

## INFORME LABORATORIO 7

En este laboratorio se ha trabajado con la herramienta *Singularity*. Al igual que Docker, esta herramienta permite crear un entorno propio, una imagen con todos los módulos que necesitamos para ejecutar nuestros programas, pero con la ventaja de que podemos emplear el SLURM y ejecutar los trabajos o procesos que se encuentran en la imagen mandándolos a las colas, optimizando el tiempo si son trabajos muy costosos.

En mi caso, esta práctica me ha resultado muy útil, ya que, te permite tener una imagen con un programa determinado, y desde la consola le podemos introducir los datos de entrada para que el programa los procese, y obtener así un fichero con los resultados, sin necesidad de que dichos archivos o ficheros estén contenidos en la propia imagen.

En mi caso, *BLAST* es una herramienta con la que he trabajado mucho, tanto en local como en la web, por lo que me ha resultado muy útil lo aprendido en este laboratorio con *Singularity*, ya que me va a permitir optimizar mucho los BLAST (ya que cuando analizo muchas secuencias mi ordenador va demasiado lento. Así, mandando los trabajos a las colas el proceso es mucho más eficiente).

Durante la parte avanzada, he tenido problemas con el comando “makeblastdb -in zebrafish.1.protein.faa -dbtype prot”. Me aparecía el aviso que aparece en la captura de pantalla. Dado que he empleado esta herramienta de BLAST antes, he puesto el parámetro -*subject* el archivo “zebradish.1.faa” ya que es sobre la base de datos que queremos buscar nuestra *query* (sería lo mismo que -db), y ya ha funcionado. También he generado el mismo resultado, pero con distinto formato, mostrando una tabla con cada una de las coincidencias de nuestra secuencia con la base de datos, pero sin mostrar el alineamiento (“results-blast\_formato\_alternativo.txt”).

```
[alumno35@ibsen blast]$ more /home/alumno35/pacioli/lab7_singularity/lab7_singularity/blast/salida_lab7_singularity.out
/var/spool/slurmd/job24079/slurm_script: línea 16: makeblastdb: no se encontró la orden
WARNING: Skipping mount /nas/hdd-0/modules/singularity3.8/var/singularity/mnt/session/etc/resolv.conf [files]: /etc/resolv.conf doesn't exist in container
BLAST Database error: No alias or index file found for protein database [zebrafish.1.protein.faa] in search path [/home/alumno35/lab7_singularity/blast::]
[alumno35@ibsen blast]$ ls
blast_2.9.0-pl22gh3066fca_4.sif  P04156.fasta  submit_blast_singul_pacioli-alumno35.sh  zebrafish.1.protein.faa
```

En resumen, esta herramienta de *Singularity* me ha parecido muy útil e importante para el desarrollo de futuros trabajos.