# Introdução à Programação de Computadores para Biologia

Introdução ao Unix

Aula 03

https://tttorres.github.io/introprog2021/

Google meet	Editor de textos ou IDE
Página da disciplina	Terminal

#### Comandos mais utilizados

## PREPARAÇÃO (UNIX)

Na página da disciplina, baixar os seguintes arquivos na pasta "home":

- Arquivo em formato fasta: metagenomics\_coral.fasta
- Arquivo em formato fasta: dmel-gene-r5.45.fasta
- Arquivo em formato fastq: chom.txt
- Arquivo: prova1.tar.gz

#### Comandos mais utilizados

PREPARAÇÃO (WSL)

1. Ir para o diretório '/mnt/c/'

cd /mnt/c/

2. Criar o diretório 'introprog'

mkdir introprog

3. Gravar os arquivos em C:introprog

#### Comandos mais utilizados

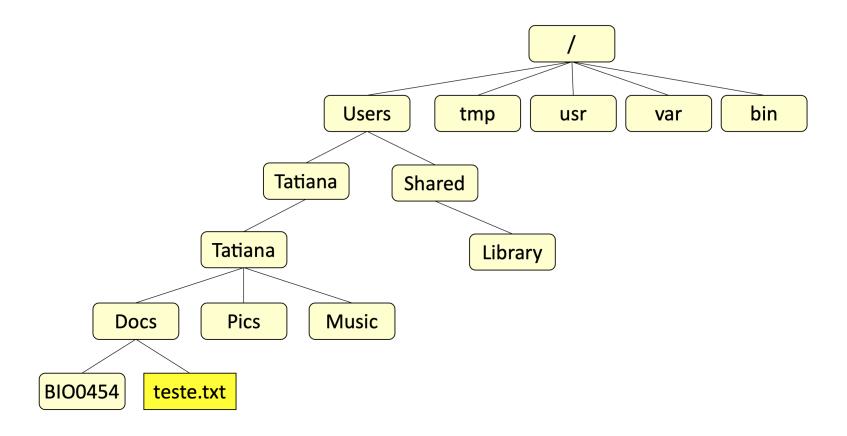
1. Comando Is (list): listando arquivos e diretórios

```
ls
ls -a
ls -l
ls -la
```

OBS: man (manual)

## Comandos mais utilizados

2. "Navegando" em diretórios



## Comandos mais utilizados

a. Verificar o diretório atual	
b. Ir para a raiz	
c. Voltar para a home	

#### Comandos mais utilizados

- 2. "Navegando" em diretórios
- a. Verificar o diretório atual: pwd (print working directory)

b. Ir para a raiz

c. Voltar para a home

#### Comandos mais utilizados

- 2. "Navegando" em diretórios
- a. Verificar o diretório atual: pwd (print working directory)

```
pwd
```

b. Ir para a raiz: cd (change directory)

```
cd /
```

c. Voltar para a home

#### Comandos mais utilizados

- 2. "Navegando" em diretórios
- a. Verificar o diretório atual: pwd (print working directory)

```
pwd
```

b. Ir para a raiz: cd (change directory)

```
cd /
```

c. Voltar para a home: cd

```
cd ~
```

#### Comandos mais utilizados

- 3. Criando e alterando arquivos e diretórios
  - mkdir (make directory)
  - cp (copy)
  - mv (move)
  - rm (remove; MUITA CALMA!!!)

## Comandos mais utilizados

3. Criando e alterando arquivos e diretórios
a. Criar a pasta myseq no home (mkdir)
b. Mover o arquivo dmel-gene.fasta para myseq (mv)
c. Ir para a pasta myseq (cd)

#### Comandos mais utilizados

- 3. Criando e alterando arquivos e diretórios
- a. Criar a pasta myseq no home (mkdir)

```
mkdir myseq
```

b. Mover o arquivo dmel-gene.fasta para myseq (mv)

#### Comandos mais utilizados

- 3. Criando e alterando arquivos e diretórios
- a. Criar a pasta myseq no home (mkdir)

```
mkdir myseq
```

b. Mover o arquivo dmel-gene.fasta para myseq (mv)

#### Comandos mais utilizados

- 3. Criando e alterando arquivos e diretórios
- a. Criar a pasta myseq no home (mkdir)

```
mkdir myseq
```

b. Mover o arquivo dmel-gene.fasta para myseq (mv)

```
mv dmel-gene.fasta ~/myseq/
```

#### Comandos mais utilizados

- 3. Criando e alterando arquivos e diretórios
- a. Criar a pasta myseq no home (mkdir)

```
mkdir myseq
```

b. Mover o arquivo dmel-gene.fasta para myseq (mv)

```
mv dmel-gene.fasta ~/myseq/
```

```
cd ~/myseq/
```

#### Comandos mais utilizados

- 3. Criando e alterando arquivos e diretórios
- d. Copiar o arquivo com novo nome: novo.fasta

e. Apagar o arquivo novo.fasta

#### Comandos mais utilizados

- 3. Criando e alterando arquivos e diretórios
- d. Copiar o arquivo com novo nome: novo.fasta

cp dmel-gene.fasta novo.fasta

e. Apagar o arquivo novo.fasta

#### Comandos mais utilizados

- 3. Criando e alterando arquivos e diretórios
- d. Copiar o arquivo com novo nome: novo.fasta

```
cp dmel-gene.fasta novo.fasta
```

e. Apagar o arquivo novo.fasta

```
rm novo.fasta
```

## Comandos mais utilizados

- 4. Visualização de arquivos (e informações)
  - head
  - tail
  - wc (word count)
  - grep (globally search a regular expression and print)

#### Comandos mais utilizados

4. Visualização de arquivos (e informações)

#### head

head -numero de linhas input

head -10 meta\_coral.fasta

#### Comandos mais utilizados

4. Visualização de arquivos (e informações)

#### tail

tail -numero de linhas input

```
tail -10 meta_coral.fasta
```

## Comandos mais utilizados

4. Visualização de arquivos (e informações)

md5 / md5sum

md5 input

md5 meta\_coral.fasta

#### Comandos mais utilizados

4. Visualização de arquivos (e informações)

wc #lines, words and bytes

wc input

wc meta\_coral.fasta

#### Comandos mais utilizados

- 4. Visualização de arquivos (e informações)
- a. Visualizar as primeiras linhas de um arquivo

b. Ver as 20 primeiras linhas do arquivo

c. Visualizar as últimas linhas de um arquivo

#### Comandos mais utilizados

- 4. Visualização de arquivos (e informações)
- a. Visualizar as primeiras linhas de um arquivo

head dmel-gene.fasta

b. Ver as 20 primeiras linhas do arquivo

c. Visualizar as últimas linhas de um arquivo

#### Comandos mais utilizados

- 4. Visualização de arquivos (e informações)
- a. Visualizar as primeiras linhas de um arquivo

head dmel-gene.fasta

b. Ver as 20 primeiras linhas do arquivo

head -20 dmel-gene.fasta

c. Visualizar as últimas linhas de um arquivo

#### Comandos mais utilizados

- 4. Visualização de arquivos (e informações)
- a. Visualizar as primeiras linhas de um arquivo

head dmel-gene.fasta

b. Ver as 20 primeiras linhas do arquivo

head -20 dmel-gene.fasta

c. Visualizar as últimas linhas de um arquivo

tail dmel-gene.fasta

## Comandos mais utilizados

4. Visualização de arquivos (e informações)

#### grep #busca de padrões

grep "padrao" input

```
grep ">" meta_coral.fasta
```

#### Comandos mais utilizados

4. Visualização de arquivos (e informações)

#### grep #busca de padrões

grep "padrao" input

grep "A" meta\_coral.fasta

## Comandos mais utilizados

4. Visualização de arquivos (e informações)

#### grep #busca de padrões

grep "padrao" input

```
grep "^A" meta_coral.fasta
```

#### Comandos mais utilizados

4. Visualização de arquivos (e informações)

#### grep #busca de padrões

grep "padrao" input

```
grep -c "^A" meta_coral.fasta
```

## Comandos mais utilizados

GREP: aplicações
a. Contar o número de sequências no arquivo
b. Número de sequências com o barcode "ACACGACGACT"
c. Número de sequências com o barcode "ACACGTAGTAT"

#### Comandos mais utilizados

**GREP:** aplicações

a. Contar o número de sequências no arquivo

```
grep -c ">" ~/myseq/meta_coral.fasta
```

b. Número de sequências com o barcode "ACACGACGACT"

c. Número de sequências com o barcode "ACACGTAGTAT"

#### Comandos mais utilizados

**GREP:** aplicações

a. Contar o número de sequências no arquivo

```
grep -c ">" ~/myseq/meta_coral.fasta
```

b. Número de sequências com o barcode "ACACGACGACT"

```
grep -c "^ACACGACGACT" ~/myseq/meta_coral.fasta
```

c. Número de sequências com o barcode "ACACGTAGTAT"

#### Comandos mais utilizados

**GREP:** aplicações

a. Contar o número de sequências no arquivo

```
grep -c ">" ~/myseq/meta_coral.fasta
```

b. Número de sequências com o barcode "ACACGACGACT"

```
grep -c "^ACACGACGACT" ~/myseq/meta_coral.fasta
```

c. Número de sequências com o barcode "ACACGTAGTAT"

```
grep -c "^ACACGTAGTAT" ~/myseq/meta_coral.fasta
```

## Comandos mais utilizados

5. Redirecionando saída (e informações)

- >
- >>

grep "^>" input >output

```
grep "^>" meta_coral.fasta >tmp.fasta
```

## Comandos mais utilizados

5. Redirecionando saída (e informações)

- >
- >>

grep "^>" input >output

```
grep "^A" meta_coral.fasta >tmp.fasta
```

## Comandos mais utilizados

5. Redirecionando saída (e informações)

- >
- >>

grep "^>" input >output

```
grep "^>" meta_coral.fasta >>tmp.fasta
```

## Comandos mais utilizados

- 6. Edição de arquivos
  - tr (transliterate)
- a. Trocar as letras maiúsculas por minúsculas

b. Fazer o complemento da sequência

## Comandos mais utilizados

## 6. Edição de arquivos

• tr (transliterate)

### a. Trocar as letras maiúsculas por minúsculas

```
tr [A-Z] [a-z] <meta_coral.fasta >tmp.fasta
```

### b. Fazer o complemento da sequência

```
tr [ACGT] [tgca] <meta_coral.fasta >tmp.fasta
```

### Comandos mais utilizados

# 6. Edição de arquivos

sed (stream editor)

#### 1<sup>o</sup> uso:

sed s/texto\_antigo/texto\_novo/ <input >output

sed s/length/comprimento/ <meta\_coral.fasta >tmp.fasta

## Comandos mais utilizados

## 6. Edição de arquivos

sed (stream editor)

#### 1<sup>o</sup> uso:

sed s/texto\_antigo/texto\_novo/ <input >output

sed s/length/comprimento/ <meta\_coral.fasta >tmp.fasta

FLAGS: "N" substitui até a enésima ocorrência "g" substitui todas as ocorrências

## Comandos mais utilizados

## 6. Edição de arquivos

• sed (stream editor)

#### 2º uso:

sed y/caracteres/caracteres/ <input >output

sed y/ACGT/tgca/ <meta\_coral.fasta >tmp.fasta

## Comandos mais utilizados

# 6. Edição de arquivos

• sed (stream editor)

#### 3º uso:

sed G <input >output

sed G <meta\_coral.fasta >tmp.fasta

# Comandos mais utilizados

# 6. Edição de arquivos

• sed (stream editor)

#### 4º uso:

sed = <input >output

```
sed = <meta_coral.fasta >tmp.fasta
```

## Comandos mais utilizados

## 7. Pipelines

• | (a saída de um comando é utilizada como entrada por outro) comando1 parametros | comando2 parametros

```
echo 5+6 | bc

grep ">" meta_coral.fasta | wc -l

tr [ACGT] [tgca] <meta_coral.fasta |

sed s/\>/\>REVSEQ\_/ >tmp.fasta
```

## Comandos mais utilizados

```
tar -xvzf prova1.tar.gz
head prova1.doc
```

### Comandos mais utilizados

```
Darwin:Aluno Tatiana$ ls -la
total 5088
drwxr-xr-x 5 Tatiana staff
drwxr-xr-x 49 Tatiana staff
-rw-r--r-- 3 Tatiana staff
-rw-r---- 1 Tatiana staff
-rw-r---@ 1 Tatiana staff
170 22 Ago 14:02 .
1666 22 Ago 14:02 .
2593130 20 Ago 20:20 meta_coral.fasta
8 22 Ago 11:38 proval.doc
152 22 Ago 12:18 proval.tar.gz
```

### Comandos mais utilizados

```
Darwin:Aluno Tatiana$ ls -la
total 5088
drwxr-xr-x 5 Tatiana staff
drwxr-xr-x 49 Tatiana staff
-rw-r--r-- 3 Tatiana staff
-rw-r---- 1 Tatiana staff
-rw-r---- 1 Tatiana staff
170 22 Ago 14:02 .
1666 22 Ago 14:02 .
2593130 20 Ago 20:20 meta_coral.fasta
8 22 Ago 11:38 proval.doc
152 22 Ago 12:18 proval.tar.gz
```

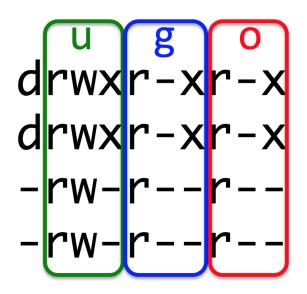
### Comandos mais utilizados

```
Darwin:Aluno Tatiana$ ls -la
total 5088

drwxr-xr-x
drwxr-xr-x
-rw-r--r--
1 Tatiana staff
-rw-r--r--@
1 Tatiana staff
170 22 Ago 14:02 .
170 22 Ago 14:02 .
170 22 Ago 14:02 .
180 20:20 meta_coral.fasta
180 22 Ago 11:38 proval.doc
180 22 Ago 12:18 proval.tar.gz
```

## Comandos mais utilizados

# Comandos mais utilizados



## Comandos mais utilizados

## 8. Mudando permissões

• chmod (**ch**ange **mod**e)

Operador	Ação
+	Adiciona permissão
-	Remove permissão
=	Define permissão

## Comandos mais utilizados

# 8. Mudando permissões

• chmod (**ch**ange **mod**e)

```
ls -l prova1.doc
```

### Comandos mais utilizados

### 8. Mudando permissões

chmod (change mode)

```
ls -l prova1.doc
----- 1 Tatiana staff 8 22 Ago 2012 prova1.doc
```

### Comandos mais utilizados

### 8. Mudando permissões

• chmod (**ch**ange **mod**e)

```
ls -l prova1.doc
----- 1 Tatiana staff 8 22 Ago 2012 prova1.doc
chmod o+wr prova1.doc
```

### Comandos mais utilizados

### 8. Mudando permissões

chmod (change mode)

```
ls -l prova1.doc
----- 1 Tatiana staff 8 22 Ago 2012 prova1.doc
chmod o+wr prova1.doc
ls -l prova1.doc
```

### Comandos mais utilizados

### 8. Mudando permissões

chmod (change mode)

```
ls -l prova1.doc
----- 1 Tatiana staff 8 22 Ago 2012 prova1.doc
chmod o+wr prova1.doc
ls -l prova1.doc
-----rw- 1 Tatiana staff 8 22 Ago 2012 prova1.doc
```

### Comandos mais utilizados

### 8. Mudando permissões

chmod (change mode)

```
chmod u+x prova1.doc
ls -l prova1.doc
```

# Comandos mais utilizados

### 8. Mudando permissões

chmod (change mode)

```
chmod u+x prova1.doc
ls -l prova1.doc
---x---rw- 1 Tatiana staff 8 22 Ago 2012 prova1.doc
```

## Comandos mais utilizados

### 8. Mudando permissões

chmod (change mode)

```
chmod g=rx prova1.doc
ls -l prova1.doc
```

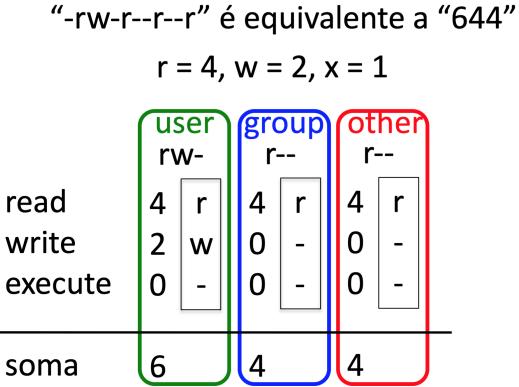
# Comandos mais utilizados

### 8. Mudando permissões

chmod (change mode)

```
chmod g=rx prova1.doc
ls -l prova1.doc
---xr-xrw- 1 Tatiana staff 8 22 Ago 2012 prova1.doc
```

## Comandos mais utilizados



## Comandos mais utilizados

### 8. Mudando permissões

• chmod (**ch**ange **mod**e)

#### **SEGUNDA FORMA:**

```
chmod 666 prova1.doc
ls -l prova1.doc
```

### Comandos mais utilizados

### 8. Mudando permissões

chmod (change mode)

#### **SEGUNDA FORMA:**

```
chmod 666 proval.doc
ls -l proval.doc
-rw-rw-rw-@ 1 Tatiana staff 8 22 Ago 2012 proval.doc
```

## Comandos mais utilizados

### 8. Mudando permissões

• chmod (**ch**ange **mod**e)

#### **SEGUNDA FORMA:**

```
chmod 000 proval.doc
ls -l proval.doc
----- 1 Tatiana staff 8 22 Ago 2012 proval.doc
```

## Comandos mais utilizados

## 9. Privilégio superusuário

• sudo (**su**per **u**ser **d**o)

sudo command

sudo head prova1.doc
Password: