

Linux – podstawowe polecenia

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