

# 第1回オープンバイオ研究会

2005/3/11-12@JAIST

w/ SIG-BMK

<http://open-bio.jp/>

# オープンバイオ研究会とは

- オープンソースを中心としたリソースの開発・推進
  - ミーティング
  - ドキュメンテーション



- オープンバイオBoF@GIW2004(第0回)
  - 40~50名の参加者、15プレゼンテーション
    - KNOB, Community, GBrowse, SOKOS, BioPython, BioConductor, BioRuby, ChemRuby, G-language, Biojava, JAMBO, Ensembl, Omic Space, Xgrid, SO

# 今回は

- ショートプレゼンテーション
  - BioPerl
  - BioRuby
  - G-language
  - SayaMatcher
  - KNOB
- ハンズオンセミナー
  - 実際に体験

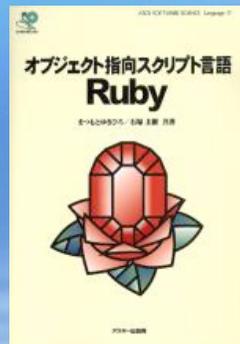
# BioRuby.project ("introduction")

東大医科研・片山俊明

k@bioruby.org



# BioRubyとは



用のBioPerlみたいなバイオインフォ系ライブラリ

藍鈴 蓮珠

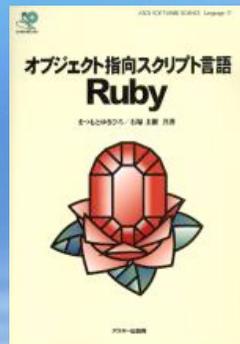
2000年秋頃@arrayや%hashで頑張るPerlのデータ構造やリファレンスとかpackageに耐えられなくなり、↑を読んで約3日で騙されたようにRubyに改宗、bioruby.orgドメイン取得

(BioPerlが大きすぎてどこから手をつければいいのかよく分からなかっただけ、という噂も...)

当時、京大化研の金久研にいた、中尾氏、奥地氏らと共に作成開始、インターネットを通じて阪大の後藤氏や海外の開発者も参加

BioHackathon, BOSC などのイベントを通じて、BioPerl, BioPython, BioJava など海外のプロジェクトとも交流を図りつつ、現在に至る

# BioRubyとは



(BioPerlがブ

当時、京大化研の金久研にいた、中尾氏、奥地氏らと共に作成開始、インターネットを通じて阪大の後藤氏や海外の開発者も参加

BioHackathon, BOSC などのイベントを通じて、BioPerl, BioPython, BioJava など海外のプロジェクトとも交流を図りつつ、現在に至る

- Bio::Sequence, Location, Feature, Alignment クラス
  - 塩基配列、アミノ酸配列の取り扱い
  - 組成、スプライシング、翻訳、ウィンドウサーチなど
- Bio::DB 系クラス
  - データベースのパパーザ
  - GenBank, UniProt, **PDB**, KEGG etc.
- Bio::Appl 系クラス
  - **Blast/Fasta**/ClustalW などを実行し結果をパースするファクトリ
  - **Blat, Sim4, Spidey**, Genscan, Sosui, Psort, TargetP etc.
- Bio::IO 系クラス
  - データベースやウェブサービスの入出カインターフェイス
  - Web Service (SOAP, REST)
    - **KEGG API, DDBJ XML**, BioDAS etc.
  - OBDA (Open Bio Database Access)
    - BioRegistry, BioSQL, BioFetch, **BioFlat** etc.
- Bio::PubMed, Bio::Reference クラス
  - 文献データベース検索、BibTeX などのフォーマット
- Bio::Pathway, Bio::Relation クラス
  - グラフ、2項関係の演算