

# 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!*
- (c) Erstelle zwei Verzeichnisse, `eins` und `zwei` in deinem `tutorium`-Ordner.
- (d) Erzeuge drei Dateien `foo`, `bar` und `qux` im zuvor erstellten Ordner `eins`
- (e) Kopiere `foo` und `bar` mit einem Befehl nach `zwei`. Überprüfe ob sie wirklich kopiert wurden.
- (f) Lösche zuerst die Dateien in `eins`, und überprüfe ob `eins` leer ist. Wenn ja, lösche auch `eins`.
- (g) Erstelle einen symbolic link auf das Verzeichnis `/home/proj/tutorium_bioinformatik/` mit dem Namen `material` in deinem `tutorium` Ordner.
- (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.
- (i) Benutze `wget` um `http://files.fooswire.com/2007/08/fwunixref.pdf` in deinen `tutorium` Ordner zu speichern. Drucke dir das Cheatsheet aus.

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

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

### 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.
- (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)
- (c) Finde heraus wie viele Zeilen `C_elegans.pep.all.fasta` hat.
- (d) Wie lassen sich nur 5 Zeilen des Anfangs bzw. des Endes von `C_elegans.pep.all.fasta` anzeigen?
- (e) Im `material`-Ordner liegt auch die Datei `studenten.txt`. Versuche die Datei zunächst alphabetisch sortiert auszugeben, danach nochmal in umgekehrter Reihenfolge.
- (f) Versuche nur die Nachnamen der Personen in `studenten.txt` auszugeben.

### 4. Remote-Zugriff

- (a) Benutze `ssh` um dich auf `remote.cip.ifi.lmu.de` einzuloggen
- (b) Logge dich dann per `ssh` auf dem Rechner `wald` ein, und finde danach heraus wie man sich wieder ausloggt.
- (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.

### 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.