

INFORME LABORATORIO 7 – BELÉN SALAR

USANDO DOCKER EN BIOINFORMÁTICA

A lo largo de la práctica he podido familiarizarme de forma más profunda con Docker. Además, debido a la importancia que se le ha dado en clase, a Docker como herramienta en bioinformática, he tomado el tiempo que fuera necesario para comprender realmente que estaba haciendo en cada ejercicio. Esta práctica me ha interesado mucho sobre todo a la hora de su aplicación a los casos prácticos como la ejecución de BLAST y de notebooks de Python, con los que hemos trabajado frecuentemente en clase.

Como aspecto positivo de este laboratorio, es que me resulta una práctica muy útil para aplicaciones futuras, ya que Docker facilita el uso de herramientas de software específicas, evitando procesos de instalación complejos y de tal forma ahorrando tiempo.

Algunos problemas que tuve a lo largo de la práctica fueron:

La instalación me resultó costosa debido sobre todo a la instalación del kernel de Linux, ya que tuve que reiniciar el ordenador varias veces y entrar en la BIOS.

Por otro lado, en el apartado 3.2, al trabajar en la carpeta temporal “C:\Users\belensalar\AppData\Local\Temp\Mxt252\tmp\home_belensalar”, provocó que se me perdiera el fichero de los resultados del alineamiento BLAST. Tuve que rehacer el ejercicio creando una carpeta en mi escritorio donde trabajé.

Finalmente, en el apartado extra también tuve ciertas complicaciones debido a que al crear el Dockerfile se guardó de forma incorrecta con extensión .txt, por lo que Docker no lo reconocía.

Independientemente de las complicaciones, esta práctica me ha llevado mayor tiempo en comparación con el resto, a parte de por el contenido novedoso, también porque me ha resultado muy interesante y he invertido más horas para retener los conceptos vistos a lo largo de la práctica.