

Unixによるテキストファイル処理

2020/11/27

作業場所

- 以降の作業は、以下のディレクトリで行います。

`~/data/7_text/`

cd コマンドを用いてディレクトリを移動し、

pwd コマンドを利用して、カレントディレクトリが上記になっていることを確認してください。

コマンド復習

- `wc` [ファイル名]
 - ファイルの行数、単語数、文字数を出力する
- `head` `[-行数]` [ファイル名]
 - ファイルの先頭から指定した行数(指定しないと10行)を出力する
- `tail` `[-行数]` [ファイル名]
 - ファイルの最後から指定した行数(指定しないと10行)を出力する
- `less` ファイル名
 - ファイルの内容を閲覧する

本講で扱うテキスト処理コマンド

- `grep` 正規表現パターンの検索
- `sed` 文字列置換等によるファイルの変換
- `sort` ファイルのソート
- `awk` 様々なテキストファイル処理

正規表現による文字列検索 (grep)

- `grep 'パターン' [ファイル名 ...]`
 - ファイル中でパターンを含む行を出力する
- 例) `grep 'GO' 1433T_HUMAN.sprot`
- 1433B_HUMAN.sprot から GO を含む行を検索する。

```
...  
DR Genevestigator; P27348; -.  
DR GermOnline; ENSG00000134308; Homo sapiens.  
DR GO GO:0005813; C:centrosome; IDA:HPA.  
DR GO; GO:0005634; C:nucleus; IDA:HPA.  
DR Bgee; P27348; -.  
....
```



```
DR GO; GO:0005813; C:centrosome; IDA:HPA.  
DR GO; GO:0005634; C:nucleus; IDA:HPA.
```

正規表現による文字列検索 (grep)

- `grep 'パターン' [ファイル名 ...]`
 - ファイル中でパターンを含む行を出力する
- 例) `grep 'GO' 1433T_HUMAN.sprot`
- 1433B_HUMAN.sprot から GO を含む行を検索する。
- 例) `grep '^FT' 1433T_HUMAN.sprot`
- 1433B_HUMAN.sprot から FT で始まる行を検索する。
- `grep -v` パターンを含まない行を出力する。
 - `grep -i` 大文字小文字を区別しない。
 - `grep -w` パターンを単語としてマッチ
 - ファイル名は複数指定可能
 - ファイル名を省略すると、標準入力から文字列を読み込んでパターンを検索する

正規表現

grepは「正規表現」によってパターンを指定し、照合したい文字列集合を規定する

- 通常の文字列はそのまま表現される
 - 例) `File1` (`File1`にマッチ)
- 特殊な意味を持つ文字(メタキャラクタ)によって規則を表現
 - 例) `[]`は文字集合を規定する
`File[1-3]` (`File1`, `File2`, `File3` のいずれにもマッチ)
- `\`によってメタキャラクタの特殊な意味を打ち消せる
 - 例) `\[abc]` (`[abc]` という文字列にマッチ)

注意) 正規表現にはシェルのメタキャラクタが含まれるので、そのままコマンドラインで指定すると思わぬエラーになることが多い。そこで、パターンは `'` で囲むようにする。

正規表現(一部)

- **.(ドット) 任意の1文字**
 - 例) `a.c`
`abc`, `adc` など、`a`と`c`の間に任意の1文字を含む文字列にマッチ
- **[](角形括弧) 文字の集合**
 - 例) `[ATGC]`
`A`, `T`, `G`, `C`のいずれかにマッチ
 - 例) `[a-d]`
`a`, `b`, `c`, `d`のいずれかにマッチ
 - 例) `[^abd]`
`a`, `b`, `d` 以外のいずれかにマッチ
- **^ 行の先頭 \$ 行の終端**
 - 例) `^ID`
行の先頭が`ID`である行とマッチ
- *** 0回以上の繰り返し**
 - 例) `a.*m`
`a`と`m`の間に任意の文字列を含む(`am`, `arm`, `alarm`, `am am`など)

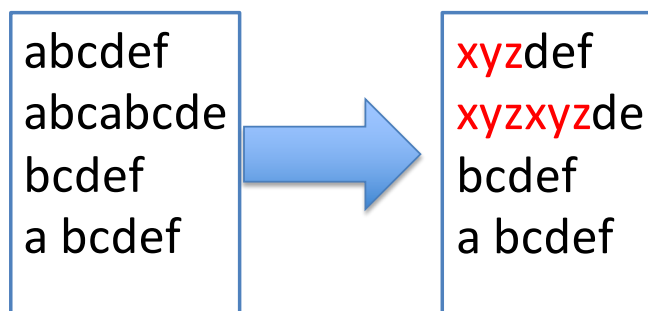
演習 (grep)

- `ecoli.sam` ファイルから、`grep (egrep)` コマンドを用いてヘッダ行(行頭に`@`を含む)を表示せよ。

文字の置換など (sed)

```
sed 's/置換対象パターン/置換文字列/g' [ファイル名]
```

- ファイル中の、指定した正規表現パターンに合致するすべての文字列を、指定した置換文字列で置き換える。置換文字列が空の場合は文字列の削除になる。
 - 例) `sed 's/abc/xyz/g' file`
file中の文字列`abc`をすべて`xyz`に置き換える。



文字の置換など (sed)

```
sed 's/置換対象パターン/置換文字列/g' [ファイル名]
```

- ファイル中の、指定した正規表現パターンに合致するすべての文字列を、指定した置換文字列で置き換える。置換文字列が空の場合は文字列の削除になる。
 - 例) `sed 's/abc/xyz/g' file`
file中の文字列abcをすべてxyzに置き換える。
- 最後のgをつけない場合は、各行で最初にマッチしたパターンのみが置換される。
 - 例) `sed 's/:/ /' file`
各行で最初に出現した `:` をスペースに置き換える

sedコマンドにも一般にシェルのメタキャラクタが含まれるので、パターンの指定は常に `'` で囲むようにする。

FASTA形式ファイルの処理例

mouse.fas というFASTAファイルからタイトル行を抜き出し①、行頭の `>` を除去して②、最初のスペースをタブに換える③。

```
grep '^>' mouse.fas | sed 's/^> //' | sed 's/ /%t/' > mouse.tit
```

①

②

③

```
> mouse:Q0VBH3 Olfr629 protein
MAGNATHHIIASFLLVGIPLGLENFHCWIGIPVCLLFALTLLGNSIILTTVKLEPSLHQPMY
FFLCMLAMNDMCLTCSTAIKMLGIFWFDEHWINFDACTQMFFIHTLCIMESAILVAMAF
DRFVAICIPHYTSILTTKIGLVGLSRAILMIMPCPLLIKRLLYYTKYVIHHAYCE
HMAVVKMASGNTQVNRIYALSVTIFDLGLIVTSYIKILQAVFRLSSQNARSKALGT
CVAHVCTILAFYTPALFSFLTHRFSGKNVPASIHIIIFAILLYLLVSPTVNPLVYGAKTKQIR
DRVVSLFLFSQKQKF
> mouse:Q9JMI7 Testis-expressed protein 101
MGACRIQYVLLIFLLIASRWTLVQNTYQCQVSQTLSEDDPGRTFNWTSKAEQCNPGELCQ
ETVLLIKADGTRTVVLASKSCVSGGAEAVTFIQYTAPPGLVAISYSNYCNDSLCNNKDSL
ASVWRVPETTATSNMSGPTCVALGSCSSAPSMPCANGTTQCYQGRLEFSGGGMDAT
VQVKGCTTTIGCRLLMAMGPMTVKETCSYQSFLQPRKAEIGASQMPTSLWVLELLFP
LLLLPLTHFP
```

`%t`(タブ記号)は
Control+vを
押した後に
タブキーで
入力できます。

```
mouse:Q0VBH3 Olfr629 protein
mouse:Q9JMI7 Testis-expressed protein 101
```

FASTA形式ファイルの処理例

mouse.fas というFASTAファイルからタイトル行を抜き出し①、
行頭の'>'を除去して②、最初のスペースをタブに換える③。

```
grep '^>' mouse.fas | sed 's/^> //' | sed 's/ /\\t/' > mouse.tit
```

① ② ③

```
>mouse:Q0VBH3 Olfr629 protein
MAGNATHHIASFFLVGIPGLENFHCWIGIPVCLLFALTLLGNSIILTTVKLEPSLHQPMPY
FFLCMLAMNDMCLTCSTALKMLGIFWFDEHWINFDACLTQMFFIHTLCIMESAILVAMAF
DRFVAICIPHYTSILTPMVIKIGLVGLSRAILMIMPCPLLIKRLLYYTKYVIHHAYCE
HMAVVKMASGNTQVNRIYGILVALSVTIFDLGLIVTSYIKILQAVFRLSSQNARSKALGT
CVAHVCTILAFYTPALFSFLTHRFGKNVPASIHIFAILYLLVSPTVNPLVYGAKTKQIR
DRVVSLLSQKQKF
>mouse:Q9JMI7 Testis-expressed protein 101
MGACRIQYVLLIFLLIASRWTLVQNTYCVSQTLSLEDDPGRTFNWTSKAEQCNPGELCQ
ETVLLIKADGTRTVVLASKSCVSQGGEAVTFIQYTAPPGLVAISYSNYCNDSLCNNKDSL
ASVWRVPETTATSNSMSGTRHCPTCVALGSCSSAPSMPCANGTTQCYQGRLEFSGGMDAT
VQVKGCTTTIGCRLMAMIDSVGPMTVKETCSYQSFLQPRKAEIGASQMPTSLWVLELLFP
LLLLPLTHFP
```

```
mouse:Q0VBH3    Olfr629 protein
mouse:Q9JMI7    Testis-expressed protein 101
```

行の並べかえ(sort)

- sort [オプション] [ファイル名...]
 - ファイルを行単位で並べかえる。
 - -k FLD1,FLD2 ソートのキーを、スペース文字で区切られたフィールド単位で指定できる(FLD1開始フィールド、FLD2終了フィールド)。
 - -k 2,2 —第2フィールドをキーとしてソート

Murton	T	.338	14	84
Kikuchi	C	.325	11	58
Yamada	S	.324	29	89
Ooshima	D	.318	2	28
Luna	D	.317	17	73

Kikuchi	C	.325	11	58
Luna	D	.317	17	73
Ooshima	D	.318	2	28
Yamada	S	.324	29	89
Murton	T	.338	14	84

- -k 2,2 -k 3,3nr —第2フィールドを1番目のキーとし、第3フィールドを2番目のキーとして、数値として(n)逆順(大きい順)で(r)ソート

Murton	T	.338	14	84
Kikuchi	C	.325	11	58
Yamada	S	.324	29	89
Ooshima	D	.318	2	28
Luna	D	.317	17	73

Kikuchi	C	.325	11	58
Ooshima	D	.318	2	28
Luna	D	.317	17	73
Yamada	S	.324	29	89
Murton	T	.338	14	84

演習 (sort)

- eco_depth.csv は、samtools コマンドから得られた深度の統計情報である。
ファイルは3カラムからなり、順に「染色体名」「位置」「深度」となっている。
深度が多いものから20個を表示せよ。

染色体名	位置	深度
chr	2753929	1533
chr	2753930	1470
chr	2753931	1446
chr	2753932	1101
chr	2753933	922

テキストファイルの処理 (awk)

awk 'コマンド' ファイル

- テキストファイル进行处理する多機能なコマンド
- コマンドの一般形式は
パターン {アクション}
パターンに指定した条件に合致した行について、アクションで指定した操作を行う。パターンを省略するとすべての行が対象になる。
- タブ区切りテキストなどテーブル形式のファイルでは、\$1, \$2, ... によって各フィールド(カラム)の値を参照できる。

テーブルデータの処理(awk)

- テーブルカラムの抽出

```
awk '{print $3,$4,$5}' datafile
```

- 3,4,5カラム目を出力
- パターンが指定されていないのですべての行が出力される。

ecoli.gtf

```
...
chr eschColi_K12_refSeq stop_codon 253 255 ...
chr eschColi_K12_refSeq exon 190 255 ...
chr eschColi_K12_refSeq start_codon 337 339 ...
chr eschColi_K12_refSeq CDS 337 2796...
```



```
# awk '{print $3,$4,$5}' ecoli.gtf
...
stop_codon 253 255
exon 190 255
start_codon 337 339
CDS 337 2796
```

テーブルデータの処理(awk)

- 条件を指定したフィルタリング

```
awk '$4<200 {print}' datafile
```

- 4カラム目が200未満の行を出力
- 出力フィールドが指定されていないので行全体を出力

ecoli.gtf

```
...
chr eschColi_K12_refSeq stop_codon 253 255 ...
chr eschColi_K12_refSeq exon 190 255 ...
chr eschColi_K12_refSeq start_codon 337 339 ...
chr eschColi_K12_refSeq CDS 337 2796...
```



```
# awk '$4<200 {print}' ecoli.gtf
chr eschColi_K12_refSeq start_codon 190 192 ...
chr eschColi_K12_refSeq CDS 190 252 ...
chr eschColi_K12_refSeq exon 190 255 ...
```

テーブルデータの処理(awk)

- テーブルカラムの抽出

```
awk '{print $1,$2,$5}' datafile
```

- 1,2,5カラム目を出力
- パターンが指定されていないのですべての行が出力される。

- 条件を指定したフィルタリング

```
awk '$3<200 {print}' datafile
```

- 3カラム目が200未満の行を出力
- 出力フィールドが指定されていないので行全体を出力

- 複数の条件の指定

```
awk '$2~/target/ && $3<200{print}' datafile
```

- 2カラム目にtargetを含み、3カラム目が200以下の行を出力
- 変数~/パターン/ は正規表現の照合

awk コマンドにも一般にシェルのメタキャラクタが含まれるので、常に''で囲むようにすると良い

演習 (awk)

- awkコマンドを用いて、ex6.sam の中で、以下の条件に合う行または要素を出力せよ。

- 1) FLAG値が 16
- 2) FLAG値が 16 かつ マッピングQV が 30以上
- 3) 2)の条件かつ、フラグメント名(第1カラム)のみ。

算術計算(awk)

- 合計値の出力

```
awk '{sum=sum+$2} END{print sum}'  
ecoli.htseq
```

- 2カラム目の合計値を出力
- プログラムは2つのブロックからなる
 - `{sum=sum+$2}` パターン部がないのですべての行が対象となる。
変数sumに各行の2カラム目の値を加える。
`sum+=x` は `sum=sum+x`と同じ。
 - `END{print sum}` パターンENDは最終行のみにマッチ。
最終行で `sum` の値を出力する。

参考) パターン BEGINは先頭行のみにマッチする。これを用いて変数の初期化などができる。

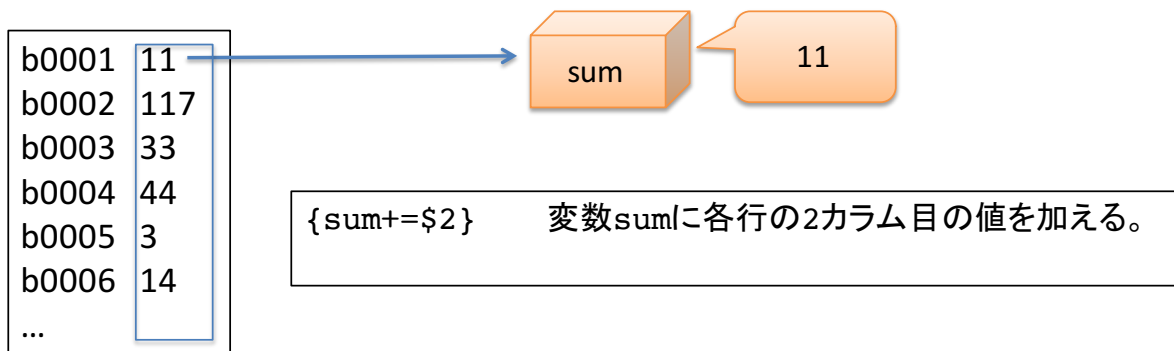
例) `BEGIN{sum=0} {sum+= $2} END{print sum}`

最初に変数 `sum` を0に初期化する。これはデフォルトの動作として省略できるため、上記のプログラムと同じ結果になる。

算術計算(awk)

- 合計値の出力

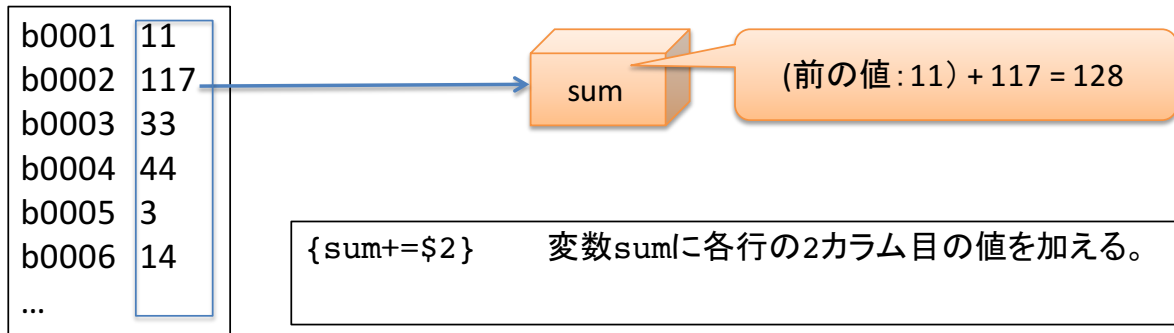
```
awk '{sum=sum+$2} END{print sum}' ecoli.htseq
```



算術計算 (awk)

- 合計値の出力

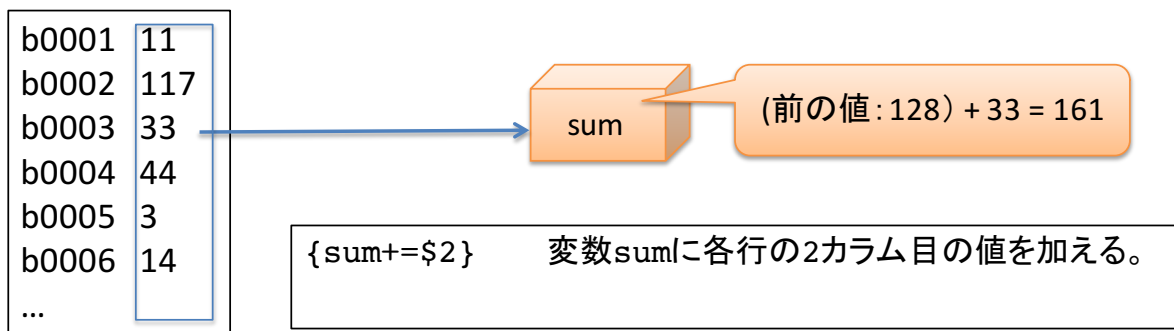
```
awk '{sum=sum+$2} END{print sum}' ecoli.htseq
```



算術計算 (awk)

- 合計値の出力

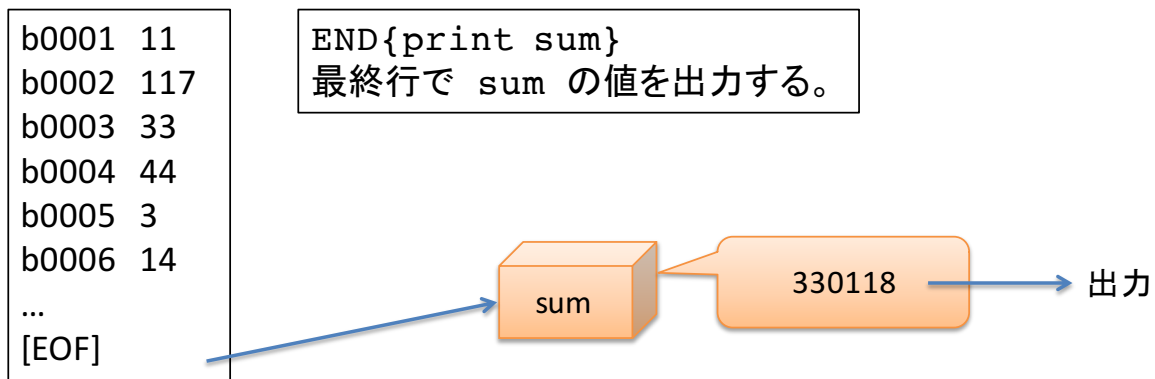
```
awk '{sum=sum+$2} END{print sum}' ecoli.htseq
```



算術計算(awk)

- 合計値の出力

```
awk '{sum=sum+$2} END{print sum}' ecoli.htseq
```



算術計算(awk)

- 合計値の出力

```
awk '{sum=sum+$2} END{print sum}'
ecoli.htseq
```

- 2カラム目の合計値を出力
- プログラムは2つのブロックからなる
 - {sum=sum+\$2} パターン部がないのですべての行が対象となる。
変数sumに各行の2カラム目の値を加える。
sum+=x は sum=sum+xと同じ。
 - END{print sum} パターンENDは最終行のみにマッチ。
最終行で sum の値を出力する。

参考) パターン BEGINは先頭行のみにマッチする。これを用いて変数の初期化などができる。

例) BEGIN{sum=0} {sum+= \$2} END{print sum}
最初に変数 sum を0に初期化する。これはデフォルトの動作として省略できるため、上記のプログラムと同じ結果になる。

演習 (awk)

- awkコマンドを用いて、ecoli.htseq の2カラム目(カウント数)の平均値を出力せよ。
 - ヒント: 行数を数える必要がある。変数lnを使って行数を数えるにはどうすればよいか？
 - カラムの和を変数sumを用いて表せば、最後にsumを行数で割り算することで平均が出せる。割り算は a/b で計算できる。