

# Terminal Unix

Comandos básicos



1

## Comandos básicos

- **man** <nome comando>: apresenta o help associado ao comando
- **ls** : lista todos os ficheiros e diretorias presentes na diretoria atual
  - **ls -la**

```
-rwxrw-r-- 1 root root 2048 Jan 13 07:11 afile.exe
```

<ul style="list-style-type: none"> <li>• file permissions</li> <li>• number of links,</li> <li>• owner name,</li> <li>• owner group,</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• file size,</li> <li>• time of last modification, and</li> <li>• file/directory name</li> </ul>
---	---
- **pwd**: imprime a localização da diretoria atual
- **mkdir** <nome dir>: cria diretoria
- **cd** <path>: muda de diretoria de acordo com a path



Laboratórios de Bioinformática

2

## Comandos básicos

- **rm** <file name>: remove ficheiro
- **rm -r** <diretoria>: remove todos os ficheiros e sub-diretorias presents na diretoria especificada (cuidado com o uso da opção -f !!)
- **cat** <file name>: imprime conteúdo de um ficheiro
- **head/tail -n** <file name>: apresenta as primeiras/últimas *n* linhas do ficheiro
- **mv** <origem> <destino>: move ficheiro de origem para o destino
- **cp** <origem> <destino>: copia o ficheiro de origem para o destino



Laboratórios de Bioinformática

3

## Comandos básicos

- **find** : localizar arquivos.
  - **find . -name \*.txt -print** : para pesquisa de arquivos de texto na ditetoria atual
- **grep**: Procura de um padrão, por exemplo um **cat a.txt | grep ola** irá mostrar-nos apenas as linhas do arquivo a.txt que contenham a palavra “ola”
- **gzip**: Comprime ou expande arquivo
- **tar**: Cria ou extrai arquivos, muito usado como programa de backup ou compressão de arquivos



Laboratórios de Bioinformática

4

## Redirecionamento de input/output

- Redirecionamento é normalmente implementado por meio da colocação dos caracteres < e >
  - **comando > arquivo1.txt** : o output da execução do comando é guardado no ficheiro arquivo1.txt. Se o ficheiro já existir será substituído.
  - **comando < arquivo2.txt**: o comando é executado tendo como input o conteúdo do ficheiro arquivo2.txt.



## Uso de pipes

- Permite o encadeamento de comandos, onde o output de um é usado como input do seguinte

**cat nomes.txt | sort**

ordena as linhas do ficheiro alfabeticamente

**cat file.txt | more**

permite a paginação do conteúdo do ficheiro



## vi – editor de texto

- criado por *Bill Joy* em 1976. Em 1991 foi lançado o editor vim, uma derivação melhorada do vi
- Comandos básicos:
  - **:wq** - Salva o arquivo e sai do editor
  - **:w nome\_do\_arquivo** - Salva o arquivo corrente com o nome especificado
  - **:q** - Sai do editor
  - **:q!** - Sai do editor sem salvar as alterações realizadas



## vi – editor de texto

- Comandos de inserção:
  - **i** - Insere texto antes do cursor
  - **a** - Insere texto depois do cursor
  - **r** - Insere texto no início da linha onde se encontra o cursor
  - **A** - Insere texto no final da linha onde se encontra o cursor
  - **o** - Adiciona linha abaixo da linha atual
  - **O** - Adiciona linha acima da linha atual
- Comandos de procura:
  - **/palavra** - Procura pela palavra ou caracter em todo o texto
  - **?palavra** - Move o cursor para a ocorrência anterior da palavra



## vi – editor de texto

### Comandos de substituição e deleção:

- **x** - Apaga o caracter que esta sob o cursor
- **dw** - Apaga a palavra, da posição atual do cursor até o final
- **dd** - Apaga a linha atual
- **D** - Apaga a linha a partir da posição atual do cursor até o final
- **rx** - Substitui o caracter sob o cursor pelo especificado em x(é opcional indicar o caracter)
- **Rx** - Substitui a palavra sob o cursor pela palavra indicada em x
- **u** - Desfaz a última modificação
- **U** - Desfaz todas as modificações feitas na linha atual
- **J** - Une a linha corrente a próxima
- **s:/Linux/Unix** - Substitui a primeira ocorrência de "Linux" por "Unix"
- **s:/Linux/Unix/g** - Substitui a ocorrência de "Linux" por "Unix" em todo arquivo



Laboratórios de Bioinformática

9

## Execução de processos em background

- Por vezes é necessário executar processos que requerem muito tempo de execução, como solução existem diversos comandos e ferramentas que possibilitam a execução de processos em background.

### Exemplo:

```
rrodriques@mendel:~$ man man &
[2] 42527
rrodriques@mendel:~$ fg
```

- **&** no fim de um comando “desbloqueia” o terminal, criando um processo em background com um id;
- Em alternativa o comando **ctrl+z** pode substituir o **&** após a execução do programa;
- Para recuperar o **último** processo executado em background pode-se usar o comando **fg**



Laboratórios de Bioinformática

10

## Execução de processos em background

- Todos os processos estão associados ao tempo de vida de um terminal, ou seja, se um utilizador **fechar um terminal ou a conexão ao terminal falhar**, todos os processos associados ao terminal também são **fechados automaticamente**.
- Esta propriedade obriga a utilização de ferramentas como **nohup** que possibilitam a manutenção de processos que tenham um tempo de vida dependente somente do próprio processo.

```
rrodrigues@mendel:~$ nohup man man &
[3] 42553
rrodrigues@mendel:~$ nohup: ignoring input and appending output to 'nohup.out'
[3] Exit 2          nohup man man
rrodrigues@mendel:~$
```



## Execução de processos em background

- Outra alternativa passa por usar terminais (sessões) com tempo de vida próprio que são independentes do terminal executado na janela do utilizador.
- Exemplos:
  - **Byobu** <https://medium.com/@aliartiza75/what-is-byobu-and-how-to-use-it-b09722008d65>
  - **Screen** <https://linuxize.com/post/how-to-use-linux-screen/>



## Gestão de processos

- Para gerir os processos que estão a ser executados e os recursos utilizados num computador, o Linux detém o gestor **top**.

```
top - 13:02:39 up 253 days, 19:44, 2 users, load average: 2.56, 2.44, 2.48
Tasks: 701 total, 1 running, 411 sleeping, 9 stopped, 0 zombie
Cpu(s): 4.8 us, 0.0 sy, 0.0 ni, 95.2 id, 0.0 wa, 0.0 hi, 0.0 si, 0.0 st
Mem Mem : 26402592+total, 1546132 free, 2236294+used, 3916840 buff/cache
Mem Swap: 13409896+total, 12670310+free, 7395840 used, 38817084 avail Mem
```

PID	USER	PR	NI	VIRT	RES	SHR	S	%CPU	%MEM	TIME+	COMMAND
2216	mongod	20	0	42,588g	0,038t	7444	S	166,7	15,4	653238:13	mongod
2719	tomcat8	20	0	0,234t	0,058t	4,544g	S	101,3	24,1	394877:54	java
47540	rrodriq+	20	0	43468	4388	3220	R	1,0	0,0	0:00.08	top
17417	297606	20	0	0,126t	0,115t	40184	S	0,7	46,6	1660:11	mongod
1759	root	20	0	110648	2340	2080	S	0,3	0,0	130:14.66	argsbalance
14293	mysql	20	0	18,888g	217712	8536	S	0,3	0,1	106:02.43	mysqld
17394	rrodriq+	20	0	15092	2612	2248	S	0,3	0,0	23:48.57	slirpnetns
3332	root	20	0	0	0	0	I	0,3	0,0	0:00.34	hwclock/ls+
1	root	20	0	225788	7082	4760	S	0,0	0,0	216.54	systemd
2	root	20	0	0	0	0	S	0,0	0,0	0:05.29	ktreadd
4	root	0 -20	0	0	0	0	I	0,0	0,0	0:00.00	hwclock/ls+
5	root	20	0	0	0	0	I	0,0	0,0	0:02.17	hwclock/ls+
7	root	0 -20	0	0	0	0	I	0,0	0,0	0:00.00	mm_percpu_+
8	root	20	0	0	0	0	S	0,0	0,0	0:15.27	hwclock/ls+

- Para identificar os processos que estão a correr

pode-se recorrer ao comando **ps -e**.

- É possível gerir um processo recorrendo ao comando **kill**. Por vezes quando queremos fechar um programa podemos obriga-lo a terminar, enviando um sinal “**SIGKILL**” com o seguinte comando: **kill -9 <PID>**

<https://stackabuse.com/handling-unix-signals-in-python/>

<https://likegeeks.com/killing-a-process-in-linux/>



Laboratórios de Bioinformática

13

## Lista de comandos

- <http://linuxcommand.org/>
- <https://pplware.sapo.pt/linux/comandos-linux-para-totos-tutorial-no26/>
- Pipes e redirecionamento:
- <https://ryanstutorials.net/linuxtutorial/piping.php>



Laboratórios de Bioinformática

14