

Introdução à Programação de Computadores para Biologia

Introdução ao Unix

Aula 03

<https://tttorres.github.io/introprog2024/>

Página da disciplina

Editor de texto ou IDE

Terminal

UNIX

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: desafio.tar.gz

UNIX

Comandos mais utilizados

1. Comando `ls` (list): listando arquivos e diretórios

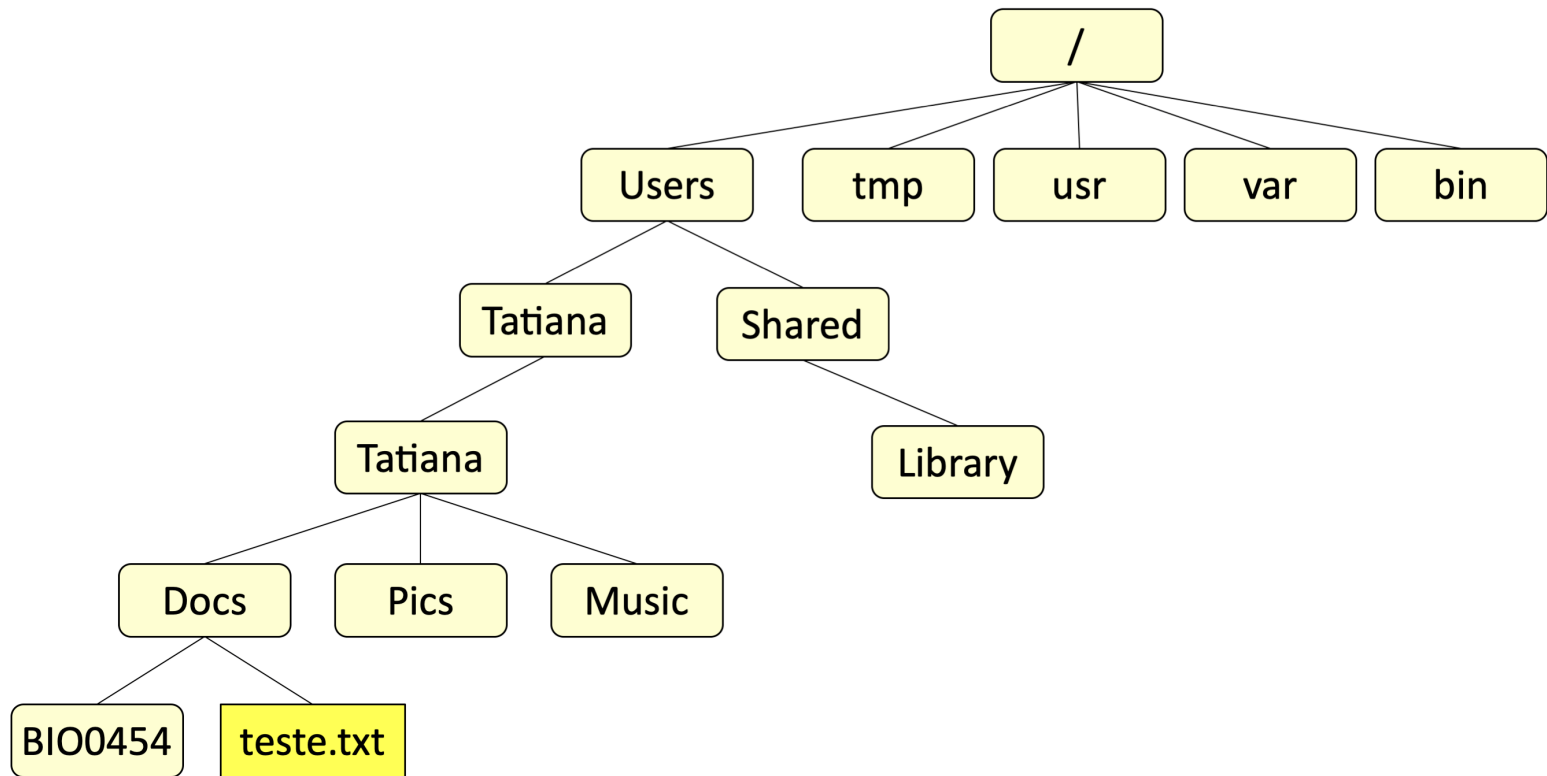
```
ls  
ls -a  
ls -l  
ls -la
```

OBS: *man* (manual)

UNIX

Comandos mais utilizados

2. "Navegando" em diretórios



UNIX

Comandos mais utilizados

2. "Navegando" em diretórios

a. Verificar o diretório atual

b. Ir para a raiz

c. Voltar para a home

UNIX

Comandos mais utilizados

2. "Navegando" em diretórios

a. Verificar o diretório atual: *pwd* (print working directory)

```
pwd
```

b. Ir para a raiz

c. Voltar para a home

UNIX

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

UNIX

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 ~
```

UNIX

Comandos mais utilizados

3. Criando e alterando arquivos e diretórios

- mkdir (make directory)
- cp (copy)
- mv (move)
- rm (remove; MUITA CALMA!!!)

UNIX

Comandos mais utilizados

3. Criando e alterando arquivos e diretórios

a. Criar a pasta introprog no home (mkdir)

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

c. Ir para a pasta introprog (cd)

UNIX

Comandos mais utilizados

3. Criando e alterando arquivos e diretórios

a. Criar a pasta introprog no home (mkdir)

```
mkdir introprog
```

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

c. Ir para a pasta introprog (cd)

UNIX

Comandos mais utilizados

3. Criando e alterando arquivos e diretórios

a. Criar a pasta introprog no home (mkdir)

```
mkdir introprog
```

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

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

c. Ir para a pasta introprog (cd)

UNIX

Comandos mais utilizados

3. Criando e alterando arquivos e diretórios

a. Criar a pasta introprog no home (mkdir)

```
mkdir introprog
```

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

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

c. Ir para a pasta introprog (cd)

```
cd ~/introprog/
```

UNIX

Comandos mais utilizados

3. Criando e alterando arquivos e diretórios

d. Mover o arquivo metagenomics_coral.fasta para introprog (mv)

e. Mover o arquivo chom.txt para introprog (mv)

f. Mover o arquivo desafio.tar.gz para introprog (mv)

UNIX

Comandos mais utilizados

3. Criando e alterando arquivos e diretórios

d. Mover o arquivo metagenomics_coral.fasta para introprog (mv)

```
mv ~/metagenomics_coral.fasta ~/introprog/
```

e. Mover o arquivo chom.txt para introprog (mv)

```
mv ~/chom.txt ~/introprog/
```

f. Mover o arquivo desafio.tar.gz para introprog (mv)

```
mv ~/desafio.tar.gz ~/introprog/
```


UNIX

Comandos mais utilizados

3. Criando e alterando arquivos e diretórios

g. Copiar o arquivo com novo nome: novo.fasta

h. Apagar o arquivo novo.fasta

UNIX

Comandos mais utilizados

3. Criando e alterando arquivos e diretórios

g. Copiar o arquivo com novo nome: novo.fasta

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

h. Apagar o arquivo novo.fasta

UNIX

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
```

UNIX

Comandos mais utilizados

4. Visualização de arquivos (e informações)

- head
- tail
- wc (word count)
- grep (globally search a regular expression and print)

UNIX

Comandos mais utilizados

4. Visualização de arquivos (e informações)

head

head -numero de linhas input

```
head -10 meta_coral.fasta
```

UNIX

Comandos mais utilizados

4. Visualização de arquivos (e informações)

tail

tail -numero de linhas input

```
tail -10 metagenomics_coral.fasta
```

UNIX

Comandos mais utilizados

4. Visualização de arquivos (e informações)

md5 / md5sum

md5 input

```
md5 metagenomics_coral.fasta
```

UNIX

Comandos mais utilizados

4. Visualização de arquivos (e informações)

wc #lines, words and bytes

wc input

```
wc metagenomics_coral.fasta
```


UNIX

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

UNIX

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

UNIX

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

UNIX

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
```

UNIX

Comandos mais utilizados

4. Visualização de arquivos (e informações)

grep #busca de padrões

(globally search a regular expression and print)

grep "padrao" input

```
grep ">" metagenomics_coral.fasta
```

UNIX

Comandos mais utilizados

4. Visualização de arquivos (e informações)

grep #busca de padrões

grep "padrao" input

```
grep "A" metagenomics_coral.fasta
```

UNIX

Comandos mais utilizados

4. Visualização de arquivos (e informações)

grep #busca de padrões

grep "padrao" input

```
grep "^A" metagenomics_coral.fasta
```

UNIX

Comandos mais utilizados

4. Visualização de arquivos (e informações)

grep #busca de padrões

grep "padrao" input

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


UNIX

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"

UNIX

Comandos mais utilizados

GREP: aplicações

a. Contar o número de sequências no arquivo

```
grep -c ">" ~/introprog/metagenomics_coral.fasta
```

b. Número de sequências com o barcode "ACACGACGACT"

c. Número de sequências com o barcode "ACACGTAGTAT"

UNIX

Comandos mais utilizados

GREP: aplicações

a. Contar o número de sequências no arquivo

```
grep -c ">" ~/introprog/metagenomics_coral.fasta
```

b. Número de sequências com o barcode "ACACGACGACT"

```
grep -c "^ACACGACGACT" ~/introprog/metagenomics_coral.fasta
```

c. Número de sequências com o barcode "ACACGTAGTAT"

UNIX

Comandos mais utilizados

GREP: aplicações

a. Contar o número de sequências no arquivo

```
grep -c ">" ~/introprog/metagenomics_coral.fasta
```

b. Número de sequências com o barcode "ACACGACGACT"

```
grep -c "^ACACGACGACT" ~/introprog/metagenomics_coral.fasta
```

c. Número de sequências com o barcode "ACACGTAGTAT"

```
grep -c "^ACACGTAGTAT" ~/introprog/metagenomics_coral.fasta
```

UNIX

Comandos mais utilizados

5. Redirecionando saída (e informações)

- >
- >>

grep "^>" input >output

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

UNIX

Comandos mais utilizados

5. Redirecionando saída (e informações)

- >
- >>

grep "^>" input >output

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

UNIX

Comandos mais utilizados

5. Redirecionando saída (e informações)

- >
- >>

grep "^>" input >output

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

UNIX

Comandos mais utilizados

6. Edição de arquivos

- tr (transliterate)

a. Trocar as letras maiúsculas por minúsculas

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

b. Fazer o complemento da sequência

UNIX

Comandos mais utilizados

6. Edição de arquivos

- tr (transliterate)

a. Trocar as letras maiúsculas por minúsculas

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

b. Fazer o complemento da sequência

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

UNIX

Comandos mais utilizados

6. Edição de arquivos

- sed (stream **e**ditor)

1º uso:

sed s/texto_antigo/texto_novo/ <input >output

```
sed s/length/comprimento/ <meta_coral.fasta >tmp.fasta
```

UNIX

Comandos mais utilizados

6. Edição de arquivos

- sed (stream **e**ditor)

1º 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

UNIX

Comandos mais utilizados

6. Edição de arquivos

- sed (stream **e**ditor)

2º uso:

sed y/caracteres/caracteres/ <input >output

```
sed y/ACGT/tgca/ <metagenomics_coral.fasta >tmp.fasta
```

UNIX

Comandos mais utilizados

6. Edição de arquivos

- sed (stream **e**ditor)

3º uso:

sed G <input >output

```
sed G <metagenomics_coral.fasta >tmp.fasta
```

UNIX

Comandos mais utilizados

6. Edição de arquivos

- sed (stream **e**ditor)

4º uso:

sed = <input >output

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

UNIX

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 ">" metagenomics_coral.fasta | wc -l
```

```
tr [ACGT] [tgca] <metagenomics_coral.fasta |
```

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

UNIX

Comandos mais utilizados

8. Permissões

```
tar -xvzf desafio.tar.gz
```

```
head desafio.doc
```


UNIX

Comandos mais utilizados

8. Permissões

```
Darwin:Aluno Tatiana$ ls -la
total 5088
drwxr-xr-x   5 Tatiana  staff   170 22 Ago 14:02 .
drwxr-xr-x  49 Tatiana  staff  1666 22 Ago 14:02 ..
-rw-r--r--   3 Tatiana  staff 2593130 20 Ago 20:20 meta_coral.fasta
-----    1 Tatiana  staff    8 22 Ago 11:38 prova1.doc
-rw-r--r--@  1 Tatiana  staff  152 22 Ago 12:18 prova1.tar.gz
```

UNIX

Comandos mais utilizados

8. Permissões

```
Darwin:Aluno Tatiana$ ls -la
total 5088
drwxr-xr-x   5 Tatiana  staff   170 22 Ago 14:02 .
drwxr-xr-x  49 Tatiana  staff  1666 22 Ago 14:02 ..
-rw-r--r--   3 Tatiana  staff 2593130 20 Ago 20:20 meta_coral.fasta
-----   1 Tatiana  staff    8 22 Ago 11:38 prova1.doc
-rw-r--r--@  1 Tatiana  staff  152 22 Ago 12:18 prova1.tar.gz
```

UNIX

Comandos mais utilizados

8. Permissões

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

```
total 5088
```

drwxr-xr-x	5	Tatiana	staff	170	22	Ago	14:02	.
drwxr-xr-x	49	Tatiana	staff	1666	22	Ago	14:02	..
-rw-r--r--	3	Tatiana	staff	2593130	20	Ago	20:20	meta_coral.fasta
-----	1	Tatiana	staff	8	22	Ago	11:38	prova1.doc
-rw-r--r--@	1	Tatiana	staff	152	22	Ago	12:18	prova1.tar.gz

UNIX

Comandos mais utilizados

8. Permissões

```
drwxr-xr-x  
drwxr-xr-x  
-rw-r--r--  
-----  
-rw-r--r--
```

UNIX

Comandos mais utilizados

8. Permissões

u	g	o
drwxr-xr-x		
drwxr-xr-x		
-rw-r--r--		
-rw-r--r--		

read, write, execute

UNIX

Comandos mais utilizados

8. Mudando permissões

- `chmod` (**change mode**)

PRIMEIRA FORMA (simbolica):

Operador	Ação
+	Adiciona permissão
-	Remove permissão
=	Define permissão

UNIX

Comandos mais utilizados

8. Mudando permissões

- `chmod` (**change mode**)

PRIMEIRA FORMA (simbolica):

```
ls -l desafio.doc
```

UNIX

Comandos mais utilizados

8. Mudando permissões

- chmod (**change mode**)

PRIMEIRA FORMA (simbolica):

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


UNIX

Comandos mais utilizados

8. Mudando permissões

- chmod (**change mode**)

PRIMEIRA FORMA (simbolica):

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

UNIX

Comandos mais utilizados

8. Mudando permissões

- chmod (**change mode**)

PRIMEIRA FORMA (simbolica):

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

UNIX

Comandos mais utilizados

8. Mudando permissões

- chmod (**change mode**)

PRIMEIRA FORMA (simbolica):

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

UNIX

Comandos mais utilizados

8. Mudando permissões

- `chmod` (**change mode**)

PRIMEIRA FORMA (simbolica):

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

UNIX

Comandos mais utilizados

8. Mudando permissões

- chmod (**change mode**)

PRIMEIRA FORMA (simbolica):

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

UNIX

Comandos mais utilizados

8. Mudando permissões

- chmod (**change mode**)

PRIMEIRA FORMA (simbolica):

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

UNIX

Comandos mais utilizados

8. Mudando permissões

- chmod (**change mode**)

PRIMEIRA FORMA (simbolica):

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

UNIX

Comandos mais utilizados

8. Permissões

“-rw-r--r--” é equivalente a “644”

$r = 4, w = 2, x = 1$

	user	group	other
	rw-	r--	r--
read	4	4	4
write	2	0	0
execute	0	0	0
<hr/>			
soma	6	4	4

UNIX

Comandos mais utilizados

8. Mudando permissões

- chmod (change mode)

SEGUNDA FORMA:

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

UNIX

Comandos mais utilizados

8. Mudando permissões

- chmod (change mode)

SEGUNDA FORMA:

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

UNIX

Comandos mais utilizados

8. Mudando permissões

- chmod (change mode)

SEGUNDA FORMA:

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

UNIX

Comandos mais utilizados

9. Privilégio superusuário

- sudo (super user do)

sudo command

```
sudo head desafio.doc  
Password:
```

