

Cloud, HPC & Bio

Laboratorio 6: Usando Docker en Bioinformática

Idalia Lovo Montenegro

Junio 2025

1 Introducción

El laboratorio aborda el uso Docker y creación de imagenes personalizadas que posteriormente se pueden compartir por medio de dockerhub.

2 Aspectos positivos

Personalmente me fue útil aprender cómo empaquetar el entorno de ejecución en una imagen Docker, lo que permite asegurar la reproducibilidad y portabilidad del código sin depender del entorno local.

3 Dificultades

Me costó entender cómo pasar argumentos desde la línea de comandos a un cuaderno de Jupyter ejecutado con IPython dentro del contenedor. Además, al intentar usar expresiones como `10**5`, la terminal `zsh` interpretaba los asteriscos de forma errónea, lo que me obligó a envolver los argumentos entre comillas. También olvidé inicialmente instalar el paquete `nbformat`, lo cual generó errores al intentar ejecutar el notebook. Finalmente, logré solucionarlo añadiendo la instalación de dicho paquete en el `Dockerfile` y especificando correctamente el comando `CMD` para que el contenedor se ejecutara con el valor deseado por defecto.

Aunque al principio me sentí algo confundida con el proceso, me permitió comprender mejor el ciclo completo de creación, construcción y ejecución de imágenes Docker con notebooks, y el uso de argumentos de línea de comandos dentro de scripts en contenedores.