



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

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

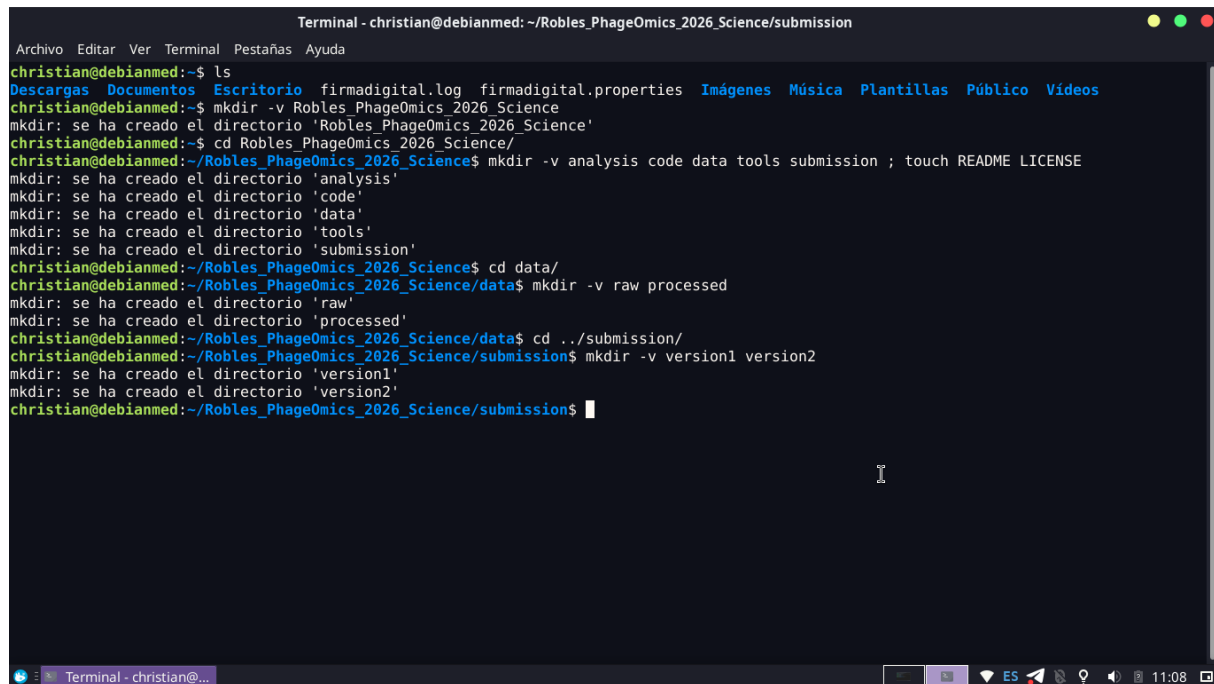
**Estudiante: Christian Robles**

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
```



**Figura 1:** Creación del directorio principal del proyecto y de subdirectorios con el comando mkdir, creación de archivos iniciales con touch.

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:

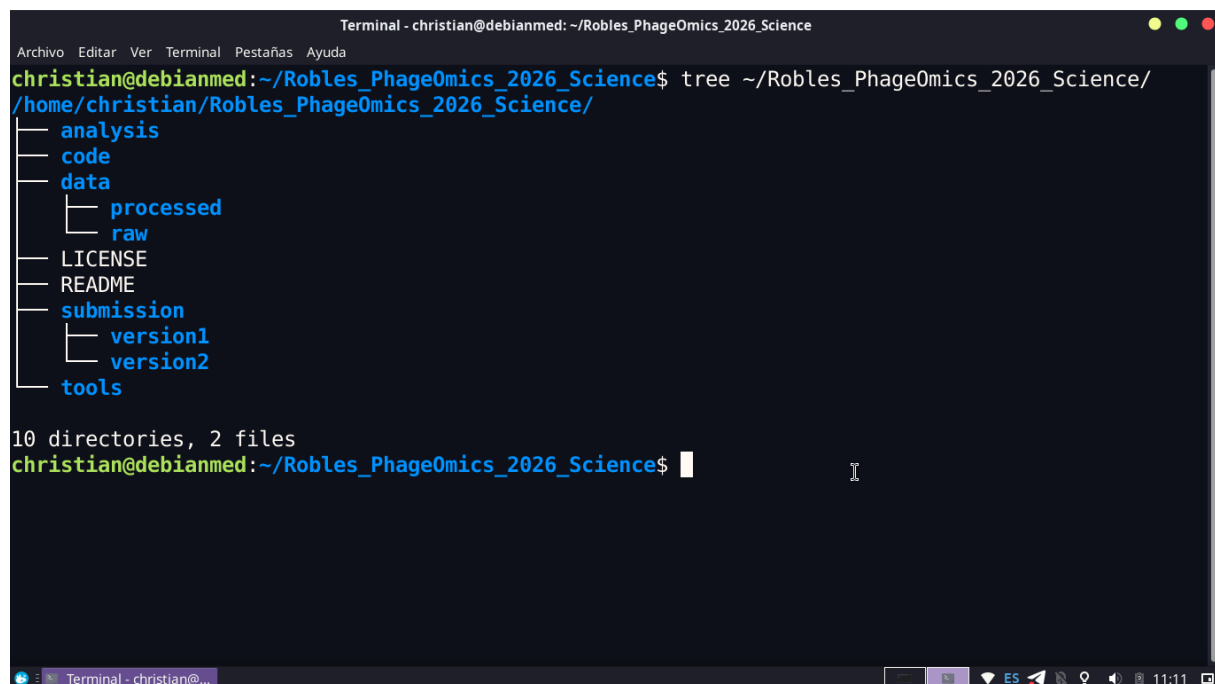
```
1 cd ../submission
2 mkdir -v version1 version2
```

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/
```



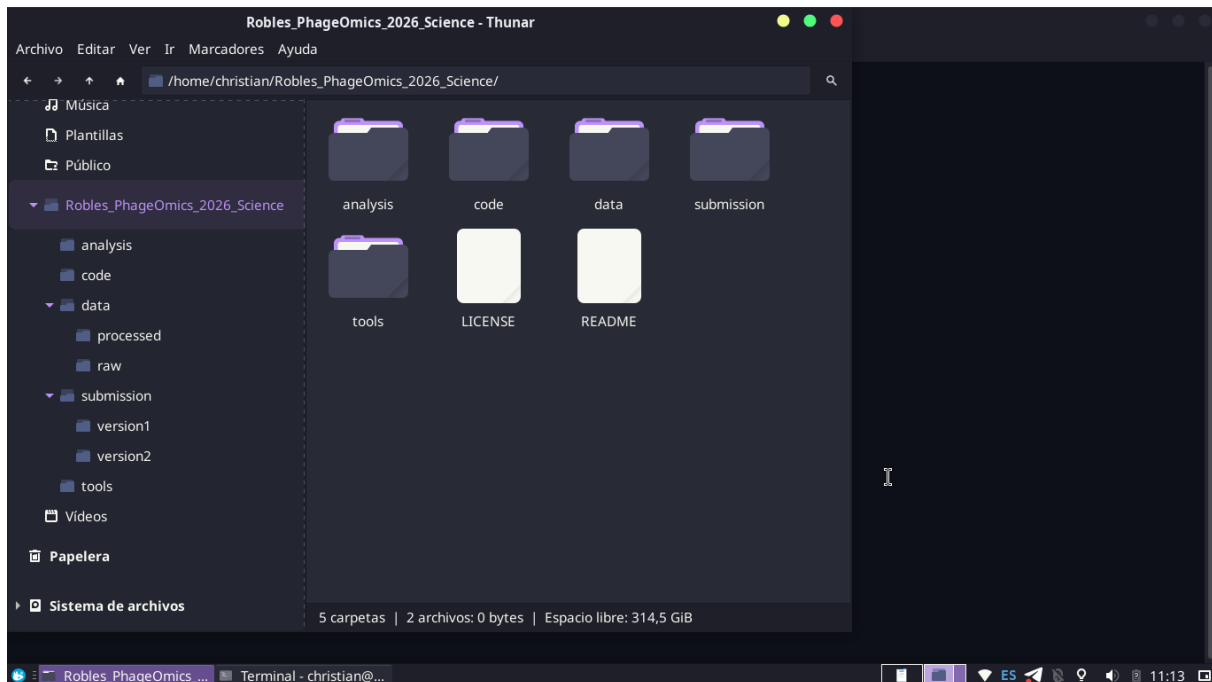
```
Terminal - christian@debianmed: ~/Robles_PhageOmics_2026_Science
christian@debianmed:~/Robles_PhageOmics_2026_Science$ tree ~/Robles_PhageOmics_2026_Science/
/home/christian/Robles_PhageOmics_2026_Science/
├── analysis
├── code
├── data
│   ├── processed
│   └── raw
├── LICENSE
├── README
├── submission
│   ├── version1
│   └── version2
└── tools

10 directories, 2 files
christian@debianmed:~/Robles_PhageOmics_2026_Science$
```

**Figura 2:** Confirmación de la estructura de directorios con el comando tree

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.



**Figura 3:** Estructura de directorios visualizados en el gestor de archivos Thunar.

## 1.4. Listado de inodos y permisos

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

```
1 ls -Rlhi
```

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
```

```

Archivo  Editar  Ver  Terminal  Pestañas  Ayuda
christian@debianmed:~/Robles_PhageOmics_2026_Science$ ls -lhi
.:
total 20K
3442875 drwxrwxr-x 2 christian christian 4,0K ene 16 11:05 analysis
3442948 drwxrwxr-x 2 christian christian 4,0K ene 16 11:05 code
3443032 drwxrwxr-x 4 christian christian 4,0K ene 16 11:07 data
3443145 -rw-rw-r-- 1 christian christian 0 ene 16 11:05 LICENSE
3443144 -rw-rw-r-- 1 christian christian 0 ene 16 11:05 README
3443143 drwxrwxr-x 4 christian christian 4,0K ene 16 11:08 submission
3443083 drwxrwxr-x 2 christian christian 4,0K ene 16 11:05 tools

./analysis:
total 0

./code:
total 0

./data:
total 8,0K
3443147 drwxrwxr-x 2 christian christian 4,0K ene 16 11:07 processed
3443146 drwxrwxr-x 2 christian christian 4,0K ene 16 11:07 raw

./data/processed:
total 0

./data/raw:
total 0

./submission:
total 8,0K
3443148 drwxrwxr-x 2 christian christian 4,0K ene 16 11:08 version1
3443149 drwxrwxr-x 2 christian christian 4,0K ene 16 11:08 version2

./submission/version1:
total 0

./submission/version2:
total 0

./tools:
total 0
christian@debianmed:~/Robles_PhageOmics_2026_Science$

```

**Figura 4:** Inodos y permisos de los archivos del proyecto.

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

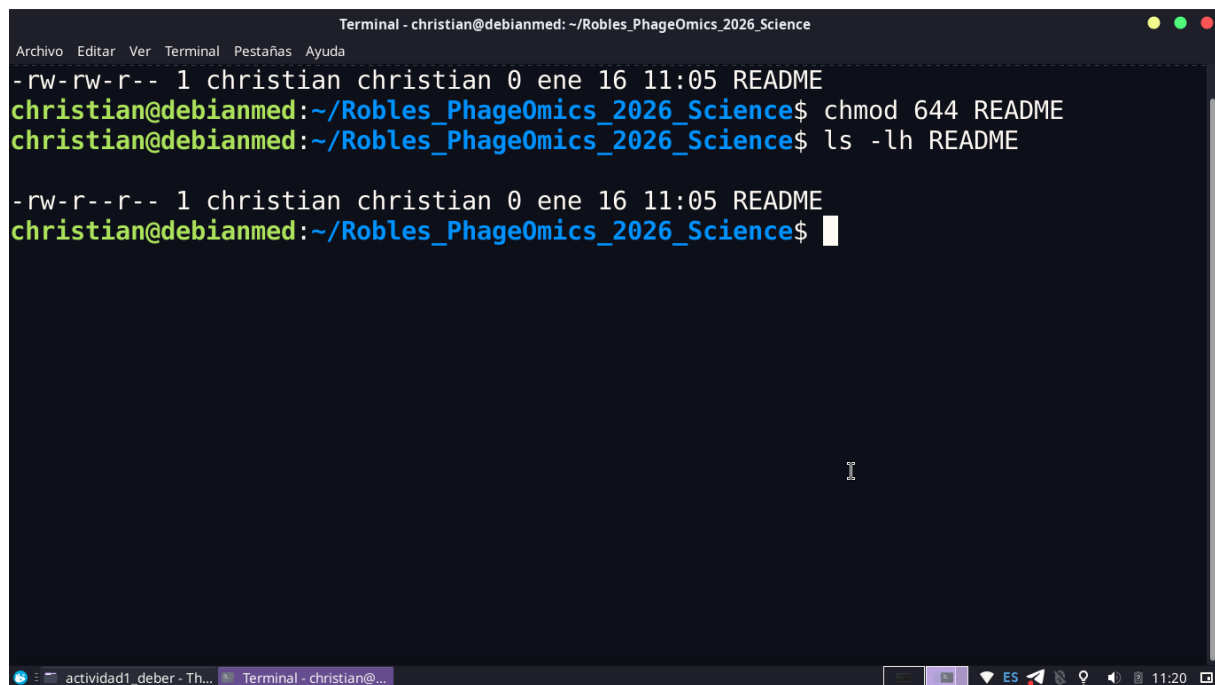
Con esta actividad se logró crear y organizar un directorio de trabajo completo para el proyecto. La estructura incluye carpetas específicas para análisis, código, datos, herramientas y versiones de envío, además de los archivos README y LICENSE.

El uso de comandos como `mkdir`, `touch`, `tree`, `ls -lhi` 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



```

Terminal - christian@debianmed: ~/Robles_PhageOmics_2026_Science
Archivo  Editar  Ver  Terminal  Pestañas  Ayuda
-rw-rw-r-- 1 christian christian 0 ene 16 11:05 README
christian@debianmed:~/Robles_PhageOmics_2026_Science$ chmod 644 README
christian@debianmed:~/Robles_PhageOmics_2026_Science$ ls -lh README

-rw-r--r-- 1 christian christian 0 ene 16 11:05 README
christian@debianmed:~/Robles_PhageOmics_2026_Science$

```

**Figura 5:** Cambio de permisos del archivo README con chmod