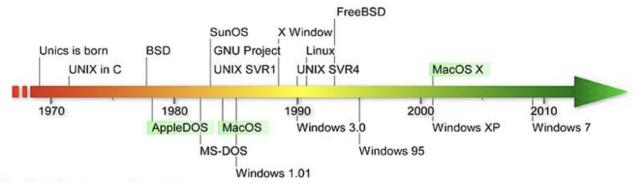
Dia 1. I.Introducción al uso de Terminal en UBUNTU (UNIX)



¿Qué es UNIX?



UNIX es una familia de sistemas operativos



Timeline of some operating systems.

The timeline of some UNIX/ŪNĪX-like (top) and other non-UNIX (bottom) operating systems is represented. One can notice that Apple's operating system evolved from non-UNIX (AppleDOS then Mac OS) to UNIX (OS X).

¿Qué es UNIX?



Características claves de los sistemas UNIX

Multiuser

Possible to connect to the same server (remote) and execute different programs at the same time

Multitasking

Multiple processes can run on the same server at the same time

Networking

The network is essential for remote access

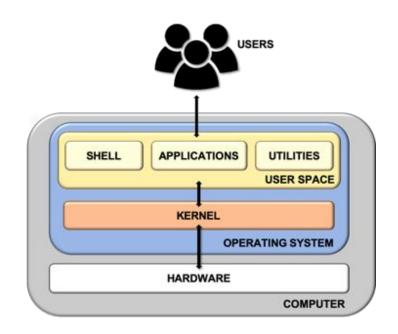
Various user interfaces

Both text-only and graphical interfaces are available

¿Qué es linux?



Linux es un sistema operativo de código abierto basado en Unix que fue desarrollado inicialmente por Linus Torvalds en 1991. Se compone de un kernel (núcleo) de sistema operativo y un conjunto de herramientas (SHELL, aplicaciones y utilidades) que lo acompañan.



¿Que es la Shell?



En un sistema Linux, el shell es una interfaz de línea de comandos que interpreta los comandos del usuario y los archivos de script, y comunica al sistema operativo del servidor qué hacer con ellos.

Las **SHELL** más usadas son **BASH** y **Z SHELL** (**zsh**)

```
mark@linux-desktop: ~

File Edit View Search Terminal Help
mark@linux-desktop:~$

■ □ ◆
```

¿Que es la Shell?



Command Prompt: Indicador de entrada de comandos

mark: El nombre de usuario del usuario actual

linux-desktop: El nombre del host del

servidor

~: Ubicación actual.

\$: El símbolo del indicador, después del cual aparecerá la entrada del teclado del usuario

```
mark@linux-desktop:~

File Edit View Search Terminal Help
mark@linux-desktop:~$

■ ■ ②
```

Ejecutando comandos



Cada comando es en sí es un pequeño programa (binary program script)

Pulsamos varias veces ENTER

Escribimos comando "Clear"

Ahora escribe comando "date"

```
| jgl — -bash — 80×10
| (base) MBP15:~ jgl$ date
| Sat Jul 30 12:49:46 CEST 2022
| (base) MBP15:~ jgl$
```

Ejecutando comandos



un comando puede tener:

opciones (suelen ir con -)

argumentos

[command] [options] [arguments]

Ejecutando comandos



comando echo toma como argumento el elemento que queremos imprimir en pantalla.

```
echo 'Hello World!'
```

Hello World!

everything in Linux is case-sensitive



Is (list)

muestra archivos y directorios en la ubicación actual

```
$ ls (short for list)
```

```
🛅 ial — -bash — 80×24
Last login: Fri Jul 29 11:53:23 on ttys000
The default interactive shell is now zsh.
To update your account to use zsh, please run `chsh -s /bin/zsh`.
For more details, please visit https://support.apple.com/kb/HT208050.
(base) MBP15:~ jgl$ ls
Applications Downloads
                        Library
                                                  SqueezeMeta ownCloud
                                     OBS
Desktop Dropbox
                      Movies
                                     Pictures
                                                  igv
                                                               prueba.sh
Documents Google Drive Music
                                     Public
                                                  opt
(base) MBP15:~ jgl$
```



Is (list)

```
$ ls -1 (long format)
```

```
📆 igl — -bash — 80×24
(base) MBP15:~ jgl$ ls -l
total 8
drwx-----@ 8 jgl staff 256 Feb 14 14:30 Applications
drwx-----@ 51 jgl staff
                          1632 Jul 29 12:06 Desktop
drwx----+ 30 jgl staff
                         960 Jul 7 23:03 Documents
drwx-----@ 1095 jgl staff 35040 Jul 29 11:12 Downloads
drwx-----@ 58 jgl staff 1856 Sep 26 2021 Dropbox
                             20 Jul 27 17:20 Google Drive -> /Volumes/GoogleD
lrwx----- 1 jgl staff
rive
drwx-----@ 76 jgl staff
                           2432 Mar 3 12:49 Library
drwx----- 7 jgl staff
                          224 Feb 21 09:48 Movies
drwx----+
             6 jgl staff
                          192 Apr 26 2021 Music
drwxr-xr-x
             5 jgl staff
                           160 Apr 28 2021 OBS
drwx----+
             5 jgl staff
                            160 Oct 5 2021 Pictures
             4 jgl staff
                            128 Apr 25 2021 Public
drwxr-xr-x+
```



Obtener ayuda para cualquier comando

man [command_name]



Is (list)

```
jgl — -bash — 80×24
(base) MBP15:~ jgl$ ls -l
total 8
drwx-----@
              8 jgl staff
                             256 Feb 14 14:30 Applications
drwx-----@
             51 jgl
                    staff
                             1632 Jul 29 12:06 Desktop
             30 jgl staff
drwx----+
                             960 Jul 7 23:03 Documents
drwx-----@ 1095 igl
                    staff
                           35040 Jul 29 11:12 Downloads
drwx-----@
             58 jgl
                    staff
                            1856 Sep 26 2021 Dropbox
                              20 Jul 27 17:20 Google Drive
lrwx-----
              1 jgl staff
rive
             76 jgl staff
drwx-----0
                            2432 Mar 3 12:49 Library
drwx----
              7 jal
                    staff
                             224 Feb 21 09:48 Movies
drwx----+
              6 jgl
                    staff
                             192 Apr 26 2021 Music
              5 jgl
drwxr-xr-x
                    staff
                             160 Apr 28 2021 OBS
drwx----+
              5 jal
                    staff
                                         2021 Pictures
              4 jgl
                    staff
                             128 Apr 25 2021 Public
drwxr-xr-x+
```

columns	Information
1	File permissions ('d' means is a directory)
3	Owner
4	Group
5	Size (bytes)-meaningful for files, but not for directories.
6, 7 and 8	Last modification time



Is (list)

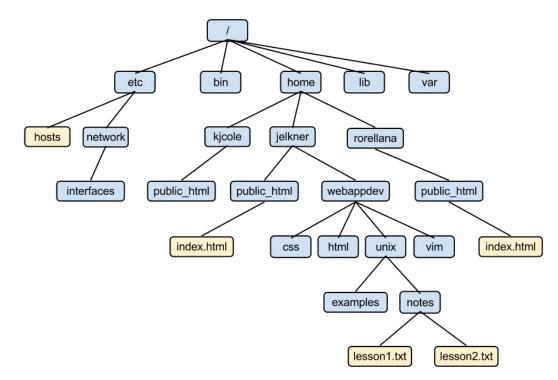
Opción -a muestra archivos y directorios ocultos (empiezan por ".")

```
$ ls -la
                             igl — -bash — 80×51
[(base) MBP15:~ jgl$ ls -la
total 168
drwxr-xr-x+
                      staff
                            1760 Jul 29 11:59 .
             55 jal
drwxr-xr-x
              5 root
                      admin
                            160 Jan 1 2020 ...
drwxr-xr-x
              3 jgl
                      staff
                            96 Jun 9 2021 .AliView
------
              1 jgl
                      staff
                            7 Apr 25 2021 .CFUserTextEncoding
              1 jgl
                      staff
                            20484 Jul 29 11:01 .DS Store
-rw-r--r--@
              1 jgl
                      staff
                            2595 May 24 10:12 .RData
- FW- F-- F--
              1 jal
                      staff
                                0 May 17 17:36 .Rapp.history
              1 jgl
                      staff
                              853 Jun 2 09:26 .Rhistory
drwx----
              5 jgl
                      staff
                              160 Jul 29 12:08 .Trash
                      staff
drwxr-xr-x
              7 jal
                              224 Feb 20 21:18 .afirma
              4 jgl
                      staff
                            128 Feb 7 16:18 .afirmaJA
drwxr-xr-x
              3 jgl
                      staff
                            96 Apr 25 2021 .anaconda
drwxr-xr-x
              4 jgl
                      staff
                              128 Dec 13 2021 .android
drwxr-x---
              1 ial
                      staff
                            14029 Jul 13 20:31 .bash history
- FW-----
```

1.3. Estructura de directorios en Linux



todos los archivos y directorios, en Linux se encuentran bajo el directorio 'root' o raiz representado por '/'. Si observas la estructura de directorios, te darás cuenta de que es similar a la raíz de una planta.



1.4. Creando directorios



mkdir (make directory)

Crea un directorio en tu directorio de inicio llamado bioinformatic_course

mkdir bioinformatic_course

ahora revisa si lo has creado con el comando Is

1.4. Creando directorios



mkdir (make directory)

Crea un directorio en tu directorio \$Home llamado bioinformatic_course

```
prueba — -bash — 78×24

(base) MBP15:prueba jgl$ mkdir bioinformatic_course
(base) MBP15:prueba jgl$ ls
bioinformatic_course
(base) MBP15:prueba jgl$ □
```

1.5. Cambiando de directorio



cd (Change Directory)

El comando cd [directorio] significa cambiar el directorio de trabajo actual al directorio especificado en el parámetro [directorio]

vamos a movernos al directorio que acabamos de crear

cd bioinformatic_course

ahora revisa el contenido del directorio ¿que pinta tiene?

1.5. Cambiando de directorio



Ejercicio

Crea un nuevo directorio dentro de bioinformatic_course llamado: backup

1.6. Directorios . y ..



Volvemos a Bioinformatic course y escribimos: Is -la

```
$ ls -la

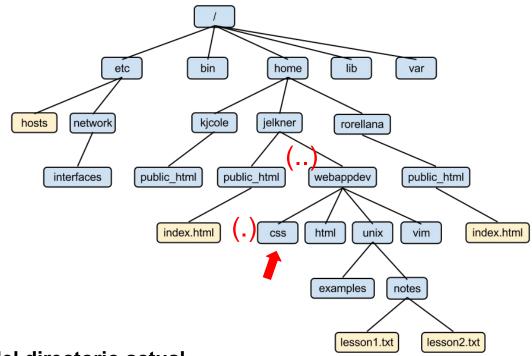
bioinformatic_course — -bash — 80×32

[(base) MBP15:bioinformatic_course jgl$ ls -la
total 0
drwxr-xr-x 3 jgl staff 96 Jul 29 14:48 .
drwxr-xr-x+ 56 jgl staff 1792 Jul 29 14:48 ..
drwxr-xr-x 2 jgl staff 64 Jul 29 14:48 backups
```

- (.) significa el directorio actual
- (..) significa el directorio padre del directorio actual

1.6. Directorios . y ..





- (.) significa el directorio actual
- (..) significa el directorio padre del directorio actual

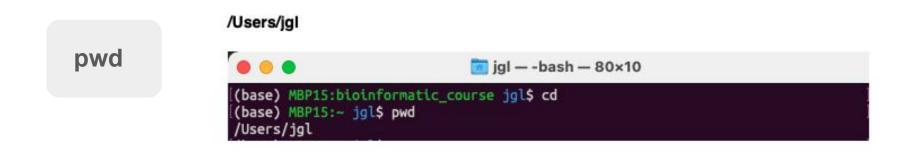
1.7. Pathnames



pwd (Print Working Directory)

Los **pathnames** te permiten saber dónde estás en relación con todo el sistema de archivos.

Para averiguar la ruta absoluta (absolute path) de tu directorio de inicio (\$HOME):



directorio Raiz/ directorio Users/ directorio jgl/ (Home)

1.7. Pathnames



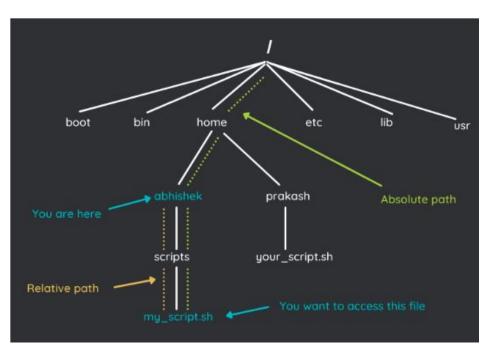
Absolute Path y Relative Path

Absolute Path: siempre comienza desde Root "/".

/home/abhishek/scripts/my_script.sh

Relative Path: comienza en nuestro directorio actual

/scripts/my script.sh



1.7. Pathnames



Ejercicios

1. Utiliza los comandos **Is, pwd y cd** para explorar el sistema de archivos.

(Recuerda, si te pierdes, escribe solo cd para regresar a tu directorio de inicio)

Crea otro directorio en **bioinformatic_course** llamado **scripts**

Dentro de **scripts** crea nuevamente un nuevo directorio llamado **python**. Entra en directorio **python**

Obtén relative path del directorio backup desde tu directorio actual (python). Obten también el absolute path del directorio python.

2. Intenta usar el comando **tree**. Ve a tu directorio de inicio y escribe **tree bioinformatic_course**.

Dia 1. Il Creación, destrucción e inspección en (UNIX)





touch

crea archivos vacíos o actualiza las marcas de tiempo de los archivos existentes.

```
touch journal-2017-01-24.txt
ls
## journal-2017-01-24.txt
```



Redirección output >

Puedes usar la redirección de salida escribiendo el signo mayor que > al final de un comando, seguido del nombre del nuevo archivo que contendrá la salida del comando

```
$ echo "I'm in the terminal."
## I'm in the terminal.

echo "I'm in the file." > echo-out.txt

cat echo-out.txt
## I'm in the file.
```



Redirección output >

¿Qué ocurre si queremos añadir una segunda línea?

```
echo "A third line." > echo-out.txt
cat echo-out.txt
## A third line.
```



Redirección output >

¿Qué ocurre si queremos añadir una segunda línea?

```
echo "A third line." > echo-out.txt
cat echo-out.txt
## A third line.
```

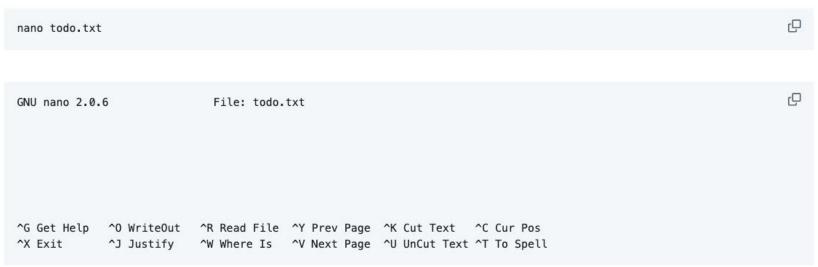
Hemos sobrescrito el archivo!!!



Creando y editando archivos con NANO

nano es un editor de texto muy sencillo que puede utilizarse en la terminal.

Crea archivo con nano: (desde el home)





Creando y editando archivos con NANO

Una vez terminemos de escribir podemos salvar el archivo pulsando Ctrl+O y salimos con Ctrl+X

```
GNU nano 2.0.6 File: todo.txt

- email Jaime
- write bioinformatic protocols
- write final section of "R command Line"

^G Get Help ^O WriteOut ^R Read File ^Y Prev Page ^K Cut Text ^C Cur Pos
^X Exit ^J Justify ^W Where Is ^V Next Page ^U UnCut Text ^T To Spell
```



Creando y editando archivos con NANO

Podemos ver el contenido del archivo todo.txt

```
cat todo.txt
## - email Jaime
## - write bioinformatic protocols
## - write final section of "R command Line"
```



Convención para el nombre de archivos

Un **directorio** es simplemente un tipo especial de archivo. Por lo tanto, las reglas y convenciones para nombrar archivos también se aplican a los directorios.

- 1. Se deben evitar caracteres con significados especiales como / * & % ,...
- 2. **Evita** usar **espacios** dentro de los nombres.
- 3. Usa solo caracteres alfanuméricos, letras y números, junto con _ (guión bajo) y . (punto).
- 4. Deben comenzar con una letra minúscula.
- 5. Deben **terminan con un (.)** seguido de una extensión indican el contenido del archivo. Por ejemplo, todos los archivos que consisten en código Python pueden tener el final .py, por ejemplo, myprogram.py.

```
mi_script.py
mi_tabla.csv
mi_archivo_tabulado.tsv
mi_archivo_texto_plano1.txt
```

2.2. Copiando Archivos



cp (copy)

copia [argumento1] en [argumento2]

cp path(file1) path(file2)

\$ cp ~/Desktop/science.txt /Users/jgl/bioinformatic_course

2.2. Copiando Archivos



cp (copy)

copia [argumento1] en [argumento2]

cp path(file1) path(file2)

\$ cp ~/Desktop/science.txt /Users/jgl/bioinformatic_course

\$ cp ~/Desktop/science.txt .

2.2. Copiando Archivos



Ejercicio

Crea una copia de tu archivo todo.txt, haciendo una copia llamada backup_todo.txt

2.3. Moviendo/Renombrando Archivos



mv (move)

mueve o renombra [argumento1] en [argumento2]

mv backup_todo.txt python/backup_todo.txt

Escribe ahora Is python/

2.3. Moviendo/Renombrando Archivos



mv (move)

mueve o renombra [argumento1] en [argumento2]

mv backup_todo.txt python/backup_todo.txt

Escribe ahora Is python/

2.4. Eliminando archivos y directorios



rm (remove)

elimina un archivo.

rm (file)

```
$ cp todo.txt copia_todo.txt
$ ls
$ rm copia_todo.txt
$ ls
```

2.4. Eliminando archivos y directorios



rm (remove)

elimina un directorio.

rm -r directorio

```
$ mkdir nuevo_directorio
$ ls
$ rm -r nuevo_directorio
$ ls
```

2.4. Eliminando archivos y directorios



Ejercicios

Crea un nuevo directorio en bioinformatic_course denominado /tareas

crea un archivo con nano que se llame *lista.txt* (anota 2 o 3 tareas)

elimina el archivo *lista.txt*

luego elimina el directorio /tareas

2.5. Visualizar un archivo en terminal



cat (concatenate): muestra el contenido de una archivo (tb concatena archivos)

```
$ cat protein.fasta
$ cat protein.fasta protein2.fasta
```

less: muestra el contenido de una archivo pagina a pagina en terminal. barra espaciadora nueva página. presiona q para salir

```
$ less protein.fasta
```

2.5. Visualizar un archivo en terminal



head: muestra las 10 primeras líneas de un archivos

```
$ head protein.fasta
```

puede modularse el número de líneas con la opción -n

```
$ head -n 5 protein.fasta
```

tail: muestra las 10 últimas líneas de un archivos

```
$ tail protein.fasta
```

¿Podemos ver las últimas 15 líneas de un archivo?

2.6. Analizando un archivo



grep

Algunas de otras opciones de grep son:

- v muestra las líneas que NO coinciden
- n precede cada línea coincidente con el número de línea
- **c** imprime solo el recuento total de líneas coincidentes

Prueba algunas de ellas y observa los resultados diferentes. No olvides que puedes usar más de una opción a la vez, por ejemplo, el número de líneas sin las palabras science o Science es:

```
$ grep -ivc science science.txt
```

2.6. Analizando un archivo



wc (Word Count)

permite realizar un conteo de *lines/word/characters*

```
$ wc science.txt
```

lines/word/character opciones -l -w -c o combinadas

```
$ wc -1 science.txt
```

2.6. Wildcards



Los caracteres especiales * e ?

El carácter * se llama comodín y **coincide con ninguno o más caracteres en un nombre de archivo** (o directorio). Por ejemplo, en tu directorio bioinformatic_course:

```
$ touch list1 list22 list33 1list
```

ahora prueba

```
$ ls list*
```

Y prueba

```
$ ls *list
```

2.6. Wildcards



Los caracteres especiales * e ?

El carácter ? es otro comodín pero en este caso solo coincide exactamente con un caracter en un nombre de archivo (o directorio). Prueba

```
$ ls ?list
```

Finalmente puedes eliminar todos los archivos usando *

```
$ rm ?list*
```

Ejercicios I



- 1. Crea un archivo llamado **message.txt** en tu directorio personal y muévelo a otro directorio.
- 2. Copia el **message.txt** que acabas de mover a tu directorio personal.
- 3. Crea un nuevo directorio llamado **workbench** en tu directorio personal.
- 4. Sin cambiar de directorio, crea un archivo llamado **readme.txt dentro de workbench**.
- 5. Añade los números 1, 2 y 3 a readme.txt para que cada número aparezca en su propia línea.
- 6. **Imprime readme.txt** en la terminal.
- 7. Utiliza la redirección de salida (>) para crear un nuevo archivo en el directorio workbench llamado list.txt que contenga la salida del comando ls en el directorio bioinformatic_course.
- 8. Obtén el **número de caracteres y líneas** que hay en **list.txt** sin abrir el archivo ni imprimirlo en la línea de comandos.
- 9. Imprime la **primera y la última** línea de **list.txt** en la línea de comandos.

Ejercicios II



- 1. Descarga el archivo **sequences.fasta** presente en la carpeta de recursos de este repositorio.
- 2. Imprime el encabezado de la primera secuencia fasta.
- 3. Imprime el encabezado de la última secuencia fasta.
- 4. ¿Cuántas secuencias de proteínas contiene sequences.fasta?
- 5. ¿Cuántas secuencias contienen el motivo LLR?
- 6. Intenta la opción **-B1** para ver el nombre de las secuencias que contienen el motivo **LLR.** ¿Todas las secuencias contienen el mismo número de motivos?
- 7. Usando nano, modifica el encabezado de la primera secuencia fasta, elimina todas las palabras después de tr|A0A060IHA6|A0A060IHA6_9RHIZ ID.

Imprime las cabeceras de las secuencias fasta utilizando grep "^>" nombre de archivo. Explora el uso de -An y -Bn. Que secuencias contienen el motivo LLR?