

Pasos para ejecutar HEPAnalysis en Windows

1. Descargar Docker

<https://www.docker.com/get-started/>

2. En símbolo de sistema, descargar la imagen

```
C:\WINDOWS\system32> docker pull calderona/root-ubuntu16
```

3. Ejecutar la imagen

```
C:\WINDOWS\system32> docker run --rm -it calderona/root-ubuntu16 bash
```

4. Descargar el código HEPAnalysis

```
root@3811e88ecf28:/# wget https://calderon.web.cern.ch/calderon/codes/HEPAnalysis.tgz
```

5. Extraer el código

```
root@3811e88ecf28:/# tar -xvzf HEPAnalysis.tgz
```

6. Ejecutar el código

```
root@3811e88ecf28:/# cd HEPAnalysis
```

```
root@3811e88ecf28:/HEPAnalysis# make
```

```
root@3811e88ecf28:/HEPAnalysis# ./example.x
```

Para copiar la carpeta a Windows, hay que abrir otro símbolo de sistema (ejecutando como administrador). También hay que utilizar el nombre del contenedor de Docker:

```
root@3811e88ecf28:/HEPAnalysis# ./example.x
```

7. Copiar la carpeta

```
C:\WINDOWS\system32>docker cp 3811e88ecf28:/HEPAnalysis C:\
```

Ahora se puede acceder al código y modificarlo (con Dev C++ por ejemplo) y luego volver a copiarlo a la imagen de Docker para ejecutarlo:

```
C:\WINDOWS\system32>docker cp C:\HEPAnalysis 3811e88ecf28:/
```