

Informe laboratorio 6: Usando Docker en Bioinformática

Isabel María Fernández Lizán

Dirección GitHub: <https://github.com/Isalizan>

Dirección DockerHub: <https://hub.docker.com/u/isalizan>

- **Opinión del laboratorio:**

Este laboratorio es de utilidad para familiarizarse con los conceptos y comandos básicos de Docker (*pull*, *run*, *commit* y *push*). Me resulta especialmente interesante que Docker nos permita correr cualquier contenedor de forma interactiva, de forma que podamos utilizar, por ejemplo, un sistema operativo diferente al nuestro y crear nuevas imágenes a partir de ese contenedor, añadiendo ficheros e instalando paquetes de interés.

La creación de una imagen del contenedor de Python 3.7 nos permite ejecutar cualquier programa en Jupyter de forma más sencilla y reproducible (antes teníamos que cargar el módulo *anaconda* para poder trabajar con los notebooks). Esto es importante ya nos servirá para ejecutar cualquier notebook que en cualquier parte sin que nos de problemas, ya que hemos archivado en el contenedor todos los softwares necesarios y lo hemos subido a nuestro repositorio Docker para tenerlo siempre disponible.

Esta práctica me ha parecido muy útil ya que, como bioinformáticos, Docker es una herramienta que vamos a tener que utilizar bastante a la hora de utilizar otros softwares o compartir los nuestros. En general, el laboratorio está bien explicado y se entienden todos los conceptos, reforzando lo visto en clase y en las diapositivas.

Aunque toca todos los conceptos básicos me hubiera gustado crear un *Dockerfile*, pero creo que tenemos el tiempo muy ajustado para entenderlo y saber hacerlo correctamente. Aun así, quedo muy contenta con lo aprendido en este laboratorio.