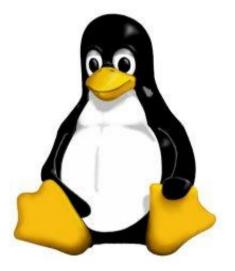
#### IV Curso de Bioinformática

Algoritmos e técnicas computacionais para montagem e análise de genomas





**Introdução** ao Sistema Operacional e Comandos Básicos do **Shell** 









# Introdução

- Linux é o nome dado tanto para o Kernel (núcleo de um sistema operacional) quanto para o sistema operacional que roda sobre ele.
- Desenvolvido por **Linus Torvalds** e inicialmente distribuído em **1991** como um pacote GPL simples contendo apenas o **Kernel** e *alguns utilitários básicos*. O próprio usuário deveria compilar e configurar outros programas, alguns deles essenciais, para que o sistema atendesse suas necessidades.



**Linus Torvalds** 

- Sua fama de sistema operacional **apenas para técnicos** incitou a **distribuição** de pacotes mais completos, que poupassem alguns esforços na instalação do Linux e que podiam ser desenvolvidos e direcionados para **públicos** e **hardware específicos**.
- Atualmente, dentre um grande número de distribuições, as mais populares são aquelas que contam com o conjunto de aplicativos e utilitários do projeto GNU, da Free Software Foundation, uma das maiores contribuidoras no desenvolvimento do Linux e da proliferação da filosofia do software livre.









# Por que Linux para Bioinformática?

- Linux é GRATUITO, e a maioria das suas ferramentas também;
- Maioria das aplicações de Bioinformática é desenvolvida para Linux;
- Alto desempenho e fácil controle de processos/uso de recursos;
- Amplamente utilizado pela comunidade científica;
- Possibilidade de ser modificado significativamente para interesses específicos;
- Excelente suporte para scripting e programação;
- Excelente suporte para clusterização, multiprocessamento, computação distribuída;
- Número expressivo de ferramentas Open Source/Free;









# Distribuições Linux

- Ubuntu
- Fedora
- Debian
- Slackware
- SUSE
- Gentoo
- Red Hat
- ...









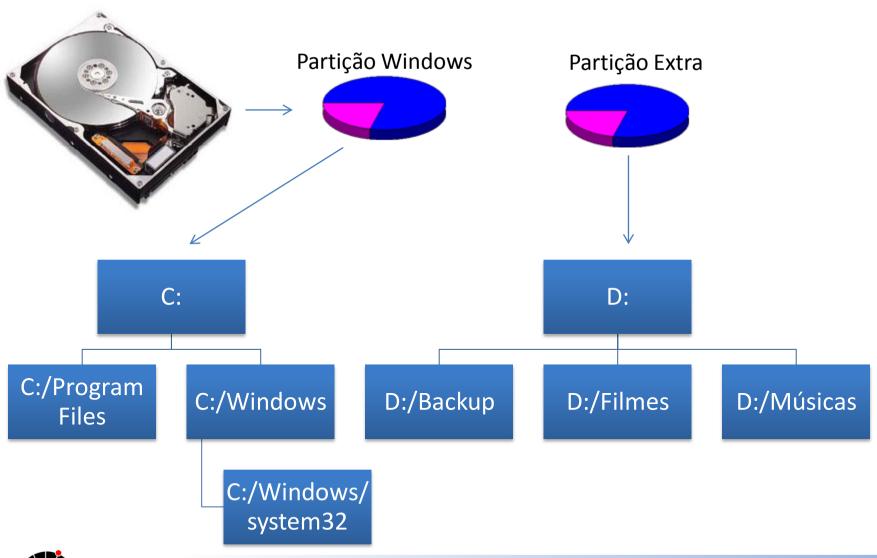








# Sistema de Arquivos Windows



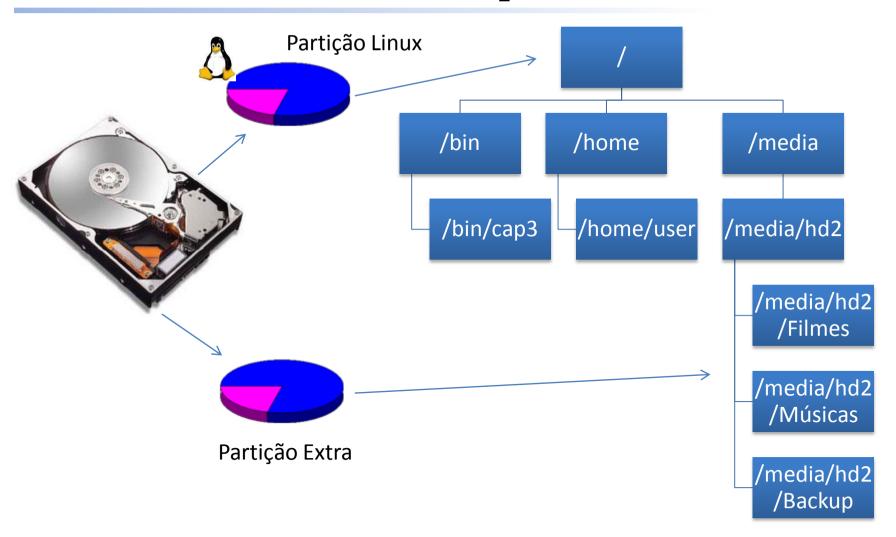








# Sistema de Arquivos Linux



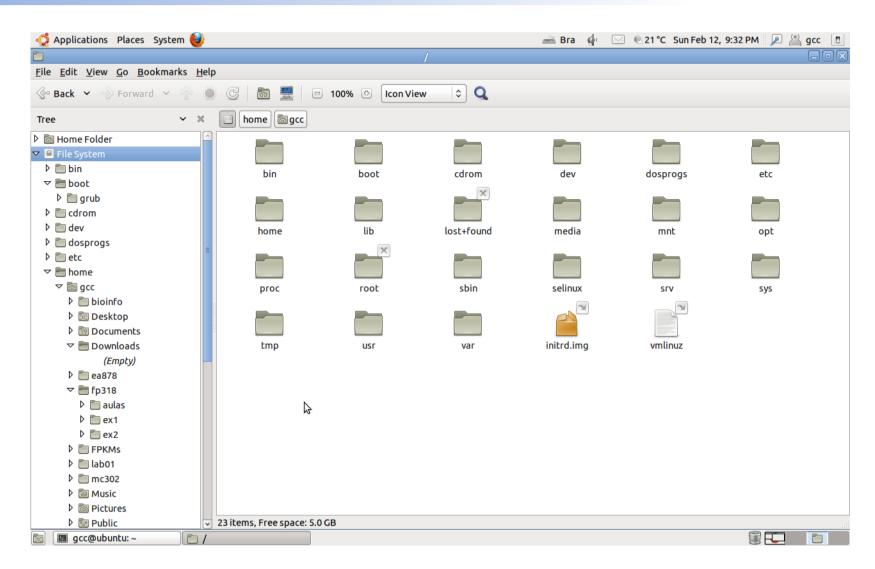








# Gerenciador de Arquivos do X











#### Shell

 O X pode proporcionar uma experiência Linux equivalente à da interface do gerenciador de janelas do Windows, com Mouse, movimentação e redimensionamento de janelas, ícones, botões e informações na tela.

```
File Edit View Search Terminal Help

gcc@ubuntu:~$ cd /
gcc@ubuntu:/$ ls
bin dev home lost+found opt sbin sys var
boot dosprogs initrd.img media proc selinux mo vmlinuz
cdrom etc lib mnt root srv usr

gcc@ubuntu:/$
```

• Muitas das **ferramentas avançadas de computação**, como as de bioinformática, **não são implementadas para um gerenciador de janelas** como o X, sendo necessária a utilização de um **interpretador de comandos** Linux (Shell) para que a ferramenta seja utilizada.



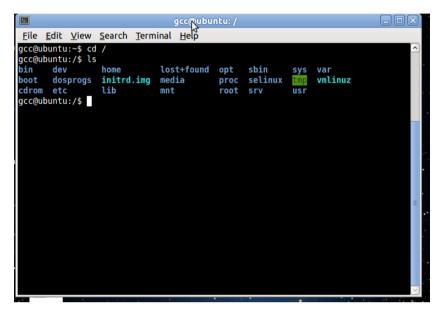






#### Shell

• Ferramentas tradicionais ágeis, estáveis e confiáveis como cat, sed, grep, uniq, diff, awk, ... \*, indispensáveis para programadores Linux possuem implementações nativas com acesso por linha de comando (Shell).



ferramenta poderosa por possibilitar o acesso imediato a qualquer arquivo do sistema e a integração entre entradas e saídas de programas por metacaracteres \*\*.

torna-se

Shell

\*, \*\* Introduzidos nas próximas seções









#### Shell

- Exemplos de Shell:
  - Bourne ou sh, C shell ou sch, Korn ou ksh e bash
- Abrir uma janela do Shell no X
  - Busque pelo aplicativo Terminal ou Gnome-terminal ou ainda Konsole no painel de aplicativos do seu gerenciador de janelas.

  - Qual Shell estou usando?

```
echo $SHELL
```

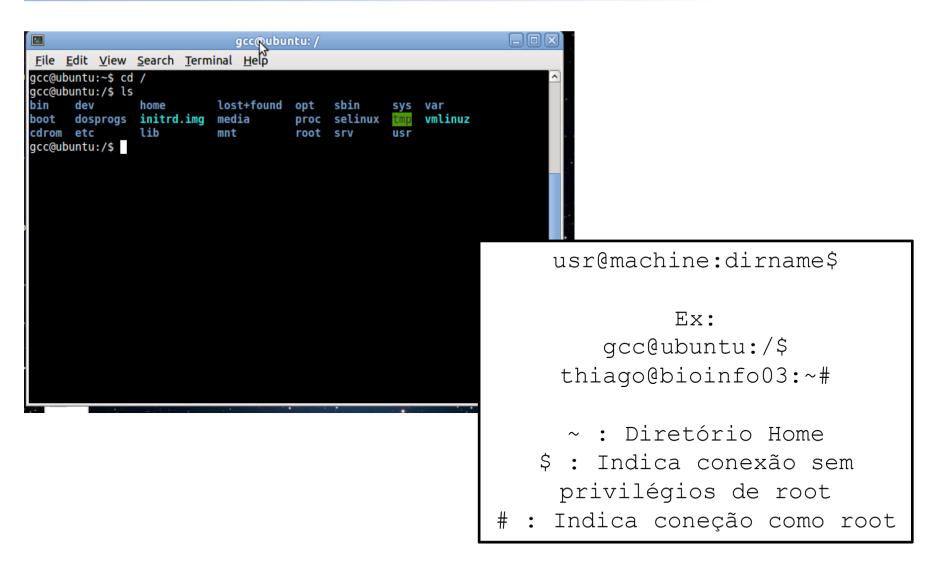








#### Utilizando o Shell











#### Utilizando o Shell

#### Padrão de Linha de Comando

usr@machine:path\$ comando -[opcoes] [argumentos]

Ex1: gcc@ubuntu:~\$ rm -r projeto\_antigo
Apaga projeto\_antigo recursivamente. Caso seja uma diretório, apaga
também todos os seus arquivos e subdiretórios.

Ex2: \$ head -n 10 arquivo.txt

Imprime na saída padrão as primeiras 10 linhas de arquivo.txt

Por padrão os argumentos precedidos por - ou -- definem o tipo do próximo argumento ou uma opção.

**No Ex1,** -r é uma opção que faz com que o rm seja recursivo e projeto\_antigo é o nome do diretório/arquivo.

**No Ex2,** -n precedendo o número 10 significa que head vai imprimir as 10 primeiras linhas de arquivo.txt









# **Utilizando o Shell - Navegação**

Comandos para navegação no sistema de arquivos

Cmd	Descrição	Argumentos Principais		
pwd	Mostra o caminho do dir. atual			
ls	Lista arquivos e pastas do diretório atual	-a ouall -l oulist -h	Lista arquivos ocultos Exibe detalhes Human readable	
tree	Lista uma árvore de arquivos e pastas cuja raiz é a diretório atual	-d -L <b>level</b>	Lista apenas os diretórios omitindo Lista no máximo <b>level</b> níveis da árv.	
cd	Muda de diretório			

#### Atalhos especiais:

~: Diretório home do usuário

. : Diretório atual

.. : Diretório pai do diretório atual









# **Utilizando o Shell – Arquivos e Pastas**

• Comandos para gerenciamento de arquivos e pastas

Cmd	Descrição	Exemplos	
mkdir	Cria um diretório	\$ mkdir dir1	Cria dir1
ср	Copia arquivo ou pasta	\$ cp ~/arq1 /bin	Copia arq1 para /bin
mv	Move arquivo ou pasta	\$ mv ~/arq1 /bin	Move arq1 para /bin
rm	Remove arquivo ou pasta	\$ rm ~/arq1	Remove arq1
touch	Modifica o time stamp de um arquivo, criando-o por padrão caso não exista	\$ touch a	Cria o arquivo a, ou modifica a timestamp do arquivo a para a data e hora atuais
In	Cria um link para um arquivo	\$ In -s /home/user/arqui vo.txt link_name	Cria o link link_name no diretório atual que aponta para /home/usr/arquivo.txt









# Utilizando o Shell – Exibição de Arquivos

Como visualizar um arquivo pelo Shell?

Cmd	Descrição
cat	Imprime o arquivo na saída padrão (stdout)
less	Pagina o arquivo na saída e exibe-o na saída padrão, oferecendo a possibilidade de navegar pelo arquivo.
more	Equivalente ao less, com menos recursos.
WC	Conta o número de linhas, caracteres e bytes de um arquivo

- Stdout ou Saída Padrão
   Ex: Tela, Impressora, Arquivo
- Stdin ou Entrada Padrão
   Ex: Teclado, Arquivo, Pipe
- Stderr ou Saída de Erro Padrão

Ex: Tela, Arquivo

Entrada e Saída de Programas Linux









### Utilizando o Shell - Editores de Texto

 Devido à limitação do terminal de exibir apenas caracteres, os editores de texto para o Shell devem ser do tipo WYSIWYM (what you see is what you mean). Formatação, inserção de imagens e gráficos devem ser realizadas por ferramentas externas que interpretam marcações no texto, como em arquivos HTML, Tex, ou LaTex.

# VI

Editor avançado de Texto presente em todas as distribuições Linux por estar padronizado pela Single Unix Specification. Concorrente do Emacs.

## **NANO**

Editor de texto básico, com atalhos intuitivos, bem menos complexo que o VI.









### Editores de Texto - Nano

Editando um arquivo com o Nano

Abre o arquivo de nome filename, criando-o caso não exista

Abre o arquivo o nano sem nenhum arquivo associado. O nome do arquivo deve ser indicado ao salvar o documento

\$ nano

Os atalhos principais são exibidos na tela, o que torna o Nano muito fácil de usar.

$$^G == Ctrl+G$$









#### Editores de Texto - Vi

 O Vi é um editor de texto que opera em dois modos principais:

**Normal:** Texto digitado é interpretado como comando. É acessado, a partir de qualquer modo,

pressionando-se a tecla "esc" do teclado.

**Inserção:** Texto digitado torna-se parte do documento.

É acessado pressionando a tecla "i" do teclado no

modo normal









#### Editores de Texto - Vi

Principais comandos do VI (modo Normal)

http://pt.wikipedia.org/wiki/Vi









### Exercício - Prática 1

- 1. Entrar no diretório home do usuário
- 2. Dentro do seu diretório home, criar uma pasta com seu nome, em seguida entre nela
- 3. Criar as pasta teste1 teste2 e teste3 (no mesmo comando)
- 4. Criar as pastas subteste1 dentro de teste1
- 5. Mover a pasta subteste1 para a pasta teste2
- 6. Remover a pasta subteste1
- 7. Crie um arquivo vazio na pasta criada no passo 2
- 7. Copiar o arquivo ../pratica\_linux/sequencias1.fasta para a pasta criada no passo 2 com o nome sequencias\_copia.fasta, em seguida visualize o conteúdo do arquivo sequencias\_copia.fasta (usar o vi) e insira seu nome o numero do seu grupo no arquivo "cabecalho".
- 8. Adicionar o conteúdo do arquivo sequencias\_copia.fasta no arquivo sequencias2.fasta (no mesmo dir, usando o comando cat) e concatená-los ao "cabeçalho".





### **Utilizando Shell - Ferramentas**

 Várias ferramentas Unix simples e eficazes podem ser utilizadas para a manipulação de dados diretamente pelo Shell.

#### Vantagens:

- Relativa facilidade de uso
- Excelente documentação
- Versões estáveis há décadas
- Possibilidade de comunicação entre as ferramentas através do pipe
- Implementação extremamente otimizada









### Ferramentas - Manual

 A documentação das ferramentas pode ser acessada usando o comando man.

Ex: \$ man ls

Essa documentação é apenas para referência, não funcionando como um tutorial

Mas se eu n\u00e3o souber qual comando procurar?

A ferramenta apropos pode ser utilizada para buscar nos manuais disponíveis por palavras-chave específicas.

Ex: \$ apropos -a create directory









#### Ferramentas - Meta-Caracteres

 Alguns caracteres são interpretados como comandos no Shell. Esses caracteres são denominados metacaracteres.

#### Meta-caracteres mais comuns:

\*: Qualquer string

?: Qualquer caractere

[a-b]: Range de caracteres ASCII (letras ou números)

[abc, cde]: Lista de strings









#### Ferramentas - Meta-Caracteres

#### Exemplos:

Copia todos os arquivos da pasta /bin para o diretório atual

Copia todos os arquivos que possuem uma extensão de 3 caracteres. Ex: foo.txt, bar.foo









#### Ferramentas - Redirecionamento

- Alguns caracteres especiais, se usados na linha de comando, podem modificar o Stdin e o Stdout dos programas.
  - <: Modifica a entrada padrão do programa para um arquivo
    Ex: \$ programa.pl < lista\_de\_genes.fasta</pre>
  - > : Redireciona a saída padrão de um programa para um arquivo
    - Ex: \$ programa.pl > relatorio
  - >> : Redireciona a saída padrão de um programa para o final de um arquivo (concatena)
    - Ex: \$ programa.pl >> relatorios









# Ferramentas para texto - grep

 O grep realiza busca por expressões por linha em arquivos de texto.

#### **Exemplos:**

\$ grep ">" genes.fasta

Exibe na saída padrão as linhas do arquivo genes.fasta que contém o caractere ">".

\$grep -l "GAATTC" \*.seq > has\_EcoRI.txt
Redireciona para o arquivo has\_EcoRI.txt uma lista dos
arquivos ".seq" do diretório atual que contém "GAATTC".









# Ferramentas para texto - head/tail

Head: Exibe na saída padrão as primeiras linhas de um arquivo

#### Ex:

\$ head arquivo.txt

Exibe na saída padrão as primeiras 10 linhas de arquivo.txt

\$ head -n 21 arquivo.txt

Exibe na saída padrão as primeiras 21 linhas de arquivo.txt









# head/tail

Tail: Exibe na saída padrão as primeiras linhas de um arquivo

Ex:

\$ tail -n 15 arquivo.txt

Exibe na saída padrão as últimas 15 linhas de arquivo.txt

\$ tail-n +2 arquivo.txt

Exibe na saída padrão todas as linhas do arquivo a partir da segunda.









## **Pipes**

 A saída de um programa pode ser redirecionada diretamente para a entrada de outro. Essa ferramenta torna possível a combinação de vários processos para a realização de tarefas mais complexas.

```
$ grep "Toolik Lake" shaver_etal.csv | grep
"Aug" > toolik_aug.csv
```

Redireciona para o arquivo "toolik\_aug.csv" as linhas do arquivo que contém as strings "Aug" e "Toolik Lake".









#### Sort

 O Sort ordena as linha de um arquivo de acordo com parâmetros fornecidos pelo usuário.

#### **Exemplos:**

\$ sort nomes > nomes.sorted

Escreve em nomes.sorted o conteúdo de nomes ordenado (tabela ASCII).

\$ tail -n +2 arquivo.txt | sort -k 2 -n

Retira o cabeçalho da tabela que está no arquivo.txt e ordena as linhas numericamente de acordo com a segunda coluna.









## Uniq

 Por padrão, o Uniq remove ocorrências de linhas duplicadas de um arquivo de texto. Para que isso ocorra o arquivo deve estar ordenado.

#### **Exemplos:**

\$ sort nomes | uniq nomes.uniq

Escreve em nomes.uniq o conteúdo removendo os duplicados.









#### Cut

 O Cut fatia o arquivo de entrada verticalmente. É ideal para seleção de colunas de tabelas.

#### **Exemplos:**

\$ grep ">" asb.fa | cut -c 2- > contigs.ids Escreve os nomes dos contigs do arquivo asb.fa em contigs.ids

\$ cut -f 5,7,9 -d "," ctd.txt > ctd.579.txt Seleciona as colunas 5, 7 e 9 do arquivo ctd.txt, escrevendo-as em ctd.579.txt









# Exercício - Cut/Sort/Uniq

 Conte o número de ocorrências de cada aminoácido do arquivo "aminoacidos " utilizando os comandos CUT, SORT e UNIQ redirecionando o resultado para um arquivo.

Dica: utilize o manual para verificar as opções de cada uma das ferramentas.









#### awk

 O awk é uma linguagem de programação complexa que oferece recursos para processamento de texto, mas seu uso mais comum é a de seleção de colunas para reformatar arquivos.

#### **Exemplos:**

```
$ awk -F ',' '{print $2 " " $1}' tabela.csv
| head -n 3 | less
```

Inverte a posição das colunas 1 e 2 da tabela.csv e exibe na tela pelo less.









### sed

 Sed é utilizado para efetuar transformações em texto, como substituições.

#### **Exemplos:**

- \$ sed s/>Contig/>HybridContig/ assembly.fa
  > assembly.renamed.fa
- Substitui a primeira ocorrencia da string ">Contig" em cada linha do arquivo assembly.fa por ">HybridContig".
- \$ sed s/t/u/g dna.seq > rna.seq









### Monitoramento de Processos

Cmd	Descrição	
top	Exibe a lista de processos em execução com info em tempo real	
ps	Imprime no stdout a lista de processos em execução	
kill	Envia um signal para um processo. Default KILL	
df	Exibe informações sobre o espaço dos discos montados na máquina	
du	Exibe o tamanho das pastas e arquivos de um diretório	
free	Exibe informações sobre a memória física e swap utilizada pelo sistema	









## Nohup e &

 Nohup desvincula o processo da linha de comando do terminal. & executa o processo em segundo plano.

#### Ex:

\$ nohup perl programa.pl

#### Ex:

\$ ./sleep 20 &

Programa sleep é executado em segundo plano.







