

# Club bioinformatique - Première séance

## L'environnement Linux

Bénédicte Condamine et Marie Petitjean

### Résumé

Utilisation des commandes de base en *bash*. Être capable de créer des fichiers, des dossiers et de lancer des commandes simples.

## Table des matières

<b>1</b>	<b>Commandes de base en <i>bash</i></b>	<b>1</b>
1.1	Le centre de calcul (cdc) . . . . .	1
1.2	Actions sur les fichiers . . . . .	3
1.3	Lecture/écriture de fichiers . . . . .	4
<b>2</b>	<b>Lancement de jobs sur le cdc</b>	<b>5</b>
<b>3</b>	<b>Contrôle qualité</b>	<b>8</b>
3.1	Rappel FastQC . . . . .	8

## 1 Commandes de base en *bash*

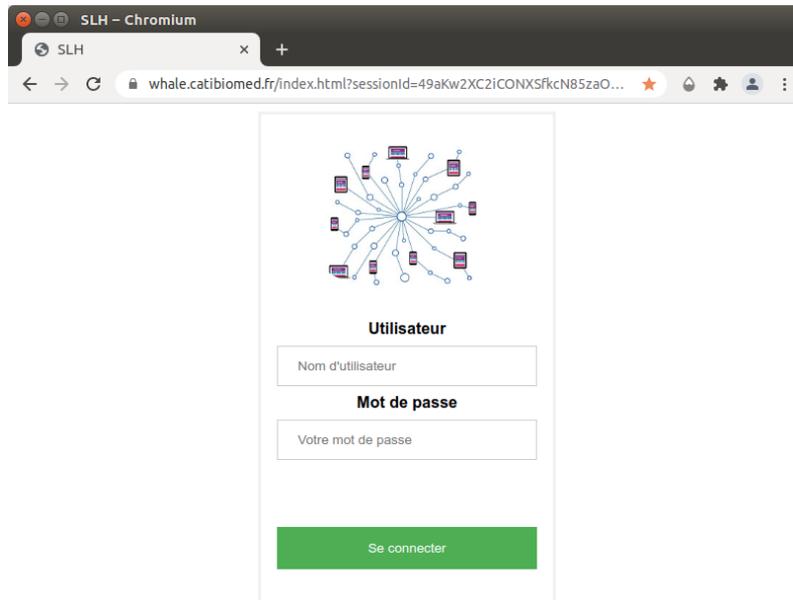
### 1.1 Le centre de calcul (cdc)

Connexion au centre de calcul avec Firefox  
\$ Adresse : <https://whale.catibiomed.fr>

\$ Identifiant : prenom.nom

\$ Mot de Passe :

Celui de votre espace OwnCloud



## SLH Administration



benedicte.condamine-2 Up 18 minutes

benedicte.condamine-Budo Up 4 days

```

6C:F0:49:EC:6A:C0 type
macvlan mode bridge
2>/dev/null ; groupadd iame
-g 3000 ; useradd
benedicte.condamine -u
1251 -g 3000 -d
/home/benedicte.condamine
2>/dev/null ; /bin/bash -c "su
benedicte.condamine -c 'cd
/home/benedicte.condamine
/ED_Gut
/05_Annotaion_Ecoli ;
/home/benedicte.condamine
/ED_Gut
/05_Annotaion_Ecoli
/run_roary.sh 2>
/home/benedicte.condamine
/ED_Gut
/05_Annotaion_Ecoli/job2.e
1>
/home/benedicte.condamine
/ED_Gut
/05_Annotaion_Ecoli/job2.o'
" ;
/bin/bash -c 'groupadd iame
-g 3000 ; useradd
benedicte.condamine -u
1251 -g 3000 -d
/home/benedicte.condamine;
ln -s /usr/bin/slh/whale
/usr/bin/whale ; ln -s /usr/bin
/slh/cdc /usr/bin/cdc ; sleep
10000000'

```

(?) Se connecter au cdc avec vos identifiants et mots de passe

## 1.2 Actions sur les fichiers

**pwd** (*print working directory*) : afficher le chemin absolu du dossier dans lequel on est  
\$ pwd

(?) Donner le chemin absolu du répertoire "club\_bioinfo"

**ls** (*list*) : lister les éléments contenus dans un répertoire donné  
(avec l'option -l pour connaître les droits)  
\$ ls  
\$ ls mon\_dossier/

(?) Lister le contenu du répertoire "partie1" dans "/home/progs/docker/Club\_bioinfo/partie1/"

**mkdir** (*make directory*) : créer un nouveau dossier  
\$ mkdir mon\_new\_rep

(?) Créer un dossier "prenom.nom"  
(?) Créer un dossier "club\_bioinfo"  
(?) Créer dans celui-ci un dossier "partie1\_bash"  
(?) Créer également dans "club\_bioinfo" un dossier "partie1\_qualite"

**cd** (*change directory*) : se déplacer/changer de dossier courant  
\$ cd mon\_repertoire/  
\$ cd .. (remonter dans le dossier parent)

(?) Aller dans le répertoire "club\_bioinfo"

**\*** (\*): le caractère \* remplace une chaîne de caractères  
\$ ls \*suffixe  
\$ ls prefixe\*

(?) Lister les fichiers se terminant par "gz" dans "/home/progs/docker/Club\_bioinfo/partie1/"

**cp** (*copy*) : copier un fichier/dossier d'un endroit à un autre (avec l'option -r pour un dossier)  
\$ cp fichier1 copie\_fichier1

(?) Copier les données présentes dans le dossier "/home/progs/docker/Club\_bioinfo/partie1/" dans votre dossier "partie1\_qualite"

**>** (>) : Re-diriger vers un fichier  
\$ ls > fichier

(?) Rediriger la liste des fichiers se terminant par ".fq.gz" dans un fichier.

***mv*** (*move*) : déplacer/renommer un fichier/dossier

```
$ mv fichier1 mon_repertoire/fichier1
```

```
$ mv fichier1 new_name_fichier1
```

(?) Renommer "echantillon1\_R1.fastq.gz" en "sample1\_R1.fq.gz" et "echantillon1\_R2.fastq.gz" en "sample1\_R2.fq.gz"

***rm*** (*remove*) : supprimer un fichier/dossier (avec l'option -r pour la récurrence)

```
$ rm mon_fichier
```

```
$ rm -r repertoire/
```

(?) Supprimer le fichier test.txt (présent dans "partie1\_qualite")

***rmdir*** (*remove directory*) : supprimer un dossier vide

```
$ rmdir mon_dossier
```

(?) Supprimer le dossier "partie1\_bash"

(?) Observer ce qui se passe si vous tapez `rmdir partie1_qualite/`

***chmod*** (*change file mode*) : changer les droits de fichier(s)/dossier(s)

```
$ chmod +x fichier (rendre le fichier exécutable)
```

### 1.3 Lecture/écriture de fichiers

***less/more*** : lecture d'un fichier (q pour quitter)

***cat*** : lecture d'un fichier (quitte automatiquement quand l'affichage du fichier est fini)

***tail*** : lecture de la fin d'un fichier

(?) Lire le fichier "K\_pneumoniae.fasta" avec chacune des commandes précédentes. Observer les différences.

***nano*** : éditeur de texte en ligne de commande (CTRL+O = enregistrer, CTRL+X = quitter)

(?) Créer un fichier "script.sh", écrire ce qui suit puis sauvegarder et quitter nano. Rendre le fichier exécutable. Lancer le script en tapant la commande "./script.sh"

```

#!/bin/bash

# Le symbole '#' indique un commentaire
# Un commentaire ne sera pas execute par le script.

# La variable 'input' contient le chemin du fichier 'exemple.txt'
input='exemple.txt'

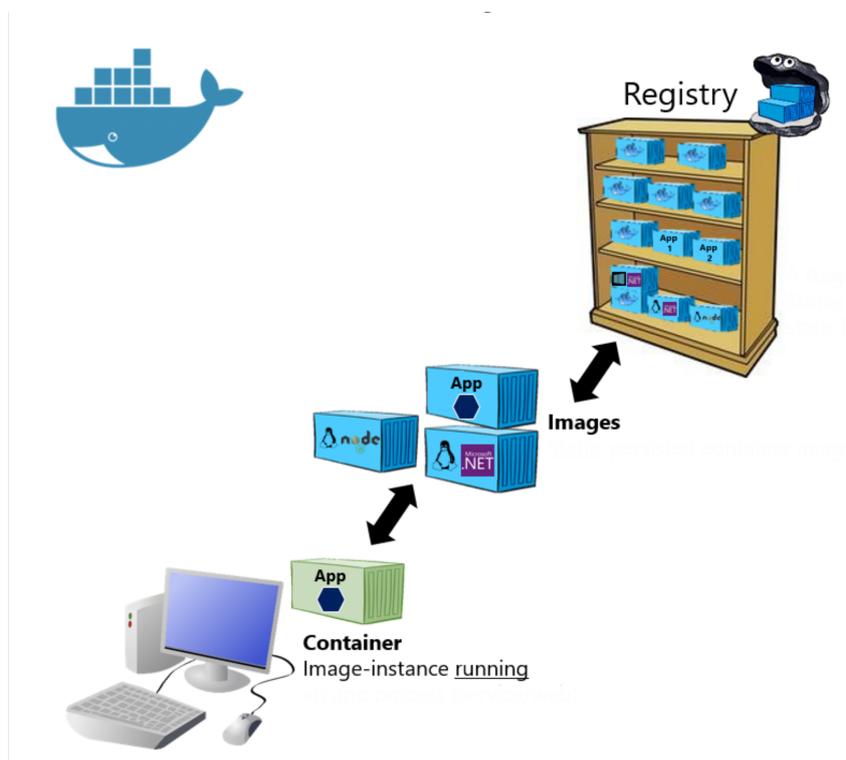
# Deplacement vers le dossier de travail
cd /home/prenom.nom/club_bioinfo/seance1/

# Pour chaque ligne du fichier
# la variable 'line' contiendra la ligne en cours de lecture
while read line
# Faire
do
    # afficher la ligne en cours de lecture
    # L'utilisation d'une variable est precedee par '$'
    echo $line

# Fin de l'action et specification du fichier lu
done < $input

```

## 2 Lancement de jobs sur le cdc



***cdc -h*** : affiche les différentes commandes du cdc

***cdc usage*** : visualiser l'utilisation du cdc (disponibilités)

(?) Visualiser l'espace sur "yubaba"

***cdc images*** : lister les images disponibles sur le cdc

(?) Lister les images disponibles

***cdc ps -a*** : visualiser les jobs en cours sur le cdc

(?) Tester un cdc ps -a

```
[benedicte.condamine@budo ~]$ cdc ps -a
barracuda
ODg6ZjM0MDM5NjA1YTEmCg==  cdc.local/phylogeny:2.0  "/bin/bash -c 'ip li..."  19 seconds ago  Up 18 seconds  benedicte.condamine-2
ODg6YjA1ZmI2ZGM3MDdmCg==  cdc.local/phylogeny:2.0  "/bin/bash -c 'ip li..."  33 seconds ago  Up 32 seconds  benedicte.condamine-1
muskaka
nausica
porco
san
satsuki
totoro
yubaba
```

***cdc rund*** : lancer un job sur le cdc

```
$ cd /home/prenom.nom
$ cdc rund quality script.sh
```

(?) Lancer l'exécution de votre script précédent dans le docker "quality"

Lors du lancement de la commande un numéro de job s'affiche :

Submitting job 3...

Durant l'exécution du script, deux fichiers avec ce numéro sont créés :

job3.e job3.o

Le fichier jobN.o est la sortie standard et le fichier jobN.e est l'erreur standard.

Le fichier jobN.e permet d'identifier les erreurs dans le script lancé.

***cdc runit*** : lancer un docker

```
[prenom.nom@budo ~]$ cdc runit quality
[prenom.nom@job16 /]$
```

(?) Ouvrir le docker "quality"

(?) Lancer votre script précédent

***cdc logs*** : visualiser les logs (.o et .e) d'un runit

```
$ cdc logs ODg6YjA1ZmI2ZGM3MDdmCg==
```

(?) Visualiser le logs du dernier job

```
cdc stop : arreter un job sur le cdc  
$ cdc stop ODg6YjA1ZmI2ZGM3MDdmCg==
```

## **3 Contrôle qualité**

### **3.1 Rappel FastQC**

cf présentation dans `/home/progs/docker/public/club_bioinfo/Supports`