

# Übungen zum Bioinformatik-Tutorium

## Blatt 1

**Termin:** Dienstag, 23.10.2018, 11 Uhr

### Hinweis

Dokumentiere die Antworten auf die folgenden Aufgaben in einer Textdatei. Falls du nicht weiterkommst, suche in der Befehlsübersicht aus den Vorlesungsfolien nach einem Befehl der damit zu tun haben könnte und sieh dir die `manpage` (oder sonstige Hilfe) dazu an.

### 1. Shell-Grundlagen

- (a) Öffne eine beliebige Shell.
- (b) Erstelle den Ordner `~/tutorium`. *Alle relativen Pfade im Folgenden beziehen sich hierauf!*

```
Wenn in ~: mkdir tutorium
```

- (c) Erstelle zwei Verzeichnisse, `eins` und `zwei` in deinem `tutorium`-Ordner.

```
cd tutorium um ins richtige Verzeichnis zu kommen  
mkdir eins zwei oder auch getrennt mkdir eins und dann mkdir zwei
```

- (d) Erzeuge drei Dateien `foo`, `bar` und `qux` im zuvor erstellten Ordner `eins`

```
cd eins  
touch foo bar quz oder wieder jeweils einzeln getrennt
```

- (e) Kopiere `foo` und `bar` mit einem Befehl nach `zwei`. Überprüfe ob sie wirklich kopiert wurden.

```
cp foo bar ../zwei/  
cd ../zwei/  
ls
```

- (f) Lösche zuerst die Dateien in `eins`, und überprüfe ob `eins` leer ist. Wenn ja, lösche auch `eins`.

```
cd ../eins/  
rm foo bar quz  
ls  
cd ..  
rmdir eins
```

- (g) Erstelle einen symbolic link auf das Verzeichnis `/home/proj/tutorium_bioinformatik/` mit dem Namen `material` in deinem `tutorium` Ordner.

```
ln -s /home/proj/tutorium_bioinformatik/ material
```

- (h) Wie viele Dateien befinden sich in dem Ordner `material/intro/`? Falls du es bei den vorherigen Aufgaben noch nicht versucht hast, versuche es ohne vorher in den Ordner zu wechseln.

```
ls -la material/intro/
```

Ab hier nehme ich für die Lösungsvorschläge einfach an dass man weiß in welchem Ordner man sein muss: d.h. ich werde nicht explizit jedes `cd` angeben.

- (i) Benutze `wget` um `http://files.fosswire.com/2007/08/fwunixref.pdf` in deinen `tutorium` Ordner zu speichern. Drucke dir das Cheatsheet aus.

```
wget http://files.fosswire.com/2007/08/fwunixref.pdf
```

## 2. Rechte

- (a) Navigiere in den Ordner `zwei`, in dem jetzt die Dateien `foo` und `bar` liegen sollten. Welche Dateirechte sind momentan vergeben? Übersetze die Rechte in die octal mode Syntax.

```
Rechte herausfinden mit ls -la, dann ist abzulesen: Beide Dateien haben rw-rw-r--  
In Oktalsyntax: r + w = 4 + 2 = 6, r = 4, also 664
```

- (b) Ändere die Rechte von `foo` auf `-w-r-xrw-` mit Hilfe von `chmod` in der symbolic mode Syntax.

```
chmod u-r,g=rx,o+w foo (oder jede andere Kombination von Befehlen die zum Ziel führt)
```

- (c) Ändere analog die Rechte von `bar` auf `--xrw--wx` mit der octal mode Syntax.

```
chmod 163 bar da 1; 4+2; 1+2
```

## 3. Arbeiten mit Textfiles

- (a) Erstelle mit einem Texteditor eine Datei `editor_test` in deinem `tutorium`-Ordner. Schreib ein paar Zeilen, speichere die Datei, schließe den Editor. Öffne die Datei nochmal um nachzusehen ob es auch funktioniert hat.

Abhängig vom Editor. Wer sich ohnehin auskennt sollte `vim` versuchen und ein Tutorial googlen bzw. `vimtutor` durcharbeiten. Ansonsten ist vermutlich `nano` am einfachsten. Hinweis: `~X` wie in den `nano`-Befehlen in der unteren Leiste angegeben bedeutet `Strg+X`

- (b) Im `material`-Ordner liegt die Datei `C_elegans.pep.all.fasta`. Sie enthält das Referenzproteom des Modellorganismus *C. elegans* im FASTA-Format. Öffne die Datei einmal mit `cat`, einmal mit `less`. Welcher Befehl ist wann sinnvoll? (Erinnerung: `Strg+c` bricht einen laufenden Befehl ab)

`cat` hat Nachteil, dass alles auf `stdout` ausgegeben wird, was aber sinnvoll ist wenn man mit Pipes arbeitet (nächster Termin)

`less` hat den Vorteil dass man keine Wartezeit beim Öffnen hat (da es den File line by line liest und nicht sofort alles lädt), und sonstige Features wie Suche mit sich bringt, lässt sich aber nicht in Pipes reinschalten.

- (c) Finde heraus wie viele Zeilen `C_elegans.pep.all.fasta` hat.

```
wc -l C_elegans.pep.all.fasta
```

- (d) Wie lassen sich nur 5 Zeilen des Anfangs bzw. des Endes von `C_elegans.pep.all.fasta` anzeigen?

```
tail -n 5 bzw head -n 5
```

- (e) Im `material`-Ordner liegt auch die Datei `studenten.txt`. Versuche die Datei zunächst alphabetisch sortiert auszugeben, danach nochmal in umgekehrter Reihenfolge.

```
sort studenten.txt bzw. sort -r studenten.txt
```

- (f) Versuche nur die Nachnamen der Personen in `studenten.txt` auszugeben.

```
cut -f 1 studenten.txt
```

#### 4. Remote-Zugriff

- (a) Benutze `ssh` um dich auf `remote.cip.ifi.lmu.de` einzuloggen

```
ssh username@remote.cip.ifi.lmu.de
```

- (b) Logge dich dann per `ssh` auf dem Rechner `wald` ein, und finde danach heraus wie man sich wieder ausloggt.

```
ssh wald und exit
```

- (c) Wenn du dich wieder aus `wald` ausgeloggt hast, kopiere mit `scp` die Datei `/tmp/test` von `wald` in das `/tmp`-Verzeichnis des Rechners auf dem du eingeloggt bist.

```
scp wald:/tmp/test /tmp/
```

#### Freiwillige Aufgaben

- (a) `vim` ist ein Texteditor mit einer hohen Lernkurve, der mit ein wenig Übung allerdings sehr effiziente Bearbeitung von Texten erlaubt. Der Befehl `vimtutor` ruft ein interaktives Tutorial auf, das die Grundfunktionen erklärt.