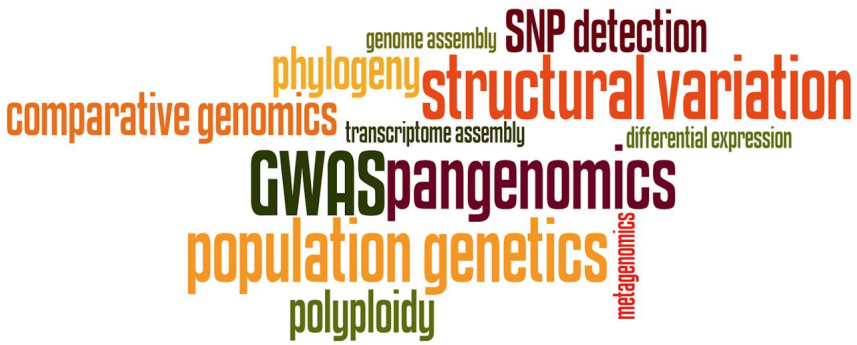
SouthGreen bioinformatics platform

Modules de formation 2019

SouthGreen bioinformatics platform

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




Rice

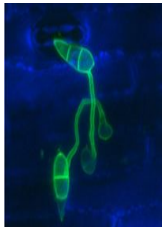

Banana


Palm


Sorghum


Coffee


Cassava


Magnaporthe

www.southgreen.fr

SouthGreen bioinformatics platform

Charte

Larmande Pierre
Sabot François
Tando Ndomassi
Tranchant-Dubreuil Christine

Comte Aurore
Dereeper Alexis

Orjuela-Bouniol Julie

Bocs Stephanie
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

Mahé Frédéric
Ravel Sébastien

Sempere Guilhem

SouthGreen bioinformatics platform

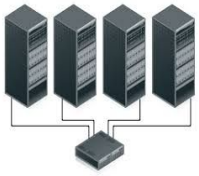
Workflow manager

TOGGLE
Toolbox for generic NGS analyses

SNAKEMAKE

Galaxy

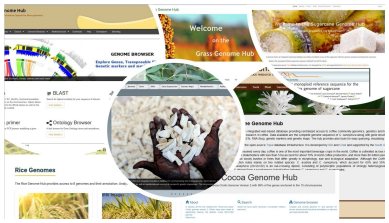
HPC and trainings….



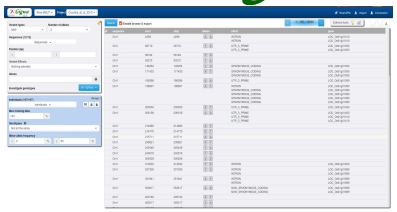
IRD Institut de Recherche pour le Développement

cirad

Genome Hubs & Information System

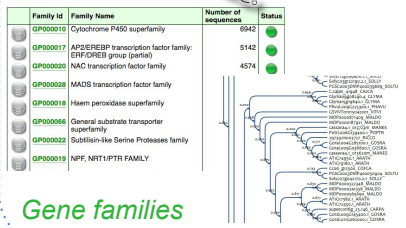


Gigwa



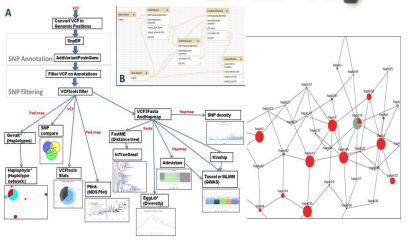
SNPs and Indels

GreenPhyl



Gene families

SNiPlay



https://github.com/SouthGreenPlatform

@green_bioinfo

The South Green portal: a comprehensive resource for tropical and Mediterranean crop genomics, Current Plant Biology, 2016

SouthGreen bioinformatics platform

18-19/03	Guide de survie à Linux - IRD
21/03	Initiation à l'utilisation du cluster CIRAD – CIRAD
22/03	Initiation à l'utilisation du cluster itrop - IRD
15-16/04	Initiation au gestionnaires de workflow SG & Gigwa – IRD
18-19/04	Guide du Jedi en Linux & bash - CIRAD
13–16/05	Python - IRD
17/05	Initiation aux analyses de données transcriptomiques – IRD
21/05	Utilisation avancée du cluster IRD – IRD
23-24/05	Initiation aux analyses de données métagénomiques – IRD
6/06	Manipulation de données et figures sous R – CIRAD
26-28/06	Assemblage et annotation de transcriptomes - IRD

Modules de formation 2019

- Toutes nos formations :
  https://southgreenplatform.github.io/trainings/

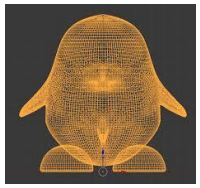
- Topo & TP : Linux For Jedi

- Environnement de travail : Logiciels à installer

Linux Avancé

www.southgreen.fr

https://southgreenplatform.github.io/trainings



Objectifs du module

The objectif!

Optimiser vos analyses bioinformatiques sur un cluster en utilisant la puissance de Linux

Applications

- Travailler avec de larges volumes de données (eg.: fastq, bam, gff, vcf).
- Filtrer rapidement des fichiers volumineux pour par ex substituer un motif, filtrer sur la taille de séquence, sur un chromosome
- Modifier le contenu d'un fichier avec des outils puissants : ***sed***, ***awk***
- Réaliser rapidement la même action sur plusieurs fichiers
- Ecrire de simple scripts bash

SouthGreen bioinformatics platform

Rappel Commandes de Base

SouthGreen bioinformatics platform

Previously

pwd	Affiche le chemin (où je suis)
ls -alrt	Liste le contenu d'un répertoire
cd	Change de répertoire

SouthGreen bioinformatics platform

Previously

pwd	Affiche le chemin (où je suis)
ls -alrt	Liste le contenu d'un répertoire
cd	Change de répertoire

mkdir	Crée un répertoire
rmdir	Supprime un répertoire vide
rm	Supprime un fichier
rm -r	Supprime répertoire & fichiers
cp source cible	Copie/renomme
mv	Déplace un fichier/répertoire

SouthGreen bioinformatics platform

Previously

pwd	Affiche le chemin (où je suis)
ls -alrt	Liste le contenu d'un répertoire
cd	Change de répertoire

mkdir	Crée un répertoire
rmdir	Supprime un répertoire vide
rm	Supprime un fichier
rm -r	Supprime répertoire & fichiers
cp source cible	Copie/renomme
mv	Déplace un fichier/répertoire

cat	Affiche fichier (court)
less	Affiche fichier (long)
head/tail	Affiche début/fin fichier
wc -l	Compte nombre de lignes

SouthGreen bioinformatics platform

Previously

pwd	Affiche le chemin (où je suis)
ls -alrt	Liste le contenu d'un répertoire
cd	Change de répertoire

mkdir	Crée un répertoire
rmdir	Supprime un répertoire vide
rm	Supprime un fichier
rm -r	Supprime répertoire & fichiers
cp source cible	Copie/renomme
mv	Déplace un fichier/répertoire

cat	Affiche fichier (court)
less	Affiche fichier (long)
head/tail	Affiche début/fin fichier
wc -l	Compte nombre de lignes

grep -icv	rechercher un motif
cut -d -f	Extrait colonnes d'un fichier
sort -t -kngr	Trie une colonne d'un fichier

SouthGreen bioinformatics platform

Previously

pwd	Affiche le chemin (où je suis)
ls -alrt	Liste le contenu d'un répertoire
cd	Change de répertoire

mkdir	Crée un répertoire
rmdir	Supprime un répertoire vide
rm	Supprime un fichier
rm -r	Supprime répertoire & fichiers
cp source cible	Copie/renomme
mv	Déplace un fichier/répertoire

chmod	Change les droits
chown	Change le propriétaire
chgrp	Change le groupe

cat	Affiche fichier (court)
less	Affiche fichier (long)
head/tail	Affiche début/fin fichier
wc -l	Compte nombre de lignes

grep -icv	rechercher un motif
cut -d -f	Extrait colonnes d'un fichier
sort -t -kngr	Trie une colonne d'un fichier

SouthGreen bioinformatics platform

Previously

pwd	Affiche le chemin (où je suis)
ls -alrt	Liste le contenu d'un répertoire
cd	Change de répertoire

mkdir	Crée un répertoire
rmdir	Supprime un répertoire vide
rm	Supprime un fichier
rm -r	Supprime répertoire & fichiers
cp source cible	Copie/renomme
mv	Déplace un fichier/répertoire

chmod	Change les droits
chown	Change le propriétaire
chgrp	Change le groupe

find	rechercher un fichier

cat	Affiche fichier (court)
less	Affiche fichier (long)
head/tail	Affiche début/fin fichier
wc -l	Compte nombre de lignes

grep -icv	rechercher un motif
cut -d -f	Extrait colonnes d'un fichier
sort -t -kngr	Trie une colonne d'un fichier

history	**zcat, zgrep**
tar / gzip	Compresser
tar/gunzip	Décompresser
df -h	**du -sh**
wget	**ln -s**

SouthGreen bioinformatics platform

Previously

Caractères joker

*	N'importe quel caractère
[sb]	Caractère de l'ensemble

Previously

Caractères joker

*	N'importe quel caractère
[sb]	Caractère de l'ensemble

Redirection Entrées/sorties

>	>>	vers un fichier
|		vers une commande

SouthGreen bioinformatics platform

Previously

Caractères joker

*	N'importe quel caractère
[sb]	Caractère de l'ensemble

Redirection Entrées/sorties

>	>>	vers un fichier
|		vers une commande

Interagir avec les processus

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

Previously

Caractères joker

*	N'importe quel caractère
[sb]	Caractère de l'ensemble

Redirection Entrées/sorties

>	>>	vers un fichier
|		vers une commande

Interagir avec les processus

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

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

SouthGreen bioinformatics platform

Previously

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

SouthGreen bioinformatics platform

Previously

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

Nomenclature fichiers

- Linux = sensible à la casse
- PAS d'espaces, accents et caractères spéciaux **& ~ # " ' { ([| ` \ ^ @)] } $ * % ! / ; , ?**
- Suffixe des noms de fichiers (.txt, . fasta, .fa, .fq etc.) optionnel

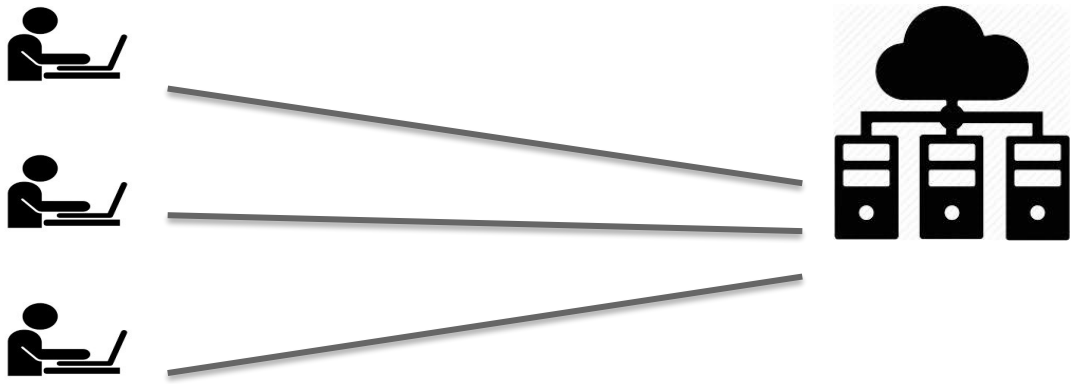
SouthGreen bioinformatics platform

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

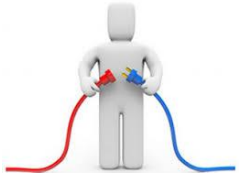
- itrop (IRD) — **bioinfo-master.ird.fr**
- HPC AGAP (CIRAD) — **cc2-login.cirad.fr**

Environnement de travail

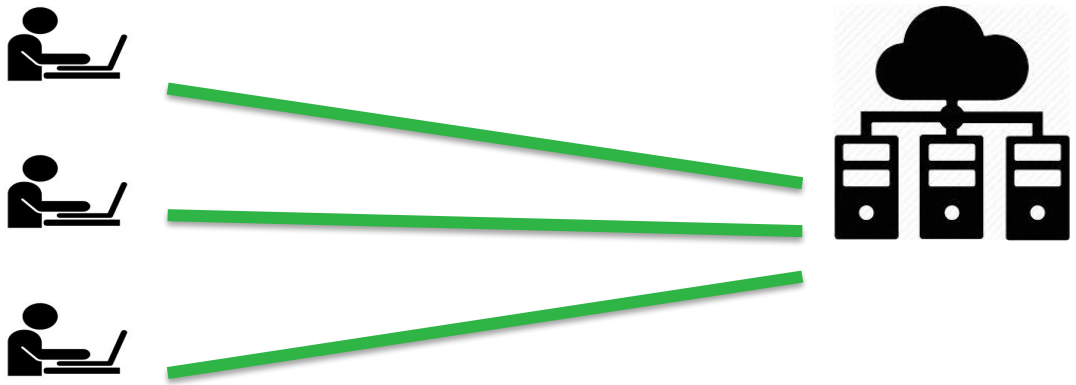
Comment transférer un fichier de son PC sur le serveur ?

Comment éditer un fichier à distance ?

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`**
- `HPC AGAP (CIRAD)` **`cc2.login.cirad.fr`**

Practice

mobaXterm
terminal, ssh

qrsh, cd, mkdir

1

Go to Practice 1 *&* Practice 2 *on our github*

Process monitoring

commande w, ps, kill, top

Comment suivre l'activité sur un serveur ?

w *affiche les utilisateurs et les processus associés*

```
[tranchant@master0 ~]$ w
 16:27:57 up 129 days,  5:28, 27 users,  load average: 0,20, 0,25, 0,23
USER     TTY      FROM              LOGIN@   IDLE    JCPU   PCPU    WHAT
klein    pts/5    10.21.129.115     lun.17   1:38m   10.57s  9.93s   qrsh -pe ompi 8
escobar  pts/7    10.23.128.31      14:37    46:05   0.22s   0.09s   ssh node20
daron    pts/8    10.21.141.158     mer.12   1:17m   3:43    10.21s  -bash
tranchan pts/9    ngo34-1-78-210-1 09:16    31:01   1.69s   1.55s  qrsh -pe ompi 12
```

Nom utilisateur

Connecté depuis

Temps cumulé par tous les ps

Temps cumulé par le ps actif

ps en cours

SouthGreen bioinformatics platform

Comment suivre l'activité sur une serveur ?

ps *liste les processus en train de tourner*

`ps -aux` affiche la liste de tous les processus associés à chaque utilisateur

```
[tranchant@node10 ~]$ ps aux | head -4
USER        PID %CPU %MEM    VSZ   RSS TTY      STAT START   TIME COMMAND
trancha+   1272  0.0  0.0 116768  3376 pts/2    Ss   09:52   0:00 -bash
trancha+   3753  0.0  0.0 139512  1680 pts/2    R+   10:34   0:00 ps au
mariac    26118  197  9.1 4598024 4514192 pts/0 RNl+ 07:34 356:07 sniffles …
```

Etat du processus

R	running
S	sleeping
T	Stopped
Z	Zombie

SouthGreen bioinformatics platform

Comment suivre l'activité sur une serveur ?

top *liste les processus en train de tourner*

```
top - 16:44:51 up 156 days, 23:10,  1 user,  load average: 10,37, 9,80, 9,71
Tasks: 200 total,   3 running, 197 sleeping,   0 stopped,   0 zombie
%Cpu(s):  0,0 us,  0,1 sy, 88,5 ni, 11,5 id,  0,0 wa,  0,0 hi,  0,0 si,  0,0 st
KiB Mem : 65774384 total, 42442784 free,  1907228 used, 21424372 buff/cache
KiB Swap:  8388604 total,  5512296 free,  2876308 used. 62871460 avail Mem

  PID USER      PR  NI    VIRT    RES    SHR S  %CPU %MEM     TIME+ COMMAND
18905 daron     30  10  916508 307308    976 R 960,8  0,5  51:38.57 admixture
 3446 daron     30  10 1130556 937640   2584 R 100,0  1,4 308:00.92 treemix
19307 trancha+  20   0  146164   2124   1424 R   0,3  0,0   0:00.02 top
22389 root      20   0       0      0      0 S   0,3  0,0   0:00.17 kworker/10:2
```

c → Afficher la commande complète en exécution

V → Afficher en mode arborescence

1 → Afficher l'activité CPU (une ligne/CPU)

u → Faire une recherche sur un utilisateur en particulier

i → Ne pas afficher les tâches inactives (idle)

q → **pour quitter**

SouthGreen bioinformatics platform

Comment supprimer un processus ?

kill -9 PID *tuer un processus*

```
[tranchant@master0 ~]$ ps aux | grep "tranchant"
tranchant   20999  0.0  0.0 116748  3532 pts/1    Ss+  13:24   0:00 -bash
tranchant   21669  0.0  0.0 176384 22752 pts/1    R    13:33   0:00 perl
toggleGenerator.pl -d /data3/projects/riceAnnot/TOG5681/Illumina/

[tranchant@master0 ~]$kill -9 21669
```

Practice

w

ps

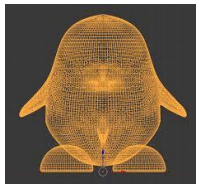
kill

top

3

Go to Practice 3 on our github

Lancer plusieurs commandes simultanément

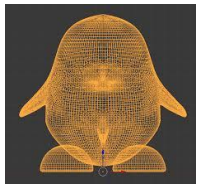


Comment lancer plusieurs ps en même temps ?

Lancer un processus en “arrière plan”

&	Lancer un processus en arrière plan	`cmd1 &`
nohup	“Détacher” le processus de la console. Fonctionne même quand la console est fermée, si deconnexion	`nohup cmd1 &`
jobs	Connaitre les processus qui tournent en arrière-plan	`jobs`

SouthGreen bioinformatics platform



Comment lancer plusieurs ps en même temps ?

Lancer plusieurs commandes en une ligne

;	cmd2 exécutée une fois la cmd1 finie	`cmd1 ; cmd2`
&&	cmd2 exécutée uniquement si cmd1 correctement finie	`cmd1 && cmd2`

```
wget linux.tar.gz && tar -zxvf linux.tar.gz
```

SouthGreen bioinformatics platform

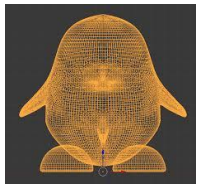
Practice

&&

4

Go to Practice 4 *on our github*

Expression Régulière (ER)

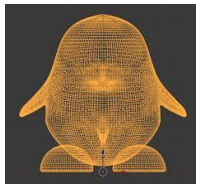


Commande grep

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



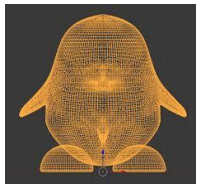
Commande grep

grep *pour rechercher un motif dans un fichier*

```
[tranchant@node10 Bank]$  grep "gene" all.gff3 | head -3
Chr1 MSU_osa1r7     gene 2903 10817     .    +    .
ID=LOC_Os01g01010;Name=LOC_Os01g01010;Note=TBC%20domain%20containing%20protein%2C%20expressed
Chr1 MSU_osa1r7     gene 11218     12435     .    +    .
ID=LOC_Os01g01019;Name=LOC_Os01g01019;Note=expressed%20protein
Chr1 MSU_osa1r7     gene 12648     15915     .    +    .
ID=LOC_Os01g01030;Name=LOC_Os01g01030;Note=monocopper%20oxidase%2C%20putative%2C%20expressed

[tranchant@node10 Bank]$  grep "gene" all.gff3 | tail -3
ChrSy     MSU_osa1r7     mRNA 589676    589999    .    +    .
ID=ChrSy.fgenesh.mRNA.89;Parent=ChrSy.fgenesh.gene.89;Name=ChrSy.fgenesh.mRNA.89
ChrSy     MSU_osa1r7     CDS  589676    589999    11.35     +    0
ID=ChrSy.fgenesh.CDS.327;Parent=ChrSy.fgenesh.mRNA.89;score=11.35
ChrSy     MSU_osa1r7     exon 589676    589999    11.35     +    .
ID=ChrSy.fgenesh.exon.327;Parent=ChrSy.fgenesh.mRNA.89;score=11.35
```

SouthGreen bioinformatics platform



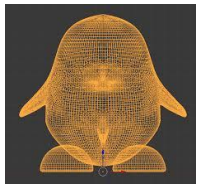
Commande grep

grep *pour rechercher un motif dans un fichier*

```
[tranchant@node10 Bank]$  grep "gene" all.gff3 | head -3
Chr1 MSU_osa1r7     gene 2903 10817     .    +    .
ID=LOC_Os01g01010;Name=LOC_Os01g01010;Note=TBC%20domain%20containing%20protein%2C%20expressed
Chr1 MSU_osa1r7     gene 11218     12435     .    +    .
ID=LOC_Os01g01019;Name=LOC_Os01g01019;Note=expressed%20protein
Chr1 MSU_osa1r7     gene 12648     15915     .    +    .
ID=LOC_Os01g01030;Name=LOC_Os01g01030;Note=monocopper%20oxidase%2C%20putative%2C%20expressed

[tranchant@node10 Bank]$  grep "gene" all.gff3 | tail -3
ChrSy     MSU_osa1r7     mRNA 589676    589999    .    +    .
ID=ChrSy.fgenesh.mRNA.89;Parent=ChrSy.fgenesh.gene.89;Name=ChrSy.fgenesh.mRNA.89
ChrSy     MSU_osa1r7     CDS  589676    589999    11.35     +    0
ID=ChrSy.fgenesh.CDS.327;Parent=ChrSy.fgenesh.mRNA.89;score=11.35
ChrSy     MSU_osa1r7     exon 589676    589999    11.35     +    .
ID=ChrSy.fgenesh.exon.327;Parent=ChrSy.fgenesh.mRNA.89;score=11.35
```

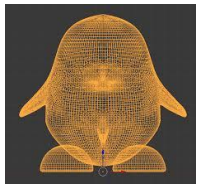
grep -e "gene\s" all.gff3



Expression régulière ou rationnelle

Chaine de caractères qui décrit une ensemble de chaines de caractères possibles permettant de faire des sélections

SouthGreen bioinformatics platform



Expression régulière ou rationnelle

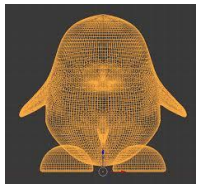
Chaine de caractères qui décrit une ensemble de chaines de caractères possibles permettant de faire des sélections

ER *basiques* - ERb

vi
grep
sed

ER *étendues* - ERe

grep -E
sed -E
awk



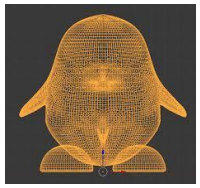
Expression régulière ou rationnelle

Chaine de caractères qui décrit une ensemble de chaines de caractères possibles permettant de faire des sélections

Communes aux ERs basiques et *étendues*

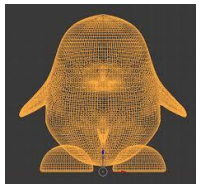
^	début de ligne	*^LOC1*
$	fin de ligne	LOC1$
.	n'importe quel caractère	^L.C1
*	0 à n fois	ATCA*T
[...]	plage de caractères permis	[ATGC]
[^...]	plage de caractères interdits	[^ATGC]

SouthGreen bioinformatics platform



Expression régulière ou rationnelle

[0-9]	N’importe quel chiffre
[a-z]	N’importe quelle lettre en minuscule
[^A-Z]	N’importe quel caractère excepté une lettre en majuscule
[a-zA-Z]	N’importe quelle lettre en minuscule ou majuscule



Expression régulière ou rationnelle

Chaine de caractères qui décrit une ensemble de chaines de caractères possibles permettant de faire des sélections

Communes aux ERs basiques (vi, grep, sed)

\{n\}	n repetitions du caractère placé devant	
\{n,x\}	entre n et x fois le caractère précédent	
\{n,\}	au minimum n fois le caractère précédent	
\{,n\}	au maximum n fois le caractère précédent	
\(ERb\)	mémorisation d'une ER basique	
\1 \2	rappel de mémorisation	

SouthGreen bioinformatics platform

Practice

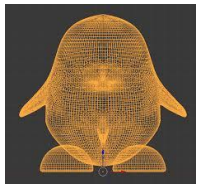
grep

5

Go to Practice 5 on our github

Des commandes pour rechercher et modifier des fichiers

commande sed



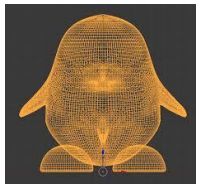
sed, Stream EDitor

SYNTAX

sed : "Stream **Ed**itor"
pour rechercher et modifier une ligne

```
Syntax :  sed OPTIONS 'operation' inputfile
```

Option	Description
-n	écrit seulement les lignes spécifiées sur la sortie standard
-e	permet de spécifier les commandes à appliquer sur le fichier.
-s	Consider files as separate rather than as a single continuous long stream.
-iSUFFIX	edit files in place (makes backup if SUFFIX is supplied)



sed , Stream EDitor

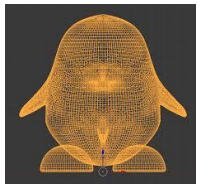
PRINT LINES

Sélection et affichage de lignes dans un fichier *par numero de ligne*

```
sed -n 'line p '   inputfile
```

Line number	`sed -n '5p' all.gff3`	affiche la 5ème ligne
$	`sed -n '$p' *.fastq` `sed -n -s '$p' *.fastq`	affiche la dernière ligne
first~step	`sed -n '1~4p' ir.fastq`	affiche à partir de la ligne 1, toutes les 4 lignes

SouthGreen bioinformatics platform



sed , Stream EDitor

PRINT LINES

Sélection et affichage de lignes dans un fichier *par numero de ligne*

```
sed -n 'line p '   inputfile
```

```
sed -n "4p; 7p' test.txt          # affiche ligne 4 et 7
sed -n "4,7 p" file.fastq         # affiche ligne 4 à 7
```

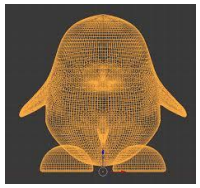
SouthGreen bioinformatics platform

Practice

printing with sed

6

Go to Practice 6 on our github



sed , Stream EDitor

DELETE LINES

Suppression de lignes dans un fichier par numero de ligne

```
sed 'line d '   inputfile
```

```
sed "2d; 4d" test.txt                    # supprime ligne 2 et 4
sed "2,4 d" test.txt                     # supprime ligne 2 à 4
sed  '2~4d' irigin1_1.fastq
```

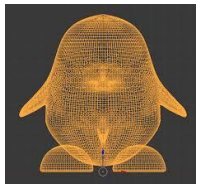
SouthGreen bioinformatics platform

Practice

deleting with sed

7

Go to Practice 7 on our github



sed , Stream EDitor

ER : PRINT/DELETE LINE

Sélection de lignes dans un fichier par motif

```
sed 'ER'   inputfile
```

```
sed '/^#/d' test.sed

sed -n '/^Bonjour/p; /^Au revoir/p' test.sed

sed -n '/^Bonjour/,/4.$/p' test.sed
```

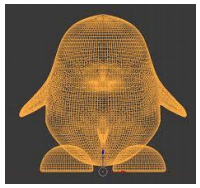
SouthGreen bioinformatics platform

Practice

sed using ER

8

Go to Practice 8 on our github

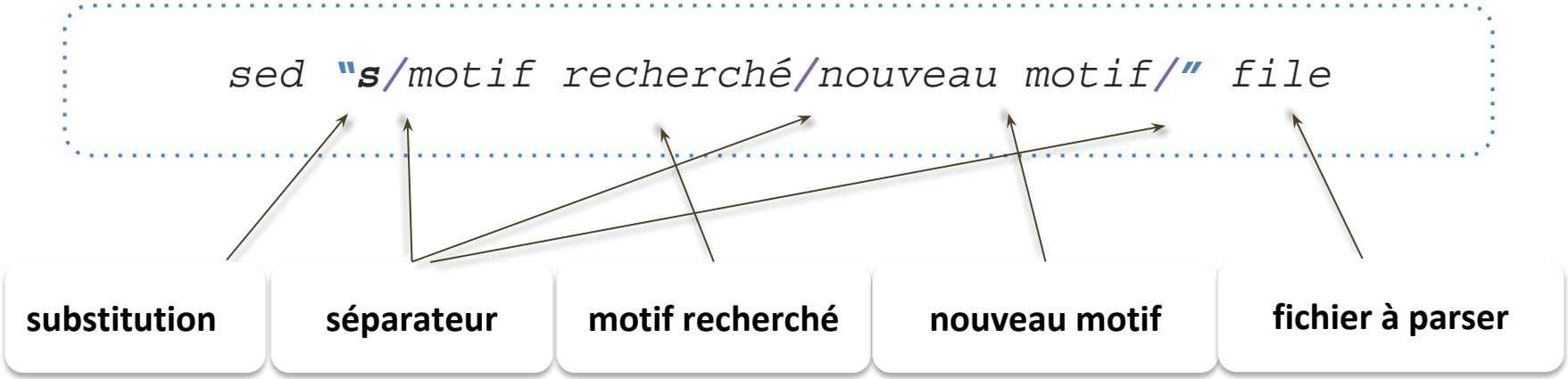


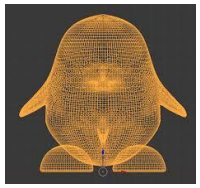
sed , Stream EDitor

ER : SUBSTITUTION

Substitution/Remplacement dans lignes

Sélection de lignes dans un fichier vérifiant une expression régulière
ET appliquant une modification ou un traitement



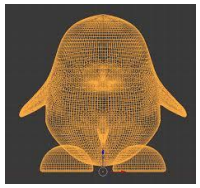


sed , Stream EDitor

ER : SUBSTITUTION

Sed : Quelques exemples

Example	Description
`sed "s/day/night/" file`	Change la 1ère occurrence de “day” par “night” **par ligne**
`sed "s/linux/LINUX/2” file`	Change la 2ème occurrence de “linux” par “LINUX” **par ligne**
`sed "s/[lL]inux/LINUX/g” file`	Change toutes occurrences de “linux” par “LINUX”



sed , Stream EDitor

ER : SUBSTITUTION

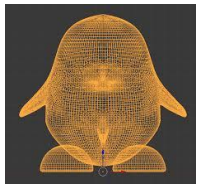
Sélection et Substitition de lignes dans un fichier **par motif**

```
sed 's/ / /'   inputfile
sed 'y/éè/ee/' inputfile
```

```
sed -n '2~4s/T/u/p;' irigin1_1.fastq

sed -n '2~4y/Tt/Uu/p;' irigin1_1.fastq
```

SouthGreen bioinformatics platform



sed

sed : rechercher et modifier une ligne

Selection de lignes dans un fichier vérifiant une expression régulière
ET appliquant une modification ou un traitement

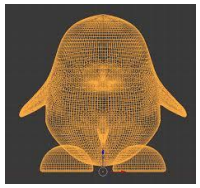
```
sed "s/[0-9][0-9]*/nouveau motif/" file
```

- **substitution**
- **motif recherché**
- **nouveau motif**
- **fichier à parser**

Recherche une chaine de caractères
commençant par un chiffre suivi par 0 ou plusieurs nombres

=> Chaîne de caractère enregistrée dans la variable

SouthGreen bioinformatics platform



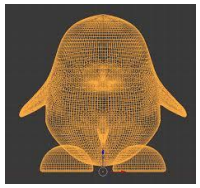
sed , Stream EDitor

ER : SUBSTITUTION

Sed : Quelques exemples

Chr1	2903
Chr1	3354
Chr1	4357
Chr1	5457

Chr1	2903	2903
Chr1	3354	3354
Chr1	4357	4357
Chr1	5457	5457



sed , Stream EDitor

ER : SUBSTITUTION

Sed : Quelques exemples

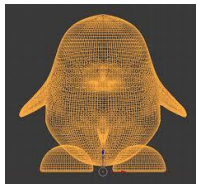
Chr1	2903
Chr1	3354
Chr1	4357
Chr1	5457

Chr1	2903	2903
Chr1	3354	3354
Chr1	4357	4357
Chr1	5457	5457

```
sed 's/\s[0-9]*/& &/'
```

Pattern trouvé sauvegardé dans le caractère spécial &

SouthGreen bioinformatics platform



sed , Stream EDitor

ER : SUBSTITUTION

Sed : Quelques exemples

```
echo abcd123 | sed 's/\([a-z]*\).*/\1/'
abcd

echo abcd123 | sed -E 's/([a-z]*).*/\1/'
abcd

echo abcd123 | sed -E 's/([a-z]*)(.*)/\2 \1/'
123 abcd
```

Practice

sed

9

Go to Practice 9 on our github

Expression régulière ou rationnelle

Chaine de caractères qui décrit une ensemble de chaines de caractères possibles permettant de faire des sélections

Communes aux ER étendues (grep -E, awk)

{n}	n repetitions du caractère placé devant	
\{n,x}	entre n et x fois le caractère précédent	
\{n,}	au minimum n fois le caractère précédent	
+	1 ou plus occurences du caractère/groupe de caractère précédent	
?	0 ou 1 occurence du caractère/groupe de caractère précédent	

Des commandes pour rechercher et modifier des fichiers

commande awk

SouthGreen bioinformatics platform

awk

awk: Langage pour manipuler un fichier ligne par ligne

- Nom des auteurs : “Aho, Weinberger, and Kernighan”

awk

awk: Langage pour manipuler un fichier ligne par ligne

- Nom des auteurs : “Aho, Weinberger, and Kernighan”
- Un langage de programmation qui permet facilement de manipuler des fichiers tabulés (blast, sam, vcf) et d’extraire une partie des données
- Un langage utilisé pour rechercher des motifs et pour effectuer des opérations, des actions associées.

awk

awk: Langage pour manipuler un fichier ligne par ligne

Principales caractéristiques d'awk

- Fichier en entrée tabulé
- Comme tout langage de programmation, awk a des variables et peut appliquer des conditions
- awk peut faire des opérations sur les nombres et les chaînes de caractères
- awk peut générer et afficher des données/rapports suite à des manipulations

SouthGreen bioinformatics platform

awk

awk: Langage pour manipuler un fichier ligne par ligne

```
Syntax : awk [-F] 'program' file
```

Option	Description
-F	Donne la nature des séparateurs de champs

awk

awk: Langage pour manipuler un fichier ligne par ligne

Syntax : awk [-F] 'program' file

Option	Description
-F	Donne la nature des séparateurs de champs

Variables prédéfinies utilisées par awk

Variable	Description
$0	ligne entière
NR	Numéro de la ligne lue
NF	Nombre de champs dans la ligne

awk

awk voit le fichier en entrée
comme des enregistrements et des champs

Helene	56	edu	hcyr@sun.com
jean	32	ri	jeanc@inexpress.net
julie	22	adm	juliem@sympatico.ca
michel	24	inf	michel@uqo.ca
richard	25	inf	rcaron@videotron.ca

File: contact.txt

awk

Helene	56	edu	hcyr@sun.com
jean	32	ri	jeanc@inexpress.net
julie	22	adm	juliem@sympatico.ca
michel	24	inf	michel@uqo.ca
richard	25	inf	rcaron@videotron.ca

File: contact.txt

```
awk '{print $0}' contact.txt
```

```
Helene 56 edu hcyr@sun.com
jean 32 ri jeanc@inexpress.net
julie 22 adm juliem@sympatico.ca
michel 24 inf michel@uqo.ca
richard 25 inf rcaron@videotron.ca
```

Affiche chaque ligne

SouthGreen bioinformatics platform

awk

Helene	56	edu	hcyr@sun.com
jean	32	ri	jeanc@inexpress.net
julie	22	adm	juliem@sympatico.ca
michel	24	inf	michel@uqo.ca
richard	25	inf	rcaron@videotron.ca

File: contact.txt

```
$awk '{print NR,$1,$2}' contact.txt
```

```
1 Helene 56
2 jean 32
3 julie 22
4 michel 24
5 richard 25
```

Affiche
le numéro de la ligne lue
Puis le 1er champ
puis le 2e champ du fichier tabulé

SouthGreen bioinformatics platform

awk

Helene	56	edu	hcyr@sun.com
jean	32	ri	jeanc@inexpress.net
julie	22	adm	juliem@sympatico.ca
michel	24	inf	michel@uqo.ca
richard	25	inf	rcaron@videotron.ca

```
$awk '{print $1,$2};
END { print NR "lignes lues en tout" }'  contact.txt
```

```
Helene 56
Jean 32
Julie 22
Michel 24
Richard 25
5 lignes lues en tout
```

Instruction exécutée une fois le fichier lu dans son intégralité

SouthGreen bioinformatics platform

awk

Helene	56	edu	hcyr@sun.com
jean	32	ri	jeanc@inexpress.net
julie	22	adm	juliem@sympatico.ca
michel	24	inf	michel@uqo.ca
richard	25	inf	rcaron@videotron.ca

```
$awk '{print $1,$3; somme+=$2}
END { print "Somme des ages égale à ", somme }' contact.txt
```

```
Helene edu
jean ri
julie adm
michel inf
richard inf
Somme des ages égale à 159
```

On ajoute l'âge ($2) à la variable somme à chaque ligne lue

Puis on affiche la somme calculée à la fin de la lecture du fichier

awk

Helene	56	edu	hcyr@sun.com
jean	32	ri	jeanc@inexpress.net
julie	22	adm	juliem@sympatico.ca
michel	24	inf	michel@uqo.ca
richard	25	inf	rcaron@videotron.ca

File: contact.txt

```
$awk '{somme+=$2}
END { print " Age moyen = ", somme/NR }'  contact.txt
```

```
Age moyen = 31,8
```

On ajoute l'âge ($2) à la variable somme à chaque ligne lue

Puis on affiche la moyenne une fois le fichier lu

SouthGreen bioinformatics platform

awk

awk: Langage pour manipuler un fichier ligne par ligne

avec une liste d'instructions et **de conditions aussi**

Condition {Instr-1; Instr-2; ...; Instr-n}

```
awk '$2 > 24 && $2 < 50 { print "Age de ", $1, "compris
     entre 24 et 50, egal a ",  $2 }' contact.txt
```

```
L age d Helene est superieur a 24 et egal a 56
L age d jean est superieur a 24 et egal a 32
L age d richard est superieur a 24 et egal a 25
```

Avec 2 conditions

SouthGreen bioinformatics platform

awk

awk: Langage pour manipuler un fichier ligne par ligne

```
awk '$3 == "inf" {print $0}' contact.txt
```

```
michel 24 inf michel@uqo.ca
richard 25 inf rcaron@videotron.ca
```

```
$awk '/j/  {print $0}' contact.txt
```

```
jean 32 ri jeanc@inexpress.net
julie 22 adm juliem@sympatico.ca
```

SouthGreen bioinformatics platform

awk

awk: Langage pour manipuler un fichier ligne par ligne

```
awk '{print $1, $2-10}' contact.txt
```

```
Helene 46
Jean 12
Julie 12
Michel 14
Richard 15
```

```
awk '$2 > 30 && $3 == "ri" {print $0}' contact.txt
```

```
jean 32 ri jeanc@inexpress.net
```

Ces commandes peuvent être utilisées avec en entrée la sortie standard ou un fichier tabulé (comme .gff, fichier blast m8 , .vcf)

SouthGreen bioinformatics platform

Practice

awk

10

Go to Practice 10 on our github

awk - fonctions

Manipulation de chaîne de caractères

`length(myText)`	longueur de myText
`substr(myText,start,length)`	Extrait la sous chaine de la chaine ***myText*** à partir de la position ***start*** sur une longueur ***Length***
`tolower(myText)`	Modifie la casse de myText en minuscule
`toupper(myText)`	Modifie la casse de myText en majuscule
`split(myText, array, fieldsep)`	decoupe myText *split($2,monTab,"|") ; print(monTab[2])*
`gsub(search,replace,var)`	*gsub(";","-",$3)*
`sub(ER,replace, var)`	

SouthGreen bioinformatics platform

awk - fonctions

Manipulation de nombres

`int(myNb)`	partie entière de myNb
`log(myNb)`	logarithme de myNb
`sqrt(myNb)`	racine carée de myNb

Fusionner des fichiers : la commande join

Commande join

join fichier1 fichier2

```
:~$ cat fichier1
1 Bash
2 Python
3 Perl
4 Java
5 C++
:~$ cat fichier2
1 sympa
2 cool
3 no comment
4 pfff
5 ouille
```

```
:~$ join fichier1 fichier2
1 Bash sympa
2 Python cool
3 Perl no comment
4 Java pfff
5 C++ ouille
```

SouthGreen bioinformatics platform

Commande join

Fusionner en précisant les colonnes communes :

join -1 2 -2 1 fichier1 fichier3

Préciser les colonnes à afficher :

join -1 2 -2 1 fichier1 fichier3 -o 2.1,2.2

Les fichiers doivent être triés au préalable

SouthGreen bioinformatics platform

Practice

join

11

Go to Practice 11 *on our github*

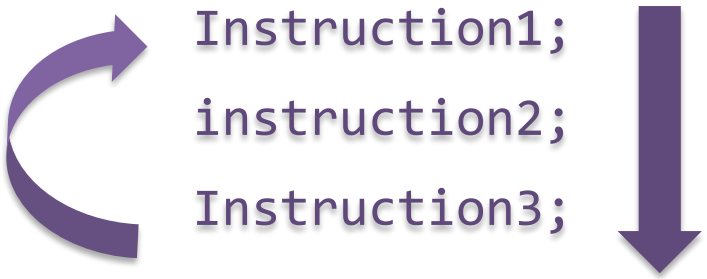
Pour automatiser le lancement de commandes

bash

Boucle for

Exécuter une boucle

for…



- Pour parcourir une liste
- Exécuter les mêmes instructions sur chaque élément de la liste

```
for file in * ;
do
   instruction1
   instruction2
done
```

Practice

Go to Practice 11 on our github

Exécuter un script bash

sh nom_script.sh

```
[tranchant@node10 Bash]$ sh helloWorld.sh
```

Premier script en bash

- Toujours débuter par : `#!/bin/sh`
- Suivis par les instructions, une instruction par ligne
- **Chaque instruction doit se terminer par** `;`
- N'hésitez pas à commenter votre script en plaçant un `#` devant votre commentaire

Premier script en bash

- Toujours débuter par : `#!/bin/sh`
- Suivis par les instructions, une instruction par ligne
- **Chaque instruction doit se terminer par** `;`
- N'hésitez pas à commenter votre script en plaçant un `#` devant votre commentaire
  - Pour vous et vos collègues pour comprendre le code
  - ignore le texte placé après un #
  - Commentaires libres

Premier script en bash

- Pas d'accent
- Premières instructions

```
echo 'text';          pour écrire sur la sortie (écran)
echo -e "text \n";    pour réaliser un saut de ligne
```

Modifier le script

P1.2

- Sauver le script ***helloWorld.sh*** sous un nouveau nom (ex : helloWorld-v2.sh)
- Modifier le code de ce nouveau script en affichant d'autres textes avec ***\n***
- Exécuter ce nouveau script

Modifier le script

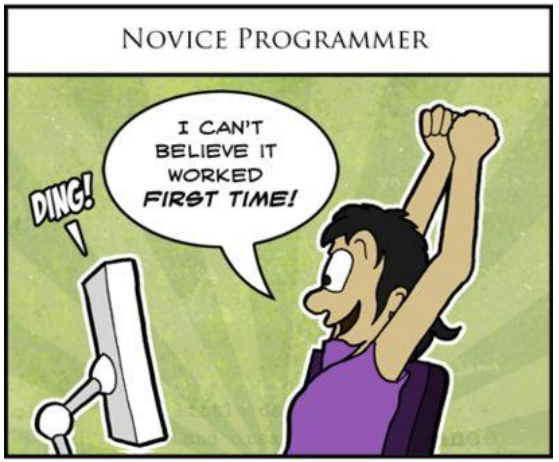
P1.3

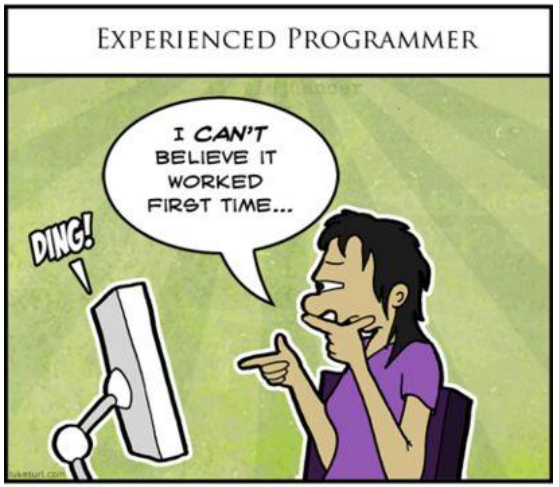
- Créer volontairement des erreurs dans votre code en retirant un ; puis un # et un “
- Observer les messages d’erreurs

Modifier le script

P1.3

- Créer volontairement des erreurs dans votre code en retirant un ; puis un # et un “
- Observer les messages d’erreurs





Une des principales activités du programmeur est de « débugger »…

Souvent aussi longue qu’écrire le code !

Il faut donc s’entrainer à décoder les messages d’erreurs !

SouthGreen bioinformatics platform

Les variables

Qu'est ce une variable ?

Variable...

```
nom = "Hello World";
echo $nom;
```

« conteneur », « boîte » dans lesquels on peut stocker un objet, une information.

Règles

- Noms de variables uniquement avec des caractères *alpha-numériques (A-Z, a-z*, 0-9) ou *underscore*
- **Sensible à la casse et pas d'espace**

Une variable variable...

Variable...

```
maVar= “Hello World!!!”;
echo $maVar;              # Hello World
echo ${maVar:6}           # World!!!
echo ${maVar:0:3};          # Hel
echo ${maVar:6:3};          # Wor
echo ${maVar: -2};          # !!

echo ${var%%d*};            # Hello Worl
echo ${var##Hello}            #  World!!!
```

Une variable variable...

Variable...

```
file=BCU_AAOSW_3_1_C39R6ACX.bam
echo $file                  # BCU_AAOSW_3_1_C39R6ACX.bam
echo ${file:5}              # AOSW_3_1_C39R6ACXX.bam

echo ${file/.bam/.sam}    #BCU_AAOSW_3_1_C39R6ACXX.sam
```

Substitution au sein d'une variable

Variable...

```
maVar= “Hello World!!!”;
echo $maVar;              # Hello World!!!
echo ${maVar/o/}          # Hell World!!!
echo ${maVar//o/};           # Hell Wrld!!!
```

Practice

for echo script

Go to Practice 12 on our github

Arguments d’un script

Condition avec des nombres

- Transmettre au script des valeurs saisies dans la ligne de commande : arguments, paramètres
- Affectées aux variables réservées 1, 2, ... et appellées $1, $2, ...

```
sh testNum.sh 25
```

```
#!/bin/bash

myNum=$1;

if [[ $myNum = 10 ]]
then
        echo "Egal a 10";
elif [[ $myNum -le  10 ]]
then
        echo "Inferieur ou egal a 10";
else
        echo "Superieur a 10";
fi
```

Les conditions

Condition avec une chaine de caractère

Variable...

```
#!/bin/bash

myText="Hello world ! ";

if [[ $maVar = "Hello" ]]; then
        echo "Very Nice";
else
        echo "No nice";
fi
```

```
sh script.sh
```

Condition avec une chaine de caractère

Variable...

```
#!/bin/bash

myText="Hello world ! ";

if [[ $maVar =~ "Hello" ]]; then
        echo "Very Nice";
else
        echo "No nice";
fi
```

```
sh script.sh                # Very Nice
```

Condition avec des nombres

```
#!/bin/bash

myNum=18;

if [[ $myNum = 10 ]]
then
        echo "Egal a 10";
elif [[ $myNum -le  10 ]]
then
        echo "Inferieur ou egal a 10";
elif [[ $myNum -gt 10 ]]
then
        echo "Superieur a 10";
else echo "C'est quoi ce bins?";
fi
```

Opérateur de comparaison

Nombres

`$a -eq $b`	$a égal à $b
`$a -ne $b`	$a différent de $b
`$a -lt $b`	$a inférieur à $b
`$a -gt $b`	$a supérieur à $b
`$a -le $b`	$a inférieur ou égal à $b
`$a -ge $b`	$a supérieur ou égal à $b

Formateurs

- **Christine Tranchant-Dubreuil**
- **Gautier Sarah**
- **Valérie Noël**
- **Ndomassi Tando**
- **Frédéric Mahé**
- **François Sabot**



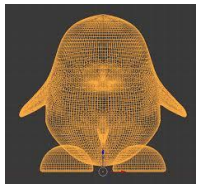



En informatique, la pensée magique ne fonctionne pas !

- Il faut pratiquer … et … *restez calme !*
- *à vous de jouer !*

Merci pour votre attention !

File format conversion



Commande dos2unix, mac2unix

- Diversité de formats, même entre différents OS

\n	*UNIX*
\r	*Mac*
\r\n	*Windows*

dos2unix, mac2unix *convertir un fichier texte au format UNIX pour qu'il soit lu correctement*