챗GPT 유닉스 쉘

이광춘 신종화

2023년 06월 06일

목차

Preface

This is a Quarto book.

To learn more about Quarto books visit https://quarto.org/docs/books.

```
ls -F
```

```
00_setup.qmd*
01-shell-intro.qmd*
01_openAI.qmd*
02-shell-filedir.qmd*
03-shell-create.qmd*
04-shell-pipefilter.html*
04-shell-pipefilter.qmd*
04-shell-pipefilter_files/
05-shell-loop.qmd*
06-shell-script.qmd*
07-shell-find.qmd*
11_cli_ds.qmd*
LICENSE*
_extensions/
_quarto.yml*
code/
cover.png*
data/
docs/
gpt-shell.Rproj*
images/
```

--- **bitPublish**를 이용하여

```
index.aux*
index.bcf*
index.idx*
index.log*
index.pdf*
index.qmd*
index.rmarkdown*
index.tex*
index.toc*
references.bib*
references.qmd*
shell-lesson-data/
shell-novice/
```

제 I 편

쉘 프로그래밍

제 1 장

쉘(Shell) 소개

유닉스 쉘(Unix Shell)은 대부분의 컴퓨터 사용자가 살아온 것보다 오래 동안 존재했다. 오래동안 생존한 이유는 사용자로 하여금 단지 키보드 몇번 쳐서 복잡한 작업을 수행할 수 있게 하는 강력한 도구이기 때문이다. 좀더 중요하게는 기존의 프로그램을 새로운 방식으로 조합해서 반복적인 작업을 자동화함으로써, 동일한 작업을 반복적으로 하지 않게 만든다. 쉘 사용은 폭넓게 다양하고 강력한 도구와 컴퓨팅 자원(슈퍼컴퓨터와 "고성능 컴퓨팅(High Performance Computing, HPC)"이 포함)을 사용하는 근본이 된다.

1.1 배경

상위 수준에서 컴퓨터는 네가지 일을 수행한다:

- 프로그램 실행
- 데이터 저장
- 컴퓨터간 상호 의사소통
- 사람과 상호작용

마지막 작업을 뇌-컴퓨터 연결, 음성 인터페이스를 포함한 다양한 많은 방식으로 수행하고 있지만 아직은 초보적인 수준이어서, 대부분은 WIMP((Window) 윈도우, (Icon)아이콘, (Mouse)마우스, (Pointer)포인터)를 사용한다. 1980년대까지 이러한 기술은 보편적이지 않았지만, 기술의 뿌리는 1960년대 Doug Engelbart의 작업에 있고, "The Mother of All Demos"로 불리는 것에서 볼 수 있다.

조금 더 멀리 거슬러 올라가면, 초기 컴퓨터와 상호작용하는 유일한 방법은 와이어로 다시 연결하는 것이다. 하지만, 중간에 1950년에서 1980년 사이 대부분의 사람들이 라인 프린터(line printer)를 사용했다. 이런 장치는 표준 키보드에 있는 문자, 숫자, 특수부호의 입력과 출력만 허용해서, 프로그래밍 언어와 인터페이스는 이러한 제약사항에서 설계됐다.

여전히 전통적인 화면, 마우수, 터치패드, 키보드를 사용하지만 터치 인터페이스와 음성 인터페이스가 보편화되고 있다.

이런 종류의 인터페이스를 지금 대부분의 사람들이 사용하는 **그래픽 사용자 인터페이스(GUI, graphical user interface)**과 구별하기 위해서 **명령-라인 인터페이스(CLI, command-line interface)**라고 한다. CLI의 핵심은 **읽기-평가-출력(REPL,read-evaluate-print loop)**이다: 사용자가 명령어를 타이핑하고 엔터(enter)/반환(return)키를 입력하면, 컴퓨터가 읽고, 실행하고, 결과를 출력한다. 그러고 나면, 사용자는 다른 명령를 타이핑하는 것을 로그 오프해서 시스템을 빠져 나갈때까지 계속한다.

GUI는 WIMP((Window) 윈도우, (Icon)아이콘, (Mouse)마우스, (Pointer)포인터)로 구성되는데 배우기 쉽고, 단순 작업에 대해서는 환상적이다. "클릭"하게 되면 명령이 "내가 원하는 작업을 수행해"라고 손쉽게 컴퓨터에 통역된다. 하지만, 이런 마술은 단순한 작업을 수행하고, 정확하게 이러한 유형의 작업을 수행할 수 있는 프로그램에 불과하다.

만약 복잡하고, 특정 목적에 부합되는 훨씬 묵직한 작업을 컴퓨터에 내리고자 한다고 해서, 난해하거나 어렵거나할 필요는 없고, 단지 명령 어휘가 필요하고 이를 사용하는데 필요한 단순한 문법만 필요로 한다.

쉘이 이런 기능을 제공한다 - 단순한 언어로 이를 사용하는데 **명령-라인 인터페이스**가 필요하다. 명령라인 인터페이스의 심장은 **읽기-평가-출력(REPL,read-evaluate-print loop)**이다. REPL로 불리는 이유는 쉘에 명령어를 타이핑하고 Return를 치게되면 컴퓨터가 명령어를 읽어들이고 나서, 평가(혹은 실행)하고 출력결과를 화면에 뿌린다. 또 다른 명령어를 입력할 때까지 대기하는 루푸를 반복하게 되서 그렇다.

상기 묘사가 마치 사용자가 직접 명령어를 컴퓨터에 보내고, 컴퓨터는 사용자에게 직접적으로 출력을 보내는 것처럼 들린다. 사실 중간에 **명령 쉘(command shell)**로 불리는 프로그램이 있다. 사용자가 타이핑하는 것은 쉘로 간다. 쉘은 무슨 명령어를 수행할지 파악해서 컴퓨터에게 수행하도록 지시한다. 쉘을 *조개 껍데기(shell)*로 불리는데 이유는 운영체제를 감싸서, 복잡성 일부를 숨겨서 운영체제와 더 단순하게 상호작용하게 만든다.

1.2 쉘(Shell)

쉘(Shell)은 다른 것과 마찬가지로 프로그램이다. 조금 특별한 것은 자신이 연산을 수행하기 보다 다른 프로그램을 실행한다는 것이다. 가장 보편적인 유닉스 쉘(Unix Shell)은 Bash(Bourne Again SHell)다. Stephen Bourne이 작성한 쉘에서 나와서 그렇게 불리우고 — 프로그래머 사이에 재치로 통한다. Bash는 대부분의 유닉스 컴퓨터에 기본으로 장착되는 쉘이고, 윈도우용으로 유닉스스런 도구로 제공되는 패키지 대부분에도 적용된다.

Bash나 다른 쉘을 사용하는 것이 마우스를 사용하는 것보다 프로그래밍 작성하는 느낌이 난다. 명령어는 간략해서 (흔히 단지 2~3자리 문자다), 명령어는 자주 암호스럽고, 출력은 그래프같이 시각적인 것보다 텍스트줄로 쭉 뿌려진다. 다른 한편으로, 쉘을 사용하여 좀더 강력한 방식으로 현존하는 도구를 단지 키보드 입력값 몇개를 조합해서 대용량의 데이터를 자동적으로 처리할 수 있는 파이프라인을 구축할 수 있게 한다. 추가로, 명령 라인은 종종 멀리 떨어진 컴퓨터 혹은 슈퍼컴퓨터와 상호작용하는 가장 쉬운 방법이다. 고성능 컴퓨팅 시스템에 포함된 다양한 특화된 도구와 자원을 실행하는데 쉘과 친숙성이 거의 필연적이다. 클러스트 컴퓨팅과 클라우드 컴퓨팅이 과학 데이터 클런칭(scientific data cruching)이 점점 대중화됨에 따라 원격 컴퓨터를 구동하는 것이 필수적인 기술이 되어가고 있다. 여기서 다뤄지는 명령-라인 기술에 기반해서 광범위한 과학적 질문과 컴퓨터적 도전과제를 처리할 수 있다.

1.3 어떻게 생겼을까?

전형적인 쉘 윈도우는 다음과 같다:

```
bash-3.2$
bash-3.2$ ls -F /
Applications/         System/
Library/              Users/
Network/              Volumes/
bash-3.2$
```

첫번째 줄은 **프롬프트(prompt)**만 보여주고 있고, 쉘이 입력준비가 되었다는 것을 나타낸다. 프롬프트로 다른 텍스트를 지정할 수도 있다. 가장 중요한 것: 명령어를 타이핑할 때, *프롬프트를 타이핑하지 말고*, 인식되거나 수행할 수 있는 명령어만 타이핑한다.

예제 두번째 줄에서 타이핑한 `ls -F /` 부분이 전형적인 구조를 보여주고 있다: **명령**

어(command), **플래그(flags)** (**선택옵션(options)** 혹은 **스위치(switches)**) 그리고 **인자(argument)**. 플래그는 대쉬(-) 혹은 더블 대쉬(--)로 시작하는데 명령어의 행동에 변화를 준다.

인자는 명령어에 작업할 대상을 일러준다(예를 들어, 파일명과 디렉토리). 종종 플래그를 매개변수(parameter)라고도 부른다. 명령어를 플래그 한개 이상, 인자도 한개 이상 사용하기도 한다: 하지만, 명령어가 항상 인자 혹은 플래그를 요구하지는 않는다.

상기 예제의 두번째 줄에서, **명령어는** `ls`, **플래그**는 `-F`, **인자**는 `/`이 된다. 각각은 공백으로 뚜렸하게 구분된다: 만약 `ls` 와 `-F` 사이 공백을 빼먹게 되면 쉘은 `ls-F` 명령어를 찾게 되는데, 존재하지 않는 명령어다. 또한, 대문자도 문제가 될 수 있다: `LS` 명령어와 `ls` 명령어는 다르다.

다음으로 명령어가 생성한 출력결과를 살펴보자. 이번 경우에 / 폴더에 위치한 파일 목록을 출력하고 있다. 금일 해당 출력결과가 무엇을 의미하는지 다룰 예정이다. 맥OS를 사용하시는 참석자분들은 이번 출력결과를 이미 인지하고 있을지도 모른다.

마지막으로, 쉘은 프롬프트를 출력하고 다음 명령어가 타이핑되도록 대기모드로 바뀐다.

이번 학습예제에서 프롬프트가 `$`이 된다. 명령어를 `PS1='$ '` 타이핑하게 되면 동일하게 프롬프트를 맞출 수 있다. 하지만, 본인 취향에 맞추어 프롬프트를 둘 수도 있다 - 흔히 프롬프트에 사용자명과 디렉토리 현재 위치정보를 포함하기도 하다.

쉘 윈도우를 열고, `ls -F /` 명령어를 직접 타이핑한다. (공백과 대문자가 중요함으로 잊지 말자.) 원하는 경우 프롬프트도 변경해도 좋다.

1.4 `ls` 와 플래그 의미 파악

모든 쉘 명령어는 컴퓨터 어딘가에 저장된 프로그램으로, 쉘은 명령어를 검색해서 찾을 장소를 목록으로 이미 가지고 있다. (명령목록은 `PATH`로 불리는 **변수(variable)**에 기록되어 있지만, 이 개념을 나중에 다룰 것이라 현재로서는 그다지 중요하지는 않다.) 명령어, 플래그, 인자가 공백으로 구분된다는 점을 다시 상기하자.

REPL(읽기-평가-출력(read-evaluate-print) 루프)를 좀더 살펴보자. "평가(evaluate)" 단계는 두가지 부분으로 구성됨에 주목한다:

1. 타이핑한 것을 읽어들인다(이번 예제에서 `ls -F /`) 쉘은 공백을 사용해서 명령어로 입력된 것을 명령어, 플래그, 인자로 쪼갠다.

2. 평가(Evaluate):
    a. `ls` 라는 프로그램을 찾는다.
    b. 찾은 프로그램을 실행하고 프로그램이 인식하고 해석한 플래그와 인자를 전달한다.
3. 프로그램 실행 결과를 출력한다.

그리고 나서, 프롬프트를 출력하고 또다른 명령어를 입력받도록 대기한다.

> **Command not found 오류**
>
> 쉘이 타이핑한 명령어 이름을 갖는 프로그램을 찾을 수 없는 경우, 다음과 같은 오류 메시지가 출력된다:
>
> ```
> $ ls-F
> -bash: ls-F: command not found
> ```
>
> 일반적으로 명령어를 잘못 타이핑했다는 의미가 된다 - 이 경우, `ls` 와 `-F` 사이 공백을 빼먹어서 그렇다. 즉, `ls -F`와 같이 명령을 전달하면 의도한 바가 기계에 정확히 전달된다.

1.5 어려운가요?

GUI와 비교하여 컴퓨터와 상호작용하는데 있어 어려운 모형이고 학습하는데 노력과 시간이 다소 소요된다. GUI는 선택지를 보여주고, 사용자가 선택지중에서 선택하는 하는 것이다. **명령라인 인터페이스(CLI)**로 선택지가 명령어와 패러미터의 조합으로 표현된다. 사용자에게 제시되는 것이 아니라서 새로운 언어의 어휘를 학습하듯이 일부 학습이 필요하다. 명령어의 일부만 배우게 되면 정말 도움이 많이 되고, 핵심적인 명령어를 다뤄보자.

1.6 유연성과 자동화

쉘문법(Grammar of Shell)은 기존 도구를 조합해서 강력한 파이프라인을 구축하도록 해서 방대한 데이터를 자동화하여 다룰 수 있다. 명령 순서는 *스크립트(script)*로 작성하여 작업흐름의 재현가능성을 향상시켜서 쉽게 반복이 가능하도록 한다.

추가로, 명령 라인은 종종 멀리 떨어진 컴퓨터 혹은 슈퍼컴퓨터와 상호작용하는 가장 쉬

운 방법이다. 고성능 컴퓨팅 시스템에 포함된 다양한 특화된 도구와 자원을 실행하는데 쉘과 친숙성이 거의 필연적이다. 클러스트 컴퓨팅과 클라우드 컴퓨팅이 과학 데이터 클런칭(scientific data cruching)이 점점 대중화됨에 따라 원격 컴퓨터를 구동하는 것이 필수적인 기술이 되어가고 있다. 여기서 다뤄지는 명령-라인 기술에 기반해서 광범위한 과학적 질문과 컴퓨터적 도전과제를 처리할 수 있다.

1.7 사례: 문제정의

해양 생물학자 넬 니모(Nell Nemo) 박사가 방금전 6개월간 북태평양 소용돌이꼴 조사를 마치고 방금 귀환했다. 태평양 거대 쓰레기 지대에서 젤리같은 해양생물을 표본주출했다. 총 합쳐서 1,520개 시료가 있고 다음 작업이 필요하다:

1. 서로 다른 300개 단백질의 상대적인 함유량을 측정하는 분석기계로 시료를 시험한다. 한 시료에 대한 컴퓨터 출력결과는 각 단백질에 대해 한 줄 파일형식으로 표현된다.
2. `goostat`으로 명명된 그녀의 지도교수가 작성한 프로그램을 사용하여 각 단백질에 대한 통계량을 계산한다.
3. 다른 대학원 학생중 한명이 작성한 `goodiff`로 명명된 프로그램을 사용해서, 각 단백질에 대한 통계량과 다른 단백질에 대해 상응하는 통계량을 비교한다.
4. 결과를 작성한다. 그녀의 지도교수는 이달 말까지 이 작업을 정말로 마무리해서, 논문이 다음번 *Aquatic Goo Letters* 저널 특별판에 게재되기를 희망한다.

각 시료를 분석장비가 처리하는데 약 반시간 정도 소요된다. 좋은 소식은 각 시료를 준비하는데는 단지 2분만 소요된다. 연구실에 병렬로 사용할 수 있는 분석장비 8대가 있어서, 이 단계는 약 2주정도만 소요될 것이다.

나쁜 소식은 `goostat`, `goodiff`를 수작업으로 실행한다면, 파일이름 입력하고 "OK" 버튼을 45,150번 눌려야 된다는 사실이다 (`goostat` 300회 더하기 `goodiff` $\frac{300\times299}{2}$). 매번 30초씩 가정하면 2주 이상 소요될 것이다. 논문 마감일을 놓칠 수도 있지만, 이 모든 명령어를 올바르게 입력할 가능성은 거의 0 에 가깝다.

다음 수업 몇개는 대신에 그녀가 무엇을 해야되는지 탐색한다. 좀더 구체적으로, 처리하는 파이프라인 중간에 반복되는 작업을 자동화하는데 쉘 명령어(command shell)를 어떻게 사용하는지 설명해서, 논문을 쓰는 동안에 컴퓨터가 하루에 24시간 작업한다. 덤으로 중간 처리작업 파이프라인을 완성하면, 더 많은 데이터를 얻을 때마다 다시 재사용할 수 있게 된다.

1.8 쉘 GPT

OpenAI의 ChatGPT(GPT-3.5)는 콘텐츠 생성에 주된 방점이 있지만 다양한 프로그래밍 코드도 작성함은 물론 유닉스 쉘 프로그램도 작성하여 CLI 생산성을 높이는데 사용될 수 있다. ChatGPT 기능을 활용하여 쉘 명령, 코드 스니펫, 주석, 문서 등을 생성할 수 있다. 즉, 데이터 과학자를 비롯한 개발자가 기존에 업무를 수행하던 방식이 전혀 다르게 된다. 즉, 책, 매뉴얼, 비밀노트(Cheat Sheet), 인터넷 북마크, 구글링 같은 검색없이 바로 터미널에서 바로 정확한 답변을 얻어 귀중한 시간과 노력을 절약할 수 있다.

예를 들어 앞서 프로젝트를 할 때 해당 유닉스 쉘 명령어가 기억나지 않는다고 하면 `shell gpt`를 사용하여 해당 작업을 신속하게 수행할 수 있다. shell_gpt는 파이썬 패키지라 다음 파이썬 명령어로 패키지 설치를 할 수 있다.

```
pip install shell-gpt
```

사용방법은 Git Bash를 설치한 후 터미널을 열구 `sgpt --shell` 다음에 자연어를 넣게 되면 해당되는 쉘 명령어를 알려준다. 이를 실행하게 되면 유닉스 쉘을 이용하여 해당 자동화 작업에 생산성을 높일 수 있다. 현재는 한국어는 지원하지 않아 한글로 작성한 다음 번역기를 사용하여 영어로 입력해야 하고 결과를 얻게 되면 이를 실행하는 방식으로 활용한다.

```
$ sgpt --shell 'List the contents of the current directory and display a special character at the end
```

```
statkclee@dl:/mnt/d/tcs/gpt-shell$ sgpt --shell 'List the contents of the current directory and d
isplay a special character at the end of each filename to indicate its file type.'
ls -F
Execute shell command? [y/N]: y
00_setup.qmd*   code/             images/          shell-create.Rmd*   shell-loop.Rmd*
01_openAI.qmd*  cover.png*        index.qmd*       shell-filedir.qmd*  shell-novice/
LICENSE*        docs/             references.bib*  shell-find.Rmd*     shell-pipefilter.Rmd*
_quarto.yml*    gpt-shell.Rproj*  references.qmd*  shell-intro.qmd*    shell-script.Rmd*
statkclee@dl:/mnt/d/tcs/gpt-shell$
```

--- **bitPublish**를 이용하여

제 2 장

파일과 폴더 넘나들기

파일과 디렉토리 관리를 담당하고 있는 운영체제 부분을 **파일 시스템(file system)**이라고 한다. 파일 시스템은 데이터를 정보를 담고 있는 파일과 파일 혹은 다른 디렉토리를 담고 있는 디렉토리(혹은 "폴더"")로 조직화한다.

파일과 디렉토리를 생성, 검사, 이름 바꾸기, 삭제하는데 명령어 몇개가 자주 사용된다. 명령어를 살펴보기 위해, 쉘 윈도우를 연다:

먼저, `pwd` 명령어를 사용해서 위치를 찾아낸다; `pwd`는 "print working directory"를 의미한다. 디렉토리는 *장소(place)* 같다 - 쉘을 사용할 때마다 정확하게 한 장소에 위치하게 되는데, 이를 **현재 작업 디렉토리(current working directory)**라고 부른다. 명령어 대부분은 현재 작업 디렉토리에 파일을 읽고 쓰는 작업을 "이곳(here)"에 수행한다. 그래서 명령어를 실행하기 전에 현재 위치가 어디인지 파악하는 것이 중요하다. `pwd` 명령어를 숭애하게 되면 현재 위치를 다음과 같이 보여주게 된다:

```
$ pwd
/Users/nelle
```

다음에서, 컴퓨터의 응답은 `/Users/nelle`으로 넬(Nelle)의 **홈 디렉토리(home directory)**다:

홈 디렉토리(Home Directory) 변종

홈 디렉토리 경로는 운영체제마다 다르게 보인다. 리눅스에서 `/home/nelle` 처럼 보이고, 윈도우에서는 `C:\Documents and Settings\nelle`, `C:\Users\nelle`와 유사하게 보인다. (윈도우 버젼마다 다소 차이가 있을 수 있음에 주목한다.) 다음 예제부터, 맥OS 출력결과를

기본설정으로 사용할 것이다; 리눅스와 윈도우 출력결과에 다소 차이가 날 수 있지만, 전반적으로 유사하다.

"홈 디렉토리(home directory)"를 이해하기 위해서, 파일 시스템이 전체적으로 어떻게 구성되었는지 살펴보자. 최상단에 다른 모든 것을 담고 있는 **루트 디렉토리(root directory)**가 있다. 슬래쉬 / 문자로 나타내고, `/users/nelle`에서 맨 앞에 슬래쉬이기도 하다.

Nelle 과학자 컴퓨터의 파일시스템을 사례로 살펴보자. 시연을 통해서 유사한 방식으로 (하지만 정확하게 동일하지는 않지만) 본인 컴퓨터 파일시스템을 탐색하는 명령어를 학습하게 된다.

넬 과학자 컴퓨터의 파일 시스템은 다음과 같다:

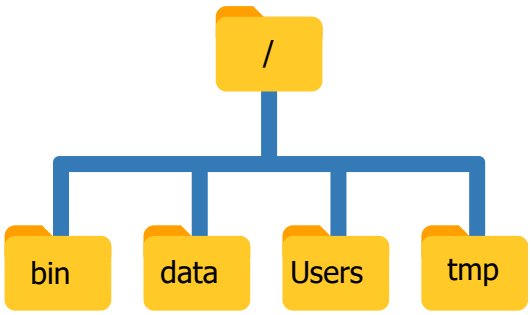


그림 2.1: 파일 시스템

최상단에 다른 모든 것을 담고 있는 **루트 디렉토리(root directory)**가 있다. 슬래쉬 / 문자로 나타내고, `/users/nelle`에서 맨 앞에 슬래쉬이기도 하다.

홈 디렉토리 안쪽에 몇가지 다른 디렉토리가 있다: `bin` (몇몇 내장 프로그램이 저장된 디렉토리), `data` (여러가지 데이터 파일이 저장된 디렉토리), `Users` (사용자의 개인 디렉토리가 저장된 디렉토리), `tmp` (장기간 저장될 필요가 없는 임시 파일을 위한 디렉토리), 등등:

현재 작업 디렉토리 `/Users/nelle`는 `/Users` 내부에 저장되어 있다는 것을 알고 있는데, 이유는 `/Users`가 이름 처음 부분이기 때문에 알 수 있다. 마찬가지로 `/Users`는 루트 디렉토리 내부에 저장되어 있다는 것을 알 수 있는데, 이름이 `/`으로 시작되기 때문이다.

슬래쉬(Slashes)

슬래쉬 / 문자는 두가지 의미가 있는 것에 주목한다. 파일 혹은 디렉토리 이름 앞에 나타날 때, 루트 디렉토리를 지칭하게 되고, 이름 *가운데* 나타날 때, 단순히 구분자 역할을 수행한다.

`/Users` 하단에서 Nelle 과학자 컴퓨터 계정과, 랩실 동료 미이라(Mummy)와 늑대인간(Wolfman) 디렉토리를 볼 수 있다.

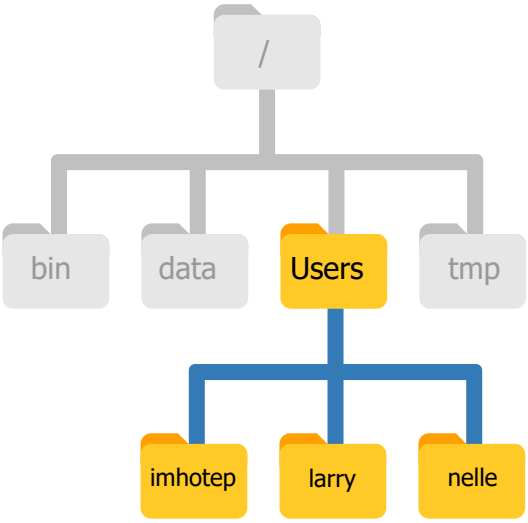


그림 2.2: 홈 디렉토리

미이라(Mummy) 파일은 `/Users/imhotep` 디렉토리에 저장되어 있고, 늑대인가(Wolfman)의 파일은 `/Users/larry` 디렉토리에 저장되어 있고 `/Users/nelle` 디렉토리에 `nelle`의 정보가 저장되어 있는데, 이것이 왜 `nelle`이 디렉토리 이름의 마지막 부분인 이유다. 일반적으로 명령 프롬프트를 열게 되면, 처음 시작하는 곳이 본인 계정 홈 디렉토리가 된다.

본인 파일시스템에 담긴 내용물을 파악하는데 사용하는 명령어를 학습해 보자. (Nelle의 홈 디렉토리에 무엇이 있는지 `ls` 명령어를 실행해서 살펴보자.) `ls`는 "목록보기(listing)"를 나타낸다:

```
$ ls
Applications Documents    Library      Music        Public
Desktop      Downloads    Movies       Pictures
```

(다시 한번, 본인 컴퓨터 운영체제와 파일시스템을 취향에 따라 바꿨는지에 따라 출력결과는 다소 다를 수 있다.)

`ls`는 알파벳 순서로 깔끔하게 열로 정렬하여 현재 디렉토리에 있는 파일과 디렉토리 이름을 출력한다. **플래그(flag)** `-F`(**스위치(switch)** 혹은 **옵션(option)**으로도 불린다)를 추가하여 출력을 좀더 이해하기 좋게 출력괄를 생성할 수도 있다. `ls`으로 하여금 디렉토리 이름 뒤에 `/`을 추가하게 일러준다: 끝에 붙은 `/`은 디렉토리라는 것을 지칭한다. 설정에 따라 달라지도록 파일이냐 디렉토리냐에 따라 다른 색상을 입힐 수도 있다. 앞선 학습에

서 `ls -F` 명령어를 사용한 것을 상기한다.

```
$ ls -F
Applications/ Documents/    Library/      Music/        Public/
Desktop/      Downloads/    Movies/       Pictures/
```

2.1 도움말 얻기

`ls` 명령어에 딸린 **플래그**가 많다. 일반적으로 명령어와 수반되는 플래그 사용법을 파악하는 방식이 두개 있다:

1. `--help` 플래그를 명령어에 다음과 같이 전달하는 방법:

```
$ ls --help
```

2. `man` 명령어로 다음과 같이 매뉴얼을 읽는 방법:

```
$ man ls
```

본인 컴퓨터 환경에 따라 상기 방법 중 하나만 동작(`man` 혹은 `--help`)할 수도 있다. 아래에서 두가지 방법 모두 살펴보자.

2.1.1 `--help` 플래그

배쉬 내부에서 동작하도록 작성된 배쉬 명령어와 프로그램은 `--help` 플래그를 지원해서 명령어 혹은 프로그램을 사용하는 방식에 대한 더 많은 정보를 볼 수 있게 해 준다.

```
$ ls --help

Usage: ls [OPTION]... [FILE]...
List information about the FILEs (the current directory by default).
Sort entries alphabetically if none of -cftuvSUX nor --sort is specified.

Mandatory arguments to long options are mandatory for short options too.
  -a, --all                  do not ignore entries starting with .
  -A, --almost-all           do not list implied . and ..
      --author               with -l, print the author of each file
  -b, --escape               print C-style escapes for nongraphic characters
      --block-size=SIZE      scale sizes by SIZE before printing them; e.g.,
                               '--block-size=M' prints sizes in units of
                               1,048,576 bytes; see SIZE format below
```

```
  -B, --ignore-backups       do not list implied entries ending with ~
  -c                         with -lt: sort by, and show, ctime (time of last
                               modification of file status information);
                               with -l: show ctime and sort by name;
                               otherwise: sort by ctime, newest first

... 중략

  -X                         sort alphabetically by entry extension
  -Z, --context              print any security context of each file
  -1                         list one file per line.  Avoid '\n' with -q or -b
      --help     display this help and exit
      --version  output version information and exit

The SIZE argument is an integer and optional unit (example: 10K is 10*1024).
Units are K,M,G,T,P,E,Z,Y (powers of 1024) or KB,MB,... (powers of 1000).

Using color to distinguish file types is disabled both by default and
with --color=never.  With --color=auto, ls emits color codes only when
standard output is connected to a terminal.  The LS_COLORS environment
variable can change the settings.  Use the dircolors command to set it.

Exit status:
 0  if OK,
 1  if minor problems (e.g., cannot access subdirectory),
 2  if serious trouble (e.g., cannot access command-line argument).

GNU coreutils online help: <http://www.gnu.org/software/coreutils/>
Full documentation at: <http://www.gnu.org/software/coreutils/ls>
or available locally via: info '(coreutils) ls invocation'
```

지원되지 않는 명령-라인 선택옵션

지원되지 않는 선택옵션(플래그)를 사용하게 되면, ls를 비롯한 다른 프로그램은 다음과 같은 오류 메시지를 일반적으로 출력하게 된다:

```
$ ls -j
ls: invalid option -- 'j'
```

```
Try 'ls --help' for more information.
```

2.1.2 man 명령어

ls에 대해 배울 수 있는 다른 방식은 다음 명령어를 타이핑하는 것이다.

```
$ man ls
```

상기 명령어를 실행하게 되면 ls 명령어와 선택 옵션에 대해 기술된 페이지로 탈바꿈하게 된다. 만약 운이 좋은 경우 상용법에 대한 예제도 포함되어 있다.

man 페이지를 살펴보는 방법은 행단위로 이동하는데 ↑, ↓을 사용하거나 전체 페이지 단위로 건너뛰거나 아래 페이지로 이동할 경우 B, Spacebar을 사용한다. man 페이지에서 단어나 문자를 찾는 경우 / 다음에 검색할 문자 혹은 단어를 타이핑하면 된다.

man 페이지에서 빠져 나오고자 **종료(quit)**하고자 한다면 Q을 누른다.

웹상의 매뉴얼 페이지

물론 명령어에 대한 도움말에 접근하는 세번째 방식이 있다: 웹브라우저를 통해서 인터넷을 검색하는 것이다. 인터넷 검색을 이용할 때, 검색쿼리에 unix man page 문구를 포함할 경우 연관된 정보를 찾는데 도움이 될 수 있다.

GNU도 GNU 핵심 유틸리티(core GNU utilities)이 포함된 매뉴얼을 제공하고 있는데 이번 학습에 소개된 많은 명령어를 망라하고 있다.

더많은 ls 플래그 탐색

-l, -h 플래그를 붙여 ls 명령어를 수행하게 되면 출력결과는 어떻게 나올까?

출력결과의 일부는 이번 학습에서 다루지 않는 속성(property)에 대한 것으로 파일 권한과 파일 소유에 대한 것이다. 그럼에도 불구하고 나머지는 유용할 것이다.

> ls와 사용되는 -l 플래그는 **l**ong을 축약한 것으로 파일/디렉토리 명칭 뿐만 아니라 파일 크기, 최종 변경 시간 같은 부가정보가 출력된다. -h 플래그는 "**h**uman readable" 사람이 읽기 편한 형태로 파일크기를 지정한다. 예를 들어, 5369 대신에 5.3K이 화면에 출력된다.

재귀적으로 시간순으로 목록 출력

ls -R 명령어는 디렉토리에 담긴 내용을 재귀적으로 화면에 출력한다; 즉, 각 단계별로 하위 디렉토리, 하위-하위 디렉토리 내용을 확면에 출력한다. ls -t 명령어는 마지막 변

경된 시점순으로 가장 최근에 변경된 파일 혹은 디렉토리를 화면에 정렬해서 출력한다. `ls -R -t` 명령어는 어떤 순서로 화면엘 출력할까?

힌트: `ls -l` 명령어를 사용해서 시간도장(timestamp)을 볼 수 있도록 전체 목록을 화면에 출력한다.

> 각 디렉토리의 파일/디렉토리가 가장 마지막 시간 변경순으로 정렬되어 출력된다.

여기서 홈 디렉토리가 **하위 디렉토리(sub-directories)**가 포함된것을 알 수 있다. 슬래쉬(/)가 붙지 않는 명칭을 갖는 것은 것은 평범한 **파일(file)**이다. `ls` 와 `-F` 사이에 공백이 있는 것에 주목한다: 공백이 없다면 쉘은 존재하지 않는 `ls-F` 명령어를 실행시키려 한다고 간주한다.

`ls` 명령어를 사용해서 다른 디렉토리에 들어 있는 파일과 디렉토리를 살펴볼 수 있다. `ls -F Desktop` 명령어를 실행해서 바탕화면 `Desktop` 디렉토리에 담긴 것을 살펴보자. 즉, `ls` 명령어는 `-F` **플래그**, 그리고 **인자(argument)** `Desktop`으로 구성된다. `Desktop` 인자는 `ls`로 하여금 현재 작업 디렉토리가 아닌 바탕화면 디렉토리 내용을 출력하도록 지정하는 역할을 수행한다:

```
$ ls -F Desktop
data-shell/
```

작업한 출력결과는 웹사이트에서 다운로드 받아 압축을 풀어 작업하여 생성한 `data-shell` 디렉토리와 본인 바탕화면에 저장된 모든 파일과 하위디렉토리가 출력되어야 한다.

2.2 cd 디렉토리 변경

지금 확인했듯이, 배쉬 쉘은 파일을 계층적 파일 시스템으로 구성한다는 아이디어에 강력히 의존하고 있다. 이런 방식으로 계층적으로 파일과 디렉토리를 구조화하게 되면 본인 작업을 추적하는데 도움이 된다: 책상위에 출력한 논문 수백개를 쌓아놓은 것는 것이 가능하듯이, 홈 디렉토리에 파일 수백개를 저장하는 것도 가능하다. 하지만, 이런 접근법은 자멸하는 전략이나 마찬가지다.

`data-shell` 디렉토리가 바탕화면(Desktop)에 위치하는 것을 확인했으니, 다음 두가지를 수행할 수 있다.

먼저, `data-shell` 디렉토리에 담긴 것을 살펴보자; 디렉토리 이름에 `ls`를 전달해서 앞서

확인된 동일한 전략을 사용하자:

```
$ ls -F Desktop/data-shell
creatures/          molecules/          notes.txt           solar.pdf
data/               north-pacific-gyre/ pizza.cfg           writing/
```

둘째로, 다른 디렉토리로 위치를 실제로 바꿀 수 있다. 그렇게 하면 더이상 홈 디렉토리에 있지는 않게 된다.

작업 디렉토리를 변경하기 위해서 `cd` 다음에 디렉토리 이름을 사용한다. `cd`는 "change directory"의 두문어다. 하지만 약간 오해의 소지가 있다: 명령어 자체가 디렉토리를 변경하지는 않고, 단지 사용자가 어느 디렉토리에 있는지에 대한 쉘의 생각만 바꾼다.

앞서 확인한 `data` 디렉토리로 이동해 보자. 다음 명령어를 쭉 이어서 실행하게 되면 목적지에 도달할 수 있다:

```
$ cd Desktop
$ cd data-shell
$ cd data
```

상기 명령어는 홈 디렉토리에 바탕화면(`Desktop`) 디렉토리로 이동하고 나서, `data-shell` 디렉토리로 이동하고 나서, `data` 디렉토리에 이동하게 된다. `cd` 명령어는 아무것도 출력하지는 않지만, `pwd` 명령어를 실행하게 되면 `/Users/nelle/Desktop/data-shell/data` 위치한 것을 확인하게 된다. 인자 없이 `ls` 명령어를 실행하게 되면, `/Users/nelle/Desktop/data-shell/data` 디렉토리 파일과 디렉토리를 출력하게 되는데 이유는 지금 있는 위치이기 때문이다:

```
$ pwd
/Users/nelle/Desktop/data-shell/data
$ ls -F
amino-acids.txt   elements/     pdb/            salmon.txt
animals.txt       morse.txt     planets.txt     sunspot.txt
```

이제 디렉토리 나무를 타서 아래로 내려가는 방법을 익혔다. 하지만 어떻게 하면 위로 올라갈 수 있을까? 다음 명령어를 시도해보자:

```
$ cd data-shell
-bash: cd: data-shell: No such file or directory
```

하지만, 오류 발생! 이유가 뭘까?

지금까지 방법으로 `cd` 명령어는 현재 디렉토리 내부에 하위 디렉토리만 볼 수 있다. 현

재 디렉토리에서 상위 디렉토리를 볼 수 있는 다른 방법이 있다; 가장 단순한 것부터 시작해보자.

쉘에서 한단계 위 디렉토리로 이동할 수 있는 단축키가 존재하는데 다음과 같이 생겼다:

```
$ cd ..
```

`..`은 특별한 디렉토리명인데 "현재 디렉토리를 포함하는 디렉토리", 좀더 간결하게 표현하면 현재 디렉토리의 **부모**를 의미한다. 물론, `cd ..` 명령어를 실행하고 나서 `pwd`을 실행하게 되면 `/Users/nelle/Desktop/data-shell`로 되돌아 간다:

```
$ pwd
/Users/nelle/Desktop/data-shell
```

단순히 `ls` 명령어를 실행하게 되면 특수 디렉토리 `..`이 화면에 출력되지는 않는다. `..` 디렉토리를 출력하려면 `ls` 명령어와 `-a` 플래그를 사용한다:

```
$ ls -F -a
./   .bash_profile  data/       north-pacific-gyre/  pizza.cfg  thesis/
../  creatures/     molecules/  notes.txt            solar.pdf  writing/
```

`-a`은 "show all"의 축약으로 모두 보여주기를 의미한다; `ls`로 하여금 `..`와 같은 `.`로 시작하는 파일과 디렉토리명도 화면에 출력하게 강제한다. (`/Users/nelle` 디렉토리에 위치한다면, `/Users` 디렉토리를 지칭) `.`도 또다른 특별한 디렉토리로, "현재 작업 디렉토리(current working directory)"를 의미한다. 중복되어 불필요해 보일 수 있지만, 곧 `.`에 대한 사용법을 학습할 것이다.

대부분의 명령라인 도구에서 플래그 다수룰 조합해서 플래그 사이 공백없이 단일 `-`로 사용함에 주목한다: `ls -F -a`은 `ls -Fa`와 동일하다.

다른 숨은 파일들

숨은 `..`, `.` 디렉토리에 더해서, `.bash_profile` 파일도 봤을 것이다. `.bash_profile` 파일에는 쉘 환경설정 정보가 담겨져 있다. `.`으로 시작하는 다른 파일과 디렉토리를 봤을 수도 있다. 이런 파일은 본인 컴퓨터의 다른 프로그램에서 환경설정을 하기 위해서 사용되는 파일과 디렉토리라고 보면 된다. `.` 접두어를 사용해서 `ls` 명령어를 사용할 때 이러한 환경설정 파일들이 터미널을 난잡하게 만드는 것을 방지하는 기능을 수행한다.

직교(Orthogonality)

특수 이름 `.`과 `..`는 `ls`에만 속하는 것이 아니고; 모든 프로그램에서 같은 방식으로 해석된다. 예를 들어, `/Users/nelle/data` 디렉토리에 있을 때, `ls ..` 명령어는 `/Users/nelle`의

목록을 보여줄 것이다. 어떻게 조합되든 상관없이 동일한 의미를 가지게 될 때, 프로그래머는 이를 **직교(orthogonal)**한다고 부른다. 직교 시스템은 사람들이 훨씬 배우기 쉬운데, 이유는 기억하고 추적할 특수 사례와 예외가 더 적기 때문이다.

2.3 상대/절대 경로

컴퓨터에 파일시스템을 돌아다니는데 기본 명령어는 `pwd`, `ls`, `cd`을 들 수 있다. 지금까지 사용했던 했던 방식을 벗어난 사례를 살펴보자. 프롬프트에서 `cd` 명령어를 디렉토리를 특정하지 않고 실행시키면 어떻게 될까?

```
$ cd
```

상기 명령어 실행 결과를 어떻게 확인할 수 있을까? `pwd` 명령어가 정답을 제시한다!

```
$ pwd
/Users/nelle
```

어떤 플래그도 없는 `cd` 명령어는 홈디렉토리로 이동시킨다. 파일시스템에서 방향을 잃었을 경우 큰 도움이 된다.

`data` 디렉토리로 되돌아가자. 앞서 명령어 세개를 동원했지만 한방에 해당 디렉토리를 명세해서 바로 이동할 수 있다.

```
$ cd Desktop/data-shell/data
```

`pwd` 와 `ls -F` 명령어를 실행해서 올바른 자리로 돌아왔는지 확인하자. `data` 디렉토리에서 한단계 위로 올라가려고 하면 `cd ..` 명령어를 사용했다. 현재 디렉토리 위치에 관계없이 특정 디렉토리로 이동할 수 있는 다른 방식도 있다.

지금까지 디렉토리명을 명세할 때 **상대경로(relative paths)**를 사용했다. `ls` 혹은 `cd`와 같은 명령어와 상대 경로를 사용할 때는 시스템이 파일시스템의 루트 위치(/)에서 차근차근 찾기보다 해당 위치를 현재 위치를 찾아 명령을 실행시킨다.

하지만, / 슬래쉬로 표현되는 루트 디렉토리에서 전체 경로를 추가한 **절대경로(absolute path)**로 명세하는 것도 가능하다. / 슬래쉬는 컴퓨터가 루트 디렉토리에서 경로를 탐색하도록 지시한다. 따라서, 명령어를 실행할 때 현재 디렉토리 위치에 관계없이 정확한 특정 디렉토리를 항상 명세하게 된다.

절대경로를 사용하면 파일 시스템에 어느 위치에서든 있던 관계없이 `data-shell` 디렉토리로 이동할 수 있다. 절대경로를 찾기 쉬운 방법은 `pwd` 명령어를 사용해서 필요한 디렉토리 정보를 추출하고 이를 활용해서 `data-shell` 디렉토리로 이동한다.

```
$ pwd
/Users/nelle/Desktop/data-shell/data
$ cd /Users/nelle/Desktop/data-shell
```

pwd와 ls -F 명령어를 실행하게 되면 원하던 디렉토로리 제대로 이동되었는지 확인이 가능하다.

단축(Shortcuts) 두개 더

쉘을 ~ (틸드) 문자를 경로의 시작으로 해석해서 "현재 사용자 홈 디렉토리"를 의미하게 된다. 예를 들어, Nelle의 홈 디렉토리가 /Users/nelle이라면, ~/data은 /Users/nelle/data와 동치가 된다. 경로명에 첫 문자로 있을 때만 이것이 동작한다: here/there/~/elsewhere이 here/there/Users/nelle/elsewhere이 되는 것은 *아니다*. 따라서, cd ~을 홈 디렉토리로 변경하는데 사용한다.

또 다룩 단축은 대쉬(-) 문자다. cd는 - 문자를 *지금 있는 이전 디렉토리*로 변역한다. 이 방법이 전체 경로를 기억하고 있다가 타이핑하는 것보다 더 빠르다. 이를 통해 디렉토리를 앞뒤로 *매우* 효율적으로 이동하게 된다. cd .. 와 cd - 명령어 사이 차이점은 전자(cd ..)는 *위로*, 후자(cd -)는 *아래로* 이동하게 위치를 바꾸는 역할을 수행한다. TV 리모컨의 *이전 채널* 기능으로 생각하면 편하다.

동일 작업을 수행하는 수많은 방법 - 절대 경로 vs. 상대 경로

/home/amanda/data/ 디렉토리에서 시작할 때, Amanda가 홈디렉토리인 /home/amanda로 돌아가도록 사용할 수 있는 명령어를 아래에서 선택하시요.

1. cd .
2. cd /
3. cd /home/amanda
4. cd ../..
5. cd ~
6. cd home
7. cd ~/data/..
8. cd
9. cd ..

해답 풀이 1. No: .은 현재 디렉토리를 나타냄. 2. No: /는 루트 디렉토리를 나타냄. 3. No: Amanda 홈 디렉토리른 /Users/amanda임. 4. No: ../..은 두 단계 거

슬러 올라간다; 즉, `/Users`에 도달함. 5. Yes: `~`은 사용자 홈 디렉토리를 나타남; 이 경우 `/Users/amanda`이 됨. 6. No: 현재 디렉토리 내부에 `home` 디렉토리가 존재하는 경우 `home` 디렉토리로 이동하게 됨. 7. Yes: 불필요하게 복잡하지만, 정답이 맞음. 8. Yes: 사용자 홈 디렉토리로 이동할 수 있는 단축키를 사용함. 9. Yes: 한 단계 위로 이동.

상대경로 해결

만약 `pwd` 명령어를 쳤을 때, 화면에 `/Users/thing`이 출력된다면, `ls -F ../backup`은 무엇을 출력할까요?

1. `../backup: No such file or directory`
2. `2012-12-01 2013-01-08 2013-01-27`
3. `2012-12-01/ 2013-01-08/ 2013-01-27/`
4. `original/ pnas_final/ pnas_sub/`

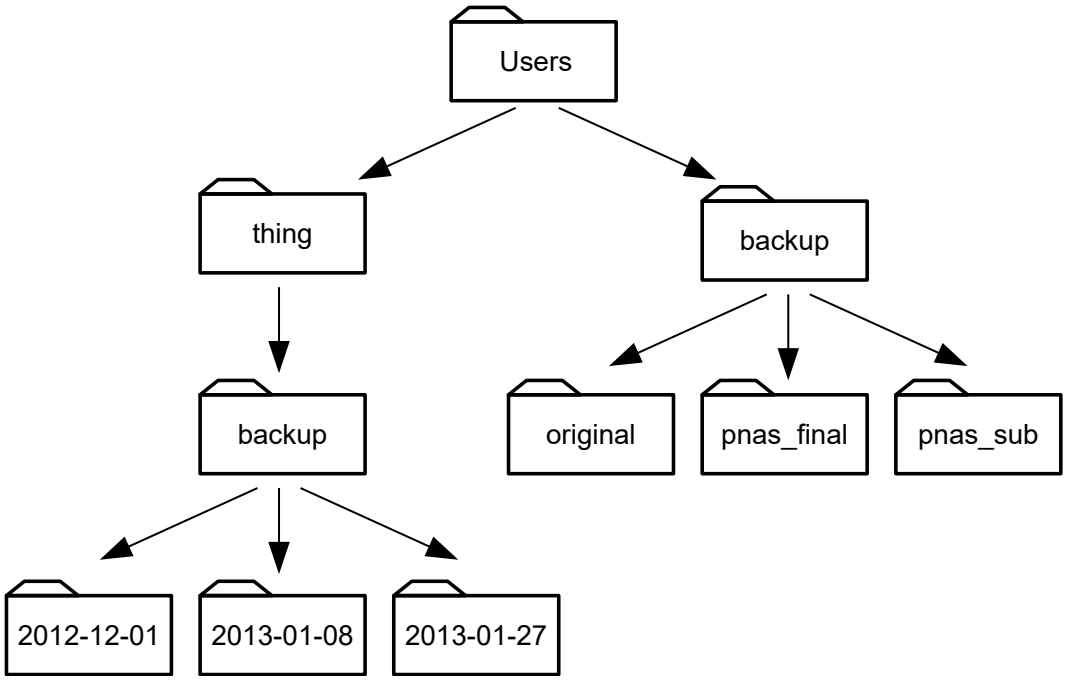


그림 2.3: 도전과제 질문 파일 시스템

해답 풀이

1. No: `backup in /Users` 디렉토리 내부에 `backup` 디렉토리가 *있다*.
2. No: `Users/thing/backup` 디렉토리에 담긴 것을 출력한다. 하지만 `..`으로

한 단계 상위 레벨 위를 찾도록 요청했다.

3. No: 이전 해답을 참조한다.
4. Yes: `../backup/` 은 `/Users/backup/`을 지칭한다.

`ls` 독해 능력

상기 그림(도전과제 질문에 사용되는 파일 시스템)에 나온 디렉토리 구조를 상정한다. 만약 `pwd` 명령어를 쳤을 때 화면에 `/Users/backup`이 출력되고, `-r` 인자는 `ls` 명령어가 역순으로 화면에 출력하게 한다면, 어떤 명령어가 다음을 화면에 출력할까요?

```
pnas_sub/ pnas_final/ original/
```

1. `` `ls pwd` ``
2. `` `ls -r -F` ``
3. `` `ls -r -F /Users/backup` ``
4. 위 #2 혹은 #3, 하지만, #1은 아님.

해답풀이 1. No: `pwd` 는 디렉토리 명칭이 아님. 2. Yes: 디렉토리 인자가 없는 `ls` 명령어는 현재 디렉토리의 파일과 디렉토리를 화면에 출력함. 3. Yes: 절대 경로를 명시적으로 사용. 4. Correct: 상기 해설 참조.

2.4 사례: 파일 구성

파일과 디렉토리에 대해서 알았으니, Nelle은 단백질 분석기가 생성하는 파일을 구성할 준비를 마쳤다. 우선 `north-pacific-gyre` 디렉토리를 생성해서 데이터가 어디에서 왔는지를 상기하도록 한다. `2012-07-03` 디렉토리를 생성해서 시료 처리를 시작한 날짜를 명기했다. Nelle은 `conference-paper`와 `revised-results`같은 이름을 사용하곤 했다. 하지만, 몇 년이 지난 후에 이해하기 어렵다는 것을 발견했다. (마지막 지푸라기는 `revised-revised-results-3` 디렉토리를 본인이 생성했다는 것을 발견했을 때였다.)

출력결과 정렬

Nelle은 월과 일에 0을 앞에 붙여 디렉토리를 "년-월-일(year-month-day)" 방식으로 이름지었다. 왜냐하면 쉘이 알파벳 순으로 파일과 디렉토리 이름을 화면에 출력하기 때문이다. 만약 월이름을 사용한다면, 12월(December)이 7월(July) 앞에 위치할 것이다: 만약 앞에 0을 붙이지 않으면 11월이 7월 앞에 올 것이다.

각각의 물리적 시료는 "NENE01729A"처럼 10자리 중복되지 않는 ID로 연구실 관례에 따라 표식을 붙였다. 시료의 장소, 시간, 깊이, 그리고 다른 특징을 기록하기 위해서 수집 기

록에 사용된 것과 동일하다. 그래서 이를 각 파일 이름으로 사용하기로 결정했다. 분석기 출력값이 텍스트 형식이기 때문에 `NENE01729A.txt`, `NENE01812A.txt`, … 같이 확장자를 붙였다. 총 1,520개 파일 모두 동일한 디렉토리에 저장되었다.

이제 `data-shell` 현재 작업 디렉토리에서 Nelle은 다음 명령어를 사용해서, 무슨 파일이 있는지 확인할 수 있다:

```
$ ls north-pacific-gyre/2012-07-03/
```

엄청나게 많은 타이핑이지만 **탭 자동완성(tab completion)**을 통해 쉘에게 많은 일을 시킬 수도 있다. 만약 다음과 같이 타이핑하고:

```
$ ls nor
```

그리고 나서 탭(키보드에 탭 키)을 누르면, 자동으로 쉘이 디렉토리 이름을 자동완성 시켜준다:

```
$ ls north-pacific-gyre/
```

탭을 다시 누르면, Bash가 명령문에 `2012-07-03/`을 추가하는데, 왜냐하면 유일하게 가능한 자동완성조건이기 때문이다. 한번더 탭을 누려면 아무것도 수행하지 않는다. 왜냐하면 1520가지 경우의 수가 있기 때문이다; 탭을 두번 누르면 모든 파일 목록을 가져온다. 이것을 **탭 자동완성(tab completion)**이라고 부르고, 앞으로도 다른 많은 툴에서도 많이 볼 것이다.

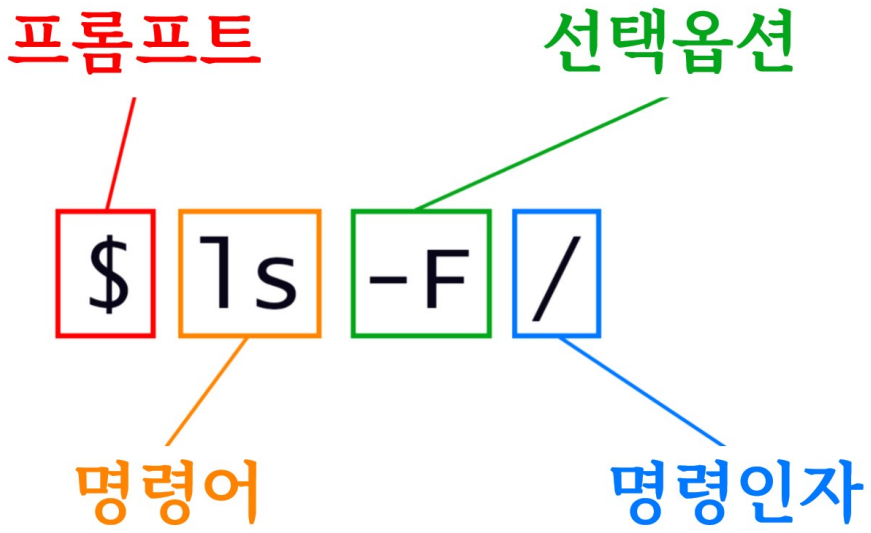
2.5 쉘 명령 일반구문

지금까지 명령어, 선택옵션 및 명령인자를 살펴보았지만 몇 가지 용어를 공식화하는 것이 필요하다. 아래 쉘 명령어를 일반적인 쉘 명령어 사례로 간주하고 구성요소별로 분해하면 다음과 같다:

```
ls -F /
```

상기 쉘 명령어는 `ls` **명령어**, **선택옵션** `-F`, **명령인자** `/`로 구성되어 있다. 이미 대시(-) 하나 또는 대시 두개(--)가 명령의 동작을 변경한다. 명령인자는 명령에 작업할 대상(예: 파일 및 디렉터리)을 지정해준다. 선택옵션과 명령인자를 **매개변수**라고 부른다. 쉘 명령은 둘 이상의 선택옵션과 둘 이상의 명령인자를 사용하여 실행할 수도 있지만, 쉘 명령어 작성에 항상 선택옵션과 명령인자가 필요한 것은 아니다.

선택옵션을 **스위치(switches)** 또는 **플래그(flag)**라고 부르는 경우도 있다. 특히 명령인



자가 없는 선택옵션을 스위치나 플래그로 부르지만, 선택옵션이라는 용어를 통일해서 사용한다.

쉘 명령어 각 부분은 공백으로 구분된다. ls와 -F 사이에 공백을 생략하는 경우 공백을 생략하면 쉘은 ls-F라는 명령을 찾지만 이런 명령어는 존재하지 않는다. 쉘 명령어에서 대소문자 구분도 중요하다. 예를 들어 ls -s는 파일 및 디렉터리의 크기를 이름과 함께 표시하지반, ls -S는 아래와 같이 파일과 디렉터리를 크기별로 정렬한다:

```
cd shell-lesson-data
ls -s exercise-data
```

```
total 28
 4 animal-counts   4 creatures  12 numbers.txt   4 proteins   4 writing
```

ls -s가 반환하는 크기는 블록 단위로 운영 체제마다 다르게 정의되어 있으므로 예제와 동일한 수치를 얻지 못할 수도 있다. 참고로 윈도우 10 운영체제에서 작성되었다.

ls -S는 파일과 디렉토리를 크기별로 정렬한다.

```
ls -S exercise-data
```

```
animal-counts  creatures  proteins  writing  numbers.txt
```

이 모든 것을 종합하면 위의 ls -F / 명령은 루트 디렉터리 /에 있는 파일 및 디렉터리

목록을 출력한다. 참고로 윈도우 10 환경에 WSL 우분투 리눅스를 환경 사례다. 사용자의 운영체제에 따라 달리 나올 수도 있다.

```
ls -F /
```

```
Applications/         System/
Library/              Users/
Network/              Volumes/
```

제 3 장

파일과 디렉토리 작업

이제는 어떻게 파일과 디렉토리를 살펴보는지 알게 되었지만, 우선, 어떻게 파일과 디렉토리를 생성할 수 있을까요? 바탕화면(Desktop) `data-shell` 디렉토리로 돌아가서 `ls -F` 명령어를 사용하여 무엇을 담고 있는지 살펴봅시다:

```
$ pwd
/Users/nelle/Desktop/data-shell
$ ls -F
creatures/  data/  molecules/  north-pacific-gyre/  notes.txt  pizza.cfg  solar.pdf  writing/
```

명령어 `mkdir thesis`을 사용하여 새 디렉토리 `thesis`를 생성합시다 (출력되는 것은 아무것도 없습니다.):

```
$ mkdir thesis
```

이름에서 유추를 할 수도, 하지 못할 수도 있지만, `mkdir`은 "make directory(디렉토리 생성하기)"를 의미한다. `thesis`는 상대 경로여서(즉, 앞에 슬래쉬가 없음), 새로운 디렉토리는 현재 작업 디렉토리 아래 만들어진다:

```
$ ls -F
creatures/  data/  molecules/  north-pacific-gyre/  notes.txt  pizza.cfg  solar.pdf  thesis/  writing/
```

동일한 작업을 수행하는 두가지 방법

쉘을 사용해서 디렉토리를 생성하는 것이나 파일 탐색기를 사용하는 것과 별반 차이가 없다. 운영체제 그래픽 파일 탐색기를 사용해서 현재 디렉토리를 열게 되면, `thesis` 디렉토리가 마찬가지로 나타난다. 파일과 상호작용하는 두가지 다른 방식이 존재하지만, 파

일과 디렉토리는 동일하다.

3.1 파일과 디렉토리를 위한 좋은 명칭

명령라인으로 작업할 때, 복잡하고 어려운 파일과 디렉토리는 삶을 질을 현격히 저하시킨다. 다음에 파일 명칭에 대한 유용한 팁이 몇개 있다.

1. 공백(whitespaces)을 사용하지 마라 공백은 이름을 의미있게 할 수도 있지만, 공백이 명령라인 인터페이스에서 인자를 구별하는데 사용되기에, 파일과 디렉토리 명에서는 피하는 것이 상책이다. 공백 대신에 - 혹은 _ 문자를 사용한다.
2. 대쉬(-)로 명칭을 시작하지 않는다. 명령어가 -으로 시작되는 명칭을 선택옵션으로 처리하기 때문이다.
3. 명칭에 문자, 숫자, . (마침표), - (대쉬) and _ (밑줄)을 고수한다. 명령라인 인터페이스에서 다른 많은 문자는 특별한 의미를 갖는다. 학습을 진행하면서 이들 중 일부를 배울 것이다. 일부 특수 문자는 명령어가 기대했던 대로 동작하지 못하게 하거나, 심한 경우 데이터 유실을 야기할 수도 있다.

공백을 포함하거나 알파벳이 아닌 문자를 갖는 파일명이나 디렉토리명을 굳이 지정할 필요가 있다면, 인용부호(””)로 파일명이나 디렉토리명을 감싸야 한다.

`thesis` 디렉토리를 방금 생성했기에 내부에는 아무것도 없다:

```
$ ls -F thesis
```

`cd` 명령어를 사용하여 `thesis`로 작업 디렉토리를 변경하자. Nano 텍스트 편집기를 실행해서 `draft.txt` 파일을 생성하자:

```
$ cd thesis
$ nano draft.txt
```

어떤 편집기가 좋을까요?

“nano가 텍스트 편집기다”라고 말할 때, 정말 “텍스트”만 의미한다. 즉, 일반 문자 데이터만 작업할 수 있고, 표, 이미지, 혹은 다른 형태의 인간 친화적 미디어는 작업할 수 없다. nano를 워크샵에서 사용하는데 이유는 거의 누구나 훈련없이 사용할 수 있기 때문이다. 하지만, 실제 작업에는 좀더 강력한 편집기 사용을 추천한다. 유닉스 시스템 계열(맥 OS X, 리눅스)에서 많은 프로그래머는 Emacs 혹은 Vim을 사용하거나, (둘다 완전히 비직관적이만, 심지어 유닉스 표준이기도 하다) 혹은 그래픽 편집기로 Gedit를 사용한다. 윈도우에서는 Notepad++를 사용하는 것도 좋다. 윈도우에는 **메모장**(`notepad`)이라고 불리는

자체 내장 편집기도 있는데 nano 편집기와 마찬가지로 명령라인에서 바로 불러 실행될 수 있다.

어떤 편집기를 사용하든, 파일을 검색하고 저장하는 것을 알 필요가 있다. 쉘에서 편집기를 시작하면, (아마도) 현재 작업 디렉토리가 디폴트 시작 위치가 된다. 컴퓨터 시작 메뉴에서 시작한다면, 대신에 바탕화면(Desktop) 혹은 문서 디렉토리에 파일을 저장하고 싶을지도 모른다. "다른 이름으로 저장하기(Save As …)"로 다른 디렉토리로 이동하여 작업 디렉토리를 변경하여 파일을 저장할 수도 있다.

텍스트 몇 줄을 타이핑하고, 컨트롤+O (Control-O, Ctrl 혹은 콘트롤 키보드를 누르면서 O를 누름)를 눌러서 데이터를 디스크에 쓰면 저장된다: (저장하고자 하는 파일명을 입력하도록 독촉받게 되면 draft.txt 기본디폴트로 설정된 것을 받아들이고 엔터키를 친다.)

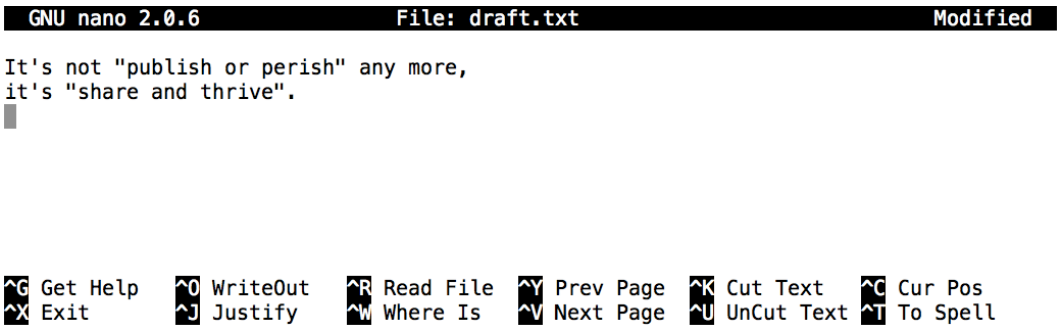


그림 3.1: Nano in Action

파일이 저장되면, 컨트롤+X (Ctrl-X, Control-X)를 사용하여 편집기를 끝내고 쉘로 돌아간다.

Control, Ctrl, ^ Key

컨트롤 키를 줄여서 "Ctrl" 키라고도 부른다. 컨트롤 키를 기술하는 몇가지 방식이 있다. 예를 들어, "컨트롤 키를 누룬다", "컨트롤 키를 누르면서 X 키를 친다"라는 표현은 다음 중 하나로 기술된다:

- Control-X
- Control+X
- Ctrl-X
- Ctrl+X
- ^X
- C-x

nano 편집기에서 화면 하단에 ^G Get Help ^O WriteOut을 볼 수 있다. Control-G를 눌러 도움말을 얻고, Control-O를 눌러 파일을 저장한다는 의미를 갖는다.

nano는 화면에 어떤 출력도 뿌려주지 않고 끝내지만, ls 명령어를 사용하여 draft.txt 파일이 생성된 것을 확인할 수 있다:

```
$ ls
draft.txt
```

파일을 생성하는 다른 방법

nano 편집기를 사용해서 텍스트 파일을 생성하는 방법을 살펴봤다. 홈 디렉토리에서 다음 명령어를 실행해 보자:

```
$ cd                # 홈 디렉토리로 이동하기
$ touch my_file.txt
```

1. touch 명령어는 어떤 작업을 수행하는가? GUI 파일 탐색기를 사용해서 본인 홈 디렉토리를 살펴보게 되면, 파일이 생성된 것이 보이는가?
2. ls -l 명령어를 사용해서 파일을 살펴보자. my_file.txt 파일은 얼마나 큰가?
3. 이런 방식으로 파일을 언제 생성하면 좋을까?

실행결과 및 해석

1. touch 명령어가 홈 디렉토리에 'my_file.txt' 파일을 새로 생성시킨다. 터미널로 현재 홈 디렉토리에 있는 경우, ls 를 타이핑하게 되면 새로 생성된 파일을 확인할 수 있다. GUI 파일 탐색기로도 'my_file.txt' 파일을 볼 수 있다.

2. 'ls -l' 명령어로 파일을 조사하게 되면, 'my_file.txt' 파일크기가 0kb 임에 주목한다. 다른 말로 표현하면, 데이터가 아무 것도 없다는 의미가 된다. 텍스트 편집기로 'my_file.txt' 파일을 열게 되면, 텅 비어 있다.

3. 일부 프로그램은 그 자체로 출력 파일을 생성하지 않지만, 빈 파일이 이미 생성되어 있는 것을 요구조건으로 하는 경우가 있다. 프로그램이 실행되면, 출력결과를 채울 수 있는 파일이 존재하는지 검색한다. 이런 프로그램에게 touch 명령어는 빈 텍스트 파일을 효율적으로 생성할 수 있는 메커니즘을 제공한다는 점에서 유용하다.

data-shell 디렉토리로 돌아가서, 생성한 초안을 제거해서 thesis 디렉토리를 깔끔하게 정리하자:

```
$ cd thesis
$ rm draft.txt
```

상기 명령어는 파일을 제거한다(rm은 “remove”를 줄인 것이다.) ls 명령어를 다시 실행하게 되면, 출력결과는 아무 것도 없게 되는데 파일이 사라진 것을 확인시켜준다:

```
$ ls
```

삭제는 영원하다

유닉스에는 삭제된 파일을 복구할 수 있는 휴지통이 없다. (하지만, 유닉스에 기반한 대부분의 그래픽 인터페이스는 휴지통 기능이 있다) 파일을 삭제하면 파일시스템의 관리 대상에서 빠져서 디스트 저장공간이 다시 재사용되게 한다. 삭제된 파일을 찾아 되살리는 도구가 존재하지만, 어느 상황에서나 동작한다는 보장은 없다. 왜냐하면 파일이 저장되었던 공간을 컴퓨터가 바로 재사용할지 모르기 때문이다.

파일을 다시 생성하고 나서, cd ..를 사용하여 /Users/nelle/Desktop/data-shell 상위 디렉토리로 이동해보자:

```
$ pwd
/Users/nelle/Desktop/data-shell/thesis
$ nano draft.txt
$ ls
draft.txt
$ cd ..
```

rm thesis을 사용하여 전체 thesis 디렉토리를 제거하려고 하면 오류 메시지가 생긴다:

```
$ rm thesis
rm: cannot remove `thesis': Is a directory
```

rm 명령어는 파일에만 동작하고 디렉토리에는 동작하지 않기 때문에 오류가 발생한다. thesis 디렉토리를 제거하려면, draft.txt 파일도 삭제해야 한다. rm 명령어에 재귀(recursive) 선택옵션을 사용해서 삭제 작업을 수행할 수 있다:

```
$ rm -r thesis
```

rm 안전하게 사용하기

rm -i thesis/quotations.txt 타이핑하면 무슨 일이 일어날까? rm 명령어를 사용할 때 왜 이러한 보호장치가 필요할까?

```
$ rm: remove regular file 'thesis/quotations.txt'?
```

> `-i` 선택옵션은 삭제하기 전에 삭제를 확인하게 해준다. 유닉스 쉘에는 휴지통이 없어서, 삭제되는 모든 파일은 영원히 사라진다. `-i` 플래그를 사용하게 되면, 삭제를 원하는 파일만 삭제되는지 점검할 수 있는 기회를 갖게된다.

큰 힘에는 큰 책임이 따른다(With Great Power Comes Great Responsibility)

디렉토리에 먼저 파일을 제거하고, 그리고 나서 디렉토리를 제거하는 방식은 지루하고 시간이 많이 걸린다. 대신에 `-r` 옵션을 가진 `rm` 명령어를 사용할 수 있다. `-r` 플래그 옵션은 “recursive(재귀적)”을 나타낸다.

```
$ rm -r thesis
```

디렉토리에 모든 것을 삭제하고 나서 디렉토리 자체도 삭제한다. 만약 디렉토리가 하위 디렉토리를 가지고 있다면, `rm -r`은 하위 디렉토리에도 같은 작업을 반복한다. 매우 편리하지만, 부주위하게 사용되면 피해가 엄청날 수 있다.

디렉톨리 파일을 재귀적으로 제거하는 것은 매우 위험할 수 있다. 삭제되는 것에 염려가 된다면, `rm` 명령어에 `-i` 인터랙티브 플래그를 추가해서 삭제단계마다 확인을 하고 삭제하는 것도 가능하다.

```
$ rm -r -i thesis
rm: descend into directory ‘thesis’? y
rm: remove regular file ‘thesis/draft.txt’? y
rm: remove directory ‘thesis’? y
```

상기 명령어는 `thesis` 디렉토리 내부 모든 것을 삭제하고 나서 `thesis` 디렉토리도 삭제하는데 삭제단계별로 확인 절차를 거친다.

다시 한번 디렉토리와 파일을 생성하자. 이번에는 `thesis/draft.txt` 파일경로로 바로 `nano`를 실행함을 주목하자. 이전에는 `thesis`디렉토리로 가서 `draft.txt`이름으로 `nano`를 실행했다.

```
$ pwd
/Users/nelle/Desktop/data-shell
$ mkdir thesis
$ nano thesis/draft.txt
$ ls thesis
draft.txt
```

3.2 파일과 폴더 이동

draft.txt가 특별한 정보를 제공하는 이름이 아니어서 mv를 사용하여 파일 이름을 변경하자. mv는 "move"의 줄임말이다:

```
$ mv thesis/draft.txt thesis/quotes.txt
```

첫번째 매개변수는 mv 명령어에게 이동하려는 대상을, 두번째 매개변수는 어디로 이동되는지를 나타낸다. 이번 경우에는 thesis/draft.txt 파일을 thesis/quotes.txt으로 이동한다. 이렇게 파일을 이동하는 것이 파일 이름을 바꾸는 것과 동일한 효과를 가진다. 아니나 다를까, ls 명령어를 사용하여 확인하면 thesis 디렉토리에는 이제 quotes.txt 파일만 있음을 확인할 수 있다:

```
$ ls thesis
quotes.txt
```

목표 파일명을 명세할 때 주의를 기울일 필요가 있다. 왜냐하면, mv 명령어는 동일 명칭을 갖는 어떤 기존 파일도 아주 조용히 덮어 써버리는 재주가 있어 데이터 유실에 이르게 된다. 부가적인 옵션 플래그, mv -i (즉 mv --interactive)를 사용해서 덮어쓰기 전에 사용자가 확인하도록 mv 명령어를 활용할 수도 있다.

일관성을 갖고 있어서, mv는 디렉토리에도 동작한다 — 별도 mvdir 명령어는 없다.

quotes.txt 파일을 현재 작업 디렉토리로 이동합시다. mv를 다시 사용한다. 하지만 이번에는 두번째 매개변수로 디렉토리 이름을 사용해서 파일이름을 바꾸지 않고, 새로운 장소에 놓는다. (이것이 왜 명령어가 "move(이동)"으로 불리는 이유다.) 이번 경우에 사용되는 디렉토리 이름은 앞에서 언급한 특수 디렉토리 이름 . 이다.

```
$ mv thesis/quotes.txt .
```

과거에 있던 디렉토리에서 파일을 현재 작업 디렉토리로 옮긴 효과가 나타난다. ls 명령어가 thesis 디렉토리가 비였음을 보여준다:

```
$ ls thesis
```

더 나아가, ls 명령어를 인자로 파일 이름 혹은 디렉토리 이름과 함께 사용하면, 그 해당 파일 혹은 디렉토리만 화면에 보여준다. 이렇게 사용하면, quotes.txt 파일이 현재 작업 디렉토리에 있음을 볼 수 있다:

```
$ ls quotes.txt
quotes.txt
```

현재 폴더로 이동하기

다음 명령어를 실행한 후에, 정훈이는 `sucrose.dat`, `maltose.dat` 파일을 잘못된 폴더에 넣은 것을 인지하게 되었다:

```
$ ls -F
 analyzed/ raw/
$ ls -F analyzed
fructose.dat glucose.dat maltose.dat sucrose.dat
$ cd raw/
```

해당 파일을 현재 디렉토리(즉, 현재 사용자가 위치한 폴더)로 이동시키도록 아래 빈칸을 채우시오:

```
$ mv ___/sucrose.dat  ___/maltose.dat ___
```

```
$ mv ../analyzed/sucrose.dat ../analyzed/maltose.dat .
```

`..` 디렉토리는 부모 디렉토리(즉, 현재 디렉토리에서 상위 디렉토리를 지칭)
`.` 디렉토리는 현재 디렉토리를 지칭함을 상기한다.

`cp` 명령어는 `mv` 명령어와 거의 동일하게 동작한다. 차이점은 이동하는 대신에 복사한다는 점이다. 인자로 경로를 두개 갖는 `ls` 명령어로 제대로 작업을 했는지 확인할 수 있다. 대부분의 유닉스 명령어와 마찬가지로, `ls` 명령어로 한번 경로 다수를 전달할 수도 있다:

```
$ cp quotes.txt thesis/quotations.txt
$ ls quotes.txt thesis/quotations.txt
quotes.txt   thesis/quotations.txt
```

복사를 제대로 수행했는지 증명하기 위해서, 현재 작업 디렉토리에 있는 `quotes.txt` 파일을 삭제하고 나서, 다시 동일한 `ls` 명령어를 실행한다.

```
$ rm quotes.txt
$ ls quotes.txt thesis/quotations.txt
ls: cannot access quotes.txt: No such file or directory
thesis/quotations.txt
```

이번에는 현재 디렉토리에서 `quotes.txt` 파일은 찾을 수 없지만, 삭제하지 않은 thesis 폴더의 복사본은 찾아서 보여준다.

파일명이 뭐가 중요해?

Nelle의 파일 이름이 "무엇.무엇"으로 된 것을 알아챘을 것이다. 이번 학습에서, 항상 `.txt` 확장자를 사용했다. 이것은 단지 관례다: 파일 이름을 `mythesis` 혹은 원하는 무엇이든지 작명할 수 있다. 하지만, 대부분의 사람들은 두 부분으로 구분된 이름을 사용하여 사람

이나 프로그램이 다른 유형의 파일임을 구분하도록 돕는다. 이름에 나온 두번째 부분을 **파일 확장자(filename extension)**라고 부르고, 파일에 어떤 유형의 데이터가 담고 있는지 나타낸다. `.txt` 확장자는 텍스트 파일임을, `.pdf`는 PDF 문서임을, `.cfg` 확장자는 어떤 프로그램에 대한 구성정보를 담고 있는 형상관리 파일임을 내고, `.png` 확장자는 PNG 이미지 등등을 나타낸다.

단지 관습이기는 하지만 중요하다. 파일은 바이트(byte) 정보를 담고 있다: PDF 문서, 이미지, 등에 대해서 규칙에 따라 바이트를 해석하는 것은 사람과 작성된 프로그램에 맡겨졌다.

`whale.mp3`처럼 고래 PNG 이미지 이름을 갖는 파일을 고래 노래의 음성파일로 변환하는 마술은 없다. 설사 누군가 두번 클릭할 때, 운영체제가 음악 재생기로 열어 실행할 수는 있지만 동작은 되지 않을 것이다.

파일 이름 바꾸기

데이터를 분석하는데 필요한 통계 검정 목록을 담고 있는 `.txt` 파일을 현재 디렉토리에 생성했다고 가정하자; 파일명은 `statstics.txt`. 파일을 생성하고 저장한 후에 곰곰히 생각해 보니 파일명 철자가 틀린 것을 알게 되었다! 틀린 철자를 바로잡고자 하는데, 다음 중 어떤 명령어를 사용해야 하는가? 1. `cp statstics.txt statistics.txt` 2. `mv statstics.txt statistics.txt` 3. `mv statstics.txt .` 4. `cp statstics.txt .`

> **해답** 1. No. 철자오류가 수정된 파일이 생성되지만, 철자가 틀린 파일도 디렉토리에 여전히 존재하기 때문에 삭제작업이 필요하다. 2. Yes, 이 명령어를 통해서 파일명을 고칠 수 있다. 3. No, 마침표(.)는 파일을 이동할 디렉토리를 나타내지 새로운 파일명을 제시하고 있지는 않고 있다; 동일한 파일명은 생성될 수 없다. 4. No, 마침표(.)는 파일을 복사할 디렉토리를 나타내지 새로운 파일명을 제시하고 있지는 않고 있다; 동일한 파일명은 생성될 수 없다.

이동과 복사 아래 보여진 일련의 명령문에 뒤에 `ls`명령어의 출력값은 무엇일까요?

```
$ pwd
/Users/jamie/data
$ ls
proteins.dat
$ mkdir recombine
$ mv proteins.dat recombine/
$ cp recombine/proteins.dat ../proteins-saved.dat
$ ls
```

1. `proteins-saved.dat recombine`
2. `recombine`
3. `proteins.dat recombine`
4. `proteins-saved.dat`

해답 `/Users/jamie/data` 디렉토리에서 출발해서, `recombine` 이름의 디렉토리를 새로 생성한다. 두번째 행은 `proteins.dat` 파일을 새로 만든 폴더 `recombine`으로 이동(`mv`) 시킨다. 세번째 행은 방금전에 이동한 파일에 대한 사본을 생성시킨다. 여기서 조금 까다로운 점은 파일이 복사되는 디렉토리다. `..` 이 의미하는 바가 "한단계 위로 이동"하라는 의미라서, 복사되는 파일은 이제 `/Users/jamie` 디렉토리에 위치하게 됨을 상기한다. `..` 이 의미하는 바는 복사되는 파일 위치에 대한 것이 **아니라** 현재 작업 디렉토리에 대한 것으로 해석됨에 유의한다. 그래서, 그래서, `ls` 명령어를 사용해서 보여지게 되는 것은 (`/Users/jamie/data`에 있기 때문에) `recombine` 폴더가 된다.

1. No, 상기 해설을 참조한다. `proteins-saved.dat` 데이터는 `/Users/jamie` 폴더에 위치한다.
2. Yes
3. No, 상기 해설을 참조한다. `proteins.dat` 데이터는 `/Users/jamie/data/recombine` 폴더에 위치한다.
4. No, 상기 해설을 참조한다. `proteins-saved.dat` 데이터는 `/Users/jamie` 폴더에 위치한다.

3.3 다수 파일과 폴더 작업

다수 파일을 복사하기 이번 연습문제에서는 `data-shell/data` 디렉토리에서 명령어를 테스트한다. 아래 예제에서, 파일명 다수와 디렉토리명이 주어졌을 때 `cp` 명령어는 어떤 작업을 수행하는가?

```
$ mkdir backup
$ cp amino-acids.txt animals.txt backup/
```

아래 예제에서, 3개 혹은 그 이상의 파일명이 주어졌을 때 `cp` 명령어는 어떤 작업을 수행하는가?

```
$ ls -F
amino-acids.txt  animals.txt  backup/  elements/  morse.txt  pdb/  planets.txt  salmon.txt  sunspot.txt
```

```
$ cp amino-acids.txt animals.txt morse.txt
```

해답 하나이상 파일명 다음에 디렉토리명이 주어지게 되면(즉, 목적지 디렉토리는 마지막 인자에 위치해야 한다.), `cp` 명령어는 파일을 해당 디렉토리에 복사한다.

연달아 파일명이 세게 주어지면, `cp` 명령어는 오류를 던지는데 이유는 마지막 인자로 디렉토리를 기대했기 때문이다.

```
cp: target ‘morse.txt’ is not a directory
```

와일드 카드(Wildcards)

*는 **와일드카드(wildcard)**다. 와일드카드는 0 혹은 그 이상의 문자와 매칭되서, `*.pdb`은 `ethane.pdb`, `propane.pdb` 등등에 매칭한다. 반면에, `p*.pdb`은 `propane.pdb`와 `pentane.pdb`만 매칭하는데, 맨 앞에 'p'로 시작되는 파일명만 일치하기만 하면 되기 때문이다.

`?`도 또한 와일드카드지만 단지 단일 문자만 매칭한다. 이것이 의미하는 바는 `p?.pdb`은 `pi.pdb`
혹은 `p5.pdb`을 매칭하지만 (`molecules` 디렉토리에 두 파일이 있다면), `propane.pdb`은 매칭하지 않는다. 한번에 원하는 수만큼 와일드카드를 사용할 수 있다. 예를 들어, `p*.p?*`는 'p'로 시작하고'.'과 'p', 그리고 최소 한자의 이상의 문자로 끝나는 임의의 문자열을 매칭한다고 표현할 수 있는데 '?'이 한 문자를 매칭해야하고 마지막'*'은 끝에 임의의 문자숫자와 매칭할 수 있기 때문이다. 그래서 `p*.p?*`은 `preferred.practice`과 심지어 `p.pi`도 매칭한다(첫번째'*'은 어떤 문자도 매칭할 수가 없음). 하지만 `quality.practice`은 매칭할 수 없는데 이유는 'p'로 시작하지 않고, `preferred.p`도 매칭할 수 없는데 'p' 다음에 최소 하나의 문자가 필요한데 없기 때문이다.

쉘이 와일드카드를 봤을 때, 요청된 명령문을 시작하기 *전에* 와일드카드를 확장하여 매칭할 파일 이름 목록을 생성한다. 예외로, 와일드카드 표현식이 어떤 파일과도 매칭되지 않게되면, 배수는 명령어에 인자로 표현식을 있는 그대로 전달한다. 예를 들어, `molecules` 디렉토리(`.pdb` 확장자로 끝나는 파일만 모여있다.)에 `ls *.pdf`을 타이핑하게 되면, `*.pdf`으로 불리는 파일이 없다고 오류 메시지를 출력한다. 하지만, 일반적으로 `wc`과 `ls` 명령어는 와일드카드 표현식과 매칭되는 파일명 목록을 보게 되고 와일드카드 자체가 아니다. 다른 프로그램은 아니지만, 쉘은 와일드카드를 확장한 것을 다룬다는 점에서 직교 설계(orthogonal design)의 또 다른 사례로 볼 수 있다.

와일드카드 추가 문제

정훈이는 미세조정(calibration), 원본 데이터(dataset), 데이터 설명 데이터를 디렉토리에 보관하고 있다:

```
2015-10-23-calibration.txt
2015-10-23-dataset1.txt
2015-10-23-dataset2.txt
2015-10-23-dataset_overview.txt
2015-10-26-calibration.txt
2015-10-26-dataset1.txt
2015-10-26-dataset2.txt
2015-10-26-dataset_overview.txt
2015-11-23-calibration.txt
2015-11-23-dataset1.txt
2015-11-23-dataset2.txt
2015-11-23-dataset_overview.txt
```

또 다른 견학여행을 떠나기 전에, 정훈이는 데이터를 백업하고 일부 데이터를 랩실 동료 기민에게 보내고자 한다. 정훈이는 백업과 전송 작업을 위해서 다음 명령어를 사용한다:

```
$ cp *dataset* /backup/datasets
$ cp ____calibration____ /backup/calibration
$ cp 2015-____-____ ~/send_to_bob/all_november_files/
$ cp ____ ~/send_to_bob/all_datasets_created_on_a_23rd/
```

정훈이가 빈칸을 채우도록 도움을 주세요. > **해답** > > > `$ cp *calibration.txt /backup/calibration` > `$ cp 2015-11-* ~/send_to_bob/all_november_files/` > `$ cp *-23-dataset* ~send_to_bob/all_datasets_created_on_a_23rd/` >

디렉토리와 파일 조직화

정훈이가 프로젝트 작업을 하고 있는데, 작업 파일이 그다지 잘 조직적으로 정리되어 있지 않음을 알게 되었다:

```
$ ls -F
analyzed/  fructose.dat    raw/   sucrose.dat
```

`fructose.dat` 와 `sucrose.dat` 파일은 자료분석 결과 산출된 출력결과를 담고 있다. 이번 학습에서 배운 어떤 명령어를 실행해야, 아래 명령어를 실행했을 때 다음에 보여지는 출력을 생성할까요?

```
$ ls -F
analyzed/   raw/
```

```
$ ls analyzed
fructose.dat    sucrose.dat
```

해답

```
mv *.dat analyzed
```

정훈이는 `analyzed` 디렉토리에 `fructose.dat`, `sucrose.dat` 파일을 이동시킬 필요가 있다. 쉘에서 현재 디렉토리에서 `*.dat` 와일드카드가 `.dat` 확장자를 갖는 모든 파일을 매칭한다. `mv` 명령어가 `.dat` 확장자를 갖는 파일을 `analyzed` 디렉토리로 이동시킨다.

폴더 구조를 복사하지만, 파일을 복사하지 말자.

새로운 실험을 시작해 보자. 데이터 파일 없이 이전 실험에게 만들었던 파일 구조만 복제하자. 그렇게 하면 새로운 데이터를 쉽게 추가할 수 있게 된다. '2016-05-18-data' 디렉토리에 `data` 폴더로 `raw`와 `processed`가 있는데, 각자 데이터 파일이 담겨있다.

목적은 `2016-05-18-data` 폴더를 `2016-05-20-data` 폴더로 복사하는 것인데 복사된 폴더에는 모든 데이터 파일을 제거해야 된다. 다음 명령어 집합 중 어떤 명령어 집합이 상기 목적을 달성할까요? 다른 명령어 집합은 무슨 작업을 수행하는 것일가?

```
$ cp -r 2016-05-18-data/ 2016-05-20-data/
$ rm 2016-05-20-data/raw/*
$ rm 2016-05-20-data/processed/*
$ rm 2016-05-20-data/raw/*
$ rm 2016-05-20-data/processed/*
$ cp -r 2016-05-18-data/ 2016-5-20-data/
$ cp -r 2016-05-18-data/ 2016-05-20-data/
$ rm -r -i 2016-05-20-data/
```

해답

첫번째 명령어들이 해당 목적을 달성한다. 먼저 재귀적으로 데이터 폴더를 복사한다. 그리고 나서 `rm` 명령어 두번 사용해서 복사한 디렉토리의 모든 파일을 제거한다. 쉘은 `*` 와일드카드로 매칭되는 모든 파일과 하위디렉토리를 확장하도록 한다.

두번째 명령어들은 순서가 잘못되었다: 복사하지 않는 파일을 삭게하고 나서 재귀 복사 명령어로 디렉토리를 복사했다.

세번째 명령어도 목적을 달성하는데, 시간이 다소 소요된다: 첫번째 명령어가 디렉토리를 재귀적으로 복사하지만, 두번째 명령어는 인터랙티브하게 각 파일과 디렉토리에 대한 확인하는 과정을 거쳐 삭제를 하게 되어 시간이 추가로 소요된다.

제 4 장

파이프와 필터

몇가지 기초 유닉스 명령어를 배웠기 때문에, 마침내 쉘의 가장 강력한 기능을 살펴볼 수 있게 되었다: 새로운 방식으로 기존에 존재하던 프로그램을 쉽게 조합해 낼 수 있게 한다. 간단한 유기분자 설명을 하는 6개 파일을 담고 있는 `molecules`(분자)라는 디렉토리에서 시작한다. `.pdb` 파일 확장자는 단백질 데이터 은행 (Protein Data Bank) 형식으로, 분자의 각 원자 형식과 위치를 표시하는 간단한 텍스트 형식으로 되어 있다.

```
$ ls molecules
cubane.pdb    ethane.pdb    methane.pdb
octane.pdb    pentane.pdb   propane.pdb
```

명령어 `cd`로 해당 디렉토리로 가서 `wc *.pdb` 명령어를 실행한다. `wc` 명령어는 "word count"의 축약어로 파일의 라인 수, 단어수, 문자수를 개수한다. (왼쪽에서 오른쪽 순서로)

`*.pdb`에서 `*`은 0 혹은 더 많이 일치하는 문자를 매칭한다. 그래서 쉘은 `*.pdb`을 통해 `.pdb` 전체 리스트 목록을 반환한다:

```
$ cd molecules
$ wc *.pdb

  20  156  1158  cubane.pdb
  12  84   622   ethane.pdb
   9  57   422   methane.pdb
  30  246  1828  octane.pdb
  21  165  1226  pentane.pdb
```

```
  15  111  825   propane.pdb
 107  819  6081  total
```

wc 대신에 wc -l을 실행하면, 출력결과는 파일마다 행수만을 보여준다:

```
$ wc -l *.pdb


  20  cubane.pdb
  12  ethane.pdb
   9  methane.pdb
  30  octane.pdb
  21  pentane.pdb
  15  propane.pdb
 107  total
```

단어 숫자만을 얻기 위해서 -w, 문자 숫자만을 얻기 위해서 -c을 사용할 수 있다.

파일 중에서 어느 파일이 가장 짧을까요? 단지 6개의 파일이 있기 때문에 질문에 답하기는 쉬울 것이다. 하지만 만약에 6000 파일이 있다면 어떨까요? 해결에 이르는 첫번째 단계로 다음 명령을 실행한다:

```
$ wc -l *.pdb > lengths.txt
```

> 기호는 쉘로 하여금 화면에 처리 결과를 뿌리는 대신에 파일로 **방향변경(redirect)**하게 한다. 만약 파일이 존재하지 않으면 파일을 생성하고 파일이 존재하면 파일에 내용을 덮어쓰기 한다. 조용하게 덮어쓰기 하기 때문에 자료가 유실될 수 있어서 주의가 요구된다. (이것이 왜 화면에 출력결과가 없는 이유다. wc가 출력하는 모든 것은 lengths.txt 파일에 대신 들어간다.) ls lengths.txt 을 통해 파일이 존재하는 것을 확인한다:

```
$ ls lengths.txt


lengths.txt
```

cat lengths.txt을 사용해서 화면으로 lengths.txt의 내용을 보낼 수 있다. cat은 “concatenate”를 줄인 것이고 하나씩 하나씩 파일의 내용을 출력한다. 이번 사례에는 단지 파일이 하나만 있어서, cat 명령어는 단지 한 파일이 담고 있는 내용만 보여준다:

```
$ cat lengths.txt


  20  cubane.pdb
  12  ethane.pdb
```

```
  9  methane.pdb
 30  octane.pdb
 21  pentane.pdb
 15  propane.pdb
107  total
```

페이지 단위 출력결과 살펴보기

이번 학습에서 편리성과 일관성을 위해서 `cat` 명령어를 계속 사용한다. 하지만, 파일 전체를 화면에 쭉 뿌린다는 면에서 단점이 있다. 실무적으로 `less` 명령어가 더 유용한데 `$ less lengths.txt`와 같이 사용한다. 파일을 화면 단위로 출력한다. 아래로 내려가려면 스페이스바를 누르고, 뒤로 돌아가려면 `b`를 누르면 되고, 빠져 나가려면 `q`를 누른다.

이제 `sort` 명령어를 사용해서 파일 내용을 정렬합니다.

`sort -n` 명령어는 어떤 작업을 수행할까?

다음 파일 행을 포함하고 있는 파일에 `sort` 명령어를 실행하면:

```
10
2
19
22
6
```

출력결과는 다음과 같다:

```
10
19
2
22
6
```

동일한 입력에 대해서 `sort -n`을 실행하면, 대신에 다음 결과를 얻게 된다:

```
2
6
10
19
22
```

인수 `-n`이 왜 이런 효과를 가지는지 설명하세요.

해답

-n 플래그는 알파벳 정렬이 아닌, 숫자 정렬하도록 명세한다.

-n 플래그를 사용해서 알파벳 대신에 숫자 방식으로 정렬할 것을 지정할 수 있다. 이 명령어는 파일 자체를 변경하지 않고 대신에 정렬된 결과를 화면으로 보낸다:

```
$ sort -n lengths.txt

  9  methane.pdb
 12  ethane.pdb
 15  propane.pdb
 20  cubane.pdb
 21  pentane.pdb
 30  octane.pdb
107  total
```

> lengths.txt을 사용해서 wc 실행결과를 lengths.txt에 넣었듯이, 명령문 다음에 > sorted-lengths.txt을 넣음으로서, 임시 파일이름인 sorted-lengths.txt에 정렬된 목록 정보를 담을 수 있다. 이것을 실행한 다음에, 또 다른 head 명령어를 실행해서 sorted-lengths.txt에서 첫 몇 행을 뽑아낼 수 있다:

```
$ sort -n lengths.txt > sorted-lengths.txt
$ head -n 1 sorted-lengths.txt

  9  methane.pdb
```

head에 -n 1 매개변수를 사용해서 파일의 첫번째 행만이 필요하다고 지정한다. -n 20은 처음 20개 행만을 지정한다. sorted-lengths.txt이 가장 작은 것에서부터 큰 것으로 정렬된 파일 길이 정보를 담고 있어서, head의 출력 결과는 가장 짧은 행을 가진 파일이 되어야만 된다.

동일한 파일에 방향변경하기

명령어 출력결과를 방향변경하는데 동일한 파일에 보내는 것은 매우 나쁜 아이디어다. 예를 들어:

```
$ sort -n lengths.txt > lengths.txt
```

위와 같이 작업하게 되면 틀린 결과를 얻을 수 있을 뿐만 아니라 경우에 따라서는 lengths.txt 파일 내용을 잃어버릴 수도 있다.

>>은 무엇을 의미하는가?

> 사용법을 살펴봤지만, 유사한 연산자로 >>도 있는데 다소 다른 방식으로 동작한다. 문자열을 출력하는 echo 명령어를 사용해서, 두 연산자 차이를 밝혀내는데 아래 명령어를 테스트 한다:

```
$ echo hello > testfile01.txt
$ echo hello >> testfile02.txt
```

힌트: 각 명령문을 연속해서 두번 실행하고 나서, 출력결과로 나온 파일을 면밀히 조사한다. > **해답** > > > 연산자를 갖는 첫번째 예제에서 문자열 “hello”는 testfile01.txt 파일에 저장된다. > 하지만, 매번 명령어를 실행할 때마다 파일에 덮어쓰기를 한다. > > 두번째 예제에서 >> 연산자도 마찬가지로 “hello”를 파일에 저장(이 경우 testfile02.txt)하는 것을 알 수 있다. > We see from the second example that the >> operator also writes “hello” to a file > 하지만, 파일이 이미 존재하는 경우(즉, 두번째 명령어를 실행하게 되면) 파일에 문자열을 덧붙인다. {: .solution}

데이터 덧붙이기

head 명령어는 이미 만나봤다. 파일 시작하는 몇줄을 화면에 출력하는 역할을 수행한다. tail 명령어도 유사하지만, 반대로 파일 마지막 몇줄을 화면에 출력하는 역할을 수행한다. data-shell/data/animals.txt 파일을 생각해 보자. 다음 명령어를 실행하게 되면 animalsUpd.txt 파일에 저장될 내용이 어떤 것일지 아래에서 정답을 고르세요:

```
$ head -n 3 animals.txt > animalsUpd.txt
$ tail -n 2 animals.txt >> animalsUpd.txt
```

1. animals.txt 파일 첫 3줄.
2. animals.txt 파일 마지막 2줄.
3. animals.txt 파일의 첫 3줄과 마지막 2줄.
4. animals.txt 파일의 두번째 세번째 줄.

> **해답** 정답은 3. 1번이 정답이 되려면, head 명령어만 실행한다. 2번이 정답이 되려면, tail 명령어만 실행한다. 4번이 정답이 되려면, head -3 animals.txt ¦ tail -2 >> animalsUpd.txt 명령어를 실행해서 head 출력결과를 파이프에 넣어 tail -2를 실행해야 한다.

이것이 혼란스럽다면, 좋은 친구네요: wc, sort, head 명령어 각각이 무엇을 수행하는지 이해해도, 중간에 산출되는 파일에 무슨 일이 진행되고 있는지 따라가기는 쉽지 않다. sort와 head을 함께 실행해서 이해하기 훨씬 쉽게 만들 수 있다:

```
$ sort -n lengths.txt ¦ head -n 1


  9  methane.pdb
```

두 명령문 사이의 수직 막대를 **파이프(pipe)**라고 부른다. 수직막대는 쉘에게 왼편 명령문의 출력결과를 오른쪽 명령문의 입력값으로 사용된다는 뜻을 전달한다. 컴퓨터는 필요하면 임시 파일을 생성하거나, 한 프로그램에서 주기억장치의 다른 프로그램으로 데이터를 복사하거나, 혹은 완전히 다른 작업을 수행할 수도 있다; 사용자는 알 필요도 없고 관심을 가질 이유도 없다.

어떤 것도 파이프를 연속적으로 사슬로 엮어 사용하는 것을 막을 수는 없다. 즉, 예를 들어 또 다른 파이프를 사용해서 `wc`의 출력결과를 `sort`에 바로 보내고 나서, 다시 처리 결과를 `head`에 보낸다. `wc` 출력결과를 `sort`로 보내는데 파이프를 사용했다:

```
$ wc -l *.pdb ¦ sort -n


   9 methane.pdb
  12 ethane.pdb
  15 propane.pdb
  20 cubane.pdb
  21 pentane.pdb
  30 octane.pdb
 107 total
```

또 다른 파이프를 사용해서 `wc`의 출력결과를 `sort`에 바로 보내고 나서, 다시 처리 결과를 `head`로 보내게 되면 전체 파이프라인은 다음과 같이 된다:

```
$ wc -l *.pdb ¦ sort -n ¦ head -n 1


   9  methane.pdb
```

이것이 정확하게 수학자가 *log(3x)* 같은 중첩함수를 사용하는 것과 같다. "*log(3x)*은 x에 3을 곱하고 로그를 취하는 것과 같다." 이번 경우는, `*.pdb`의 행수를 세어서 정렬해서 첫 부분만 계산하는 것이 된다.

명령문을 파이프로 연결하기

현재 작업 디렉토리에, 최소 행수를 갖는 파일을 세개 찾고자 한다. 아래 열거된 어떤 명령어 중 어떤 것이 원하는 파일 3개를 찾아줄까?

1. `wc -l * > sort -n > head -n 3`
2. `wc -l * ¦ sort -n ¦ head -n 1-3`
3. `wc -l * ¦ head -n 3 ¦ sort -n`
4. `wc -l * ¦ sort -n ¦ head -n 3`

> **해답** 해답은 4. 파이프 문자 ¦을 사용해서 이 프로세스 표준출력을 다른 프로세스 표준입력으로 넣어준다. > 기호는 표준입력을 파일로 방향변경할 때 사용한다. `data-shell/molecules` 디렉토리에서도 시도해 보라!

파이프를 생성할 때 뒤에서 실질적으로 일어나는 일은 다음과 같다. 컴퓨터가 한 프로그램(어떤 프로그램도 동일)을 실행할 때 프로그램에 대한 소프트웨어와 현재 상태 정보를 담기 위해서 주기억장치 메모리에 **프로세스(process)**를 생성한다. 모든 프로세스는 **표준 입력(standard input)**이라는 입력 채널을 가지고 있다. (여기서 이름이 너무 기억하기 좋아서 놀랄지도 모른다. 하지만 걱정하지 마세요. 대부분의 유닉스 프로그래머는 "stdin"이라고 부른다). 또한 모든 프로세스는 **표준 출력(standard output)**(혹은 "stdout")이라고 불리는 기본디폴트 출력 채널도 있다. 이 채널이 일반적으로 오류 혹은 진단 메시지 용도로 사용되어서 터미널로 오류 메시지를 받으면서도 그 와중에 프로그램 출력값이 또다른 프로그램에 파이프되어 들어가는 것이 가능하게 한다.

쉘은 실질적으로 또다른 프로그램이다. 정상적인 상황에서 사용자가 키보드로 무엇을 타이핑하는 모든 것은 표준 입력으로 쉘에 보내지고, 표준 출력에서 만들어지는 무엇이든지 화면에 출력된다. 쉘에게 프로그램을 실행하게 할때, 새로운 프로게스를 생성하고, 임시로 키보드에 타이핑하는 무엇이든지 그 프로세스의 표준 입력으로 보내지고, 프로세스는 표준 출력을 무엇이든 화면에 전송한다.

`wc -l *.pdb > lengths`을 실행할 때 여기서 일어나는 것을 설명하면 다음과 같다. `wc` 프로그램을 실행할 새로운 프로세스를 생성하라고 쉘이 컴퓨터에 지시한다. 파일이름을 인자로 제공했기 때문에 표준입력 대신 `wc`는 인자에서 입력값을 읽어온다. >을 사용해서 출력값을 파일로 방향변경 했기했기 때문에, 쉘은 프로세스의 표준 출력결과를 파일에 연결한다.

`wc -l *.pdb ¦ sort -n`을 실행한다면, 쉘은 프로세스 두개를 생성한다. (파이프 프로세스 각각에 대해서 하나씩) 그래서 `wc`과 `sort`은 동시에 실행된다. `wc`의 표준출력은 직접적으로 `sort`의 표준 입력으로 들어간다; >같은 방향변경이 없기 때문에 `sort`의 출력은 화면으로 나가게 된다. `wc -l *.pdb ¦ sort -n ¦ head -1`을 실행하면, 파일에서 `wc`에서 `sort`로, `sort`에서 `head`을 통해 화면으로 나가게 되는 데이터 흐름을 가진 프로세스 3개가 있게

된다.

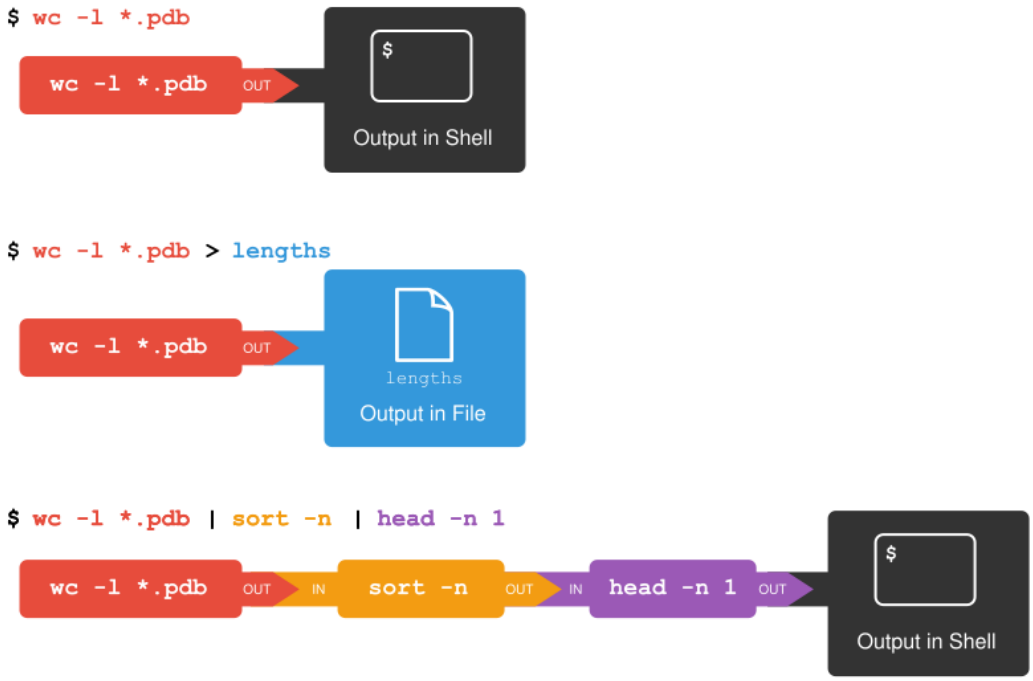


그림 4.1: 방향변경과 파이프

이 간단한 아이디어가 왜 유닉스가 그토록 성공적이었는지를 보여준다. 다른 많은 작업을 수행하는 거대한 프로그램을 생성하는 대신에, 유닉스 프로그래머는 각자가 한가지 작업만을 잘 수행하는 간단한 도구를 많이 생성하는데 집중하고, 서로간에 유기적으로 잘 작동하게 만든다. 이러한 프로그래밍 모델을 파이프와 필터(pipes and filters)라고 부른다; 파이프는 이미 살펴봤고, **필터(filter)**는 `wc`, `sort`같은 프로그램으로 입력 스트림을 출력 스트림으로 변환하는 것이다. 거의 모든 표준 유닉스 도구는 이런 방식으로 동작한다: 별도로 언급되지 않는다면, 표준 입력에서 읽고, 읽은 것을 가지고 무언가를 수행하고 표준출력에 쓴다.

중요한 점은 표준입력에서 텍스트 행을 읽고, 표준 출력에 텍스트 행을 쓰는 임의 프로그램은 이런 방식으로 동작하는 모든 다른 프로그램과 조합될 수 있다는 것이다. 여러분도 여러분이 작성한 프로그램을 이러한 방식으로 작성할 수 있어야 하고 *작성해야 한다*. 그래서 여러분과 다른 사람들이 이러한 프로그램을 파이프에 넣어서 생태계 전체 힘을 배가할 수 있다.

입력 방향변경

프로그램의 출력 결과 방향변경을 위해서 >을 사용하는 것과 마찬가지로, <을 사용해서 입력을 되돌릴 수도 있다. 즉, 표준입력 대신에 파일로부터 읽어 들일 수 있다. 예를 들어, `wc ammonia.pdb` 와 같이 작성하는 대신에, `wc < ammonia.pdb` 작성할 수 있다. 첫째 사례는, `wc`는 무슨 파일을 여는지를 명령 라인의 매개변수에서 얻는다. 두번째 사례는, `wc`에 명령 라인 매개변수가 없다. 그래서 표준 입력에서 읽지만, 쉘에게 `ammonia.pdb`의 내용을 `wc`에 표준 입력으로 보내라고 했다.

< 기호이 의미하는 것은 무엇인가?

(다운로드 예제 데이터를 갖고 있는 최상위) `data-shell` 디렉토리로 작업 디렉토리를 변경한다. 다음 두 명령어 차이는 무엇인가?

```
$ wc -l notes.txt
$ wc -l < notes.txt
```

> **해답** < 기호는 입력을 방향변경을 해서 명령어로 전달한다.
>
> 상기 예제 모두에서, 쉘은 입력에서 `wc` 명령어를 통해 행수를 반환한다. 첫번째 예제에서, 입력은 `notes.txt` 파일이고, 파일명이 `wc` 명령어로부터 출력으로 주어지게 된다. 두번째 예제로부터, `notes.txt` 파일 내용이 표준입력으로 방향변경을 통해 보내지게 된다. 이것은 마치 프롬프트에서 파일 콘텐츠를 타이핑하는 것과 같다. 따라서, 파일명이 출력에 주어지지 않는다 - 단지 행번호만 주어진다. 다음과 같이 타이핑해보자:
>
> ```
> $ wc -l
> this
> is
> a test
> Ctrl-D # Ctrl-D를 타이핑하게 되면 쉘이 입력을 마무리한 것을 알게 전달하는 역할을 한다.
> ```
>
> 3 “‘

`uniq`가 왜 인접한 중복 행만을 단지 제거한다고 생각합니까?

명령문 `uniq`는 입력으로부터 인접한 중복된 행을 제거한다. 예를 들어, `salmon.txt` 파일에 다음이 포함되었다면,

```
coho
coho
steelhead
```

```
coho
steelhead
steelhead
```

data-shell/data 디렉토리의 uniq salmon.txt 명령문 실행은 다음을 출력한다.

```
coho
steelhead
coho
steelhead
```

uniq가 왜 인접한 중복 행만을 단지 제거한다고 생각합니까? (힌트: 매우 큰 파일을 생각해보세요.) 모든 중복된 행을 제거하기 위해, 파이프로 다른 어떤 명령어를 조합할 수 있을까요? > **해답** > > > $ sort salmon.txt ¦ uniq >

파이프 독해능력

data-shell/data 폴더에 animals.txt로 불리는 파일은 다음 데이터를 포함한다

```
2012-11-05,deer
2012-11-05,rabbit
2012-11-05,raccoon
2012-11-06,rabbit
2012-11-06,deer
2012-11-06,fox
2012-11-07,rabbit
2012-11-07,bear
```

다음 아래 파이프라인에 각 파이프를 통과하고, 마지막 방향변경을 마친 텍스트는 무엇이 될까요?

```
$ cat animals.txt ¦ head -n 5 ¦ tail -n 3 ¦ sort -r > final.txt
```

힌트: 명령어를 한번에 하나씩 작성해서 파이프라인을 구축한 뒤에 이해한 것이 맞는지 시험한다.

> **해답** head 명령어는 animals.txt 파일에서 첫 5 행을 추출한다. 그리고 나서, tail 명령어로 이전 5 행에서 마지막 3 행을 추출된다. sort -r 명령어는 역순으로 정렬을 시키게 된다. 마지막으로 출력결과는 final.txt 파일에 방향변경하여 화면이 아닌 파일로 보내진다. 파일에 저장된 내용은 cat final.txt 명령어를 실행하면 확인이 가능하다. 파일에는 다음 내용이 저장되어야 한다:

```
2012-11-06,rabbit
2012-11-06,deer
2012-11-05,raccoon
```

파이프 구성하기

이전 연습문제에 사용된 animals.txt 파일을 가지고 다음 명령어를 실행한다:

```
$ cut -d , -f 2 animals.txt
```

콤마를 구분자로 각 행을 쪼개려고 하면 -d 플래그를 사용하고, -f 플래그는 각행의 두번째 필드를 지정하게 되서 출력결과는 다음과 같다:

```
deer
rabbit
raccoon
rabbit
deer
fox
rabbit
bear
```

파일에 담겨 있는 동물이 무엇인지를 알아내려면, 다른 어떤 명령어가 파이프라인에 추가되어야 하나요? (동물 이름에 어떠한 중복도 없어야 합니다.)

해답

```
$ cut -d , -f 2 animals.txt ¦ sort ¦ uniq
```

{: .language-bash}

파이프 선택?

animals.txt 파일은 아래 형식으로 586줄로 구성되어 있다:

```
2012-11-05,deer
2012-11-05,rabbit
2012-11-05,raccoon
2012-11-06,rabbit
...
```

data-shell/data/ 현재 디렉토리로 가정하고, 다음 중 어떤 명령어가 동물 종류별로 전체 출현 빈도수를 나타내는 표를 작성하는데 사용하면 좋을까요?

1. `grep {deer, rabbit, raccoon, deer, fox, bear} animals.txt ¦ wc -l`
2. `sort animals.txt ¦ uniq -c`
3. `sort -t, -k2,2 animals.txt ¦ uniq -c`
4. `cut -d, -f 2 animals.txt ¦ uniq -c`
5. `cut -d, -f 2 animals.txt ¦ sort ¦ uniq -c`
6. `cut -d, -f 2 animals.txt ¦ sort ¦ uniq -c ¦ wc -l`

해답 정답은 5. 정답을 이해하는데 어려움이 있으면, (`data-shell/data` 디렉토리에 위치한 것을 확인한 후) 명령어 전체를 실행하거나, 파이프라인 일부를 실행해 본다.

4.1 Nelle 파이프라인: 파일 확인하기

앞에서 설명한 것처럼 Nelle은 분석기를 통해 시료를 시험해서 17개 파일을 `north-pacific-gyre/2012-07-03` 디렉토리에 생성했다. 빠르게 건전성 확인하기 위해, 홈디렉토리에서 시작해서, 다음과 같이 타이핑한다:

```
$ cd north-pacific-gyre/2012-07-03
$ wc -l *.txt
```

결과는 다음과 같은 18 행이 출력된다:

```
300 NENE01729A.txt
300 NENE01729B.txt
300 NENE01736A.txt
300 NENE01751A.txt
300 NENE01751B.txt
300 NENE01812A.txt
... ...
```

이번에는 다음과 같이 타이핑한다:

```
$ wc -l *.txt ¦ sort -n ¦ head -n 5


 240 NENE02018B.txt
 300 NENE01729A.txt
 300 NENE01729B.txt
 300 NENE01736A.txt
 300 NENE01751A.txt
```

이런, 파일중에 하나가 다른 것보다 60행이 짧다. 다시 돌아가서 확인하면, 월요일 아침 8:00 시각에 분석을 수행한 것을 알고 있다 — 아마도 누군가 주말에 기계를 사용했고, 다시 재설정하는 것을 깜빡 잊었을 것이다. 시료를 다시 시험하기 전에 파일중에 너무 큰 데이터가 있는지를 확인한다:

```
$ wc -l *.txt | sort -n | tail -n 5


 300 NENE02040B.txt
 300 NENE02040Z.txt
 300 NENE02043A.txt
 300 NENE02043B.txt
5040 total
```

숫자는 예뻐 보인다 — 하지만 끝에서 세번째 줄에 'Z'는 무엇일까? 모든 시료는 'A' 혹은 'B'로 표시되어야 한다. 시험실 관례로 'Z'는 결측치가 있는 시료를 표식하기 위해 사용된다. 더 많은 결측 시료를 찾기 위해, 다음과 같이 타이핑한다:

```
$ ls *Z.txt


NENE01971Z.txt    NENE02040Z.txt
```

노트북의 로그 이력을 확인할 때, 상기 샘플 각각에 대해 깊이(depth) 정보에 대해서 기록된 것이 없었다. 다른 방법으로 정보를 더 수집하기에는 너무 늦어서, 분석에서 두 파일을 제외하기로 했다. `rm` 명령어를 사용하여 삭제할 수 있지만, 향후에 깊이(depth)정보가 관련없는 다른 분석을 실시할 수도 있다. 그래서 와일드 카드 표현식 `*[AB].txt`을 사용하여 파일을 조심해서 선택하기로 한다. 언제나 그렇듯이, '*'는 임의 숫자의 문자를 매칭한다. `[AB]` 표현식은 'A'혹은 'B'를 매칭해서 Nelle이 가지고 있는 유효한 데이터 파일 모두를 매칭한다.

와일드카드 표현식(Wildcard Expressions)

와일드카드 표현식은 매우 복잡할 수 있지만, 종종 다소 장황할 수 있는 비용을 지불하고 간단한 구문만 사용해서 작성하기도 한다. `data-shell/north-pacific-gyre/2012-07-03` 디렉토리를 생각해 보자: `*[AB].txt` 와일드카드 표현식은 `A.txt` 혹은 `B.txt`으로 끝나는 모든 파일을 매칭시킨다. 이 와일드카드 표현식을 잊었다고 상상해보자:

1. `[]` 구문을 사용하지 않는 기본 와일드드카드 표현식으로 동일하게 파일을 매칭할 수 있을까? *힌트*: 표현식이 하나 이상 필요할 수도 있다.
2. `[]` 구문을 사용하지 않고 작성한 표현식은 동일한 파일을 매칭한다. 두 출력결과의

작은 차이점은 무엇인가?

3. 최초 와일드카드 표현식은 오류가 나지 않는데 어떤 상황에서 본인 표현식은 오류 메시지를 출력하는가?

해답 1.

```
$ ls *A.txt
$ ls *B.txt
```

2. 새로운 명령어에서 나온 출력결과는 명령어가 두개라 구분된다. The output from the new commands is separated because there are two commands.
3. `A.txt`로 끝나는 파일이 없거나 `B.txt`로 끝나는 파일이 없는 경우 그렇다.

불필요한 파일 제거하기

저장공간을 절약하고자 중간 처리된 데이터 파일을 삭제하고 원본 파일과 처리 스크립트만 보관했으면 한다고 가정하자.

원본 파일은 `.dat`으로 끝나고, 처리된 파일은 `.txt`으로 끝난다. 다음 중 어떤 명령어가 처리과정에서 생긴 중간 모든 파일을 삭제하게 하는가? 1. `rm ?.txt` 2. `rm *.txt` 3. `rm * .txt` 4. `rm *.*`

해답 1. 한문자 `.txt` 파일을 제거한다. 2. 정답 3. `*` 기호로 인해 현재 디렉토리 모든 파일과 디렉토리를 매칭시킨다. 그래서 `*` 기호로 매칭되는 모든 것과 추가로 `.txt` 파일도 삭제한다. 4. `*.*` 기호는 임의 확장자를 갖는 모든 파일을 매칭시킨다. 따라서 `*.*` 기호는 모든 파일을 삭제한다.

제 5 장

루프(Loops)

반복적으로 명령어를 실행하게 함으로써 자동화를 통해서 **루프**는 생산성 향상에 핵심이 된다. 와일드카드와 탭 자동완성과 유사하게, 루프를 사용하면 타이핑 상당량(타이핑 실수)을 줄일 수 있다. 와일드카드와 탭 자동완성은 타이핑을 (타이핑 실수를) 줄이는 두가지 방법이다. 또다른 것은 쉘이 반복해서 특정 작업을 수행하게 하는 것이다. `basilisk.dat`, `unicorn.dat` 등으로 이름 붙여진 게놈 데이터 파일이 수백개 있다고 가정하자. 이번 예제에서, 단지 두개 예제 파일만 있는 `creatures` 디렉토리를 사용할 것이지만 동일한 원칙은 훨씬 더 많은 파일에 즉시 적용될 수 있다. 디렉토리에 있는 파일을 변경하고 싶지만, 원본 파일을 `original-basilisk.dat`와 `original-unicorn.dat`으로 이름을 변경해서 저장한다. 하지만 다음 명령어를 사용할 수 없다:

```
$ cp *.dat original-*.dat
```

왜냐하면 상기 두 파일 경우에 전개가 다음과 같이 될 것이기 때문이다:

```
$ cp basilisk.dat unicorn.dat original-*.dat
```

상기 명령어는 파일을 백업하지 않고 대신에 오류가 발생된다:

```
cp: target `original-*.dat' is not a directory
```

`cp` 명령어는 입력값 두개 이상을 받을 때 이런 문제가 발생한다. 이런 상황이 발생할 때, 마지막 입력값을 디렉토리로 예상해서 모든 파일을 해당 디렉토리로 넘긴다. `creatures` 디렉토리에는 `original-*.dat` 라고 이름 붙은 하위 디렉토리가 없기 때문에, 오류가 생긴다.

대신에, 리스트에서 한번에 연산작업을 하나씩 수행하는 **루프(loop)**를 사용할 수 있다.

교대로 각 파일에 대해 첫 3줄을 화면에 출력하는 단순한 예제가 다음에 나와 있다:

```
$ for filename in basilisk.dat unicorn.dat
> do
>     head -n 3 $filename    # 루프 내부에 들여쓰기는 가독성에 도움을 준다.
> done


COMMON NAME: basilisk
CLASSIFICATION: basiliscus vulgaris
UPDATED: 1745-05-02
COMMON NAME: unicorn
CLASSIFICATION: equus monoceros
UPDATED: 1738-11-24
```

for 루프 내부에 코드 들여쓰기

for 루프 내부의 코드를 들여쓰는 것이 일반적인 관행이다. 들여쓰는 유일한 목적은 코드를 더 읽기 쉽게 하는 것 밖에 없다 – for 루프를 실행하는데는 꼭 필요하지는 않다.

쉘이 키워드 for를 보게 되면, 쉘은 리스트에 있는 각각에 대해 명령문 하나(혹은 명령문 집합)을 반복할 것이라는 것을 알게 된다. 루프를 반복할 때마다(iteration 이라고도 한다), 현재 작업하고 있는 파일 이름은 filename으로 불리는 **변수(variable)**에 할당된다. 리스트의 다음 원소로 넘어가기 전에 루프 내부 명령어가 실행된다. 루프 내부에서, 변수 이름 앞에 $ 기호를 붙여 변수 값을 얻는다: $ 기호는 쉘 해석기가 변수명을 텍스트나 외부 명령어가 아닌 **변수**로 처리해서 값을 해당 위치에 치환하도록 지시한다.

이번 경우에 리스트는 파일이름이 두개다: basilisk.dat, unicorn.dat. 매번 루프가 돌 때마다 파일명을 filename 변수에 할당하고 head 명령어를 실행시킨다. 즉, 루프가 첫번째 돌 때 $filename 은 basilisk.dat이 된다. 쉘 해석기는 basilisk.dat 파일에 head 명령어를 실행시켜서 basilisk.dat 파일의 첫 3줄을 화면에 출력시킨다.

두번째 반복에서, $filename은 unicorn.dat이 된다. 이번에는 쉘이 head 명령어를 unicorn.dat 파일에 적용시켜 unicorn.dat 파일 첫 3줄을 화면에 출력시킨다. 리스트에 원소가 두개라서, 쉘은 for 루프를 빠져나온다.

변수명을 분명히 구분하는데, 중괄호 내부에 변수명을 넣어서 변수로 사용하는 것도 가능하다: $filename 은 ${filename}와 동치지만, ${file}name와는 다르다. 이 표기법을 다른 사람 프로그램에서 찾아볼 수 있다.

루프 내부의 변수

이번 예제는 data-shell/molecules 디렉토리를 가정한다. ls 명령어를 던지면 출력결과는 다음과 같다:

```
cubane.pdb  ethane.pdb  methane.pdb  octane.pdb  pentane.pdb  propane.pdb
```

다음 코드의 출력결과는 어떻게 나오는가?

```
$ for datafile in *.pdb
> do
>    ls *.pdb
> done
```

이제 다음 코드의 출력결과는 무엇인가?

```
$ for datafile in *.pdb
> do
>   ls $datafile
> done
```

왜 상기 두 루프 실행결과는 다를까?

해답 첫번째 코드 블록은 루프를 돌릴 때마다 동일한 출력결과를 출력한다. 배쉬는 루프 몸통 내부 와일드카드 *.pdb을 확장해서 .pdb로 끝나는 모든 파일을 매칭시킨다. 확장된 루프는 다음과 같이 생겼다:

```
$ for datafile in cubane.pdb  ethane.pdb  methane.pdb  octane.pdb  pentane.pdb  propane.pdb
> do
> ls cubane.pdb  ethane.pdb  methane.pdb  octane.pdb  pentane.pdb  propane.pdb
> done

cubane.pdb  ethane.pdb  methane.pdb  octane.pdb  pentane.pdb  propane.pdb
cubane.pdb  ethane.pdb  methane.pdb  octane.pdb  pentane.pdb  propane.pdb
cubane.pdb  ethane.pdb  methane.pdb  octane.pdb  pentane.pdb  propane.pdb
cubane.pdb  ethane.pdb  methane.pdb  octane.pdb  pentane.pdb  propane.pdb
cubane.pdb  ethane.pdb  methane.pdb  octane.pdb  pentane.pdb  propane.pdb
cubane.pdb  ethane.pdb  methane.pdb  octane.pdb  pentane.pdb  propane.pdb
```

두번째 코드 블록은 루프를 돌 때마다 다른 파일을 출력한다. datafile 파일 변수값이 $datafile을 통해 평가되고 ls 명령어를 사용해서 파일 목록을 출력하게 된다.

```
cubane.pdb
ethane.pdb
methane.pdb
octane.pdb
pentane.pdb
propane.pdb
```

프롬프트 따라가기

루프안에서 타이핑을 할 때, 쉘 프롬프트가 $에서 >으로 바뀐다. 두번째 프롬프트는, >, 온전한 명령문 타이핑이 끝마치지 않았음을 상기시키려고 다르게 표기된다. 세미콜론 ; 을 사용해서 두 명령어로 구성된 문장을 단일 명령줄로 단순화한다.

동일한 기호, 하지만 다른 의미

쉘 프롬프트로 > 기호가 사용되는 것을 확인했지만, > 기호는 출력결과를 방향변경(redirect) 하는데도 사용된다. 유사하게 $ 기호를 쉘 프롬프트로 사용했지만, 앞에서 살펴봤듯이, 쉘로 하여금 변수값을 추출하는데도 사용된다.

*쉘*이 > 혹은 $ 기호를 출력하게 되면, 사용자가 뭔가 타이핑하길 기대하고 있다는 것으로 해당 기호는 프롬프트를 의미한다.

*사용자 본인*이 > 혹은 $ 기호를 타이핑하게 되면, 출력결과를 방향변경하거나 변수 값을 끄집어내는 지시를 쉘에 전달하게 된다.

data-shell/creatures 디렉토리의 예제로 돌아가자. 사람 코드를 읽는 독자에게 목적을 좀더 명확히 하기 위해서 루프의 변수명을 filename로 했다. 쉘 자체는 변수명이 어떻게 작명되든지 문제삼지 않는다. 만약 루프를 다음과 같이 작성하거나:

```
$ for x in basilisk.dat unicorn.dat
> do
>     head -n 3 $x
> done
```

혹은:

```
$ for temperature in basilisk.dat unicorn.dat
> do
>     head -n 3 $temperature
> done
```

둘다 정확하게 동일하게 동작한다. *이렇게는 절대 하지 마세요*. 사람이 프로그램을 이해

할 수 있을 때만 프로그램이 유용하기 때문에, (x같은) 의미없는 이름이나, (temperature 같은) 오해를 줄 수 있는 이름은 오해를 불러일으켜서 독자가 생각하기에 당연히 프로그램이 수행해야 할 작업을 프로그램이 수행하지 못하게 할 가능성을 높인다.

파일 집합 제한걸기

data-shell/molecules 디렉토리에서 다음 루프를 실행하게 되면 출력결과는 어떻게 될까?

```
$ for filename in c*
> do
>    ls $filename
> done
```

1. 어떤 파일도 출력되지 않는다.
2. 모든 파일이 출력된다.
3. cubane.pdb, octane.pdb, pentane.pdb 파일만 출력된다.
4. cubane.pdb 파일만 출력된다.

   해답 정답은 4. 와일드카드 * 문자는 0 혹은 그 이상 문자를 매칭하게 된다. 따라서, 문자 c로 시작하는 문자 다음에 0 혹은 그 이상 문자를 갖는 모든 파일이 매칭된다.

대신에 다음 명령어를 사용하면 출력결과는 어떻게 달라지나?

```
$ for filename in *c*
> do
>    ls $filename
> done
```

1. 동일한 파일이 출력된다.
2. 이번에는 모든 파일이 출력된다.
3. 이번에는 어떤 파일도 출력되지 않는다.
4. cubane.pdb 와 octane.pdb 파일이 출력된다.
5. octane.pdb 파일만 출력된다.

   해답 정답은 4. 와일드카드 * 문자는 0 혹은 그 이상 문자를 매칭하게 된다. 따라서, c 앞에 0 혹은 그 이상 문자가 올 수 있고, c 문자 다음에 0 혹은 그 이상 문자가 모두 매칭된다.

data-shell/creatures 디렉토리에서 예제를 계속해서 학습해보자. 다음에 좀더 복잡한 루프가 있다:

```
$ for filename in *.dat
> do
>     echo $filename
>     head -n 100 $filename ¦ tail -n 20
> done
```

쉘이 `*.dat`을 전개해서 쉘이 처리할 파일 리스트를 생성한다. 그리고 나서 **루프 몸통 (loop body)** 부분이 파일 각각에 대해 명령어 두개를 실행한다. 첫 명령어 `echo`는 명령라인 매개변수를 표준 출력으로 화면에 뿌려준다. 예를 들어:

```
$ echo hello there
```

상기 명령은 다음과 같이 출력된다:

```
hello there
```

이 사례에서, 쉘이 파일 이름으로 `$filename`을 전개했기 때문에, `echo $filename`은 단지 파일 이름만 화면에 출력한다. 다음과 같이 작성할 수 없다는 것에 주의한다:

```
$ for filename in *.dat
> do
>     $filename
>     head -n 100 $filename ¦ tail -n 20
> done
```

왜냐하면, `$filename`이 `basilisk.dat`으로 전개될 때 루프 처음에 쉘이 프로그램으로 인식한 `basilisk.dat`를 실행하려고 하기 때문이다. 마지막으로, `head`와 `tail` 조합은 어떤 파일이 처리되든 81-100줄만 선택해서 화면에 뿌려준다. (파일이 적어도 100줄로 되었음을 가정)

::: {#shell-loop-space .rmdcaution}

파일, 디렉토리, 변수 등 이름에 공백

공백(whitespace)을 사용해서 루프를 돌릴 때 리스트의 각 원소를 구별했다. 리스트 원소 중 일부가 공백을 갖는 경우, 해당 원소를 인용부호로 감싸서 사용해야 된다. 데이터 파일이 다음과 같은 이름으로 되었다고 가정하자:

```
red dragon.dat
purple unicorn.dat
```

다음을 사용하여 파일을 처리하려고 한다면:

```
$ for filename in "red dragon.dat" "purple unicorn.dat"
> do
>     head -n 100 "$filename" | tail -n 3
> done
```

파일명에 공백(혹은 다른 특수 문자)를 회피하는 것이 더 단순하다. 상기 파일은 존재하지 않는다. 그래서 상기 코드를 실행하게 되면, head 명령어는 파일을 찾을 수가 없어서 예상되는 파일명을 보여주는 오류 메시지가 반환된다:

```
head: cannot open ‘red dragon.dat’ for reading: No such file or directory
head: cannot open ‘purple unicorn.dat’ for reading: No such file or directory
```

상기 루프 내부 $filename 파일명 주위 인용부호를 제거하고 공백 효과를 살펴보자. creatures 디렉토리에서 코드를 실행시키게 되면 unicorn.dat 파일에 대한 결과를 루프 명령어 실행 결과를 얻게 됨에 주목한다:

```
head: cannot open ‘red’ for reading: No such file or directory
head: cannot open ‘dragon.dat’ for reading: No such file or directory
head: cannot open ‘purple’ for reading: No such file or directory
CGGTACCGAA
AAGGGTCGCG
CAAGTGTTCC
```

원래 파일 복사문제로 되돌아가서, 다음 루프를 사용해서 문제를 해결해 보자:

```
$ for filename in *.dat
> do
>     cp $filename original-$filename
> done
```

상기 루프는 cp 명령문을 각 파일이름에 대해 실행한다. 처음에 $filename이 basilisk.dat로 전개될 때, 쉘은 다음을 실행한다:

```
cp basilisk.dat original-basilisk.dat
```

두번째에는 명령문은 다음과 같다:

```
cp unicorn.dat original-unicorn.dat
```

cp 명령어는 아무런 출력결과도 만들어내지 않기 때문에, 루프가 제대로 돌아가는지 확인하기 어렵다. echo로 명령문 앞에 위치시킴으로써, 명령문 각각이 제대로 동작되고 있는 확인하는 것이 가능하다. 다음 도표를 통해서 스크립트가 동작할 때 어떤 작업이 수행하고 있는지 상술하고 있다. 또한 echo 명령어를 사려깊이 사용하는 것이 어떻게 훌륭

한 디버깅 기술이 되는지도 보여주고 있다.

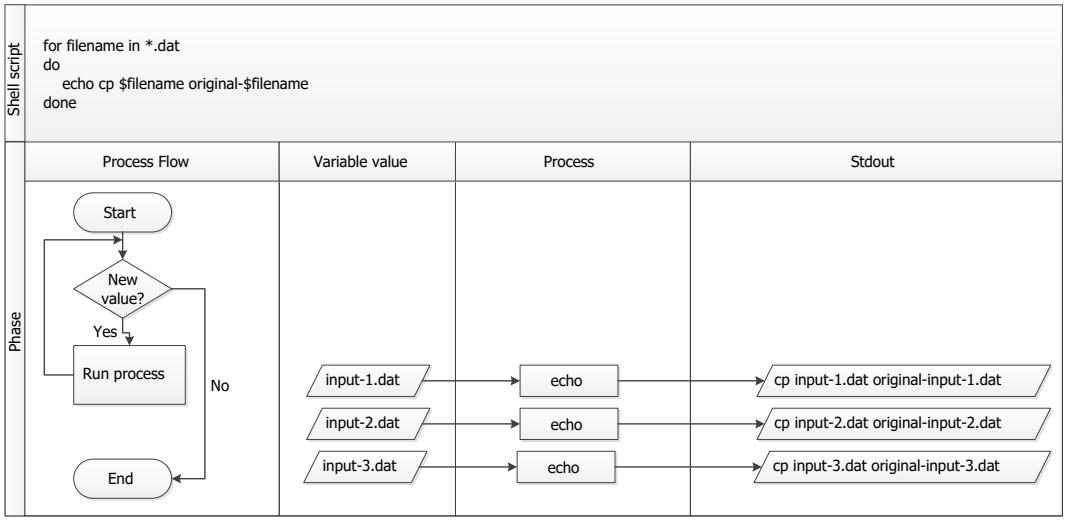


그림 5.1: For Loop in Action

5.1 Nelle의 파이프라인: 많은 파일 처리하기

Nelle은 이제 `goostats` 프로그램(논문 지도교수가 작성한 쉘 스크립트)을 사용해서 데이터 파일을 처리할 준비가 되었다. `goostats` 프로그램은 표본추출 단백질 파일에서 통계량을 산출하는데 인자를 두개 받는다:

1. 입력파일 (원본 데이터를 포함)
2. 출력파일 (산출된 통계량을 저장)

아직 쉘을 어떻게 사용하는지 학습단계에 있기 때문에, 단계별로 요구되는 명령어를 차근히 작성하기로 마음먹었다. 첫번째 단계는 적합한 파일을 선택했는지를 확인하는 것이다 — 'Z'가 아닌 'A' 혹은 'B'로 파일이름이 끝나는 것이 적합한 파일이라는 것을 명심한다. 홈 디렉토리에서 시작해서, 박사과정 Nelle이 다음과 같이 타이핑한다:

```
$ cd north-pacific-gyre/2012-07-03
$ for datafile in NENE*[AB].txt
> do
>     echo $datafile
> done

NENE01729A.txt
```

```
NENE01729B.txt
NENE01736A.txt
...
NENE02043A.txt
NENE02043B.txt
```

다음 단계는 goostats 분석 프로그램이 생성할 파일이름을 무엇으로 할지 결정하는 것이다. “stats”을 각 입력 파일에 접두어로 붙이는 것이 간단해 보여서, 루프를 변경해서 작업을 수행하도록 한다:

```
$ for datafile in NENE*[AB].txt
> do
>     echo $datafile stats-$datafile
> done


NENE01729A.txt stats-NENE01729A.txt
NENE01729B.txt stats-NENE01729B.txt
NENE01736A.txt stats-NENE01736A.txt
...
NENE02043A.txt stats-NENE02043A.txt
NENE02043B.txt stats-NENE02043B.txt
```

goostats을 아직 실행하지는 않았지만, 이제 확신할 수 있는 것은 올바른 파일을 선택해서, 올바른 출력 파일이름을 생성할 수 있다는 점이다.

명령어를 반복적으로 타이핑하는 것은 귀찮은 일이지만, 더 걱정이 되는 것은 Nelle이 타이핑 실수를 하는 것이다. 그래서 루프를 다시 입력하는 대신에 위쪽 화살표를 누른다. 위쪽 화살표에 반응해서 컴퓨터 쉘은 한줄에 전체 루프를 다시 보여준다. (스크립트 각 부분이 구분되는데 세미콜론이 사용됨):

```
$ for datafile in NENE*[AB].txt; do echo $datafile stats-$datafile; done
```

왼쪽 화살표 키를 사용해서, Nelle은 echo명령어를 bash goostats으로 변경하고 백업한다:

```
$ for datafile in NENE*[AB].txt; do bash goostats $datafile stats-$datafile; done
```

엔터키를 누를 때, 쉘은 수정된 명령어를 실행한다. 하지만, 어떤 것도 일어나지 않는 것처럼 보인다 — 출력이 아무것도 없다. 잠시뒤에 Nelle은 작성한 스크립트가 화면에 아무것도 출력하지 않아서, 실행되고 있는지, 얼마나 빨리 실행되는지에 대한 정보가 없다는 것을 깨닫는다. 컨트롤+C(Control-C)를 눌러서 작업을 종료하고, 반복할 명령문을 위

쪽 화살표로 선택하고, 편집해서 다음과 같이 작성한다:

```
$ for datafile in NENE*[AB].txt; do echo $datafile; bash goostats $datafile stats-$datafile; done
```

시작과 끝

쉘에 ^A, 콘트롤+A(Control-A, `Ctrl-a`)를 타이핑해서 해당 라인 처음으로 가고, ^E (`Ctrl-e`, Control-E)를 쳐서 라인의 끝으로 이동한다.

이번에 프로그램을 실행하면, 매 5초간격으로 한줄을 출력한다:

```
NENE01729A.txt
NENE01729B.txt
NENE01736A.txt
...
```

1518 곱하기 5초를 60으로 나누면, 작성한 스크립트를 실행하는데 약 2시간 정도 소요된다고 볼 수 있다. 마지막 점검으로, 또다른 터미널 윈도우를 열어서, `north-pacific-gyre/2012-07-03` 디렉토리로 가서, `cat stats-NENE01729B.txt`을 사용해서 출력파일 중 하나를 면밀히 조사한다. 출력결과가 좋아보인다. 그래서 커피를 마시고 그동안 밀린 논문을 읽기로 한다.

역사(history)를 아는 사람은 반복할 수 있다.

앞선 작업을 반복하는 또다른 방법은 `history` 명령어를 사용하는 것이다. 실행된 마지막 수백개 명령어 리스트를 얻고 나서, 이들 명령어 중 하나를 반복실행하기 위해서 `!123`("123"은 명령 숫자로 교체된다.)을 사용한다. 예를 들어 Nelle이 다음과 같이 타이핑한다면:

```
$ history | tail -n 5
  456  ls -l NENE0*.txt
  457  rm stats-NENE01729B.txt.txt
  458  bash goostats NENE01729B.txt stats-NENE01729B.txt
  459  ls -l NENE0*.txt
  460  history
```

그리고 나서, 단순히 `!458`을 타이핑함으로써, `NENE01729B.txt` 파일에 `goostats`을 다시 실행할 수 있게 된다.

다른 이력(history) 명령어

이력(history)에 접근하는 단축 명령어가 다수 존재한다.

- Ctrl-R 탄축키는 “reverse-i-search” 이력 검색모드로 입력한 텍스트와 매칭되는 가장 최슨 명령어를 이력에서 찾아서 제시한다. Ctrl-R 단축키를 한번 혹은 그 이상 누르게 되면 그 이전 매칭을 검색해 준다.
- !! 명령어는 바로 직전 명령어를 불러온다. (키보드 윗화살표를 사용하는 것보다 더 편리할수도 편리하지 않을 수도 있다.)
- !$ 명령어는 마지막 명령문의 마지막 단어를 불러온다. 기대했던 것보다 훨씬 유용할 수 있다: bash goostats NENE01729B.txt stats-NENE01729B.txt 명령문을 실행한 후에 less !$을 타이핑하게 되면 stats-NENE01729B.txt 파일을 찾아준다. 키보드 위 화살표를 눌러 명령라인을 편집하는 것보다 훨씬 빠르다.

루프 내부에서 파일에 저장하기 - 1부

data-shell/molecules 디렉토리에 있다고 가정하자. 다음 루프의 효과는 무엇인가?

```
$ for alkanes in *.pdb
> do
>     echo $alkanes
>     cat $alkanes > alkanes.pdb
> done
```

1. fructose.dat, glucose.dat, sucrose.dat을 출력하고, sucrose.dat에서 나온 텍스트를 xylose.dat에 저장된다.
2. fructose.dat, glucose.dat, sucrose.dat을 출력하고, 모든 파일 3개에서 나온 텍스트를 합쳐 xylose.dat에 저장된다.
3. fructose.dat, glucose.dat, sucrose.dat, xylose.dat을 출력하고, sucrose.dat에서 나온 텍스트를 xylose.dat에 저장된다.
4. 위 어느 것도 아니다.

해답 1. 순차적으로 각 파일의 텍스트가 alkanes.pdb 파일에 기록된다. 하지만, 루프가 매번 반복될 때마다 파일에 덮어쓰기가 수행되어서 마지막 alkanes.pdb 파일 텍스트만 alkanes.pdb 파일에 기록된다.

루프 내부에서 파일에 저장하기 - 2부

이번에도 data-shell/molecules 디렉토리에 있다고 가정하고, 다음 루프 실행 출력결과는 무엇일까?

```
$ for datafile in *.pdb
> do
```

```
>     cat $datafile >> all.pdb
> done
```

1. `cubane.pdb`, `ethane.pdb`, `methane.pdb`, `octane.pdb`, `pentane.pdb` 파일에 나온 모든 모든 텍스트가 하나로 붙여져서 `all.pdb` 파일에 저장된다.
2. `ethane.pdb` 파일에 나온 텍스트만 `all.pdb` 파일에 저장된다.
3. `cubane.pdb`, `ethane.pdb`, `methane.pdb`, `octane.pdb`, `pentane.pdb`, `propane.pdb` 파일에서 나온 모든 텍스트가 하나로 뭍여져서 `all.pdb` 파일에 저장된다.
4. `cubane.pdb`, `ethane.pdb`, `methane.pdb`, `octane.pdb`, `pentane.pdb`, `propane.pdb` 파일에서 나온 모든 텍스트가 화면에 출력되고 `all.pdb` 파일에 저장된다.

해답 정답은 3. 명령어 실행 출력결과를 방향변경하여 덮었는 것이 아니라 >> 기호는 파일에 덧붙인다. `cat` 명령어에서 나온 출력결과가 파일로 방향변경 되어 어떤 출력결과도 화면에 출력되지는 않는다.

시운전(Dry Run)

루프는 한번에 많은 작업을 수행하는 방식이다 — 만약 잘못된 것이 있다면, 한번에 실수를 대단히 많이 범하게 된다. 루프가 수행하는 작업을 점검하는 한 방법이 실제로 루프를 돌리는 대신에 `echo` 명령어를 사용하는 것이다. 실제로 명령어를 실행하지 않고, 다음 루프가 실행할 명령어를 머릿속으로 미리보고자 한다고 가정한다:

```
$ for file in *.pdb
> do
>   analyze $file > analyzed-$file
> done
```

아래 두 루프 사이에 차이는 무엇이고, 어느 것을 시운전으로 실행하고 싶은가?

```
# Version 1
$ for file in *.pdb
> do
>   echo analyze $file > analyzed-$file
> done
# Version 2
$ for file in *.pdb
> do
>   echo "analyze $file > analyzed-$file"
> done
```

해답 두번째 버젼을 실행하면 좋을 것이다. 달러 기호로 접두명을 주었기 때문에 루프 변수를 확장해서 인용부호로 감싼 모든 것을 화면에 출력한다.

첫번째 버전은 `echo analyze $file` 명령을 수행해서 `analyzed-$file` 파일로 출력결과를 방향변경하여 저장시킨다. 따라서 파일이 쭉 자동생성된다:`analyzed-cubane.pdb`, `analyzed-ethane.pdb` ⋯

두가지 버젼을 직접 실행해보고 출력결과를 살펴보자! `analyzed-*.pdb` 파일을 열어서 파일에 기록된 내용도 살펴본다.

중첩루프(Nested Loops) 다른 화합물과 다른 온도를 갖는 조합을 해서, 각 반응율 상수를 측정하는 실험을 조직하도록 이에 상응하는 디렉토리 구조를 갖추고자 한다. 다음 코드 실행결과는 어떻게 될까?

```
$ for species in cubane ethane methane
> do
>     for temperature in 25 30 37 40
>     do
>         mkdir $species-$temperature
>     done
> done
```

해답 중첩 루프(루프 내부에 루프가 포함됨)를 생성하게 된다. 외부 루프에 각 화학물이, 내부 루프(중첩된 루프)에 온도 조건을 반복하게 되서, 화학물과 온도를 조합한 새로운 디렉토리가 쭉 생성된다.

직접 코드를 실행해서 어떤 디렉토리가 생성되는지 확인한다!

--- **bitPublish**를 이용하여

제 6 장

쉘 스크립트

마침내 쉘을 그토록 강력한 프로그래밍 환경으로 탈바꿈할 준비가 되었다. 자주 반복적으로 사용되는 명령어들을 파일에 저장시키고 나서, 단 하나의 명령어를 타이핑함으써 나중에 이 모든 연산 작업작업을 다시 재실행할 수 있다. 역사적 이유로 파일에 저장된 명령어 꾸러미를 통상 **쉘 스크립트(shell script)**라고 부르지만, 실수로 그렇게 부르는 것은 아니다: 실제로 작은 프로그램이다.

`molecules/` 디렉토리로 돌아가서 `middle.sh` 파일에 다음 행을 추가하게 되면 쉘스크립트가 된다:

```
$ cd molecules
$ nano middle.sh
```

`nano middle.sh` 명령어는 `middle.sh` 파일을 텍스트 편집기 "nano"로 열게 한다. (편집기 프로그램은 쉘 내부에서 실행된다.) `middle.sh` 파일이 존재하지 않는 경우, `middle.sh` 파일을 생성시킨다. 텍스트 편집기를 사용해서 직접 파일을 편집한다 – 단순히 다음 행을 삽입시킨다:

```
head -n 15 octane.pdb ¦ tail -n 5
```

앞서 작성한 파이프에 변형이다: `octane.pdb` 파일에서 11-15 행을 선택한다. 기억할 것은 명령어로서 실행하지 *않고*: 명령어를 파일에 적어 넣는다는 것이다.

그리고 나서 나노 편집기에서 `Ctrl-O`를 눌러 파일을 저장하고, 나노 편집기에서 `Ctrl-X`를 눌러 텍스트 편집기를 빠져나온다. `molecules` 디렉토리에 `middle.sh` 파일이 포함되어 있는지 확인한다.

Once we have saved the file, we can ask the shell to execute the commands it contains. Our shell is called bash, so we run the following command:

파일을 저장하면, 쉘로 하여금 파일에 담긴 명령어를 실행하도록 한다. 지금 쉘은 bash라서, 다음과 같이 다음 명령어를 실행시킨다:

```
$ bash middle.sh


ATOM      9  H           1      -4.502   0.681   0.785  1.00  0.00
ATOM     10  H           1      -5.254  -0.243  -0.537  1.00  0.00
ATOM     11  H           1      -4.357   1.252  -0.895  1.00  0.00
ATOM     12  H           1      -3.009  -0.741  -1.467  1.00  0.00
ATOM     13  H           1      -3.172  -1.337   0.206  1.00  0.00
```

아니나 다를까, 스크립트의 출력은 정확하게 파이프라인을 직접적으로 실행한 것과 동일하다.

텍스트 vs. 텍스트가 아닌 것 아무거나

종종 마이크로소프트 워드 혹은 리브르오피스 Writer 프로그램을 "텍스트 편집기"라고 부른다. 하지만, 프로그래밍을 할때 조금더 주의를 기울일 필요가 있다. 기본 디폴트로, 마이크로소프트 워드는 .docx 파일을 사용해서 텍스트를 저장할 뿐만 아니라, 글꼴, 제목, 등등의 서식 정보도 함께 저장한다. 이런 추가 정보는 문자로 저장되지 않아서, head 같은 도구에게는 무의미하다: head 같은 도구는 입력 파일에 문자, 숫자, 표준 컴퓨터 키보드 특수문자만이 포함되어 있는 것을 예상한다. 따라서, 프로그램을 편집할 때, 일반 텍스트 편집기를 사용하거나, 혹은 일반 텍스트로 파일을 저장하도록 주의한다.

만약 임의 파일의 행을 선택하고자 한다면 어떨까요? 파일명을 바꾸기 위해서 매번 middle.sh을 편집할 수 있지만, 단순히 명령어를 다시 타이핑하는 것보다 아마 시간이 더 걸릴 것이다. 대신에 middle.sh을 편집해서 좀더 다양한 기능을 제공하도록 만들어보자:

```
$ nano middle.sh
```

나노 편집기로 octane.pdb을 $1으로 불리는 특수 변수로 변경하자:

```
head -n 15 "$1" | tail -n 5
```

쉘 스크립트 내부에서, $1은 "명령라인의 첫 파일 이름(혹은 다른 인자)"을 의미한다. 이제 스크립트를 다음과 같이 바꿔 실행해 보자:

```
$ bash middle.sh octane.pdb
```

```
ATOM      9  H           1      -4.502   0.681   0.785  1.00  0.00
ATOM     10  H           1      -5.254  -0.243  -0.537  1.00  0.00
ATOM     11  H           1      -4.357   1.252  -0.895  1.00  0.00
ATOM     12  H           1      -3.009  -0.741  -1.467  1.00  0.00
ATOM     13  H           1      -3.172  -1.337   0.206  1.00  0.00
```

혹은 다음과 같이 다른 파일에 대해 스크립트 프로그램을 실행해 보자:

```
$ bash middle.sh pentane.pdb

ATOM      9  H           1       1.324   0.350  -1.332  1.00  0.00
ATOM     10  H           1       1.271   1.378   0.122  1.00  0.00
ATOM     11  H           1      -0.074  -0.384   1.288  1.00  0.00
ATOM     12  H           1      -0.048  -1.362  -0.205  1.00  0.00
ATOM     13  H           1      -1.183   0.500  -1.412  1.00  0.00
```

인자 주위를 이중 인용부호로 감싸기

파일명에 공백이 포함된 경우 루프 변수 내부에 이중 인용부호로 감싼 것과 동일한 사유로, 파일명에 공백이 포함된 경우 이중 인용부호로 `$1`을 감싼다.

하지만, 매번 줄 범위를 조정할 때마다 여전히 `middle.sh` 파일을 편집할 필요가 있다. 이 문제를 특수 변수 `$2` 와 `$3` 을 사용해서 고쳐보자: `head`, `tail` 명령어에 해당 줄수를 출력하도록 인자로 넘긴다.

```
$ nano middle.sh
head -n "$2" "$1" | tail -n "$3"
```

이제 다음을 실행시킨다:

```
$ bash middle.sh pentane.pdb 15 5

ATOM      9  H           1       1.324   0.350  -1.332  1.00  0.00
ATOM     10  H           1       1.271   1.378   0.122  1.00  0.00
ATOM     11  H           1      -0.074  -0.384   1.288  1.00  0.00
ATOM     12  H           1      -0.048  -1.362  -0.205  1.00  0.00
ATOM     13  H           1      -1.183   0.500  -1.412  1.00  0.00
```

명령문의 인자를 변경함으로써 스크립트 동작을 바꿀 수 있게 된다:

```
$ bash middle.sh pentane.pdb 20 5

ATOM     14  H           1      -1.259   1.420   0.112  1.00  0.00
```

```
ATOM     15  H           1      -2.608  -0.407   1.130  1.00  0.00
ATOM     16  H           1      -2.540  -1.303  -0.404  1.00  0.00
ATOM     17  H           1      -3.393   0.254  -0.321  1.00  0.00
TER      18              1
```

제대로 동작하지만, `middle.sh` 쉘스크립트를 읽는 다른 사람은 잠시 시간을 들여, 스크립트가 무엇을 수행하는지 알아내야 할지 모른다. 스크립트를 상단에 **주석(comments)**을 추가해서 좀더 낫게 만들 수 있다:

```
$ nano middle.sh
# Select lines from the middle of a file.
# Usage: bash middle.sh filename end_line num_lines
head -n "$2" "$1" | tail -n "$3"
```

주석은 #문자로 시작하고 해당 행 끝까지 주석으로 처리된다. 컴퓨터는 주석을 무시하지만, 사람들이(미래의 본인 자신도 포함) 스크립트를 이해하고 사용하는데 정말 귀중한 존재다. 유일한 단점은 스크립트를 변경할 때마다, 주석이 여전히 유효한지 확인해야 된다는 점이다: 잘못된 방향으로 독자를 오도하게 만드는 설명은 아무것도 없는 것보다 더 나쁘다.

만약 많은 파일을 단 하나 파이프라인으로 처리하고자 한다면 어떨까? 예를 들어, `.pdb` 파일을 길이 순으로 정렬하려면, 다음과 같이 타이핑한다:

```
$ wc -l *.pdb | sort -n
```

`wc -l`은 파일에 행갯수를 출력하고(wc는 'word count'로 -l 플래그를 추가하면 'count lines' 의미가 됨을 상기한다), `sort -n`은 숫자순으로 파일의 행갯수를 정렬한다. 파일에 담을 수 있지만, 현재 디렉토리에 `.pdb` 파일만을 정렬한다. 다른 유형의 파일에 대한 정렬된 목록을 얻으려고 한다면, 스크립트에 이 모든 파일명을 얻는 방법이 필요하다. `$1`, `$2` 등등은 사용할 수 없는데, 이유는 얼마나 많은 파일이 있는지를 예단할 수 없기 때문이다. 대신에, 특수 변수 `$@`을 사용한다. `$@`은 "쉘 스크립트 모든 명령-라인 인자"를 의미한다. 공백을 포함한 매개변수를 처리하려면 이중 인용부호로 `$@`을 감싸두어야 된다. ("`$@`"은 "`$1`" "`$2`" … 와 동치다). 예제가 다음에 있다:

```
$ nano sorted.sh
# Sort filenames by their length.
# Usage: bash sorted.sh one_or_more_filenames
wc -l "$@" | sort -n
```

실행방법과 실행결과는 다음과 같다.

```
$ bash sorted.sh *.pdb ../creatures/*.dat


9 methane.pdb
12 ethane.pdb
15 propane.pdb
20 cubane.pdb
21 pentane.pdb
30 octane.pdb
163 ../creatures/basilisk.dat
163 ../creatures/unicorn.dat
```

유일무이한 개체 목록으로 나열 정훈이는 데이터 파일 수백개를 갖고 있는데, 각각은 다음과 같은 형식을 가지고 있다:

```
2013-11-05,deer,5
2013-11-05,rabbit,22
2013-11-05,raccoon,7
2013-11-06,rabbit,19
2013-11-06,deer,2
2013-11-06,fox,1
2013-11-07,rabbit,18
2013-11-07,bear,1
```

`data-shell/data/animal-counts/animals.txt` 파일을 대상으로 예제를 작성한다. 임의 파일이름을 명령-라인 인자로 갖는 `species.sh` 이름의 쉘 스크립트를 작성하라. `cut`, `sort`, `uniq`를 사용해서 각각의 파일별로 나오는 유일무이한 개체에 대한 목록을 화면에 출력하세요.

해답

```
# csv 파일에 유일무이한 개체를 찾는 스크립트로 개체는 두번째 데이터 필드가 된다.
# 스크립트는 명령라인 인자로 모든 파일명을 인자로 받는다.


# 모든 파일에 대해 루프를 돌려 반복한다.
```

for file in $@ do echo “Unique species in $file:” # 개체명을 추출한다. cut -d , -f 2 $file | sort | uniq done “‘

왜 쉘 스크립트가 어떤 작업도 수행하지 않을까?

스크립트가 아주 많은 파일을 처리하고 했지만, 어떠한 파일 이름도 부여하지 않는다면 무슨 일이 발생할까? 예를 들어, 만약 다음과 같이 타이핑한다면 어떻게 될까요?:

```
$ bash sorted.sh
```

하지만 `*.dat` (혹은 다른 어떤 것)를 타이핑하지 않는다면 어떨까요? 이 경우 `$@`은 아무것도 전개하지 않아서, 스크립트 내부의 파이프라인은 사실상 다음과 같다:

```
$ wc -l ¦ sort -n
```

어떠한 파일이름도 주지 않아서, `wc`은 표준 입력을 처리하려 한다고 가정한다. 그래서, 단지 앉아서 사용자가 인터랙티브하게 어떤 데이터를 전달해주길 대기하고만 있게 된다. 하지만, 밖에서 보면 사용자에게 보이는 것은 스크립트가 거기 앉아서 정지한 것처럼 보인다: 스크립트가 아무 일도 수행하지 않는 것처럼 보인다.

유용한 무언가를 수행하는 일련의 명령어를 방금 실행했다고 가정하자 — 예를 들어, 논문에 사용될 그래프를 스크립트가 생성. 필요하면 나중에 그래프를 다시 생성할 필요가 있어서, 파일에 명령어를 저장하고자 한다. 명령문을 다시 타이핑(그리고 잠재적으로 잘못 타이핑할 수도 있다)하는 대신에, 다음과 같이 할 수도 있다:

```
$ history ¦ tail -n 5 > redo-figure-3.sh
```

`redo-figure-3.sh` 파일은 이제 다음을 담고 있다:

```
297 bash goostats NENE01729B.txt stats-NENE01729B.txt
298 bash goodiff stats-NENE01729B.txt /data/validated/01729.txt > 01729-differences.txt
299 cut -d ',' -f 2-3 01729-differences.txt > 01729-time-series.txt
300 ygraph --format scatter --color bw --borders none 01729-time-series.txt figure-3.png
301 history ¦ tail -n 5 > redo-figure-3.sh
```

명령어의 일련 번호를 제거하고, `history` 명령어를 포함한 마지막 행을 지우는 작업을 편집기에서 한동안 작업한 후에, 그림을 어떻게 생성시켰는지에 관한 정말 정확한 기록을 갖게 되었다.

왜 명령어를 실행하기 전에 `history`에 명령어를 기록할까?

다음 명령어를 실행시키게 되면:

```
$ history ¦ tail -n 5 > recent.sh
```

파일에 마지막 명령어는 `history` 명령 그자체다; 즉 쉘이 실제로 명령어를 실행하기 전에 명령 로그에 먼저 `history`를 추가했다. 실제로 *항상* 쉘은 명령어를 실행시키기 전에 로그에 명령어를 기록한다. 왜 이런 동작을 쉘이 한다고 생각하는가?

해답 만약 명령어가 죽던가 멈추게 되면, 어떤 명령어에서 문제가 발생했는지 파악하는 것이 유용할 수 있다. 명령어가 실행된 후에 기록하게 되면, 크래쉬(crash)가 발생된 마지막 명령어에 대한 기록이 없게 된다.

실무에서, 대부분의 사람들은 쉘 프롬프트에서 몇번 명령어를 실행해서 올바르게 수행되는지를 확인한 다음, 재사용을 위해 파일에 저장한다. 이런 유형의 작업은 데이터와 작업흐름(workflow)에서 발견한 것을 `history`를 호출해서 재사용할 수 있게 하고, 출력을 깔끔하게 하기 위해 약간의 편집을 하고 나서, 쉘 스크립트로 저장하는 흐름을 탄다.

6.1 Nelle 파이프라인: 스크립트 생성하기

Nelle의 지도교수는 모든 분석결과가 재현가능해야 된다는 고집을 갖고 있다. 모든 분석단계를 담아내는 가장 쉬운 방법은 스크립트에 있다. 편집기를 열어서 다음과 같이 작성한다:

```
# 데이터 파일별로 통계량 계산.
for datafile in "$@"
do
    echo $datafile
    bash goostats $datafile stats-$datafile
done
```

`do-stats.sh` 이름으로된 파일에 저장해서, 다음과 같이 타이핑해서 첫번째 단계 분석을 다시 실행할 수 있게 되었다:

```
$ bash do-stats.sh NENE*[AB].txt
```

또한 다음과 같이도 할 수 있다:

```
$ bash do-stats.sh NENE*[AB].txt ¦ wc -l
```

그렇게 해서 출력은 처리된 파일 이름이 아니라 처리된 파일의 숫자만 출력된다.

Nelle의 스크립트에서 주목할 한가지는 스크립트를 실행하는 사람이 무슨 파일을 처리할지를 결정하게 하는 것이다. 스크립트를 다음과 같이 작성할 수 있다:

```
# Site A, Site B 데이터 파일에 대한 통계량 계산
for datafile in NENE*[AB].txt
do
    echo $datafile
    bash goostats $datafile stats-$datafile
```

```
done
```

장점은 이 스크립트는 항상 올바른 파일만을 선택한다: 'Z'파일을 제거했는지 기억할 필요가 없다. 단점은 *항상* 이 파일만을 선택한다는 것이다 — 모든 파일('Z'를 포함하는 파일), 혹은 남극 동료가 생성한 'G', 'H' 파일에 대해서 스크립트를 편집하지 않고는 실행할 수 없다. 좀더 모험적이라면, 스크립트를 변경해서 명령-라인 매개변수를 검증해서 만약 어떠한 매개변수도 제공되지 않았다면 `NENE*[AB].txt`을 사용하도록 바꿀수도 있다. 물론, 이런 접근법은 유연성과 복잡성 사이에 서로 대립되는 요소 사이의 균형, 즉 트레이드오프(trade-off)를 야기한다.

쉘 스크립트의 변수

`molecules` 디렉토리에서, 다음 명령어를 포함하는 `script.sh`라는 쉘스크립트가 있다고 가정한다:

```
head -n $2 $1
tail -n $3 $1
```

`molecules` 디렉토리에서 다음 명령어를 타이핑한다:

```
bash script.sh '*.pdb' 1 1
```

다음 출력물 결과 중 어떤 결과가 나올 것으로 예상하나요? 1. `molecules` 디렉토리에 있는 `*.pdb` 확장자를 갖는 각 파일의 첫번줄과 마지막줄 사이 모든 줄을 출력. 2. `molecules` 디렉토리에 있는 `*.pdb` 확장자를 갖는 각 파일의 첫번줄과 마지막 줄을 출력. 3. `molecules` 디렉토리에 있는 각 파일의 첫번째와 마지막 줄을 출력. 4. `*.pdb` 를 감싸는 인용부호로 오류가 발생.

> **해답** 정답은 2.
>
> 특수 변수 $1, $2, $3은 스크립트에 명령라인 인수를 나타낸다. 따라서 실행되는 명령어는 다음과 같다:
>
> ```
> $ head -n 1 cubane.pdb ethane.pdb octane.pdb pentane.pdb propane.pdb
> $ tail -n 1 cubane.pdb ethane.pdb octane.pdb pentane.pdb propane.pdb
> ```
>
> 인용부호로 감싸져서 쉘이 `'*.pdb'`을 명령라인에서 확장하지 않는다. 이를 테면, 스크립트의 첫번째 인자는 `'*.pdb'`으로 전달되어 스크립트 내부에서 확장되어 `head`와 `tail` 명령어를 실행시키게 된다.

주어진 확장자 내에서 가장 긴 파일을 찾아낸다 인자로 디렉토리 이름과 파일이름 확장자를 갖는 `longest.sh`이름의 쉘 스크립트를 작성해서, 그 디렉토리에서 해당 확장자를

가지는 파일 중에 가장 긴 줄을 가진 파일이름을 화면에 출력하세요. 예를 들어, 다음은

```
$ bash longest.sh /tmp/data pdb
```

/tmp/data 디렉토리에 .pdb 확장자를 가진 파일 중에 가장 긴 줄을 가진 파일이름을 화면에 출력한다.

해답

```
# 쉘 스크립트는 다음 두 인자를 갖는다:
#    1. 디렉토리명
#    2. 파일 확장자
# 해당 디렉토리에서 파일 확장자와 매칭되는 가장 길이가 긴 파일명을 출력한다.

wc -l $1/*.$2 | sort -n | tail -n 2 | head -n 1
```

스크립트 독해 능력

이번 문제에 대해, 다시 한번 data-shell/molecules 디렉토리에 있다고 가정한다. 지금까지 생성한 파일에 추가해서 디렉토리에는 .pdb 파일이 많다. 만약 다음 행을 담고 있는 스크립트로 bash example.sh *.dat을 실행할 때, example.sh 이름의 스크립트가 무엇을 수행하는지 설명하세요:

```
# 스크립트 1
echo *.*
# 스크립트 2
for filename in $1 $2 $3
do
    cat $filename
done
# 스크립트 3
echo $@.pdb
```

해답 스크립트 1은 파일명에 구두점(.)이 포함된 모든 파일을 출력한다.

스크립트 2는 파일 확장자가 매칭되는 첫 3 파일의 내용을 화면에 출력시킨다. 쉘이 인자를 example.sh 스크립트에 전달하기 전에 와일드카드를 확장시킨다.

스크립트 3은 .pdb로 끝나는 스크립트의 모든 인자(즉, 모든 .pdb 파일)를 화면에 출력시킨다.

```
cubane.pdb ethane.pdb methane.pdb octane.pdb pentane.pdb propane.pdb.pdb
```

스크립트 디버깅

Nelle 컴퓨터 `north-pacific-gyre/2012-07-03` 디렉토리의 `do-errors.sh` 파일에 다음과 같은 스크립트가 저장되었다고 가정하자.

```
# Calculate stats for data files.
for datafile in "$@"
do
    echo $datfile
    bash goostats $datafile stats-$datafile
done
```

다음을 실행하게 되면:

```
$ bash do-errors.sh NENE*[AB].txt
```

출력결과는 아무 것도 없다. 원인을 파악하고자 `-x` 선택옵션을 사용해서 스크립트를 재실행시킨다:

```
bash -x do-errors.sh NENE*[AB].txt
```

보여지는 출력결과는 무엇인가? 몇번째 행에서 오류가 발생했는가? > **해답** > `-x` 플래그를 사용하면 디버그 모드에서 `bash`를 실행시키게 된다. > 각 명령어를 행단위로 실행시키고 출력결과를 보여주는데, 오류를 특정하는데 도움이 된다. > 이번 예제에서 `echo` 명령어는 아무 것도 출력하지 않는 것을 볼 수 있다. > 루프 변수명의 철자가 잘못 타이핑되어 있다. > `datfile` 변수가 존재하지 않아서 빈 문자열이 반환되었다.

제 7 장

파일, 텍스트, 폴더 찾기

"구글(Google)"을 "검색"을 의미하는 동사로 많은 분들이 사용하는 것처럼 유닉스 프로그래머는 "grep"을 동일하게 사용한다. `grep`은 "global/regular expression/print(전역/정규표현식/출력)"의 축약어로 초기 유닉스 편집기에서 일반적인 일련의 연산작업을 뜻한다. 매우 유용한 명령-라인 프로그램 이름이기도 하다.

`grep`은 패턴과 매칭되는 파일의 행을 찾아 화면에 뿌려준다. 예제 파일로, *Salon* 잡지 1988년 경쟁부문에서 하이쿠(haiku, 일본의 전통 단시) 3개를 담고 있는 파일을 사용례로 활용할 것이다. 이 예제 파일을 갖는 "writing" 하위 디렉토리에서 작업을 할 것이다:

```
$ cd
$ cd Desktop/data-shell/writing
$ cat haiku.txt

The Tao that is seen
Is not the true Tao, until
You bring fresh toner.

With searching comes loss
and the presence of absence:
"My Thesis" not found.

Yesterday it worked
Today it is not working
```

```
Software is like that.
```

영원히 혹은 5년

원본 하이쿠에 링크를 걸지 않았는데 이유는 Salon 사이트에 더 이상 보이는 것 같지 않아서다. Jeff Rothenberg가 말했듯이, "디지털 정보는 어느 것이 먼저 오든 영원한 영속성을 가지거나 혹은 5년이다." 운이 좋은 경우 인기 콘텐트는 종종 백업된다.

단어 "not"을 포함하는 행을 찾아 봅시다:

```
$ grep not haiku.txt


Is not the true Tao, until
"My Thesis" not found
Today it is not working
```

여기서 `not`이 찾고자 하는 패턴이다. `grep` 명령어는 파일을 뒤져 지정된 패턴과 매칭되는 것을 찾아낸다. 명령어를 사용하려면 `grep`을 타이핑하고 나서, 찾고자 하는 패턴을 지정하고 나서 검색하고자 하는 파일명(혹은 파일 다수)를 지정하면 된다.

출력값으로 "not"을 포함하는 파일에 행이 3개 있다.

다른 패턴을 시도해 보자. 이번에는 "The"이다.

```
$ grep The haiku.txt


The Tao that is seen
"My Thesis" not found.
```

이번에는 문자 "The"를 포함한 행이 두줄 출력되었다. 하지만, 더 큰 단어 안에 포함된 단어("Thesis")도 함께 출력된다.

`grep`명령어에 `-w` 옵션을 주면, 단어 경계로 매칭을 제한해서, "day" 단어만을 가진 행만이 화면에 출력된다.

매칭을 "The" 단어 자체만 포함하는 행만 매칭시키려면, `grep`명령어에 `-w` 옵션을 주게 되면, 단어 경계로 매칭을 제한시킨다.

```
$ grep -w The haiku.txt


The Tao that is seen
```

"단어 경계"는 행의 시작과 끝이 포함됨에 주의한다. 그래서 공백으로 감싼 단어는 해당사항이 없게 된다. 때때로, 단어 하나가 아닌, 문구를 찾고자 하는 경우도 있다. 인용부호

내부에 문구를 넣어 grep으로 작업하는 것이 편하다.

```
$ grep -w "is not" haiku.txt


Today it is not working
```

지금까지 단일 단어 주위를 인용부호로 감쌀 필요가 없다는 것을 알고 있다. 하지만, 단어 다수를 검색할 때 인용부호를 사용하는 것이 유용하다. 이렇게 하면, 검색어(term) 혹은 검색 문구(phrase)와 검색 대상이 되는 파일 사이를 더 쉽게 구별하는데 도움을 준다. 나머지 예제에서는 인용부호를 사용한다.

또다른 유용한 옵션은 -n으로, 매칭되는 행에 번호를 붙여 출력한다:

```
$ grep -n "it" haiku.txt


5:With searching comes loss
9:Yesterday it worked
10:Today it is not working
```

상기에서 5, 9, 10번째 행이 문자 "it"를 포함함을 확인할 수 있다.

다른 유닉스 명령어와 마찬자기로 옵션(즉, 플래그)을 조합할 수 있다. 단어 "the"를 포함하는 행을 찾아보자. "the"를 포함하는 행을 찾는 -w 옵션과 매칭되는 행에 번호를 붙이는 -n을 조합할 수 있다:

```
$ grep -n -w "the" haiku.txt


2:Is not the true Tao, until
6:and the presence of absence:
```

이제 -i 옵션을 사용해서 대소분자 구분없이 매칭한다:

```
$ grep -n -w -i "the" haiku.txt


1:The Tao that is seen
2:Is not the true Tao, until
6:and the presence of absence:
```

이제, -v 옵션을 사용해서 뒤집어서 역으로 매칭을 한다. 즉, 단어 "the"를 포함하지 않는 행을 출력결과로 한다.

```
$ grep -n -w -v "the" haiku.txt
```

```
1:The Tao that is seen
3:You bring fresh toner.
4:
5:With searching comes loss
7:"My Thesis" not found.
8:
9:Yesterday it worked
10:Today it is not working
11:Software is like that.
```

grep 명령어는 옵션이 많다. grep 명령어에 대한 도움을 찾으려면, 다음 명령어를 타이핑 한다:

```
$ grep --help

Usage: grep [OPTION]... PATTERN [FILE]...
Search for PATTERN in each FILE or standard input.
PATTERN is, by default, a basic regular expression (BRE).
Example: grep -i 'hello world' menu.h main.c

Regexp selection and interpretation:
  -E, --extended-regexp     PATTERN is an extended regular expression (ERE)
  -F, --fixed-strings       PATTERN is a set of newline-separated fixed strings
  -G, --basic-regexp        PATTERN is a basic regular expression (BRE)
  -P, --perl-regexp         PATTERN is a Perl regular expression
  -e, --regexp=PATTERN      use PATTERN for matching
  -f, --file=FILE           obtain PATTERN from FILE
  -i, --ignore-case         ignore case distinctions
  -w, --word-regexp         force PATTERN to match only whole words
  -x, --line-regexp         force PATTERN to match only whole lines
  -z, --null-data           a data line ends in 0 byte, not newline

Miscellaneous:
...        ...        ...
```

grep 사용

다음중 어떤 명령어가 다음 결과를 만들어낼까요?

```
and the presence of absence:
```

1. `grep "of" haiku.txt`
2. `grep -E "of" haiku.txt`
3. `grep -w "of" haiku.txt`
4. `grep -i "of" haiku.txt`

해답 정답은 3번. `-w` 플래그는 온전한 단어만 매칭되는 것을 찾기 때문이다.

와일드카드(Wildcards)

`grep`의 진정한 힘은 옵션에서 나오지 않고; 패턴에 와일드카드를 포함할 수 있다는 사실에서 나온다. (기술적 명칭은 **정규 표현식(regular expressions)**이고, "grep" 명령어의 "re"가 정규표현식을 나타낸다.) 정규 표현식은 복잡하기도 하지만 강력하기도 하다. 복잡한 검색을 하고자 한다면, 소프트웨어 카펜트리 웹사이트에서 수업내용을 볼 수 있다. 맛보기로, 다음과 같이 두번째 위치에 'o'를 포함한 행을 찾을 수 있다:

```
$ grep -E '^.o' haiku.txt


You bring fresh toner.
Today it is not working
Software is like that.
```

`-E` 플래그를 사용해서 인용부호 안에 패턴을 넣어서 쉘이 해석하는 것을 방지한다. (예를 들어, 패턴에 '*'이 포함된다면, `grep`을 실행되기 전에 쉘이 먼저 전개하려 할 것이다.) 패턴에서'^'은 행의 시작에 매칭을 고정시키는 역할을 한다.'.'은 한 문자만 매칭하고(쉘의 '?'과 마찬가지로), 'o'는 실제 영문 'o'와 매칭된다.

개체(species) 추적하기

정훈이는 한 디렉토리에 수백개 데이터 파일이 있는데, 형태는 다음과 같다:

```
2013-11-05,deer,5
2013-11-05,rabbit,22
2013-11-05,raccoon,7
2013-11-06,rabbit,19
2013-11-06,deer,2
```

명령라인에서 첫번째 인자로 개체(species), 두번째 인자로 디렉토리를 인자로 받는 쉘스크립트를 작성하고자 한다. 스크립트는 일자별로 관측된 개체수를 담아 `species.txt` 라는 파일로 저장하면 된다.

```
2013-11-05,22
2013-11-06,19
```

스크립트를 작성하는데 다음에 나온 명령어를 적절한 순서로 파이프에 연결시키면 된다:

```
cut -d : -f 2
>
¦
grep -w $1 -r $2
¦
$1.txt
cut -d , -f 1,3
```

힌트: `man grep` 명령어를 사용해서 디렉토리에서 재귀적으로 텍스트를 `grep`하는지 찾아본다. `man cut` 명령어를 사용해서 한줄에 필드 하나 이상을 선택하는 방법을 살펴본다. `data-shell/data/animal-counts/animals.txt` 파일이 예제 파일로 제공되고 있다: > **해답** > > > `grep -w $1 -r $2 ¦ cut -d : -f 2 ¦ cut -d , -f 1,3 > $1.txt` > > > 상기 쉘 스크립트를 다음과 같이 호출하면 된다: > > > `$ bash count-species.sh bear .` >

작은 아낙네(Little Women)

Louisa May Alcott가 지은 *작은 아낙네(Little Women)*를 친구과 함께 읽고 논쟁중이다. 책에는 Jo, Meg, Beth, Amy 네자매가 나온다. 친구가 Jo가 가장 많이 언급되었다고 생각한다. 하지만, 나는 Amy라고 확신한다. 운좋게도, 소설의 전체 텍스트를 담고 있는 `LittleWomen.txt` 파일이 있다(`data-shell/writing/data/LittleWomen.txt`). `for` 루프를 사용해서, 네자매 각각이 얼마나 언급되었는지 횟수를 개수할 수 있을까?

힌트: 한가지 해결책은 `grep`, `wc`, ¦ 명령어를 동원하는 것이지만, 다른 해결책으로 `grep` 옵션을 활용하는 것도 있다. There is often more than one way to solve a programming task, so a particular solution is usually chosen based on a combination of yielding the correct result, elegance, readability, and speed. 프로그래밍 문제를 푸는 방식은 한가지 이상 존재한다. 따라서, 올바른 결과를 도출해야 하고, 우아하고(elegance), 가독성이 좋고(readability), 속도를 다 함께 고려하여 선택한다.

해답

```
for sis in Jo Meg Beth Amy
do
```

```
  echo $sis:
  grep -ow $sis LittleWomen.txt ¦ wc -l
done
```

또다른 해법으로, 다소 떨어지는 해답은 다음과 같다:

```
for sis in Jo Meg Beth Amy
do
  echo $sis:
  grep -ocw $sis LittleWomen.txt
done
```

이 해답이 다소 뒤떨어지는 이유는 `grep -c`는 매칭되는 행 숫자만 출력하기 때문이다. 행마다 매칭되는 것이 하나 이상 되는 경우, 이 방법으로 매칭되는 전체 갯수는 낮아질 수 있기 때문이다.

`grep`이 파일의 행을 찾는 반면에, `find` 명령어는 파일 자체를 검색한다. 다시, `find` 명령어는 정말 옵션이 많다; 가장 간단한 것이 어떻게 동작하는지 시연하기 위해, 다음과 같은 디렉토리 구조를 사용할 것이다.

Nelle의 `writing` 디렉토리는 `haiku.txt`로 불리는 파일 하나와, 하위 디렉토리 4개를 포함한다. `thesis` 디렉토리는 슬프게고 아무것도 담겨있지 않는 빈 파일 `empty-draft.md`만 있고, `data` 디렉토리는 `LittleWomen.txt`, `one.txt`과 `two.txt` 총 파일 3개를 포함하고, `tools` 디렉토리는 `format`과 `stats` 프로그램을 포함하고, `oldtool` 파일을 담고 있는 `old` 하위 디렉토리로 구성되어 있다.

첫 명령어로, `find .`을 실행하자.

```
$ find .


.
./data
./data/one.txt
./data/LittleWomen.txt
./data/two.txt
./tools
./tools/format
./tools/old
./tools/old/oldtool
./tools/stats
```

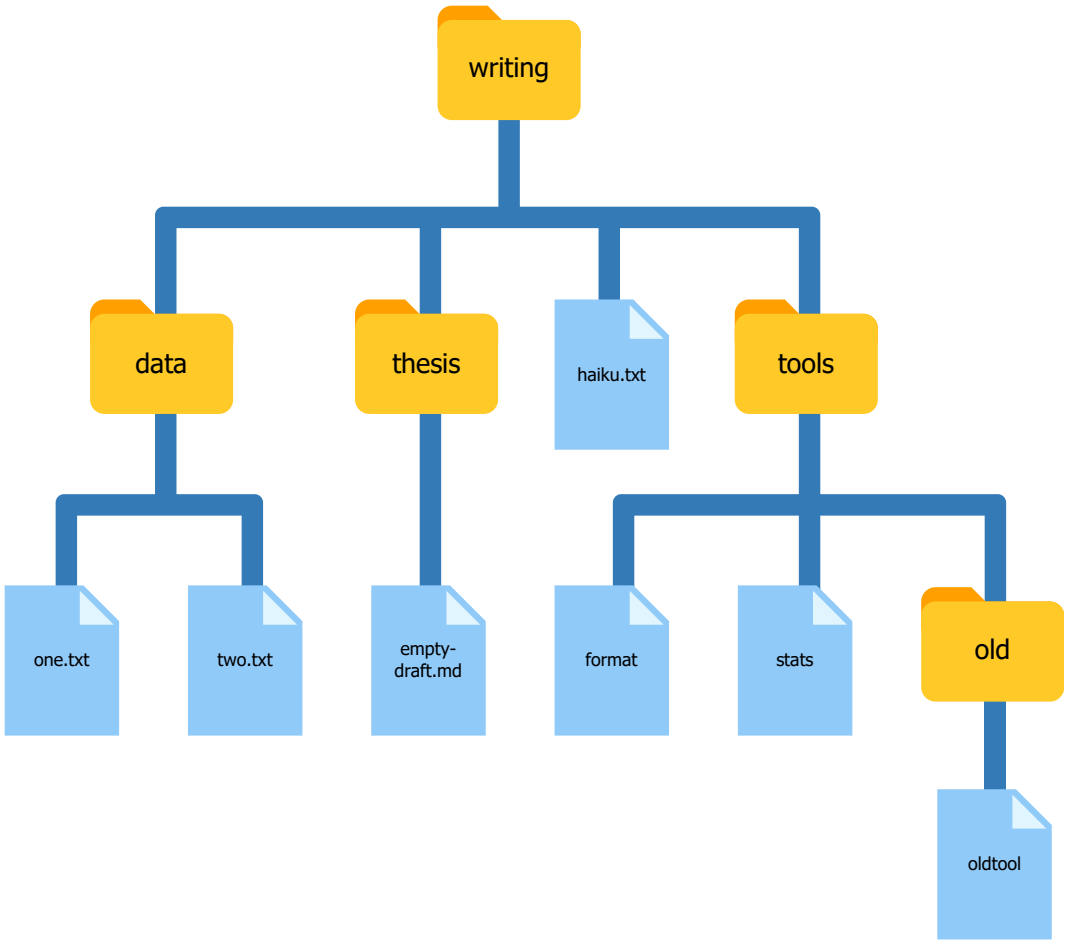


그림 7.1: `Find` 찾기 예제 파일 구조

```
./haiku.txt
./thesis
./thesis/empty-draft.md
```

항상 그렇듯이, . 자체가 의미하는 바는 현재 작업 디렉토리로, 검색을 시작하는 디렉토리가 된다. find 출력결과로 현재 작업 디렉토리 아래 있는 모든 파일, **그리고** 디렉토리명이 나온다. 출력결과가 쓸모없어 보이지만, find 명령어에 선택옵션이 많아서 출력결과를 필터할 수 있다. 이번 학습에서는 그중 일부만 다뤄볼 것이다.

첫번째 선택옵션은 -type d로 "디렉토리인 것들"을 의미한다. 아니나 다를까, find의 출력에는 (.을 포함해서) 디렉토리 5개가 나온다.

```
$ find . -type d


./
./data
./thesis
./tools
./tools/old
```

find 명령어가 찾는 객체가 특별한 순서를 갖고 출력되는 것이 아님에 주목한다. -type d에서 -type f로 옵션을 변경하면, 대신에 모든 파일 목록이 나온다:

```
$ find . -type f


./haiku.txt
./tools/stats
./tools/old/oldtool
./tools/format
./thesis/empty-draft.md
./data/one.txt
./data/LittleWomen.txt
./data/two.txt
```

이제 이름으로 매칭을 하자:

```
$ find . -name *.txt


./haiku.txt
```

모든 텍스트 파일을 찾기를 기대하지만, 단지 ./haiku.txt만을 화면에 출력한다. 문제는

명령문을 실행하기 *전에*, *같은 와일드카드 문자를 쉘이 전개하는 것이다. 현재 디렉토리에서 *.txt을 전개하면 haiku.txt이 되기 때문에, 실제 실행하는 명령어는 다음과 같다:

```
$ find . -name haiku.txt
```

find 명령어는 사용자가 요청한 것만 수행한다; 사용자는 방금전에 잘못된 것을 요청했다.

사용자가 원하는 것을 얻기 위해서, grep을 가지고 작업했던 것을 수행하자. 단일 인용부호에 *.txt을 넣어서 쉘이 와일드카드 *을 전개하지 못하게 한다. 이런 방식으로, find 명령어는 확장된 파일명 haiku.txt이 아닌, 실제로 *.txt 패턴을 얻는다:

```
$ find . -name '*.txt'


./data/one.txt
./data/LittleWomen.txt
./data/two.txt
./haiku.txt
```

목록(Listing) vs. 찾기(Finding)

올바른 옵션이 주어진 상태에서, ls와 find 명령어를 사용해서 비슷한 작업을 수행하도록 만들 수 있다. 하지만, 정상 상태에서 ls는 가능한 모든 것을 목록으로 출력하는 반면에, find는 어떤 특성을 가진 것을 검색하고 보여준다는 점에서 차이가 난다.

앞에서 언급했듯이, 명령-라인(command-line)의 힘은 도구를 조합하는데 있다. 파이프로 어떻게 조합하는지를 살펴봤고; 또 다른 기술을 살펴보자. 방금 보았듯이, find . -name '*.txt' 명령어는 현재 디렉토리 및 하위 디렉토리에 있는 모든 텍스트 파일 목록을 보여준다. 어떻게 하면 wc -l 명령어와 조합해서 모든 파일의 행을 개수할 수 있을까?

가장 간단한 방법은 $() 내부에 find 명령어를 위치시키는 것이다:

```
$ wc -l $(find . -name '*.txt')


11 ./haiku.txt
300 ./data/two.txt
21022 ./data/LittleWomen.txt
70 ./data/one.txt
21403 total
```

쉘이 상기 명령어를 실행할 때, 처음 수행하는 것은 $() 내부를 무엇이든 실행시키는 것

이다. 그리고 나서 $() 표현식을 명령어의 출력 결과로 대체한다. find의 출력 결과가 파일 이름 4개, 즉, ./data/one.txt, ./data/LittleWomen.txt, ./data/two.txt, ./haiku.txt라서, 쉘은 다음과 같이 명령문을 구성하게 된다:

```
$ wc -l ./data/one.txt ./data/LittleWomen.txt ./data/two.txt ./haiku.txt
```

상기 명령문이 사용자가 원하는 것이다. 이러한 확장이 *과 ? 같은 와일드카드로 확장할 때, 정확하게 쉘이 수행하는 것이다. 하지만 자신의 "와일드카드"로 사용자가 원하는 임의 명령어를 사용해보자.

find와 grep을 함께 사용하는 것이 일반적이다. 먼저 find가 패턴을 매칭하는 파일을 찾고; 둘째로 grep이 또 다른 패턴과 매칭되는 파일 내부 행을 찾는다. 예제로 다음에 현재 부모 디렉토리에서 모든 .pdb 파일에 "FE" 문자열을 검색해서, 철(FE) 원자를 포함하는 PDB파일을 찾을 찾을 수 있다:

```
$ grep "FE" $(find .. -name '*.pdb')


../data/pdb/heme.pdb:ATOM     25 FE           1      -0.924   0.535  -0.518
```

매칭후 빼내기

grep 명령어의 -v 옵션은 패턴 매칭을 반전시킨다. 패턴과 매칭하지 *않는* 행만 출력시킨다. 다음 명령어 중에서 어느 것이 /data 폴더에 s.txt로 끝나는 (예로, animals.txt 혹은 planets.txt), 하지만 net 단어는 포함하지 *않게* 모든 파일을 찾아낼까요? 정답을 생각해냈다면, data-shell 디렉토리에서 다음 명령어를 시도해본다.

1. `find data -name '*s.txt' | grep -v net`
2. `find data -name *s.txt | grep -v net`
3. `grep -v "temp" $(find data -name '*s.txt')`
4. None of the above.

해답 정답은 1. 매칭 표현식을 인용부호로 감싸서 쉘이 전개하는 것을 방지시킨 상태로 find 명령어에 전개시킨다.

2번은 틀렸는데, 이유는 쉘이 find 명령어에 와일드카드를 전달하는 대신에 *s.txt 을 전개하기 때문이다.

3번은 틀렸는데, 이유는 파일명을 찾는 대신에 "temp"와 매칭되지 않는 행을 갖는 파일을 검색하기 때문이다.

바이너리 파일(Binary File)

텍스트 파일에 존재하는 것을 찾는 것에만 배타적으로 집중했다. 데이터가 만약 이미지로, 데이터베이스로, 혹은 다른 형식으로 저장되어 있다면 어떨까? 한가지 선택사항은 `grep` 같은 툴을 확장해서 텍스트가 아닌 형식도 다루게 한다. 이 접근법은 발생하지도 않았고, 아마도 그러지 않을 것이다. 왜냐하면 지원할 형식이 너무나도 많은 존재하기 때문이다.

두번째 선택지는 데이터를 텍스트로 변환하거나, 데이터에서 텍스트같은 비트를 추출하는 것이다. 아마도 가장 흔한 접근법이 (정보를 추출하기 위해서) 각 데이터 형식마다 도구 하나만 개발하면 되기 때문이다. 한편으로, 이 접근법은 간단한 것을 쉽게 할 수 있게 한다. 부정적인 면으로 보면, 복잡한 것은 일반적으로 불가능하다.

예를 들어, `grep`을 이리 저리 사용해서 이미지 파일에서 X와 Y 크기를 추출하는 프로그램을 작성하기는 쉽다. 하지만, 공식을 담고 있는 엑셀 같은 스프레드쉬트 셀에서 값을 찾아내는 것을 어떻게 작성할까? 세번째 선택지는 쉘과 텍스트 처리가 모두 한계를 가지고 있다는 것을 인지하고, 대신에 (R 혹은 파이썬 같은) 프로그램 언어를 사용하는 것이다. 이러한 시점이 왔을 때 쉘에서 너무 고생하지 마세요: R 혹은 파이썬을 포함한 많은 프로그래밍 언어가 많은 아이디어를 여기에서 가져왔다. 모방은 또한 칭찬의 가장 충심어린 형태이기도 하다.

유닉스 쉘은 지금 사용하는 대부분의 사람보다 나이가 많다. 그토록 오랫동안 생존한 이유는 지금까지 만들어진 가장 생산성이 높은 프로그래밍 환경 중 하나 혹은 아마도 **가장 생산성 높은** 프로그래밍 환경이기 때문이다. 구문이 암호스러울 수도 있지만, 숙달한 사람은 다양한 명령어를 대화하듯이 실험하고 나서, 본인 작업을 자동화하는데 학습한 것을 사용한다. 그래픽 사용자 인터페이스(GUI)가 처음에는 더 좋을 수 있지만, 여전히 쉘이 최강이다. 화이트헤드(Alfred North Whitehead) 박사가 1911년 썼듯이 "문명은 생각없이 수행할 수 있는 중요한 작업의 수를 확장함으써 발전한다. (Civilization advances by extending the number of important operations which we can perform without thinking about them.)"

`find` 파이프라인 독해 능력

다음 쉘 스크립트에 대해서 무슨 것을 수행하는지 짧은 설명문을 작성하세요.

```
wc -l $(find . -name '*.dat') | sort -n
```

해답

1. 현재 디렉토리에서 `.dat` 확장자를 갖는 모든 파일을 찾아내시오.
2. 파일 각각이 담고 있는 행을 개수한다.

3. 앞선 단계에서 나온 출력결과를 숫자로 인식해서 정렬시킨다.

다른 특성을 갖는 파일 찾아내기

`find` 명령어에 "test"로 알려진 다른 기준을 제시해서 특정 속성을 갖는 파일을 지정할 수 있다. 예를 들어, 파일 생성시간, 파일 크기, 파일권한, 파일소유. `man find` 명령어를 사용해서 이를 살펴보고 나서, 지난 24시간 이내 `ahmed` 사용자가 변경시킨 모든 파일을 찾는 명령어를 적성한다.

힌트 1: `-type`, `-mtime`, `-user` 플래그 세개를 모두 사용해야 한다. 힌트 2: `-mtime` 값을 음수를 지정해야 된다 — 왜일까?

해답

Nelle의 홈이 작업 디렉토리라고 가정하고, 다음 명령어를 타이핑한다:

```
$ find ./ -type f -mtime -1 -user ahmed
```

--- **bitPublish**를 이용하여

참고문헌

--- **bitPublish**를 이용하여