

## Prática de Laboratório – Comandos Linux – Nível Básico

O objetivo desta aula é apresentar os comandos básicos do Linux, via terminal de comandos, utilizando um conjunto de arquivos de exemplo (*sample*). A apresentação dos comandos seguirá um ordem linear de manipulação dos arquivos compreendendo desde a obtenção dos arquivos até formas de manipulação.

- 1 Clique no menu *Activities* (OS Linux Fedora), quando aparecer uma janela pedindo *Type to search*, posicione o cursor dentro desta janela, digite *Terminal* e pressione enter. Um ícone do terminal estará disponível para ser selecionado via mouse, proceda com a seleção do ícone via mouse. Neste instante a janela de comandos do Linux será aberta, este será nosso espaço de trabalho de agora em diante.
- 2 Como entramos neste mundo novo é útil saber onde você está para se orientar para onde devemos ir em seguida. O Linux possui incontáveis diretórios e arquivos, mas sempre que uma janela de terminal é aberta o padrão é você se posicionar no seu diretório particular, sob o mesmo nome do usuário que acessou o sistema operacional.

2.1 Utilize o comando *pwd* para saber o nome do diretório em que você se encontra.

- 3 Também é interessante saber o que existe (arquivos e diretórios) a partir do local onde você se encontra posicionado.

3.1 Utilize o comando *ls* para listar o conteúdo do local onde você está.

- 3.2 O comando *ls* possui diferentes modos de visualização de arquivos e diretórios. Abra um outro terminal de comandos e organize de forma a utilizar o espaço de sua tela para comportar ambos os terminais sem sobreposição. Feito isso, no novo terminal de comandos digite *man ls*. Leia o manual de comandos do *ls* e descubra como listar os arquivos ordenados pela data da última atualização. Uma vez obtida a instrução, proceda com a listagem.

- 4 Agora que sabemos onde estamos, queremos nos movimentar neste novo mundo. A maneira de navegar por este mundo é posicionar a janela de comandos em cada diretório específico. Para tanto utilizamos o comando *cd*. Navegue para dentro do diretório Downloads com o comando.

4.1 *cd Downloads*

- 4.2 Uma vez neste diretório novo, digite novamente os comandos *pwd* e *ls* para saber onde você está e o que está disponível neste local.

## Prática de Laboratório – Comandos Linux – Nível Básico

- 5 Outro comando muito útil é o responsável por 'limpar o para-brisas' de nossa janela para o mundo. Perceba que sua janela está com vários resultados de comandos anteriores e isso pode confundir. Use o comando `clear` para limpar a sua janela de comandos.
- 6 Bem, entre uma listagem e outra costumamos sempre limpar a nossa janela de trabalho. Para evitar a digitação de ambos os comandos o tempo todo, uma solução é juntar os dois comandos em um só. Isso pode ser feito com o auxílio de um terceiro comando que cria comandos novos. Dessa forma usaremos o comando `alias` para definir um novo comando que une tanto a limpeza da janela à listagem do conteúdo do diretório.

6.1 Crie o comando *clear screen* (vulgo `cls`) com a instrução: `alias cls='clear; ls'`

6.2 Redefina o comando acima para incluir a listagem do nome do diretório no conjunto de comandos anterior. Pense bem onde você deve colocar a instrução para listar o nome do diretório: tem uma posição que não procede.

- 7 Outro comando útil para saber se você está conectado à uma rede ou se um determinado servidor está escutando pedindo de conexão é o comando *ping*. No próximo passo faremos o download de um arquivo, mas antes verifiquemos se a sua máquina consegue perceber este servidor:

7.1 Execute o comando: `ping www.dropbox.com`

7.2 Espere alguns segundos e depois pressione CTRL+C para cancelar a execução do comando anterior. Se seu resultado foi parecido com o listado abaixo então está tudo bem:

```
PING www.v.dropbox.com (108.160.166.13) 56(84) bytes of data.  
64 bytes from www-5a.v.dropbox.com (108.160.166.13): icmp_req=1 ttl=43 time=219 ms  
64 bytes from www-5a.v.dropbox.com (108.160.166.13): icmp_req=2 ttl=43 time=222 ms  
64 bytes from www-5a.v.dropbox.com (108.160.166.13): icmp_req=3 ttl=43 time=229 ms  
64 bytes from www-5a.v.dropbox.com (108.160.166.13): icmp_req=4 ttl=43 time=226 ms  
^C  
--- www.v.dropbox.com ping statistics ---  
4 packets transmitted, 4 received, 0% packet loss, time 3001ms  
rtt min/avg/max/mdev = 219.769/224.547/229.864/3.845 ms
```

- 8 Agora faremos o download de um arquivo oferecido neste servidor. Para tanto vamos utilizar o comando *wget*. O link para download está no comando abaixo, basta copiar, colar e em seguida digitar o Enter para executar.

8.1 `wget https://www.dropbox.com/s/2kdb1j3b477ygyv/sample.tar.gz`

8.2 Findado o download, um novo arquivo estará disponível em sua pasta de Downloads. Lembre-se que você estava posicionado nesta pasta no momento em que acionou o comando *wget* e por isso o arquivo foi colocado neste local. Seu *browser* de Internet tem uma instrução similar e por isso sempre posiciona os seus arquivos baixados nesta pasta. Para verificar, digite o comando *cls* criado anteriormente.

9 O arquivo *sample.tar.gz* está compactado. Para extrair o seu conteúdo teremos que utilizar o comando *tar*. Curiosamente o comando *tar* também é usado para compactar, mas com os parâmetros certos ele fará a descompactação ou compactação. Neste caso digite o comando abaixo para descompactar.

```
tar -xvf sample.tar.gz
```

9.1 Descubra para que serve cada um destes parâmetros utilizando o comando *man* sobre o comando *tar*. Aproveite e descubra também qual parâmetro faria a compactação de um arquivo.

10 Agora temos um diretório novo chamado *sample* dentro da pasta Downloads. Posicione o nosso terminal de comandos dentro deste diretório/pasta com o comando *cd sample*.

11 Execute o nosso comando *cls* dentro da pasta *sample*.

12 Veja que temos vários arquivos. Alguns são binários e outros são textos. Uma maneira de exibir o conteúdo de arquivos texto de forma rápida é usando o comando *cat*. Execute o comando *cat sequence.fasta*.

12.1 Veja que o conteúdo do arquivo é composto da listagem de duas proteínas. Este tipo de arquivo foi convencionado a ser denominado de *fasta*.

12.2 Utilize o mesmo comando para listar o arquivo *Poster.pdf* e observe o que será exibido.

13 Outros comandos para listar o conteúdo de arquivos são os comandos *more*, *less*. O acionamento destes comandos para um arquivo pequeno, assim como é o arquivo *sequence.fasta*, não é muito útil porque, por possuir pouco conteúdo, um simples *cat* lista todo o seu conteúdo instantaneamente. Porém caso o arquivo fosse muito maior, o uso do comando *cat* seria inútil pois apenas as linhas finais da listagem seriam visíveis na tela. Isso porque a janela de comandos possui uma área de armazenamento relativamente pequena e não guardará todo o conteúdo de um arquivo grande na janela de comandos. Façamos um teste, mas antes vamos criar um arquivo realmente grande:

## Prática de Laboratório – Comandos Linux – Nível Básico

- 13.1 Adiante que dentro da pasta *proteinas* (sem acento) existem vários arquivos. Vamos listar estes arquivos com o comando *ls*. Porém não peço que você se posicione dentro da pasta *proteinas*, estando dentro da pasta *sample* podemos fazer isso. Para tanto digite o comando *ls proteins*
- 13.2 O comando anterior listou os nomes de 3.988 arquivos. Agora vamos colocar o conteúdo de todos estes arquivos dentro de um único arquivo que chamaremos de *mt.fasta* para tanto digite o comando *cat proteins/\* > mt.fasta*. Esse comando lista o conteúdo de todos os arquivos dentro da pasta *proteinas* (*proteinas/\**) e redireciona o conteúdo desta listagem (sinal de maior '*>*') para dentro de um novo arquivo cujo nome determinamos que seria *mt.fasta*.
- 13.3 Agora tente listar o conteúdo do arquivo *mt.fasta* utilizando o comando *cat*.
- 13.4 Agora tente listar o conteúdo do arquivo *mt.fasta* utilizando o comando *more* e depois o comando *less*.
- 14 Outro comando útil são os comandos *head* e *tail* que nos permitem listar apenas o início e o final de um arquivo. O parâmetro utilizado para determinar qual a quantidade de linhas a ser exibida é passado com o *-n*. Experimente: *head -n 10 mt.fasta*. Depois execute novamente aumentando o tamanho de 10 para outro valor maior/menor.
- 15 Outros comando muito utilizados são a cópia, mudança de nome/local de um arquivo, bem como a remoção do mesmo. Para praticarmos, suponha que vamos criar uma copia do arquivo *mt.fasta*, como *mt2.fasta*:
- cp mt.fasta mt2.fasta*
- Na sequencia decidimos mover este arquivo para a pasta pai da pasta *sample* (nesse caso a pasta *Downloads*):
- mv mt2.fasta ../*
- E por último decidimos que o arquivo *mt.fasta* não era mais necessário e decidimos apagá-lo.
- rm mt.fasta*
- 16 Outro comando útil é a criação e remoção de pastas. Suponha que seja necessário criar um pasta para editar uma nova versão do arquivo *mt2.fasta*. Assim criamos uma pasta com o nome *mtv2*, por exemplo: *mkdir mtv2*. Na sequencia movemos o arquivo que está na pasta pai da pasta *sample* para dentro do diretório criado: *mv ../mt2.fasta mtv2*.
- 17 Agora tente remover o diretório *mtv2* com o comando *rm mtv2* e observe o resultado.
- 18 Por último, digite o comando *history* no terminal e observe o que foi retornado. Para fechar o terminal digite *exit*.