

## Linux 十大常用命令

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

**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 ppf1.fas

含义: 取消所有用户对 ppf1.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