

Le groupe de travail sur les ressources de e-formation de l'IFB

Hélène CHIAPELLO^{1,2}, Thomas DENECKER¹, Gildas LE CORGUILLE^{1,3}, Pierre POULAIN⁴, Denis PUTHIER⁵,
Olivier SAND¹, Julien SEILER¹, Claire TOFFANO-NIOCHE⁶

¹ CNRS, Institut Français de Bioinformatique, IFB-core, UMS 3601, Évry, France

² Université Paris-Saclay, INRAE, MaIAGE, 78350 Jouy-en-Josas, France

³ Sorbonne Université, CNRS, FR2424, ABiMS, Station Biologique, Roscoff, France

⁴ Université de Paris, CNRS, Institut Jacques Monod, F-75006, Paris, France

⁵ Aix-Marseille Université, TGML, TAGC, INSERM, Marseille, France

⁶ Université Paris-Saclay, CEA, CNRS, Institute for Integrative Biology of the Cell (I2BC), 91198, Gif-sur-Yvette, France

Corresponding Author: helene.chiapello@inrae.fr

L'Institut Français de Bioinformatique (IFB) propose une infrastructure nationale de services en bioinformatique adaptée aux besoins des communautés des sciences de la vie et de la santé et accessibles à tous. L'utilisation appropriée de ces ressources, en particulier le réseau de serveurs HPC (*High Performance Computer*), nécessite cependant un socle minimal de connaissances informatiques dont ne disposent pas toujours nos utilisateurs. En réponse à ce besoin, l'IFB propose chaque année un large panel de formations qui repose à la fois sur l'ensemble des actions proposées par les plateformes régionales membres ou associées à l'IFB, mais aussi sur des actions menées à l'échelle nationale en étroite collaboration avec la *task force* NNCR. Parmi les plus emblématiques, nous proposons l'école EBaII [1], le diplôme universitaire DUBii [2] ainsi que des formations autour des principes FAIR [3, 4].

Dans ce contexte, l'IFB a initié en 2020 la création d'un groupe de travail pour fédérer une réflexion autour de la mise à disposition de ressources d'e-formation en bioinformatique partagées à l'échelle nationale. Trois axes de travail ont été identifiés. Le premier est une veille autour des environnements numériques permettant de créer et mettre à disposition des ressources d'auto-formation incluant des séquences pratiques adaptées à nos publics cibles. Le deuxième concerne le développement d'une ressource d'auto-formation sur les bases d'Unix, un besoin largement partagé par les utilisateurs des services de l'IFB. Enfin, le troisième axe est la mise à disposition d'un portail national unique pour la gestion des ressources et des formations de l'IFB mais aussi pour le suivi des parcours des apprenants.

Nous présenterons dans ce poster une première version de notre ressource d'e-formation intitulée "*Unix Introduction*" [5], développée par les membres du groupe de travail et rendue disponible via la plateforme d'e-learning katacoda [6]. Cette ressource propose un parcours interactif orienté bioinformatique qui permet d'initier des utilisateurs débutants à l'utilisation d'un environnement Unix en ligne de commande, facilitant la prise en main future des ressources informatiques de l'IFB. Ce matériel pourra ainsi être proposé en pré-requis en amont de toute action de formation utilisant des ressources Unix.

Notre choix technique pour cette formation de base Unix s'est porté sur la plateforme katacoda qui permet un apprentissage interactif et progressif à partir d'un navigateur et sans aucune installation logicielle. L'ensemble des scénarii d'apprentissage sont développés en Markdown et accessibles sous le compte GitHub de l'IFB en libre d'accès [7]. Trois scénarii sont déjà en ligne et ont été proposés comme activité préparatoire aux apprenants du DUBii (promotion 2021). Compte-tenu des très bons retours obtenus, ils seront aussi proposés aux apprenants de la prochaine session de l'EBaII en novembre 2021.

References

1. <https://www.france-bioinformatique.fr/ebaii/> [accessible le 20/05/2021]
2. <https://www.france-bioinformatique.fr/dubii/> [accessible le 20/05/2021]
3. <https://ifb-elixirfr.github.io/IFB-FAIR-data-training/index.html> [accessible le 20/05/2021]
4. <https://ifb-elixirfr.github.io/IFB-FAIR-bioinfo-training/> [accessible le 20/05/2021]
5. <https://www.katacoda.com/ifb-elixirfr/courses/ifb-unix> [accessible le 20/05/2021]
6. <https://www.katacoda.com> [accessible le 20/05/2021]
7. <https://github.com/IFB-ElixirFr/katacoda-scenarios> [accessible le 20/05/2021]

The IFB e-Learning Working Group

Hélène CHIAPELLO^{1,2}, Thomas DENECKER¹, Gildas LE CORGUILLE^{1,3}, Pierre POULAIN⁴, Denis PUTHIER⁵,
Olivier SAND¹, Julien SEILER¹, Claire TOFFANO-NIOCHE⁶

¹ CNRS, Institut Français de Bioinformatique, IFB-core, UMS 3601, Évry, France

² Université Paris-Saclay, INRAE, MaIAGE, 78350 Jouy-en-Josas, France

³ Sorbonne Université, CNRS, FR2424, ABiMS, Station Biologique, Roscoff, France

⁴ Université de Paris, CNRS, Institut Jacques Monod, F-75006, Paris, France

⁵ Aix-Marseille Université, TGML, TAGC, INSERM, Marseille, France

⁶ Université Paris-Saclay, CEA, CNRS, Institute for Integrative Biology of the Cell (I2BC), 91198, Gif-sur-Yvette, France

Corresponding Author: helene.chiapello@inrae.fr

The French Institute of Bioinformatics (IFB) provides a national infrastructure of bioinformatics services adapted to the needs of the life and health science communities, and accessible to all. However the appropriate use of these resources, in particular the network of HPC (High Performance Computer) clusters, requires a minimal level of computing knowledge that our users may not always possess. Aware of this need, the IFB proposes a wide range of training courses each year, based both on all the actions proposed by the IFB member and associated regional platforms, but also on actions carried out at a national scale in close collaboration with the NNCR task force. The most emblematic of those are the EBaII school [1], the DUBii university diploma [2], and the training courses around FAIR principles [3, 4].

The IFB initiated in 2020 the creation of a working group on the provision of e-learning bioinformatics resources at the national level. Three areas of work have been identified. The first one is a technical watch on digital environments dedicated to the provision of self-training resources including practical sessions adapted to our target audiences. The second concerns the development of a self-training resource on the basics of Unix, a need widely shared by the users of IFB services. Finally, the third axis is the provision of a unique national portal for the management of IFB resources, training courses, as well as the self-monitoring of the learner's path.

We present in this poster a first version of our e-learning resource entitled "Unix Introduction" [5] developed by the members of the working group and made available via the e-learning platform katacoda [6]. This resource proposes an interactive bioinformatics-oriented course that introduces beginners to the use of the Unix command line, a critical skill in the future usage of the IFB's computer resources. This material may then be proposed as a prerequisite for any training action using Unix resources.

We chose the katacoda platform to deliver this basic Unix training as it allows an interactive and progressive learning experience without necessitating anything more than the use of the common web browser: no software installation is required. All the learning scenarios are developed in Markdown and publicly accessible on the IFB GitHub account [7]. Three scenarios are currently online and have been proposed as prerequisites for the DUBii 2021 learners. Due to the good feedback they will also be proposed to the learners of the next session of the EBaII in November 2021.

References

1. <https://www.france-bioinformatique.fr/ebaii/> [available the 2021/05/21]
2. <https://www.france-bioinformatique.fr/dubii/> [available the 2021/05/21]
3. <https://ifb-elixirfr.github.io/IFB-FAIR-data-training/index.html> [available the 2021/05/21]
4. <https://ifb-elixirfr.github.io/IFB-FAIR-bioinfo-training/> [available the 2021/05/21]
5. <https://www.katacoda.com/ifb-elixirfr/courses/ifb-unix> [available the 2021/05/21]
6. <https://www.katacoda.com> [available the 2021/05/21]
7. <https://github.com/IFB-ElixirFr/katacoda-scenarios> [available the 2021/05/21]
8. *Conference on Fun with Algorithms*, pages 379–391. Springer, 2012.