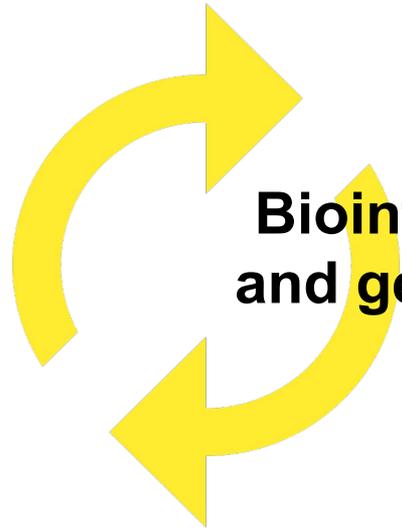


Modules de formation 2022





Bioinformatics platform dedicated to the genetics and genomics of tropical and Mediterranean plants and their pathogens

genome assembly SNP detection
phylogeny structural variation
comparative genomics transcriptome assembly differential expression
GWAS pangenomics
population genetics metagenomics
polyploidy



Rice



Banana



Palm



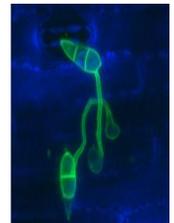
Sorghum



Coffee



Cassava



Magnaporthe



Larmande Pierre
Orjuela-Bouniol Julie
Sabot François
Tando Ndomassi
**Tranchant-Dubreuil
Christine**



Comte Aurore
Dereeper Alexis
Ravel Sébastien



Bocs Stephanie
Boizet Alice
De Lamotte Frédéric
Droc Gaetan
Dufayard Jean-François
Hamelin Chantal
Martin Guillaume
Pitollat Bertrand
Ruiz Manuel
Sarah Gautier
Summo Marilyne



Rouard Mathieu
Guignon Valentin
Catherine Breton



Sempere Guilhem

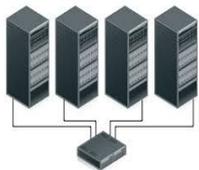
Workflow manager

TOOLBOX
Toolbox for generic NGS analyses

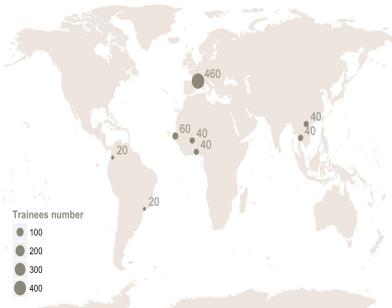
●●●●●
SNAKEMAKE

Galaxy

HPC and trainings....



37 courses organized last 7 years



cirad

Genome Hubs & Information System



Gigwa

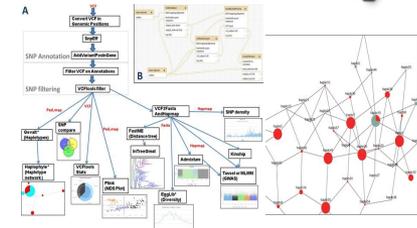
SNPs and Indels



Family Id	Family Name	Number of sequences	Status
EP000010	Cytoschrome P450 superfamily	6942	●●●
EP000017	AP2/ERF/ERF transcription factor family: ERF/ERF group (partial)	5142	●●●
EP000020	NAC transcription factor family	4574	●●●
EP000028	MADS transcription factor family		
EP000018	Hamam peroxidase superfamily		
EP000066	General substrate transporter superfamily		
EP000022	Subtilisin-like Serine Proteases family		
EP000019	NPF, NRT/PIPR FAMILY		

Gene families

SNIPlay



<https://github.com/SouthGreenPlatform>



@green_bioinfo



Tous à
20% sauf
NT



AUORE
COMTE

IE bioinfo



ALEXIS
DEREEPER

IE bioinfo



BRUNO
GRANOILLAC

IE systèmes
d'information



JULIE
ORJUELA

IE bioinfo



NDOMASSI
TANDO

IE systèmes



CHRISTINE
TRANCHANT

IR bioinfo

EURO-QUALITY SYSTEM

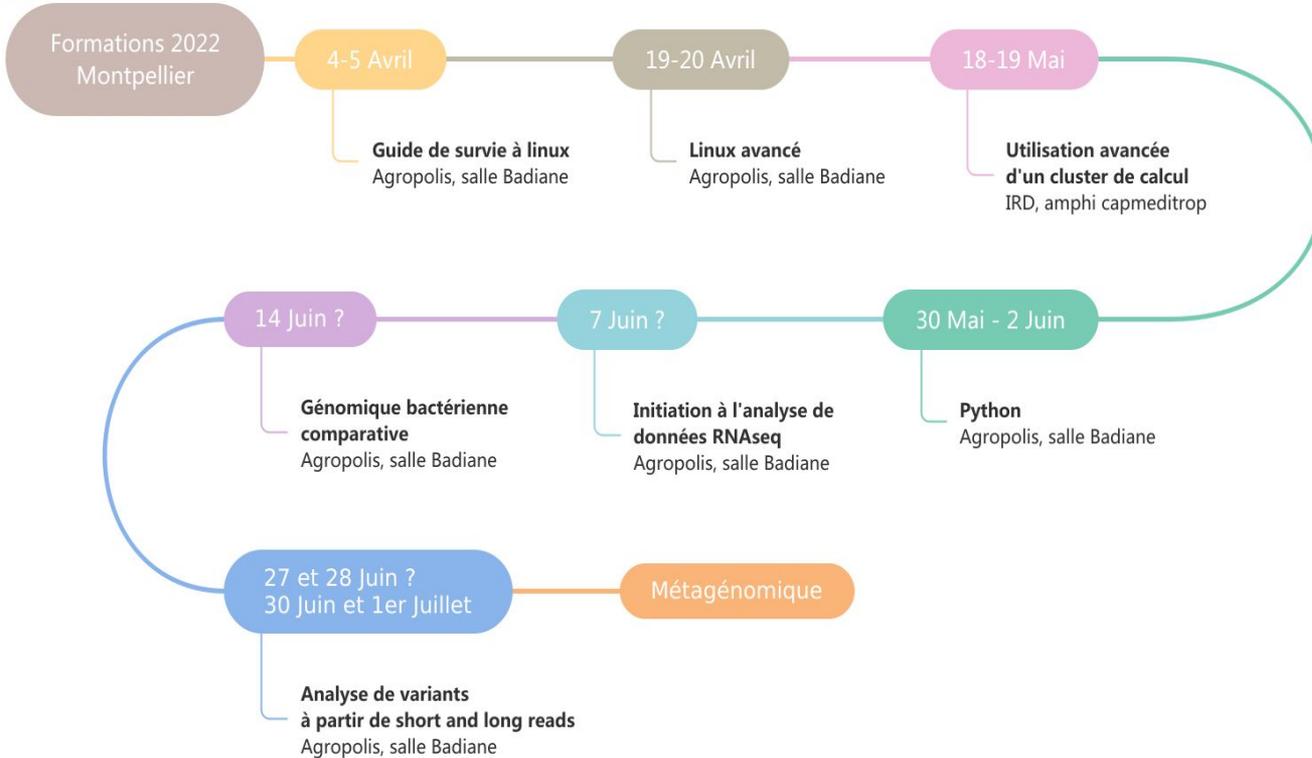


ISO 9001



Plant
Health
Institute
Montpellier





Modules de formation 2022

- Toutes nos formations :
<https://southgreenplatform.github.io/trainings/>
- Topo & TP : [Linux For Dummies](#)
- Environnement de travail : [Logiciels à installer](#)

Guide de survie à Linux



www.southgreen.fr

<https://southgreenplatform.github.io/trainings>



The objectif!

Lancez vos analyses bioinformatiques sous Linux !



Applications

Connaître les principales commandes sous Linux

- Se déplacer dans l'arborescence de fichier : *pwd*, *ls*, *cd*, *mkdir*, ...
- Se connecter à un serveur, transférer les données : *ssh*, *wget*
- Manipuler des fichiers : *head*, *tail*, *sort*, *cut*, *wc*, *grep*
- Lancer des logiciels bioinformatiques en ligne de commande



Introduction

- **Systeme d'exploitation** réputé pour :
 - sa sécurité
 - ses mises à jour fréquentes
 - son prix et ses programmes gratuits

- Créé en 1991 par **Linus Torvalds**

- Basé sur l'OS propriétaire Unix (1969)

- Linux **gratuit** et **libre**

on peut avoir le code source, la "recette de fabrication"
on peut copier, modifier, redistribuer



- **Système robuste et multi-plateforme**
- **Système multi-utilisateurs**

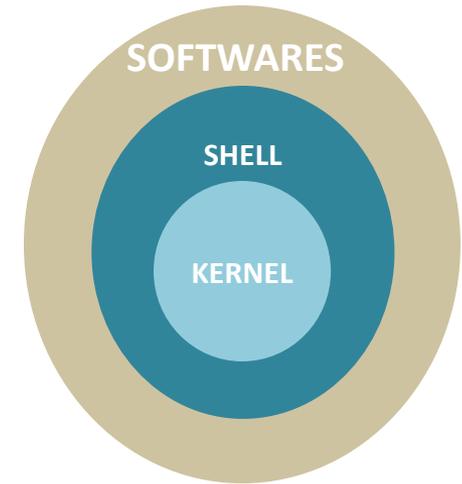
Plusieurs utilisateurs peuvent travailler en même temps

- **Système multi-tâches (processus/programmes)**

Chaque utilisateur peut lancer plusieurs programmes en même temps



Distribution : Noyau/Coeur + logiciels/programmes



- 2 façons d'utiliser linux :

en *mode graphique*

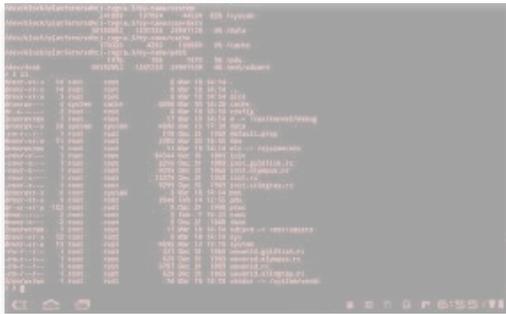




- Nombreux programmes rapides & puissants
- Facile de lier des commandes/programmes entre eux (workflow)
- Nombreux outils bioinformatique disponibles
- 90% des serveurs fonctionnent sous Linux



- Nombreux programmes rapides & puissants
- Facile de lier des commandes/programmes entre eux (workflow)
- Nombreux outils bioinformatique disponibles
- 90% des serveurs fonctionnent sous Linux



**Pas d'interfaces
graphiques**

**Convivialité de la ligne
de commande ?**





Nécessité de la pratique et de l'expérience

↔ Investissement non négligeable pour de bons résultats rapidement

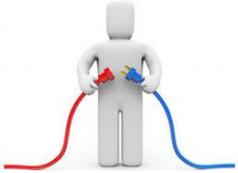


Environnement de travail

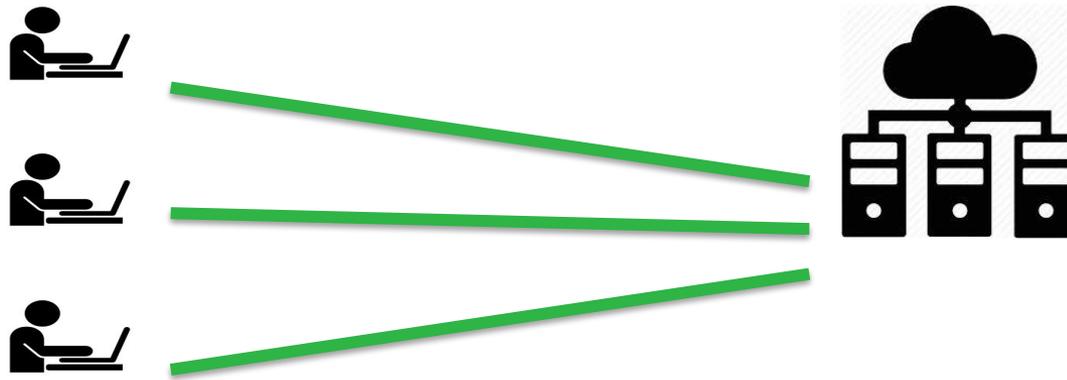
*Comment copier un fichier de son PC sur
le serveur ?*



Copier un fichier de son PC sur le serveur ?



- En se connectant sur un serveur linux distant de son ordinateur via le **protocole sftp**



HPC South Green

- itrop (IRD)

bioinfo-nas.ird.fr



Filezilla

FileZilla

Hôte : Identifiant : Mot de passe : Port : Connexion rapide ▼

Site local : /U: Gestionnaire de Sites

Sélectionnez une entrée :

- ▼ Mes Sites
 - Nouveau site
 - bioinfo-inter
 - 2 **nas**

1 **Nouveau Site** Nouveau Dossier
Nouveau Favori Renommer
Supprimer Dupliquer

Général Avancé Paramètres de transfert

Hôte : bioinfo-nas.ird.fr
Protocole : SFTP - SSH File Transfer Protocol
Type d'authentification : Normale
Identifiant : tranchant
Mot de passe : ●●●●●●

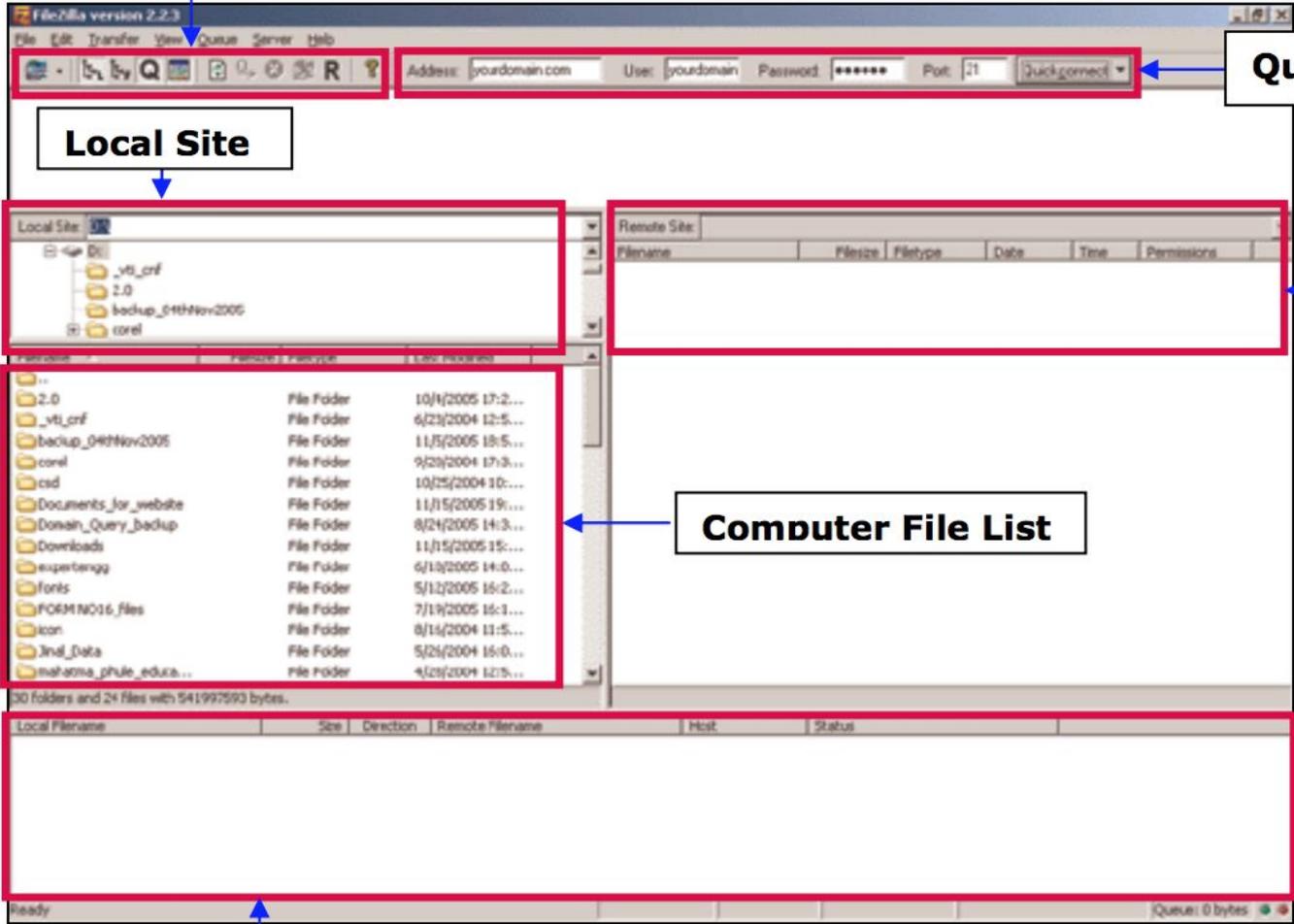
Couleur de fond : Aucune ▼
Commentaires :

4 **Connexion**



Filezilla

Quick Links



Quick connect bar

Local Site

Remote Site

Computer File List

Queue Manager



Practice

filezilla, sftp

1

Go to [Practice 1](#) on our github



Environnement de travail

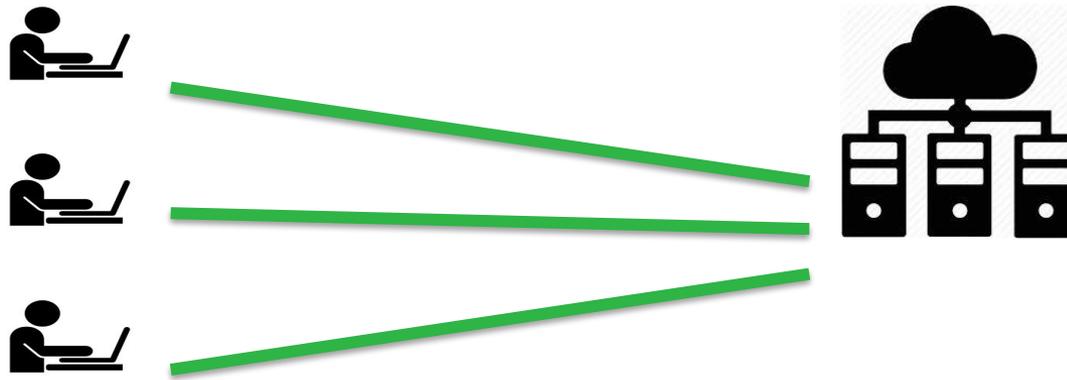
Comment travailler sur le serveur ?



Comment travailler sur le serveur ?



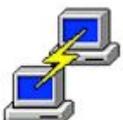
- En se connectant sur un serveur linux distant de son ordinateur via le *protocole ssh*



HPC South Green

- itrop (IRD)

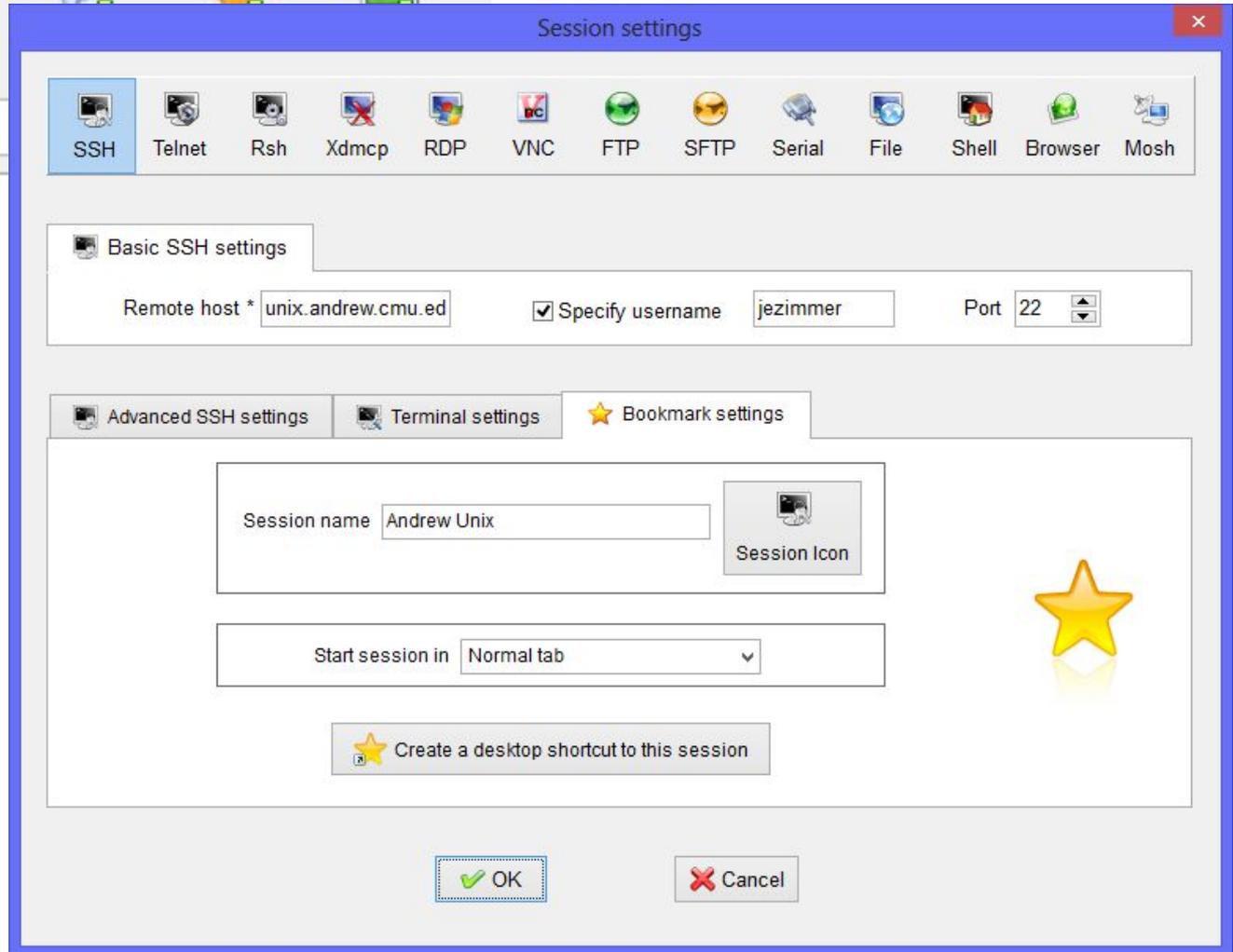
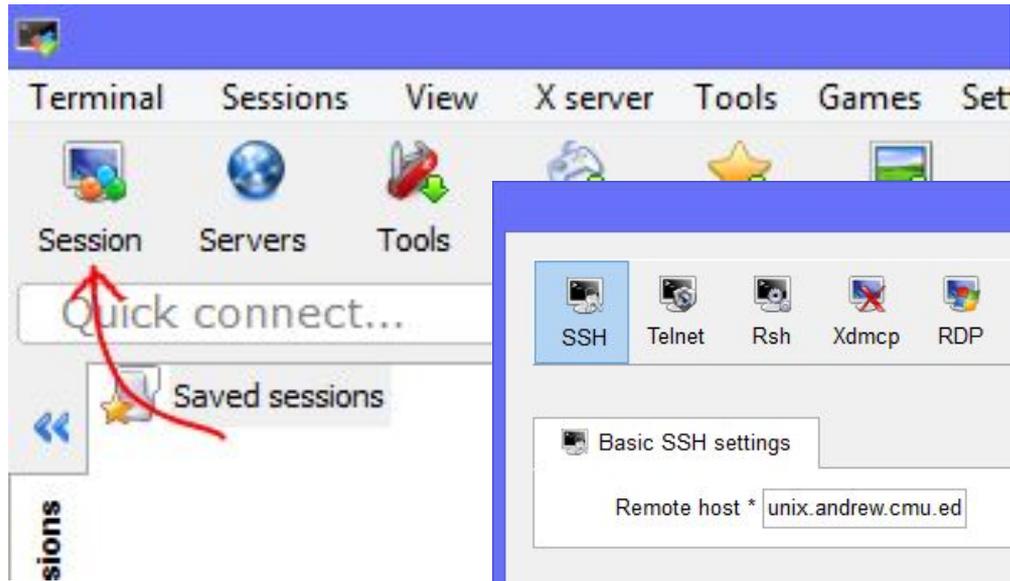
bioinfo-inter.ird.fr



PuTTY



Comment travailler sur le serveur ?





Comment travailler sur le serveur ?

```
tranchan — CLUSTER — ssh bioinfo-inter.ird.fr -ltranchant — 13
Last login: Sat Mar 16 11:48:06 on ttys002
MacBook-Pro-de-Christine:~ tranchan$ ssh bioinfo-inter.ird.fr -ltranchant
Warning: Permanently added the ECDSA host key for IP address '64:ff9b::5bcb:2296'
Enter passphrase for key '/Users/tranchan/.ssh/id_rsa':
```



Practice

MobaXterm,
terminal, ssh

2

Go to [Practice 2](#) on our github



Premiers Pas sur Linux

Commandes relatives à l'arborescence de
fichiers

Toujours présent sur le terminal, juste avant de taper la commande

Prompt

```
[tranchant@node6 data]$
```

Toujours présent sur le terminal, juste avant de taper la commande

Prompt

```
[tranchant@node6 data]$
```

Nom
utilisateur

Nom
serveur

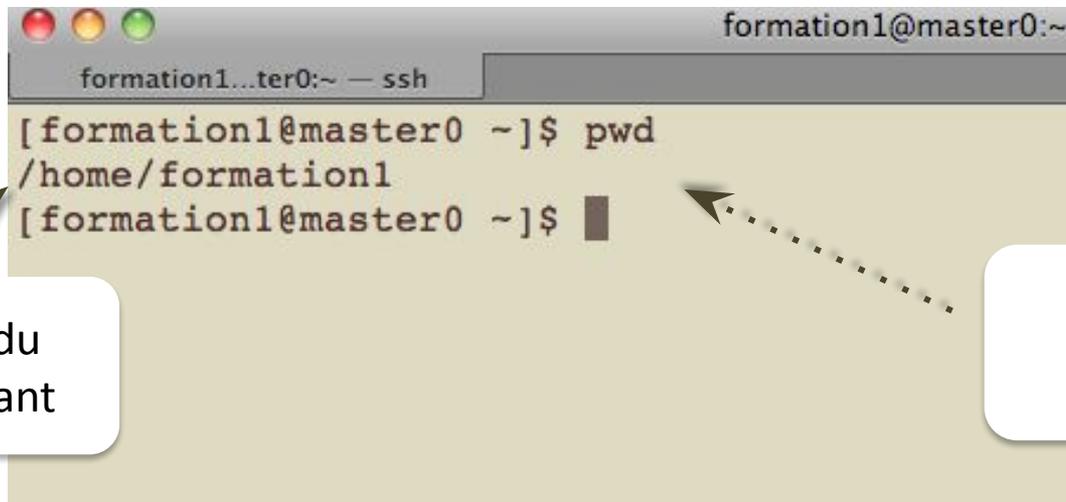
Répertoire
courant

commande [-options] [arguments]

pwd

Present Work Directory

affiche nom du répertoire courant (et son chemin complet)



```
formation1@master0:~  
formation1...ter0:~ — ssh  
[formation1@master0 ~]$ pwd  
/home/formation1  
[formation1@master0 ~]$ █
```

Affiche le nom du répertoire courant

Commande sans options et sans argument

ls
list

liste fichiers & répertoires présents dans le répertoire courant

```
formation1@master0:~ — ssh — 97x37  
formation1@master0:~ — ssh  
[formation1@master0 ~]$ ls  
data  scripts
```

Liste des fichiers du répertoire courant (par défaut)

Commande sans options et sans argument

ls -l
list long

liste les fichiers avec des informations pour chaque fichier/répertoire

Commande avec l'option l et le nom d'un répertoire en argument

```

[formation1@master0 ~]$ ls -l /home/
total 312
drwx-----  6 abate      sat          4096 12 mars   2012 abate
drwx-----  5 adam        ggr          4096 23 mars   2012 adam
drwx----- 31 admin      admin       4096  3 août   11:35 admin
drwx-----  9 alizon     ete          4096 21 août   14:23 alizon
drwx----- 12 alvaro-wis effecteurs  4096 17 juin   16:19 alvaro-wis
drwx-----  4 auguy     rhizogenesis 4096  2 mars   2012 auguy
drwx-----  5 ayouba    team1        4096 13 avril  2012 ayouba
drwx-----  5 beule     bdp          4096  8 oct.   17:49 beule
drwx-----  9 bouniol   ggr          4096  2 oct.   15:00 bouniol
drwx----- 10 castillo  bdp          4096 10 oct.   15:55 castillo
  
```

liste détaillée des fichiers

Comment obtenir de l'aide sur une commande?

- avec l'option *--help* ou *-h* *ls --help* *blastn -h*
- avec la commande *man* *man ls*
- avec la commande *whatis* *whatis ls*

```
tranchan — tranchant@master0:~ — ssh bioinfo-master.ird.fr -ltranchant — 93x22
...nt@master0:~ — ssh bioinfo-master.ird.fr -ltranchant
~ — tranchant@master0:~ — -bash
~ — CLUSTER — -bash
[tranchant@master0 ~]$ whatis pwd
pwd (1)          - Afficher le nom du répertoire de travail en cours
pwd (n)          - Return the absolute path of the current working directory
pwd (1p)         - return working directory name
[tranchant@master0 ~]$
```

speaker notes

Arborescence linux

pwd

Affiche le chemin absolu

ls

Liste tous les fichiers/répertoires

ls -l

Affiche toutes les informations sur les fichiers



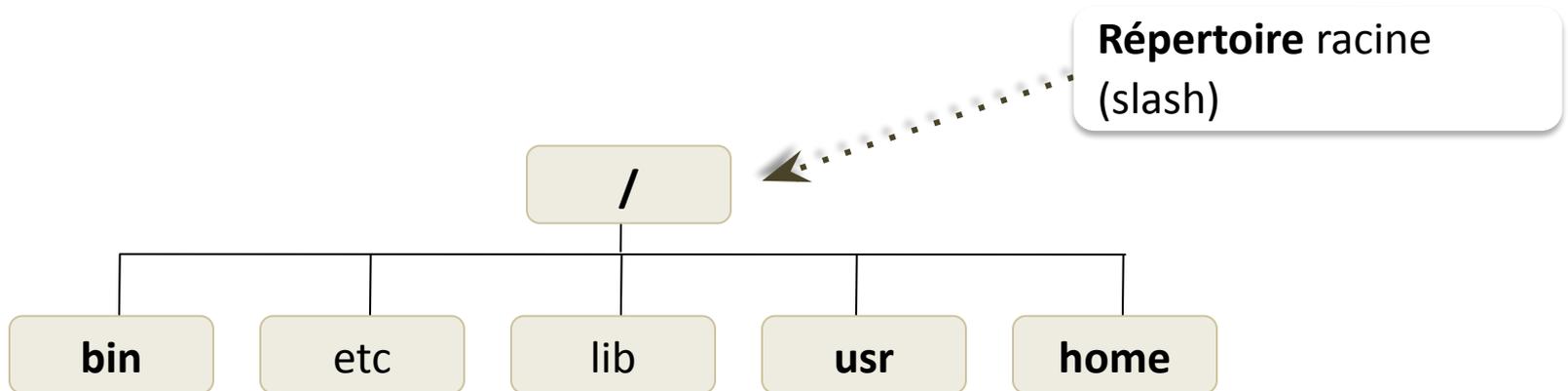
Practice

prompt, pwd

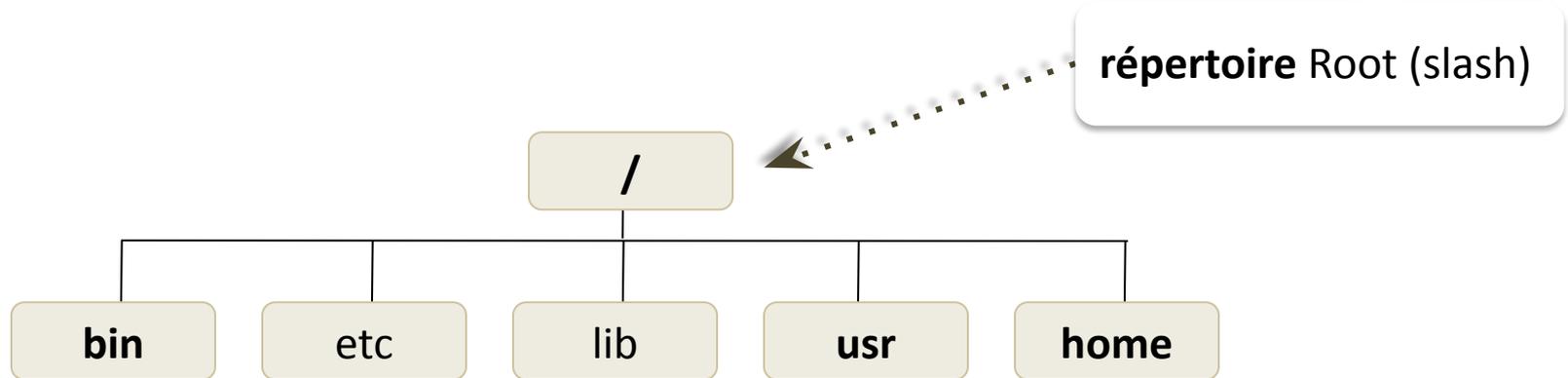
3

Go to [Practice 3](#) on our github

- Arborescence = système de fichiers
- Répertoire racine appelé “/”



Principaux répertoires



/bin	principales commandes système
/usr, /opt	Applications et librairies ex : /usr/local
/usr/bin	Autres commandes
/home	répertoire des utilisateurs (1 par utilisateur, name=login)

Chemin (path) : chemin d'accès à un fichier/répertoire

Chemin (path) : chemin d'accès à un fichier/répertoire

absolu

- chemin complet du fichier en partant du répertoire racine /

Chemin (path) : chemin d'accès à un fichier/répertoire

absolu

- chemin complet du fichier en partant du répertoire racine /
- *commence toujours par /*
- **Toujours correct peu importe où on l'on travaille**

Chemin (path) : chemin d'accès à un fichier/répertoire

absolu

- chemin complet du fichier en partant du répertoire racine /
- commence toujours par /
- Toujours correct peut importe où on l'on travaille

relatif

- chemin défini par rapport à où l'on est dans l'arborescence

Chemin (path) : chemin d'accès à un fichier/répertoire

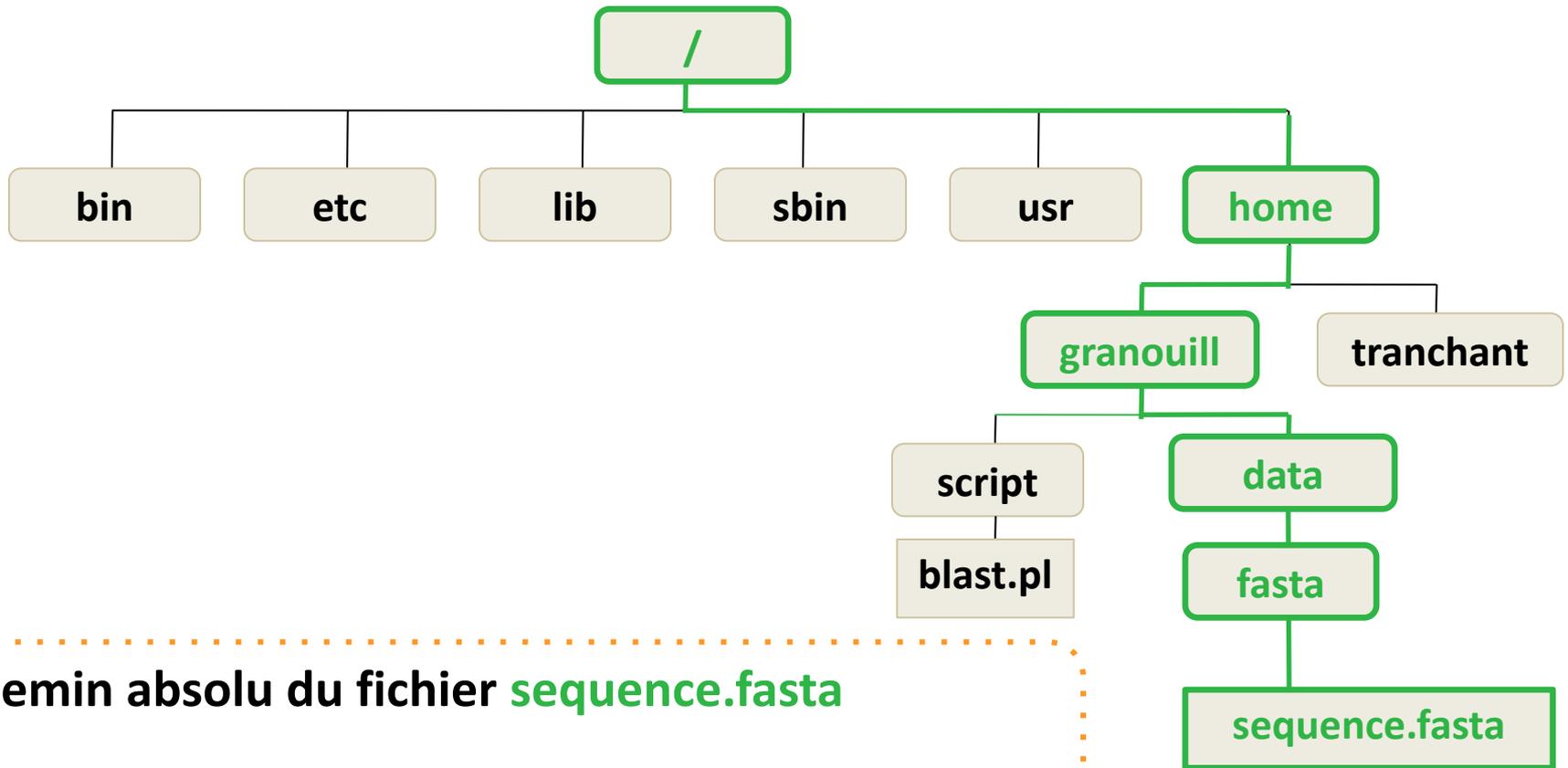
absolu

- chemin complet du fichier en partant du répertoire racine /
- commence toujours par /
- Toujours correct peut importe où on l'on travaille

relatif

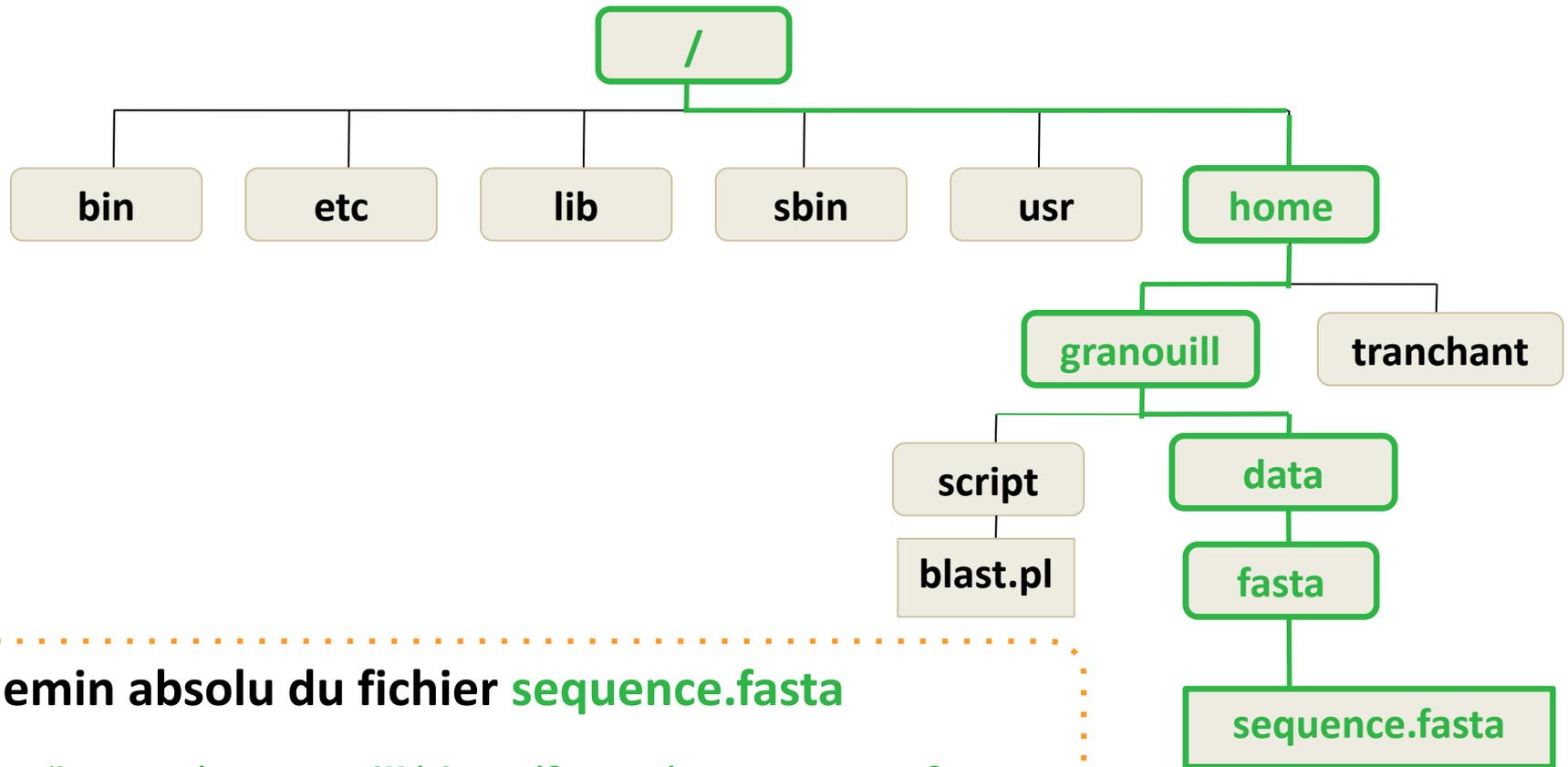
- chemin défini par rapport à où l'on est dans l'arborescence
- ***Ne commence jamais par /***
- **Change selon où l'on travaille**

- Commence toujours par / (le répertoire racine)
- **Toujours correct peu importe où l'on travaille**



Chemin absolu du fichier **sequence.fasta**

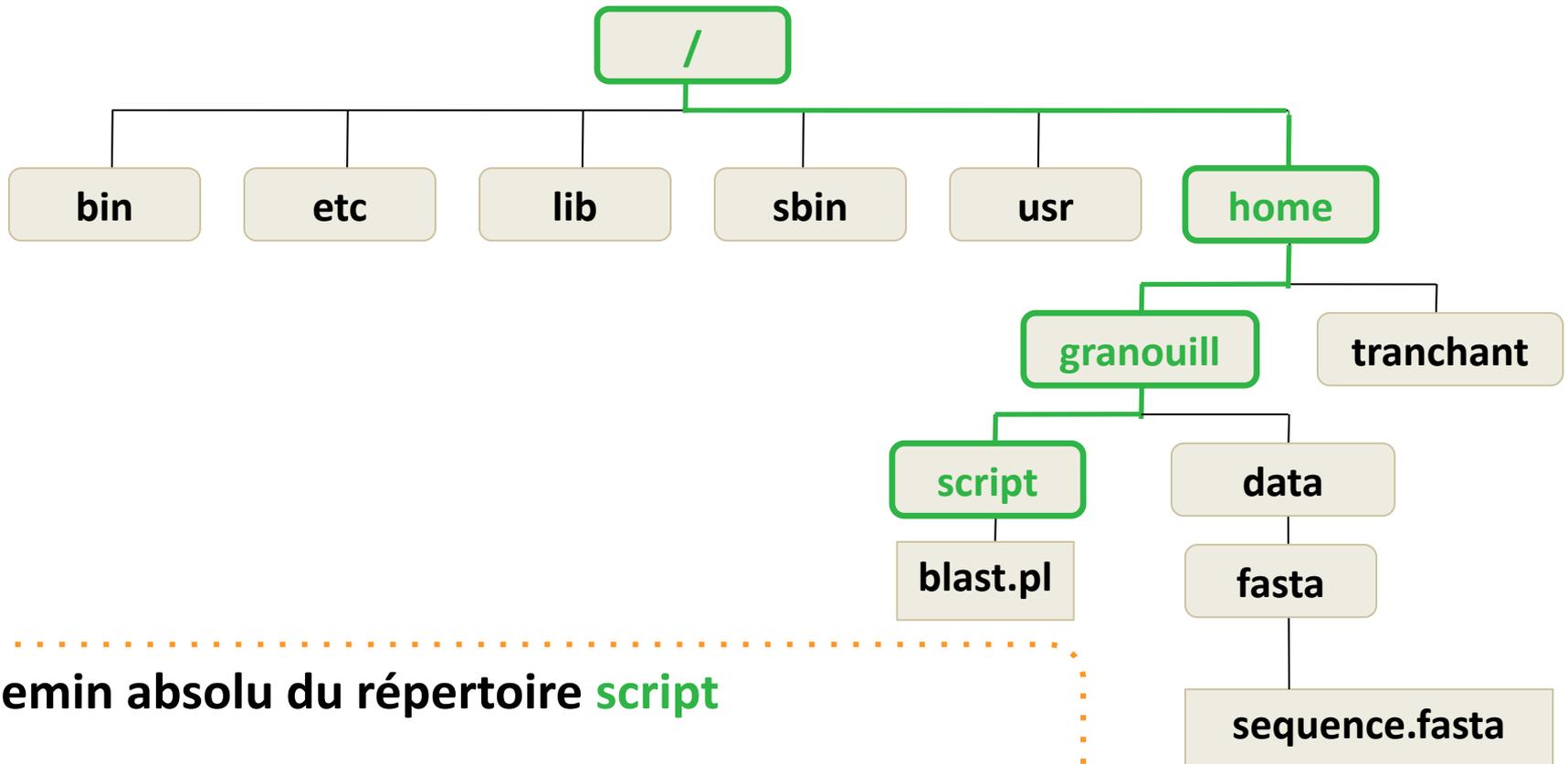
- Commence toujours par / (le répertoire racine)
- **Toujours correct peu importe où l'on travaille**



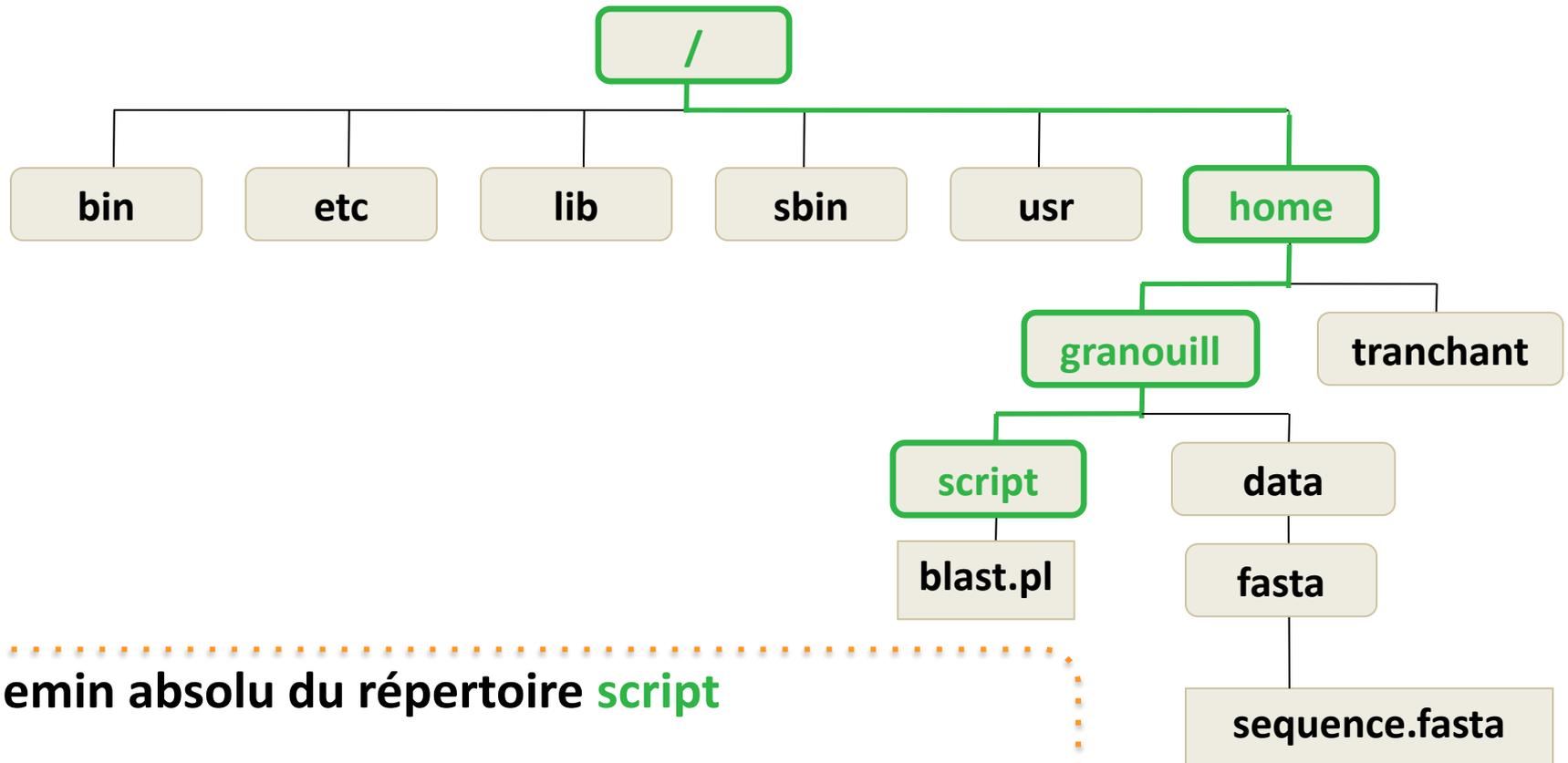
Chemin absolu du fichier **sequence.fasta**

`/home/granouill/data/fasta/sequence.fasta`

- Commence toujours par / (le répertoire racine)
- **Toujours correct peu importe où l'on travaille**



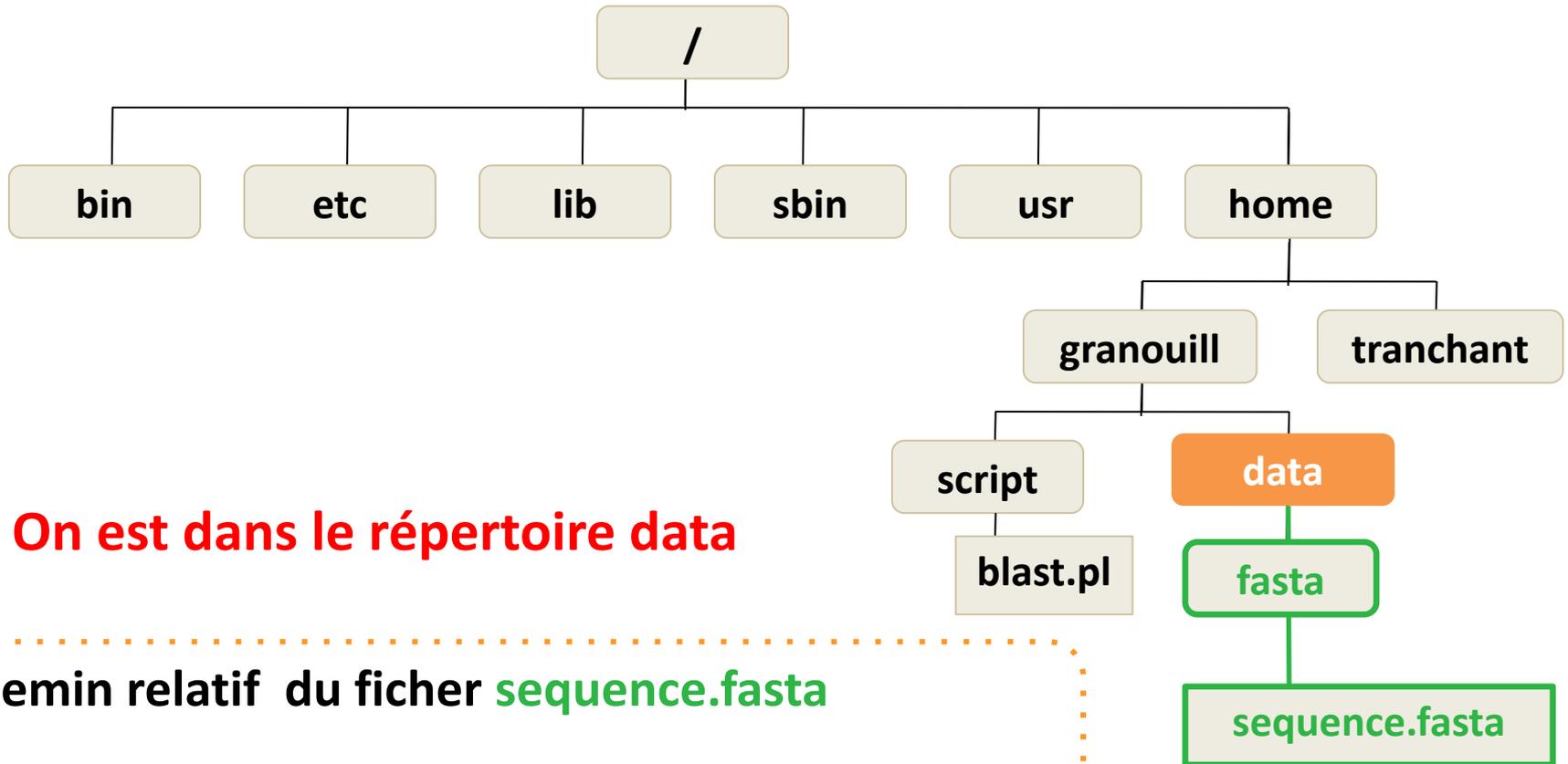
- Commence toujours par / (le répertoire racine)
- **Toujours correct peu importe où l'on travaille**



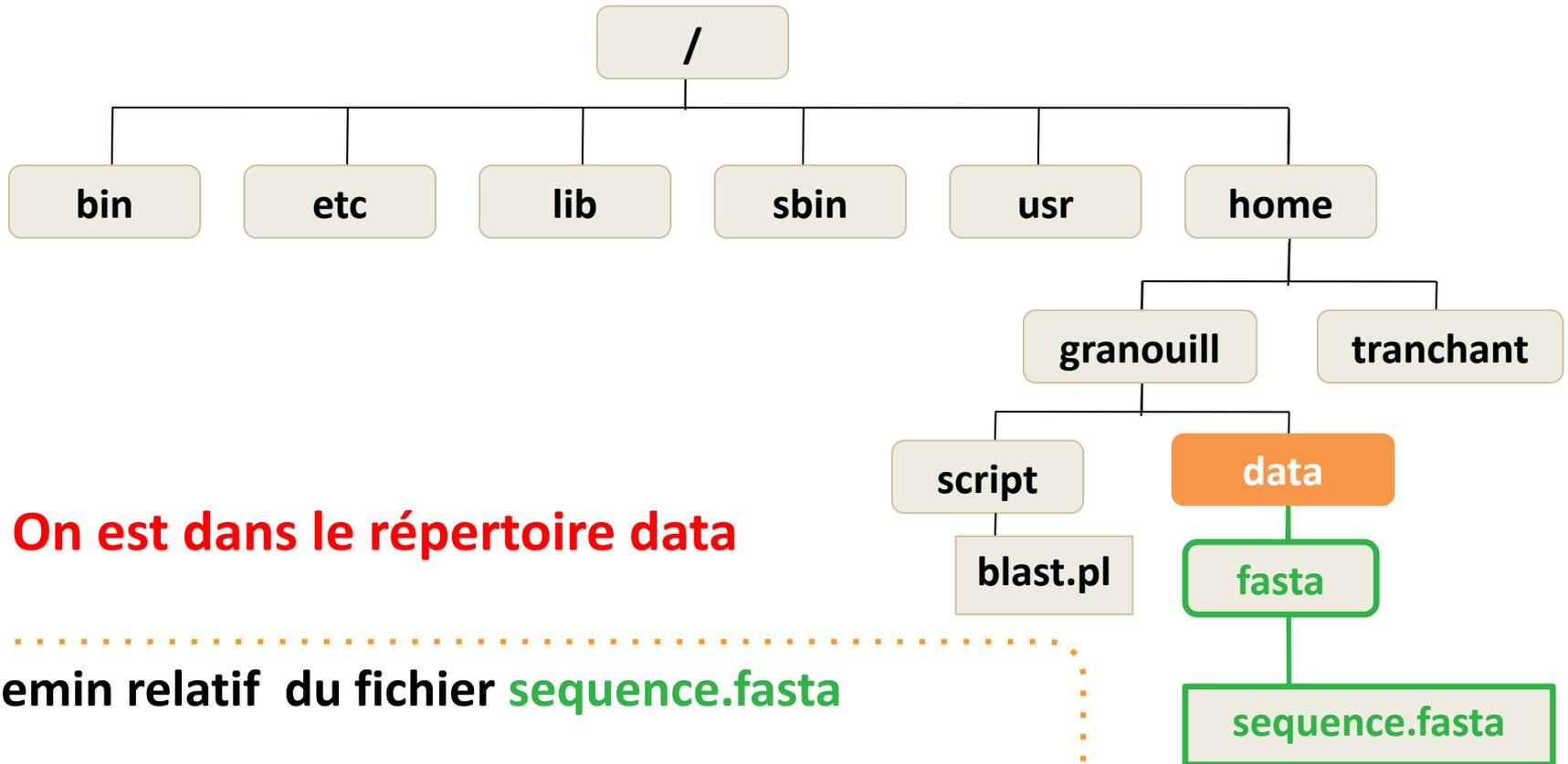
Chemin absolu du répertoire **script**

`/home/granouill/script`

- Défini par rapport où on est dans l'arborescence
- **Ne commence jamais par /**



- Défini par rapport où on est dans l'arborescence
- **Ne commence jamais par /**

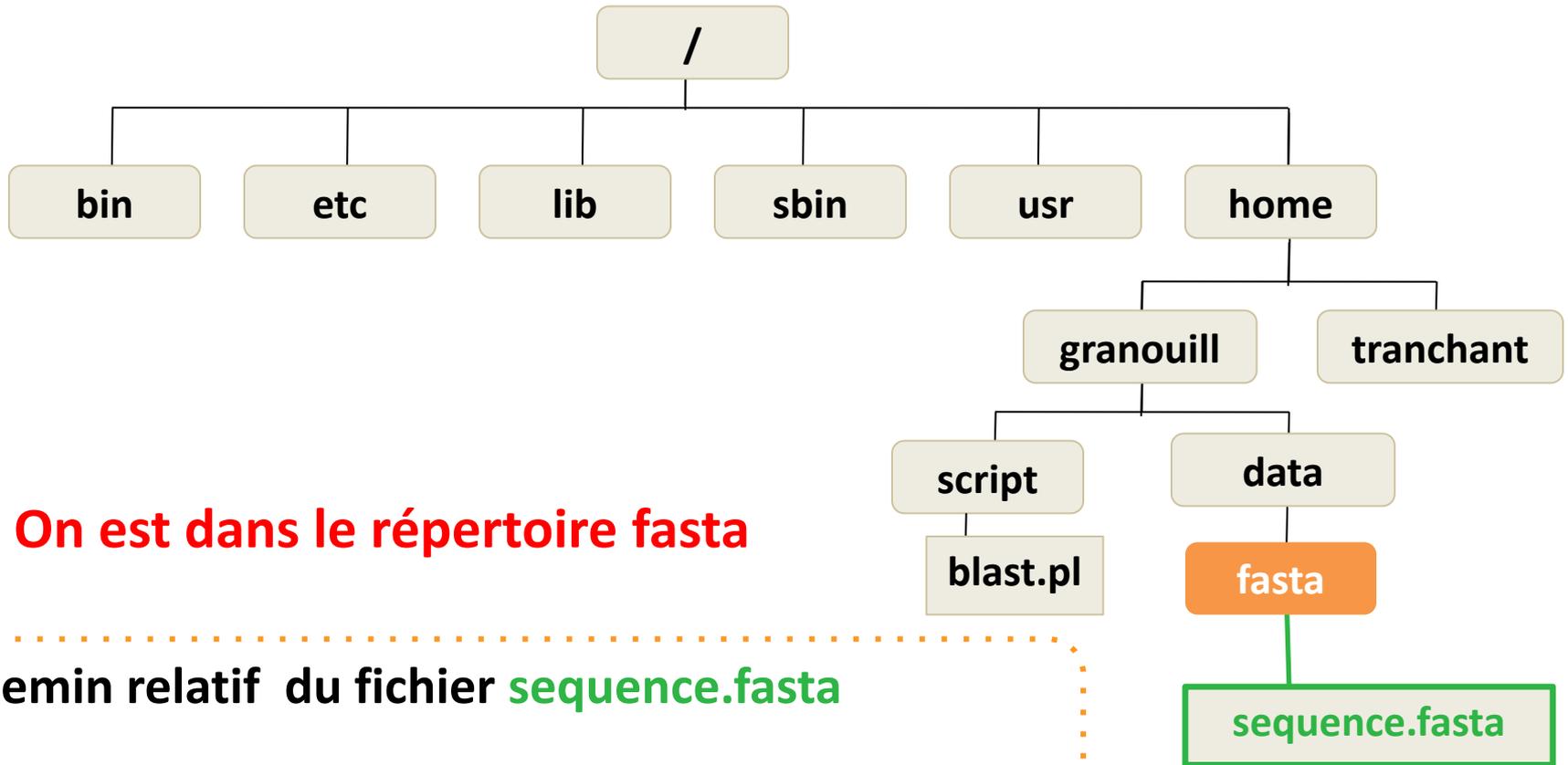


On est dans le répertoire data

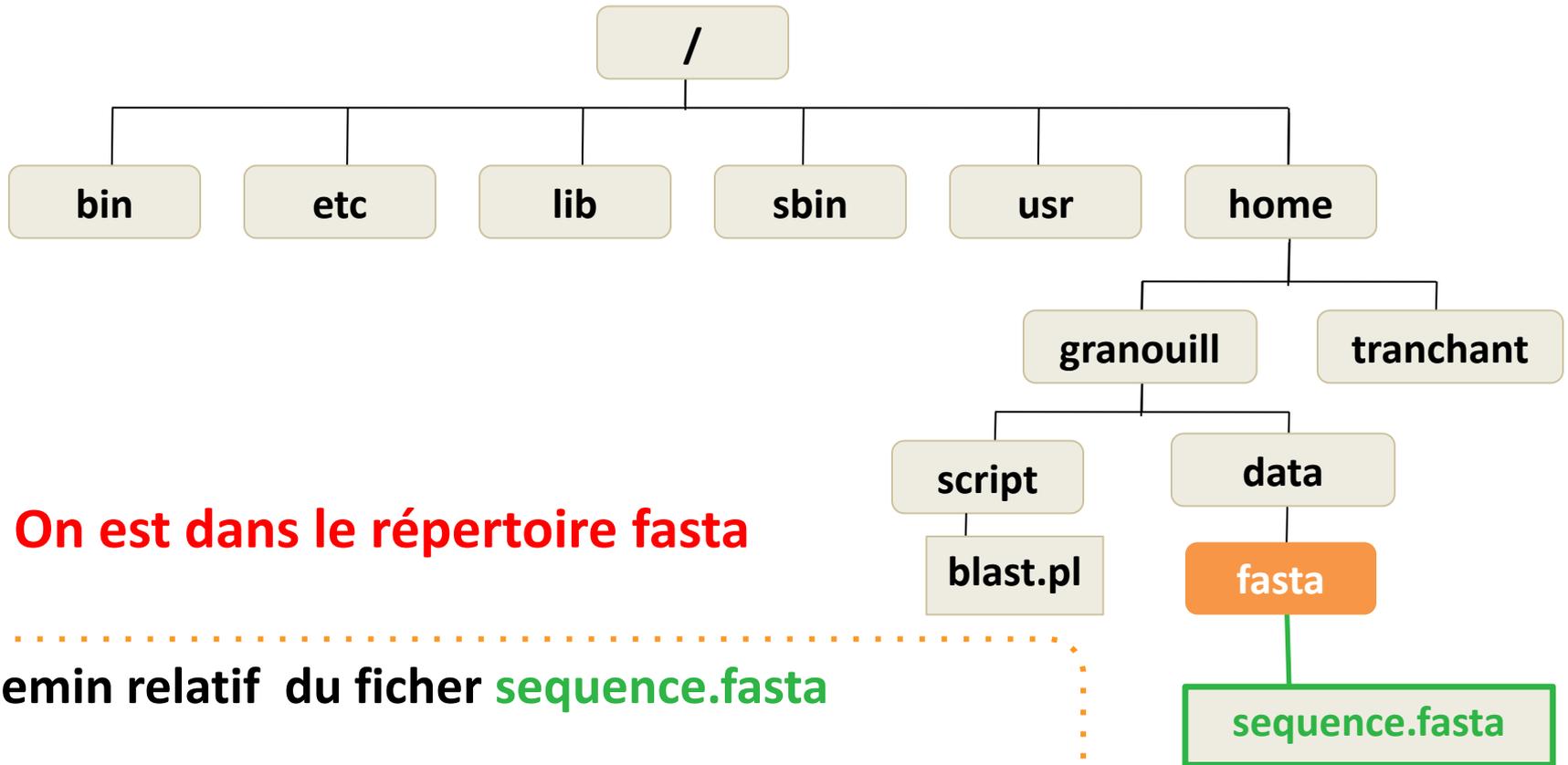
Chemin relatif du fichier **sequence.fasta**

fasta/sequence.fasta

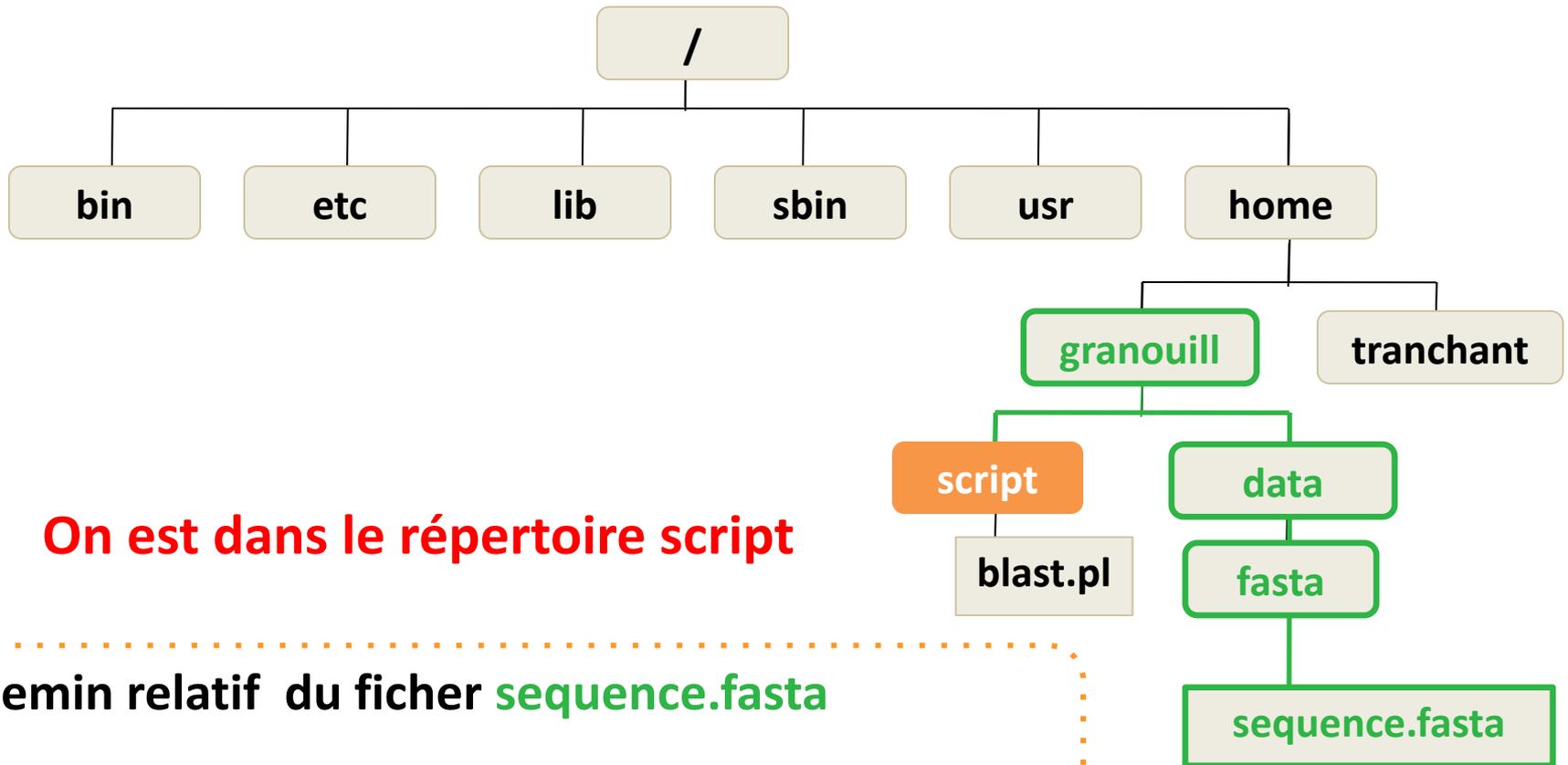
- Défini par rapport où on est dans l'arborescence
- **Ne commence jamais par /**



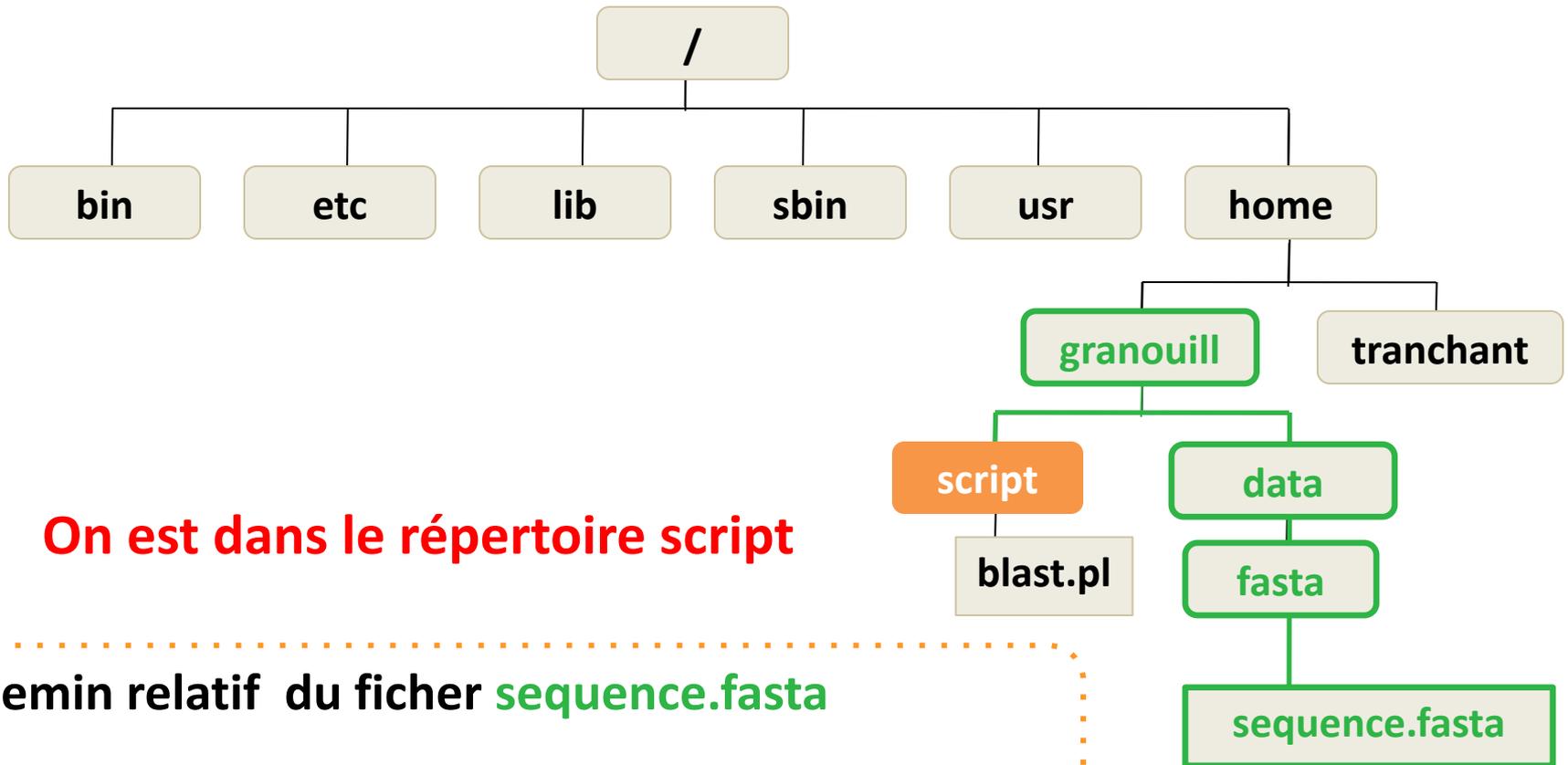
- Défini par rapport où on est dans l'arborescence
- **Ne commence jamais par /**



- Défini par rapport où on est dans l'arborescence
- **Ne commence jamais par /**



- Défini par rapport où on est dans l'arborescence
- **Ne commence jamais par /**



On est dans le répertoire script

Chemin relatif du fichier **sequence.fasta**

../data/fasta/sequence.fasta



Practice

Is

4

Go to [Practice 4](#) on our github

Interagir avec les processus

- <Ctrl> + C Arrêter le processus en cours sous le terminal
- <Ctrl> + Z

Tab completion

- <Tab> Complète automatiquement le nom d'un fichier/
répertoire qui est en cours de saisie (choix unique)
- <Tab><Tab> Affiche la liste des différentes possibilités si le
choix n'est pas unique

Interagir avec l'historique de commandes

Flèche bas/haut - Afficher la commande précédente/suivante
- Presser plusieurs fois pour naviguer dans l'historique

<Ctrl> + R - Afficher la dernière commande qui contient les caractères saisis.
- Presser les touches et commencer à taper la commande recherchée

- Linux est sensible à la casse

Sequence.fasta **≠** SEQUENCE.fasta **≠** sequence.fasta

- Utiliser uniquement des lettres, chiffres et caractères _ . -
- PAS d'espaces, accents et caractères spéciaux

& ~ # " ' { ([| ` \ ^ @)] } \$ * % ! / ; , ?

- Le suffixe des noms de fichiers (.txt, .fasta, .fa, .fq etc.) est optionnel



Travailler avec les “jokers”

Métacaractères : *, []

C'est un caractère qui peut être utilisé comme substitut de plusieurs caractères ou classes de caractère dans une recherche

Peut être utilisé avec de nombreuses commandes linux

*

N'importe quelle chaîne de caractère



KYVF-01.R1.fastq

KYVF-02.R1.fastq

KYVF.sam

ZO16.fastq

KYVF-01.R2.fastq

KYVF-02.R2.fastq

KYVF.bam

ZO16.bam

```
ls *fastq
```

*

N'importe quelle chaîne de caractère



KYVF-01.R1.fastq

KYVF-02.R1.fastq

KYVF.sam

ZO16.fastq

KYVF-01.R2.fastq

KYVF-02.R2.fastq

KYVF.bam

ZO16.bam

```
ls *fastq
```

```
KYVF-01.R1.fastq
```

```
KYVF-02.R1.fastq
```

```
ZO16.fastq
```

```
KYVF-01.R2.fastq
```

```
KYVF-02.R2.fastq
```

*

N'importe quelle chaîne de caractère



KYVF-01.R1.fastq

KYVF-02.R1.fastq

KYVF.sam

ZO16.fastq

KYVF-01.R2.fastq

KYVF-02.R2.fastq

KYVF.bam

ZO16.bam

```
ls KYVF*fastq
```

*

N'importe quelle chaîne de caractère



KYVF-01.R1.fastq

KYVF-02.R1.fastq

KYVF.sam

ZO16.fastq

KYVF-01.R2.fastq

KYVF-02.R2.fastq

KYVF.bam

ZO16.bam

```
ls KYVF*fastq
```

```
KYVF-01.R1.fastq
```

```
KYVF-02.R1.fastq
```

```
KYVF-01.R2.fastq
```

```
KYVF-02.R2.fastq
```

- * N'importe quelle chaîne de caractère
- [ensemble]** Tous les caractères dans l'ensemble
- [!ensemble]** Tous les caractères pas dans l'ensemble



KYVF-01.R1.fastq	KYVF-02.R1.fastq	KYVF.sam	ZO16.fastq
KYVF-01.R2.fastq	KYVF-02.R2.fastq	KYVF.bam	ZO16.bam

```
ls *. [sb]am
```

- * N'importe quelle chaîne de caractère
- [ensemble] Tous les caractères dans l'ensemble
- [!ensemble] Tous les caractères pas dans l'ensemble



KYVF-01.R1.fastq	KYVF-02.R1.fastq	KYVF.sam	ZO16.fastq
KYVF-01.R2.fastq	KYVF-02.R2.fastq	KYVF.bam	ZO16.bam

`ls *. [sb]am`

KYVF.sam ZO16.bam

KYVF.bam

`= ls *. [!f]*`



Practice

ls, *

5

Go to [Practice 5](#) on our github



Commandes relative à l'arborescence de fichiers

commande cd

cd

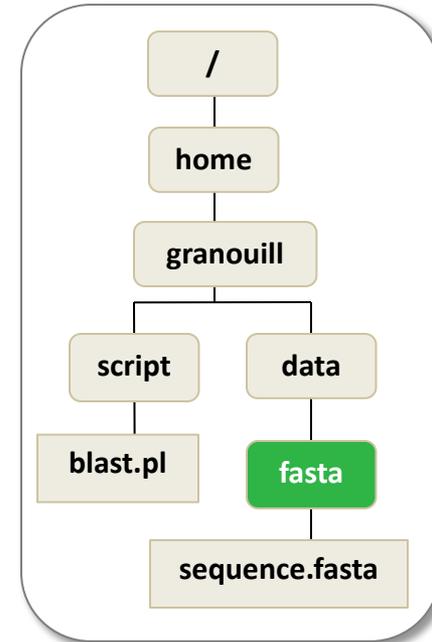
pour se déplacer dans l'arborescence

Change Directory

`cd nom_repertoire (chemin absolu ou relatif)`

`cd nom_repertoire(chemin absolu ou relatif)`

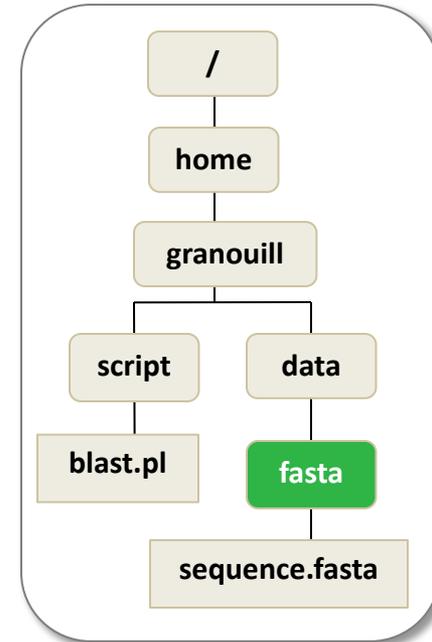
Chemin absolu :



`cd nom_repertoire(chemin absolu ou relatif)`

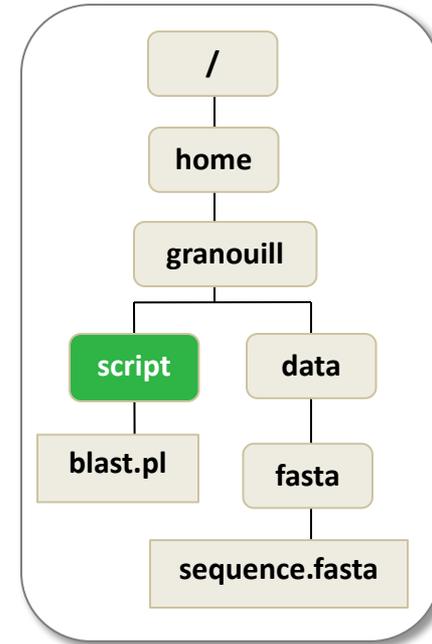
Chemin absolu :

`cd /home/granouill/data/fasta`



`cd nom_repertoire(chemin absolu ou relatif)`

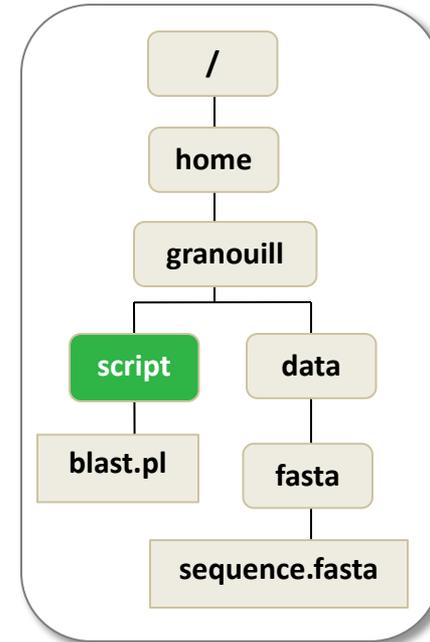
Chemin absolu :



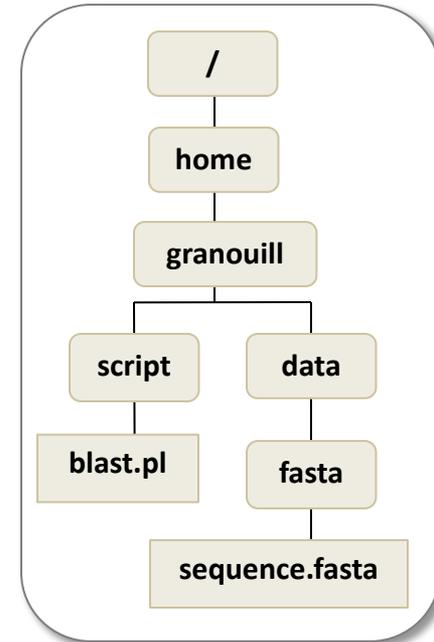
`cd nom_repertoire(chemin absolu ou relatif)`

Chemin absolu :

`cd /home/granouill/script/`



`cd nom_repertoire (chemin absolu ou relatif)`



Chemin relatif :

Commande	Se déplace dans	
<code>cd directory_name</code>	<code>directory_name</code>	
<code>cd</code>	<i>home directory</i>	Retour au répertoire de l'utilisateur courant home
<code>cd ..</code>	le répertoire parent	Remonte d'1 répertoire
<code>cd ../..</code>	le répertoire parent du répertoire parent	Remonte de 2 répertoires

Arborescence linux

pwd	Affiche le chemin absolu
ls	Liste tous les fichiers/répertoires
cd rep_name	Se déplace dans rep_name

mkdir rep_name	Crée un répertoire
rm nom_fichier	Supprime un fichier
cp fichier_source repertoire_cible	Copie un fichier dans un répertoire
cp fichier_source nouveau_fichier	Copie un fichier sous un nouveau nom
cp fichier_source repertoire_cible/nouveau_fichier	Mix des 2



Practice

`pwd, cd, ls`

6

Go to [Practice 6](#) on our github



Practice

`mkdir, mv, ls, cp, rm`

7

Go to [Practice 7](#) on our github



**Des commandes pour éditer
des fichiers et les manipuler**

cat nom_fichier

*Affiche le contenu d'un fichier sans
pagination
(à éviter s'il est volumineux!!)*

```
MacBook-Pro-de-Christine:Data tranchan$ cat Data/Fasta/sequence.fasta
>Gxbjbsjxbjs
CCACCCCTCTTACAGTCTTCACCAAATGTCCTTTAAACTCCACCTAAAGTATCCAAAGA
CTCGAGAAATGCTGTGCCACAACCAGCTTTTGAGTCATCCATGACCGTTGATCTTCCTTT
GCCCCAGAGTGGGGCCTAGCACCATCTAGCTACTACTTGCCTTTCATACCCATCATTGG
GATACCCTGAATACCTATCTTATAAGTTCCATATGGCTTATATTTCTAAGTAAGAGATGC
ACTTAGTAAGTGCATGTCGCTTGACTTGTTTATACTCTAATGTATGATATTTATATCCC
TATAATATAGTGTTACTAATATATGTTTGGTATTGTGTAGACTCCATTGTACCATGGTGT
GCTAATTAGAAATAACATGCCAGCTTTGCTATTGTGGTTTGCAAGTAAAGTAAAAAAAAA
MacBook-Pro-de-Christine:Data tranchan$
```

less nom_fichier

Affiche le contenu d'un fichier

<space> pour défiler

q pour quitter

/ suivi par le mot recherché

less Data/Fasta/EST-68566-Coffeacaneophora.fasta

```
>gi|315911382|gb|GT649553.1|GT649553 CC00-XX-SH3-053-F02-EM.F Coffea canephora SH3 Coffea canephora cDNA clone CC00-X
X-SH3-053-F02-EM, mRNA sequence
AATATTTTGGGTGTCACCGTTCACCGCTAATCTTTCTGCACAAAGTAAGAGAAGGGTAACAAGTAAAAGGG
AGCGAGACTATGGCTGCCACATCTGCTGCAGTACTAAATGGATTGGGCTCTCCCTTTGACTGGTGGAA
GGAAAAGTCAGGCCCTGCTGGCTTCACCAGCTGCAGCTAGAGTCGGTGGTGTGCTGCTGTTGCTCCAAA
GAGATTAGTTGTGGTAGCTGCTCGTCCCTCCCAAGAAGTCATGGATTCCCTGGTGTAGAACTGGTCCAGGC
TTCTTTGACCCCGAGTATCTCGATGGCTCGCTCCCTGGTACTACGGTTTTGATCCACTTGGTCTTGGCA
AGGATCCAGCATTTCTTGAATGGTATAGAGAAGCTGAGCTCATTCATGGCAGATGGGCAATGACTGCAGT
TGTGGAAATCTTTGTTGGCCAGGCATGGAGTGGTATCCCATGGTTTCAAGCTGGCGCTGACCCCTGGTGCC
ATTGGCCATTCTCCTTTGGTTCGCTCCCTCGGTACTCAACTCCTGCTCA

>gi|315911381|gb|GT649552.1|GT649552 CC00-XX-SH3-077-D04-EM.F Coffea canephora SH3 Coffea canephora cDNA clone CC00-X
X-SH3-077-D04-EM, mRNA sequence
ATTTCATCGTATCTTGCCCTCTTTCTTTTCATCTCTCCTCTTCTTTTGTATCAGCATCAGAGGCACCGGCAGC
TTTTAAAAGCTTTATCACACACACACACATTTCTTTGTAGTCAGTCAGTGGCAACAATTACTGAGTACT
ACTAGTTACTTATCGAACAATTCGATTAGCTTTGCTAGGAGGTACCGTTTCGGTTGGTTGACTTGTGT
AGTATAAATATTGATGGCTGGGATGCTGTGCGGAGTTAACATTTGGAGGCGAGACTGAAACAGCTAAACCA
GTCGAGCCTAATTTCTCAGTCCGCTAGGCCGAGGAGGATGGAATTCATCACTTTCATATTGTAGCTTCGG
Data/Fasta/EST-68566-Coffeacaneophora.fasta
```

head Affiche les premières lignes d'un fichier
(n=10, 10 lignes par défaut) `head -n 20
script.pl`

tail affiche les dernières lignes d'un fichier
(n=10 par défaut) `tail -n 5 script.pl`

wc Compter le nombre de lignes, mots ou
caractères d'un fichier `wc script.pl
wc -l script.pl`

grep

pour rechercher un motif dans un fichier

```
grep [options] motif [file1, ... ]
```

**Pour rechercher un motif, le mettre entre simple/double quote
=> ex : 'gene' ou "gene"**

grep

pour rechercher un motif dans un fichier

```
grep [options] motif [file1, ... ]
```

Option	Description
-i	Recherche le motif sans tenir compte de la casse
-c	Compte le nombre de lignes dans lesquelles le motif a été trouvées
-v	Affiche seulement les lignes sans le motif
-l	Affiche uniquement les noms de fichiers dans lesquels le motif a été trouvé



Practice

Is

8

Go to [Practice 8](#) on our github

cut

Sélection de colonnes/champs d'un fichier

```
cut -d separateurColonne -f fieldNumber fileName
```

```
cut -d ":" -f1,5 /etc/passwd
```

Sélection des champs 1 et 5 dans un fichier tabulé
dont les colonnes sont séparées par un :

sort

Trier une ou plusieurs colonnes d'un fichier tabulé

```
sort -k2 fileName
```

sur la colonne 2 (tri alphanumérique)

```
sort -k2r fileName
```

sur la colonne 2 (décroissant)

```
sort -k2g -k1r fileName
```

sur les colonnes 2 (numérique) et 1 (décroissant)

```
sort -t: -k3g fileName
```

sur la colonne 3 (numérique), le délimiteur de
colonne étant :



Practice

9

Go to [Practice 9](#) on our github



Les entrées / sorties

**pour sauvegarder la sortie d'une
commande dans un fichier**

La sortie d'une commande peut être écrite

dans un fichier avec les caractères :

>

>>

```
cut -d: -f1 /etc/passwd > userName.txt
```

```
cut -d: -f1 /etc/passwd > userName.txt
```

Redirection

Action

Command > file

- si le fichier n'existe pas : il sera créé
- si le fichier existe : efface le contenu

Command >> file

- si le fichier n'existe pas : il sera créé
- si le fichier existe : écrit à la fin du fichier



Practice

10

Go to [Practice 10](#) on our github

- La sortie d'une 1ère commande peut être envoyée comme input d'une 2ème commande
- Pour connecter/combinaison plusieurs commandes ensemble dans la même ligne de commande (sans fichier intermédiaire)
- Pipelines= *workflow*

cmd1 | cmd2 | cmd3

```
cut -d: -f1 /etc/passwd
```

```
Root
```

```
troot
```

```
iroot
```

```
ctroot
```

```
//
```

```
cut -d: -f1 /etc/passwd
```

```
Root  
troot  
iroot  
ctroot  
//
```

```
cut -d: -f1 /etc/passwd | sort
```

```
abate  
adm  
adroot  
ais  
#albar  
alvaro-wis  
anthony  
apache
```

```
cut -d: -f1 /etc/passwd
```

```
Root  
troot  
iroot  
ctroot  
//
```

```
cut -d: -f1 /etc/passwd | sort
```

```
abate  
adm  
adroot  
ais  
#albar  
alvaro-wis  
anthony  
apache
```

```
cut -d: -f1 /etc/passwd | sort | head
```

```
cut -d: -f1 /etc/passwd
```

```
Root  
troot  
iroot  
ctroot  
//
```

```
cut -d: -f1 /etc/passwd | sort
```

```
abate  
adm  
adroot  
ais  
#albar  
alvaro-wis  
anthony  
apache
```

```
cut -d: -f1 /etc/passwd | sort > /etc/passwd.sort
```



Practice

11

Go to [Practice 11](#) on our github



Autres commandes utiles

Taille (et espace libre) du disque **df**

disk free

`df`

taille espace occupé en octet

`df -h`

human-readable

Taille des répertoires **du**

disk usage

`du`

`du -h`

`du -h *`

Rechercher un fichier **find**

`find -name "transcriptsAssembly.fasta"`

Permettent d'attribuer un autre chemin d'accès à un fichier en pointant sur un nom de fichier.

Il s'agit d'un raccourci **ln**

```
ln -s levrai lefaux
```

Exemple: `ln -s /opt/jdk-7.01 /opt/jdk`

Permettent de gagner de l'espace disque sur un système: seul le "vrai" fichier pèse



Practice

12-13-14

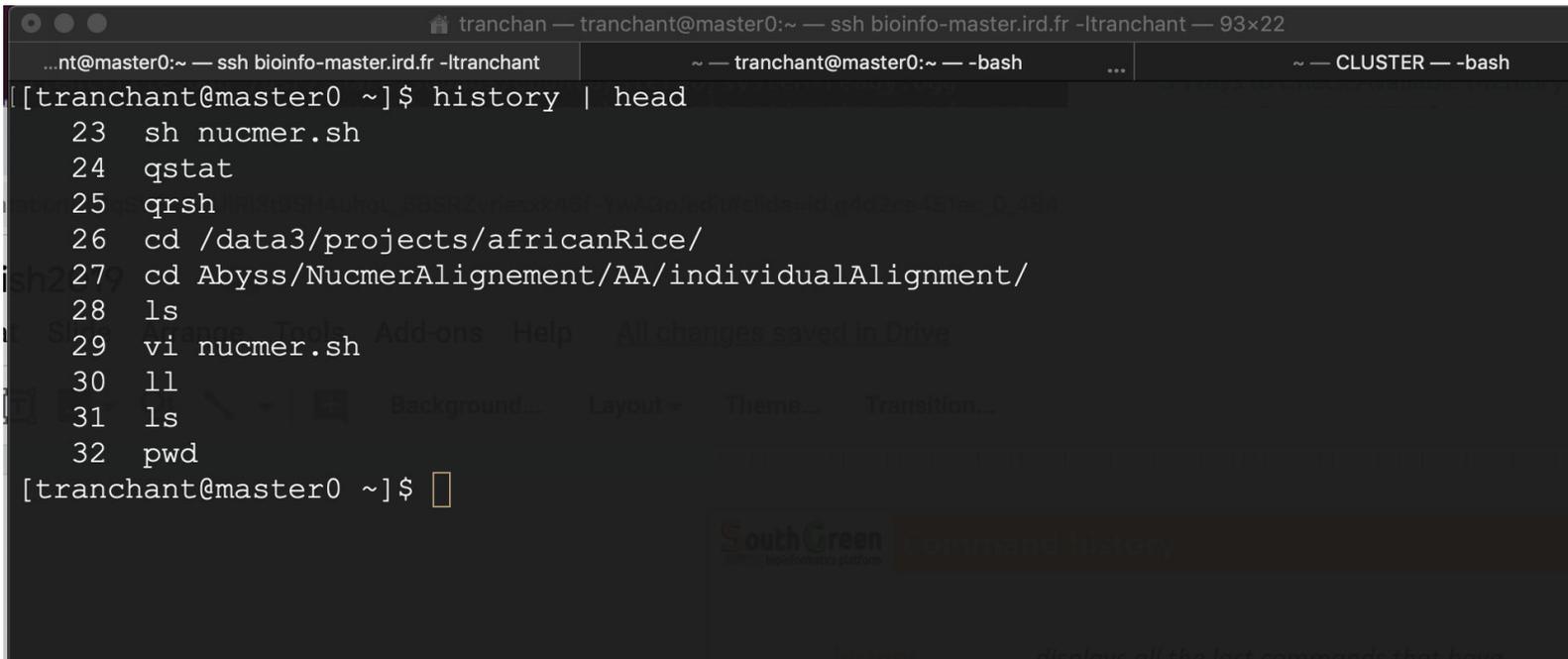
Go to [Practice 12,13 and 14](#) on our github

history

afficher toutes les commandes enregistrées de la plus ancienne à la plus récente

L'historique est enregistré dans le fichier `.bash_history`

```
tranchan — tranchant@master0:~ — ssh bioinfo-master.ird.fr -ltranchant — 93x22
...nt@master0:~ — ssh bioinfo-master.ird.fr -ltranchant  ~ — tranchant@master0:~ — -bash  ...  ~ — CLUSTER — -bash
[tranchant@master0 ~]$ history | head
 23 sh nucmer.sh
 24 qstat
 25 qrsh
 26 cd /data3/projects/africanRice/
 27 cd Abyss/NucmerAlignement/AA/individualAlignment/
 28 ls
 29 vi nucmer.sh
 30 ll
 31 ls
 32 pwd
[tranchant@master0 ~]$
```



history

afficher toutes les commandes enregistrées de la plus ancienne à la plus récente

L'historique est enregistré dans le fichier `.bash_history`

Filtering the History Output

<code>history head -n 5</code>	Liste les commandes les plus anciennes
<code>history tail</code>	Liste les commandes les plus récentes
<code>history grep "blastn"</code>	Recherche les anciennes commandes "blastn"
<code>history grep "blastn" tail -n 5</code>	

Compresser des fichiers **tar,gzip**

```
tar -zcvf tarfile.tar.gz dirToCompress  
gzip fileToCompress
```

Décompresser une archive **gunzip, tar**

```
gunzip file.gzip  
tar -xvf file.tar  
tar -zxvf file.tar.gz  
gzip -d file.gz
```

Afficher le contenu d'une archive **zcat**

```
zcat data.txt.gz
```

Recherche d'expression/motif dans une fichier compressé: **zgrep**

```
zgrep 'NM_000020' data.gz
```

rename

Exemple	Description
<code>rename 's/.txt/.fasta/' *</code>	renommer l'extension de tous les fichiers
<code>rename 'y/a-z/A-Z/' *</code>	renommer les fichiers en majuscules

- **Guilhem Sempere**
- **Ndomassi Tando**

- Alice Boizet
- Bruno Granouillac
- Christine Tranchant-Dubreuil



Si vous utilisez les ressources du plateau i-Trop.

Merci de nous citer avec:

“ The authors acknowledge the ISO 9001 certified IRD i-Trop HPC (South Green Platform) at IRD montpellier for providing HPC resources that have contributed to the research results reported within this paper.

URL: <https://bioinfo.ird.fr/>- <http://www.southgreen.fr>”

- Pensez à inclure un budget ressources de calcul dans vos réponses à projets
- Besoin en disques dur, renouvellement de machines etc...
- Devis disponibles
- Contactez bioinfo@ird.fr : aide, définition de besoins, devis...

Merci pour votre attention !



Le matériel pédagogique utilisé pour ces enseignements est mis à disposition selon les termes de la licence Creative Commons Attribution - Pas d'Utilisation Commerciale - Partage dans les Mêmes Conditions (BY-NC-SA) 4.0 International:

<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/>

Commande ls -l

```
$ ls -l filename  
drwxrwxrwx 3 user user 4096 2012-02-11 20:21 file_name
```

Permissions

Proprio

Groupe

Taille

Heure et date de la dernière modification

Interprétation/Légendes des permissions

Type

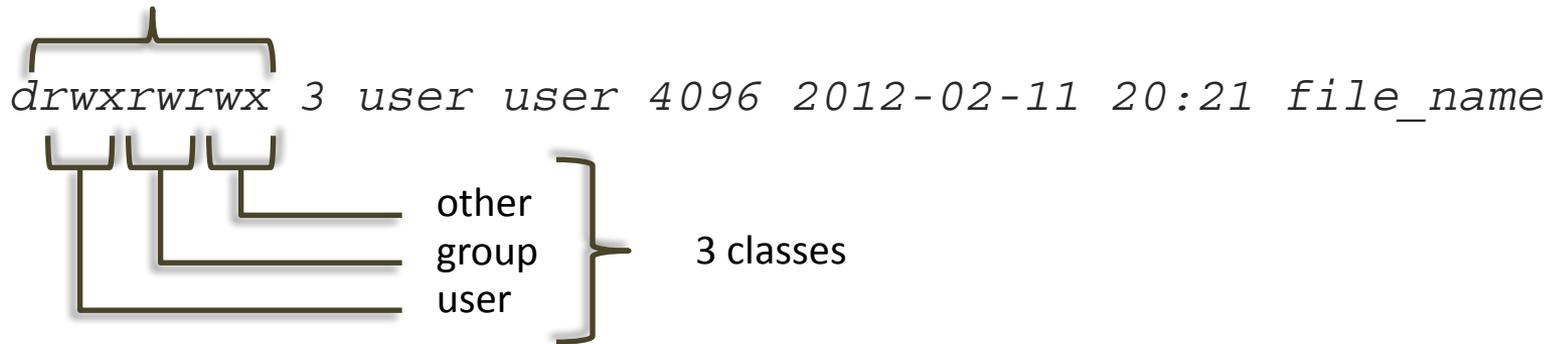
- : fichier normal

d : répertoire

l : lien symbolique

ls -l command

Permissions



3 types of permissions :

Permission	File	Directory
Read r	Ouverture et Lecture	Lister et copier les fichiers
Write w	Modifier et supprimer	Manipuler le contenu : copier, créer, modifier, écraser
Execution x	Executer le fichier	Accès seulement au fichier pour l'exécuter

commande pour la gestion des permissions : **chmod**

```
chmod <perm> file_name
```

Chaque permission = 1 valeur

R	4
W	2
X	1
none	0

Exemple

```
chmod 740 script.sh
```

```
# Owner=rwx Group=r-- Other=---
```

```
chmod 755 script.sh
```

```
# Owner=rwx Group=r-x Other=r-x
```

chmod, ls

Donner le nom du propriétaire, du groupe et les droits des fichiers contenus dans le répertoire “~/Data/454-projet1/raw”

Changer les droits du fichier Scripts/blast.pl pour qu’il soit :
en lecture/écriture pour le groupe,
lecture/écriture/exécution pour le propriétaire
et lecture au public

