



**Maestría en bioinformática  
Introducción a la biología molecular y secuenciación  
Docente: Ing. Byron Fuertes**

## **Tarea 6: Análisis bioinformático del gen KRAS**

**Estudiante: Christian Robles**

Fecha de entrega: 18 de Diciembre de 2025

## 1. Actividad 1: Creación del directorio de trabajo

Para comenzar el ejercicio, lo primero fue crear el directorio raíz del proyecto. Este directorio sigue la convención User\_project\_year\_publication, en mi caso:

```

1 mkdir -v Robles_PhageOmics_2026_Science
2 cd Robles_PhageOmics_2026_Science
  
```

El comando `mkdir` sirve para crear directorios. La opción `-v` (verbose) muestra un mensaje confirmando la creación, lo cual ayuda a verificar que se hizo correctamente. Luego usamos `cd` para entrar al nuevo directorio y empezar a organizar la estructura interna.

### 1.1. Creación de subdirectorios y archivos

Una vez dentro del directorio principal, organicé la estructura básica del proyecto. Para ello, ejecuté los siguientes comandos:

```

1 mkdir -v analysis code data tools submission
2 touch README LICENSE
  
```

El comando `mkdir` permite crear varios directorios a la vez, en este caso: `analysis`, `code`, `data`, `tools` y `submission`. El comando `touch` se usó para generar dos archivos vacíos: `README` y `LICENSE`, que servirán para documentar y dar licencia al proyecto.

### 1.2. Creación de subdirectorios adicionales

Dentro de `data`, añadí dos carpetas para diferenciar los datos en bruto y los procesados:

```

1 cd data
2 mkdir -v raw processed
  
```

De esta manera, los archivos originales se guardarán en `raw`, mientras que los resultados ya trabajados se almacenarán en `processed`.

Luego, dentro de `submission`, creé dos versiones para organizar los envíos del proyecto:

```

1 cd ../submission
2 mkdir -v version1 version2
  
```

Esto permite mantener un control claro de las distintas versiones que se preparen para enviar a una revista o conferencia.

### 1.3. Verificación de la estructura con tree

Después de crear todos los directorios y archivos, verifiqué que la estructura estuviera organizada correctamente. Para esto utilicé el comando:

```
1 tree ~/Robles_PhageOmics_2026_Science/
```

El comando tree muestra la estructura de carpetas y archivos en forma jerárquica. Esto permite confirmar de manera visual que los directorios analysis, code, data, tools, submission, y los archivos README y LICENSE se encuentran en el lugar correcto. Además, se puede ver que dentro de data están las carpetas raw y processed, y dentro de submission las carpetas version1 y version2.

### 1.4. Listado de inodos y permisos

Para revisar las características de cada archivo y directorio, utilicé el siguiente comando:

```
1 ls -Rlh
```

Este comando combina varias opciones: - -R → listado recursivo, muestra todo el contenido de subdirectorios. - -l → formato detallado, incluye permisos, propietario y tamaño. - -h → tamaños en formato legible (KB, MB). - -i → muestra el número de inodo de cada archivo o carpeta.

De esta manera pude verificar tanto la estructura como los inodos y permisos de cada elemento del proyecto.

### 1.5. Cambio de permisos del archivo README

El archivo README debía tener permisos de lectura y escritura para el usuario, y solo lectura para grupo y otros. Para lograrlo, ejecuté:

```
1 chmod 644 README
2 ls -lh README
```

El comando chmod 644 asigna los permisos de la siguiente forma: - 6 → usuario: lectura y escritura. - 4 → grupo: solo lectura. - 4 → otros: solo lectura.

Finalmente, con ls -lh README confirmé que los permisos se aplicaron correctamente, mostrando -rw-r--r--.

### 1.6. Conclusión

Con esta actividad se logró crear y organizar un directorio de trabajo completo para el proyecto. La estructura incluye carpetas específicas para análisis, código, datos, herramientas y versiones de envío, además de los archivos README y LICENSE.

El uso de comandos como mkdir, touch, tree, ls -Rlhi y chmod permitió no solo construir la organización, sino también verificarla y ajustar los permisos de manera correcta.

Este tipo de organización facilita que cualquier persona (incluyéndonos a nosotros mismos en el futuro) pueda entender rápidamente qué se hizo y dónde se encuentra cada parte del trabajo. En resumen, la actividad refuerza la importancia de documentar y mantener ordenados los proyectos de investigación desde el inicio.

## **2. Bibliografía**

### **Anexos**