

## Informe práctica 6: Usando DOCKER en Bioinformática

Marta Campillo Lizán



El concepto de docker, los contenedores y las imágenes eran totalmente nuevos para mí, así que por ese lado he disfrutado aprendiendo un aspecto nuevo de la informática con este laboratorio.

No obstante, he tenido varios problemas de espacio mientras hacía la práctica, empezaba a hacer un ejercicio y tenía que parar, borrar cosas y seguir, lo que ha dificultado un poco el flujo de trabajo. Si bien es cierto que no disponía de mucho espacio libre en el disco duro (11GB), no sé en qué proceso docker se ha chupado esos gigas, ya que llegué a quedarme con 60MB después de cargar la imagen de BLAST (al final lo pude solucionar).

Me gustaría recalcar (ya que en esta práctica es donde más lo he sufrido) que me da la impresión de que donde más empleamos tiempo en los laboratorios es en corregir errores ajenos al problema que se plantea, es decir, errores de rutas en el comando, errores en el entorno, etc... como ha sido el caso del ejercicio 3.2, el cual a mí me tuvo un buen rato dándole vueltas a por qué mobaxterm no reconocía el directorio con \$(pwd): . Cuando leí en el anuncio del aula virtual que podíamos solucionarlo con .: casi se me cae un ojo. Me frustró el no haber dado con ello ya que conocemos el uso del . para hacer referencia al directorio actual, y también por la naturaleza simple del problema que me había tenido delante del ordenador unas horas.

No cabe duda de que estas bellas cosas forman parte del proceso de aprendizaje y soy muy partidaria de que ocurran, pero también son a tener en cuenta por los profesores a la hora de adjudicar las horas de trabajo en casa. El resto de la práctica fue bien.