

# BioRuby/ChemRuby

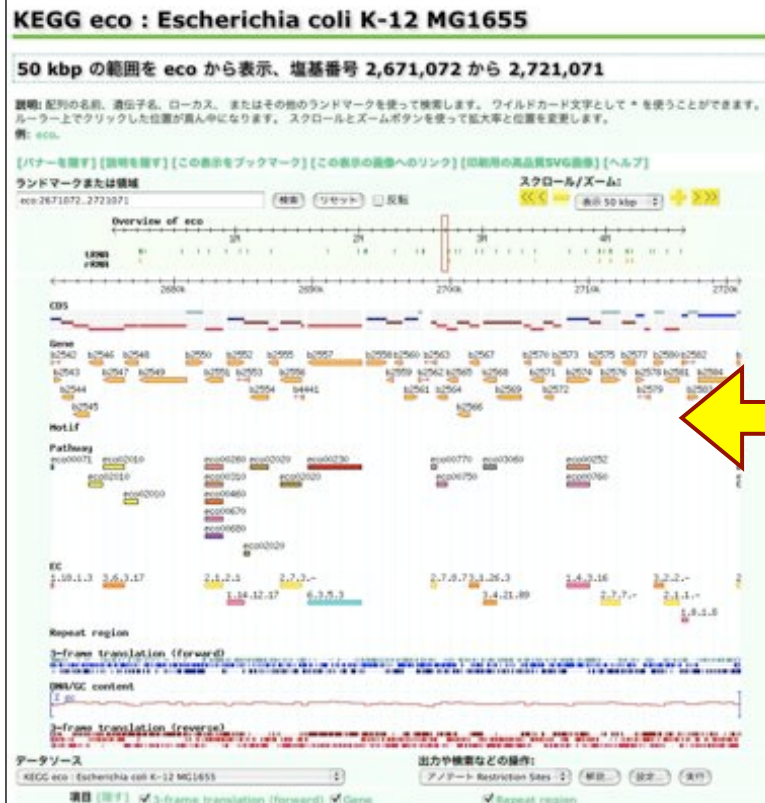
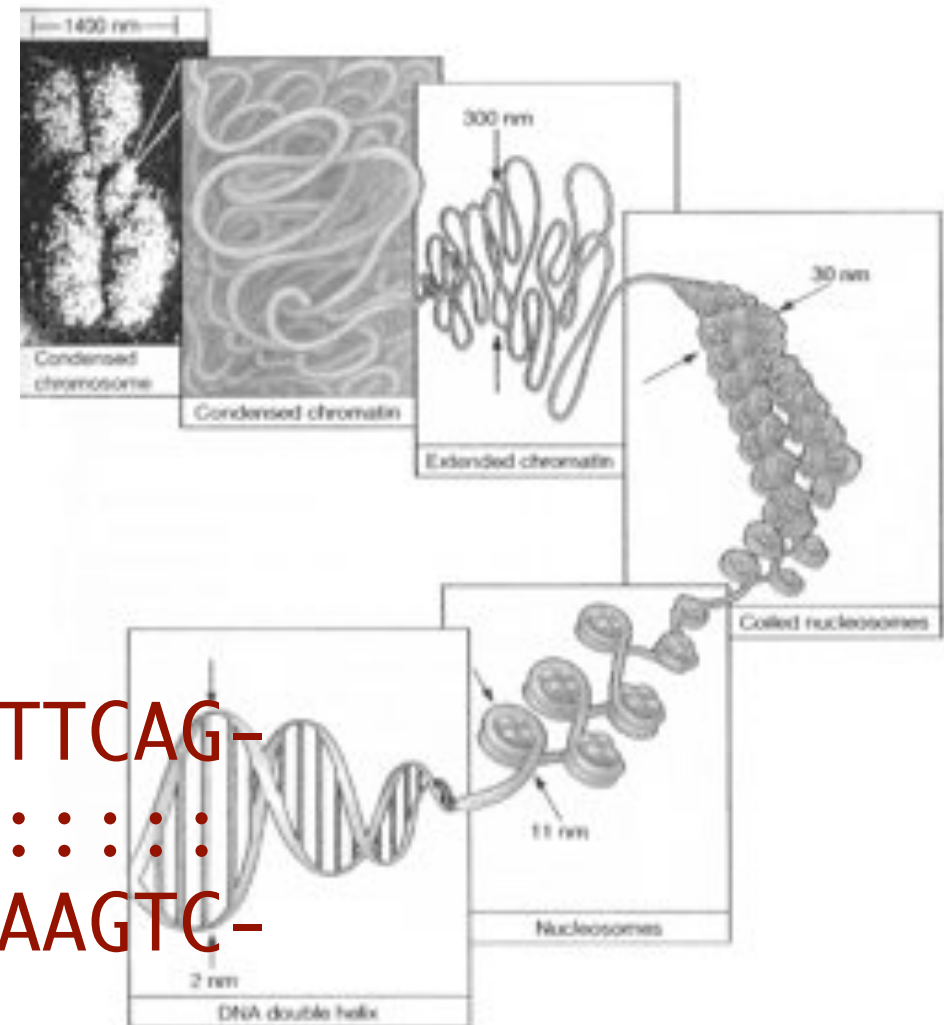
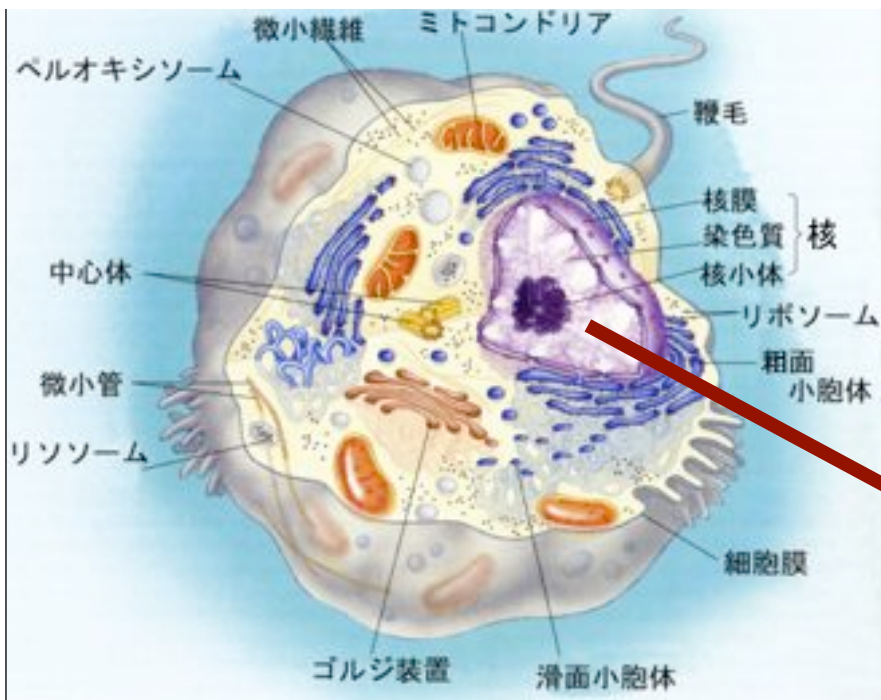
Ruby言語による生物化学情報基盤ライブラリの開発

片山俊明/中尾光輝/後藤直久/田中伸也

IPA未踏ソフト 千葉PM 2005年度上期 成果報告会

# ゲノム

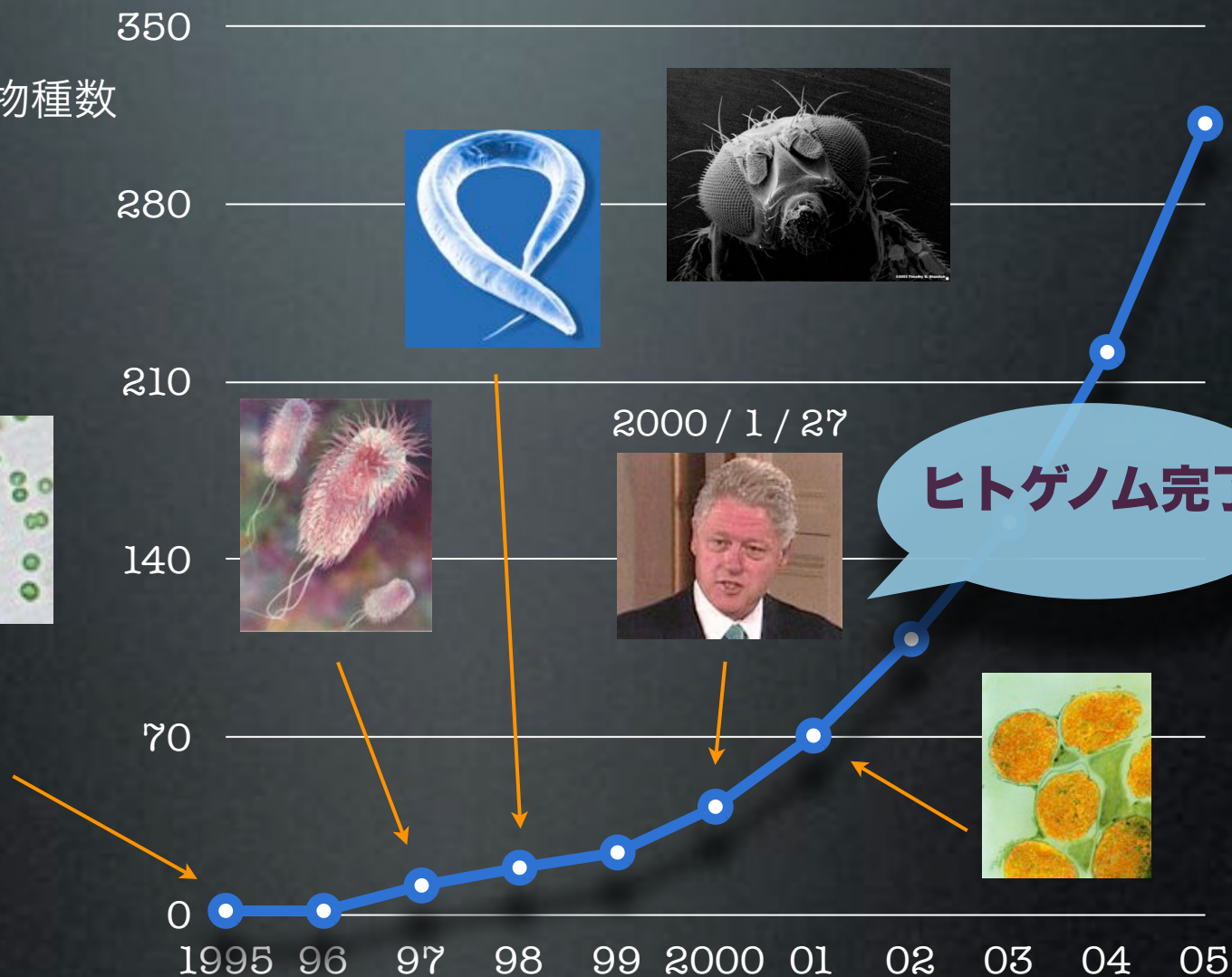
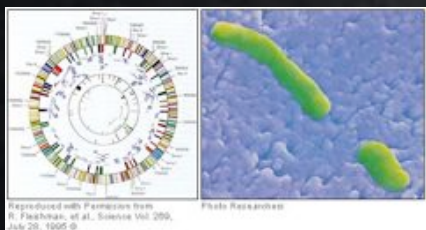
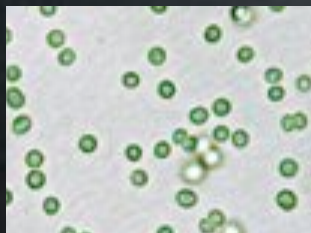
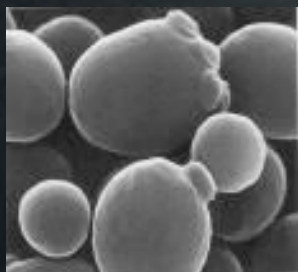
日々更新される膨大な配列情報と  
アノテーション情報 (TB)



← -ATGCTTCAG-  
:::~::~:  
-TACGAAGTC-

# 300生物種以上のゲノム解読が完了

生物種数



2000 / 1 / 27



ヒトゲノム完了



# ヒトゲノムはわかったが

遺伝子はコンピュータに  
例えると部品の一つ

- 回路図（パスウェイ）
- I/Oデータ（化学物質）
- リバースエンジニアリング  
（マイクロアレイ、遺伝子チップ）

まだよく  
わからないな～



## ポストゲノムだ！

# バイオインフォマティクス

## 計算生物学

- \* 配列解析
- \* 立体構造
- \* シミュレーション

## 分子生物学

- \* 遺伝コード
- \* ゲノム
- \* 発現制御
- \* パスウェイ

インターフェース



**BioRuby**

実装



# ケモインフォマティクス

## 計算化学

- \* 量子化学計算
- \* 分子力学
- \* 確率論的計算

## 情報化学

- \* 薬っぽさ
- \* 部分構造マッチ
- \* 対称性
- \* データ検索

インターフェース



**ChemRuby**

実装



# BioRuby + ChemRuby

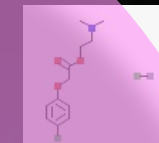
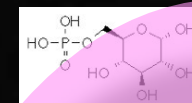
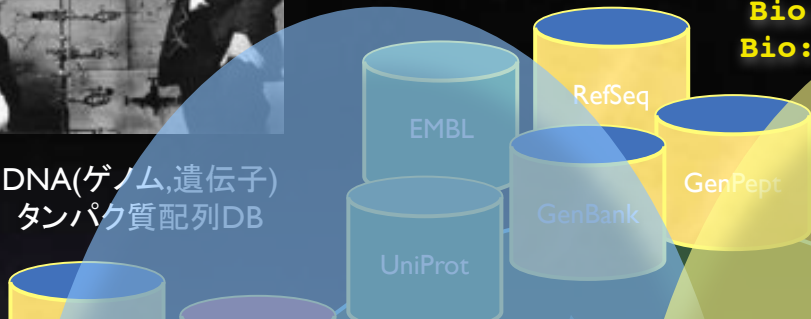


Bio::Sequence

Bio::GenBank,  
Bio::EMBL etc.

LIGAND

DNA(ゲノム, 遺伝子)  
タンパク質配列DB

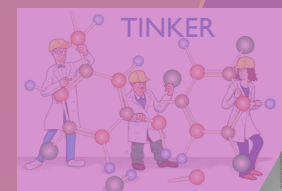
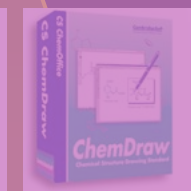


酵素, 化合物DB

各種フォーマット

## 薬

化学計算ソフトウェア



## 遺伝子

## 病気

Bio::Referen

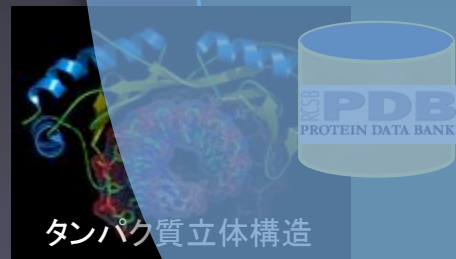
Bio::DA

Bio::KEG  
(SOAP/1

文献情報



E-Utils  
(CGI)



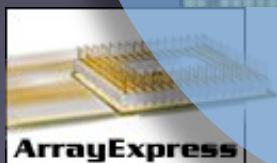
タンパク質立体構造



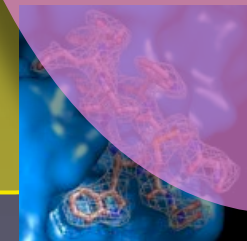
Bio::BLAST,  
Bio::HMMER etc.



遺伝子発現

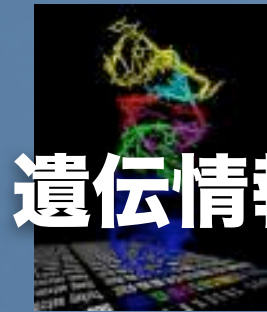


解析ソフトウェア

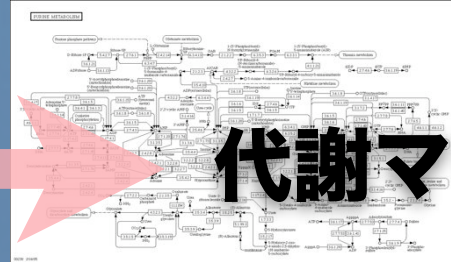




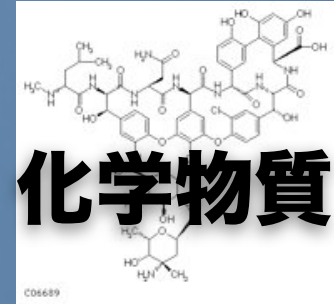
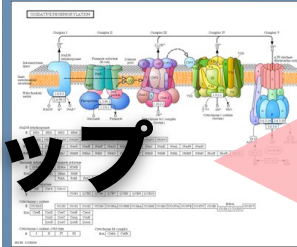
# バイオ・ケモインフォ



遺伝情報



代謝マップ

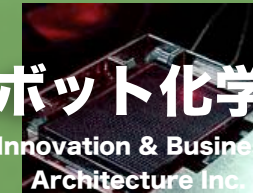


化学物質



遺伝子チップ

新しい実験手法



ロボット化学実験

Innovation & Business  
Architecture Inc.

BioRuby

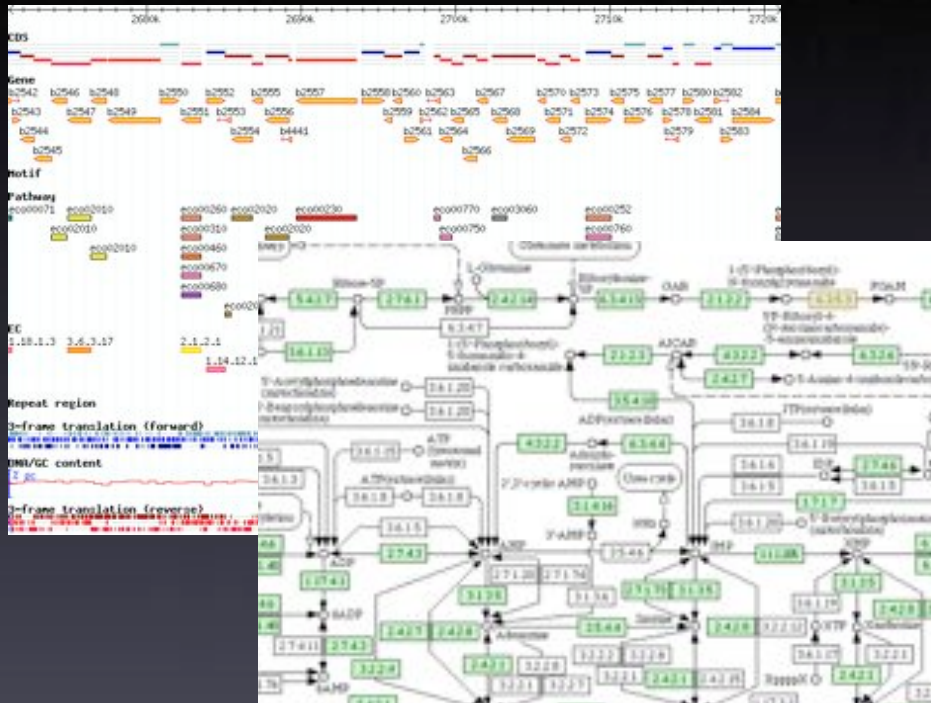


ChemRuby

ゲノム創薬



# 生命の情報表現



## 配列データ (GenBank, UniProt,.....)

```
MMEILRGSPALSAFRINKLLARFQAARLPVHNIYAEYVHFADLNAPLNDDDEHAQLERLLK
YGPALASHAPQGKLLVTPRPGTISPWSSKATDIAHNCGLQQVNRLEKRGVAYYIEAGTLT
NEQWQQVTAELHDMETVFFALDDAEQLFAHHQPTPVTVDLLGQGRQALIDANLRLGL
ALAEIDYLDQAFATKLRNPNDIELYMFAQANSEHCRHKIFNADWWIDGQQPKSLFKM
IKNTFETTPDHVLSAYKDAAVMGSEVGRYFADHETGRYDFHQEPAHILMKVETHNHPT
AISPWPGATGSGGIRDEGATGRGAKPKAGLVGFSVSNLRIPGFEQPWEEDFGKPERIV
TALDIMTEGPLGGAFFNNEFRPALNGYFRTYEEKVNSHNGEELRGYHK
```

## 立体構造 (PDB,.....)

```
HEADER          LIGASE                               15-DEC-04   1VQ3
TITLE           CRYSTAL STRUCTURE OF PHOSPHORIBOSYLFORMYLGLYCINAMIDINE
TITLE           2 SYNTHASE, PURS SUBUNIT (EC 6.3.5.3) (TM1244) FROM
TITLE           3 THERMOTOGA MARITIMA AT 1.90 A RESOLUTION
:
ATOM            1  N   HIS  A   -3      70.636  28.979   8.146  1.00  32.07
ATOM            2  CA  HIS  A   -3      70.436  29.954   7.050  1.00  28.18
ATOM            3  C   HIS  A   -3      69.098  30.657   7.163  1.00  26.01
ATOM            4  O   HIS  A   -3      68.684  31.308   6.214  1.00  29.86
ATOM            5  CB  HIS  A   -3      70.492  29.234   5.702  1.00  33.52
```

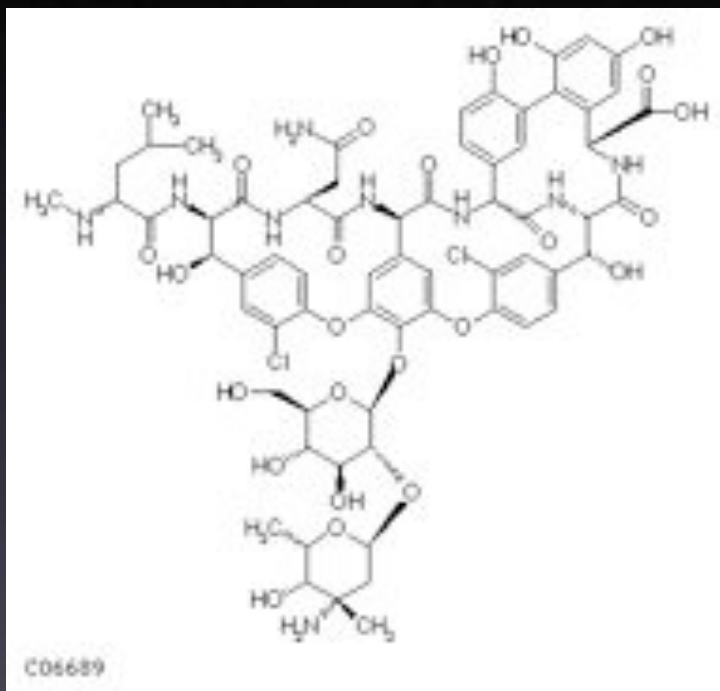
## XML (DAS, KGML,.....)

```
<?xml version="1.0" standalone="yes"?>
<!DOCTYPE DASGFF SYSTEM "http://www.biodas.org/dtd/dasgff.dtd">
<DASGFF>
<GFF version="1.01" href="http://das.hgc.jp/cgi-bin/das/eco/
features?segment=eco%3A2671072%2C2721071">
<SEGMENT id="eco" start="2671072" stop="2721071" version="1.0">
  <FEATURE id="EC:1.14.12.17/7199" label="1.14.12.17">
    <TYPE id="enzyme:KEGG" category="enzyme">enzyme:KEGG</TYPE>
    <METHOD id="enzyme">enzyme</METHOD>
    <START>2683857</START>
    <END>2685047</END>
```

## 発現データ (ArrayExpress,.....)

```
Affymetrix:CompositeSequence:HG_U95Av2:AFFX-HUMGAPDH/M33197_5_at   AFF)
HUMGAPDH/M33197_5_at          IPB000173          1.4.1.16          M33197
ENSG00000111640 7
Affymetrix:CompositeSequence:HG_U95Av2:AFFX-HUMGAPDH/M33197_M_at   AFF)
HUMGAPDH/M33197_M_at          IPB000173          1.4.1.16          M33197
ENSG00000111640 7
Affymetrix:CompositeSequence:HG_U95Av2:AFFX-HUMGAPDH/M33197_3_at   AFF)
HUMGAPDH/M33197_3_at          IPB000173          1.4.1.16          M33197
ENSG00000111640 7
```

# 化学物質の情報表現



## 線形化学表現 (SMILES, InChI,.....)

```
CC1C(C(CC(O1)OC2C(C(C(OC2OC3=C4C=C5C=C3OC6=C(C=C(C=C6)C(C(C(=O)NC(C(=O)NC5C(=O)NC7C8=CC(=C(C=C8)O)C9=C(C=C(C=C9C(NC(=O)C(C1=CC(=C(O4)C=C1)Cl)O)NC7=O)C(=O)O)O)O)CC(=O)N)NC(=O)C(CC(C)C(NC)O)Cl)CO)O)O)(C)N)O
```

## 結合表 (MDL, Tinker,.....)

```
ISISHOST03240423012D 1 1.00000 0.00000 9
5 4 0 0 0 999 V2000
-0.0414 0.1586 0.0000 P 0 0 3 0 0 0 0 0 0
-0.7621 -0.2517 0.0000 0 0 0 0 0 0 0 0 0
0.6759 -0.2517 0.0000 0 0 0 0 0 0 0 0 0
0.1724 -0.6414 0.0000 0 0 0 0 0 0 0 0 0
-0.0414 0.9897 0.0000 0 0 0 0 0 0 0 0 0
1 2 1 0 0 0
1 3 1 0 0 0
1 4 1 0 0 0
1 5 2 0 0 0
M END
```

## XML (CML, CDXML,.....)

```
<?xml version="1.0" encoding="UTF-8" ?>
<!DOCTYPE CDXML SYSTEM "http://www.cambridgesoft.com/
xml/cdxml.dtd" >
<CDXML
CreationProgram="ChemDraw 7.0"
Name="hypericin.mol"
BoundingBox="67.44 97.35 301.63 315.25"
```

## バイナリ (CDX,.....)

```
00000000: 0d6a 4344 3031 3030 0403 0201 0000 0000 .jCD0100.....
00000010: 0000 0000 0000 0000 0000 0000 0300 0e00 .....
00000020: 0000 4368 656d 4472 6177 2037 2e30 0800 ..ChemDraw 7.0..
00000030: 0f00 0000 6879 7065 7269 6369 6e2e 6364 ...hypericin.cd
00000040: 7800 0332 0008 00ff ffff ffff ff00 0000 x..2.....
00000050: 0000 00ff ff00 0000 00ff ffff ff00 0000 .....
00000060: 00ff ff00 0000 00ff ffff ff00 0000 00ff .....
```

# 世界中に数千種のDB







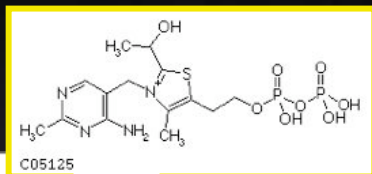
# KEGG 京大で開発され、世界的に広く利用されている代謝パスウェイ中心のDB

片山: KEGG API (SOAP サーバ), KEGG DAS (ゲノムブラウザ) 等の開発

田中: 類似構造検索アルゴリズム開発

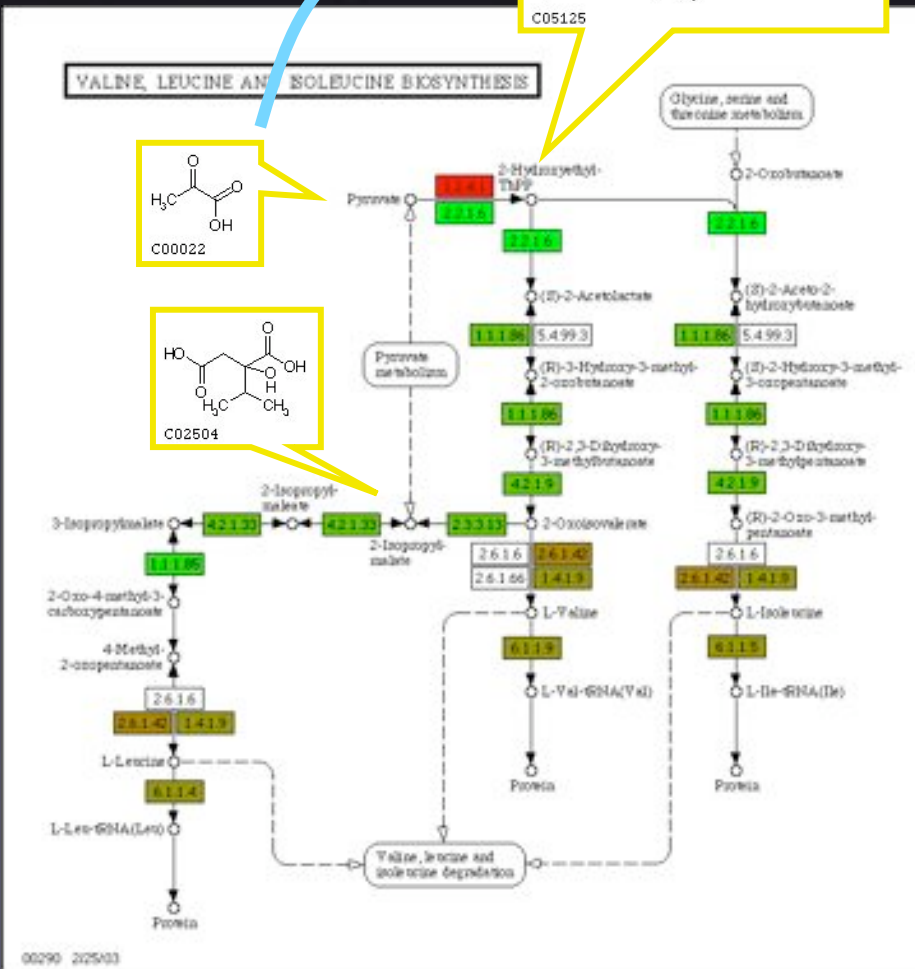
ChemRuby + subcomp

類似構造検索  
創薬ターゲット



Connect  
seamlessly..

BioRuby + KEGG API  
発現変化パスウェイの探索  
定期的な作業の自動化



# 枯草菌のパスウェイ106枚中の1枚(アミノ酸合成経路)に  
# 栄養源枯渇時の遺伝子発現データを色でマッピング

# process KEGG Expression data here...

```
serv = Bio::KEGG::API.new
list = serv.list_pathways(org)
list.each do |path|
  pathway = path.entry_id
  fg_list = Array.new
  bg_list = Array.new
  genes = serv.get_genes_by_pathway(pathway)
  genes.each do |gene|
    fg_list << "#000000"
    bg_list << hash[gene] || "#cccccc"
  end
  url = serv.color_pathway_by_objects(pathway, genes, fg_list,
  serv.save_image(url)
end
```

**ビオ (^.^;) 「BioRubyは生物の情報を  
扱いやすくするのね」**

**ケモ (^.^) 「化学、とくに化合物のデータは  
ChemRubyに任せてよ」**

# コンペティター

規模	カバレッジ	Google
BioRuby	配列、モチーフ、構造、パスウェイ、DB、解析ツール、ウェブサービス	57,800
BioPython	配列、モチーフ、構造、DB、解析ツール	185,000
BioJava	配列、ウェブサービス	243,000
BioPerl	配列、ゲノム、モチーフ、構造、DB、解析ツール	962,000

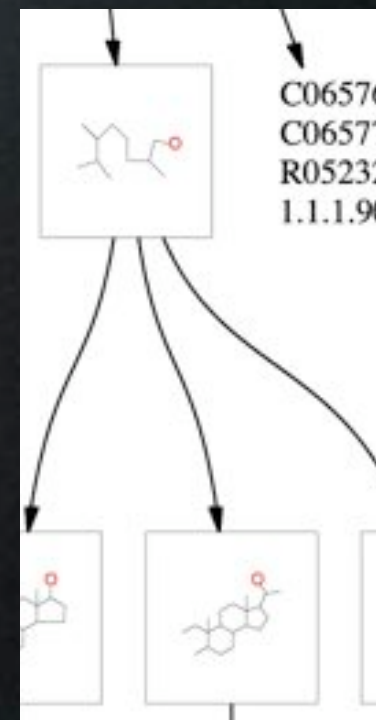


# BioRubyの必要性

- **バイオインフォマティクスの広がり（新規参入増加）**
  - バイオ系から(利用者) >> インフォ系から(開発者)
- **扱うデータは大規模(TB)かつ多種多様**
  - バイオ系ではデータフォーマットの変換でさえハードル
  - プログラミングは避けがたく Perl は広く使われている
    - PCR, 制限酵素 ⇔ my, \$\_, @ISA, デリファレンス???
  - 先行する BioPerl はプロ仕様、日本のユーザは少ない
- **バイオ系利用者でも日常のツールとして使えるものを**
  - Perlと同様にパワフルで記述の分かりやすいRubyで
  - 国内のニーズ、日本語によるドキュメンテーション

# ChemRubyの必要性

- 化合物のDBと表現フォーマットはこれまた多種多様
  - ChemRuby では kcf, sdf, rdf, rxn, mol, msi, g98, cdx に対応
    - フォーマット変換、PDF, PNG, JPEG など画像での出力も可能
    - OpenBabel (sf.net) - 不完全なフォーマット変換ツールは存在
- 計算科学ソフトウェアへのインターフェイス
  - 分子モデリング (tinker)
- 化合物の構造検索アルゴリズム
  - 部分構造検索 (subcomp), グラフとしての幅優先探索
  - フリー&高速なライブラリでバッチ処理が可能



# Rubyであるメリット

- オブジェクト指向で複雑なデータに対応
- 標準添付ライブラリが充実
- Perlと同様、文字列処理に強い
- しかも読みやすい
- 国産である：)



# Java で SOAP/WSDL

## まず Axis をダウンロードしてインストール (省略)

```
% java -classpath axis.jar:jaxrpc.jar:commons-logging.jar:commons-discovery.jar:
  saaj.jar:wsdl4j.jar:. org.apache.axis.wsdl.WSDL2Java -p keggapi
  http://soap.genome.jp/KEGG.wsdl
```

```
% javac -classpath axis.jar:jaxrpc.jar:wsdl4j.jar:. keggapi/KEGGLocator.java
```

```
% jar cvf keggapi.jar keggapi/*
```

```
import keggapi.*;
```

```
class GetGenesByPathway {
    public static void main(String[] args) throws Exception {
        KEGGLocator locator = new KEGGLocator();
        KEGGPortType serv = locator.getKEGGPort();

        String query = args[0];
        String[] results = serv.get_genes_by_pathway(query);

        for (int i = 0; i < results.length; i++) {
            System.out.println(results[i]);
        }
    }
} → コンパイルして実行 (省略)
```

# Ruby で SOAP/WSDL

```
#!/usr/bin/env ruby
```

```
require 'soap/wsdlDriver'
```

```
wSDL = "http://soap.genome.jp/KEGG.wSDL"
```

```
serv = SOAP::WSDLDriverFactory.new(wSDL).create_driver
```

```
serv.generate_explicit_type = true
```

```
puts serv.get_enzymes_by_pathway(ARGV.shift)
```

→ **結果が表示される (おわり)**

# 実行速度より実装速度

- 必要なデータをネットから取得
  - ローカルでデータを加工
  - ネット経由でサーバに計算を投げる
  - 統計処理
  - ビジュアライズ
- 
- 用途によって Ruby はそんなに遅くない

# 未踏でやること

1. ドキュメント整備
2. 高品質化
3. BioRuby 機能追加
4. ChemRuby の開発
5. 普及促進
6. 開発の促進（地理的隔離）



# 未踏でやったこと

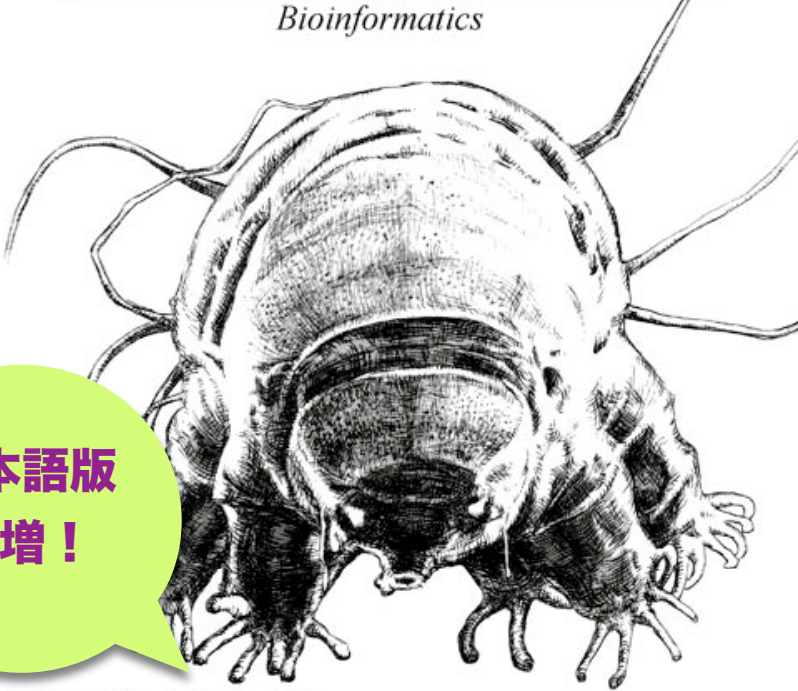
1. チュートリアル作成、APIのRDoc化
2. ユニットテストの追加
3. インタラクティブなシェルの開発
4. ChemRubyによる高速化合物検索
5. 学会発表、講習会の開催
6. 旅費問題が解決→合宿

# 1.ドキュメント整備

- チュートリアル
  - 英文（新規）, 和文（>倍増）
- ガイドライン
  - README.DEV
- RDoc
  - <http://bioruby.org/rdoc/>
  - <http://bioruby-doc.org/>

# チュートリアル

Bioinformatics



日本語版  
倍増！

プログラミング

# BioRuby



By Toshiaki Katayama  
HO'geilly & Associates, Inc.

Bioinformatics



英語版  
新規！

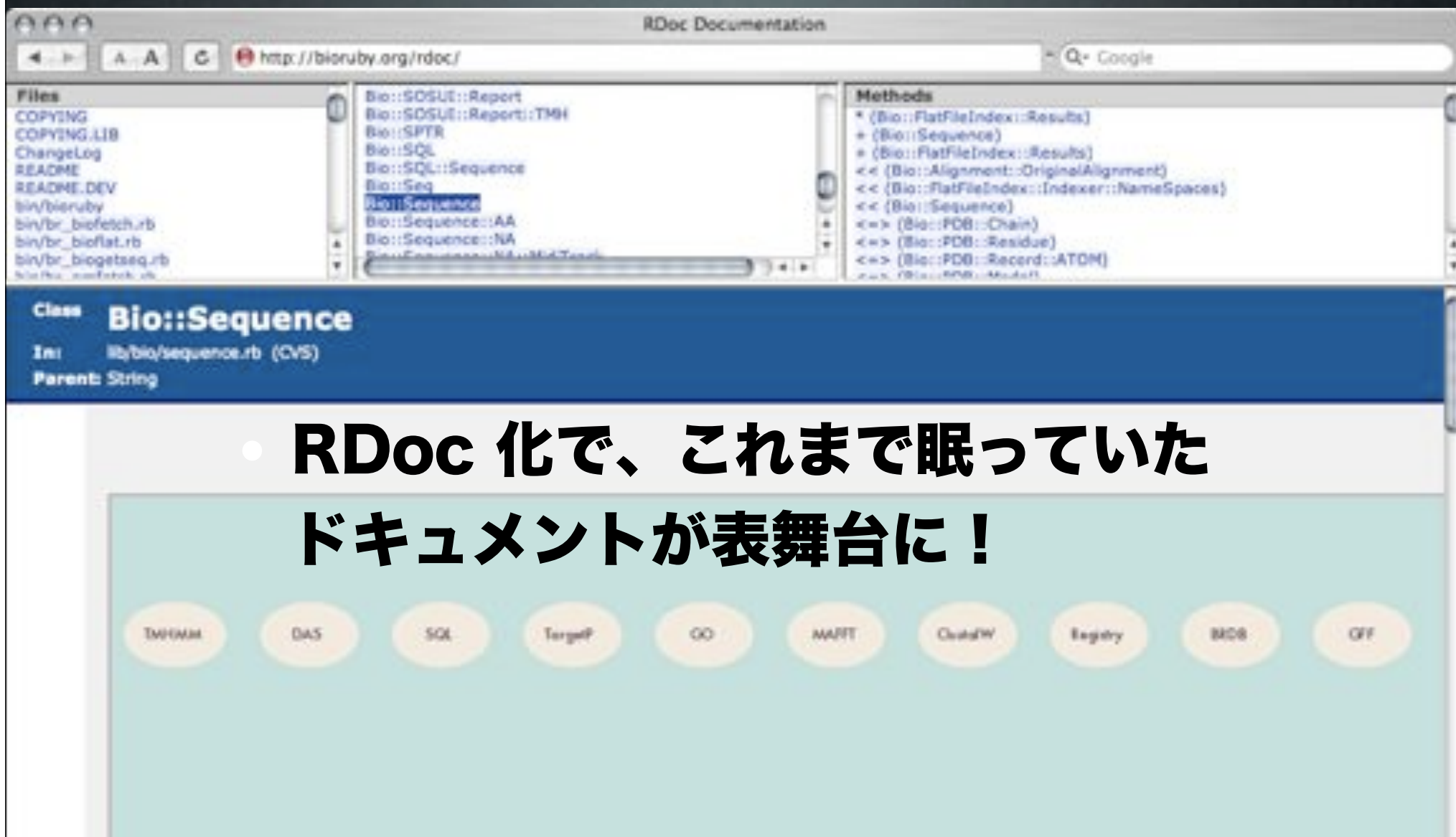
Programming

# BioRuby



By Toshiaki Katayama  
HO'geilly & Associates, Inc.

<http://bioruby.org/rdoc/>  
<http://chemruby.org/rdoc/>



The screenshot shows a web browser window titled "RDoc Documentation" with the address bar containing "http://bioruby.org/rdoc/". The page displays the documentation for the `Bio::Sequence` class. The left sidebar lists files, the middle pane shows the class hierarchy including `Bio::Sequence`, and the right pane lists methods. Below the class information, a blue banner contains the text "Class Bio::Sequence" and "In: lib/bio/sequence.rb (CVS)", "Parent: String". A large white box with a black border contains the text "RDoc 化で、これまで眠っていたドキュメントが表舞台に！". At the bottom, a row of ten circular buttons contains the following labels: "TMM", "DAS", "SQL", "TargetP", "GO", "MAFFT", "QuastW", "Eggy", "BDB", and "GFF".

- **RDoc 化で、これまで眠っていたドキュメントが表舞台に！**



# http://bioruby-doc.org/

The screenshot shows a web browser window with the title "Main Page - BioRubyDoc". The address bar contains the URL "http://bioruby-doc.org/index.php?title=Main\_Page". The page content includes a navigation menu on the left, a main heading "Main Page", a welcome message, a news section, and a "Getting Around" section with a list of links.

**BioRuby doc**

navigation

- Main Page
- Recent changes
- HowTo
- Classes
- Current Development
- Bug Report
- Feature Request
- BioRuby RDoc v0.7.1

links

- BioRuby
- Ruby
- RubyDoc
- RedHanded
- Why's (Poignant) Guide to Ruby

search

Go Search

toolbox

- What links here
- Related changes

Main Page - BioRubyDoc

http://bioruby-doc.org/index.php?title=Main\_Page

Create an account or log in

article discussion view source history

## Main Page

### Welcome to BioRubyDoc

BioRubyDoc is a collaborative informal effort to document useful tips on using [BioRuby](#), a bioinformatics toolkit for the [Ruby](#) programming language. Please feel free to create an account and contribute!

Consider joining the [BioRuby mailing-list](#) for quick answers to your questions.

### News

BioRuby version 0.7.1 was released January 20th. See <http://bioruby.org/> for more information.

### Getting Around

- A collection of [HowTos](#). General information and frequently asked questions.
- [Class](#) specific information.
- Projects currently in [development](#).
- Report any [bugs](#) that you may find.
- Request [features](#) not yet in BioRuby.
- Automatically generated reference [documentation](#) in RDoc format.

# 開発ガイドライン

- **README.DEV** ファイルを書いた
  - コントリビュートの指針
  - ライセンスについて
  - コーディングスタイル
  - 名前空間、`Test::Unit`、`autoload` など
    - **海外からの開発者が増加！**

# 書籍でも紹介

「BioPerlが提供している機能は多いですが、各モジュールがばらばらで開発されているように感じます。その点、プログラミングのしやすさとソースコードの読みやすさではBioRubyに軍配が上がると思います。」



## 2. ユニットテスト

- 科学に用いられるライブラリ→安定性
- 開発にともなう予期せぬ仕様変更

**1006 tests, 1744 assertions**





# 3. 機能追加

- **BioRuby シェルの開発**
- **BioRuby on Rails**
- **autoload による起動の高速化**
- **各種モジュールの新規追加**
- **大幅なリファクタリング**

# シェルの開発

- エンドユーザがスクリプトを書かなくて良いように
- **bioruby** コマンド ( **irb** を流用 )
  - 配列操作、DB入出力などのショートカット
  - ヒストリ
  - オブジェクト保存
  - スクリプト生成

# BioRuby シェル

```
% bioruby kumage  
Loading config (session/config) ... done  
Loading object (session/object) ... done  
Loading history (session/history) ... done
```

```
...BioRuby in the shell...
```

```
Version : BioRuby 0.8.0 / Ruby 1.8.4
```

```
bioruby> kuma = seq("gb:AF237819")  
bioruby> kuma.translate
```



# BioRuby on Rails

BioRuby shell on Rails

http://localhost:3000/shell/show/kuma

## BioRuby shell on Rails

Inheritance [String] < [Object]

Mix-in [ ActiveSupport::CoreExtensions::String::StartsEndsWith ] | [ ActiveSupport::CoreExtensions::String::Inflections ] | [ ActiveSupport::CoreExtensions::String::Conversions ] | [ ActiveSupport::CoreExtensions::String::Access ] | [ Enumerable ] | [ Comparable ] | [ WEBrick ] | [ Base64::Deprecated ] | [ Base64 ] | [ PP::ObjectMixin ] | [ Kernel ]

**Local variables**

- k
- kuma
- s

LOCUS AF237819 171 bp DNA linear INV 08-APR-2000

DEFINITION *Milnesium tardigradum* fushi tarazu (fts) gene, partial cds.

ACCESSION AF237819

VERSION AF237819.1 GI:7527479

KEYWORDS .

SOURCE *Milnesium tardigradum*

ORGANISM *Milnesium tardigradum*  
Eukaryota; Metazoa; Tardigrada; Eutardigrada; Apochela;  
Milnesiidae; Milnesium.

REFERENCE 1 (bases 1 to 171)

AUTHORS Telford,M.J.

TITLE Evidence for the derivation of the *Drosophila* fushi tarazu gene from a Box gene orthologous to lophotrochozoan Lox5

JOURNAL *Curr. Biol.* 10 (6), 349-352 (2000)

PubMed 10744975

REFERENCE 2 (bases 1 to 171)

AUTHORS Telford,M.J. and Thomas,R.W.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (22-FEB-2000) Dept. Zoology, Natural History Museum, Cromwell Road, London SW7 5BD, UK

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..171  
/organism="Milnesium tardigradum"  
/mol\_type="genomic DNA"

# autoload 化

起動時間 `ruby -r bio -e 0` が 30 倍高速に!

```
% repeat 10 { time ruby -r bio -e 0 }
```

```
-----  
0.6.4:                0.74s user 0.16s system          1.082 total  
0.7.0 (9/10):         0.01s user 0.01s system          0.033 total
```

**1.082 秒**  
→ **0.033 秒**

# こまごまと追加ライブラリ

- **パスウェイ関係**
  - **Bio::KEGG::KGML**
- **制限酵素、siRNA**
  - **Bio::RestrictionEnzyme, Bio::SiRNA**
- **遺伝子発現データ**
  - **Bio::KEGG::EXPRESSION**
- **表示系**
  - **Bio::ColorScheme**

# 4. ChemRuby

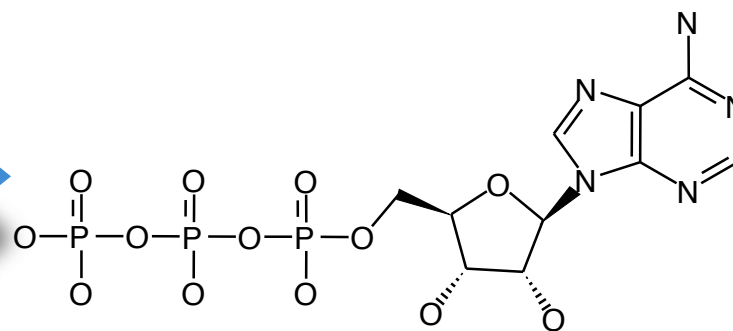
- 様々な化合物データフォーマットのパース
- 化合物のフォーマット変換
- PDF, PNG, JPEG などでの画像出力
- 化学計算ソフトウェアとのインターフェイス
- 構造が類似の化学物質を高速に検索



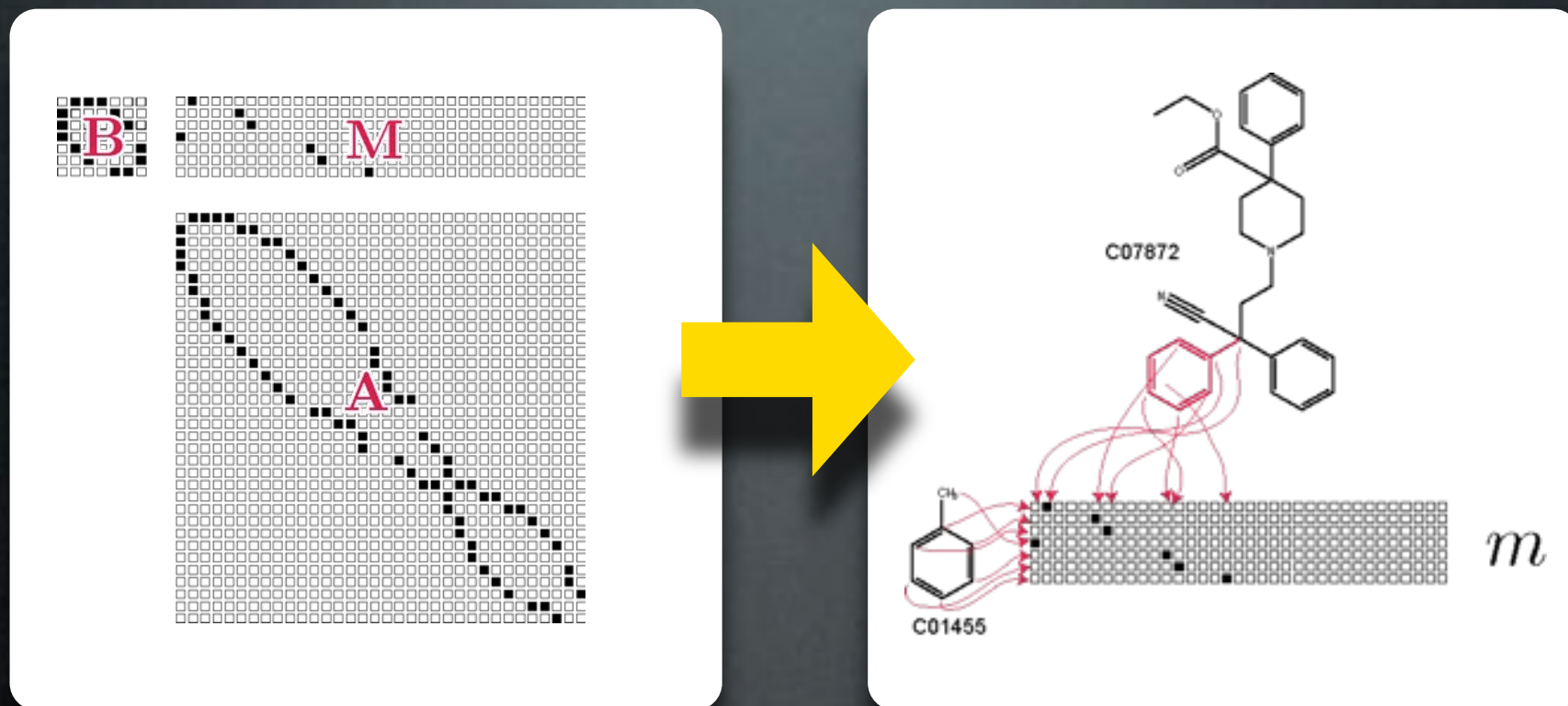
# 化学物質の入出力

- 様々な化合物のフォーマット変換
- RMagickで PNG, JPEG 画像にも
- **独自のPDF描画エンジン**

```
require 'chem'  
mol = Chem.open_mol("ATP")  
mol.save("ATP.pdf")
```

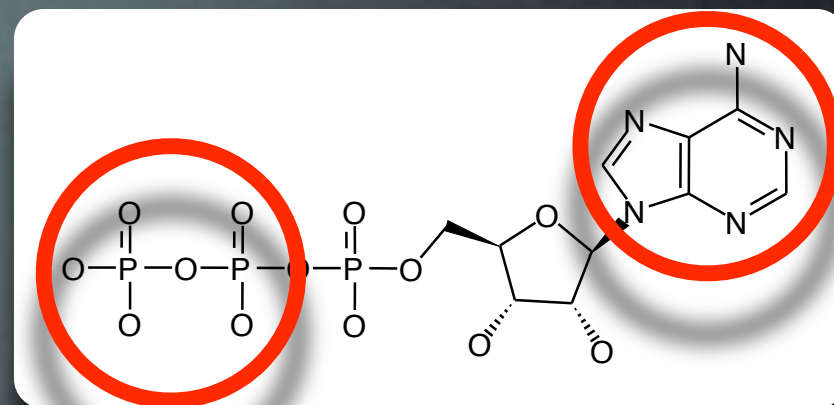


# 化合物検索エンジン



化学版 Rast !?

# 物質の性質を予測



Before



After



# 薬理活性 X !?

化学物質の構造と性質



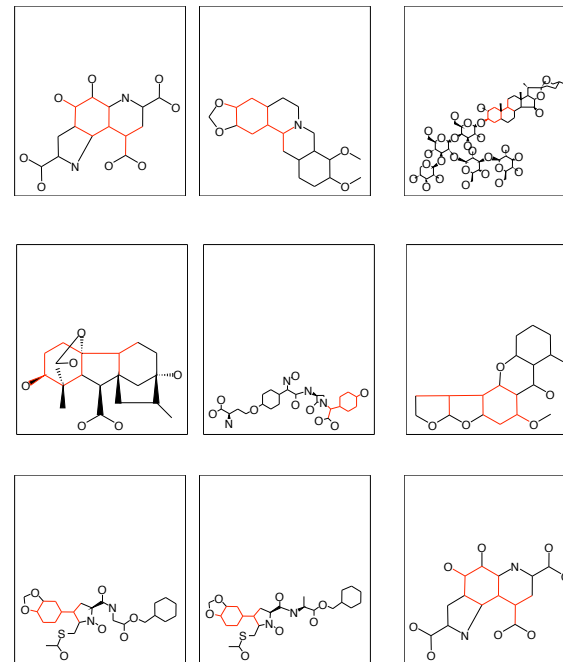
Machine Learning



ChemRubyで



構造検索 / 視覚化





# 5. 普及の促進

- **BOSC2005**
- **第4回 関西Ruby勉強会**
- **EGIS 人材養成実習**
- **かずさゲノム情報利用ワークショップ**
- **神奈川科学技術アカデミー講習会**
- **分子生物学会**
- **第2回オープンバイオ研究会**
- **Genome Informatics Workshop**

# BOSC2005

- Bioinformatics Open Source Conference
- 2005/06/23
- @デトロイト







# BioRuby/ChemRuby実習

- 科学技術振興調整費 ゲノム情報科学教育機構の人材養成講義

バイオインフォマティクス人材養成プログラム「ゲノム情報科学研究教育機構」

http://www.bic.kyoto-u.ac.jp/egis/index\_j.html

ホーム+ ニュース (3366)+ ラボ+ BioRuby+ バイオインフォ+ Mac+ ソフトウェア+ アンテナ+ Bookmarklet+ Accessing+ つまみし+

Tutorial-Java | KDoc Documentation | Tutorial2nd | 探す genome2005 | バイオインフォマティクス

バイオインフォマティクス人材養成プログラム

**ゲノム情報科学研究教育機構**

JAPANESE | ENGLISH

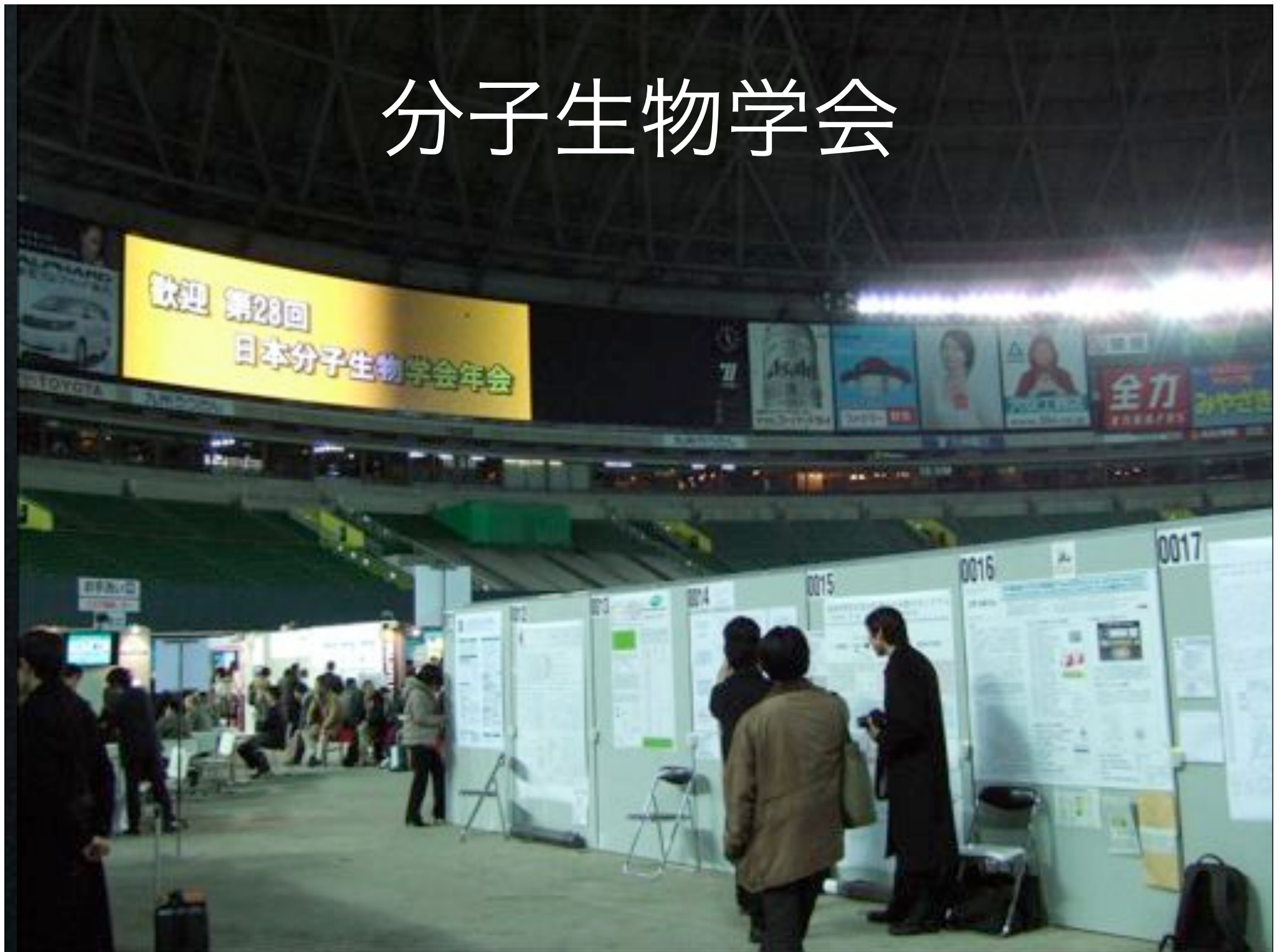
最新科目  
最新日程  
セミナー  
行事  
担当教員  
人材養成対象者  
募集  
アーカイブ

ゲノム情報科学研究教育機構は、科学技術振興調整費により京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンターと東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センターが連携して、以下のバイオインフォマティクス人材養成を行うプログラムです。

- 日本バイオインフォマティクス学会が策定した新しいカリキュラムを用いた大学院教育
- 京大化研-東大医科研-京大薬学部のテレビ会議システムによる遠く回の講義
- コース管理システムWebCTと講義ビデオライブラリCALを用いたe-learning
- ボストン大学(米国)およびフンボルト大学(ドイツ)のバイオインフォマティクスプログラムとの国際交流
- 大学院生とポストドクトラルフェローに対する先導的な研究指導
- 民間や公的機関からの受託研究員に対する短期間の研修



# 分子生物学会



# 6. 開発の促進

- **合宿**
  - **7月：都ホテル東京**
  - **8月：シアトルカフェ梅田、田中邸**
  - **9月：軽井沢 NII セミナーハウス**
  - **10月：かずさDNA研究所、京大**
  - **12月：福岡、かずさ**
  - **1月：銀座 BizCube**
  - **2月：安来苑、大江戸温泉物語**





**開発に専念!**

**地理的隔離を解消!**

**温泉で疲れも解消!**

# 未踏による開発の進展

ウェブ : GUI

シェル : CUI

BioRuby/ChemRuby

Ruby : 文字列処理, 正規表現, 入出力, Test::Unit, SOAP

新規開発

ユニットテスト

ドキュメント



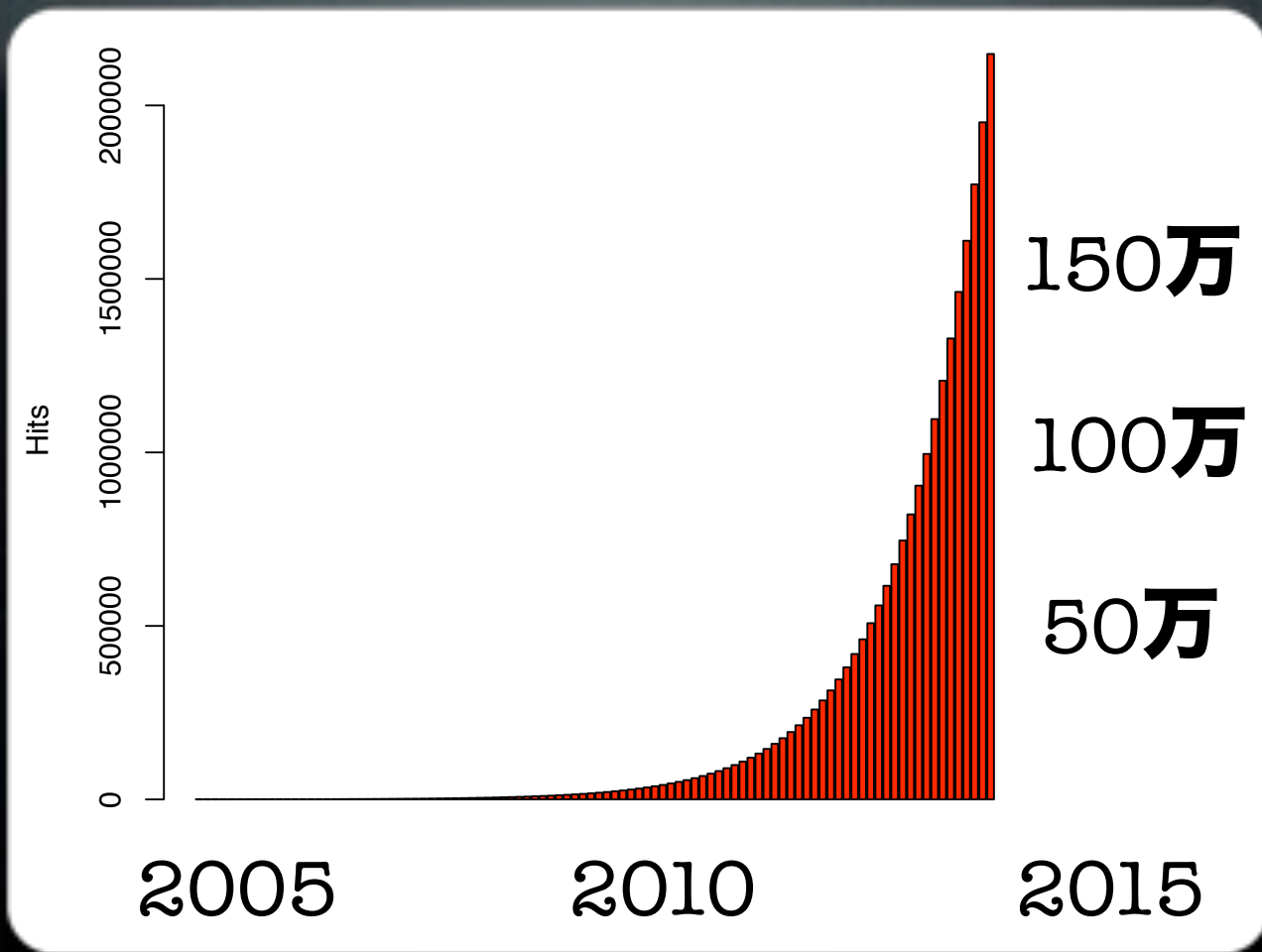
# 配布サイト

<http://bioruby.org/>

<http://chemruby.org/>



ダウンロード数の伸び



**ダウンロード数の伸び**

# デモ

- **クマムシの遺伝子の配列を（ネットが使えないので）ファイルから開く**
- **表示してみる**
- **タンパク質に翻訳**
- **ウェブで確認してみる**
- **音楽にしてみる**





# クマムシとは

- 苔などに棲んでいて、ヨチヨチ歩きます
- 東大の駐車場から南極までどこにでもいます
- 乾くと tun 状態に変形します→水に戻すと蘇生

## 変形すると

- 耐乾燥: 何年間も乾眠します
- 耐温度: マイナス272℃～プラス151℃の環境に耐えます
- 耐X線: 57万レントゲンでもOK (ヒトの致死線量は500)
- 耐圧力: 微生物も死に絶える3000気圧の倍6000気圧OK
- 耐真空: 真空中に晒してもOK

詳しくはコチラ → <http://kumamushi.net/>

牙

疋

# まとめ

遺伝子配列（生物）や化学式（化学）から  
着メロが作れるようになった

# まとめ

生物学、化学のデータを自由に扱える  
Ruby用のオープンソースライブラリ  
BioRuby/ChemRuby を開発した