# 遺伝研スパコン概要・Linux基本 操作

ディレクトリ、ファイル操作を中心としたLinux基本コマンドの使い方を紹介します。

本文書の内容は更新されている可能性があります。期間限定で<u>最新版</u>をweb公開しています。

## スパコンへの接続

#### スパコンへのログイン

Macのターミナル、またはWindowsのPowerShellから次のコマンドでスパコンのゲートウェイノードへ接続します。

ssh ユーザー名@gw.ddbj.nig.ac.jp

秘密鍵にパスフレーズを設定している場合にはパスフレーズを入力してください。 (アカウント登録証に記載されたパスワードとは異なります)

#### ☑ 選択koshu1@gw1:~

```
PS C:\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Users\Union\Users\Users\Users\Users\Union\Users\Union\Users\Union\Users\Users\Users\Union\Users\Users\Union\Users\Users\Union\Users\Union\Users\Union\Users\Union\Users\Union\Users\Union\Users\Union\Users\Union\Users\Union\Users\Union\Users\Union\Users\Union\Users\Union\Union\Union\Users\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\Union\
```

\$で終わる文字列はプロンプトといい、これが表示されているときコマンドの入力待機状態であることを示します。初期状態ではプロンプトにはユーザー名、現在ログインしているノード名と、現在のディレクトリ名(~はホームディレクトリを示す記号)が表示されています。

glogin コマンドを使ってログインノードに移動します。

qlogin

このときパスワード入力を要求されることがあります (最近スパコンアカウントを取得した場合にはおそらくパスワードは不要です)。このときにはアカウント登録証に記載されたパスワード (あるいは自分で変更していればそのパスワード)を入力してください。

パスワード入力を求められないようにする設定方法をこの文章の末尾に記していま すのでご参照ください。

[koshu1@gwB1 ~]\$ qlogin
Your job 16646500 ("QLOGIN") has been submitted
waiting for interactive job to be scheduled ...
Your interactive job 16646500 has been successfully scheduled.
Establishing /home/geadmin/UGER/utilbin/lx-amd64/qlogin\_wrapper session to host at138 ...
Warning: Permanently added '[at138]:34341, [172.19.7.186]:34341' (ECDSA) to the list of known hosts.
Last login: Mon Oct 17 15:09:48 2022 from gw1
[koshu1@at138 ~]\$

qloginを行うとプロンプトが変わりログインノード (上記画像ではat138というマシン)に移動したことがわかります。ログインノードは空きのあるノードが割り当てられるため、ログインごとに異なる可能性があります。

[**重要]** スパコン上では基本的に **qlogin** してから操作を行うようにしてください。ログイン直後のゲートウェイノード(gw) では解析処理等を行うことは想定されておらず、負荷の高い処理を行うと他のユーザにも影響がでることがあるためです。

#### ログアウト

exit

control (ctrl)キーを押しながらキーボードのDキーを押してもログアウトできます。 ログアウトするとgwノードに戻り、もう一度行うとスパコンからログアウトされます。

#### **TIPS**

- 誤った操作などによって、入力が受け付けなくなってしまった(プロンプトが表示されなくなった)場合には、 control-C を押すことで、処理をキャンセルし入力待機状態に戻ることができる場合があります。
  - を押すことで処理を中断させられる場合もあります。
- タブキーを素早く2度押すと、利用可能なコマンドやファイル名が補完されます(候補が多すぎて表示しきれない場合 q を押すと途中でとめられます) 矢印キーの上下で過去に入力したコマンドの履歴が表示できます。 これらをなるべく活用することで手入力による打ち間違いを避けるのがコツです。

```
[koshu1@at138 ~]$ cu
                                                            cups-genppd. 5. 2
cuda-gdb
                   cups-browsed
                                       cupsd
                                                                                cupstestppd
cuda-memcheck
                   cups-calibrate
                                       cupsdisable
                                                            cups-genppdupdate
                                                                               curl
                                                           cupsreject
cupsaccept
                                       cupsenable
                                                                                curl-config
                   cups-config
cupsaddsmb
                                       cupsfilter
                   cupsctl
                                                            cupstestdsc
                                                                                cut
[koshu1@at138 ~]$ cu
```

↑cuまで入力した状態でタブキーを2回押して入力候補を表示させた例

#### 覚えておくとよいショートカット

```
| control + A 行の先頭までカーソルを移動
```

| control + E | 行の最後までカーソルを移動

control + K カーソルより後の文字を削除

control + L 現在の行が一番上になるように画面をスクロール (画面のクリア)

control + H 直前の1文字を削除 (BackSpaceキーと同じ)

control + D カーソルの位置の文字を削除 (何も入力されていないときに行うとログアウト)

alt + → alt + ← 単語の区切れ目までカーソルを移動

#### 講習用のサンプルファイルを取得

講習で用いるファイルやデータを取得するために次のコマンドを実行してください

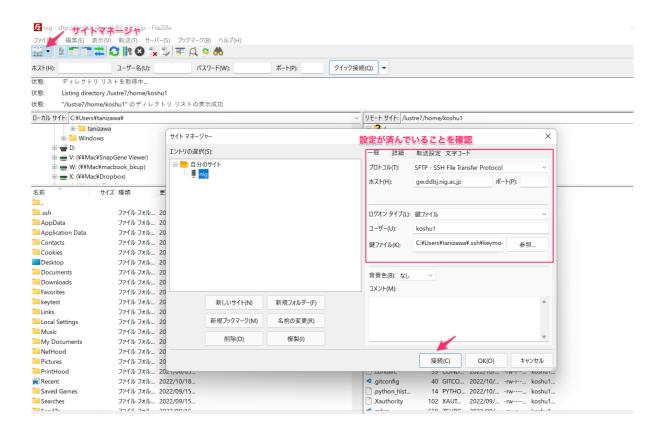
git clone https://github.com/genome-sci/basic\_course\_2022.git

\* Windows PowerShellを使っている場合、右クリックでペーストができます。

```
(結果)
Cloning into 'basic_course_2022'...
remote: Enumerating objects: 74, done.
remote: Counting objects: 100% (74/74), done.
remote: Compressing objects: 100% (57/57), done.
remote: Total 74 (delta 33), reused 38 (delta 12), pack-reused 0
Receiving objects: 100% (74/74), 9.58 MiB | 17.84 MiB/s, done.
Resolving deltas: 100% (33/33), done.
```

# Filezillaでの接続

設定が済んでいればサイトマネージャを開き、「接続」ボタンを押すことですぐに 接続できる。



接続後、 basic\_course\_2022 というディレクトリが見えていることを確認

# 基本操作1. 現在の状況を把握するコマンド (pwdとls)

• pwd 現在自分が"いる"ディレクトリ(フォルダ)を表示します。 (print working directory)

pwd

ログイン直後には各ユーザーのホームディレクトリ /home/userxxx/ にいるはず。

(結果)

/home/koshu1

• 1s 現在のディレクトリ内にあるファイルおよびディレクトリの一覧 (list) を表示します。

ls

ログインして初めて使う場合、先ほど取得した講習用データのディレクトリが見えているはずです。

(結果)

basic\_course\_2022

| basic\_course\_2022 | の中身を見る場合には

ls basic\_course\_2022

とします。

ディレクトリ名の最初の数文字を打ち込んでタブキーを押すとディレクトリ名が補完されますので、積極的に補完機能を使ってタイプミスを防ぐのがコツです。補完した場合、後にディレクトリであることを示す/がつきますが意味は同じです(lsbasic\_course\_2022/)

#### [koshu1@at137 ~]\$ Is basic\_course\_2022 1 2 3 4 README.md 先進ゲノム支援講習会 事前準備資料.pdf

デフォルトでは、青字はディレクトリ、白字はファイルを示しています。

不可視ファイル (. で始まるもの)を含めて表示させます。

ls -a

.bash\_profile のように で始まるファイルやディレクトリがいくつか見えるはずで (この結果は人によって異なる可能性があります)。 で始まるものは不可視項目 で、その多くは普段は使用しない設定ファイルなどです。

**重要** は現在のディレクトリ、 は一つ上の階層のディレクトリ(親ディレクトリ)を示します。

また、 -a は**コマンドラインオプション**のひとつです。Linuxのコマンドの多くはコマンドラインオプションを使うことで、既定の動作を変更させることができます。

オプションは複数組み合わせて使うこともできます。例えば、以下ではファイルの 更新日時やファイルサイズも含めて表示させます。

ls -a -l

なお、上記は ls -al としても同様の結果が得られます。 また、多くのシステムでは ll が ls -l と同じ結果が得られるショートカット(**エイリアス**)として利用できます。

ヘルプを参照することで、どのようなオプションが利用できるか確認することができます。

ls --help

多くのコマンドでは -h -help --help などのオプションをつけることでヘルプを表示できます。 whatis コマンド名 で概略を調べることもできます。

# 基本操作2. ディレクトリの移動 (cd)

• cd ディレクトリの移動 (change directory)

basic\_course\_2022 ディレクトリに移動します。

cd basic\_course\_2022

プロンプトが変わり移動できたことがわかります。 pwd で確認しておきましょう。

一つ上のディレクトリに移動する (もとのディレクトリに戻る) には ... を指定します。

cd ..

ホームディレクトリに戻るにはホームディレクトリを示す記号~を使って

cd ~

または単に

cd

とします。

また、直前にいたディレクトリに戻るには

cd -

とするのが便利です。

### Linuxのディレクトリの基本構成

WindowsやMacのディレクトリ構成と同じように階層構造になっています。最上位の階層 / をルートディレクトリといいます。

遺伝研スパコンの主要なディレクトリ構成

/(ルートディレクトリ)

/bin(おもにLinuxシステムの動作に最低限必要な実行ファイルを格納する) /usr(各種アプリケーションと、それに付随するファイルを格納する)

/usr/local/biotools 各種生命科学用ツールのsingularityイメージが格納されている

/usr/local/pkg/ Pythonなどプログラミング言語が置かれている

/usr/local/seq/ DDBJの塩基配列データやBLASTデータベースが置かれている

/usr/local/resources/ DRAのデータ、BioProject/BioSampleなどが置かれている

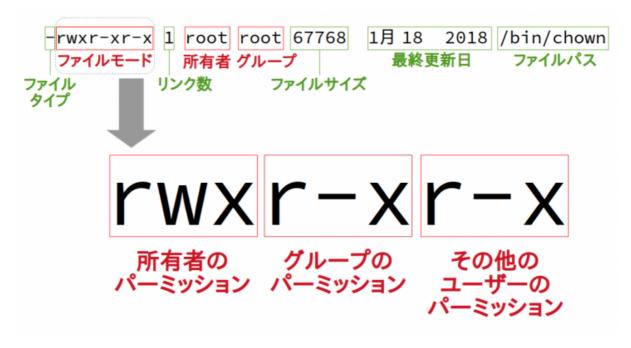
/home 各ユーザーごとのホームディレクトリが格納されている

/home/userXXX/ userXXXのホームディレクトリ /home/userYYY/ userYYYのホームディレクトリ /home/userZZZ/ userZZZのホームディレクトリ

UNIX/Linuxではファイルやディレクトリごとに所有者や書き込み・読み込み権限 (パーミッション)が設定されており、通常は他のユーザーからはファイルが見られないようになっています。

遺伝研スパコンのデフォルト設定では、同じグループに属するユーザーであればファイルは互いに閲覧可能ですが、書き込みはできないようになっています。スパコンアカウント申請時に責任者ごとにグループが作られますので、同じラボのユーザーどうしであればお互いのホームディレクトリの中を見ることができます。

パーミッションは ls -1 で見られるファイル一覧の中に示されています。



https://linuxfan.info/filemode-and-permission より引用

r は読み込み、 w は書き込み、 x は実行権限を示しています。

(ファイルの場合 x はプログラムとして実行可能であること、ディレクトリの場合にはそのディレクトリにアクセス可能であることを示す)

自分が所有するファイルであれば権限を変更することも可能です ( chmod コマンド)

## 絶対パスと相対パス

/usr/local/bin のようにルートディレクトリ / を起点にしたディレクトリ場所の示し方を**絶対パス**といいます。

たとえば

cd /usr/local/bin

とするとどこのディレクトリにいたとしても直接 <mark>/usr/local/bin</mark> に移動することができます。

/usr/local/bin から /usr/local/biotools に移動したい場合、絶対パスで移動する方法以外に、現在いる場所を起点にした**相対パス**で指定することもできます。

cd ../biotools

一つ上のディレクトリ (...) に移動した後で **biotools** に移動するのと同じ結果になります。

簡単な見分け方としては、 // **または -/ から始まっていれば絶対パス、そうでなければ相対パスです**。

単に cd biotools とした場合、 biotools は今自分がいるディレクトリ内にある子ディレクトリのことを指しますので相対パスで指定していることになります。

# 基本操作3. ディレクトリの作成と削除 (mkdir, rmdir または rm -r)

講習用ディレクトリに移動し、ディレクトリの作成を練習します。

cd ~/basic\_course\_2022/1/
pwd

(結果)

/home/ユーザー名/basic\_course\_2022/1

• mkdir ディレクトリの新規作成 (make directory)

testという名称のディレクトリを作ります。

mkdir test

作成できたら ls cd pwd などで確認やディレクトリの移動を試してみてください。

• rmdir ディレクトリの削除 (remove directory)

(他のディレクトリに移動していた場合は cd ~/basic\_course\_2022/1/ でもとの場所に 戻ってから実行)

rmdir test

rmdir ~/basic\_course\_2022/1/test のように絶対パスで指定しても良い。

rmdir は空のディレクトリに対してしか使用できないので、ディレクトリとその中身のファイルも含めて削除する場合には rm -r を使います (-r はrecursiveの意)。

rm -r test

(先の手順ですでにディレクトリを削除した後だとエラーになります)

# 基本操作4. ファイルの作成と削除 (touchとrm)

• touch 空のファイルを作成する (既存のファイルに対して使った場合、ファイル 変更日が更新される)

touch a.txt

テキストファイルであることが目で見てわかりやすいように拡張子 .txt をつけていますが、

Windowsとは異なり、Linuxでは拡張子によってファイルの種類を認識することはありません。

したがって、拡張子は必須ではありません。( touch a で a という名称の空のファイルが作られます)

m ファイルの削除

rm a.txt

# 基本操作5. 画面への出力 (echo, cat, リダイレクト)

• echo 文字列を画面に出力します。

echo Hello

▶ を使うと画面へ出力するかわりにファイルに書き出すことができます (リダイレクト)。

echo Hello > a.txt

このとき a.txt が存在していた場合、上書きされますので気をつけてください。 >> を使うと追加書き込みができます。

echo world >> a.txt

他のコマンドの出力結果もファイルに書き込めます。

ll > b.txt

(11 でファイル一覧を表示した結果をファイルに書き込んでいます)

• **cat** ファイルの中身を画面に出力

cat a.txt

本来は concatenate の意味で、複数のファイルを連結するコマンドです。

cat a.txt b.txt > c.txt

(a.txtとb.txtを連結し、その結果をc.txtに書き込んでいます。)

## ワイルドカード

- \* や ? を使うとパターンに合うファイルを一括して処理できます (ワイルドカード)。
- \* は0文字以上の任意の文字列を示します。
- 。txt で終わるファイルの一覧を表示

ls \*.txt

? は任意の1文字を示します。

ls ?.txt

(a.txt, b.txt, c.txt などが表示されます)

ls ??.txt

(ab.txtやXY.txtにはマッチしますが、a.txtにはマッチしません)

これまでに作成した .txt で終わるファイルを一括して削除します。

rm \*.txt

単に rm \* と打つとディレクトリ内のファイル全てが消えてしまいますので注意してください。 rm -r \* とした場合、サブディレクトリも含めディレクトリの中身が全て削除されます。 Linuxでは一度削除したファイルを復活させることはできませんので、使用する場合には注意してください.

# 基本操作6. ファイル・ディレクトリの移動、名称変更、 コピー (mv, cp)

本講義ではFilezillaを使って移動やコピーを行いますので詳細は省きます。奥が深いので、自信がないときは練習用のファイルを作り事前にどのような挙動になるか確認することをおすすめします。

mv ファイルやディレクトリの移動および名前変更基本は mv 移動元 移動先 の形で使います。

移動元	移動先	結果
ファイル	ディレクトリ	移動元ファイルを移動先ディレクトリに移動させ る
ファイル	ファイル	移動元ファイルを移動先に移す (結果的にファイ

		ル名が変更されることになる)。移動先ファイルが 存在していた場合、上書きされる。
ディレクトリ	ディレクトリ	移動元ディレクトリを移動先ディレクトリ内にうつす。移動先ディレクトリが存在していなければ、ディレクトリの名前が移動先ディレクトリ名に変更される。
ディレクトリ	ファイル	(この操作は認められていない)

• cp ファイルやディレクトリのコピー

基本は cp コピー元 コピー先 の形で使います。

コピー <b>元</b>	コピー <b>先</b>	結果
ファイル	ディレクトリ	コピー元ファイルをコピー先ディレクトリ内に複 製する
ファイル	ファイル	コピー元ファイルをコピー先のファイル名で複製 する。コピー先ファイルが存在していた場合、上 書きされる。
ディレクトリ	ディレクトリ	コピー元ディレクトリをコピー先ディレクトリ内にうつす。移動先ディレクトリが存在していなければ、ディレクトリを別名で複製する。 コピー元にディレクトリを指定する場合 - オプションを指定する必要がある (cp -r コピー元コピー先)
ディレクトリ	ファイル	(この操作は認められていない)

移動元 や □ピー元 に複数のファイルやディレクトリを指定することもできます。

# 基本操作7. head, tail, wc

サンプルデータのあるディレクトリに移動します。

cd ~/basic\_course\_2022/1/test1
pwd

• head ファイルの先頭を表示

head test1-1.gbk

先頭10行を表示します。

オプションで行数指定もできます (100行表示の例)

head -100 test1-1.gbk

• tail ファイルの末端を表示

末端から100行を抽出し、結果をファイルに書き出してみます。

tail -100 test1-2.gff > out.txt

• wc ファイルの文字数や行数を数える (word count)

wc test1-1.gbk

表示される数値は順に、行数、単語数、文字数を表します。文字数には改行コードも含まれます。

**1** をつけると行数のみ表示されます。

wc -l test1-1.gbk

# 基本操作8. 大きなファイルの中身を閲覧 (less, more)

cat コマンドはファイルの中身を一気に表示させるのに対し、大きなファイルを部分ごとに表示させるのがlessやmoreコマンドです。

lessとmoreは多少の違いはありますが、lessはmoreの拡張版ですので、lessを使うことの方が多いです。

less test1-1.gbk

矢印キーの上下左右でスクロール。 f (またたスペース)と f で1画面ずつそれぞれ上下にスクロールします。

lessコマンドは、デフォルトでは画面の右端で自動的に折り返されて表示されます。この設定を無視して画面1行にファイルの内容を1行ずつ表示させる場合には オプションを使用します。

less -S read.fastq

## パイプ

■ (読み方はパイプ、パイプライン、バーチカルバーなど)を使うとコマンドの出力を他のコマンドの入力に連結することができます。

次の例ではファイルの先頭100行を抽出した後、その末尾10行を表示させています。

head -100 test1-1.gbk | tail -10

結果的にファイルの91行目から100行目までが表示されることになります。

複数のパイプを連結することも可能です。以下は、上記の結果に対して wc を実行したものです。

head -100 test1-1.gbk | tail -10 | wc

# ファイル内の検索 (grep)

ファイルの中から文字列 "LOCUS" という文字列を含んだ行を抽出して表示させます。

grep LOCUS test1-1.gbk

パイプと組み合わせて使用することもできます

qstat -u "\*" | grep qw

上記コマンドはスパコンの実行中ジョブの一覧から待機状態(qw)状態のジョブを表示させています。

ワイルドカードを使って複数のファイルを対象に検索することもできます。

grep contig03 test\*

# プログラムの実行 (パスを通す)

~/basic\_course/1 の中にある hello というプログラム (画面に"Hello world!"と表示させるだけのプログラム)を実行する方法を説明します。

ディレクトリに移動

cd ~/basic\_course\_2022/1/

#### 実行権限の付与

パーミッションの確認

```
$ ll hello
-rw-r--r-- 1 koshu1 koshu 18 10 19 18:55 hello
```

実行権限 x が付けられていないのでこのままではプログラムとして実行することができません。

chmod コマンドで実行権限を付与します。

chmod a+x hello

(すべてのユーザー a に対して実行権限 x をつけるという意味です)

確認

```
$ ll hello
-rwxr-xr-x 1 koshu1 koshu 18 10 19 18:55 hello
```

#### 実行方法

#### 相対パスで指定する方法

(下記で先頭の\$はプロンプトを示していますので入力する必要はありません)

\$ ./hello
Hello world!

カレントディレクトリにあるプログラムを実行する場合、明示的に ./ をつける必要があります。( はカレントディレクトリを表す記号)

#### 絶対パスで指定する方法

\$ ~/basic\_course\_2022/1/hello
Hello world!

これ以外にプログラムがある場所に**パス** ( PATH ) を通して実行する方法もあります。 以下でその方法を説明します。

#### パスを通す

ls コマンドを実行するとき、 ls コマンドのプログラム本体はどこにあるのでしょうか? which コマンドを使ってプログラム本体の場所を調べることができます。

このようにプログラム本体は /usr/bin/ ディレクトリの中にあることがわかります。

Ls と打つだけでプログラムが実行できるのは、 /usr/bin/ にパス (正確にはコマンド探索パス) が通っているためです。コマンド探索パスの設定内容は**環境変数 PATH** の中に記載されており printenv コマンドでその中身を確認することができます (echo \$PATH でもOK)。

#### \$ printenv PATH

/opt/pkg/gcc/9.2.0/bin:/home/geadmin/UGER/bin/lx-amd64:...省略...:/opt/pkg/curl/bin:/usr/local/bin:/usr/bin:/usr/sbin:/opt/ibutils/bin:/sbin:/usr/sbin:/cm/local/apps/environment-modules/4.2.1/bin:/opt/dell/srvadmin/bin:/home/koshu1/.local/bin:/home/koshu1/bin

このように /usr/bin/ が PATH に含まれているので、どこで ls コマンドを実行したとしても /usr/bin/ls を呼び出してプログラムを実行することができます。

\* 環境変数: さまざまなプログラムから共通して参照できる値が書き込まれた変数。 РАТН のようにシステムによって定義された設定項目が記載されていることが多い。 自分で定義することもできる。

先に実行した  $^{\text{hello}}$  プログラムは  $^{\text{-/basic\_course/1}}$  にあるのでこのディレクトリを  $^{\text{PATH}}$  に追加すれば  $^{\text{LS}}$  コマンドと同じようにどこからでもこのプログラムが実行できるようになります。

export PATH=~/basic\_course\_2022/1:\$PATH

先頭に s をつけた spath は既存の path の設定値を表すので、上のコマンドは既存の値の先頭に -/basic\_course/1 を追加するという意味です。コロン : は各設定値の区切りを表しています。

正しく設定できれば hello と打つだけで (どこからでも) プログラムが実行できるようになります。

\$ hello
Hello world!

このようにプログラムのある場所を path に追加することを**パスを通す**といいます。

なお、すでにパスが通った場所にプログラムを配置することでも同様の効果が得られます。デフォルトではホームディレクトリ配下の -/bin にパスが通されていますのでここにプログラムを置けば、プログラム名をコマンドとして実行することで動作させることができます。

参考 1) 次のように SPATH の後側に付け足すこともできます。 PATH は先頭に近い方から探索されていくため、同名のファイルがあった場合には先に見つかった方が優先されます。

export PATH=\$PATH:~/basic\_course\_2022/1

参考 2 )ログアウトすると export コマンドで設定した環境変数の内容は失われて しまいますので、ログインごとに再設定する必要があります。頻繁に使うツールに

ついては、export コマンドを .bash\_profile ファイル(または .bashrc ファイル)の中に記述するとログイン時に自動で設定されるようになります。

参考3) PATH を設定するときに間違えると設定された値が消えてしまい、コマンドが使えなくなることがあります。そのような場合にはいったんログアウトしてから再ログインすれば復活します。

かつては配布されているプログラムの多くが自分でインストールし、パスを通して使えるようにする必要がありました。現在ではそれらの作業を自動で行なってくれるパッケージ管理ツールの利用が広まっていますので自分でパスを通す作業を行うことも少なくなりました。

# 補遺

以下では講習中は扱いませんが比較的よく使うコマンドやTIPSを紹介します。

## インターネット経由でファイルを取得する

wget URLを指定してインターネット上のファイルをダウンロードします。

例) DDBJのFTPサーバからDRAに登録されたFASTQファイルを取得

wget ftp://ftp.ddbj.nig.ac.jp//ddbj\_database/dra/fastq/SRA117/SRA117449/SRX456287/SRR1
151187\_1.fastq.bz2

curl コマンドを使ってもファイルを取得することができます。

#### ファイルの展開および圧縮

zip 形式 → 展開 unzip、圧縮 zip gz 形式 → 展開 gunzip、圧縮 gzip bz2 形式 → 展開 bzip2、圧縮 bzip2 tar or tar.gz 形式 → 展開および圧縮 tar コマンド

例) tar.gzファイルの展開

tar xvfz archive\_file.tar.gz

xは展開(extract), vは展開の過程を画面に表示(verbose)を表します。zは対象がgz 形式で圧縮されている場合につけますが、最近はつけなくても展開できます。fは展開する対象がファイルであることを示します。 tar xf archive\_file.tar.gz だけでも同じ結果になります

# ローカルマシンとリモートサーバ (スパコン) との間での ファイルやディレクトリの転送

scp コマンドを使います。以下はローカルマシン上にある some\_file というファイルをホームディレクトリにコピーしています。

scp some\_file USERNAME@gw.ddbj.nig.ac.jp:~/

スパコンから他のサーバー等に転送することも可能です。(ただしそのマシンが外部からアクセスできる必要がある)

## スパコン上でテキストファイルを編集する (vi, emacs)

vi や emacs といったエディタが利用可能です。

本講習ではSFTPクライアントソフトを使ってリモートのファイルを編集しますので、

これらは使用しませんが、遺伝研スパコンを含め、一部のLinuxシステムではviが標準のエディタになっているため、最低限の操作方法は覚えておいた方が良いです。

vi で起動。または vi ファイル名 で既存のファイルを開いて起動。

コマンドモードと入力モードに分かれています。入力モードに切り替えるには i 、コマンドモードに戻るときには i を押します。コマンドモードにおいて i で保存、 i で終了します。

# qlogin時のオプション

デフォルトではqlogin時に4GBのメモリが割り当てられます。オプションを指定することで増やすことができます。

qlogin -l mem\_req=20G, s\_vmem=20G

mem\_req と s\_vmem には同じ値を指定してください。大量のメモリを要求した場合、空きがなくログインできない場合があります。ログインノードに大量のメモリを要求するのはできるだけ開発や動作テストなどの目的だけにとどめ、実際に計算処理を行うときには qsub コマンドを使って計算ノードにバッチジョブとして投入するほうが良いです。

GPUを使用する場合には -1 gpu を指定します。

qlogin -l gpu

GPU搭載ノードにログインすることができます。GPU搭載のログインノードは1台しかないので、このオプションの使用についても開発や動作テスト目的にとどめ、実際の計算処理時にはバッチジョブを投入したほうが良いです。

## Javaプログラムの実行方法

Javaプログラムを実行しようとするとメモリが足りないとのエラーが出る。

```
$ java
Error occurred during initialization of VM
Could not allocate metaspace: 1073741824 bytes
```

環境変数 MALLOC\_ARENA\_MAX に小さな値を設定すると実行できるようになる。

参考) https://sc.ddbj.nig.ac.jp/software/java/

## スパコン接続の手間を軽減する

~/.ssh/ ディレクトリ内に config という名称のファイルを作り、以下のように記載しておくと ssh nig と打つだけでスパコンに接続できます。

```
Host nig
HostName gw.ddbj.nig.ac.jp
Port 22
User 自分のアカウント名
IdentityFile ~/.ssh/id_rsa
ServerAliveInterval 60
TCPKeepAlive yes
```

最後の2行目は一定時間操作されなかったときに自動で接続が切断されてしまうの を防ぐために記載しています。

# qlogin時にパスワード要求された場合の回避策

現在はqlogin時にパスワードが不要なようにデフォルトで設定されているはずですが、以前にアカウントを取得した場合にはqlogin時にパスワードを聞かれる場合があります。

詳細は省きますが下記のようにすることでパスワード認証のかわりに鍵認証でログインできます。

1. 公開鍵ファイルがすでに存在しているか確認

ls ~/.ssh/id\_rsa.pub

上記コマンドで鍵が存在していれば次のステップはパスしてください。

2. 秘密鍵・公開鍵を生成

ssh-keygen

ファイルの保存場所やパスフレーズを聞かれますが、すべてデフォルトのまま(空 欄のまま)エンターキーを押します。

3. 公開鍵を登録

cat ~/.ssh/id\_rsa.pub >> ~/.ssh/authorized\_keys