

Ce référentiel de compétences concernant le **shell Unix** dans le cadre d'un **usage bioinformatique** a été créé par le groupe de travail **e-formation de l'Institut Français de Bioinformatique**.

L'objectif est de définir des **compétences attendues en bioinformatique** selon des **niveaux de difficultés croissantes**, structurés par groupes thématiques. Les compétences sont **cumulatives** : ainsi, les compétences acquises à un niveau donné sont également attendues au niveau suivant. Chaque compétence a été définie de manière opérationnelle en suivant la classification des objectifs d'apprentissage selon Bloom (Airasian, P. W. et al. A Taxonomy for Learning, Teaching, and Assessing: A Revision of Bloom's Taxonomy of Educational Objectives. (Longman, New York, NY, USA, 2001).

Ce référentiel peut être librement **réutilisé** et servir d'inspiration pour définir les compétences ou pré-requis d'une formation, ou pour évaluer le niveau d'un·e étudiant·e. Ce contenu est mis à disposition selon les termes de la licence Creative Commons Attribution 4.0 International (CC BY 4.0). Version 1, juillet 2024.



Terminal, shell et commande Unix U1	Structure et fonctionnement d'une commande dans l'arborescence U2	
<ul style="list-style-type: none"> <input type="checkbox"/> Expliquer les différences entre un terminal et un shell <input type="checkbox"/> Donner des exemples de shell Unix <input type="checkbox"/> Décrire les trois parties possibles constituant la structure d'une commande Unix <input type="checkbox"/> Expliquer l'importance de l'espace dans une commande Unix <input type="checkbox"/> Nommer la commande qui permet d'afficher la date <input type="checkbox"/> Indiquer la touche du clavier à utiliser pour exécuter une commande écrite dans le terminal <input type="checkbox"/> Nommer la commande qui affiche le contenu d'un répertoire 	<ul style="list-style-type: none"> <input type="checkbox"/> Expliquer la structure d'un nom de fichier <input type="checkbox"/> Expliquer la différence entre un répertoire (ou dossier) et un fichier (commande ls -p) <input type="checkbox"/> Nommer le caractère qui sert de "joker" pour remplacer plusieurs caractères, par exemple le nom d'un fichier <input type="checkbox"/> Expliquer la différence entre ls et ls + arguments <input type="checkbox"/> Expliquer le rôle des options dans une commande Unix <input type="checkbox"/> Donner un exemple d'option d'une commande Unix <input type="checkbox"/> Décrire les deux formes d'options d'une commande Unix <input type="checkbox"/> Nommer la combinaison d'options de la commande ls qui résume les tailles des fichiers de manière lisible par un humain <input type="checkbox"/> Rappeler la commande qui affiche la documentation d'une autre commande Unix <input type="checkbox"/> Nommer l'option de la commande ls qui affiche la liste des fichiers dans un format détaillé <input type="checkbox"/> Indiquer l'option de la commande ls qui affiche l'aide de cette commande <input type="checkbox"/> Nommer la caractéristique d'un chemin absolu sous Unix <input type="checkbox"/> Différencier chemin absolu et chemin relatif <input type="checkbox"/> Identifier la racine dans un chemin absolu 	<ul style="list-style-type: none"> <input type="checkbox"/> Identifier le séparateur de répertoire dans un chemin (absolu ou relatif) <input type="checkbox"/> Nommer la commande qui affiche le chemin du répertoire courant <input type="checkbox"/> Nommer la commande qui affiche l'arborescence d'un répertoire <input type="checkbox"/> Expliquer où se trouve le répertoire parent dans un chemin Unix <input type="checkbox"/> Nommer la commande qui permet de se déplacer dans un répertoire de l'arborescence <input type="checkbox"/> Décrire l'effet de la touche TAB lors de l'écriture d'une commande ou d'un chemin dans un terminal <input type="checkbox"/> Différencier l'usage de la commande cd seule avec la commande cd suivi d'un argument <input type="checkbox"/> Expliquer ce qu'est le répertoire "home" (maison) <input type="checkbox"/> Reconnaître le symbole du répertoire "home" <input type="checkbox"/> Utiliser deux manières de se déplacer dans un répertoire donné de l'arborescence <input type="checkbox"/> Examiner sa position dans l'arborescence après un changement de répertoire <input type="checkbox"/> Nommer la commande pour afficher le contenu complet d'un fichier texte dans le terminal <input type="checkbox"/> Nommer la commande qui permet de lister toutes les commandes Unix utilisées dans le shell jusqu'à présent <input type="checkbox"/> Quelles touches du clavier permettent de naviguer dans l'historique des commandes utilisées dans le shell

Exploration avancée, modification de l'arborescence et de l'espace de travail

U3

- | | |
|--|--|
| <ul style="list-style-type: none"> <input type="checkbox"/> Indiquer à quoi sert l'option -L 2 de la commande "tree -d -L 2 /shared" <input type="checkbox"/> Expliquer la signification de .. dans un chemin <input type="checkbox"/> Nommer la commande qui permet de créer un répertoire <input type="checkbox"/> Nommer la commande qui permet de copier un fichier ou un répertoire <input type="checkbox"/> Expliquer la syntaxe de la commande cp <input type="checkbox"/> Expliquer l'utilité du . dans la commande cp <input type="checkbox"/> Décrire l'effet de l'option -r sur la commande cp <input type="checkbox"/> Nommer la commande qui permet de déplacer un fichier ou un répertoire <input type="checkbox"/> Expliquer la syntaxe de la commande mv <input type="checkbox"/> Expliquer la différence dans le résultat obtenu avec les commandes cp et mv <input type="checkbox"/> Nommer la commande qui permet de supprimer un fichier <input type="checkbox"/> Reconnaître le fichier cible de la commande rm | <ul style="list-style-type: none"> <input type="checkbox"/> Identifier le répertoire cible dans une commande rm -r <input type="checkbox"/> Indiquer la ou les différences entre les commandes less et cat <input type="checkbox"/> Donner trois exemples de raccourcis claviers liés à la commande less <input type="checkbox"/> Nommer la commande qui permet d'afficher les premières lignes d'un fichier <input type="checkbox"/> Indiquer l'option de la commande head qui permet d'afficher les X premières lignes d'un fichier <input type="checkbox"/> Indiquer la commande qui affiche les dernières lignes d'un fichier <input type="checkbox"/> Indiquer l'option de la commande tail qui permet d'afficher les X dernières lignes d'un fichier <input type="checkbox"/> Expliquer le résultat renvoyé par la commande "wc nom_de_fichier" <input type="checkbox"/> Préciser l'option de la commande wc qui permet d'afficher le nombre de lignes d'un fichier <input type="checkbox"/> De quels mots la commande wc est-elle l'abréviation ? |
|--|--|

Motifs, redirection, pipe, flux

U4

- | | |
|--|---|
| <ul style="list-style-type: none"> <input type="checkbox"/> Nommer la commande Unix qui permet d'afficher les lignes d'un fichier correspondant à un motif recherché <input type="checkbox"/> Donner un exemple utilisant la commande grep <input type="checkbox"/> Nommer et expliquer deux options couramment utilisées avec la commande grep <input type="checkbox"/> Nommer l'option de grep qui permet d'afficher les lignes qui ne contiennent pas le motif recherché <input type="checkbox"/> Nommer la commande qui permet d'extraire une colonne d'un fichier texte tabulé <input type="checkbox"/> Préciser le comportement de cut dans cette commande "cut -f 1-3 genes.bed" <input type="checkbox"/> Expliquer l'utilité de l'option -d dans la commande cut <input type="checkbox"/> Lister les 2 flux de sortie d'une commande <input type="checkbox"/> Expliquer à quoi sert le signe > dans une commande <input type="checkbox"/> Expliquer la différence entre > et >> <input type="checkbox"/> Nommer le flux entrant d'une commande Unix | <ul style="list-style-type: none"> <input type="checkbox"/> Nommer le principal usage de la sortie stderr <input type="checkbox"/> Donner un exemple de redirection de la sortie d'erreur dans un fichier <input type="checkbox"/> Identifier dans cette commande le fichier qui va contenir la sortie standard et le fichier qui va contenir l'erreur standard : grep tp53 /shared/data/bank/homo_sapiens 1> tp53_genes.txt 2> error.log <input type="checkbox"/> Identifier dans cette commande le fichier qui va contenir la sortie standard et l'erreur standard : grep tp53 genome.txt >tp53_genes.txt 2>&1 <input type="checkbox"/> Utiliser la commande cut pour extraire la 1ere colonne d'un fichier vers un nouveau fichier <input type="checkbox"/> Nommer la commande qui permet de trier les lignes d'un fichier <input type="checkbox"/> Décrire l'effet de l'option -u dans la commande sort <input type="checkbox"/> Nommer l'option qui permet un tri sur les valeurs numériques |
|--|---|

Trois autres niveaux seront proposés dans une prochaine version du référentiel:

U5 Utilisation d'un programme bioinformatique

U6 Variables, script, automatisation

U7 Utilisation d'un cluster de calcul

Groupe e-formation de l'Institut Français de Bioinformatique composé de :

- Hélène Chiapello - IFB-core & INRAE (Jouy-en-Josas)
- Thomas Denecker - IFB-core, CNRS (Paris)
- Lucie Khamvongsa Charbonnier - IFB-core, CNRS (Marseille)
- Pierre Poulain - Université Paris Cité (Paris)
- Denis Puthier - Aix Marseille Université (Marseille)
- Olivier Sand - IFB-core, CNRS (Lille)
- Claire Toffano-Nioche - CNRS (Gif-sur-Yvette)
- Morgane Thomas-Chollier - PSL University, Ecole normale supérieure & IFB-core, CNRS (Paris)