

Dirección de Github: <https://github.com/ghizlanetahiri95/lab5>

Dirección de Docker: <https://hub.docker.com/r/ghizlane95/lab5-docker>

He estado usando el Docker desktop para esta práctica.

Informe laboratorio 5

Considero que esta es la práctica que más me ha gustado de las llevo a hasta hora, y probablemente le daré mucho uso en mi trabajo.

Todos los pasos de la práctica, así como las transparencias, están muy claros y son sencillos de seguir y usar.

Entre las utilidades que he aprendido sobre Docker, destacaría:

- 1- Su potencial para simplificar la instalación de software. Por lo que lo veo muy útil para usar software sin tener que depender de las dependencias del mismo.
- 2- El tema de reproducibilidad del software. Docker permite que los software se ejecuten de la misma manera independiente del ordenador donde esté. Esto es especialmente interesante, no sólo a la hora de publicar, sino a la hora de compartir software con colaboradores.
- 3- Además, también destaca la simplicidad para compartir imágenes con otros usuarios.

Recomendaciones: Podría ser de gran utilidad que esta práctica se realizara con mayor profundidad, incluyendo más aplicaciones bioinformáticas, como las que se menciona en la introducción (el blast). Así como, la combinación del uso de contenedores y del cluster HCP.

Recomendación 1:

Sería de gran utilidad que la práctica incluyera aplicaciones bioinformáticas más complejas, como BLAST o herramientas de aprendizaje automático. Esto permitiría a los estudiantes aprender cómo utilizar Docker para ejecutar aplicaciones bioinformáticas específicas. Una posible forma de incluir aplicaciones bioinformáticas en la práctica sería proporcionar un conjunto de imágenes de contenedores Docker preconfiguradas con software bioinformático. Estas imágenes se podrían utilizar para ejecutar experimentos bioinformáticos, como la búsqueda de similitudes de secuencias o el análisis de datos de expresión génica.

Recomendación 2:

Cluster HCP. La práctica actual se centra en el uso de Docker en entornos locales. Sin embargo, también sería de gran utilidad que la práctica incluyera el uso de contenedores en un cluster HCP. Esto permitiría a los estudiantes aprender cómo utilizar Docker para ejecutar aplicaciones bioinformáticas en un entorno de alto rendimiento.

En general, considero que esta práctica es una excelente introducción a Docker. Las recomendaciones anteriores podrían ayudar a mejorar aún más la práctica y hacerla más relevante para los estudiantes de bioinformática.