



# Check-list “ça marche pas” avec la ligne de commande (qui devrait régler 90% de vos problèmes)

## 1. Panique ! Comment arrêter le programme ?

```
Ctrl C (les deux touches en même temps)
```

## 2. Où suis-je ?

### Problème possible

Vous n’êtes pas au bon endroit dans l’arborescence Linux

### Comment voir si c’est bien cela le problème ?

- Dans quel dossier êtes-vous ? Taper la commande ci-dessous

```
pwd
```

- Dans quel dossier devriez-vous être ?

### Le problème est-il résolu ?

- OUI : Vous n’étiez pas dans le bon dossier. Utilisez la commande `cd` pour vous replacer dans le bon dossier
- NON : passer au point suivant

### Exemple

```
## commande qui ne marche pas
unzip SRR576933_fastqc.zip
unzip: cannot find or open SRR576933_fastqc.zip
## Dans quel dossier êtes-vous ?
pwd
/shared/projects/training/toto/chip-seq
## Dans quel dossier devriez-vous être ?
## => dans /shared/projects/training/toto/chip-seq/02-quality
## Replacez-vous dans le bon dossier
cd 02-quality
## Relancez votre commande
unzip SRR576933_fastqc.zip
```

## 3. Mes fichiers sont-ils au bon endroit ?

### Problème possible

Le chemin vers un des fichiers n’est pas le bon, donc le programme ne tourne pas.

### Comment voir si c’est bien cela le problème ?

- Vérifier que les fichiers sont bien à l’endroit où ils doivent être

- Vérifier votre commande : le chemin vers le fichier est-il correct ? Comporte-t-il des fautes de frappe ? (astuce : utilisez la touche "Tab" pour compléter les noms de fichiers, et éviter les fautes de frappes)

### Le problème est-il résolu ?

- OUI : Le chemin n'était pas correct. Retapez votre commande avec le bon chemin
- NON : passer au point suivant

### Exemple

```
## commande qui ne marche pas
unzip 02-quality/SRR576933_fastqc.zip
unzip: cannot find or open 02-quality/SRR576933_fastqc.zip
## les fichiers sont bien à l'endroit où ils doivent être ? => oui,
SRR576933_fastqc.zip est bien dans le dossier 02-quality
## Vérifier votre commande : le chemin vers le fichier est-il correct ? => non, le
chemin devrait être results/02-quality/SRR576933_fastqc.zip
## Relancer votre commande avec le bon chemin
unzip results/02-quality/SRR576933_fastqc.zip
```

## 4. Que me dit le message d'erreur ?

### Problème possible

Divers, il va falloir analyser le message d'erreur

### Que faire ?

- Lire le message d'erreur envoyé par la commande

**A** - L'erreur qui s'affiche comporte les termes suivants:

```
"No such file or directory" ou "cannot find or open" ou "not found"
```

Dans ce cas, c'est sûrement un problème de positionnement dans l'arborescence ou de chemin de fichier. Reprendre les points 1 et 2.

**B** - L'erreur qui s'affiche est spécifique au programme.

Dans ce cas, regarder la documentation du programme : avez-vous utilisé les bonnes options ? Les formats de fichiers sont-ils corrects ? Est-ce le bon fichier qui est spécifié dans les options ?

### Exemple

```
## commande qui ne marche pas
samtools idxstats SRR576938.sam
samtools idxstats: fail to load index for "SRR576938.sam"
## regarder la documentation du programme
samtools idxstats
Usage: samtools idxstats <in.bam>
## Le manuel m'informe que le fichier doit être au format BAM
## =>le fichier SRR576938.sam est au format SAM. Ce n'est donc pas le bon format.
```

**Demandez de l'aide à ce stade si vous ne parvenez pas à résoudre le problème seul**