów b. wypisze na ekran minimalny oraz maksymalny procent przyrównanych odczytów c. policzy jakie jest średnie pokrycie genomu dla każdego z analizowanych osobników Bos taurus. Wynik będzie zapisywany do pliku w następującej postaci: ID_osobnika średnie_pokrycie_genomu

```

echo -e "MENU_ZADANIE_7_\n"
echo -e "1. Calkowita liczba analizowanych odczytow .
2. Minimalny i maksymalny procent przyrownanych odczytow .
3. Srednie pokrycie genomu .
"
-
echo "Podaj wartosc : "

```

```

read x
case "$x" in
  "1") for plik in /$PWD/*.rmdup_.fs_.txt ;
    do
      wynik=$(head -n 1 $plik | cut -d '_' -f 1)
      echo -e "Liczba_analizowanych_odczytow:_$wynik_\nPlik:
      _$(basename_$plik)"
    done ;;
  "2") for plik in /$PWD/*.rmdup_.fs_.txt ;
    do
      sed -n 3p $plik | cut -d '_' -f 5 | awk -F '[:]' '
      _{print_$2}' >> abcd.txt
    done
    min=$(sort -n abcd.txt | head -n 1)
    max=$(sort -n abcd.txt | tail -n 1)
    echo -e "Minimalny:_$min_\nMaksymalny:_$max" ;;
  "3") for plik in /$PWD/*.rmdup_.fs_.txt ;
    do
      A=$(sed -n 3p $plik | cut -d '_' -f 1)
      pokrycie=$((A*101/2670405961))
      ID_osobnika=$(basename $plik | cut -d '.' -f 1)
      echo -d "ID_osobnika:
      _$ID_osobnika_srednie_pokrycie_genomu:_$pokrycie" >>
      pokrycie.txt
    done ;;
  *) echo "Nic_nie_wybrano" ;;
esac

```