



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE BAJA CALIFORNIA SUR

Área de Conocimiento de Ciencias Agropecuarias

Departamento Académico de Agronomía

POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO DE LA MICROBIOTA ASOCIADA A CORALES DEL SUROESTE DEL GOLFO DE CALIFORNIA.

PROYECTO No. CF-2023-G-1596

CONVOCATORIA CIENCIA DE FRONTERA 2023 CONAHCYT

CURSO: Introducción a Linux y la línea de comandos

Curso Teórico-Práctico

I. Datos generales

Actividad: Curso de educación continua

Duración: 5 días

Modalidad: Presencial

Capacidad máxima: 15 personas

Fecha: del 9 al 13 de diciembre del 2024

Horario: 9:00 – 13:00 h

Lugar: Sala de computo del edificio CMT-61

A quienes va dirigido:

Dirigido a profesores, estudiantes de pregrado, posgrado y a otros profesionistas interesados en la bioinformática y en la ciencia de datos.

Coordinadores del curso:

Cuerpo Académico Alimentación en Zonas Consteras y Áridas

Dra. Maurilia Rojas Contreras (mrojas@uabcs.mx)

Dr. Ricardo Vázquez Juárez (rvazquez04@cibnor.mx)

Dr. Julio Antonio Hernández González (jahernan04@cibnor.mx)

Instructores del curso:

Dr. Julio Antonio Hernández González.

Universidad Autónoma de Baja California Sur • Km. 5.5. Carretera al Sur, La Paz, Baja California Sur •
MÉXICO • Teléfono: (52) 612 123 88 00, ext. 5140 • Correo-e: mrojas@uabcs.mx • Web:
<http://www.uabcs.mx>



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE BAJA CALIFORNIA SUR

Área de Conocimiento de Ciencias Agropecuarias

Departamento Académico de Agronomía

M.C. José Saul Hernández Rubio

Requisitos:

Contar con conocimiento básicos de cualquier Sistema operativo.

II. Justificación

En la actualidad, la gran cantidad de información biológica disponible en bases de datos y la capacidad de generar nuevos conocimientos hacen indispensable el aprendizaje de bioinformática. El manejo de conjuntos de datos, como pueden ser, algunos genes, proteínas, dominios estructurales, se puede realizar a través de herramientas en línea. Sin embargo, cuando se trata de gestionar grandes volúmenes de datos, como los generados por herramientas de secuenciación masiva, las plataformas en línea no son una opción viable. Por esa razón, la terminal de linux se ha consolidado como una herramienta fundamental para la investigación biológica, ya que permite automatizar tareas repetitivas, realizar análisis eficientes, tener un control preciso de archivos y ofrecer un entorno ideal para la ejecución de programas y scripts de procesamiento de datos.

A pesar de su importancia, muchos estudiantes e investigadores carecen de conocimientos básicos en el uso de la terminal de linux, lo que limita su capacidad para aprovechar plenamente las herramientas bioinformáticas y dificulta el manejo de datos biológicos. Este curso se ofrece como opción para reducir esta brecha, proporcionando una formación práctica, orientada a la solución de problemas bioinformáticos. Los participantes adquirirán habilidades en la navegación de directorios, manipulación de archivos, instalación de paquetería y automatización de procesos mediante bucles y comandos básicos de Linux.

Al finalizar el curso, los participantes estarán capacitados para implementar flujos de trabajo bioinformáticos y contarán una base sólida que les permitirá enfrentar nuevos desafíos en la investigación con herramientas computacionales, facilitando así su integración y desempeño en equipos multidisciplinarios de investigación.

III. Objetivo General

El objetivo de este curso es introducir a estudiantes de pregrado, posgrado e investigadores interesados al uso de la terminal de Linux para el manejo eficiente de datos y archivos en



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE BAJA CALIFORNIA SUR

Área de Conocimiento de Ciencias Agropecuarias

Departamento Académico de Agronomía

bioinformática. Se enfoca en desarrollar competencias a través del aprendizaje práctico de comandos básicos, navegación en directorios y la implementación de estructuras de control como bucles for y while, con el fin de automatizar tareas y optimizar flujos de trabajo en el análisis bioinformático.

IV. Estructura temática

1. Sistemas operativos y bioinformática
 - 1.1. Breve historia de UNIX/Linux
 - 1.2. Bioinformática
 - 1.3. (P) Instalación de WSL y Ubuntu
2. La línea de comandos
 - 2.1. Ciclo REPL
 - 2.2. Partes del prompt
 - 2.3. Sintaxis
3. Navegar archivos y directorios
 - 3.1. Estructura del sistema
 - 3.2. Directorios especiales
 - 3.3. Navegación
4. Manejo de archivos y directorios
 - 4.1. Crear, copiar, mover y eliminar
 - 4.2. Compresión y descompresión
 - 4.3. Enlaces
5. Formatos y reproducibilidad
 - 5.1. Formatos para secuencias
 - 5.2. Formatos para metadatos o anotaciones
6. Edición de texto
 - 6.1. Editores de texto
 - 6.2. Ver contenido
7. Filtros y tuberías
 - 7.1. Redirección de contenido
 - 7.2. Tuberías
8. Búsquedas
 - 8.1. Búsqueda de archivos
 - 8.2. Cadenas y patrones
 - 8.3. Expresiones regulares
9. Ciclos
 - 9.1. Condicionales
 - 9.2. Recorrer contenido de un archivo
10. Flujos de trabajo
 - 10.1. Scripts
 - 10.2. Ambientes conda
 - 10.3. Conexión segura a un servidor



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE BAJA CALIFORNIA SUR

Área de Conocimiento de Ciencias Agropecuarias

Departamento Académico de Agronomía

V. Metodología

El presente curso es de carácter práctico en modalidad presecencial, con prácticas diarias de 3 horas, media hora de presentación y media hora de discusión durante 5 días. Se contará con el material didáctico y bibliográfico electrónico.

VI. Evaluación

En cada sesión se evaluará la asistencia (mínimo 80%) y participación continua para la emisión de constancia de participación.

VII. Apoyo bibliográfico

Se pondrá a disposición de los participantes del curso, material bibliográfico especializado selecto de libre distribución en formato electrónico como artículos científicos y videos didácticos.

Bibliografía

Shotts, W. 2012. The Linux Command line, a complete introduction. 3rd Edition. No Starch Press. 482 pp.

Newham C, 2009. Learning the bash Shell, 3rd Edition. O'Reilly. 823 pp.

Buffalo Vince, 2015. Bioinformatics Data Skills. Reproducible and robust research with open source tools. O'Reilly. 507 pp.

Gauthier J, et al. 2019. Brief history of bioinformatics. Briefings in Bioinformatics, 20(6), 1981-1996. doi: 10.1093/bib/bby063

Brandies PA, and Hogg CJ. 2021. Ten simple rules for getting started with command-line bioinformatics. PLoS Computational Biology, 17(2): e1008645.
<https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1008645>