

**Formation en Bioinformatique**  
**Plateforme ABiMS**  
**2017**

**Module**  
***Linux avancé***

**Objectifs**

- Savoir utiliser des commandes linux pour traiter de grosses quantités de données : fichiers volumineux et/ou en grands nombres : recherche, comptage, tri, fusion, ...

**Programme**

- Introduction
- Décrire (*wc, grep*)
- Manipuler des fichiers tabulés (*cut, sort*)
- Rechercher (*grep*)
- Redirection / Pipeline (*stdin, stdout, stderr, >, 2>, &&, |*)
- Recherche avancée : notion d'expression régulière (*egrep*)
- Rechercher/Remplacer haut débit (*tr, sed*)
- Manipulation de fichier tabulé – mode avancé (*awk*)
- Traitement séquentiel de nombreux fichiers (*for*)

**Public**

Personnel scientifique et technique

**Pré requis**

Avoir suivi le module « Linux Initiation »  
ou maîtriser son programme

**Modalités pédagogiques**

Cours réalisé en salle TP informatique (IGM ou HDF)  
Théorie : 30% / Pratique : 70%  
Un poste de travail par stagiaire

**Durée : 1 jour**

**Intervenants**

Philippe Bordron / Mark Hoebeke / Gildas Le Corguillé

**Renseignements formation**

[mark.hoebeke@sb-roscoff.fr](mailto:mark.hoebeke@sb-roscoff.fr)

Tél: 02 98 29 25 68

**Pre-inscriptions en ligne**

<http://abims.sb-roscoff.fr/formation>