

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: 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”