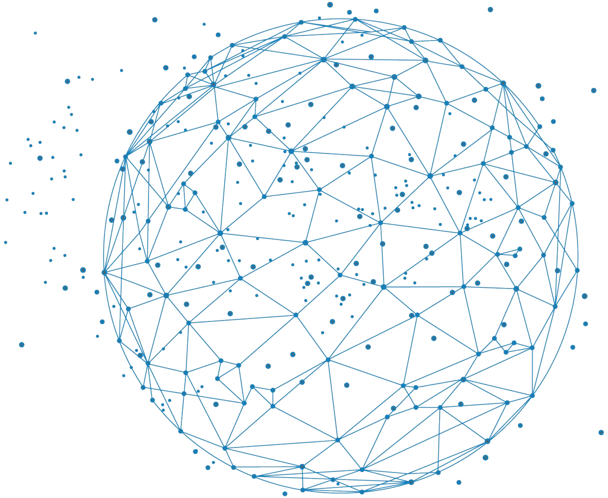
JOBIM 2024
25>28 JUIN
Toulouse



Mini-symposium

La technologie Wasm : une révolution pour l’apprentissage de la bioinformatique ?

Organisation

Groupe e-formation de l’Institut Français de Bioinformatique

- **Hélène Chiapello**, Research Engineer (Jouy-en-Josas)
- **Thomas Denecker**, Research Engineer (Paris)
- **Lucie Khamvongsa Charbonnier**, Study Engineer (Marseille)
- **Pierre Poulain**, Associate Professor (Paris)
- **Denis Puthier**, Professor (Marseille)
- **Olivier Sand**, Research Engineer (Lille)
- **Morgane Thomas-Chollier**, Associate Professor (Paris)
- **Claire Toffano-Nioche**, Researcher (Gif-sur-Yvette)

Présentation du GT e-formation de l'IFB

Constat

- Besoins forts et partagés en **compétences socles** (Unix, Python, R) en pré-requis de nombreuses formations en bioinformatique et d'accès aux ressources de calcul de l'IFB
- Solutions de e-formation : un domaine en pleine expansion

Nos objectifs

- **Veille technique** sur les environnements numériques dédiés aux ressources d'auto-formation avec des sessions pratiques adaptées à nos publics cibles.
- **Conception de ressources pédagogiques** axés sur les besoins des formateurs et enseignants en bioinformatique à destination de l'ensemble de la communauté (apprenants, enseignants et formateurs) ex : **matrice de compétences Unix (Poster Jobim 2024 #75)**

Bref historique

- En 2021 : **production d'un cours d'auto-formation sur les bases de la ligne de commande Unix** sur la plateforme Katacoda. Des centaines d'apprenants ont déjà bénéficié de ce cours.
- Depuis l'arrêt de Katacoda à la mi-2022 solutions alternatives testées : KillerCoda et Sandbox.bio basé sur la technologie du **Web Assembly**

Programme

- 16h30-16h55: Interactive computing in the browser with Jupyterlite - **Jérémy Tuloup**
- 16h55-17h05 : Retour d’expérience JupyterLite - **Pierre Poulain**
- 17h05-17h30 : sandbox.bio: tutoriels interactifs sur le web avec WebAssembly - **Robert Aboukhalil** (visio)
- 17h30-17h50 : Retour d’expérience Sandbox.bio en formation initiale et continue - **Morgane Thomas-Chollier et Claire Toffano-Nioche**
- 17h50-18h00 : Demo plateforme pilote WASM4Learn - **Lucie Khamvongsa-Charbonnier et Denis Puthier**
- 18h00-18h30 : Table ronde - modération : **Hélène Chiapello et Olivier Sand**

Orateur invité

Interactive computing in the browser with Jupyterlite

Jérémy Tuloup

QuantStack (Grenoble, France)
Technical Director at QuantStack and Core Jupyter Developer - JupyterLite
https://jtp.io/jobim-2024/

Retour d’expérience JupyterLite

Pierre Poulain

Contexte

Enseignement d'introduction à la bioinformatique

- 40-45 étudiant.e.s de L1 (biologie / chimie)
- Introduction à la programmation Python (2 x 2 h TP)

Choix des notebooks Jupyter : interactivité, *literate programming*

Complexité pour installer des logiciels dans les salles informatiques

Solutions informatiques

Historiquement : MyBinder

- Assez lourd : plusieurs minutes pour reconstruire une image (à chaque commit)
- Ressources informatiques (gratuites) pas toujours disponibles.

Depuis 2023 : JupyterLite

- Facile à déployer (GitHub ⟶ GitHub pages)
- Aucune installation pour les étudiant.e.s (à l'université, à la BU, à la maison…)
- Quiz interactifs depuis 2024 (https://github.com/jmshea/jupyterquiz)

Démo !

Code source :

https://github.com/pierrepo/intro-bioinfo-python-2024

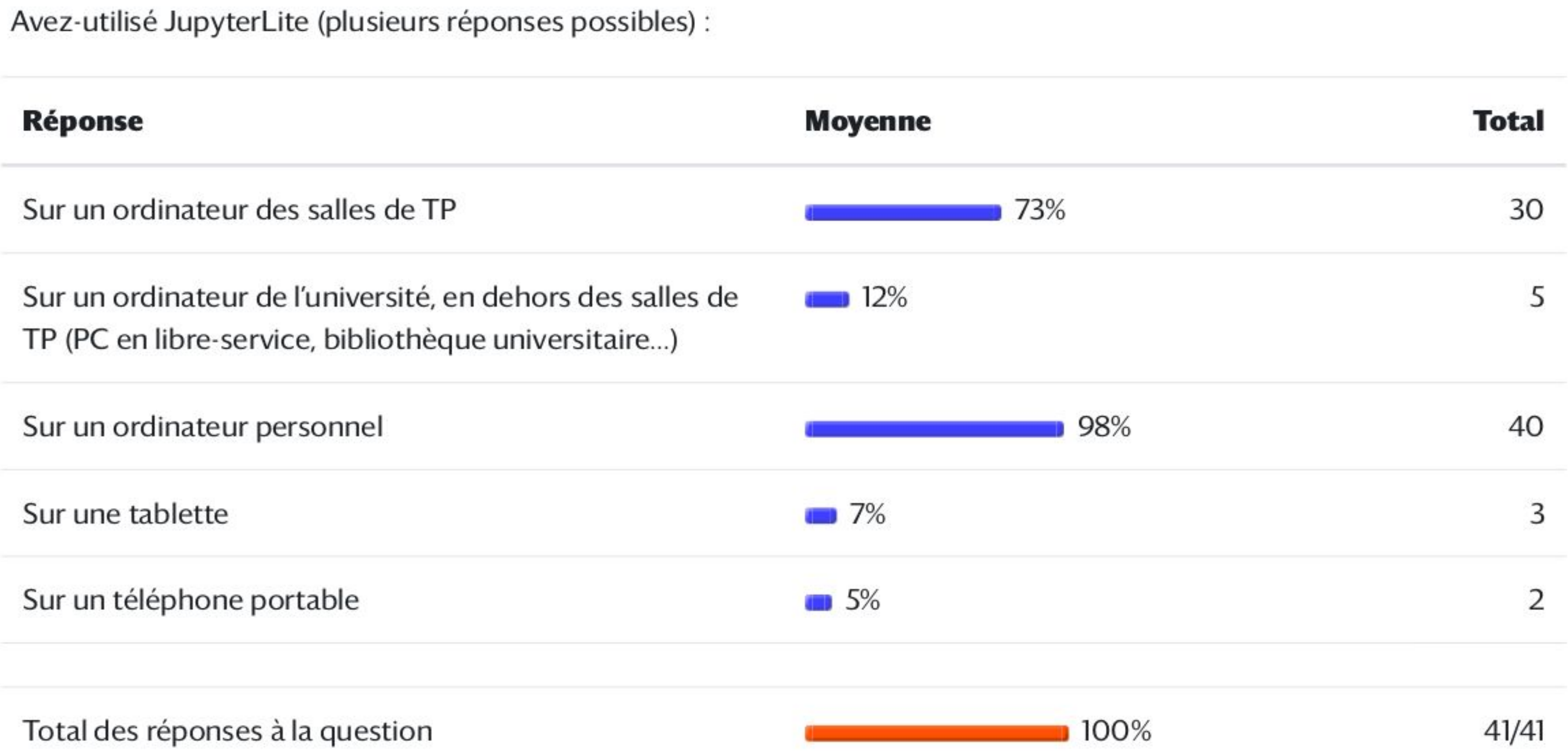
Site (GitHub pages) :

https://pierrepo.github.io/intro-bioinfo-python-2024/lab/index.html

Pour le faire vous-même :

https://jupyterlite.readthedocs.io/en/stable/quickstart/deploy.html

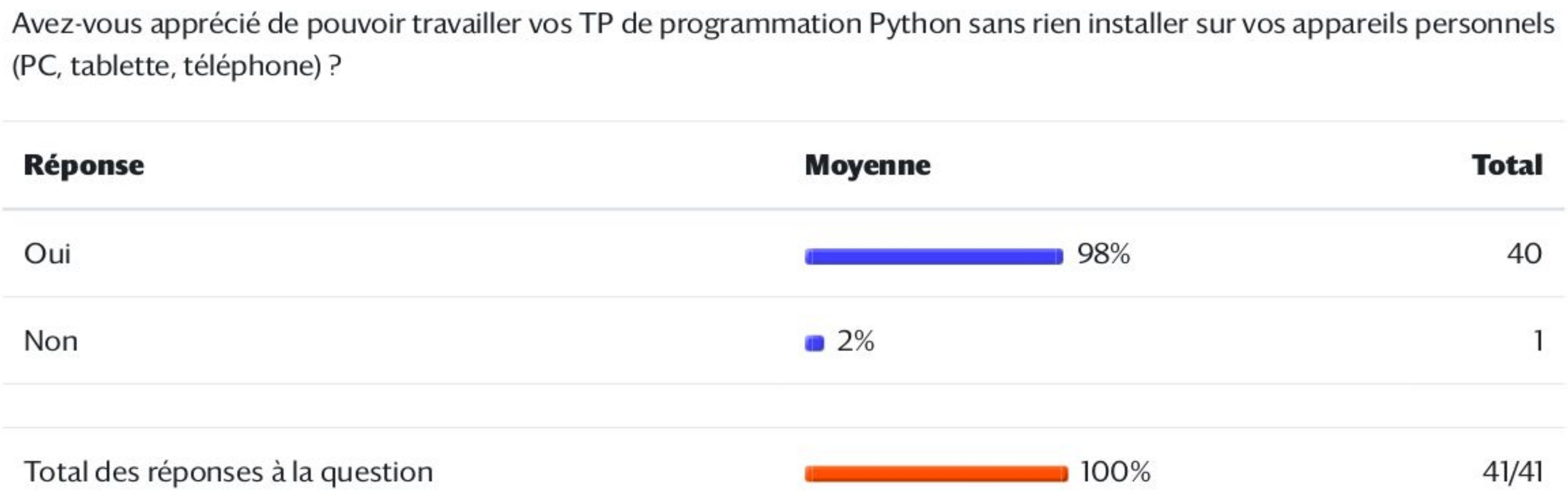
Ce qu'en disent les étudiant.e.s



Avez-utilisé JupyterLite (plusieurs réponses possibles) :

Réponse	**Moyenne**	**Total**
Sur un ordinateur des salles de TP	73%	30
Sur un ordinateur de l'université, en dehors des salles de TP (PC en libre-service, bibliothèque universitaire...)	12%	5
Sur un ordinateur personnel	98%	40
Sur une tablette	7%	3
Sur un téléphone portable	5%	2
Total des réponses à la question	100%	41/41

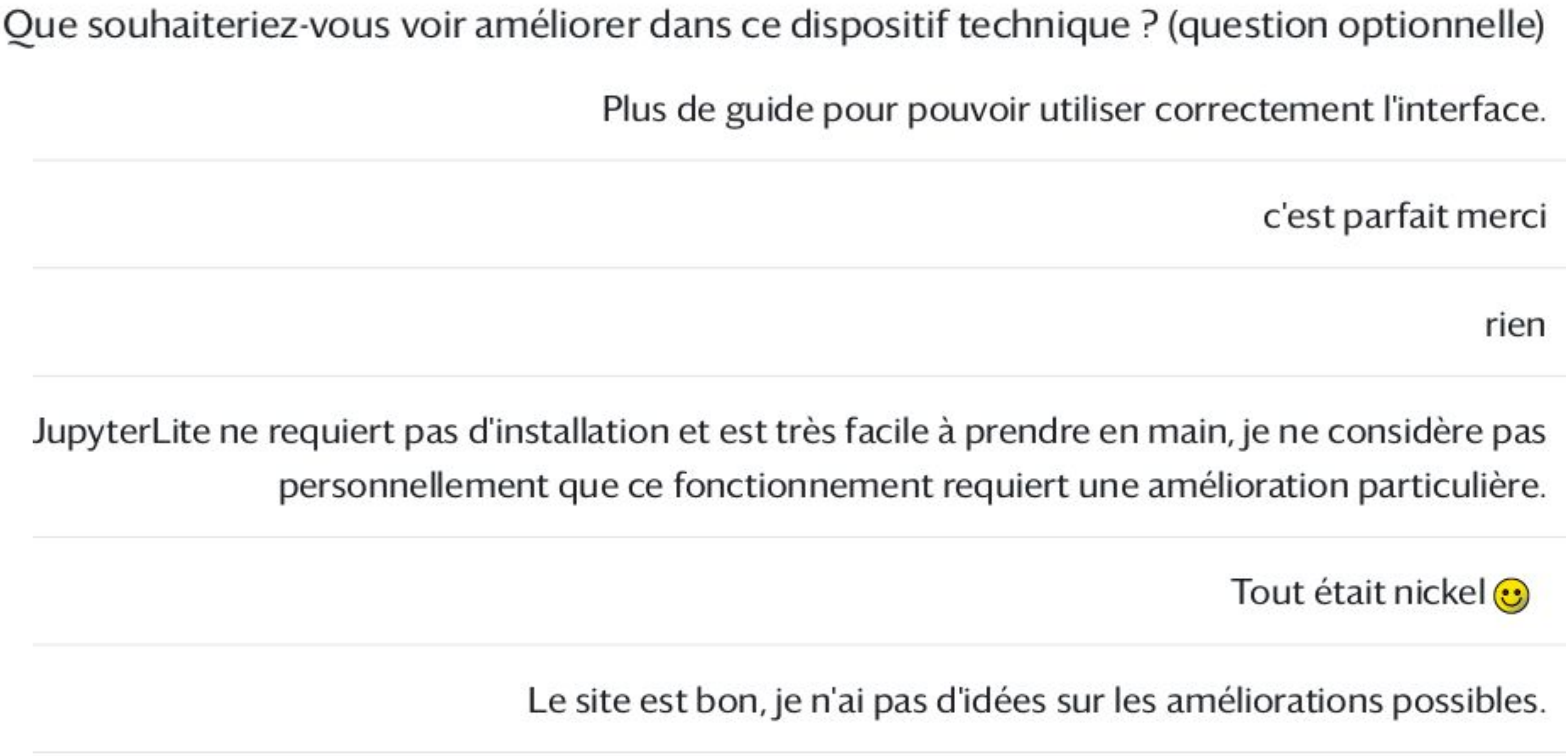
Ce qu’en disent les étudiant.e.s



Avez-vous apprécié de pouvoir travailler vos TP de programmation Python sans rien installer sur vos appareils personnels (PC, tablette, téléphone) ?

Réponse	**Moyenne**	**Total**
Oui	98%	40
Non	2%	1
Total des réponses à la question	100%	41/41

Ce qu'en disent les étudiant.e.s



Que souhaiteriez-vous voir améliorer dans ce dispositif technique ? (question optionnelle)

Plus de guide pour pouvoir utiliser correctement l'interface.

c'est parfait merci

rien

JupyterLite ne requiert pas d'installation et est très facile à prendre en main, je ne considère pas personnellement que ce fonctionnement requiert une amélioration particulière.

Tout était nickel 🙂

Le site est bon, je n'ai pas d'idées sur les améliorations possibles.

Prochaine étape

Rentrée 2025, simulation en biologie (Python) :

- 250 étudiant.e.s de L2
- 150 étudiant.e.s de L3

sandbox.bio: tutoriels interactifs sur le web avec WebAssembly

Robert Aboukhalil

OMGenomics Lab (San Francisco, USA)
Co-founder OMGenomics Lab - Developper of sandbox.bio
https://sandbox.bio/

Retour d’expérience

Retour d’expérience Sandbox.bio en formation initiale et continue

Morgane Thomas-Chollier et Claire Toffano-Nioche

Contexte

Formation continue

EBAII Atelier de Bioinformatique (Roscoff)

- **Objectif** : réaliser des analyses omics sur le cluster de calcul de l’IFB
- **Public** : biologistes, novices en Unix (début sous Galaxy puis sous Unix)
- Recherche d’une formation à réaliser en ligne en amont de l’atelier : Datacamp, Katacoda, Killercoda, Sandbox.bio, Sandboxbio-IFB
- **Contraintes** : pas d’installation + “vrai” terminal + bac à sable + tutorial progressif dans la même fenêtre

Contexte

Formation continue

EBAII Atelier de Bioinformatique (Roscoff)

- **Objectif** : réaliser des analyses omics sur le cluster de calcul de l'IFB
- **Public** : biologistes, novices en Unix (début sous Galaxy puis sous Unix)
- Recherche d'une formation à réaliser en ligne en amont de l'atelier : Datacamp, Katacoda, Killercoda, Sandbox.bio, Sandboxbio-IFB
- **Contraintes** : pas d'installation + "vrai" terminal + bac à sable + tutorial progressif dans la même fenêtre

Formation initiale

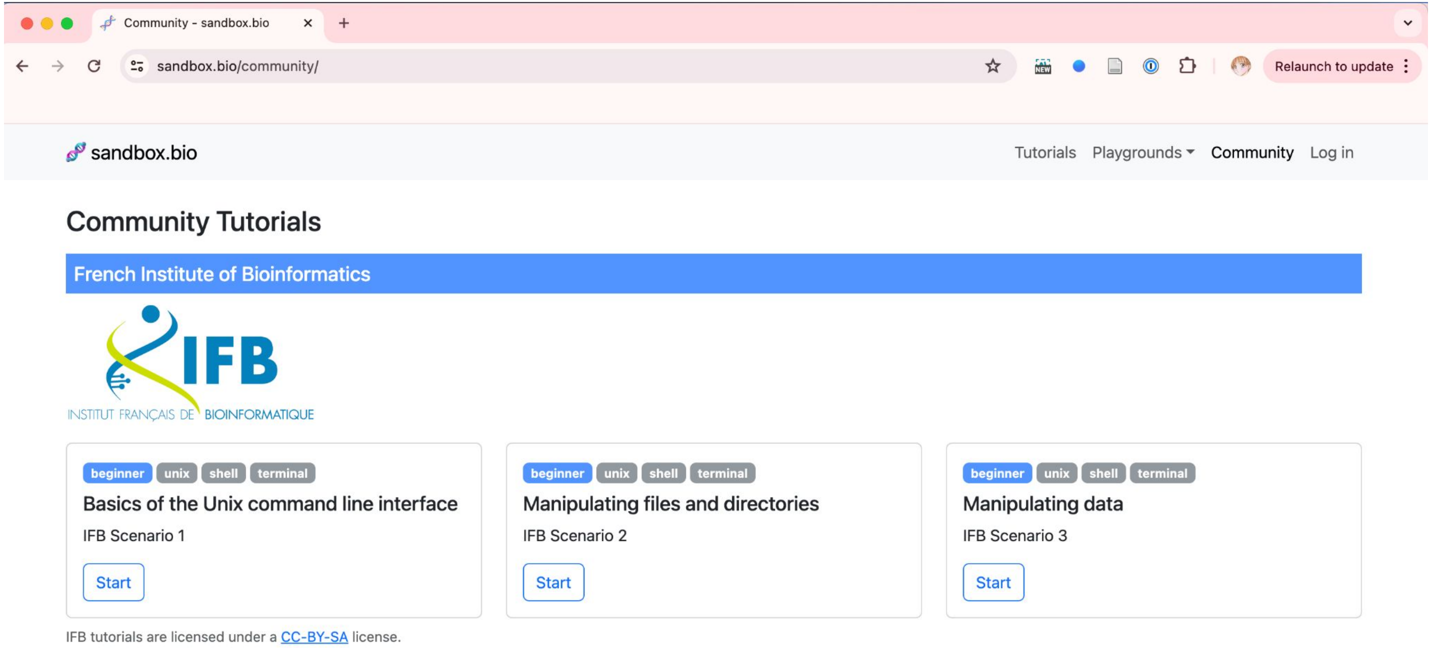
Master Sciences de la Vie IMALIS (ENS, Paris)

- **Objectif** : Suivre les modules du Master qui s'appuient sur l'utilisation de la ligne de commande
- **Public** : étudiant·es M1 biologie, issus de formations diverses, niveaux hétérogènes
- Recherche d'une solution adaptée à chaque étudiant·e (versus cours unique pour toute la promo)
- **Contraintes** : pas d'installation + salle informatique pas toujours disponible (accès sur portable avec diversité de configurations)

Solution choisie : sandbox.bio

Mise en place de tutoriaux Unix

Disponible dans la section “community”



Community Tutorials

French Institute of Bioinformatics

INSTITUT FRANÇAIS DE BIOINFORMATIQUE

beginner unix shell terminal

Basics of the Unix command line interface

IFB Scenario 1

Start

beginner unix shell terminal

Manipulating files and directories

IFB Scenario 2

Start

beginner unix shell terminal

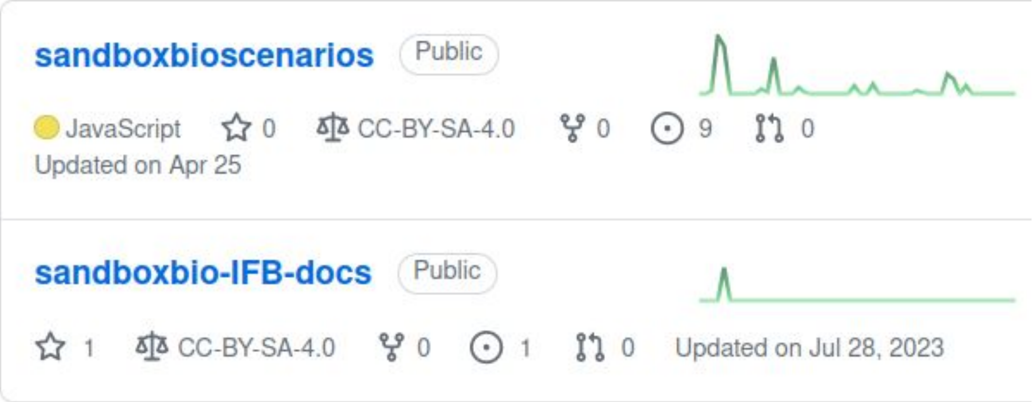
Manipulating data

IFB Scenario 3

Start

IFB tutorials are licensed under a CC-BY-SA license.

Sandboxbio-IFB: github.com/IFB-Elixir-Fr repositories

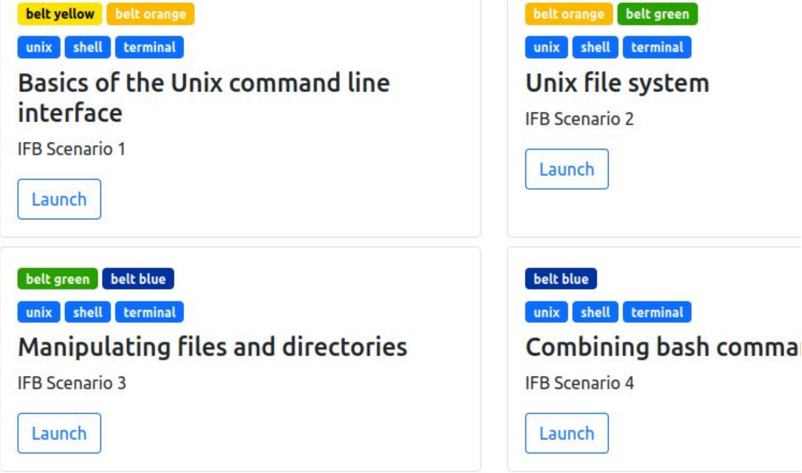


sandboxbioscenarios Public

JavaScript ☆ 0 CC-BY-SA-4.0 0 9 0
Updated on Apr 25

sandboxbio-IFB-docs Public

☆ 1 CC-BY-SA-4.0 0 1 0 Updated on Jul 28, 2023

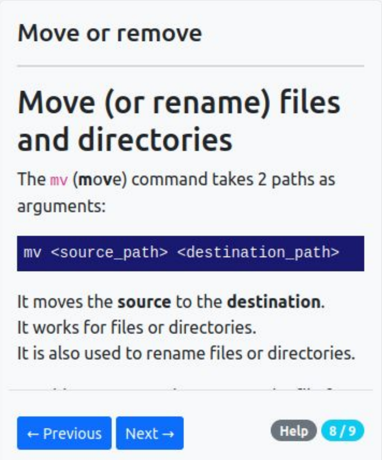


belt yellow belt orange
unix shell terminal
Basics of the Unix command line interface
IFB Scenario 1
Launch

belt orange belt green
unix shell terminal
Unix file system
IFB Scenario 2
Launch

belt green belt blue
unix shell terminal
Manipulating files and directories
IFB Scenario 3
Launch

belt blue
unix shell terminal
Combining bash comma
IFB Scenario 4
Launch



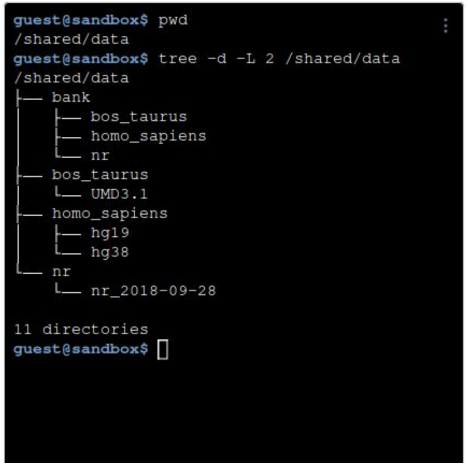
Move or remove

Move (or rename) files and directories

The `mv` (**move**) command takes 2 paths as arguments:

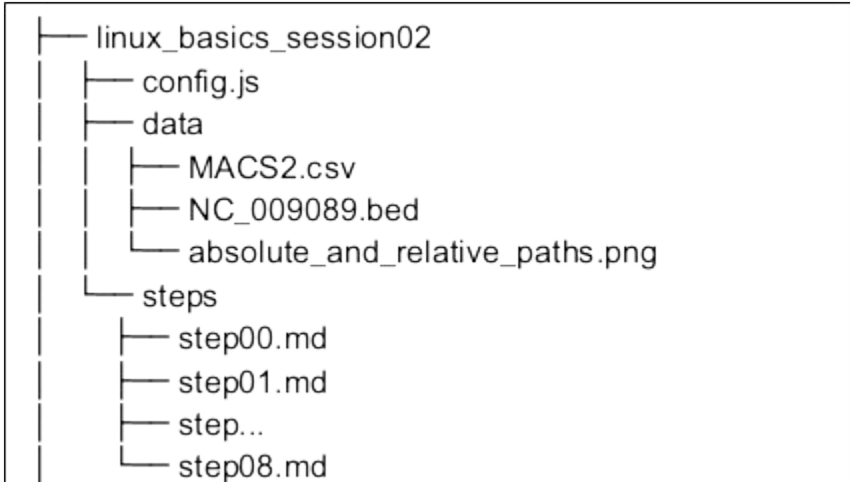
```
mv <source_path> <destination_path>
```

It moves the **source** to the **destination**.
It works for files or directories.
It is also used to rename files or directories.



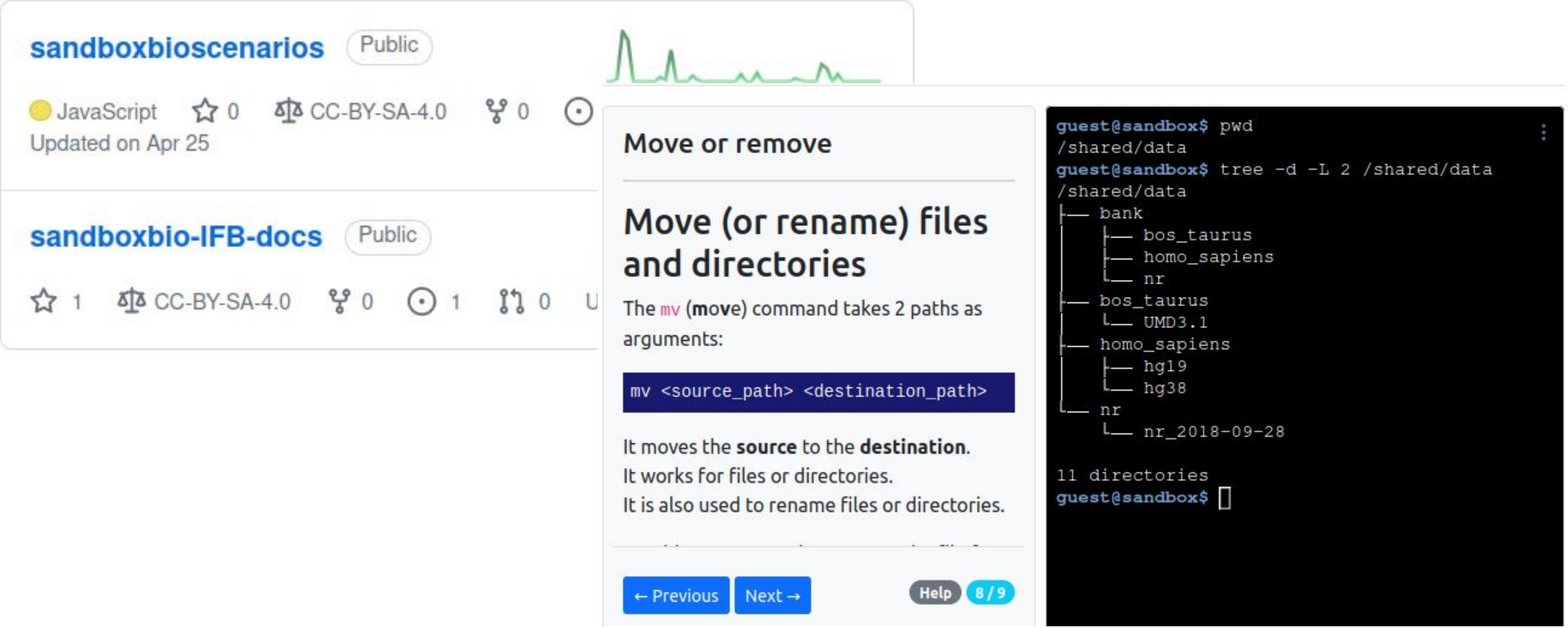
```
guest@sandbox$ pwd
/shared/data
guest@sandbox$ tree -d -L 2 /shared/data
/shared/data
├── bank
│   ├── bos_taurus
│   ├── homo_sapiens
│   └── nr
├── bos_taurus
│   └── UMD3.1
├── homo_sapiens
│   ├── hg19
│   └── hg38
└── nr
    └── nr_2018-09-28

11 directories
guest@sandbox$ 
```



```
├── linux_basics_session02
│   ├── config.js
│   ├── data
│   │   ├── MACS2.csv
│   │   ├── NC_009089.bed
│   │   └── absolute_and_relative_paths.png
│   └── steps
│       ├── step00.md
│       ├── step01.md
│       ├── step...
│       └── step08.md
```

Sandboxbio-IFB: github.com/IFB-Elixir-Fr repositories



sandboxbioscenarios Public

JavaScript ☆ 0 CC-BY-SA-4.0 0

Updated on Apr 25

sandboxbio-IFB-docs Public

☆ 1 CC-BY-SA-4.0 0 1 0 U

Move or remove

Move (or rename) files and directories

The `mv` (**move**) command takes 2 paths as arguments:

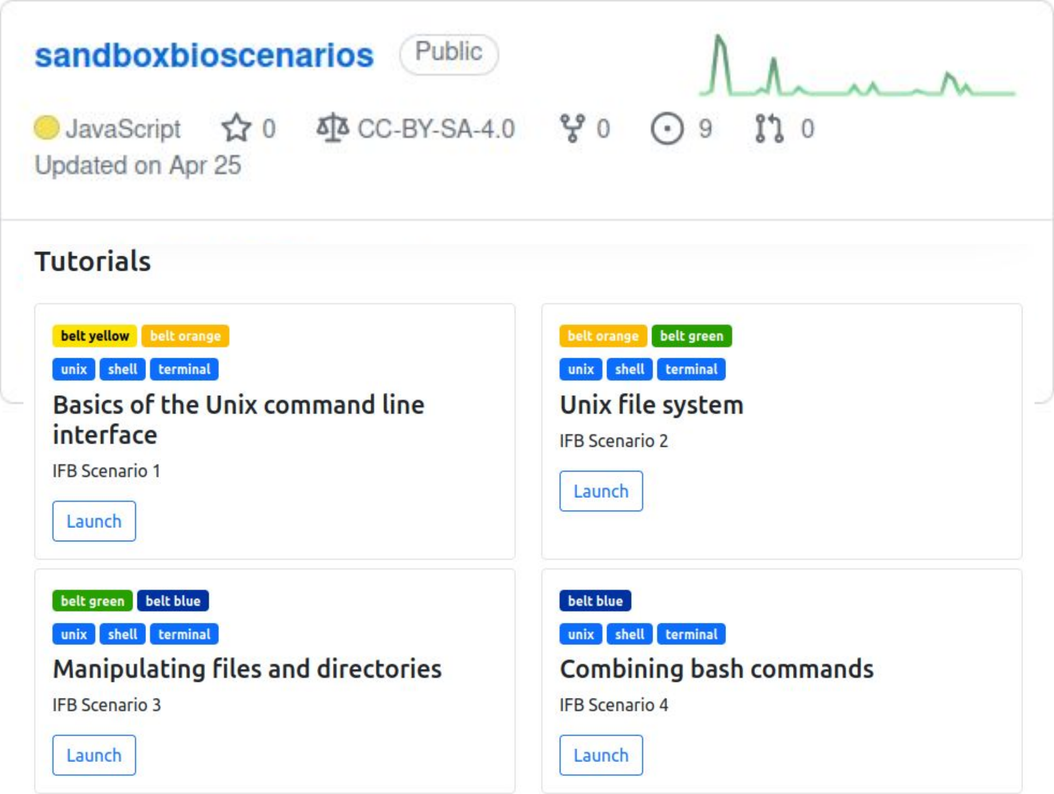
```
mv <source_path> <destination_path>
```

It moves the **source** to the **destination**.
It works for files or directories.
It is also used to rename files or directories.

```
guest@sandbox$ pwd
/shared/data
guest@sandbox$ tree -d -L 2 /shared/data
/shared/data
├── bank
│   ├── bos_taurus
│   ├── homo_sapiens
│   └── nr
├── bos_taurus
│   └── UMD3.1
├── homo_sapiens
│   ├── hg19
│   └── hg38
└── nr
    └── nr_2018-09-28

11 directories
guest@sandbox$ 
```

Sandboxbio-IFB: github.com/IFB-Elixir-Fr repositories



sandboxbioscenarios Public

JavaScript ☆ 0 CC-BY-SA-4.0 0 9 0
Updated on Apr 25

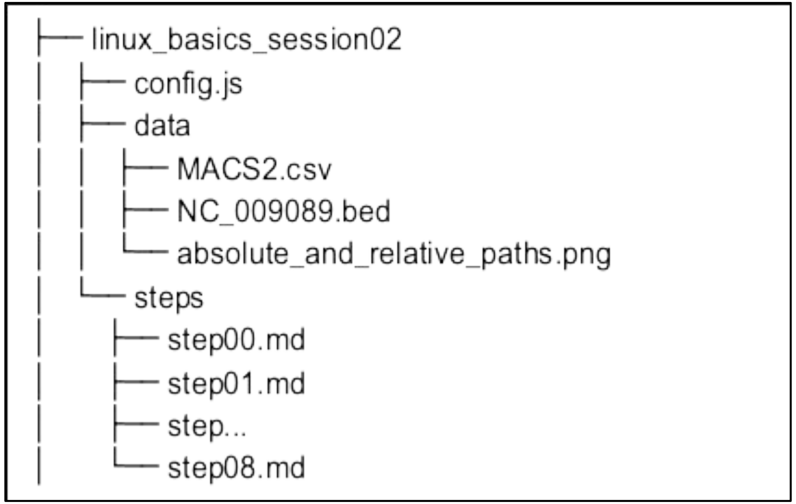
Tutorials

belt yellow belt orange
unix shell terminal
Basics of the Unix command line interface
IFB Scenario 1
Launch

belt orange belt green
unix shell terminal
Unix file system
IFB Scenario 2
Launch

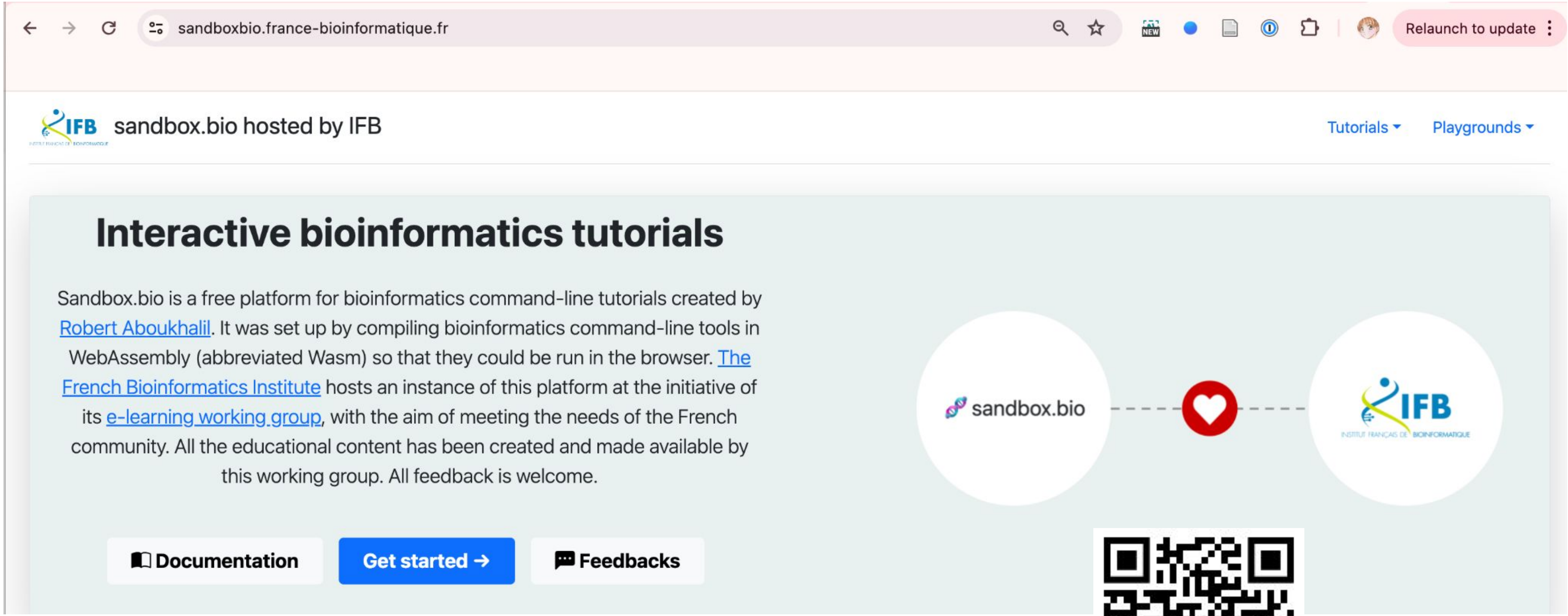
belt green belt blue
unix shell terminal
Manipulating files and directories
IFB Scenario 3
Launch

belt blue
unix shell terminal
Combining bash commands
IFB Scenario 4
Launch



```
├── linux_basics_session02
│   ├── config.js
│   ├── data
│   │   ├── MACS2.csv
│   │   ├── NC_009089.bed
│   │   └── absolute_and_relative_paths.png
│   └── steps
│       ├── step00.md
│       ├── step01.md
│       ├── step...
│       └── step08.md
```

Instance sandbox.bio@IFB hébergée en France

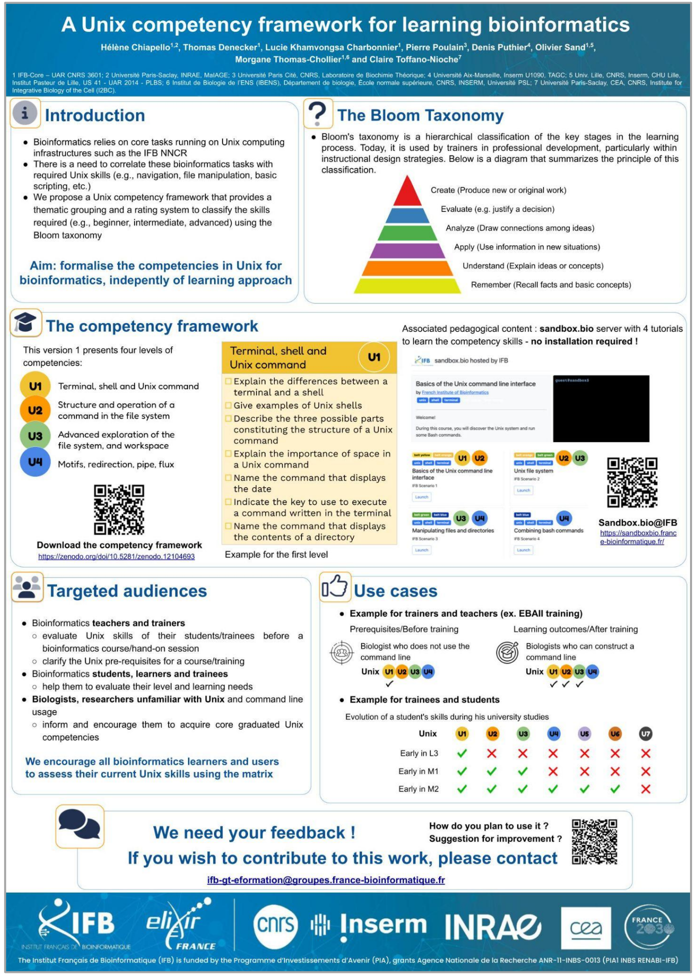


Interactive bioinformatics tutorials

Sandbox.bio is a free platform for bioinformatics command-line tutorials created by Robert Aboukhalil. It was set up by compiling bioinformatics command-line tools in WebAssembly (abbreviated Wasm) so that they could be run in the browser. The French Bioinformatics Institute hosts an instance of this platform at the initiative of its e-learning working group, with the aim of meeting the needs of the French community. All the educational content has been created and made available by this working group. All feedback is welcome.

https://sandboxbio.france-bioinformatique.fr/

Tutoriaux liés à une matrice de compétence Unix



A Unix competency framework for learning bioinformatics

Hélène Chiapello[1,2], Thomas Denecker[1], Lucie Khamvongsa Charbonnier[1], Pierre Poulain[3], Denis Puthier[4], Olivier Sand[1,5],
Morgane Thomas-Chollier[1,6] and Claire Toffano-Nioche[7]

1 IFB-Core – UAR CNRS 3601; 2 Université Paris-Saclay, INRAE, MaIAGE; 3 Université Paris Cité, CNRS, Laboratoire de Biochimie Théorique; 4 Université Aix-Marseille, Inserm U1090, TAGC; 5 Univ. Lille, CNRS, Inserm, CHU Lille, Institut Pasteur de Lille, US 41 - UAR 2014 - PLBS; 6 Institut de Biologie de l'ENS (IBENS), Département de biologie, École normale supérieure, CNRS, INSERM, Université PSL; 7 Université Paris-Saclay, CEA, CNRS, Institute for Integrative Biology of the Cell (I2BC).

Introduction

- Bioinformatics relies on core tasks running on Unix computing infrastructures such as the IFB NNCR
- There is a need to correlate these bioinformatics tasks with required Unix skills (e.g., navigation, file manipulation, basic scripting, etc.)
- We propose a Unix competency framework that provides a thematic grouping and a rating system to classify the skills required (e.g., beginner, intermediate, advanced) using the Bloom taxonomy

Aim: formalise the competencies in Unix for bioinformatics, indepently of learning approach

The Bloom Taxonomy

- Bloom's taxonomy is a hierarchical classification of the key stages in the learning process. Today, it is used by trainers in professional development, particularly within instructional design strategies. Below is a diagram that summarizes the principle of this classification.

The competency framework

This version 1 presents four levels of competencies:

- U1 Terminal, shell and Unix command
- U2 Structure and operation of a command in the file system
- U3 Advanced exploration of the file system, and workspace
- U4 Motifs, redirection, pipe, flux

Download the competency framework
https://zenodo.org/doi/10.5281/zenodo.12104693

Terminal, shell and Unix command U1

☐ Explain the differences between a terminal and a shell
☐ Give examples of Unix shells
☐ Describe the three possible parts constituting the structure of a Unix command
☐ Explain the importance of space in a Unix command
☐ Name the command that displays the date
☐ Indicate the key to use to execute a command written in the terminal
☐ Name the command that displays the contents of a directory

Example for the first level

Associated pedagogical content : **sandbox.bio** server with 4 tutorials to learn the competency skills - **no installation required !**

Sandbox.bio@IFB
https://sandboxbio.france-bioinformatique.fr/

Targeted audiences

- Bioinformatics **teachers and trainers**
  - evaluate Unix skills of their students/trainees before a bioinformatics course/hand-on session
  - clarify the Unix pre-requisites for a course/training
- Bioinformatics **students, learners and trainees**
  - help them to evaluate their level and learning needs
- **Biologists, researchers unfamiliar with Unix** and command line usage
  - inform and encourage them to acquire core graduated Unix competencies

We encourage all bioinformatics learners and users to assess their current Unix skills using the matrix

Use cases

- **Example for trainers and teachers (ex. EBAII training)**

Prerequisites/Before training	Learning outcomes/After training
Biologist who does not use the command line	Biologists who can construct a command line
Unix U1 ✓ U2 U3 U4	Unix U1 ✓ U2 ✓ U3 ✓ U4

- **Example for trainees and students**

Evolution of a student's skills during his university studies

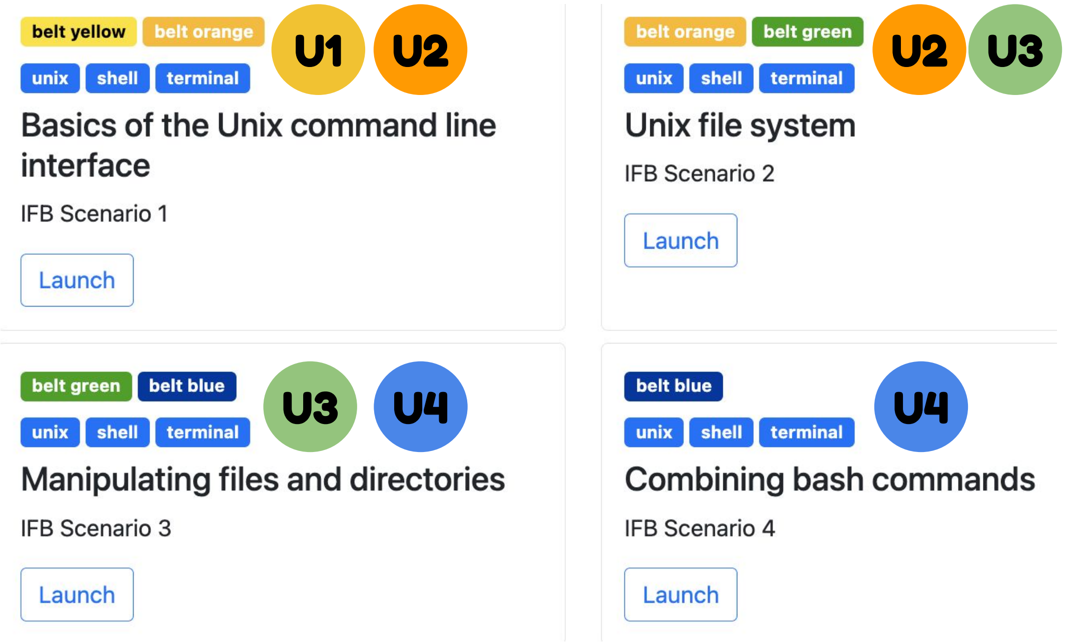
Unix	U1	U2	U3	U4	U5	U6	U7
Early in L3	✓	✗	✗	✗	✗	✗	✗
Early in M1	✓	✓	✓	✗	✗	✗	✗
Early in M2	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✗

We need your feedback !

How do you plan to use it ?
Suggestion for improvement ?

If you wish to contribute to this work, please contact
ifb-gt-eformation@groupes.france-bioinformatique.fr

The Institut Français de Bioinformatique (IFB) is funded by the Programme d'Investissements d'Avenir (PIA), grants Agence Nationale de la Recherche ANR-11-INBS-0013 (PIA1 INBS RENABI-IFB)



belt yellow belt orange U1 U2
unix shell terminal
Basics of the Unix command line interface
IFB Scenario 1
Launch

belt orange belt green U2 U3
unix shell terminal
Unix file system
IFB Scenario 2
Launch

belt green belt blue U3 U4
unix shell terminal
Manipulating files and directories
IFB Scenario 3
Launch

belt blue U4
unix shell terminal
Combining bash commands
IFB Scenario 4
Launch

Download the competency framework

https://zenodo.org/doi/10.5281/zenodo.12104693

Côté enseignement

Formation continue

EBAII Atelier de Bioinformatique (Roscoff)

- 40 apprenants / an, 1 semaine de cours + pratique, taux d'encadrement élevé
- Effets de la formation en amont :
    - Visible
    - Réduit les erreurs d'espace, chemin
    - Moins d'erreur = moins perdu

Repris à l'I2BC

- + GameShell
- moteur ludique

https://github.com/phyver/GameShell

Côté enseignement

Formation continue

EBAII Atelier de Bioinformatique (Roscoff)

- 40 apprenants / an, 1 semaine de cours + pratique, taux d'encadrement élevé
- Effets de la formation en amont :
  - Visible
  - Réduit les erreurs d'espace, chemin
  - Moins d'erreur = moins perdu

Repris à l'I2BC

- + GameShell
- moteur ludique

https://github.com/phyver/GameShell

Formation initiale

Master Sciences de la Vie IMALIS (ENS, Paris)

- vingtaine d'étudiant·es M1
- module "open desk for coding skills"
- Autonomie
  - présence d'un moniteur dans la salle
  - accès via Moodle

Perspectives

- passage en auto-apprentissage avec aide d'un moniteur sur le forum
- développer des questions type QCM pour évaluation

Demo of the WASM4Learn pilot platform

Lucie Khamvongsa-Charbonnier et Denis Puthier

Challenges for bioinformatics trainings

Teacher point of view

- Easy to set up : accessibility (e.g from a browser…), compatible across OS
- No server administration:
  - Frees up IT resources, student machines may be more scalable (no resource reservation)
- Break down technical Barriers
  - Can discourage attendees

Challenges for bioinformatics trainings

Teacher point of view

- Easy to set up : accessibility (e.g from a browser…), compatible across OS
- No server administration:
  - Frees up IT resources, student machines may be more scalable (no resource reservation)
- Break down technical Barriers
  - Can discourage attendees

Student point of view

- Interactive and motivating
  - Realistic, real-time feedback, gamification
- Responsive (e.g. No server queue)
- Personalized learning paths
- Self-Paced Learning
- Collaborative learning
  - shared data/projects and discussion forums…

Challenges for bioinformatics trainings

Teacher point of view

- Easy to set up : accessibility (e.g from a browser…), compatible across OS
- No server administration:
  - Frees up IT resources, student machines may be more scalable (no ressource reservation)
- Break down technical Barriers
  - Can discourage attendees

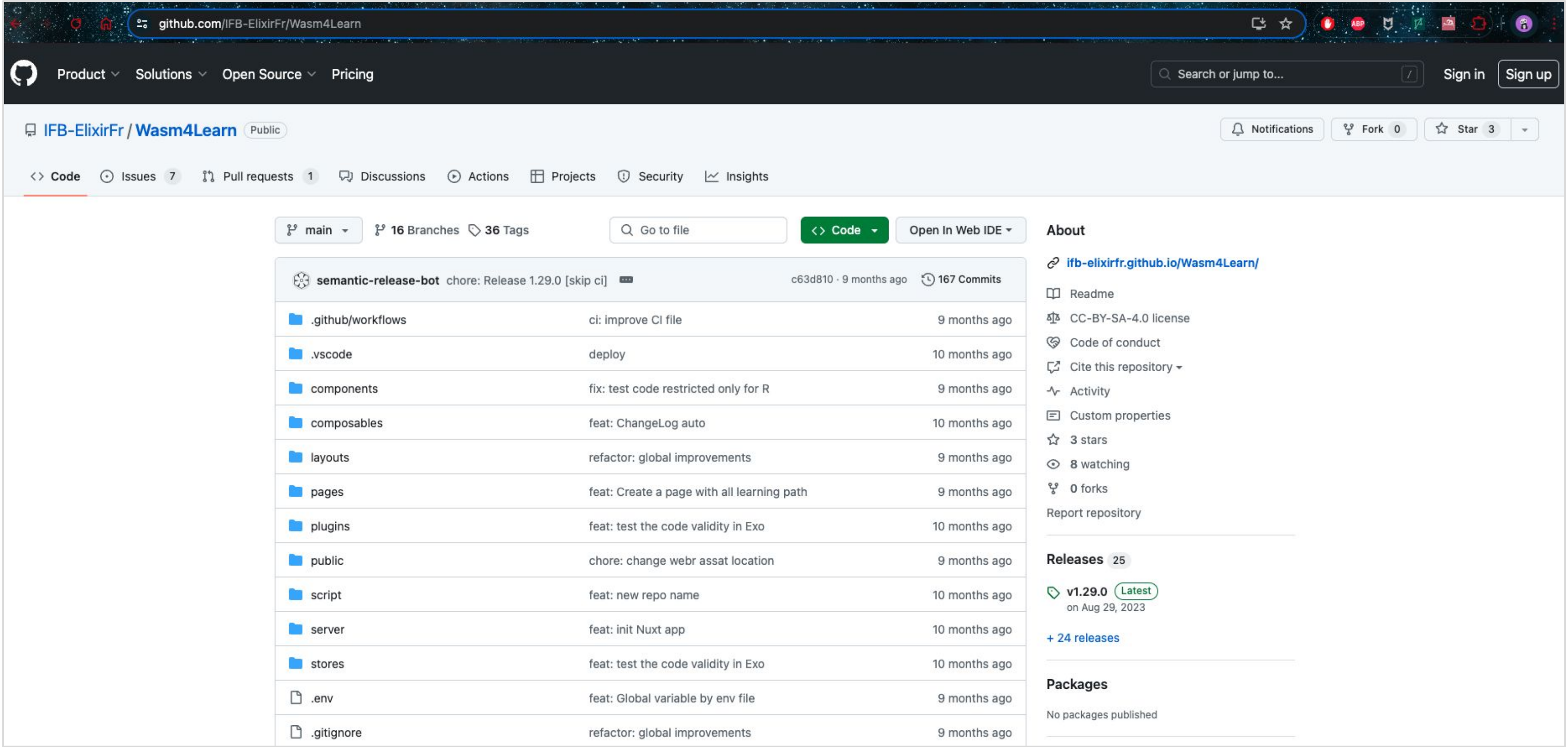
Student point of view

- Interactive and motivating
  - Realistic, real-time feedback, gamification
- Responsive (e.g. No server queue)
- Personalized learning paths
- Self-Paced Learning
- Collaborative learning
  - shared data/projects and discussion forums…

The holy grail ?

WA

Wasm4learn: Github repository



IFB-ElixirFr / **Wasm4Learn** Public

16 Branches 36 Tags

semantic-release-bot chore: Release 1.29.0 [skip ci] c63d810 · 9 months ago 167 Commits

.github/workflows	ci: improve CI file	9 months ago
.vscode	deploy	10 months ago
components	fix: test code restricted only for R	9 months ago
composables	feat: ChangeLog auto	10 months ago
layouts	refactor: global improvements	9 months ago
pages	feat: Create a page with all learning path	9 months ago
plugins	feat: test the code validity in Exo	10 months ago
public	chore: change webr assat location	9 months ago
script	feat: new repo name	10 months ago
server	feat: init Nuxt app	10 months ago
stores	feat: test the code validity in Exo	10 months ago
.env	feat: Global variable by env file	9 months ago
.gitignore	refactor: global improvements	9 months ago

About

ifb-elixirfr.github.io/Wasm4Learn/

- Readme
- CC-BY-SA-4.0 license
- Code of conduct
- Cite this repository
- Activity
- Custom properties
- 3 stars
- 8 watching
- 0 forks

Report repository

Releases 25

v1.29.0 Latest
on Aug 29, 2023

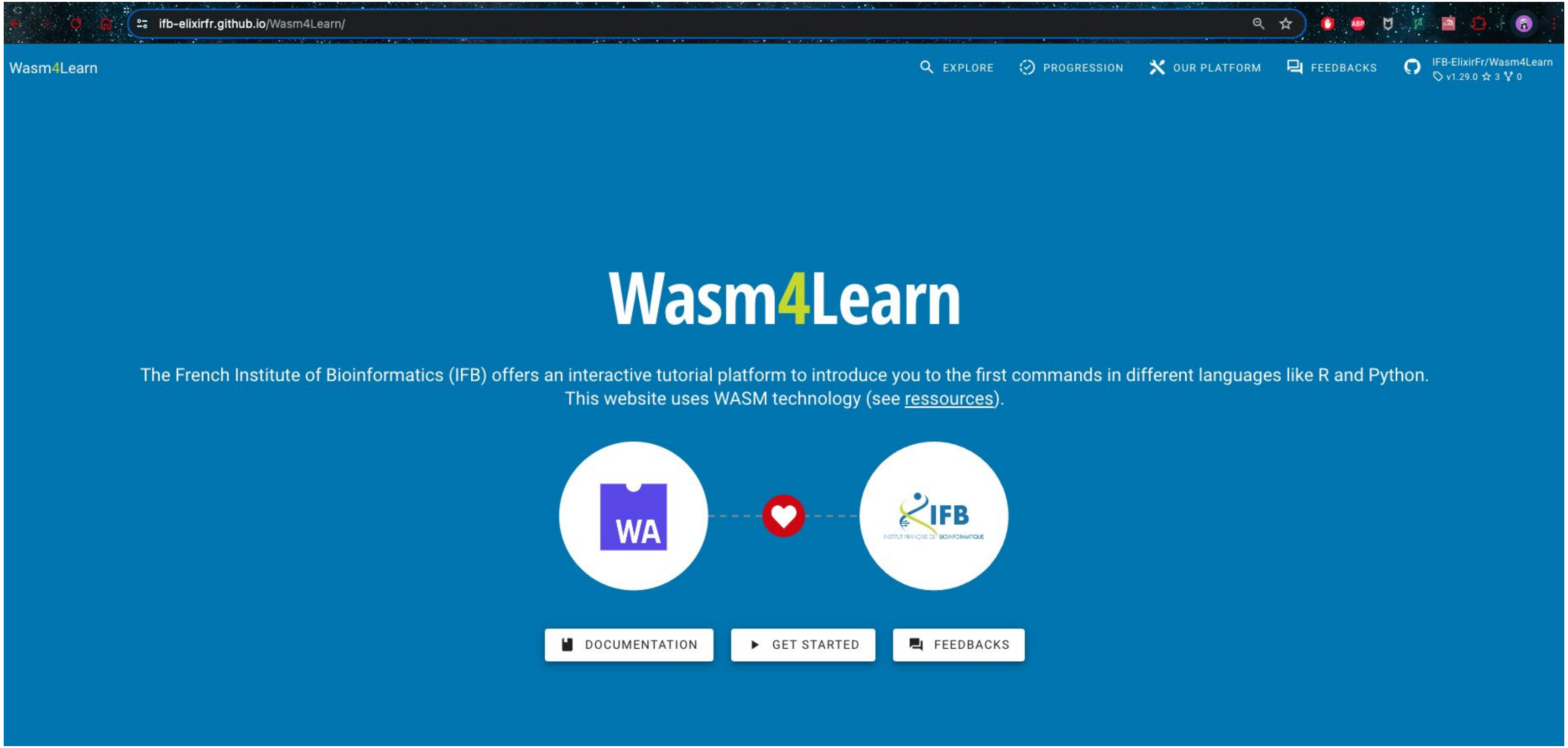
+ 24 releases

Packages

No packages published

https://github.com/IFB-ElixirFr/Wasm4Learn

Wasm4learn: Github page



ifb-elixirfr.github.io/Wasm4Learn/

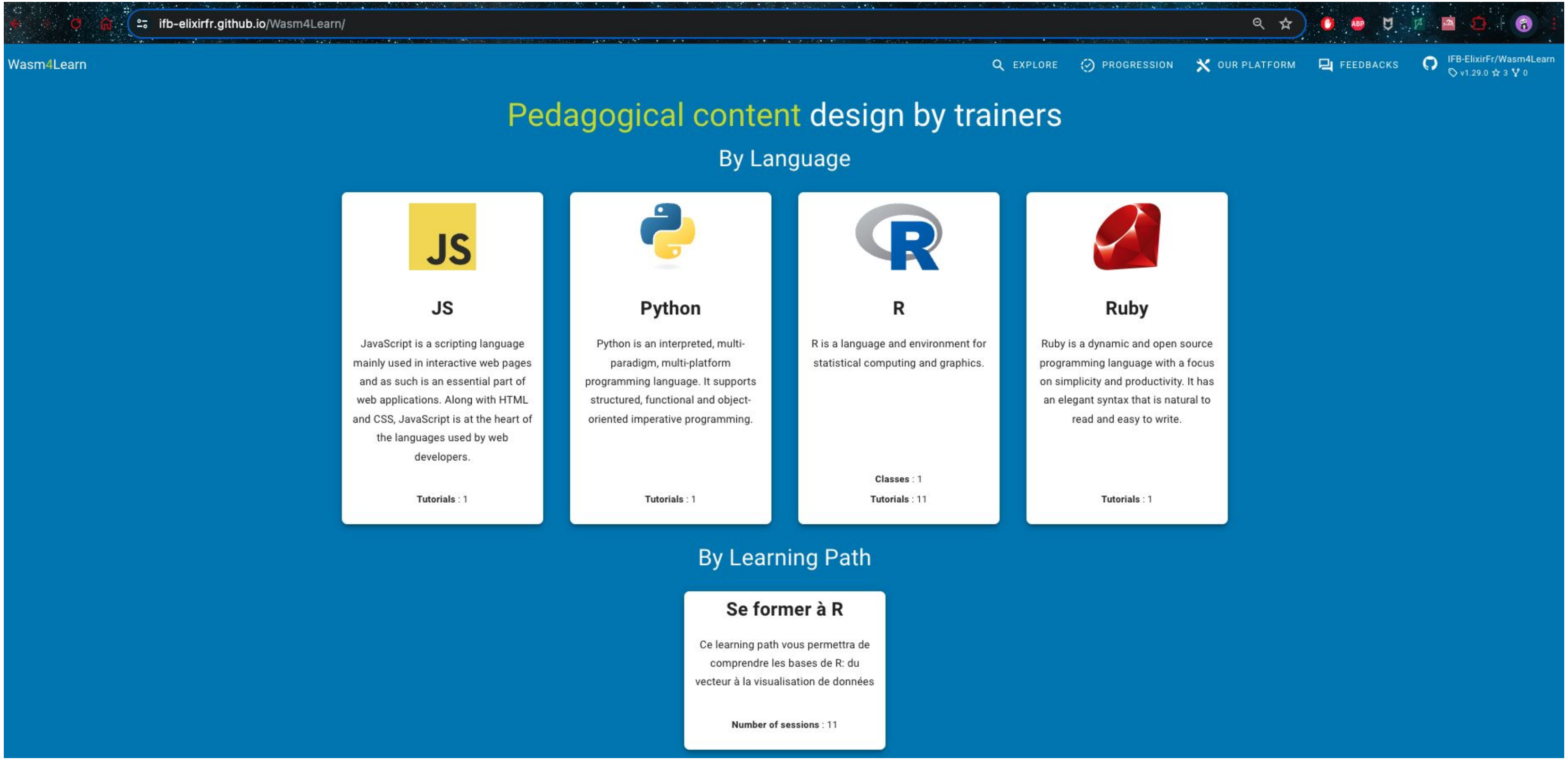
Wasm4Learn

Wasm4Learn

The French Institute of Bioinformatics (IFB) offers an interactive tutorial platform to introduce you to the first commands in different languages like R and Python.
This website uses WASM technology (see ressources).

https://ifb-elixirfr.github.io/Wasm4Learn/

Various supported languages



Pedagogical content design by trainers

By Language

JS

JavaScript is a scripting language mainly used in interactive web pages and as such is an essential part of web applications. Along with HTML and CSS, JavaScript is at the heart of the languages used by web developers.

Tutorials : 1

Python

Python is an interpreted, multi-paradigm, multi-platform programming language. It supports structured, functional and object-oriented imperative programming.

Tutorials : 1

R

R is a language and environment for statistical computing and graphics.

Classes : 1
Tutorials : 11

Ruby

Ruby is a dynamic and open source programming language with a focus on simplicity and productivity. It has an elegant syntax that is natural to read and easy to write.

Tutorials : 1

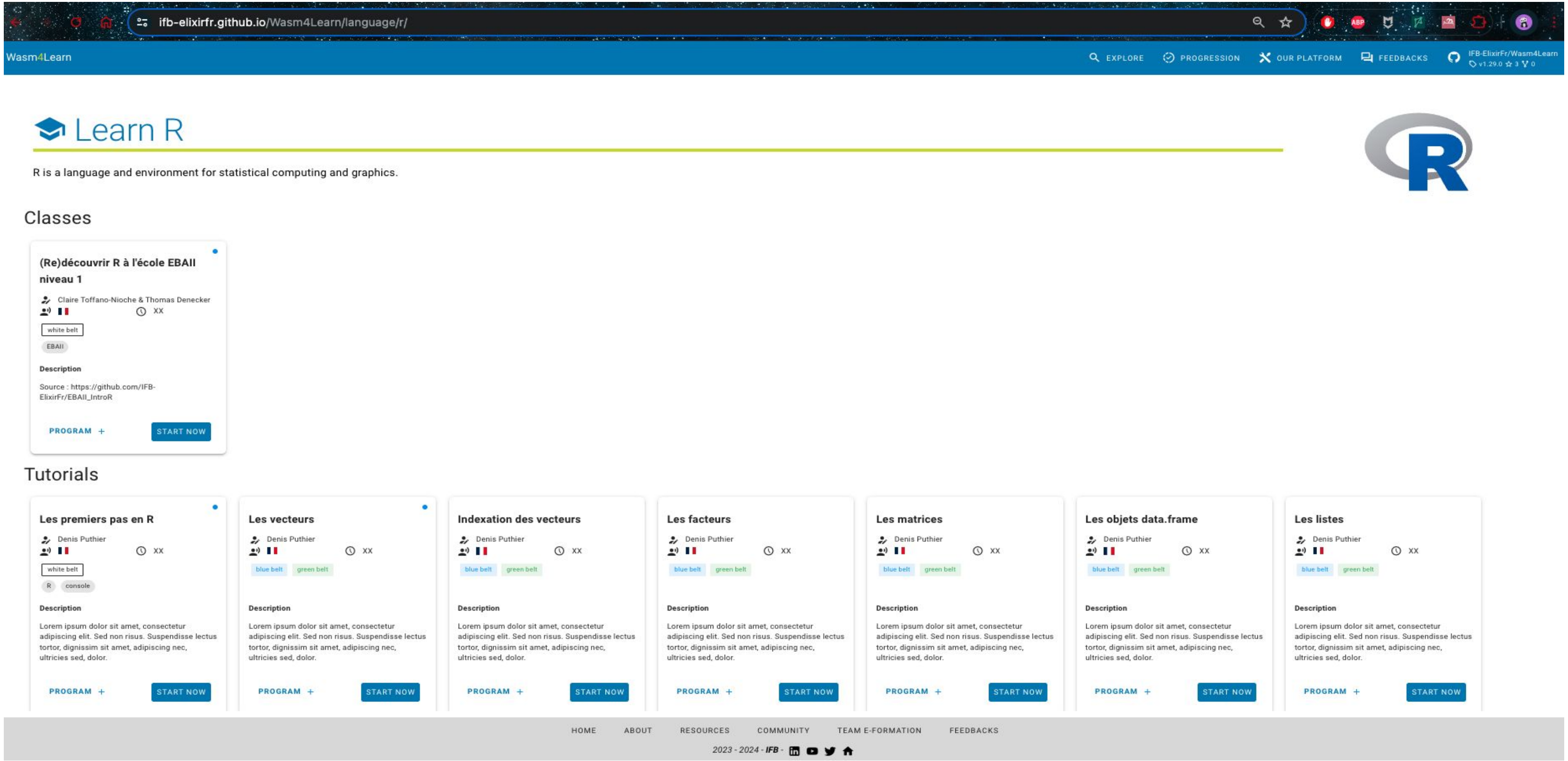
By Learning Path

Se former à R

Ce learning path vous permettra de comprendre les bases de R: du vecteur à la visualisation de données

Number of sessions : 11

Examples: R tutorials



ifb-elixirfr.github.io/Wasm4Learn/language/r/

Learn R

R is a language and environment for statistical computing and graphics.

Classes

(Re)découvrir R à l'école EBAII niveau 1

Claire Toffano-Nioche & Thomas Denecker

XX

white belt

EBAII

Description

Source : https://github.com/IFB-ElixirFr/EBAII_IntroR

Tutorials

Les premiers pas en R

Denis Puthier

XX

white belt

R console

Description

Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Sed non risus. Suspendisse lectus tortor, dignissim sit amet, adipiscing nec, ultricies sed, dolor.

Les vecteurs

Denis Puthier

XX

blue belt green belt

Description

Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Sed non risus. Suspendisse lectus tortor, dignissim sit amet, adipiscing nec, ultricies sed, dolor.

Indexation des vecteurs

Denis Puthier

XX

blue belt green belt

Description

Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Sed non risus. Suspendisse lectus tortor, dignissim sit amet, adipiscing nec, ultricies sed, dolor.

Les facteurs

Denis Puthier

XX

blue belt green belt

Description

Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Sed non risus. Suspendisse lectus tortor, dignissim sit amet, adipiscing nec, ultricies sed, dolor.

Les matrices

Denis Puthier

XX

blue belt green belt

Description

Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Sed non risus. Suspendisse lectus tortor, dignissim sit amet, adipiscing nec, ultricies sed, dolor.

Les objets data.frame

Denis Puthier

XX

blue belt green belt

Description

Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Sed non risus. Suspendisse lectus tortor, dignissim sit amet, adipiscing nec, ultricies sed, dolor.

Les listes

Denis Puthier

XX

blue belt green belt

Description

Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Sed non risus. Suspendisse lectus tortor, dignissim sit amet, adipiscing nec, ultricies sed, dolor.

Your turn !!

https://bit.ly/44Geqv6

Note: You may need to reload the page without cache

Mac OS

Chrome/Firefox: Maj + command + R

Windows / Linux

Chrome/Firefox: Maj + Ctrl + R

Your contribution is welcome!

- https://github.com/IFB-ElixirFr/Wasm4Learn
- https://github.com/dputhier/rtrainer

Discussion générale

Table ronde - modération : Hélène Chiapello et Olivier Sand

1 Allez sur wooclap.com

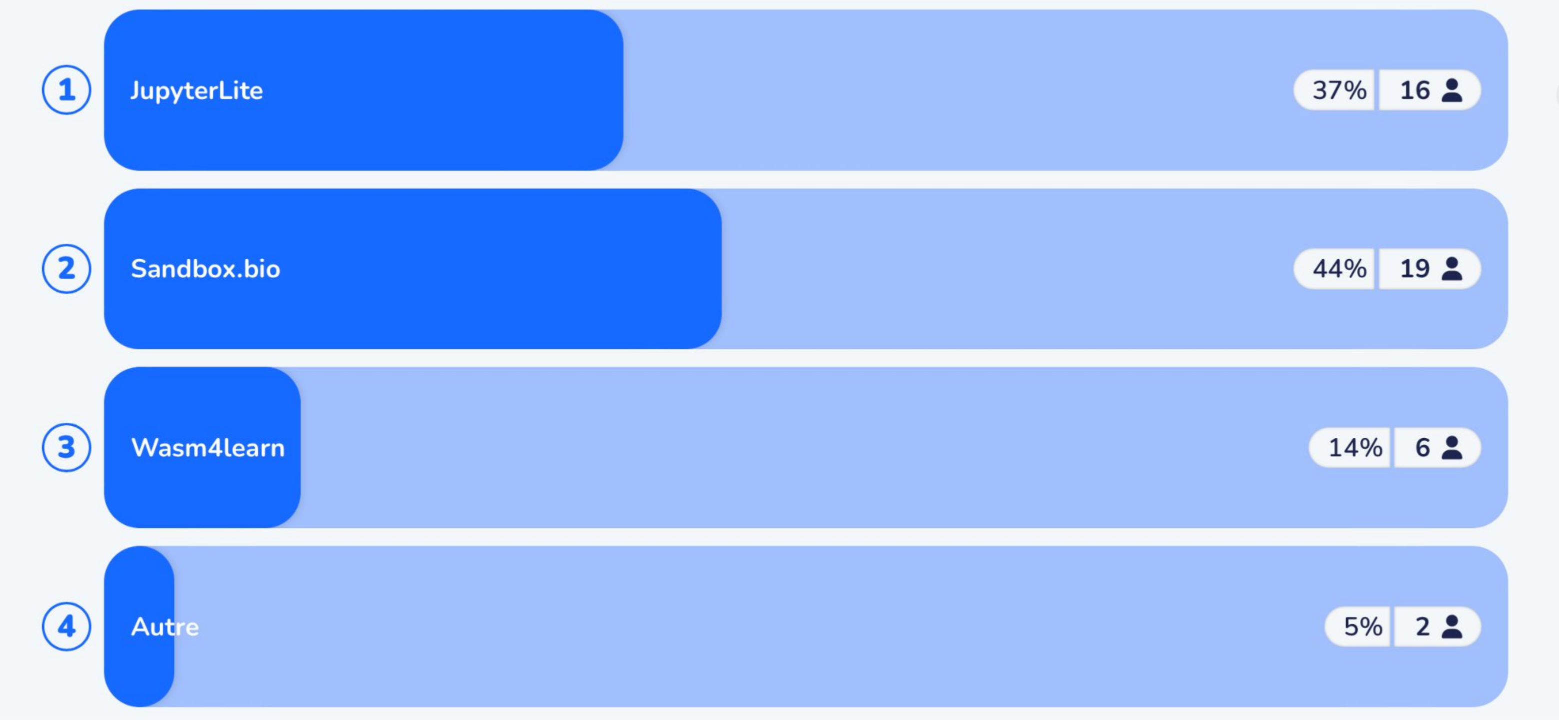
2 Entrez le code d'événement dans le bandeau supérieur

Code d'événement
WASMJOBIM

https://app.wooclap.com/WASMJOBIM

Résultats sondage

Question 1 : Parmi les outils présentés lors de ce mini-symposium, lequel vous semble le plus adapté à vos activité d'enseignement ou de formation ?



① JupyterLite 37% 16 👤

② Sandbox.bio 44% 19 👤

③ Wasm4learn 14% 6 👤

④ Autre 5% 2 👤

Résultats sondage

Question 2 : Pour quel contenu pédagogique (Unix, Langages de programmation type bash, Python, R, outils d'analyse bioinformatiques type contrôle qualité,...etc) aimeriez-vous utiliser en priorité la technologie Wasm ?

Merci à tous les orateurs et participants

Questions pour nous

Comment pensez-vous utiliser la technologie dans votre cas ?

Quels contenus pédagogiques répondant aux besoins de la communauté ?

Qu’est-ce qui manque dans les technologies WASM aujourd’hui ?

Quel modèle de déploiement d’un serveur WASM national en bioinformatique ?

Quelles sont les cas et les limites d’applications de WASM en formation bioinformatique ?

Quels besoins de déploiement de formations bioinformatique à large échelle ?

Apport de Wasm pour une mutualisation des contenus pédagogiques en bioinformatique ?