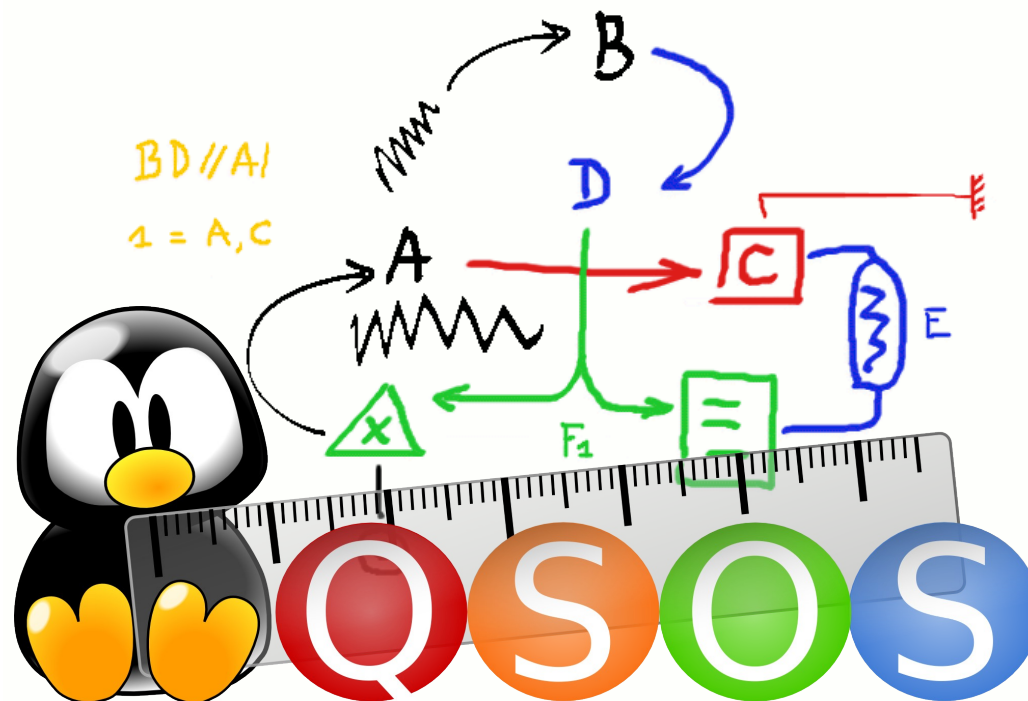


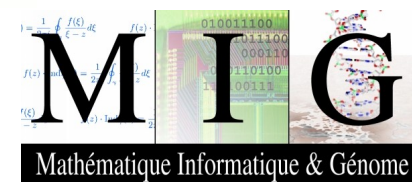
# Le PROJET BioWorkFlow

## Étude comparative d'outils client et serveurs



RENNES, le 10 avril 2008

Marc WESSNER



## Rappels :

- **Workflow :**

Enchaînement linéaire ou non de traitements permettant l'automatisation d'une analyse complexe et le recueil des résultats de chaque étape

- **Web Service :**

Composant logiciel qui peut être invoqué à travers internet  
Il se conforme à des standards XML (SOAP, WSDL, UDDI...)

- **Rôle du serveur :**

Déployer des outils sous la forme de Web Services pour les mettre à disposition de clients

- **Rôle du client :**

Exécuter un workflow en consommant les Web Services offerts par des serveurs

## Le contexte des workflows :

- **Des besoins existent...**
  - Nombreux utilisateurs intéressés par cette problématique
  - Une énorme masse de données éparses
  - Des applications distribuées sur des systèmes hétérogènes
- **Un début de réponse...**
  - De multiples compétences présentes
  - Leur fédération
  - Appel d'offre ReNaBi

## Les objectifs du projet :

- **Phase 1**

- Evaluation (*non exhaustive*) des serveur de mise à disposition d'outils Boinformatiques
- Evaluation ( " " ) des applications clientes de conception et exécution de workflows

- **Phase 2**

- Mise en place d'un réseau de confiance assurant une qualité de service
  - disponibilité
  - documentation
  - tests ...

## Les livrables :

- **Délivrables**

- Juin 2008 : Document de référence consacré à l'évaluation
- Sept. 2008 : Atelier ReNaBi, 2 journées de présentation des résultats et retour d'expérience

## Le projet :

- **Financement**

- 12 mois de CDD financés par RNG via le réseau ReNaBi

- **Planning initial**

- Phase 1 "Évaluation des solutions serveur et client" : Octobre 2007 à Mars 2008

- Phase 2 "Mise en place d'un réseau de confiance" : Avril 2008 à Septembre 2008

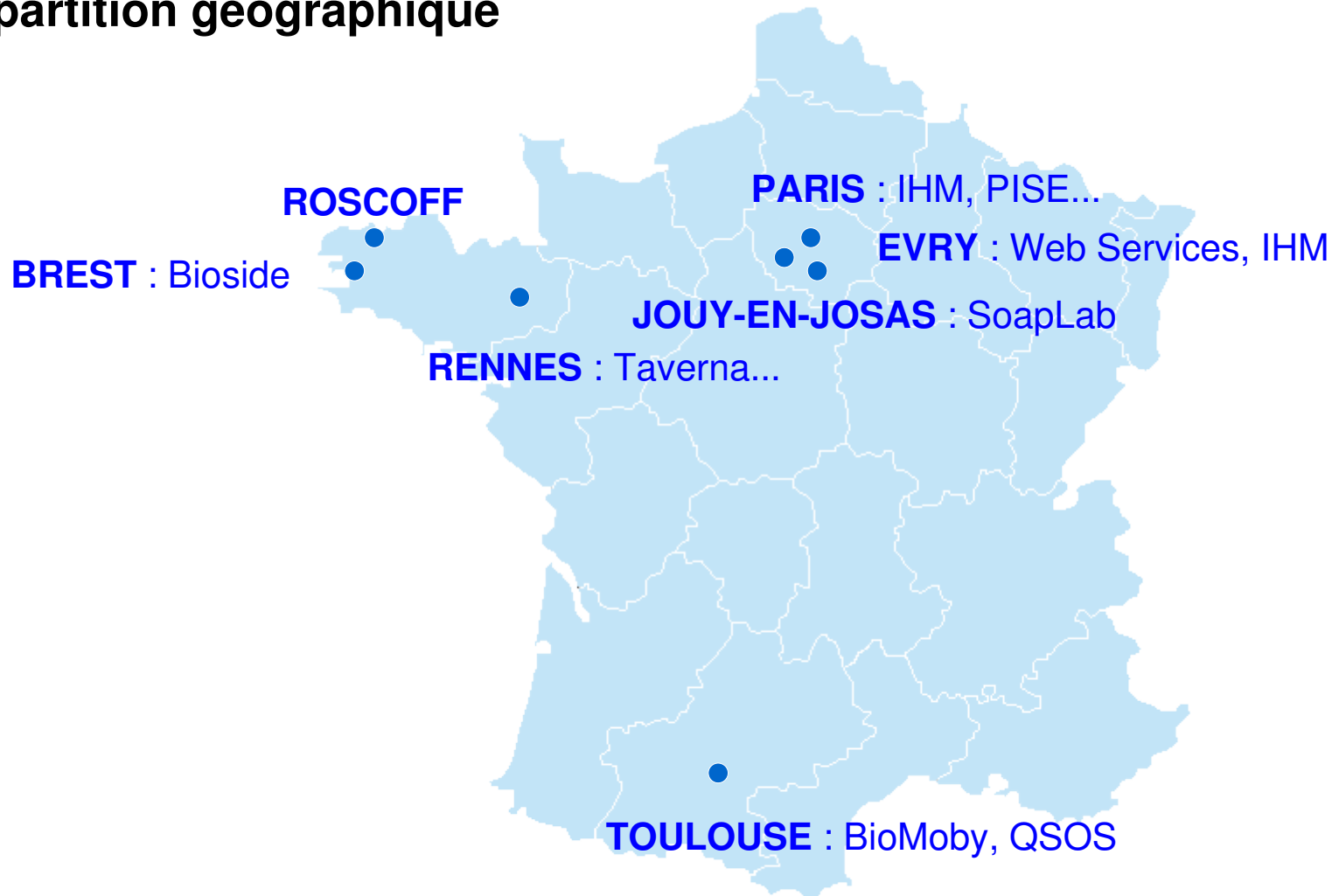
- **Partenaires**



INSTITUT PASTEUR

## Les compétences

- Répartition géographique



## La méthode QSOS :

Méthode de **Q**ualification et de **S**élection de logiciels **O**pen **S**ource (**QSOS**)

- Créée en 2004 sous licence **GFDL** (**G**NU **F**ree **D**ocumentation **L**icense)
- Projet géré par Raphaël SEMETEYS

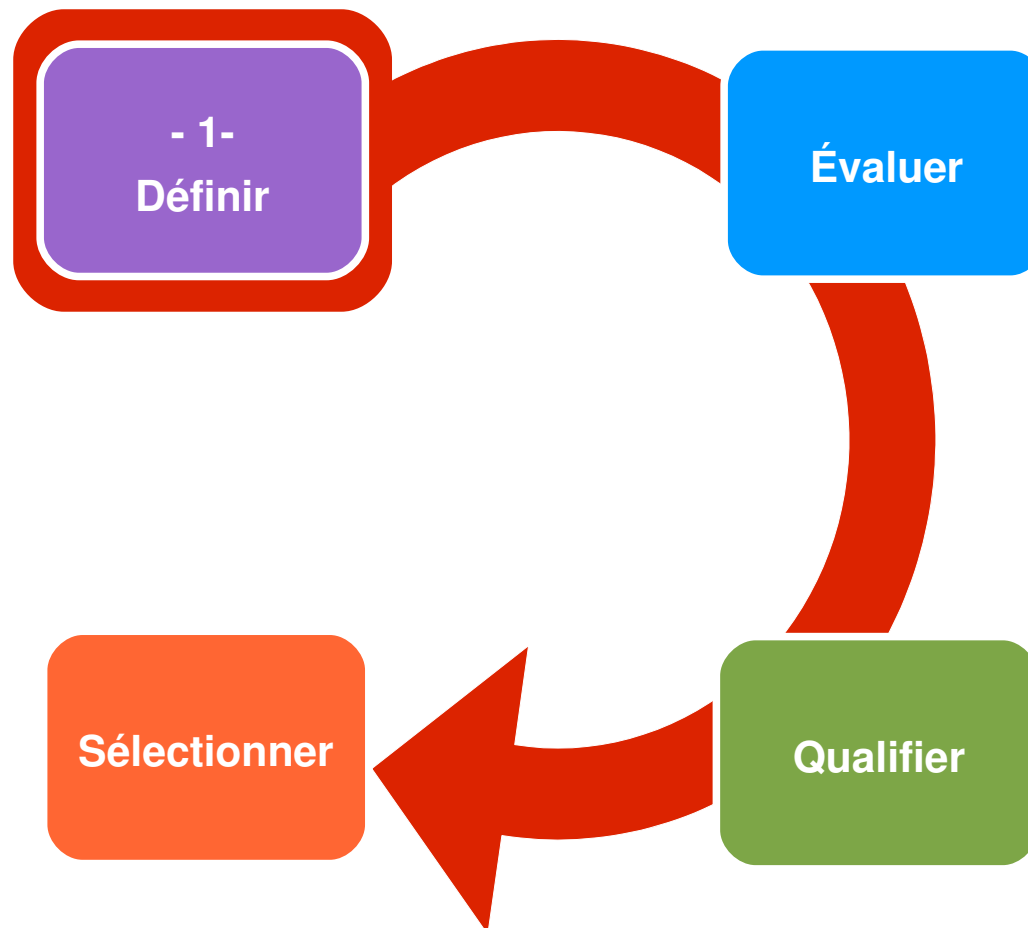


Open BRR, une autre méthode ...

<http://www.openbrr.org/wiki/index.php/home>

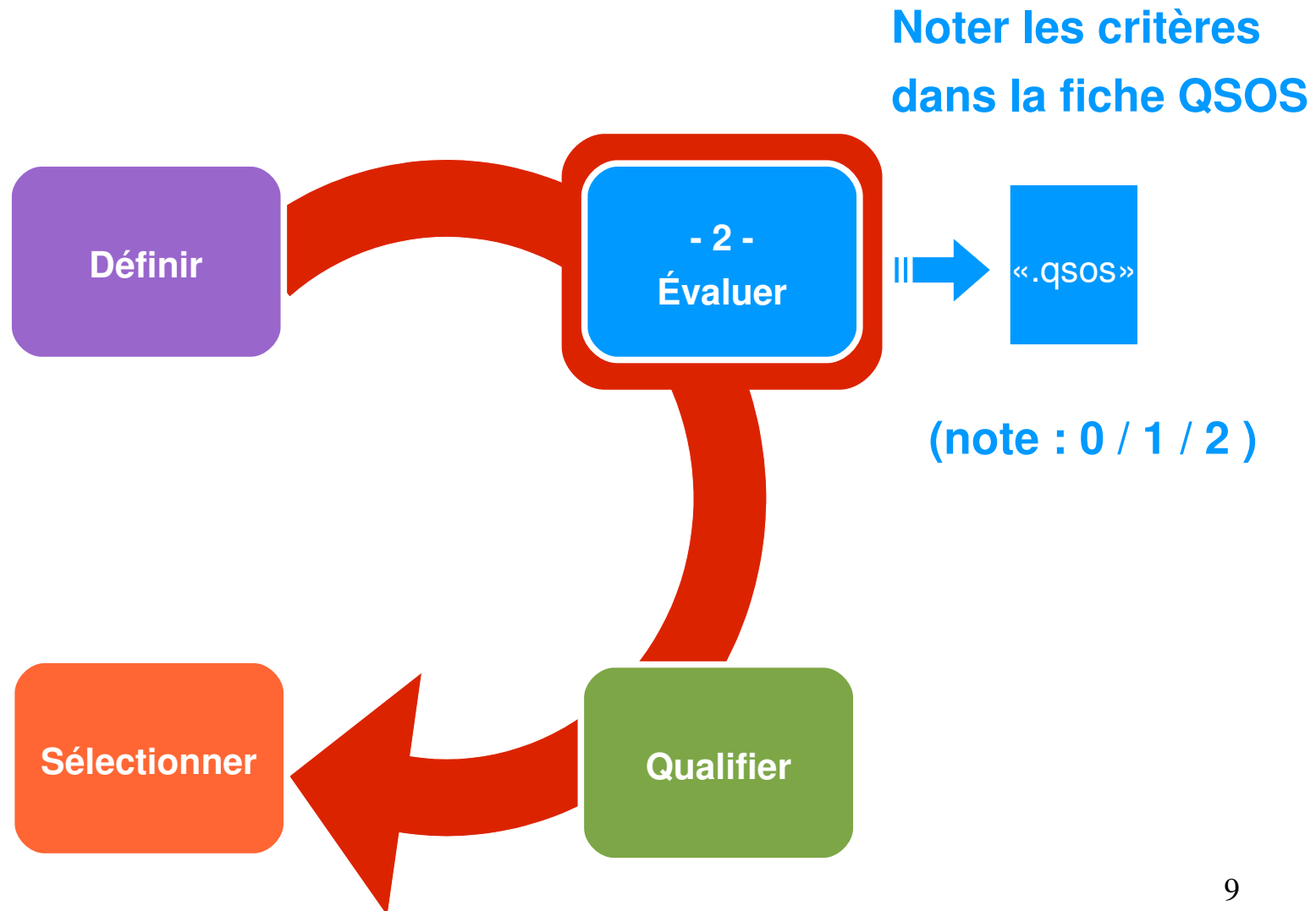
## Enchaînement de 4 étapes...

Définir des critères  
génériques et des  
critères spécifiques

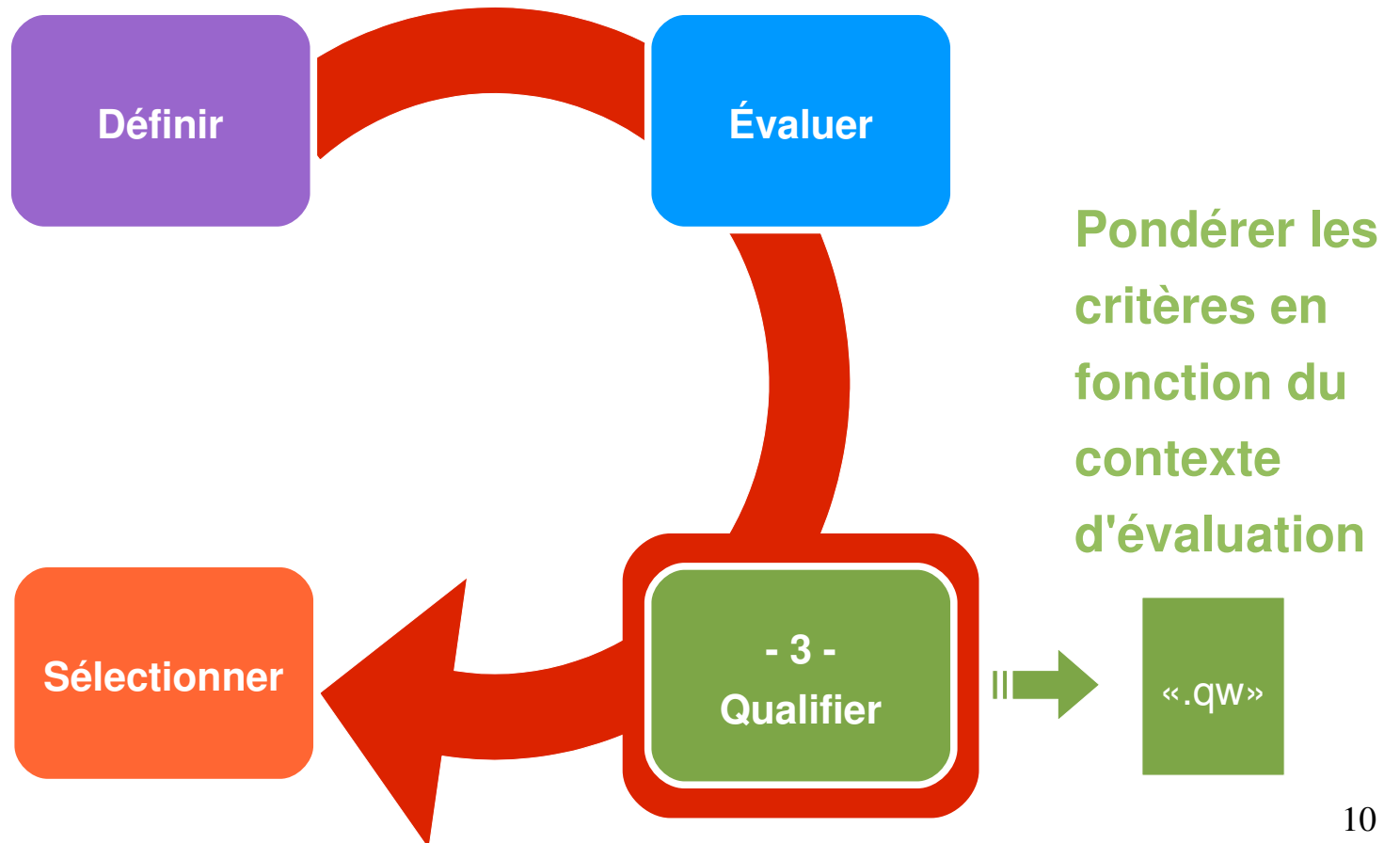




## Enchaînement de 4 étapes...



## Enchaînement de 4 étapes...

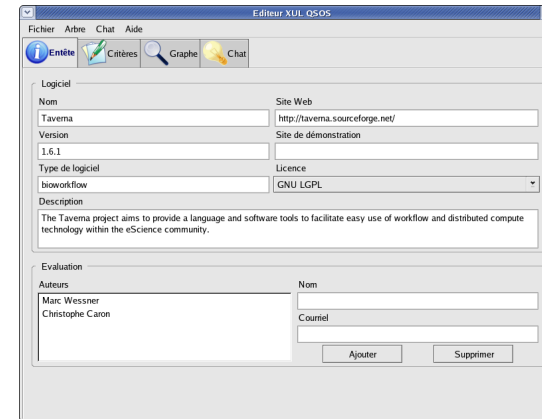




## Les outils disponibles :

- **Editeur de fiches QSOS**

- XUL editor (plugin pour Firefox)
- Autres éditeurs écrits en Ruby, Java...



- **Serveur O3S**

- Application WEB de présentation des résultats écrite en PHP
- Une version est disponible sur le site internet de QSOS
- Une version locale est dédiée au projet BioWorkFlow

Niveau/Date	Taverna 1.6.1		Kopier 1.0.0(beta)	
	Notes	Points	Notes	Points
Stabilité	1.0	1	1.0	1
Matériau	1.50	1	1.19	1
Âge	2	1	2	1
Stabilité	2	1	0	1
Matériau	1	1	1	1
Âge	2	1	2	1
Adoption	1.25	1	1.25	1
Populaire	2	1	1	1
Matériau	1	1	1	1
Commentaire des contributeurs	1	1	1	1
Liens, publications	1	1	2	1
Équipe de développement	1.5	1	1.5	1
Équipe dirigeante	2	1	2	1
Mot de direction	1	1	1	1
Adoption	1	1	0.75	1
Nombre de développeurs	1	1	2	1
Identification, nommer	1	1	1	1
Activité autour des blogs	1	1	1	1

<http://genome.jouy.inra.fr/o3s/>

## XUL Editor

Editeur XUL QoSOS

Fichier Arbre Chat Aide

Entête Critères Graphe Chat

Logiciel

Nom Site Web

Taverna http://taverna.sourceforge.net/

Version Site de démonstration

1.6.1

Type de logiciel Licence

bioworkflow GNU LGPL

Description

The Taverna project aims to provide a language and software tools to facilitate easy use of workflow and distributed compute technology within the eScience community.

Evaluation

Auteurs Nom

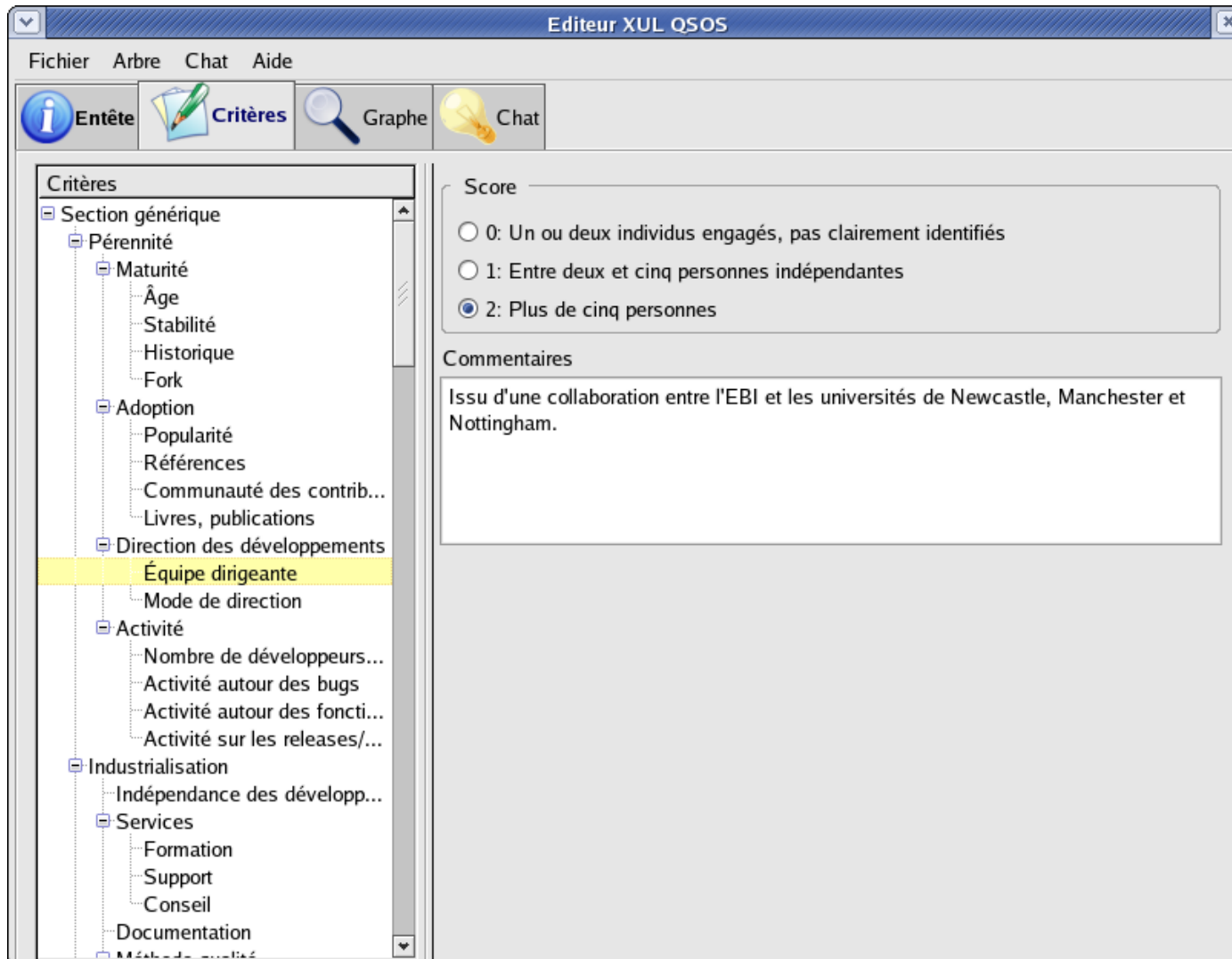
Marc Wessner  
Christophe Caron

Courriel

Ajouter Supprimer

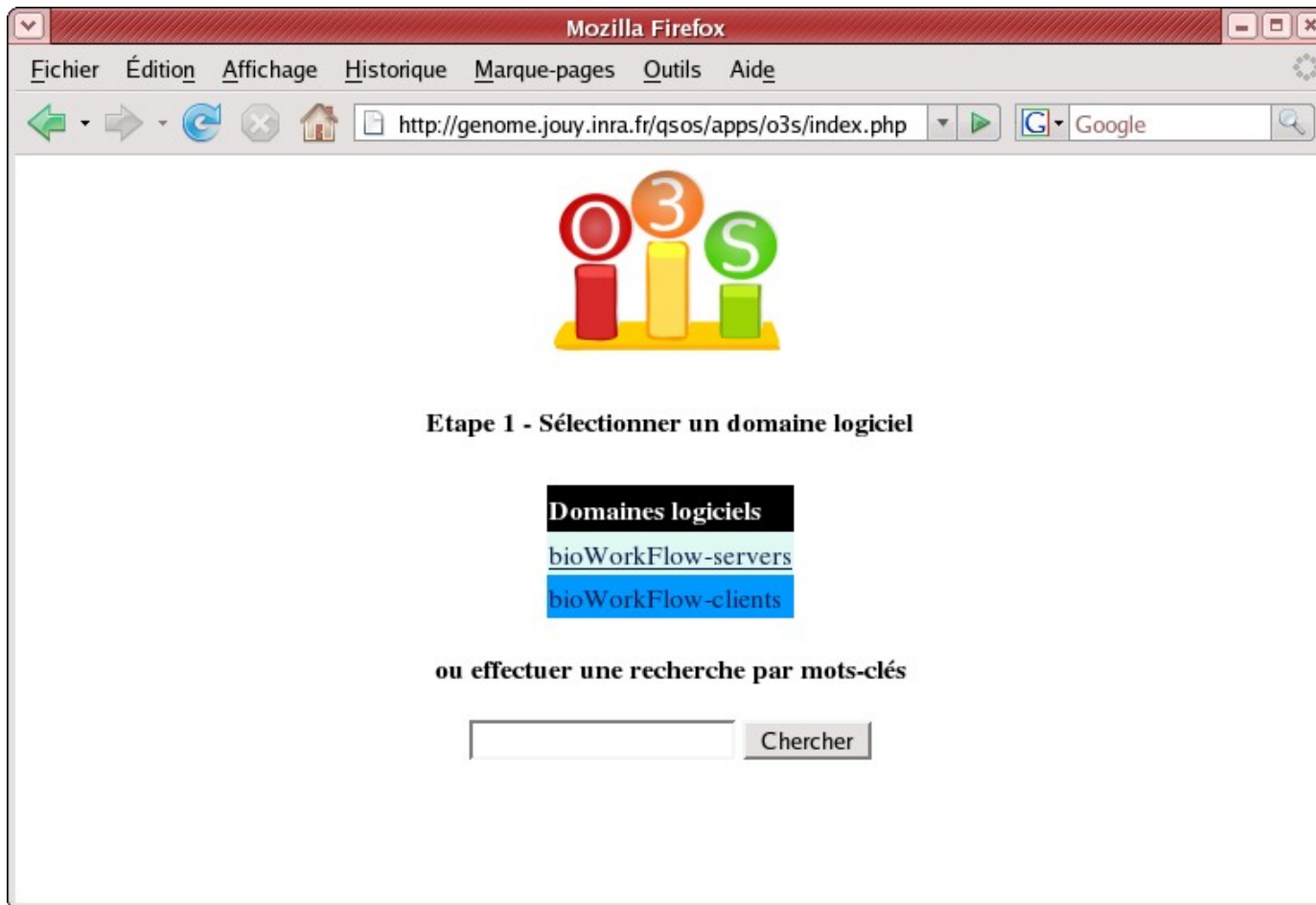
Renseigner une fiche QSOS...

## XUL Editor



Évaluer les critères génériques et les critères spécifiques

## Site web O3S : présentation des résultats



Étape 1 : Choix du domaine Clients ou Serveurs

## Site Web O3S : présentation des résultats

Etape 2 - Entrer vos pondérations

< Etape 1 | Sauvegarder | Etape 3 >

Parcourir... | Charger

bioworkflow-servers	Poids
Section générique	1
Pérennité	1
Maturité	1
Âge	1
Stabilité	1
Historique	1
Fork	1
Adoption	1
Direction des développements	1
Équipe dirigeante	1
Mode de direction	1
Activité	1
Nombre de développeurs, identification, turnover	1
Activité autour des bugs	1
Activité autour des fonctionnalités	1
Activité sur les releases/versions	1
Industrialisation	1
Packaging	1
BSD	1

Étape 2 : Pondération des critères par l'utilisateur



## Site Web O3S : présentation des résultats

Etape 3 - Sélectionner le(s) logiciel(s)

< Etape 2

bioWorkFlow-servers	Fichier QSOS XML	OpenDocument	Etape 4 - Visualiser
<b>playmoby</b>			
playmoby-1_fr			<input checked="" type="checkbox"/>
<b>srs</b>			
srs-8.3_fr			<input type="checkbox"/>
<b>soapLab</b>			
soapLab-2_fr			<input checked="" type="checkbox"/>
soapLab-1.1_fr			<input type="checkbox"/>

Mon navigateur supporte SVG

Étape 3 : Choix par l'utilisateur des outils à comparer

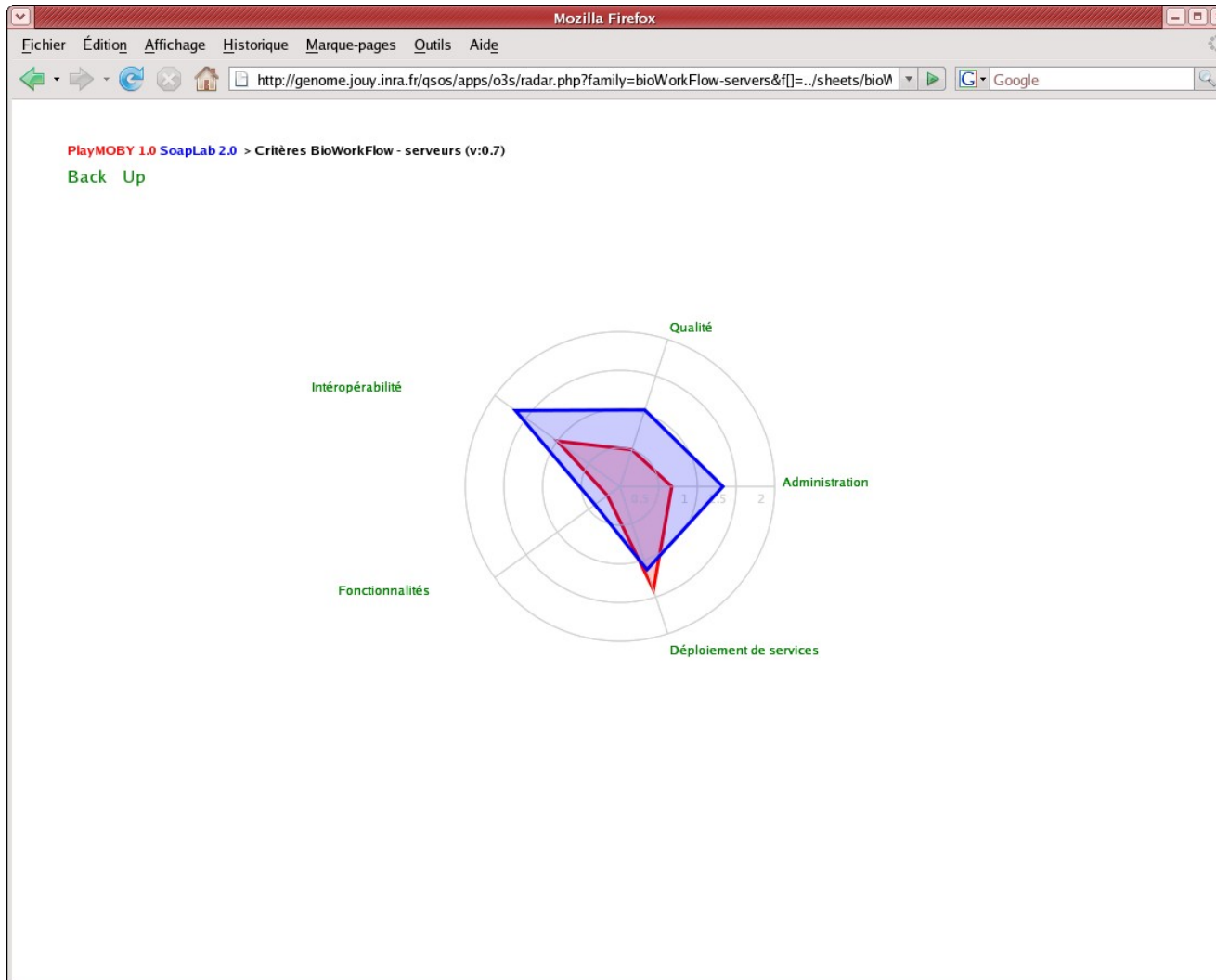
## Site Web O3S : présentation des résultats

Etape 4 - Visualiser

bioworkflow-servers	PlayMOBY 1.0		Commentaires	SoapLab 2.0		Commentaires
	Note	Poids		Note	Poids	
Section générique	1.14	1		1.26	1	
Pérennité	0.94	1		1.31	1	
Maturité	1.25	1		2	1	
Adoption	0.5	1		0.75	1	
Popularité	1	1	LIPM : <a href="http://lipm-bioinfo.toulouse.inra.fr/">http://lipm-bioinfo.toulouse.inra.fr/</a> Playmoby : implementé autour de LeGOO	0	1	
Références	1	1	( <a href="http://www.legoo.org">www.legoo.org</a> ), Narcisse ( <a href="http://narcisse.toulouse.inra.fr">narcisse.toulouse.inra.fr</a> ), et iANT	1	1	
Communauté des contributeurs	0	1	Playmoby : pas de communauté a l'heure actuelle	1	1	L'arrivée de SoapLab2 est annoncé sur la forge de SoapLab1
Livres, publications	0	1		1	1	Google books trouve 5 ouvrage citant soapLab mais aucun ne fait référence spécifiquement à la version 2.
Direction des développements	1.5	1		1	1	
Activité	0.5	1		1.5	1	
Industrialisation	0.63	1		0.79	1	
Packaging	2	1		1.15	1	

Étape 4 : Analyse des notes obtenues critère par critère

## Site Web O3S : présentation des résultats



## Les étapes du processus ...

## ... et les outils associés

XUL Editor

O3S

-1-

Définir  
des critères

-2-

Évaluer  
les critères

-3-

Pondérer  
les critères

-4-

Sélectionner  
le logiciel

<--

*Notre travail ...*

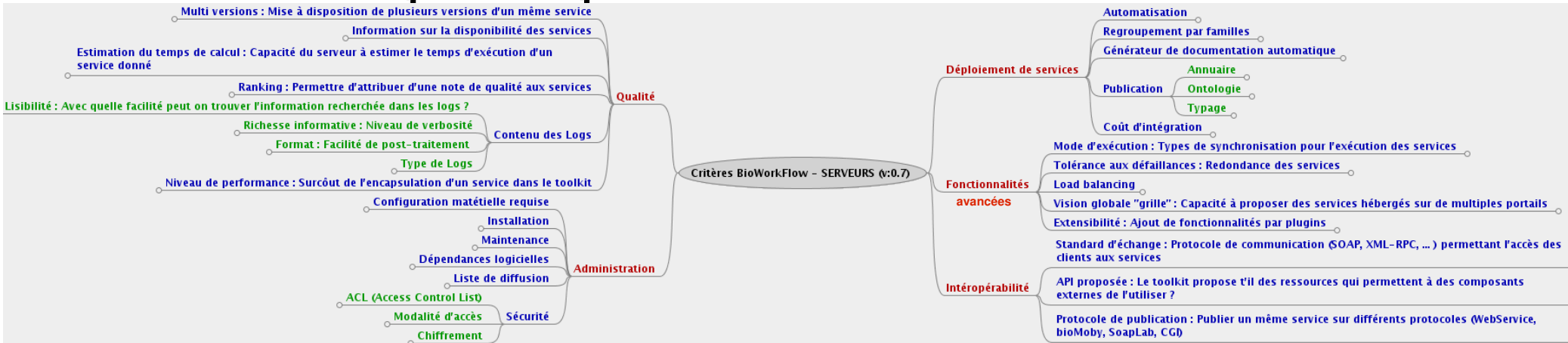
-->

<--

*à vous de jouer !!!*

-->

## Les critères spécifiques « Serveur »



- **30 critères** regroupés en **5 grandes familles** :
  - **Qualité**
  - **Administration**
  - **Déploiement de services**
  - **Fonctionnalités avancées**
  - **Intéropérabilité**

- Version 0.7 **validée** par des biologistes issus de laboratoires non partenaires

**Exemple:** Déploiement de services / Regroupement par familles

- 0 : Aucun regroupement possible
- 1 : Existence de groupes mais absence de sous-groupes
- 2 : Présence d'une hiérarchie

## Les outils Serveurs évalués :

-  SoapLab
-  playmoby
-  SRS

# PRESENTATION DU PROJET BIOWORKFLOW

Introduction

Méthode

Serveurs

Clients

Bilan

Perspectives

## SoapLab 2

Martin SENGER & Mahmut ULUDAG  
( EBI )

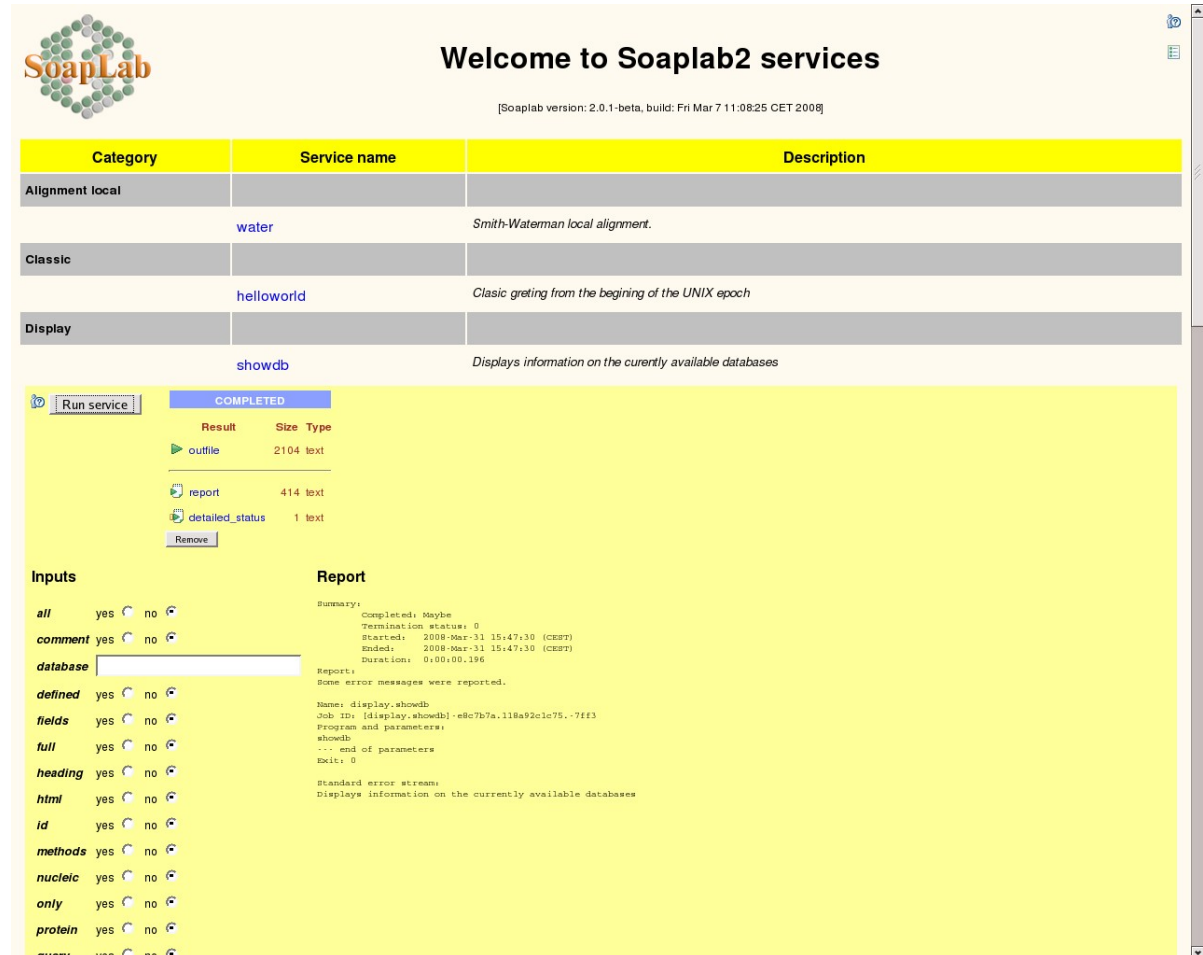
- SoapLab1 (2003 / 2008)

- Développé en JAVA

- Utilisation de fichiers ACD  
(AJAX Command Definition)

- Outils EMBOSS

 - Déploiement automatisé  
- Interface Web "Spinet"



The screenshot shows the SoapLab2 services interface. At the top, it says "Welcome to Soaplab2 services" with the version "2.0.1-beta, build: Fri Mar 7 11:08:25 CET 2008". Below this is a table of services:

Category	Service name	Description
Alignment local	water	Smith-Waterman local alignment.
Classic	helloworld	Clasic greting from the beginning of the UNIX epoch
Display	showdb	Displays information on the currently available databases

Below the table, there is a "Run service" button and a "COMPLETED" status. The results are shown in a table:

Result	Size	Type
outfile	2104	text
report	414	text
detailed_status	1	text

There are also "Inputs" and "Report" sections. The "Inputs" section has a list of options with radio buttons for "yes" and "no":

- all: yes  no
- comment: yes  no
- database:
- defined: yes  no
- fields: yes  no
- tull: yes  no
- heading: yes  no
- html: yes  no
- id: yes  no
- methods: yes  no
- nucleic: yes  no
- only: yes  no
- protein: yes  no
- querv: yes  no

The "Report" section shows a summary of the job execution, including completion status, start and end times, and duration. It also includes a "Report" section with error messages and a "Standard error stream" section with the output of the showdb command.

 - Fichiers ACD indispensables  
- Reponse sur 2 personnes

## PlayMoby 1.0

*Sébastien CARRERE, Jérôme GOUZY*  
( INRA TOULOUSE – LIPM )

- Solution écrite en PERL
- API destinée à automatiser le déploiement de services BioMoby



 - BioMoby

 - Apprentissage  
- Documentation



# PRESENTATION DU PROJET BIOWORKFLOW

Introduction

Méthode

Serveurs

Clients

Bilan

Perspectives

## SRS 8.3

( Biowisdom )

- Solution commerciale
- Architecture native WS
- Très orienté "données"

- + - Disponibilité de la suite EMBOSS
- Support réactif
- Utilisation des outils fournis : Ok

bio wisdom\*

Home Purchase Products Services Support My Account

The world's leading bioinform data integration platform

- OmniViz
- Sofia
- SRS
  - SRS Version 8.3
  - SRS Standard
  - SRS Prisma
  - SRS WSOjects
  - SRS Gateway for Oracle
  - Training
  - SRS for Academics
  - Technical specifications

srs

The world's leading bioinform data integration platform

Biochemists and life scientists have been inundated with data and more. This information is organised in many different ways. Designed to ensure flexibility and scalability, SRS provides a single interface to data and tools. With its unified user interface SRS is the best source for data integration.

- Allows the seamless integration of databases with other tools
- Provides a single interface to data and tools.
- Allows all data, regardless of its format, to be queried and analysed
- Gives the ability to query or view one or more data sources

Tool Launch - Mozilla Firefox

Fichier Édition Affichage Historique Marque-pages Outils Aide

http://genome.jouy.inra.fr/srs83/displayTool.do?toolName=waterN

bio wisdom\* SRS

my SRS query builder analysis tools history - manage views - databank list - Help?

Tool Launch : WaterN

Step 1 : Data Source

Upload from file : Parcourir...

Paste/Create your own sequence(s) :

```
>AF279107 AF279107.3 Chroococcidiopsis sp. (029)N6904 16S ribosomal RNA gene, partial sequence.
ggaggcagcagtgaggaaattttccgcaatggcgaaagcctgacggagca
agggaggaagcctcttgggtgttaaacctctttctcagggaagaataca
ctgaggaataagcatcggctaacctcctgcccagcagcggcgttaatacgg
cgttaccggaatgattggcgttaaacgctccgacagtgccattgcaagt
agctcaggccttaaccctgaaagcagtgaaactgaaatgctggagtg
aaaaggaattcccggttaacggtgaaatgctgagaaatccgaaaaaca
aagcgtctactaggccgcaactgacactcatggacgaaagctatggggg
```

Save my sequence in USERDNA

Step 2 : Launch Options

You may continue to alter the tool settings below, or you can

Views: DescriptionView

Save my settings as a parameter set

Step 3 : Tool Settings

Job name: temp

Gap opening penalty 10.0

Gap extension penalty 0.5

Step 4 : (Optional) Advanced Settings

- Syntaxe ACD + Icarus
- Interopérabilité avec outils client (-wsdl)
- Coûts d'intégration très élevés

## Les applications « Clientes » évaluées :

- Taverna
- Kepler
- Remora
- Mobylye
- BioSide
- Pegasus
- MowServ
- SeaHawk
- WildFire
- Cyrille2

*Fait.*

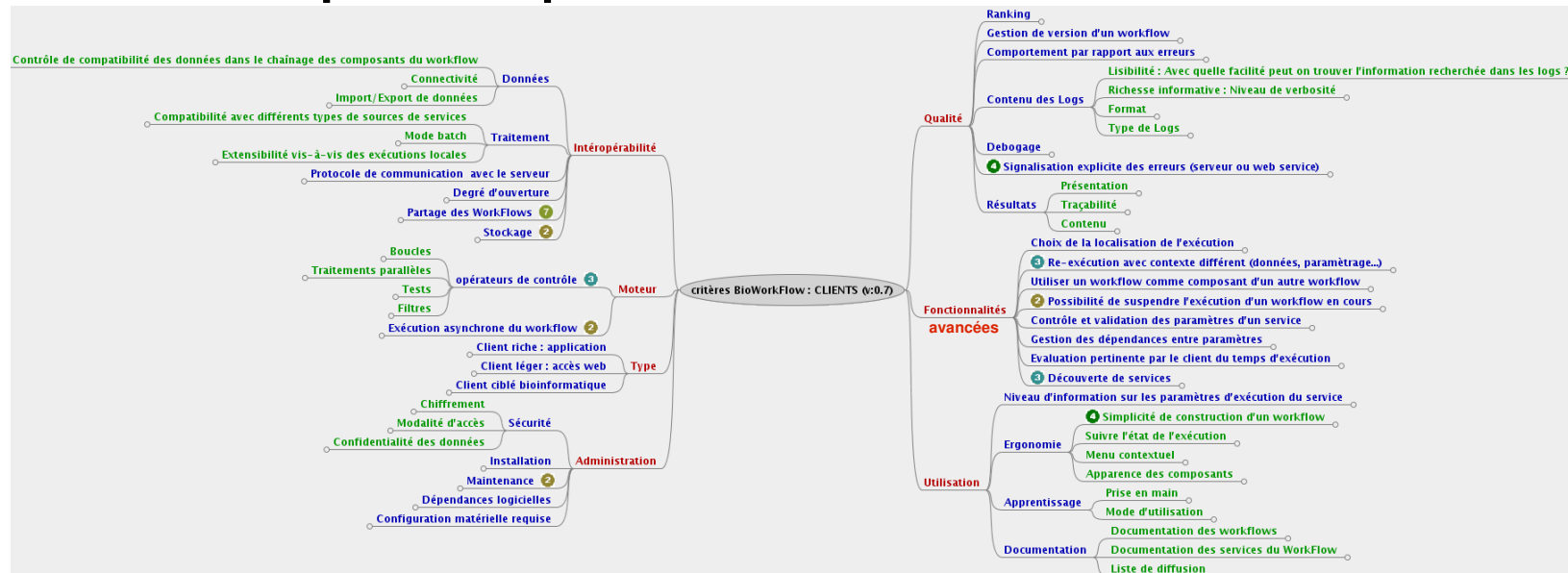
*En cours!!!*

*à faire...*

**Les outils retenus doivent répondre à certains critères relatifs à**

- leur accessibilité
- l'activité de leur développement
- l'existence d'une communauté dédiée

## Les critères spécifiques « Clients »



50 critères spécifiques validés repartis en 7 familles :

- Intéropérabilité
- Qualité
- Moteur
- Fonctionnalités avancées
- Type
- Administration
- Utilisation

**Exemple:** Utilisation / Ergonomie / Suivre l'état d'exécution

- 0 : Aucun renseignement sur les étapes intermédiaires
- 1 : Au niveau workflow (début - fin de chaque étape)
- 2 : Vue détaillée de la progression interne de chaque composant

# PRESENTATION DU PROJET BIOWORKFLOW

Introduction

Méthode

Serveurs

Clients

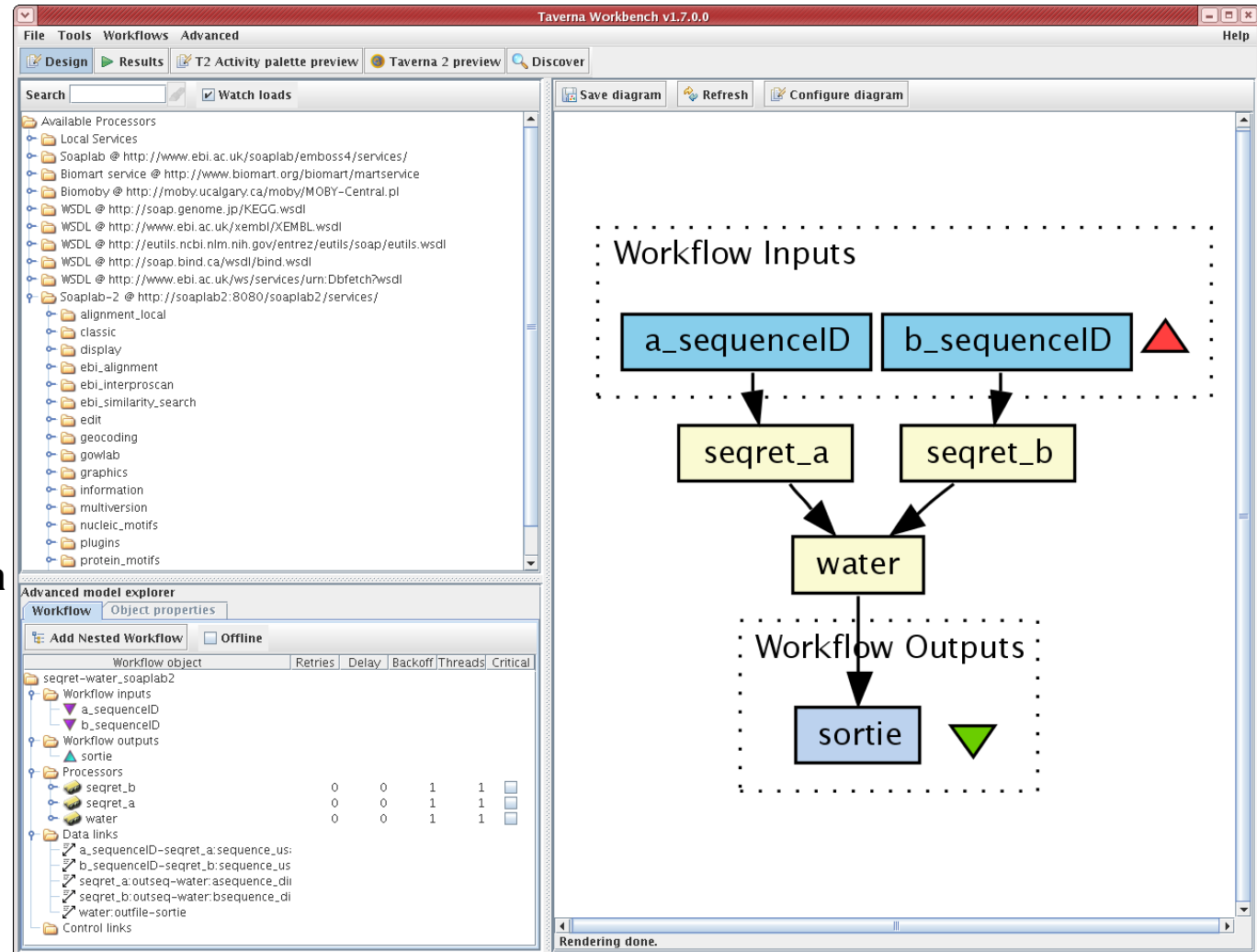
Bilan

Perspectives

## Taverna 1.7.0

Tom OINN et son équipe  
(EBI)

- programmé en JAVA
- format SCUFL propre à Taverna
- moteur FreeFluo



- + - Robustesse
- Communauté réactive
- Prise en compte de SoapLab et BioMoby
- MyExperiment : entrepôt de workflows

- Représentation graphique non interactive
- Prise en main demande un petit effort
- Problèmes de gestion mémoire

# PRESENTATION DU PROJET BIOWORKFLOW

Introduction

Méthode

Serveurs

Clients

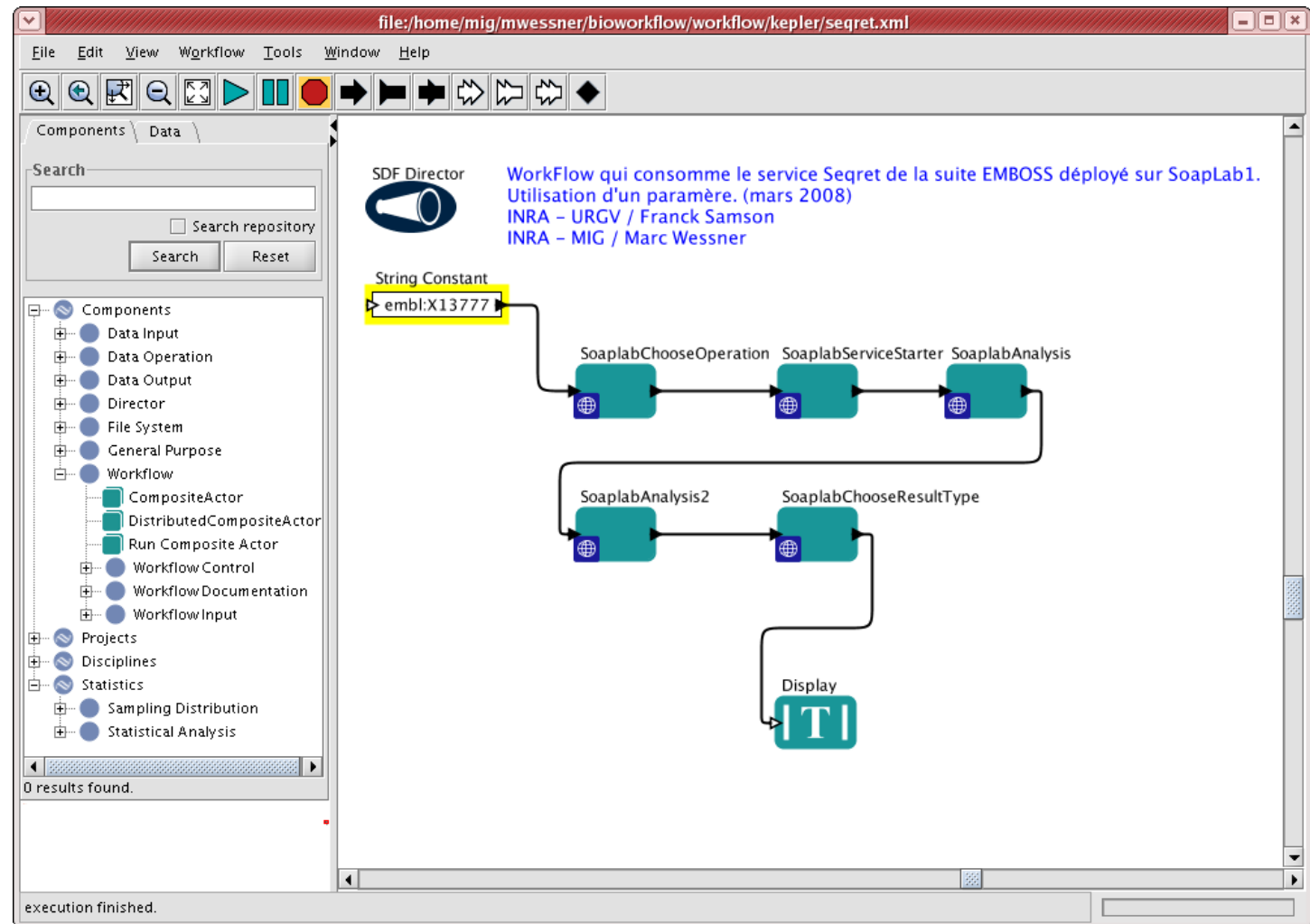
Bilan

Perspectives

## Kepler 1.0.0rc1

*Développement  
communautaire*

- Projet non typé "BioInfo"
- Conçu en JAVA
- Construction graphique
- Moteur PtolemyII



- + Grande richesse de composants
- Représentation graphique interactive
- Moteur de recherche de composants

- Extrême complexité / richesse
- Stabilité : Modification de paramètres non prise en compte...

# PRESENTATION DU PROJET BIOWORKFLOW

Introduction

Méthode

Serveurs

Clients

Bilan

Perspectives

## Mobyle ou une autre approche...

*Hervé Ménager, Catherine Lethondal*

*Pierre Tuffery*

*(Institut PASTEUR)*

- Full Web
- Enchaînement pas à pas
- Déroulement Linéaire
- Grille (dialogue entre serveurs Mobyle)

- + - IHM intuitive
- Contrôle de cohérence d'E/S
- Aide au chaînage des étapes

The screenshot shows the Mobyle web interface in a Mozilla Firefox browser. The page title is 'Mobyle' and the URL is 'http://bioserv.rpbs.jussieu.fr/cgi-bin/MobylePortal/portal.py#'. The interface has a navigation menu with 'Welcome', 'Programs', 'Data Bookmarks', 'Jobs', and 'Tutorials'. The 'Jobs' section is active, showing a job named 'toppred' with a status of 'finished'. The job details include the job ID, program name, submission date, and Mobyle server URL. Below the job details, there is a 'job results' section with a 'Graphic output files (Picture)' section. This section displays a plot titled 'sp\_P02914\_MALK\_ECOLI.png' showing 'hydrophobicity values' on the y-axis (ranging from -3.5 to 2.5) against 'residue position' on the x-axis (ranging from 0 to 350). The plot shows a blue line representing the hydrophobicity values, with a green horizontal line at approximately 2.5. Below the plot, there are buttons for 'full screen view', 'result name: sp\_P02914', and 'bookmark'. There is also a 'Hydrophobicity output files (Text)' section with a file named 'sp\_P02914\_MALK\_ECOLI.hydro' and a 'save' button. The text output shows the sequence and the hydrophobicity values generated on Mon Apr 7 15:28:47 2008.

- Impossible de sauvegarder un enchaînement
- Forcément linéaire
- Pas orienté Web Service

## Remora

Sébastien CARRERE  
(INRA TOULOUSE – LIPM)

- Solution Full Web en Perl-CGI
- Services "BioMoby"



Remora Step 1: Workflow Design

- + - Ontologie des services et des données
- Contrôle de cohérence des E/S

- Interface peu intuitive

## Bilan de l'évaluation des solutions « Serveurs »



# PRESENTATION DU PROJET BIOWORKFLOW

Introduction

Méthode














Serveurs

Clients

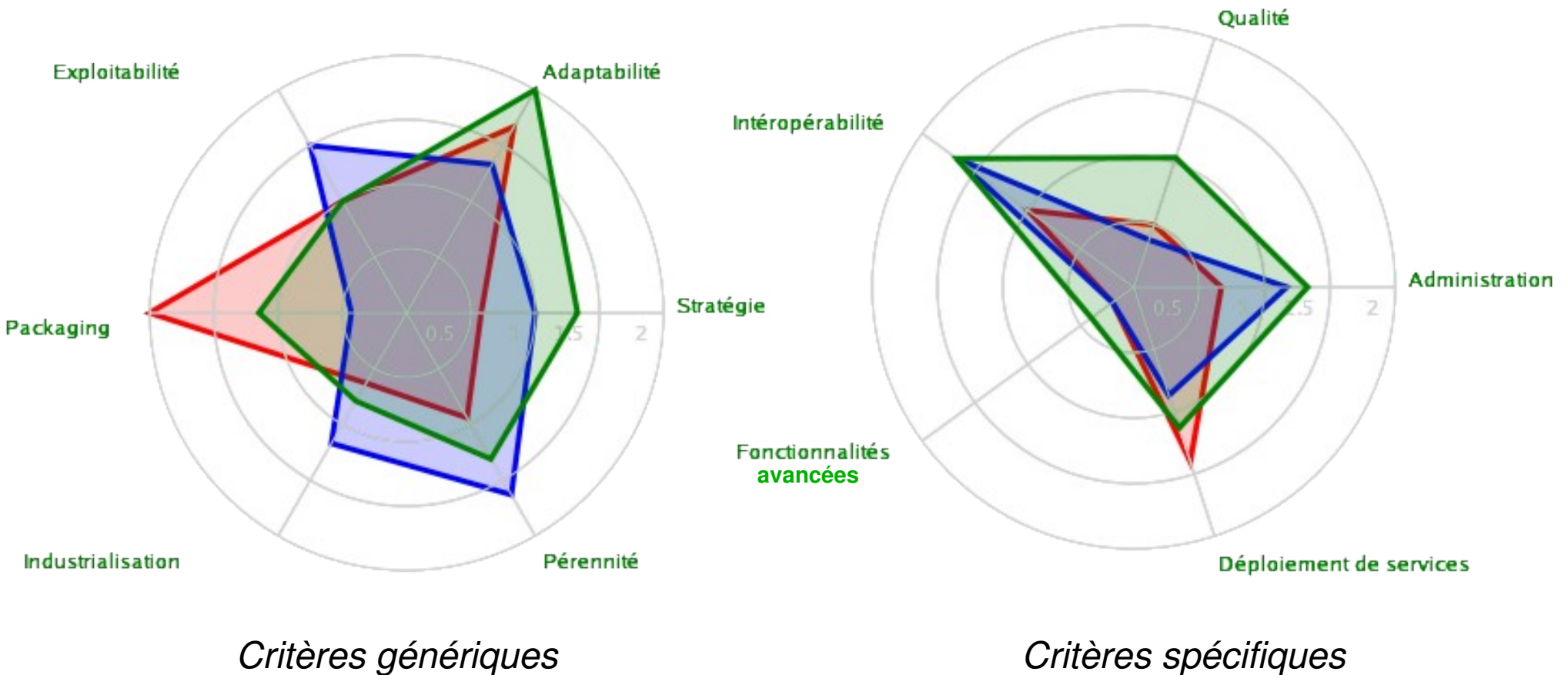
**Bilan**

Perspectives

## Bilan des solutions « Serveurs » : tableau de scores

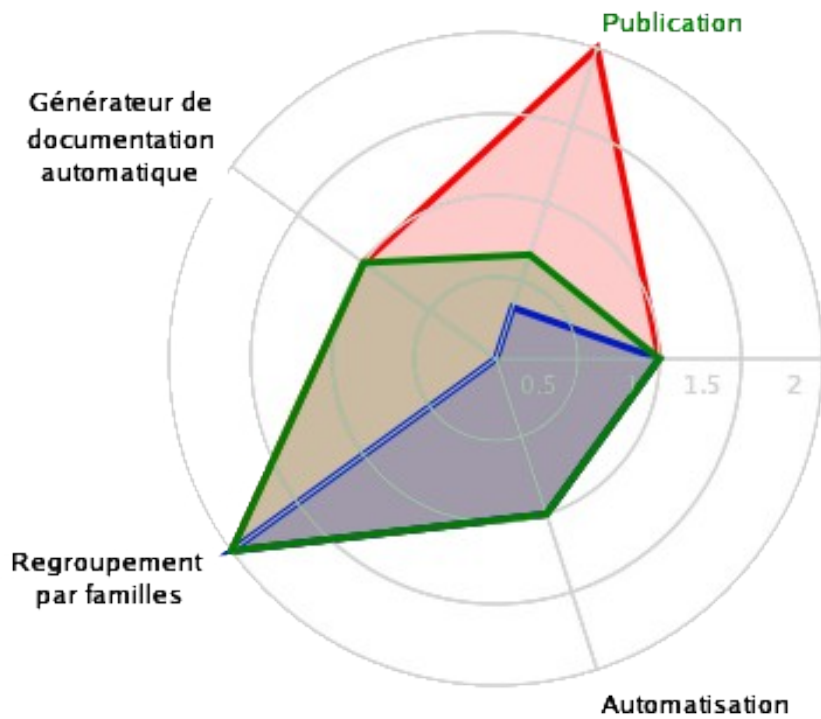
bioworkflow-servers 	PlayMOBY 1.0		SRS 8.3		SoapLab 2.0	
	Note	Poids	Note	Poids	Note	Poids
<b>Section</b>						
<b>générique</b> 	<b>1.14</b>	<b>1</b>	<b>1.18</b>	<b>1</b>	<b>1.26</b>	<b>1</b>
Pérennité 	0.94	1	1.63	1	1.31	1
Industrialisation 	0.63	1	1.17	1	0.79	1
Packaging 	2	1	0.43	1	1.15	1
Exploitabilité	1	1	1.5	1	1	1
Adaptabilité 	1.67	1	1.33	1	2	1
Stratégie 	0.58	1	1	1	1.33	1
<b>Critères</b>						
<b>BioWorkFlow - serveurs (v:0.7)</b> 	<b>0.75</b>	<b>1</b>	<b>0.86</b>	<b>1</b>	<b>1.11</b>	<b>1</b>
Déploiement de services 	1.4	1	0.87	1	1.13	1
Fonctionnalités 	0.2	1	0.2	1	0.4	1
Intéropérabilité 	1	1	1.67	1	1.67	1
Qualité 	0.5	1	0.38	1	1.04	1
Administration 	0.67	1	1.17	1	1.33	1

## Bilan des solutions « Serveurs » : graphes radar

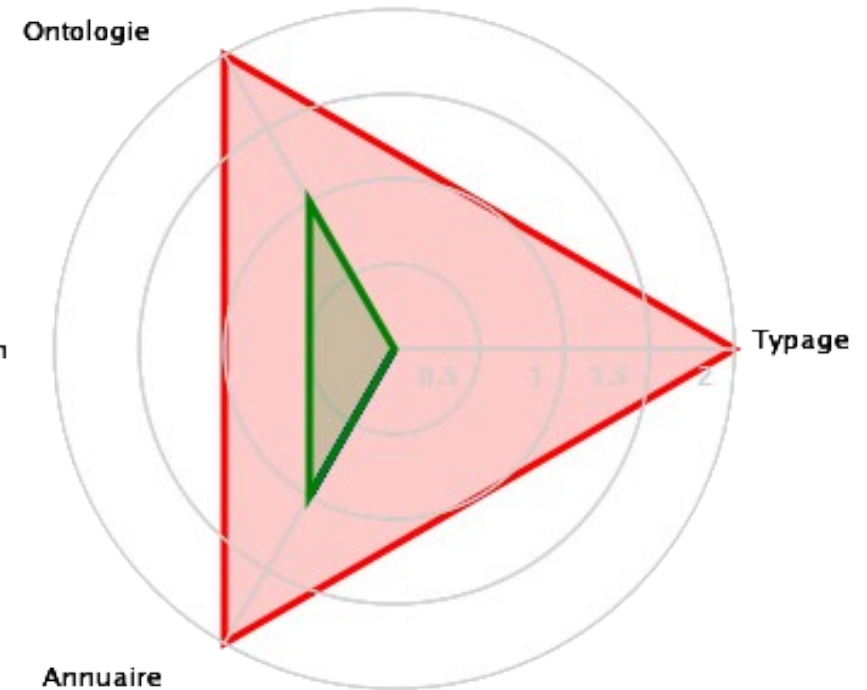


PlayMOBY 1.0 - SRS 8.3 - SoapLab 2.0

## Bilan des solutions « Serveurs » : graphes radar



*Déploiement de services*



*Publication*

**PlayMOBY 1.0** - **SRS 8.3** - **SoapLab 2.0**

## Bilan de l'évaluation des applications « Clientes »

# PRESENTATION DU PROJET BIOWORKFLOW

Introduction

Méthode

















Serveurs

Clients

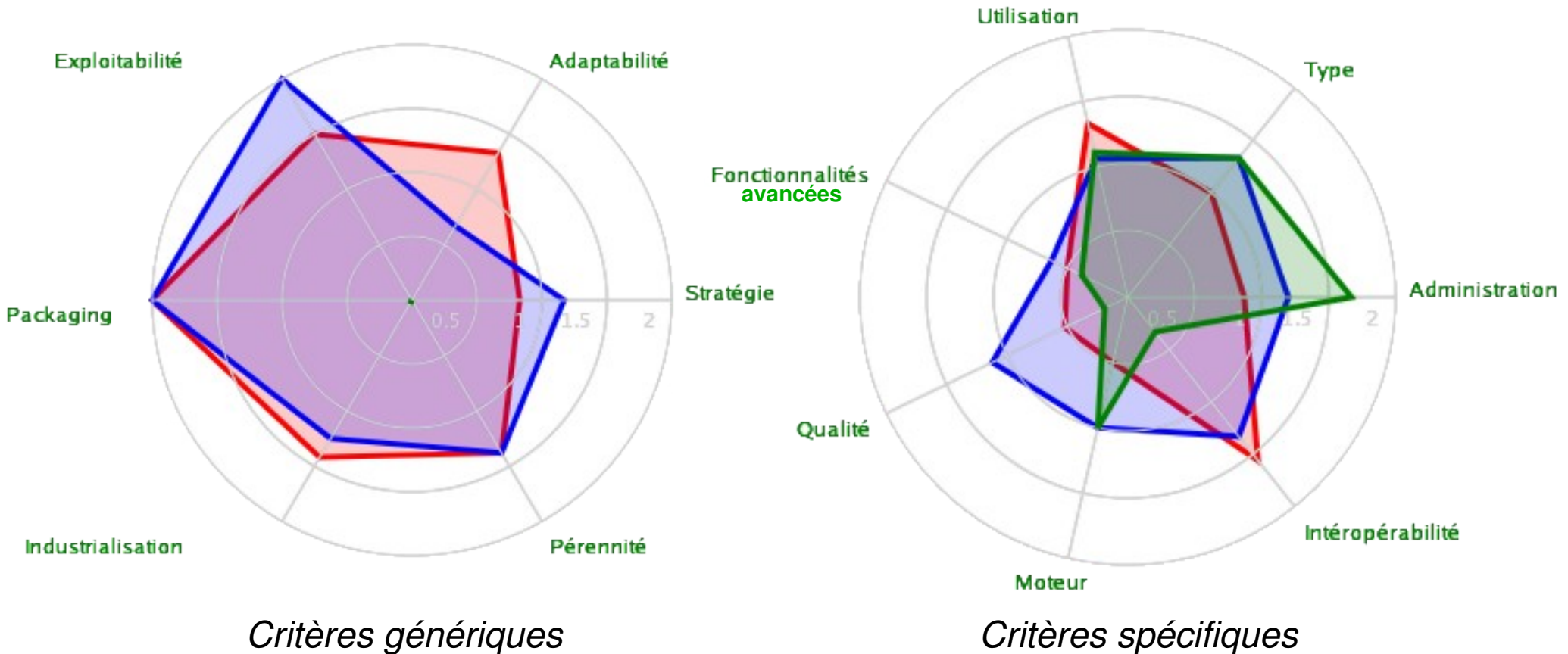
**Bilan**

Perspectives

## Bilan des applications « Clientes » : tableau de scores

bioworkflow 	Kepler 1.0.0rc1		Taverna 1.7.0		Mobylye	
	Note	Poids	Note	Poids	Note	Poids
Section générique 	1.41	1	1.41	1	0.01	1
Pérennité 	1.38	1	1.38	1	0	1
Industrialisation 	1.42	1	1.25	1	0.03	1
Packaging 	2	1	2	1	0	1
Exploitabilité 	1.5	1	2	1	0	1
Adaptabilité 	1.33	1	0.67	1	0	1
Stratégie 	0.83	1	1.17	1	0	1
critères						
BioWorkFlow : CLIENTS (v:0.7) 	0.96	1	1.09	1	0.86	1
Intéropérabilité 	1.56	1	1.33	1	0.33	1
Moteur 	0.5	1	1	1	1	1
Qualité 	0.52		1.12		0.19	
Fonctionnalités 	0.5	1	0.63	1	0.38	1
Utilisation 	1.33	1	1.06	1	1.11	1
Type 	1	1	1.33	1	1.33	1
Administration 	0.87	1	1.2	1	1.67	1

## Bilan des applications "Clientes" : graphes radar



Kepler 1.0rc01 - Taverna 1.7.0 - MobyLe

## Avis sur la méthode QSOS

- **Méthode simple et rationnelle**
- **Outils perfectibles mais opérationnels**
- **Valorisation du travail par la mise en ligne d'un site O3S**
- **Aide à la publication**
- **La définition des critères spécifiques est capitale !!!...**
- **Problèmes liés aux critères**
  - critères utopiques
  - difficile de définir 3 niveaux de score distincts

## Bilan de l'évaluation des Serveurs :

### Des solutions sérieuses existent

- **SoapLab 2 : une solution intéressante et robuste**
  - Automatisation du déploiement (ACD)
  - Interface graphique bien pensée
  
- **PlayMoby : de bonnes idées**
  - Utilisation de standards existants (BioMoby, DTD Moby...)
  - Déploiement possible en "production" ou en "test"



## Bilan de l'évaluation des Clients :

- **Aucun client parfait :**
  - sans intérêt pour une utilisation ponctuelle
  - destiné à un public sensibilisé à la programmation
  - pas d'usage possible en production
  
- **Le client "idéal" ?! :**
  - IHM full web de qualité (Mobylye)
  - découverte et ontologie des services (BioMoby)
  - représentation graphique interactive (Kepler)
  - richesse d'action et de contrôle (Kepler)
  - robustesse (Taverna)
  - communauté riche et réactive (Taverna)

## Documents

- Le document de référence sera disponible sur le site du projet

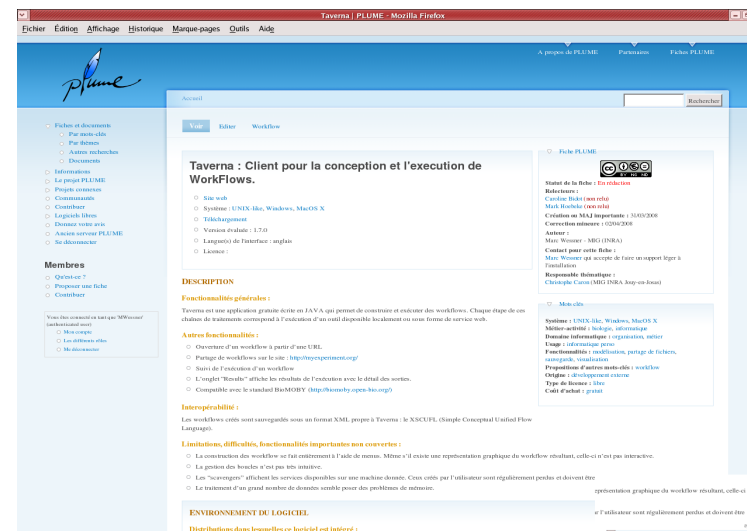
Quelques dizaines de pages reprenant la phase 1 de l'évaluation pour :

- aider à la décision
- fournir des informations pratiques
- offrir un retour d'expériences sur les outils

- Les fiches PLUME

( Promouvoir les Logiciels Utiles Maîtrisés et Économiques )

<http://www.projet-plume.org/>



# PRESENTATION DU PROJET BIOWORKFLOW

Introduction

Méthode

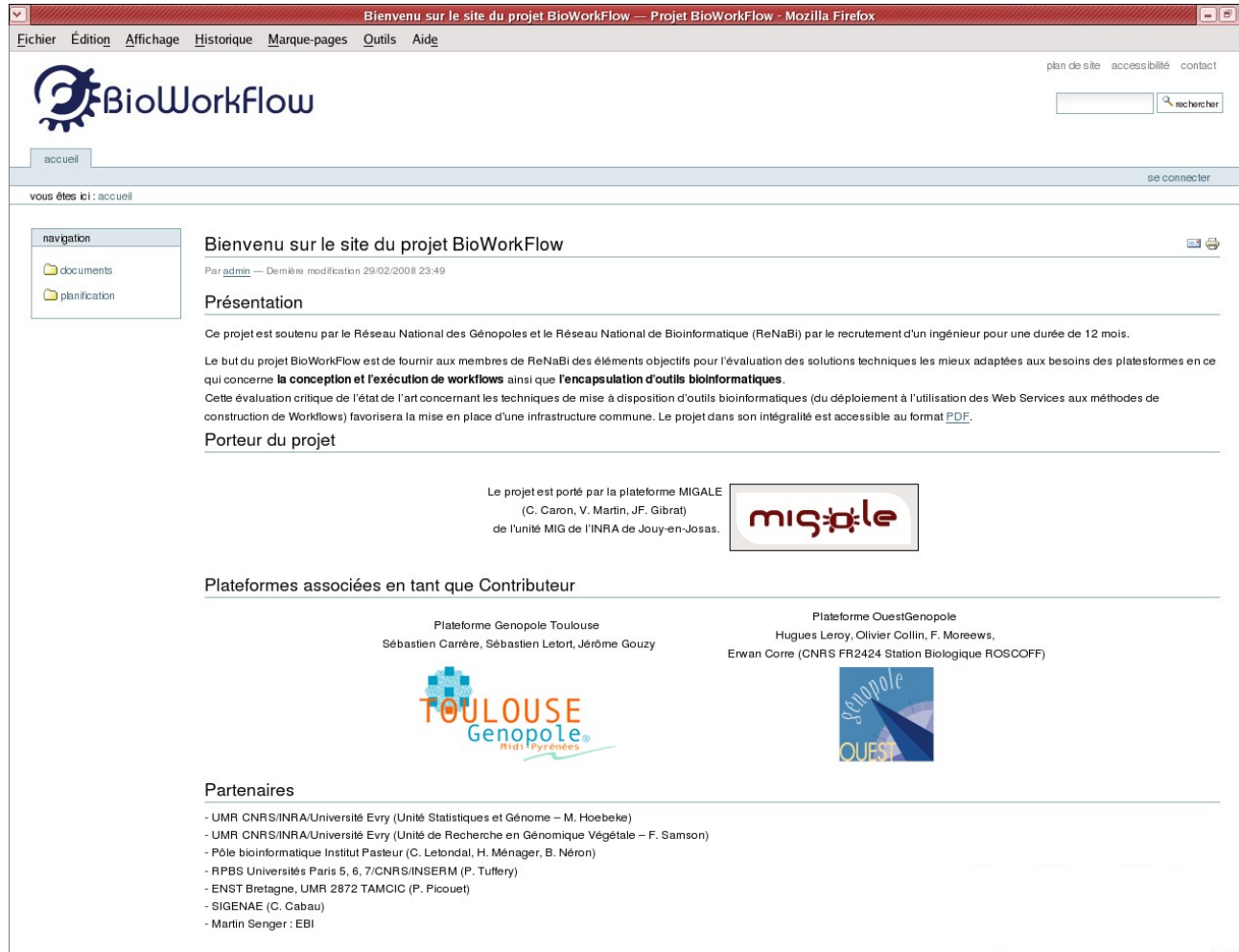
Outils

Utilisation

Bilan

Perspectives

## Les résultats livrables de la première phase :



The screenshot shows the homepage of the BioWorkflow project website. The browser title is "Bienvenu sur le site du projet BioWorkflow - Projet BioWorkflow - Mozilla Firefox". The page features a navigation menu with "accueil", "documents", and "planification". The main content area includes a welcome message, a "Présentation" section with a detailed description of the project's goals and funding, and a "Porteur du projet" section identifying the MIGALE platform. Below this, there are sections for "Plateformes associées en tant que Contributeur" (listing Toulouse and Ouest Genopole) and "Partenaires" (listing various research institutions).

Bienvenu sur le site du projet BioWorkflow

Présentation

Ce projet est soutenu par le Réseau National des Génopoles et le Réseau National de Bioinformatique (ReNaBi) par le recrutement d'un ingénieur pour une durée de 12 mois.

Le but du projet BioWorkflow est de fournir aux membres de ReNaBi des éléments objectifs pour l'évaluation des solutions techniques les mieux adaptées aux besoins des plateformes en ce qui concerne **la conception et l'exécution de workflows** ainsi que **l'encapsulation d'outils bioinformatiques**.

Cette évaluation critique de l'état de l'art concernant les techniques de mise à disposition d'outils bioinformatiques (du déploiement à l'utilisation des Web Services aux méthodes de construction de Workflows) favorisera la mise en place d'une infrastructure commune. Le projet dans son intégralité est accessible au format [PDF](#).

Porteur du projet

Le projet est porté par la plateforme MIGALE  
(C. Caron, V. Martin, J.F. Gibrat)  
de l'unité MIG de l'INRA de Jouy-en-Josas.

Plateformes associées en tant que Contributeur

Plateforme Genopole Toulouse  
Sébastien Carrère, Sébastien Letort, Jérôme Gouzy

Plateforme OuestGenopole  
Hugues Leroy, Olivier Collin, F. Moreews,  
Erwan Corre (CNRS FR2424 Station Biologique ROSCOFF)

Partenaires

- UMR CNRS/INRA/Université Evry (Unité Statistiques et Génome - M. Hoebeke)
- UMR CNRS/INRA/Université Evry (Unité de Recherche en Génomique Végétale - F. Samson)
- Pôle bioinformatique Institut Pasteur (C. Letondal, H. Ménager, B. Néron)
- RPBS Universités Paris 5, 6, 7/CNRS/INSERM (P. Tuffery)
- ENST Bretagne, UMR 2872 TAMCIC (P. Picouet)
- SIGENAE (C. Cabau)
- Martin Senger : EBI

site du projet : <http://migale.jouy.inra.fr/bioworkflow>

## Que nous reste-t-il à faire ?

- **Finaliser l'évaluation des clients**
- **Proposer une pondération des critères spécifiques**
- **Utiliser les résultats pour poser les bases d'un réseau de confiance**
  - **recommandations communes**
  - **assurer une qualité de service**
  - **évaluation régulière de la disponibilité**
  - **jeu de tests et documentation pour chaque outil**



## Quelques liens utiles

### Les Serveurs :

<http://soaplab.sourceforge.net/soaplab2/>

<http://www.biowisdom.com/navigation/srs/srs>

<http://lipm-bioinfo.toulouse.inra.fr/biomoby/playmoby/>

### Les Clients :

<http://taverna.sourceforge.net/index.ph>

<http://kepler-project.org/>

<http://www.pasteur.fr/recherche/unites/sis/Pise/mobyle.html>

<http://www.sb-roscoff.fr/SIG/spip.php?rubrique7>

<http://bioinfo.genoploe-toulouse.prd.fr/remora>

## Quelques liens utiles

### **La Méthode :**

<http://qsos.org/>

### **Le Projet :**

<http://migale.jouy.inra.fr/bioworkflow>

<http://genome.jouy.inra.fr/o3s/>

Merci pour votre attention !



Avez vous des questions ?