

PRACOWNIA INFORMATYCZNA

Lista 1

Wszystkie zadania wykonaj w wierszu poleceń. Poruszanie się pomiędzy katalogami zapewnią Ci komendy „cd” (wejście do katalogu) oraz „cd ..”(wyjście z katalogu).

LINIA POLECEŃ – PODSTAWY

1. Praca z katalogami
 - a. W swoim katalogu domowym utwórz nowy katalog. Nazwij go według wzoru „Imie_Nazwisko” (np. Julian_Kowalski).
 - b. W nowo utworzonym katalogu utwórz trzy katalogi „katalog1”, „katalog2” i „katalog3”.
 - c. Zmień nazwę katalogu pierwszego.
 - d. Skopiuj „katalog2” do swojego katalogu domowego (home/nazwa_użytkownika/)
2. Praca z plikami
 - a. W miejscu „katalog3” utwórz plik o dowolnej nazwie.
 - b. Podaj ścieżkę do tego pliku. Jakiej komendy użyjesz aby ją poznać?
 - c. Zmień uprawnienia pliku w taki sposób abyś tylko Ty mógł/mogła odczytać, zapisywać i wykonywać plik.
 - d. Przenieś plik na pulpit Twojego komputera.
3. Ze strony theta.edu.pl ściągnij plik o nazwie „lab_1.txt” i wykonaj następujące polecenia:
 - a. cat lab_1.txt
 - b. less lab_1.txt (wyjście z programu poprzez „q”)
 - c. wc -l lab_1.txt
 - d. grep Chr5 lab_1.txt
 - e. grep Chr5 lab_1.txt | wc -l
 - f. head -n 1 lab_1.txt
 - g. cat lab_1.txt.txt | head -n 1 > nowy_plik.txt

Co jest wynikiem tych operacji? Do czego służy znak potoku „|”?
4. Pozostań w katalogu, w którym znajduje się plik „lab_1.txt”. Wpisz w konsolę komendę „cat” i „lab”, wciśnij tabulator. Jaką przydatną funkcję on dostarcza? Sprawdź także za co odpowiedzialne są skróty klawiszowe „ctrl+a” oraz „ctrl+e”.
5. Napisz jednowierszową instrukcję, która automatycznie stworzy 5 katalogów o nazwach katalog_1, katalog_2, katalog_3, katalog_4, katalog_5.

BIOLOGICZNE BAZY DANYCH (I)

6. Z pliku o nazwie „Mus_musculus.GRCm38.94.abinitio.txt” wyodrębnij koordynaty genów i zapisz je w nowym pliku.
7. Z bazy ENSEMBL (www.ensembl.org) pobierz genom jądrowy *D. melanogaster* ("unmasked genomic sequence"). Pobrane pliki połącz w odpowiedniej kolejności (autosomy w kolejności rosnącej oraz chromosom płci). Odpowiedz na poniższe pytania:
 - a. jakiego polecenia użyjesz do pobrania danych?
 - b. w jakim formacie przechowywane są te dane? Opisz krótko ten format.
 - c. jakiego/jakich narzędzia/narzędzi możesz użyć w celu połączenia plików w zadanej kolejności?
 - d. za pomocą jakiego polecenia sprawdzisz czy kolejność chromosomów w nowym pliku jest prawidłowa?
 - e. jaki jest rozmiar finalnego pliku, w którym przechowujesz genom referencyjny?