

Linux 十大常用命令

No	命令	功 能	实 例
1	mkdir	创建目录	mkdir do mkdir do/align mkdir -p blast/hba/209
2	rmdir	删除目录	rmdir tmp
3	cd	改变目录	Cd cd do cd .. cd ../do/tree/7hba
4	ls	显示文件信息	ls ls -l ls *.fasta ls /tmp/seq* ls -lR
5	cat	编辑文件	cat seq1 cat > seq1 cat >> seq1
6	less	显示文件内容	more myseq
7	cp	复制文件	cp seq1 seq2 cp ../seq/hba_human.sw . cp /tmp/seq1 . cp *.fasta ../keep/
8	mv	更改文件名	mv seq1 seq2
9	rm	删除文件	rm seq2 rm *.txt rm tmp/seq.* rm -rf tmp
10	chmod	改变权限	chmod -w seq1.fasta chmod +w *.needle chmod 755 *

Unix 十大专用命令

No	命令	功 能	实 例
1	top	状态	top
2	ps	进程	ps
3	passwd	口令	passwd
4	w	用户	w
5	last	登录	last last luojc
6	ln	链接	ln -s ../seq/hba_human.fasta ./human.f
7	find	搜索	find . -name "*.txt" -print
8	tar	归档	tar tvf seq.tar seq tar cvf seq.tar seq tar xvf seq.tar
9	gzip	压缩	gzip seq.tar gzip -d -seq.tar.gz
10	man	手册	man ls man -k password

Unix 十大实用命令

命令	功 能	实 例
1 head	头	head 209hba.list head -n 20 209hba.list
2 tail	尾	tail 209hba.list tail -n 5 209hba.list
3 cut	剪接	cut -f 1,3 209hba.list cut -f 1,3 209hba.list cut -d ' ' -f 3- taxon.list
4 paste	合并	paste 209hba.id 209hba.ac
5 diff	差异	diff 10hba.id 10hbb.id
6 wc	计数	wc hba.list ls wc
7 sort	排序	sort hba_taxon.list sort -k 3 hba_taxon.list
8 uniq	归并	uniq hba_hbb.id uniq -u hba_hbb.id uniq -d hba_hbb.id
9 grep	匹配	grep ">" sars10.fasta grep "Primate" 209hba.list
10 Sed	替换	sed 's/HBA_/g' 209hba.id sed 's/NNNNN/N/g' seq1

命令 1: mkdir

用途: 创建目录

实例 1: mkdir do

含义: 在当前目录下创建名为 do 的子目录

实例 2: mkdir do/align

含义: 在子目录 do 下创建名为 align 的子目录 (子目录 do 已经存在)

实例 3: mkdir -p hba/tree

含义: 在当前目录下创建名为 hba 的子目录, 并在子目录 hba 下创建名为 tree 的子目录

命令 2: rmdir

用途: 删除目录

实例 1: rmdir tmp

含义: 删除当前目录下名为 tmp 的子目录, 该子目录中没有文件和子目录

命令 3: cd

用途: 改变目录

实例 1: cd

含义: 回到用户主目录, 即登录时进入的目录

实例 2: cd do

含义: 进入子目录 do

实例 3: cd ..

含义: 回到上级目录

实例 4: cd hba/tree

含义: 直接进入子目录 hba 下的 tree 子目录

实例 5: cd ../do/align

含义: 进入上级目录 do 下的 align 子目录

命令 4: ls

用途: 显示文件或目录

实例 1: ls

含义: 显示当前目录下子目录和文件名

实例 2: ls -l

含义: 显示当前目录下子目录和文件名详细信息, 包括属性、权限、大小和创建日期等

实例 3: `ls *.fasta`

含义: 显示当前目录下所有以 `.fasta` 结尾的文件

实例 4: `ls hba/hba_*`

含义: 显示子目录 `hba` 下所有以 `hba_` 起始的文件

实例 5: `ls /tmp`

含义: 显示 `/tmp` 目录所有子目录和文件

实例 6: `ls -lR`

含义: 逐级显示当前目录及子目录下所有子目录和文件

命令 5: cat

用途: 显示或编辑文本文件

实例 1: `cat > cat1`

含义: 往 `cat1` 中逐行输入文本, 用 `Ctrl-D` 结束输入

实例 2: `cat >> cat1`

含义: 往 `cat1` 中逐行追加文本, 用 `Ctrl-D` 结束输入

实例 3: `cat cat1`

含义: 显示文本文件 `cat1` 中的内容

命令 6: less

用途: 显示文件内容

实例 1: `less 209hba.list`

含义: 逐屏显示文件 `209hba.list` 内容, 回车进一行, 空格进一页, `q` 终止显示

命令 7: cp

用途: 复制文件

实例 1: `cp seq1 seq2`

含义: 将文件 `seq1` 复制到文件 `seq2` 中, 保留 `seq1`

实例 2: `cp *.fasta ../keep/`

含义: 将所有文件名以 `.fasta` 结尾的文件复制到上级目录的 `keep` 子目录中

实例 3: `cp ../seq/hba_human.sw .`

含义: 将上级目录的 `seq` 子目录中名为 `hba_human.sw` 的文件复制到当前目录中

实例 4: `cp /tmp/tf/zmtf-pep.fasta blast/`

含义: 将 `/tmp` 目录中 `tf` 子目录中名为 `zmtf-pep.fasta` 的文件复制到当前目录中名为

blast 的子目录中

命令 8: mv

用途: 更改文件名

实例 1: mv seq1 seq2

含义: 将文件 seq1 改名为 seq2, 不保留 seq1

实例 2: mv hba_human.fasta pku08s1/hba

含义: 将当前目录下文件 hba_human.fasta 移到子目录 pku08s1 下的子目录 hba 中

命令 9: rm

用途: 删除文件或目录

实例 1: rm seq2

含义: 删除文件 seq2

实例 2: rm *.txt

含义: 删除所有以 .txt 结尾的文件

实例 3: rm -r temp/*

含义: 删除子目录 temp 下所有子目录和文件, 保留该目录

实例 4: rm -r temp

含义: 删除子目录 temp 和该目录下所有子目录和文件

命令 10: chmod

用途: 改变文件或目录权限

实例 1: chmod -w ppfl.fas

含义: 取消所有用户对 ppfl.fas 的写权限

实例 2: chmod +w seq1

含义: 将当前目录下 seq1 设置为本用户可写, 其他用户权限不变

实例 3: chmod -w keep/

含义: 取消子目录 keep 写权限, 不能在该目录下创建和删除文件或子目录

实例 4: chmod 755 bin/*

含义: 将子目录 bin 下所有文件设置为本用户可读可写可执行, 其它用户可读可执行

命令 1: top

用途: 显示系统状态

实例: top

含义: 动态显示系统状态, 包括进程、CPU 和内存使用情况等, q 退出

命令 2: ps

用途: 显示进程

实例 1: ps -u

含义: 显示本用户进程

命令 3: passwd

用途: 改变口令

实例: passwd

含义: 改变本用户登录口令

命令 4: w

用途: 显示当前用户

实例: w

含义: 显示本计算机系统当前登录的所有用户信息, 包括用户名, 登录时间和进程情况等

命令 5: last

用途: 显示登录记录

实例 1: last

含义: 显示所有用户最近登录情况, 包括登录地址、时间等

实例 2: last luojc

含义: 显示用户 luojc 最近登录情况, 包括登录地址、时间等

命令 6: ln

用途: 建立链接

实例: ln -s hba_human.fasta human

含义: 为名为 hba_human.fasta 的文件建立名为 human 的链接

实例: ln -s ../seq/hba_human.fasta ./human.f

含义: 在当前目录下建立上级目录/seq 下名为 hba_human.fasta 的文件链接, 名为

human.f

命令 7: **find**

用途: 搜索

实例: `find . -name "*.txt" -print`

含义: 在当前目录下所有子目录中搜索并显示所有以.txt 结尾的文件

命令 8: **tar**

用途: 归档

实例 1: `tar cvf seq.tar seq/`

含义: 将子目录 seq/下所有子目录和文件归档, 保存到名为 seq.tar 的文件中

实例: `tar tvf seq.tar`

含义: 显示归档文件 seq.tar 中所有子目录和文件

实例 3: `tar xvf seq.tar`

含义: 将 seq.tar 中所有子目录和文件解档

命令 9: **gzip**

用途: 文件压缩

实例 1: `gzip seq.tar`

含义 2: 将归档文件 seq.tar 压缩, 生成名为 seq.tar.gz 的压缩文件

实例: `gzip -d -seq.tar.gz`

含义: 将压缩文件 seq.tar.gz 解压, 还原为 seq.tar 文件

命令 10: **man**

用途: 显示命令用法

实例 1: `man ls`

含义: 显示命令 ls 用法和所有参数

实例 2: `man -k password`

含义: 显示与关键词 password 相关的所有命令

命令 1: head

用途: 显示文件头

实例 1: `head 209hba.list`

含义: 显示文件 209hba.list 中前 10 行内容

实例 2 `head -n 20 209hba.list`

含义: 显示文件 209hba.list 中前 20 行内容

命令 2: tail

用途: 显示文件尾

实例 1: `tail 209hba.list`

含义: 显示文件 209hba.list 中最后 10 行内容

实例 2: `tail -5 209hba.list`

含义: 显示文件 209hba.list 中最后 5 行内容

命令 3: cut

用途: 按字段提取表格类文件信息

实例 1: `cut -f 1 209hba.list`

含义: 提取文件 209hba.list 中第 1 字段信息, 各字段间按制表键分隔

实例 2: `cut -f 1,3 209hba.list`

含义: 提取文件 209hba.list 中第 1、3 字段信息, 各字段间按制表键分隔

实例 3: `cut -d ' ' -f 3- taxon.list`

含义: 提取文件 taxon.list 中第 3 字段开始所有各字段信息, 各字段间按空格分隔

命令 4: paste

用途: 按字段合并表格类文件信息

实例 1: `paste 209hba.id 209hba.ac`

含义: 将文件 209hba.id 和 209hba.ac 按字段逐行合并, 个字段间以制表键分隔

命令 5: diff

用途: 显示文件差异

实例 1: `diff 10hba.id 10hbb.id`

含义: 逐行显示文件 10hba.id 和 10hbb.id 差别

命令 6: wc

用途: 计数

实例 1: `wc hba.list`

含义: 统计并显示文件 `hba.list` 中行数、字段数和字符数

实例 2: `ls | wc`

含义: 统计并显示当前目录下文件数

命令 7: sort

用途: 排序

实例 1: `sort hba_taxon.list`

含义: 将文件 `hba_taxon.list` 按字母表顺序排序

实例 2: `sort -k 3 hba_taxon.list`

含义: 以第 3 字段为关键词, 将文件 `taxon.list` 按字母表顺序排序

命令 8: uniq

用途: 归并

实例 1: `uniq hba_hbb.id`

含义: 归并已排序文件 `hba_hbb.id` 中相同行, 若有重复行, 只显示一次

实例 2: `uniq -d hba_hbb.id`

含义: 归并已排序文件 `hba_hbb.id` 中相同行, 只显示有重复的行

实例 3: `uniq -u hba_hbb.id`

含义: 归并已排序文件 `hba_hbb.id` 中相同行, 只显示没有重复的行

命令 9: grep

用途: 字符串匹配

实例 1: `grep ">" sars.fasta`

含义: 检索并显示文件 `sars.fasta` 中以大于号 ">" 起始的注释行

实例 2: `grep "Primate" 209hba.list`

含义: 检索并显示文件 `209hba.list` 中含单词 "Primate" 的行, 区分大小写

命令 10: sed

用途: 字符串替换

实例 1: `sed 's/Hemoglobin alpha chain/HBA/g' 209hba.fasta`

含义：将文件 209hba.fasta 中 “Hemoglobin alpha chain” 替换成 “HBA”

实例 2: `sed 's/HBA_/g' 209hba.id`

含义：将文件 209hba.id 中 “HBA_” 删除

实例 3: `sed 's/NNNNN/N/g' seq1`

含义：将文件 seq1 中连续 5 个字母 “N” 替换成 1 个 “N”