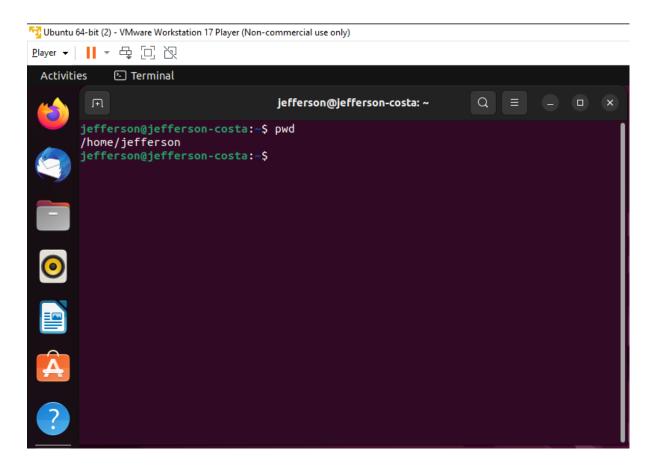
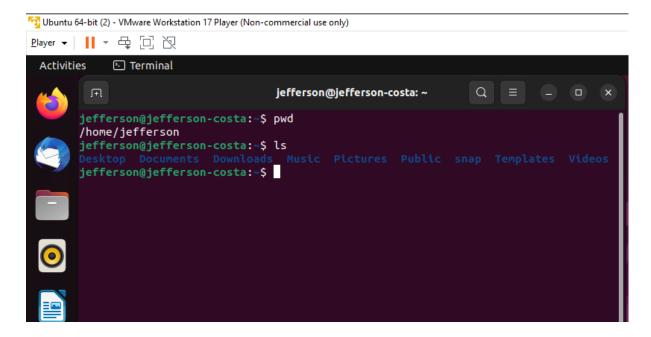
Prática de Laboratório – Comandos Linux – Nível Básico Jefferson Cristino da Costa - 11821BSI227

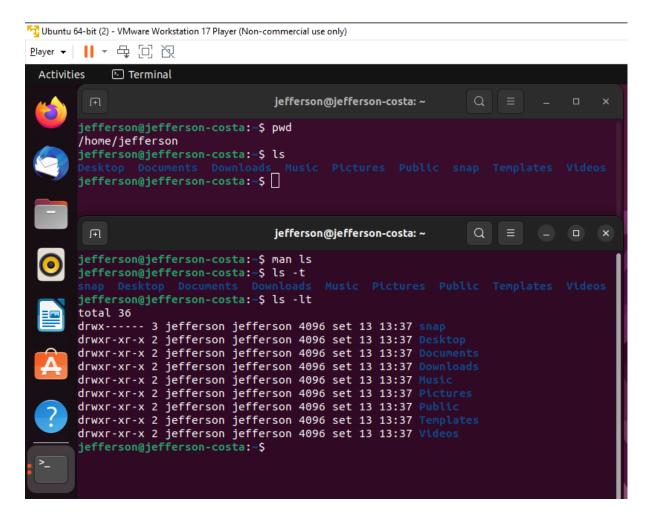
• Utilize o comando pwd para saber o nome do diretório em que você se encontra.



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



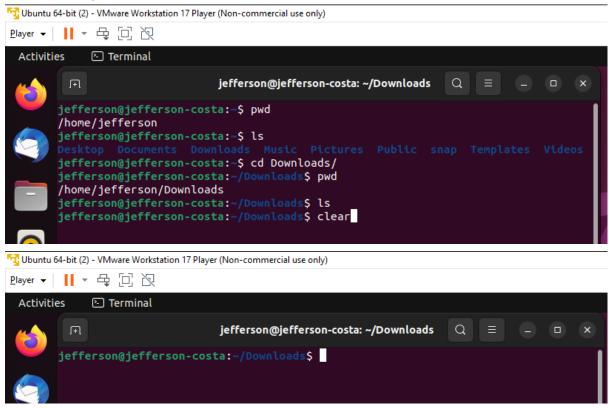
 O comando ls possui diferentes modos de visualização de arquivos e diretórios. Abra um outro terminal de comandos e organize de forma a utilizar o espaço de sua tela para comportar ambos os terminais sem sobreposição. Feito isso, no novo terminal de comandos digite man ls. Leia o manual de comandos do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



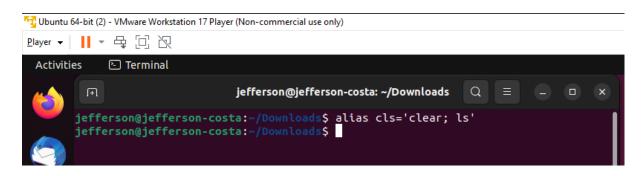
Navegue para dentro do diretório Downloads com o comando cd Downloads.
 Uma vez neste diretório novo, digite novamente os comandos pwd e ls para saber onde você está e o que está disponível neste local.



 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.



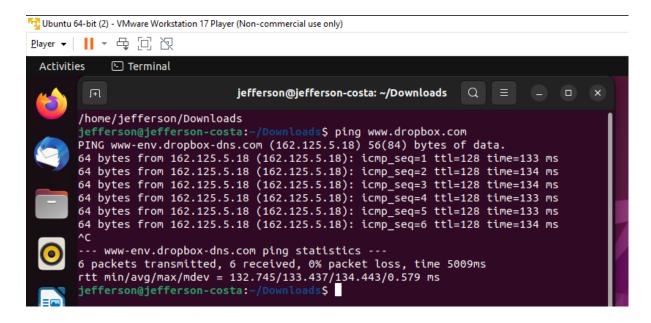
Crie o comando clear screen (vulgo cls) com a instrução: alias cls='clear; ls'



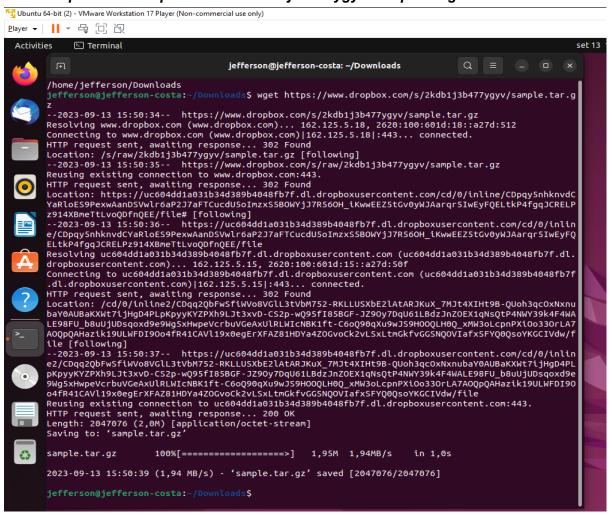
 Redefina o comando acima para incluir a listagem do nome do diretório no conjunto de comandos anterior. Pense bem onde você deve colocar a instrução para listar o nome do diretório: tem uma posição que não procede.

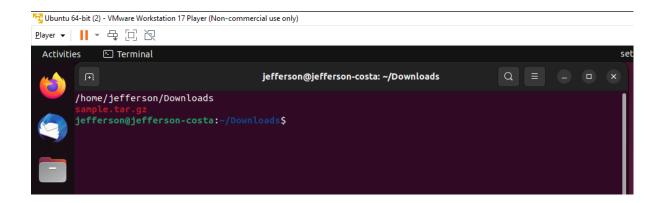


 Execute o comando: ping <u>www.dropbox.com</u>. Espere alguns segundos e depois pressione CTRL+C para cancelar a execução do comando anterior.

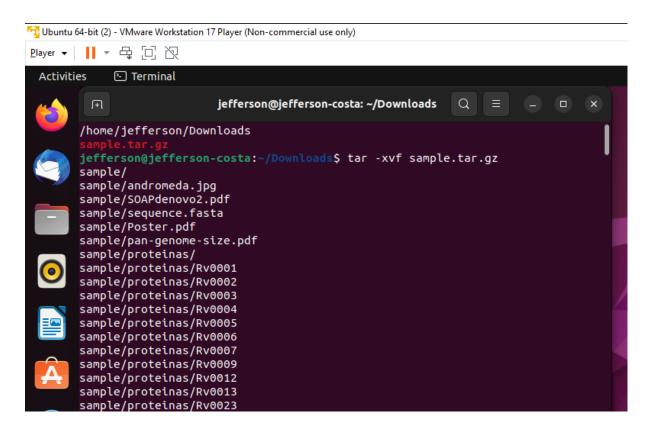


 Agora faremos o download de um arquivo oferecido neste servidor. wget https://www.dropbox.com/s/2kdb1j3b477ygyv/sample.tar.gz

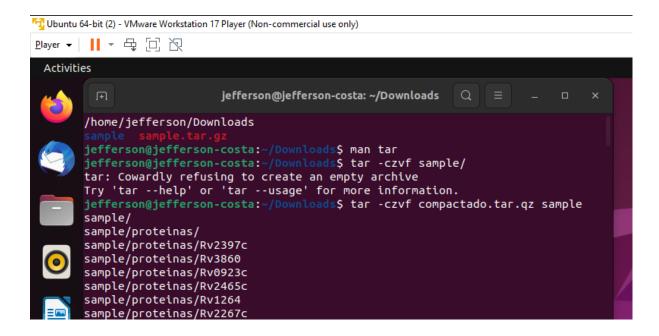




• O arquivo sample.tar.gz está compactado. Para extrair o seu conteúdo teremos que utilizar o comando tar.



 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.



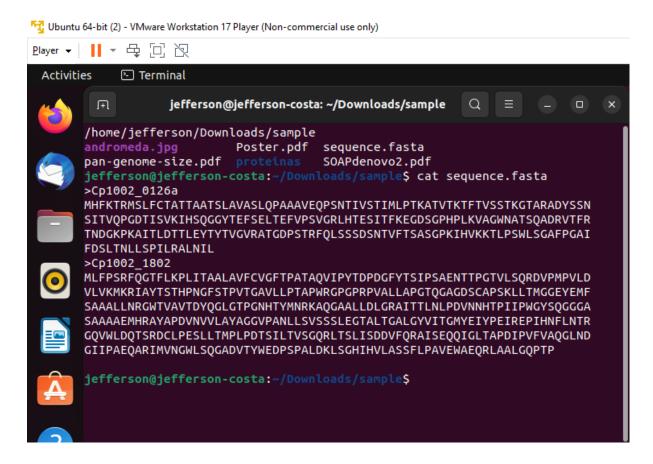
Agora temos um diretório novo chamado sample dentro da pasta Downloads.
 Posicione o nosso terminal de comandos dentro deste diretório/pasta com o comando cd sample.



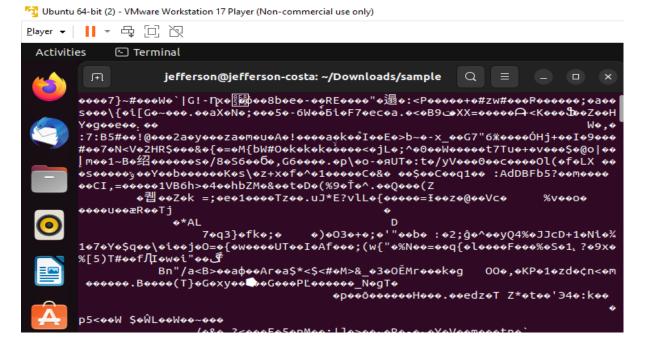
• Execute o nosso comando cis dentro da pasta sample.



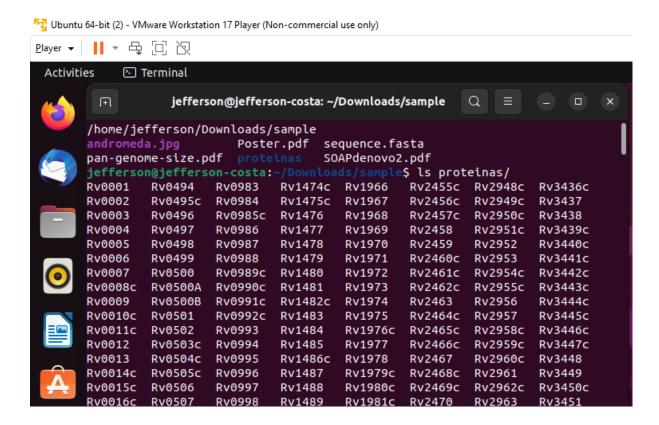
 Veja que temos vários arquivos. Alguns são binários e outros são textos. Uma maneira de exibir o conteúdo de arquivos texto de forma rápida é usando o comando cat. Execute o comando cat sequence.fasta.



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



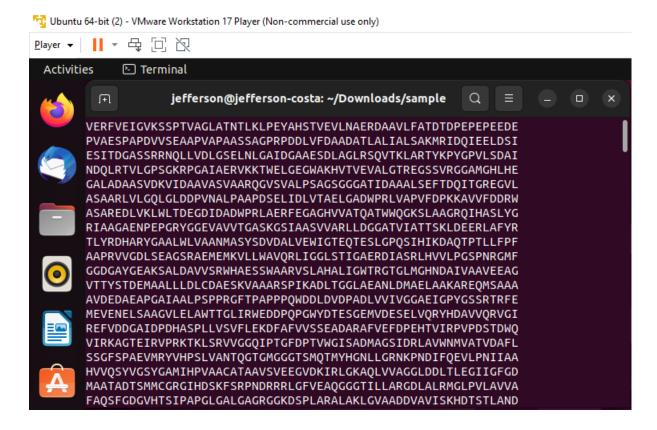
Adianto que dentro da pasta proteínas (sem acento) existem vários arquivos.
 Vamos listar estes arquivos com o comando ls. Porém não peço que você se posicione dentro da pasta proteínas, estando dentro da pasta sample podemos fazer isso. Para tanto digite o comando ls proteínas



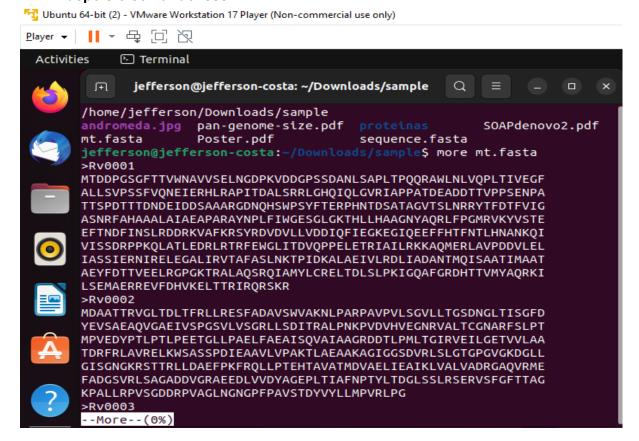
O comando anterior listou os nomes de 3.988 arquivos. Agora vamos colocar o conteúdo de todos estes arquivos dentro de um único arquivo que chamaremos de mt.fasta para tanto digite o comando cat proteinas/* > mt.fasta. Esse comando lista o conteúdo de todos os arquivos dentro da pasta proteinas (proteinas/*) e redireciona o conteúdo desta listagem (sinal de maior ' > ') para dentro de um novo arquivo cujo nome determinamos que seria mt.fasta.

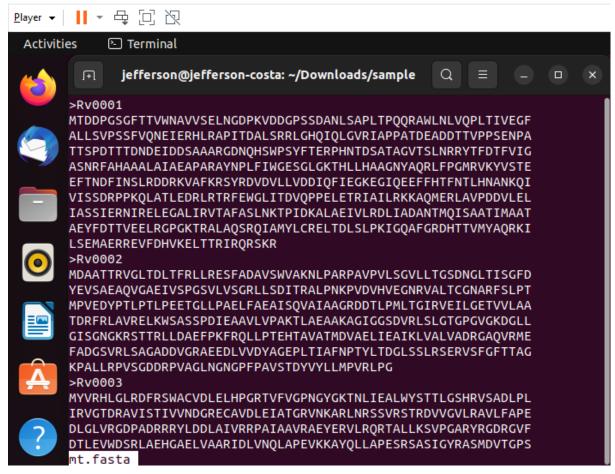


Agora tente listar o conteúdo do arquivo mt.fasta utilizando o comando cat.

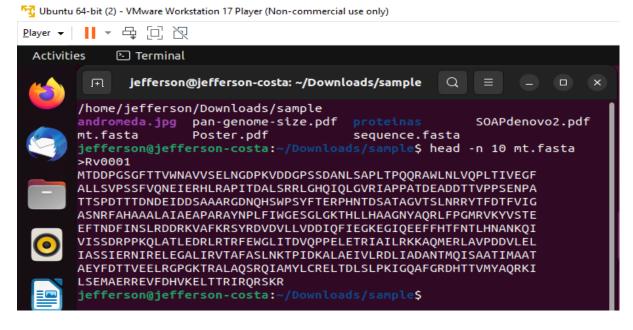


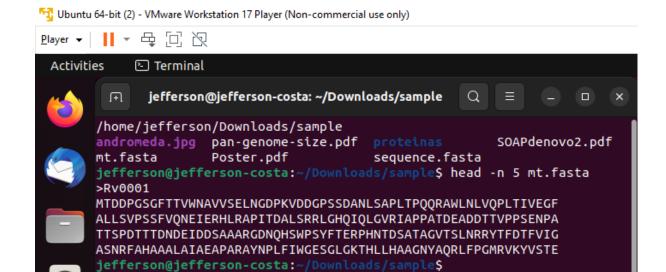
 Agora tente listar o conteúdo do arquivo mt.fasta utilizando o comando more e depois o comando less.



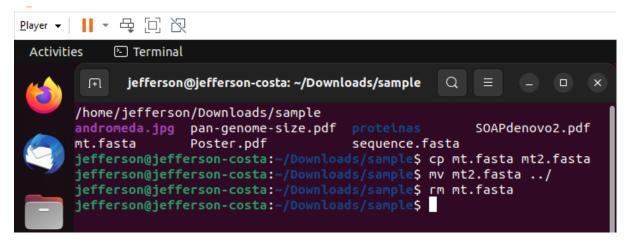


 Outro comando útil são os comandos head e tail que nos permitem listar apenas o início e o final de um arquivo. O parâmetro utilizado para determinar qual a quantidade de linhas a ser exibida é passado com o -n. Experimente: head -n 10 mt.fasta. Depois execute novamente aumentando o tamanho de 10 para outro valor maior/menor.

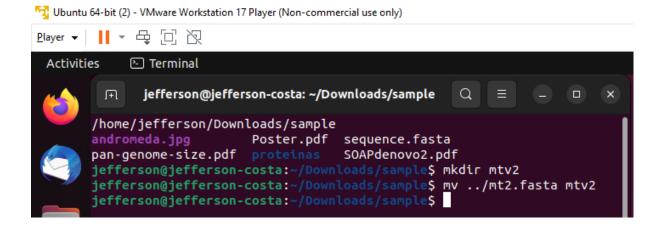




Outros comandos muito utilizados são a cópia, mudança de nome/local de um arquivo, bem como a remoção do mesmo. Para praticarmos, suponha que vamos criar uma cópia do arquivo mt.fasta, como mt2.fasta: cp mt.fasta mt2.fasta Na sequência decidimos mover este arquivo para a pasta pai da pasta sample (nesse 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



 Outro comando útil é a criação e remoção de pastas. Suponha que seja necessário criar uma pasta para editar uma nova versão do arquivo mt2.fasta. Assim criamos uma pasta com o nome mtv2, por exemplo: mkdir mtv2. Na sequência movemos o arquivo que está na pasta pai da pasta sample para dentro do diretório criado: mv ../mt2.fasta mtv2.



 Agora tente remover o diretório mtv2 com o comando rm mtv2 e observe o resultado.

```
📆 Ubuntu 64-bit (2) - VMware Workstation 17 Player (Non-commercial use only)
Player ▼ | | | ▼ 母 □ 汉
 Activities
             Terminal
               jefferson@jefferson-costa: ~/Downloads/sample
                                                           Q
                                                                                ×
        /home/jefferson/Downloads/sample
        andromeda.jpg
                              Poster.pdf sequence.fasta
       pan-genome-size.pdf proteinas
                                           SOAPdenovo2.pdf
        jefferson@jefferson-costa:~/Downloads/sample$ mkdir mtv2
        jefferson@jefferson-costa:~/Downloads/sample$ mv ../mt2.fasta mtv2
        jefferson@jefferson-costa:~/Downloads/sample$ rm mtv2
        rm: cannot remove 'mtv2': Is a directory
        jefferson@jefferson-costa:~/Downloads/sample$
```

• Por último, digite o comando history no terminal e observe o que foi retornado. Para fechar o terminal digite exit.

