

## INFORME LABORATORIO 6

### USANDO DOCKER EN BIOINFORMÁTICA

Este laboratorio tiene como principal objetivo familiarizarnos con Docker, un software de contenedores esencial en la reproducibilidad de experimentos computacionales en bioinformática. Durante el transcurso de la práctica, he aprendido a instalar Docker, usar contenedores existentes, crear mis propios contenedores y entender cómo estos pueden abordar problemas de reproducibilidad en flujos de trabajo bioinformáticos.

En el apartado preliminar no tuve ningún problema al instalar Docker en mi ordenador, a pesar de que tuve que reiniciarlo varias veces al final conseguí solucionar el problema.

El primer apartado de la práctica está muy detallado y considero que es fácil de seguir, además la utilización de herramientas como BLAST, la cual había manejado en su versión web, me ayuda a ver el potencial de Docker en el campo de la bioinformática. No obstante, al trabajar con MobaXterm tuve dificultades en algunos comandos como el uso del `$pwd` para indicar el directorio de trabajo actual, que se solucionó posteriormente.

En el segundo apartado, vi el potencial de crear una imagen Docker propia y considero que las directrices del laboratorio son muy útiles no solo para ahora sino por si en un futuro lo necesitamos. Durante la creación de la imagen personalizada, tuve dificultades para copiar correctamente el archivo del notebook desde mi sistema host al contenedor, lo que retrasó mi progreso. Este problema se resolvió después de buscar información adicional en la documentación de Docker.

En conclusión, el laboratorio 6 fue una experiencia enriquecedora que no solo permitió comprender los fundamentos de Docker, sino también explorar su aplicación en el ámbito de la bioinformática. Aunque encontré algunos retos, logré completar todas las tareas propuestas y me siento más preparada para usar esta herramienta en proyectos futuros.