



国立遺伝学研究所共同研究会

生物情報資源の構築・提供側にとっても、利用者側にとっても
嬉しい環境を求めて: GRID、Web services、言語など

2003年12月3日(水)

国立遺伝学研究所 ゲストハウス2階会議室

インターネットとWEBの普及によって移動中のラップトップからでも生物情報を容易に閲覧できるようになった。一方で、分散したサイトで提供されている生物情報資源を組み合わせる必要に迫られることが多々あるが、検索・閲覧に比べて、こうした統合利用は未だ困難である。データ構造やデータの記述様式が標準化されていないからである。

しかし、それぞれのサイトが作り上げてきたシステムを標準システムに統一することもまた困難である。これに対して現実的と思われるのが、相互運用性を実現する技術を駆使して、統合利用が可能な環境を構築することである。

今回は、Webサービス、GRID、コンピュータ言語そして統合システムの観点から相互運用性について幅広い議論を期待する。

- 09:30-09:40 開会
- 09:40-10:30 重元康昌 (富士通)
 - Web servicesの事例: BioMobyとGBIF
- 10:30-11:20 宮崎 智 (遺伝研)
 - Web servicesによるe-Workbenchの実現
- 11:20-12:20 荒木次郎 (三菱総研)
 - JSTで提供するゲノム解析統合環境: Genome Scenarioの紹介
- 12:20-13:30 昼食
- 13:30-14:20 荒川和晴 (慶大)
 - G-language Genome Analysis Environment
- 14:20-15:30 松田秀雄 (阪大)
 - グリッド技術によるデータベース連携環境
- 15:30-16:00 coffee break
- 16:00-16:50 小長谷明彦 (理研)
 - OBIGRID: グリッドによるバイオインフォマティクス環境の実現
- 16:50-17:40 伊藤武彦 (三菱総研)
 - ヒト遺伝子基盤データベースプロジェクト: HAL/HGREPの紹介
- 17:40-18:00 閉会
- 18:00- 懇親会(予定)

参加申込(参加費無料)

<http://www.wdcm.org/cib/intop/index.html>

国立遺伝学研究所 生命情報・DDBJ研究センター データベース運用開発研究室