

Laboratorio 7: Usando Docker en Bioinformática

El apartado preliminar fue muy intuitivo y planteó problemas.

El apartado 3.2 que consistía en el uso básico de Docker resultó al principio complejo ya que emplear los contenedores desde mobaxterm al principio fue confuso, pero el guión explica adecuadamente los pasos a seguir , todos los apartados los desarrollé con normalidad hasta llegar a BLAST. A partir de ahí tuve pequeñas dificultades para manejarne en las carpetas que se requerían del Docker y del usuario, así que se hizo un poco tedioso. La descarga de los archivo bien, pero el proceso de blast se complicó un poco porque no me conseguía situar en la carpeta correcta con los archivos deseados.

El apartado 3.3 estaba bien indicado y la construcción de la imagen fue sencilla con los pasos indicados, las instalaciones de los paquetes también sencillas. Se complicó un poco el proceso en el paso de subir la imagen Docker al Docker hub por problemas con la configuración de la cuenta, pero quitando eso lo demás estaba bien indicado y se podía seguir.

Por último, la actividad extra fue un poco tediosa al incorporar todo lo visto de Docker junto con la ejecución de jupyter notebook y construir la imagen con el Dockerfile.

Este laboratorio me resultó algo difícil al no estar familiarizado con Docker, pero el guión está bien indicado y es una herramienta extremadamente útil que considero será importante en tareas posteriores.