



Corso di Laurea di Primo Livello
Scuola Universitaria Interfacoltà
in Biotecnologie
Università degli Studi di Torino



Corso di Abilità Informatiche Secondo Modulo

AA 2008/2009

LABORATORIO INFORMATICO, LEZIONE 1:

PRIMI PASSI CON LINUX

PREAMBOLO

I sistemi operativi moderni hanno delle interfacce grafiche (*graphical user interface*, ovvero *GUI*), che permettono di effettuare la maggior parte delle operazioni (lanciare un'applicazione, copiare un file, creare una cartella, ecc.) in un modo facile e confortevole. Anche per Linux esistono diversi cosiddetti *windowmanager*, di cui i più diffusi sono KDE e Gnome.

L'utilizzo di interfacce grafiche però, anche se più facili da usare, è spesso limitato a operazioni ben definite (ad esempio tramite icone "cliccabili") e quindi offrono in alcuni casi una scarsa flessibilità. Per questo l'utilizzo di un'interfaccia testuale, in Linux implementata mediante le shell, è indispensabile al fine di poter sfruttare le potenzialità di un sistema Linux al meglio.

Un esempio pratico: sia data una cartella con migliaia di file contenenti delle sequenze proteiche dove il nome del file ha sempre il formato

```
"datasequenziamento_specie_nomeproteina"
```

che indica la specie a cui appartiene la proteina. Per scoprire quanti file (sequenze proteiche) per le singole specie si trovino in quella cartella, usando una GUI, bisognerebbe scorrere tutti i file e contare il numero di volte in cui appare il nome di una specie (perdendo molto tempo e rischiando di sbagliare i conti). Usando una shell, invece basterebbe digitare un singolo comando

```
ls | sed -e "s/.*_\(.*\)_.*\/\1/" | sort | uniq -c
```

per avere una lista di specie con i rispettivi numeri di sequenze proteiche.

Imparare ad usare la flessibilità e la potenzialità offerte dalle shell e i programmi "command-line" di un sistema Linux, può quindi aiutare a risparmiare molto tempo, soprattutto nell'ambito della biologia computazionale.

ESERCIZIO 1: GUI e OpenOffice

- 1) **Boot di Linux:** il computer del laboratorio è un sistema *dual boot* su cui sono installati sia Windows che Linux. Dopo aver acceso il computer un *boot loader* vi permette di scegliere il sistema operativo da caricare. Scegliete Linux (la prima voce).
- 2) **Navigazione con la GUI:** noterete che l'interfaccia grafica offre funzionalità molto simili a quelle di Windows, ma troverete anche alcune differenze.
 1. Su Linux spesso (ma non sempre) basta un singolo click per effettuare azioni che su Windows richiederebbero un doppio-click.
 2. Esiste un menu principale simili al menu "Start" di Windows, ma le applicazioni sono raggruppate in modo diverso (in questo caso, usando il windowmanager Gnome, avete un menu principale con un'icona a forma di piede).
 3. La maggior parte dei GUI di Linux offre più di un desktop su cui è possibile aprire dei programmi e delle finestre diverse (in questo caso potete scegliere i desktop in basso a destra).Prendetevi qualche minuto per esplorare la GUI e il suo funzionamento.

- 3) **Navigazione sul file system:** cliccando sull'icona "Home" sul desktop avete a disposizione una finestra che vi permette di navigare nel file system per entrare nelle cartelle/directory, elencare i file in esse contenute, etc. Inizialmente vi trovate nella vostra cartella *home* (ogni utente definito sul sistema ne ha una). Create una nuova cartella di nome "esercizi_lab1". Entrate nella cartella e create un nuovo file di testo con nome "sequenza1.txt" (anche tutti gli altri file dei seguenti esercizi dovranno essere creati esclusivamente all'interno di questa cartella, che alla fine verrà cancellata). Cliccando sul file si apre un editore di testo che vi permette di modificare il suo contenuto (inizialmente vuoto). Scrivete un breve sequenza nucleotidica (fittizia) in formato FASTA, come illustrato nel seguente esempio:

```
>ENSG00000012048|17|Breast cancer type 1 susceptibility protein  
CTTAGCGGTAGCCCCTTGGTTTCCGTGGCAACGAAAGCGCGGGAATTACAGATAAATT  
(...)
```

- 4) **Copia e incolla (copy&paste):** evidenziate una parte del testo appena scritto tenendo premuto il tasto sinistro del mouse, come fareste su Windows per copiarlo. Invece di premere Ctrl+C (e poi Ctrl+V) però, cliccate semplicemente il tasto centrale. Il testo prima evidenziato viene incollato dove si trova il puntatore del mouse.
- 5) **Navigazione in rete:** nel menu principale, sotto *Applications -> Internet*, trovate il web browser Konqueror. Apritelo e andate su <http://www.google.it> per cercare un documento Word sulla proteomica usando le parole di ricerca
"proteomics use case doc"
Scaricate il file e salvatelo nella cartella creata al punto 3.
- 6) **OpenOffice Writer:** lanciate *OpenOffice Writer* (simile a Microsoft Word) dall'equivalente del menu Start. Usate il menu *File* di OpenOffice per aprire il documento sulla proteomica scaricato al punto precedente. Noterete che OpenOffice, oltre a poter aprire documenti Word, offre funzionalità equivalenti a quelle di Microsoft Word. Provate a ingrandire la scritta, ad usare il grassetto ecc. Salvate il file modificato (*File -> Save As ...*) con un formato diverso da quello di Word (salvatelo come *Rich Text Format*, con estensione ".rtf", un formato standard a differenza del formato ".doc" dei documenti Word). Poi provate a convertire il file nel formato PDF (*File -> Export as PDF*). Salvate tutte le versioni diverse nella cartella creata al punto 3.

- 7) **[facoltativo] OpenOffice Impress e OpenOffice Calc:** lanciate *OpenOffice Impress* su desktop 1 e *OpenOffice Calc* su desktop 2. Noterete che i due applicativi sono molto simili a Microsoft PowerPoint e Microsoft Excel (e possono anche aprire i rispettivi file Microsoft). Prendetevi qualche minuto per esplorare i due applicativi. Create dei file in formato Excell e PowerPoint nella cartella creata al punto 3.
Nota: OpenOffice è *open source* e può essere scaricato gratuitamente e legalmente da internet. Esistono anche delle versioni che funzionano su Windows e Mac (per chi non vuole pagare la licenza di Microsoft Office o violare la legge usando una copia illecita).

ESERCIZIO 2: La shell

- 1) **Avviare un terminale con una shell:** aprite un nuovo terminale (*Applications -> Accessories -> Terminal*). Vedrete un "*prompt*", che indica il nome dell'utente, il nome del computer e la cartella attuale (inizialmente vi trovate nella vostra *home*), e un cursore per la riga di comando. Digitate

```
echo $SHELL
```

per scoprire se state usando una *Bourne shell* (*sh* oppure *bash*), una *C shell* (*csh* oppure *tcsh*) o una Korn shell (*ksh*).

Nota: Il "\$" indica che la parola che segue è una *variabile ambientale* e che deve essere utilizzato il valore (contenuto) della variabile (che in questo caso indica il tipo di shell) come argomento per il comando *echo*. Viene quindi scritto il *contenuto* della variabile sullo schermo, non il suo nome. Provate anche: `echo $HOME`

- 2) **Comando echo:** il comando *echo* serve per scrivere sullo schermo una riga di testo. Provate a scrivere: `echo ACTGTTGAT`

Nota: questo comando può essere usato, per esempio, in uno *script* (una procedura o sequenza predefinita di comandi) per scrivere informazioni sullo schermo durante la sua esecuzione.

- 3) **Cambiare la shell:** se state usando una Bourne shell, lanciate una C shell digitando "*tcsh*"; se invece state usando una C shell, lanciate una Bourne shell digitando "*bash*". Noterete che cambia il formato del prompt (quello della *bash* finisce con "\$" e quella della *tcsh* con ">", il formato preciso del prompt è comunque configurabile). Tornate alla shell iniziale digitando "*exit*".

- 4) **Utenti loggati e utente corrente:** provate a farvi confermare dal computer che utente siete e a scoprire quali utenti sono loggati sul computer al momento (con i comandi *whoami* e *who*). Anche se i risultati non vi sorprenderanno, tenete conto che su altri sistemi è possibile che dozzine o centinaia di utenti siano loggati contemporaneamente.

- 5) **Working directory:** verificate che vi trovate nella vostra home directory, digitando: `pwd`
La cartella in cui vi trovate al momento viene chiamata "*working directory*" (`pwd` sta per "print working directory").

- 6) **Contenuto di una cartella / lista dei file (1):** potete ottenere la lista dei file (e delle sottocartelle) digitando "*ls*" (dall'inglese "list"). Per vedere anche file "nascosti" (il cui nome inizia con un punto, ad esempio ".*bashrc*") potete usare "*ls -a*". Provate per curiosità anche "*ls -l*" senza spaventarvi.

- 7) **Navigazione sul file system tramite shell:** per cambiare la cartella potete usare il comando `cd` ("change directory") in uno dei seguenti modi:

```
1. cd
```

Il comando, se non seguito da un argomento, vi riporta nella cartella *home*

2. `cd ..`

Il comando seguito da due punti, vi porta nella cartella in cui si trova la working directory (esempio: se vi trovate in `"/home/studente"`, digitando `"cd .."` finirete in `"/home"`).

3. `cd cartelladestinazione`

Il comando, seguito dalla cartella specifica, vi porta in quest'ultima. La cartella di destinazione viene specificata con un

a) *path relativo* alla cartella corrente: ad esempio `"cd ../studente2"` per andare dalla cartella `"/home/studente"` alla cartella `"/home/studente2"`; oppure un

b) *path assoluto* (dalla radice del file system): ad esempio `"cd /usr/bin"` per andare in `"/usr/bin"`, indipendentemente da dove vi trovate al momento. I path assoluti, a differenza dei path relativi, iniziano con una barra ("`/`", in inglese chiamata "*slash*"). La sola barra indica la radice del file system quindi, per andare a quest'ultima, basta digitare `"cd /"`.

Provate i seguenti spostamenti, ognuno seguito dal comando `"pwd"` per verificare dove vi trovate. Usate il comando `"ls"` per vedere cosa contengono le cartelle.

i) Per tornare nella cartella iniziale: `cd`

ii) `cd esercizi_lab1`

iii) `cd /usr/lib`

iv) `cd ..`

v) `cd ../home`

vi) `cd studente/esercizi_lab1`

vii) `cd ../..`

- 8) **Contenuto di una cartella / lista dei file (2):** gli stessi path usati per il comando `cd` si possono anche usare per tanti altri comandi, ad esempio per elencare il contenuto di una cartella anche se non è la working directory. Tornate nella vostra home e da lì provate a vedere il contenuto di `/usr/share`, della cartella in cui sta la vostra home, e della cartella `esercizi_lab1`. Verificate ogni volta che continuate a trovarvi nella vostra home, anche se avete elencato i file contenuti in cartelle diverse da essa.
- 9) **Lanciare un applicazione dalla shell:** provate (dalla shell, non dalla GUI) ad aprire il file di testo (`sequenzal.txt`) che avete creato prima, usando l'applicazione `gedit`. Si può continuare ad usare la shell quando l'applicazione è in esecuzione? E dopo aver chiuso l'applicazione? Provate a lanciarla di nuovo aggiungendo un `"&"` alla fine del comando. La situazione cambia?

Nota: per lanciare un'applicazione dalla shell si digita il suo nome (il nome del file eseguibile). Eventualmente può essere necessario aggiungere il percorso (path assoluto o relativo) che indica in che cartella del file system si trova l'eseguibile. A molte applicazioni si possono passare degli *argomenti* sulla *riga di comando*. Esempi:

```
gedit file.txt
```

```
xeyes
```

```
/bin/echo "riga da scrivere sullo schermo"
```

```
/usr/bin/who
```

Di solito, la shell esegue un comando solo dopo aver terminato quello precedente. Visto che eseguire un'applicazione equivale a eseguire un comando, la shell può eseguire un nuovo comando solo dopo che l'applicazione sia stata terminata o chiusa. Aggiungendo un `"&"` alla fine del comando che lancia l'applicazione, quest'ultima viene eseguita in *background* e la shell torna ad accettare altri comandi dall'utente.

- 10) **Creazione di una cartella:** andate nella cartella `esercizi_lab1` e create una sotto-cartella di nome `nuova_cartella` usando il comando `mkdir`. Verificate (dalla shell) che la cartella sia effettivamente stata creata.
- 11) **Creazione di una copia di un file:** usando il comando `cp` (per “copy”), create due copie del file PDF, una nella cartella `esercizi_lab1` stessa e una in `nuova_cartella`. Verificate che le copie siano state create.
- 12) **Cancellazione di un file:** cancellate la prima copia del file PDF (creata nella cartella `esercizi_lab1`), lasciando però la seconda copia. Verificate che il file sia effettivamente stato cancellato.
- 13) **Cancellazione di una directory:** cancellate la cartella `nuova_cartella`. Verificate che la cartella sia effettivamente stata cancellata.
- 14) **Importante:** per concludere gli esercizi eliminate la cartella `esercizi_lab1` e tutto il suo contenuto (tutti i file creati negli esercizi precedenti). Se volete potete prima salvare i file su una chiavetta USB.
- 15) **Logout e spegnimento:** Fate il logout dalla GUI (dal menu principale: *Desktop -> Log Out*). Essendo tornati al menu di login, arrestate (*Actions -> Shut Down*) il computer. È anche possibile effettuare lo spegnimento direttamente dal desktop senza fare il logout (*Desktop -> Shut Down*). In ogni caso, come un sistema Windows, un sistema Linux non dovrebbe mai essere spento premendo semplicemente l'interruttore.

Se siete interessati a provare Linux a casa senza interferire con Windows, possiamo fornirvi una versione “live” su CD che non ha bisogno di essere installata sul hard disk (basta accendere il PC con il CD nel lettore).

Mandate una mail entro il 3 novembre a: rosario.piro@unito.it