**Linux – podstawowe polecenia**

Zadania powinny zostać wykonane w terminalu przy pomocy poleceń powłoki. Do każdego z poniższych punktów należy podać polecenie Linuxa, które umożliwiło rozwiązania zadania.

**Zad. 1 - Poruszanie się w drzewie katalogów**

1. Otwórz terminal. Wyświetl ścieżkę bieżącego katalogu (tego, w którym się znajdujesz).

2. Wyświetl listę plików i katalogów znajdujących się w bieżącym katalogu.

3. Przejdź do korzenia systemu plików (ścieżka /).

4. Wyświetl listę wszystkich plików i katalogów znajdujących się w tej ścieżce.

5. Wpisz polecenia ls -l. Co określa parametr -l?

6. W oparciu o dokumentację (man ls) wyjaśnij, co robi polecenie: ls -alpth (to samo co: ls -a -l -p -t -h)

7. Co otrzymasz w wyniku polecenia ls /var/?

**Zad. 2 - Obsługa wiersza poleceń (zadanie nie wymaga odpowiedzi)**

1. Wpisz cd b i nie naciskaj klawisza Enter. Naciśnij dwa razy klawisz `Tab`.

2. Wpisz cd bo i naciśnij klawisz `Tab`.

2. Naciśnij kilka razy klawisz strzałki do góry. Następnie naciśnij klawisz strzałki w dół.

3. Wpisz polecenie history.

4. Zaznacz myszką jedno z ostatnich poleceń (np. ls -alpth).

 \* Skopiuj polecenie używając klawiszy `Ctrl + Shift + C`.

 \* Wklej polecenie używając klawiszy `Ctrl + Shift + V` lub używając środkowego przycisku myszy.

5. Wpisz polecenie clear.

6. Naciśnij klawisz `Ctrl + r` i wpisz alp w celu znalezienia użytego wcześniej polecenia `ls -alpth`.

7. Wpisz polecenie ls -alpth i nie naciskaj klawisza Enter. Sprawdź skróty klawiszowe `Ctrl + a` i `Ctrl + e`.

**Zad. 3 - Tworzenie katalogów i plików**

1.Przejdź do katalogu domowego poleceniem cd.

2. W katalogu domowym utwórz katalog `lab1`.

3. Przejdź do katalogu `lab1` i utwórz w nim katalog `text`.

4. Przejdź do katalogu `text` i utwórz w nim pusty plik `README.txt`.

5. Otwórz plik `README.txt` w edytorze tekstu nano.

 \* W treści pliku wpisz `hello`.

 \* Zapisz zmiany w pliku.

 \* Zakończ pracę z edytorem tekstu.

6. Korzystając z polecenia cat wyświetl zawartość pliku `README.txt`.

7. Przejdź do katalogu `lab1` i z tej ścieżki wyświetl zawartość pliku `README.txt`.

**Zad. 4 - Kopiowanie, przenoszenie, usuwanie katalogów i plików**

1. Co otrzymasz w wyniku polecenia cp text/README.txt ./?

2. Co otrzymasz w wyniku polecenia cp text/README.txt ./readme.txt?

3. Usuń plik `readme.txt`.

4. Zmień nazwę pliku `README.txt` na `README.md` w katalogu `lab1`.

5. Utwórz kopię katalogu `text` nazywając go `text\_backup`.

6. Usuń katalog `text`.

7. Przenieś plik `README.md` do katalogu `text\_backup`.

**Zad. 5 - Kompresja i dekompresja plików/katalogów, pobieranie plików z internetu**

1. Spakuj katalog `text\_backup` poleceniem tar -zcvf text\_backup.tar.gz text\_backup

 \* Korzystając z dokumentacji, wyjaśnij, za co odpowiadają użyte opcje -z, -c, -v, -f.

2. Korzystając z polecenia wget pobierz skompresowane archiwum znajdujące się pod adresem <http://www.combio.pl/files/sequences10.tar.gz>

3. Rozpakuj pobrany plik poleceniem tar -zxvf sequences10.tar.gz. Co otrzymałeś/aś?

4. Usuń skompresowane archiwum `sequences10.tar.gz`.

5. Wyświetl na ekran zawartość pliku `seq01.fasta`.

6. Jednym poleceniem wyświetl na ekran zawartość pliku `seq01.fasta` i `seq02.fasta`.

7. Jednym poleceniem wyświetl na ekran zawartość wszystkich rozpakowanych plików.

**Zad. 6 - Przekierowanie**

1. Przekieruj zawartość 10 plików z sekwencjami do jednego pliku `all.fasta`.

2. Jednym poleceniem usuń wszystkie 10 plików `seq01-seq10.fasta`.

3. Sprawdź wynik działania poniższych komend i odpowiedz co robią znaki `>` i `2>`?

* ls -l > out.txt 2> error.log
* ls -z > out.txt 2> error.log

**Zad. 7 - Przeglądanie zawartości plików**

Korzystając z polecenia wget pobierz plik <http://www.combio.pl/files/apoptosis.tsv>. W tym pliku znajduje się lista nazw białek zaangażowanych w proces apoptozy (zaprogramowana śmierć komórki) u różnych organizmów.

1. Przejrzyj zawartość pobranego pliku poleceniem less.

* Klawisz `f` lub `spacja` umożliwiają oglądanie pliku strona po stronie.
* Klawisz `b` wraca do poprzedniej strony.
* `/Homo` powoduje wyszukanie wyrazów zawierających frazę `Homo`. Klawisz `n` umożliwia przechodzenie po kolejnych znalezionych frazach.
* Klawisz `q` zamyka program.

2. Użyj polecenia wc i odpowiedz, ile wierszy (linii) zawiera ten plik?

3. Wyświetl 7 pierwszych wierszy tego pliku.

4. Wyświetl 7 ostatnich wierszy tego pliku.

**Zad. 8 - Przeszukiwanie zawartości plików tekstowych**

1. Użyj polecenia grep aby wyświetlić wszystkie wiersze pliku `apoptosis.tsv`, które zawierają frazę `Homo sapiens`.

2. Do użytego polecenia grep dodaj opcję `-c`. Ile białek człowieka znaleziono?

3. Wyświetl listę wszystkich białek oprócz tych należących do myszy.

4. Co będzie wynikiem polecenia grep 'Human\|Mouse' apoptosis.tsv?

5. Przekieruj wynik poprzedniego polecenia do pliku `human\_mouse-apoptosis.tsv`.

**Zad. 9 - Potokowanie**

1. Co otrzymamy w wyniku polecenia grep 'Human' apoptosis.tsv | wc -l?

2. Użyj polecenia sort aby wyświetlić zawartość pliku `apoptosis.tsv` uszeregowaną ze względu na identyfikator białka.

3. Co otrzymasz w wyniku polecenia sort -k 4 apoptosis.tsv?

4. Uszereguj listę ze względu na długość sekwencji białka (malejąco).

5. Wyświetl listę białek należących do człowieka uszeregowaną ze względu na długość sekwencji białka (rosnąco).

 - Wskazówka: Utwórz potok z polecenia grep i sort.

6. Uszereguj listę, aby w obrębie każdego organizmu (rosnąco), nazwy białek były uszeregowane ze względu na długość sekwencji (malejąco).

 - Wskazówka: Pojedyncze polecenie sort z dwoma opcjami `-k`.

7. Użyj polecenia cut aby wyświetlić tylko kolumnę zawierającą organizmy.

8. Wyświetl kolumnę zawierającą organizmy, ale tak aby podana była tylko nazwa rodzajowa gatunku (pierwszy wyraz).

9. Zmodyfikuj komendę #7, aby wyświetlić listę niepowtarzających się gatunków.

10. Zmodyfikuj komendę #9, aby obok nazwy gatunku znajdowała się liczba należących do niego białek.

11. Wyświetl zawartość pliku `apoptosis.tsv`, aby widoczne były tylko trzy kolumny: `Id`, `Name`, `Organism`.

**Zad. 10**

Plik <http://www.combio.pl/files/many.fasta> zawiera sekwencje w formacie FASTA pochodzące z różnych baz danych.

Odpowiedz na poniższe pytania i podaj użyte polecenie.

1. Ile sekwencji znajduje się w tym pliku?

2. Podaj nazwy baz danych, z których pochodzą te sekwencje.

 - Nazwy baz danych znajdują się w trzecim polu między znakami `|` (np. `dbj`, `gb`).

3. Ile sekwencji pochodzi z poszczególnych baz danych?

4. Czy wśród rekordów z bazy RefSeq znajdują się białkowe rekordy?

 - Wskazówka: Co jest charakterystyczną cechą identyfikatorów białkowych bazy RefSeq?