



**Maestría en Bioinformática
Principios y Lógica de Programación
Docente: Ing. María Gabriela Echeverría**

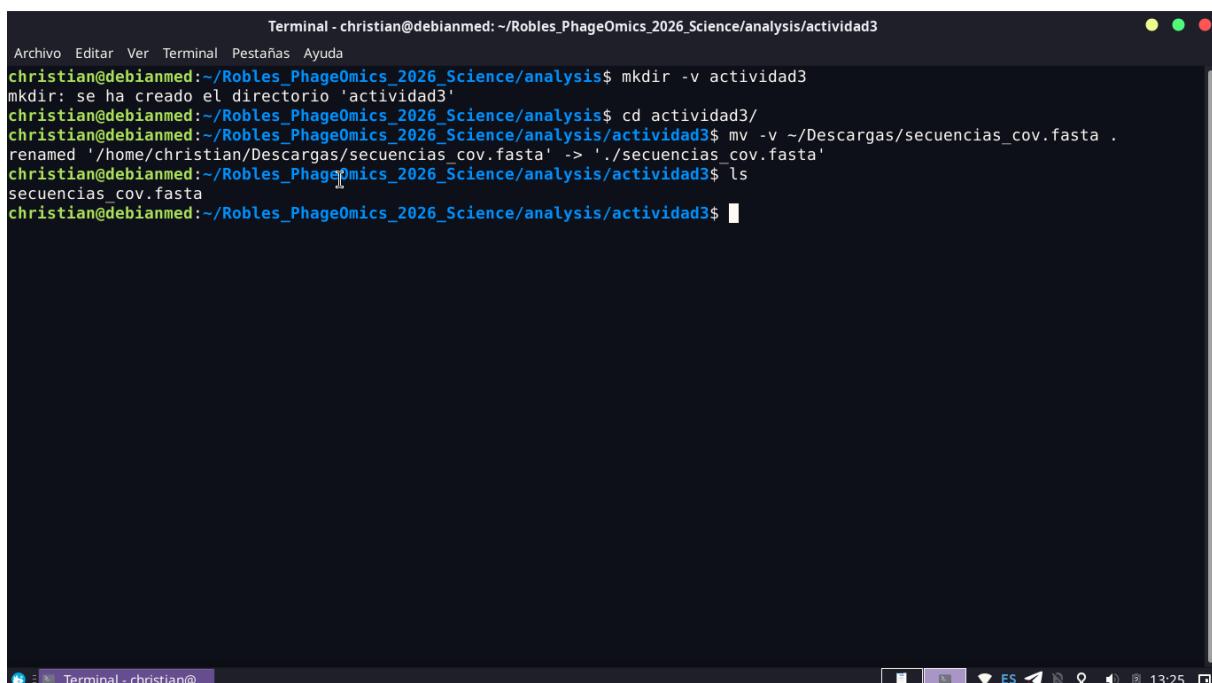
**Actividad 3: Extracción de datos y
ordenamiento de secuencias en arhivos
multifasta**

Estudiante: Christian Robles

1. Introducción

En esta tercera actividad trabajamos con el archivo `secuencias_cov.fasta`, descargado desde el aula virtual, con el propósito de practicar la extracción de información en los encabezados de cada secuencia. A partir de estos datos se generan reportes organizados que incluyen el número de acceso (Accession ID) y la fecha de colecta, ordenados de manera sistemática. La tarea se realizó en **Debian 13 Trixie**, utilizando el entorno de escritorio **Xfce**, **xfce4-terminal** y el gestor de archivos **Thunar**.

2. Creación del directorio de trabajo y movimiento del archivo FASTA



```
Terminal - christian@debianmed: ~/Robles_PhageOomics_2026_Science/analysis/actividad3
Archivo Editar Ver Terminal Pestañas Ayuda
christian@debianmed:~/Robles_PhageOomics_2026_Science/analysis$ mkdir -v actividad3
mkdir: se ha creado el directorio 'actividad3'
christian@debianmed:~/Robles_PhageOomics_2026_Science/analysis$ cd actividad3/
christian@debianmed:~/Robles_PhageOomics_2026_Science/analysis/actividad3$ mv -v ~/Descargas/secuencias_cov.fasta .
renamed '/home/christian/Descargas/secuencias_cov.fasta' -> './secuencias_cov.fasta'
christian@debianmed:~/Robles_PhageOomics_2026_Science/analysis/actividad3$ ls
secuencias_cov.fasta
christian@debianmed:~/Robles_PhageOomics_2026_Science/analysis/actividad3$
```

Figura 1: Figura 1. Creación de directorios y movimiento de archivos

El primer paso de la Actividad 3 consistió en crear un nuevo directorio dentro de `analysis` llamado `actividad3`, mover el archivo `secuencias_cov.fasta` desde la carpeta de descargas hacia este nuevo directorio y verificar su presencia con `ls`. Todo esto se realizó con los comandos:

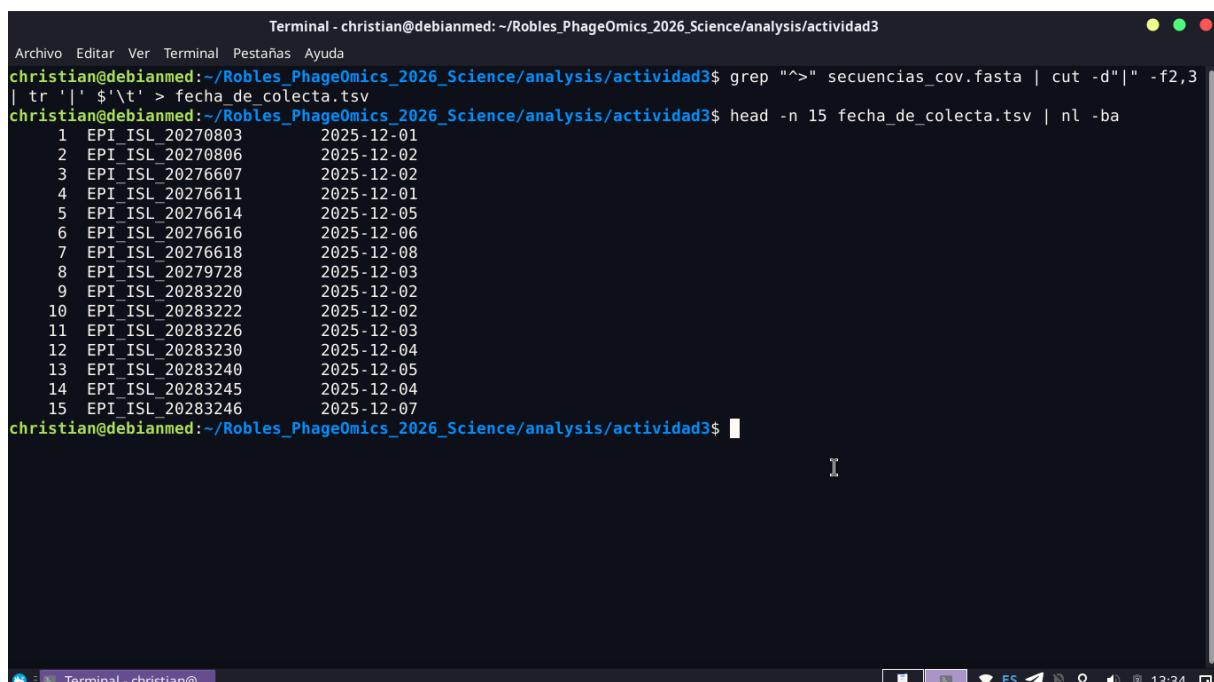
```
mkdir -v actividad3
cd actividad3
mv -v ~/Descargas/secuencias_cov.fasta .
ls
```

Comandos utilizados:

- `mkdir -v actividad3` → crea el directorio `actividad3` y muestra un mensaje de confirmación.

- cd actividad3 → nos mueve dentro del nuevo directorio para trabajar directamente allí.
- mv -v /Descargas/secuencias_cov.fasta . → mueve el archivo desde la carpeta de descargas al directorio actual (.), mostrando un mensaje de lo realizado gracias a la opción -v (verbose).
- ls → lista el contenido del directorio, confirmando que el archivo se encuentra en el directorio actual.
- El archivo secuencias_cov.fasta quedó correctamente ubicado dentro de analysis/actividad3.

3. Extracción de fechas de colecta



```
Terminal - christian@debianmed: ~/Robles_PhageOomics_2026_Science/analysis/actividad3
Archivo Editar Ver Terminal Pestañas Ayuda
christian@debianmed:~/Robles_PhageOomics_2026_Science/analysis/actividad3$ grep '^>' secuencias_cov.fasta | cut -d'|' -f2,3 | tr '|'|' $'\t' > fecha_de_colecta.tsv
christian@debianmed:~/Robles_PhageOomics_2026_Science/analysis/actividad3$ head -n 15 fecha_de_colecta.tsv | nl -ba
 1 EPI_ISL_20270803      2025-12-01
 2 EPI_ISL_20270806      2025-12-02
 3 EPI_ISL_20276607      2025-12-02
 4 EPI_ISL_20276611      2025-12-01
 5 EPI_ISL_20276614      2025-12-05
 6 EPI_ISL_20276616      2025-12-06
 7 EPI_ISL_20276618      2025-12-08
 8 EPI_ISL_20279728      2025-12-03
 9 EPI_ISL_20283220      2025-12-02
10 EPI_ISL_20283222      2025-12-02
11 EPI_ISL_20283226      2025-12-03
12 EPI_ISL_20283230      2025-12-04
13 EPI_ISL_20283240      2025-12-05
14 EPI_ISL_20283245      2025-12-04
15 EPI_ISL_20283246      2025-12-07
christian@debianmed:~/Robles_PhageOomics_2026_Science/analysis/actividad3$
```

Figura 2: Figura 2. Extracción de fechas de colecta mediante los comandos grep, cut y tr

El siguiente paso fue procesar el archivo secuencias_cov.fasta para obtener un archivo tabulado (para mejorar la visibilidad de los datos desde la terminal) con los Accession ID y las fechas de colecta. Esto se logró mediante un encadenamiento de comandos que filtran, cortan y transforman el contenido:

```
grep '^>' secuencias_cov.fasta | cut -d'|' -f2,3 | tr '|'|' $'\t' >
  fecha_de_colecta.tsv

head -n 15 fecha_de_colecta.tsv | nl -ba
```

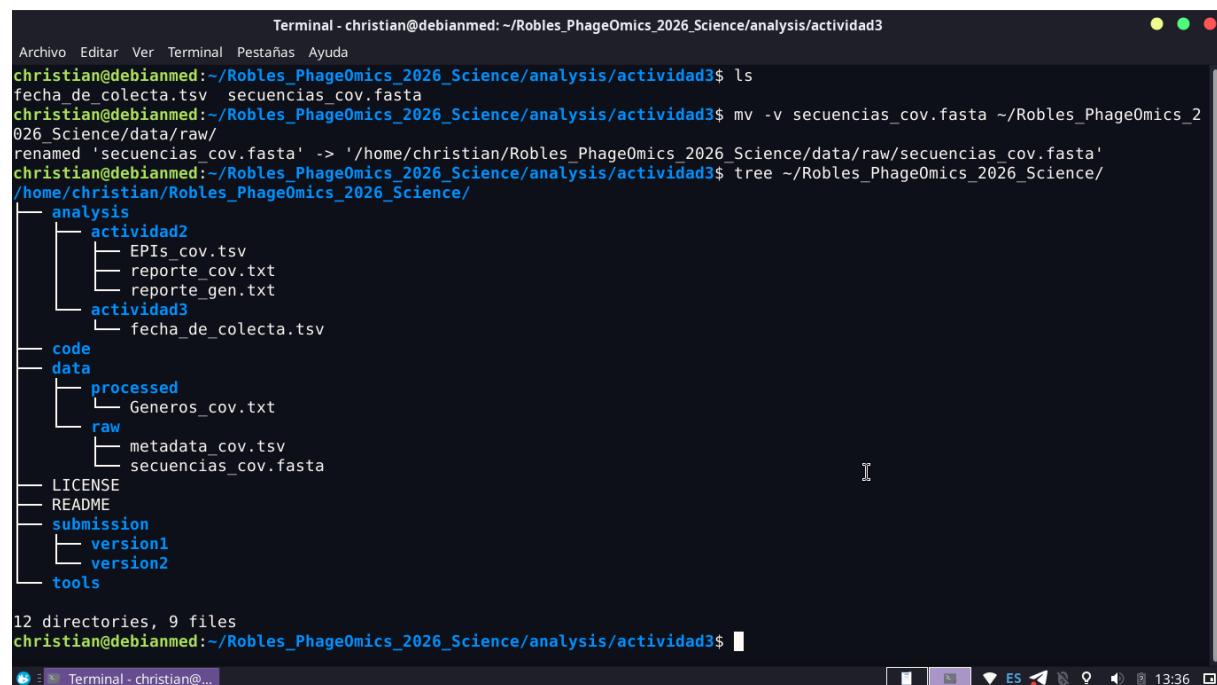
Comandos utilizados:

- grep "^>" → selecciona únicamente las líneas del archivo FASTA que corresponden a encabezados de secuencia (empiezan con el símbolo >).

- `cut -d " | f2 , 3` → divide cada línea usando el carácter | como delimitador y extrae los campos 2 y 3 (ID y fecha de colecta).
- `tr` → reemplaza el delimitador | por tabulaciones, generando un archivo .tsv lo que facilita su visualización desde la terminal.
- `>fecha_de_colecta.tsv` → guarda el resultado en un nuevo archivo.
- `head -n 15 fecha_de_colecta.tsv | nl -ba` → muestra las primeras 15 líneas del archivo y las numera, incluyendo posibles líneas en blanco.

Se decidió encadenar los comandos porque de esta manera, en una sola línea se obtiene el archivo `fecha_de_colecta.tsv` y se revisan sus primeras entradas, lo que asegura su eficiencia y reproducibilidad.

4. Organización del archivo FASTA en carpeta raw



```
Terminal - christian@debianmed: ~/Robles_PhageOomics_2026_Science/analysis/actividad3
Archivo Editar Ver Terminal Pestañas Ayuda
christian@debianmed:~/Robles_PhageOomics_2026_Science/analysis/actividad3$ ls
fecha_de_colecta.tsv  secuencias_cov.fasta
christian@debianmed:~/Robles_PhageOomics_2026_Science/analysis/actividad3$ mv -v secuencias_cov.fasta ~/Robles_PhageOomics_2026_Science/data/raw/
renamed 'secuencias_cov.fasta' -> '/home/christian/Robles_PhageOomics_2026_Science/data/raw/secuencias_cov.fasta'
christian@debianmed:~/Robles_PhageOomics_2026_Science/analysis/actividad3$ tree ~/Robles_PhageOomics_2026_Science/
~/Robles_PhageOomics_2026_Science/
├── analysis
│   ├── actividad2
│   │   ├── EPIS_cov.tsv
│   │   ├── reporte_cov.txt
│   │   └── reporte_gen.txt
│   └── actividad3
│       └── fecha_de_colecta.tsv
├── code
├── data
│   ├── processed
│   │   └── Generos_cov.txt
│   └── raw
│       ├── metadata_cov.tsv
│       └── secuencias_cov.fasta
└── LICENSE
└── README

12 directories, 9 files
christian@debianmed:~/Robles_PhageOomics_2026_Science/analysis/actividad3$
```

Figura 3: Figura 3. movimiento de archivos originales a raw y verificación de estructura del proyecto con el comando tree.

Una vez generado el archivo `fecha_de_colecta.tsv`, el siguiente paso fue organizar los datos del proyecto. Para ello se movió el archivo `secuencias_cov.fasta` desde el directorio de análisis hacia la carpeta `data/raw`, que está destinada a almacenar los datos originales sin procesar:

```
mv -v secuencias_cov.fasta
→ ~/Robles_PhageOomics_2026_Science/data/raw/
```

5. Verificación de la estructura final del proyecto

Finalmente, para comprobar que los archivos quedaron correctamente organizados en sus respectivas carpetas, se utilizó el comando `tree` sobre el directorio principal del proyecto:

```
tree ~/Robles_PhageOomics_2026_Science/
```

El comando `tree` recorre de manera recursiva el directorio indicado y muestra su contenido en forma de árbol. Esto permite visualizar tanto las carpetas como los archivos, y verificar que cada elemento se encuentra en la ubicación correcta.

6. Conclusión

La actividad permitió aplicar comandos de la terminal para extraer y organizar información contenida en los encabezados del archivo `secuencias_cov.fasta`. Mediante los comandos `grep`, `cut` y `tr`. En conjunto, estas herramientas posibilitaron la generación de un reporte con datos clave como el número de acceso y la fecha de colecta, demostrando la eficiencia de la línea de comandos en la manipulación de información biológica.

7. Bibliografía

- Fox, B., & Ramey, C. (2025). *GNU Bash Reference Manual* [Consultado en enero de 2026]. <https://www.gnu.org/software/bash/manual/>
- Newham, C., & Robbins, A. (2005). *Learning the Bash Shell* (3rd). O'Reilly Media.
- Shotts, W. E. (2019). *The Linux Command Line: A Complete Introduction* (2nd). No Starch Press.