



## Prática da linha de comando

A linha de comandos pode parecer difícil no início, mas assim que aprender alguns comandos básicos terá a capacidade de executar uma grande variedade de software de bioinformática. É como aprender outra linguagem (de programação)! Se já se sente confortável a navegar nos directórios de ficheiros usando `pwd` e `cd`, a ver o conteúdo dos directórios usando `ls`, a mover ficheiros usando `mv` e a redireccionar a entrada e saída usando pipes, pode saltar este tutorial.

Se você é novo na linha de comando, sugerimos que comece completando os tutoriais 1-4, 8 e 10-14 neste site: <https://linuxjourney.com/lesson/the-shell>. Para praticar mais, você também pode concluir o Tutorial básico do terminal aqui: <https://sandbox.bio/tutorials?id=terminal-basics>.

Notas importantes para acompanhar este tutorial:

- O texto com um fundo cinzento em `fonte monoespçada` representa comandos a escrever.
- O texto Negrito rodeado por `< >` é algo que terá de substituir pelo seu próprio nome de utilizador.
- `[file]` e `[dir]` são usados como espaços reservados para o percurso do ficheiro ou directório no qual o comando está a ser executado. `[file/dir]` significa que o comando pode ser executado tanto num ficheiro como num directório.

## Sugestões gerais de linha de comandos

- O directório INICIAL em uma máquina Linux é `/home/<username>`, onde `<username>` é o nome de usuário que você usa para entrar no seu computador. Em vez de escrever isto em cada percurso de ficheiro, pode ser útil substituir `/home/<username>` de utilizador por `~` (o símbolo til).
- Os únicos percursos de ficheiros que devem começar com uma barra são os percursos de ficheiros absolutos.
- Por predefinição, quaisquer comandos que nomeiem ficheiros ou arquivos e que sejam executados na linha de comandos irão referir-se a ficheiros no directório de trabalho atual, a menos que utilize o percurso absoluto.
- Evite usar espaços nos nomes de arquivos e pastas.
- Os nomes de ficheiros e pastas nos percursos de ficheiros são SENSÍVEIS AO CASO.



## Prática da linha de comando

- Seja excepcionalmente cuidadoso ao remover ou apagar ficheiros, uma vez que esta ação não pode ser desfeita.



## Instruções para a configuração do computador

Este tutorial utiliza uma série de ficheiros e arquivos de exemplo. Antes de iniciar o tutorial, siga os passos abaixo para configurar os ficheiros necessários no seu computador:

1. Verifique se o seu computador tem uma pasta chamada *practice* no diretório PESSOAL (HOME). Dentro desta pasta devem existir três subpastas: *data*, *fastas* e *scripts*. Se estas subpastas estiverem presentes no seu computador, pode saltar os passos 2-6 abaixo e avançar diretamente para a secção seguinte (*Prática da linha de comandos*).
2. Se ainda não tiver o diretório de *practice* no seu computador, descarregue-o descarregando *linux-learning.zip* aqui:  
<https://github.com/CholGen/linux-learning/releases/download/v2/linux-learning.zip>.
3. Descompacte este ficheiro no seu computador.
4. Mova a pasta de *practice* que acabou de descarregar para o diretório INICIAL do seu computador. Pode fazê-lo arrastando a pasta de *practice* da pasta Transferências (ou do local onde a pasta se encontra atualmente) para o diretório INICIAL.
5. Confirme que a pasta de *practice* que descarregou contém três subpastas: *data*, *fastas* e *scripts*.
6. Abra a linha de comando no seu computador. Nos computadores Mac e Linux, esta será a aplicação chamada Terminal. Nos computadores Windows, pode ser necessário abrir um software pré-instalado, como o PuTTY ou o cygwin. Se ainda não tiver uma linha de comando Linux funcional no seu computador, terá primeiro de configurar a linha de comando seguindo as instruções em Configuração da linha de comando.



## Prática da linha de comando

As instruções listadas abaixo são demonstradas neste vídeo de aula disponível publicamente:

[https://youtu.be/DSathAxq\\_aA](https://youtu.be/DSathAxq_aA).

1. Utilize o comando `pwd` para descobrir a sua localização atual no computador.

Digite o seguinte na janela do terminal e pressione **Enter**:

```
pwd
```

Poderá ver algo que (pode ser ligeiramente diferente em computadores com Windows):

```
/home/<username>
```

2. Utilize o comando `ls` para listar o conteúdo da sua localização atual (o diretório em que se encontra atualmente).

Digite o seguinte na janela do terminal e pressione **Enter**:

```
ls
```

Deverá ver uma lista de ficheiros e arquivos. Estes são todos os itens que estão no seu diretório atual (o diretório INICIAL). Isto deve corresponder aos ficheiros e arquivos que vê quando abre a aplicação exploradora de ficheiros e navega para o diretório inicial.

3. Utilize o comando `cd` para navegar para o diretório de *practice* (deve estar armazenado no diretório INICIAL).

Escreva o seguinte na janela do terminal e prima **Enter**:

```
cd test
```

Remember that punctuation matters! And don't hesitate to use the **tab** key to help you complete file paths.

4. Lembre-se que a pontuação é importante! E não hesite em usar a tecla **tab** para o ajudar a completar o percurso dos ficheiros.

Digite o seguinte na janela do terminal e pressione **Enter**:



## Prática da linha de comando

```
pwd
```

Deverá ver algo como (pode ser ligeiramente diferente em computadores com o sistema operativo Windows):

```
/home/<username>/test
```

Isto indica que foi transferido com êxito para o diretório de *practice*.

5. Utilize o comando `ls` para listar o conteúdo da sua localização atual (o diretório em que se encontra atualmente).

Digite o seguinte na janela do terminal e pressione **Enter**:

```
ls
```

Deverá ver uma lista de ficheiros e pastas. Estes são todos os itens que estão no seu diretório atual (o diretório de *practice*). Isto deve corresponder aos ficheiros e pastas que vê quando abre a aplicação do explorador de ficheiros e navega para o diretório de *practice*.

6. Utilize o comando `cd` para navegar até ao diretório *fastas*, que se encontra dentro do diretório de *practice*.

Digite o seguinte na janela do terminal e pressione **Enter**:

```
cd fastas
```

Lembre-se que a pontuação é importante! E não hesite em usar a tecla **tab** para o ajudar a completar os caminhos dos ficheiros.

7. Utilize o comando `pwd` para ver o percurso absoluto do ficheiro para a sua localização atual no computador.

Digite o seguinte na janela do terminal e pressione **Enter**:

```
pwd
```

Deverá ver algo como:

```
/home/<username>/test/fastas
```

Isto indica que está atualmente dentro do diretório *fastas*, que está dentro do diretório de *practice*, que está dentro do diretório INICIAL do seu computador.



## Prática da linha de comando

8. Use o comando `cd` para navegar de volta ao diretório inicial.

Digite o seguinte na janela do terminal e pressione **Enter**:

```
cd ~
```

O símbolo til (~) é uma abreviatura para o percurso do ficheiro do diretório inicial. Este comando leva-o sempre de volta ao diretório inicial, independentemente de onde se encontre.

9. Utilize o comando `cd` para navegar para o diretório *fastas*, utilizando um percurso de ficheiro relativo.

Escreva o seguinte na janela do terminal e prima Enter **Enter**:

```
cd fastas
```

Deverá ver um erro como este:

```
cd: no such file or directory: fastas
```

Este erro diz-lhe que não existe um diretório *fastas* dentro do seu diretório atual. Recebemos este erro porque utilizámos o percurso relativo do ficheiro para o diretório *fastas* com o comando `cd` acima. Se não fornecer o percurso completo, o computador assume que deve procurar dentro do diretório atual. Portanto, só podemos usar o caminho relativo para o diretório *fastas* quando estivermos dentro do diretório de *practice*, porque esse é o diretório no qual o diretório *fastas* está localizado.

10. Utilize o comando `cd` para navegar para o diretório *fastas*, desta vez utilizando o percurso absoluto do ficheiro.

Digite o seguinte na janela do terminal e pressione Enter **Enter**:

```
cd ~/test/fastas
```

Podemos utilizar o percurso absoluto do ficheiro para qualquer ficheiro ou pasta e funcionará sempre, independentemente da nossa localização atual no computador.

11. Subir para um diretório.

Às vezes, podemos querer "subir" um diretório, ou seja, ir para a pasta que contém a pasta em que estamos atualmente. Existe um truque prático para isso. Escreva o seguinte no seu terminal e pressione **Enter**:

```
cd ..
```



## Prática da linha de comando

Reserve um momento para utilizar `ls` e `pwd` para compreender melhor a sua localização atual.

12. Utilize o comando `cd` para navegar para o diretório *fastas*.

Uma vez que se encontra atualmente no diretório de *practice*, pode utilizar o percurso relativo do ficheiro aqui.

Digite o seguinte na janela do terminal e pressione **Enter**:

```
cd Fastas
```

Lembre-se de que a linha de comando diferencia maiúsculas de minúsculas e nosso diretório é chamado *fastas* e não Fastas. Como resultado, deverá ver um erro como este:

```
cd: no such file or directory: Fastas
```

13. Utilize o comando `cd` para navegar para o diretório *fastas* utilizando o percurso relativo do arquivo.

Digite o seguinte na janela do terminal e pressione **Enter**:

```
cd fastas
```

Este comando deve funcionar, uma vez que *fastas* está dentro do seu diretório atual (assumindo que está no diretório de *practice*, caso tenha seguido as instruções acima) e agora está escrito corretamente e não em maiúsculas.

14. Use o comando `ls` para ver o conteúdo do diretório *fastas*.

Digite o seguinte na janela do terminal e pressione **Enter**:

```
ls
```

Deverá ver 4 ficheiros com a extensão `.fasta` e um ficheiro `help.txt`.

15. Utilize o comando `less` para ver o conteúdo do ficheiro `seq1.fasta`.

Escreva o seguinte na janela do terminal e prima **Enter**:

```
less seq1.fasta
```

Isto abrirá uma janela de pré-visualização do ficheiro `seq1.fasta`. Utilize as setas ou o cursor para ver melhor o ficheiro. Prima a tecla `q` do seu teclado em qualquer altura para sair desta pré-visualização.



## Prática da linha de comando

16. Utilize o comando `cat` para ver o conteúdo do ficheiro `help.txt`.

Escreva o seguinte na janela do terminal e pressione **Enter**:

```
cat help.txt
```

Isto imprimirá o conteúdo do ficheiro `help.txt` no seu ecrã.

17. CUIDADOSAMENTE, utilize o comando `rm` para eliminar o ficheiro `seq1_old.fasta`.

Escreva o seguinte na janela do terminal e prima **Enter**:

```
rm seq1_old.fasta
```

Isso excluirá permanentemente o arquivo `seq1_old.fasta`. Seja extremamente cuidadoso ao usar o comando `rm`. Não há como desfazer a exclusão caso cometa um erro, portanto, use-o apenas se for absolutamente necessário.

18. Execute o comando `ls` para ver o conteúdo do diretório *fastas*.

Deverá agora ver 3 ficheiros com a extensão `.fasta` e um ficheiro `help.txt`.

19. Utilize o comando `mv` para mover o ficheiro `help.txt` do diretório *fastas* para o diretório de *practice*.

O comando `mv` recebe dois argumentos de entrada. Quando usamos o comando `mv` para mover um arquivo ou pasta, esses argumentos são (1) o percurso do arquivo/pasta que deseja mover e (2) o percurso do arquivo para o novo local desse arquivo/pasta. Digite o seguinte na janela do terminal e pressione **Enter**:

```
mv help.txt ~/test
```

Se executar agora o comando `ls` para ver o conteúdo do diretório *fastas*, deverá ver 3 ficheiros com a extensão `.fasta` e nenhum ficheiro `help.txt`. Se executar `ls ~/test` para ver o interior do diretório *test*, no entanto, deverá ver o ficheiro `help.txt`.

20. Use o comando `mv` para renomear o arquivo `seq1.fasta` como `ref.fasta`.

O comando `mv` recebe dois argumentos de entrada. Quando usamos o comando `mv` para renomear um ficheiro ou pasta, estes argumentos são (1) o percurso do ficheiro/pasta que pretende renomear e (2) o percurso do novo nome para este ficheiro/pasta. Escreva o seguinte na janela do terminal e pressione **Enter**:

```
mv seq1.fasta ref.fasta
```





## Prática da linha de comando

Execute o comando `ls` para ver o conteúdo do diretório *fastas*. Deverá ver o ficheiro com o novo nome.

21. Suba uma diretoria.

Escreva o seguinte no seu terminal e prima Enter **Enter**:

```
cd ..
```

Reserve um momento para usar `ls` e `pwd` para compreender melhor a sua localização atual.

22. Utilize o comando `mkdir` para criar uma nova pasta na sua localização atual chamada *my\_analysis*.

Digite o seguinte na janela do terminal e pressione **Enter**:

```
mkdir my_analysis
```

Execute o comando `ls` para ver o conteúdo do seu diretório atual. Deverá ver a nova pasta.

23. Use o comando `ls` para ver o conteúdo dos diretórios *fastas*, *scripts* e *data*, usando os percursos relativos para cada uma (isto funciona se estiver no diretório de *practice* que contém estas sub-directorias).

Digite os 3 comandos a seguir na janela do terminal separadamente e pressione Enter após cada um deles:

```
ls fastas  
ls scripts  
ls data
```

24. Utilize o comando `ls` para ver o conteúdo do diretório de *data*, utilizando o percurso absoluto do ficheiro.

Digite os seguintes comandos na janela do terminal e pressione **Enter**:

```
ls ~/test/data
```

Isto deve dar o mesmo resultado que o `ls data` acima. Este diretório deve conter um ficheiro chamado *my\_regions.bed*, que iremos investigar a seguir. Os ficheiros que terminam em *.bed* são frequentemente utilizados para armazenar sequências de primers e as suas posições ao longo de um genoma de referência.



## Prática da linha de comando

25. Utilize o comando `cd` para navegar para o diretório de *data*.

Escreva o seguinte na janela do terminal e pressione **Enter**:

```
cd data
```

26. Utilize o comando `head` para observar as primeiras linhas do ficheiro `my_regions.bed`.

Digite o seguinte na janela do terminal e pressione **Enter**:

```
head my_regions.bed
```

27. Use o comando `tail` para ver as últimas linhas do ficheiro `my_regions.bed`.

Digite o seguinte na janela do terminal e pressione **Enter**:

```
tail my_regions.bed
```

28. Use o comando `less` para ver o conteúdo completo do ficheiro `my_regions.bed`.

Digite o seguinte na janela do terminal e pressione **Enter**:

```
less my_regions.bed
```

Use as setas ou a tecla de deslocamento para ver melhor o ficheiro. Prima a tecla `q` do seu teclado para sair desta pré-visualização.

29. Use o comando `wc` para descobrir o número de linhas, palavras e caracteres no ficheiro `my_regions.bed`.

Escreva o seguinte na janela do terminal e pressione **Enter**:

```
wc my_regions.bed
```

Deverá ver 3 números: (1) o número de linhas, (2) o número de palavras e (3) o número de caracteres.

30. Use o comando `wc` com a opção de linhas para imprimir apenas o número de linhas em `my_regions.bed`.

Digite o seguinte na janela do terminal e pressione **Enter**:

```
wc -l my_regions.bed
```



## Prática da linha de comando

Deverá ver um número, o número de linhas no ficheiro.

31. Tudo isto parece muito simples - porque é que estou a usar a linha de comandos em vez de clicar no meu computador?

Óptima pergunta. Os comandos que usou hoje são muito básicos, mas a linha de comandos do Linux pode ser usada para executar tarefas infinitamente complexas no seu computador. Pode até escrever uma lista de comandos (chamada script) e executá-los todos de uma só vez com um simples comando. Mais importante ainda, muito do software de bioinformática só pode ser executado a partir da linha de comandos, pelo que é uma competência útil ser capaz de executar comandos e programas, mesmo que ainda não seja capaz de escrever programas.

Existem muitos, muitos recursos online (e impressos) para o ensinar a utilizar a linha de comandos do Linux. Encorajamo-lo a continuar a praticar estes comandos e a procurar online ou a perguntar se tiver dúvidas!