1. Has escollit el clusterprofiler com a base de les teves anàlisis però segurament has vist que hi ha moltes altres eines que fan coses semblants. Que penses d’aquesta diversitat?  
2. Què et va dur a adonar-te que calia modificar el paquet pathview? Com vas saber que calia fer? Sembla un tema bastant específic.  
3. Saps si el gràfic “Enrichment Map” es basa en el programa del mateix nom (en Java) de Gary Bader?

<https://support.bioconductor.org/p/89013/>

4. Si haguessis de suggerir un pipeline per a l’anàlisi d’una llista de gens que proporciones una “Anàlisi de significació biològica completa” quin seria el teu consell?  
5. En línia amb l’anterior quan recomenaries fer servir ORA o GSEA?  
6. En aquests moments l’aplicació funciona des de un servidor nostre, però hi ha algun motiu per a qeu no l’hgis mirat de posar al servidor public de Shiny? (Shiny.apps.io?)  
7. Suposem que aquesta aplicació té molt d’èxit i comença a fer-la servir molta gent. Què creus que hauries de tenir en compte per evitar que “mori d’èxit”, es a dir per escalar-la adequadament?