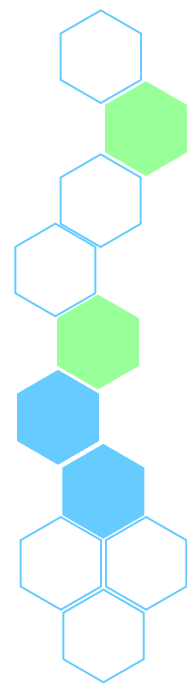


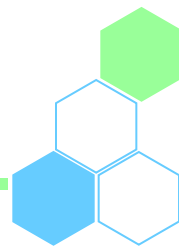
# BioRuby

後藤 直久

[ngoto@gen-info.osaka-u.ac.jp](mailto:ngoto@gen-info.osaka-u.ac.jp)

大阪大学微生物病研究所附属遺伝情報実験センター





# 自己紹介

- 名前: 後藤直久 (ごとうなおひさ)
- 所属: 大阪大学微生物病研究所附属遺伝情報実験センター ゲノム情報解析分野 助教
  - 専門
    - バイオインフォマティクス
    - ゲノム情報解析
    - 分子進化



ngoto@gen-info.osaka-u.ac.jp, ng@bioruby.org



<http://www.gen-info.osaka-u.ac.jp/~ngoto/>



@ngotogenome



<http://jp.linkedin.com/in/ngoto>



# 本日の内容

---

- BioRubyの概要
- 最新のソースに触ってみる
  - バージョン管理ツールGit
  - Git共有リポジトリGitHub
- ~~テストコードの書き方~~



# BioRubyとは？

---

- Ruby言語で書かれたバイオインフォマティクス用ライブラリ+各種ツール
- オープンソース・フリーソフトウェア
- <http://bioruby.org/>
- <http://github.com/bioruby/bioruby>

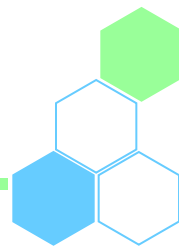


# 論文が出ました

Naohisa Goto, Pjotr Prins, Mitsuteru Nakao, Raoul Bonnal, Jan Aerts, Toshiaki Katayama. (2010)  
BioRuby: bioinformatics software for the Ruby programming language. *Bioinformatics* 26(20): 2617-2619.

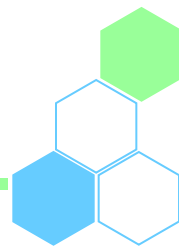
<http://bioinformatics.oxfordjournals.org/content/26/20/2617.abstract>

(購読者以外でも全文を読めます)



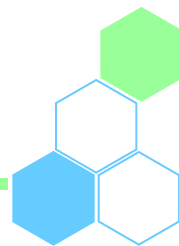
# BioRubyの規模

- ファイル数
  - ライブラリ本体: 約 230
  - ユニットテスト: 約 120
  - サンプルスクリプト: 約 70
- 行数(コメント・空行を除く)
  - ライブラリ本体: 約 3万5千行
  - ユニットテスト: 約 2万2千行
- class/moduleの数
  - 約 580 クラス・モジュール
  - 約 2800 メソッド(private除く)



# BioRubyの歴史

|                 |   |
|-----------------|---|
| 2000/11/21      | BioRubyプロジェクト開始(片山、中尾、奥地)                                   |
| 2001/06/21      | バージョン0.1リリース  |
| 2001/07/19      | Bioinformatics Open Source Conference (デンマーク) ライトニングトーク(奥地) |
| 2001/10/24      | バージョン0.3 リリース・CVSレポジトリ開始                                    |
| 2001/11/17      | 第1回BioRuby宴会(京都)  |
| 2001/12/15      | バージョン0.3.3 リリース(現存するChangeLogの最初の日付)                        |
| 2002/02         | BioHackathon (南アフリカ)参加(片山)                                  |
| ...             |   |
| 2005/06-2006/02 | IPA未踏ソフトウェアプロジェクト   |
| ...             |   |
| 2005/07/09      | 第4回関西Ruby勉強会にて発表(後藤・河野)                                     |
| 2006/02/24      | バージョン1.0リリース・未踏成果報告会@品川                                     |
| ...             |   |
| 2006/12         | Phyloinformatics Hackathon (アメリカ)参加(片山、後藤)                  |
| 2008/2          | DBCLS BioHackathon (東京)                                     |
| 2009/3          | DBCLS BioHackathon2009 (東京・沖縄)                              |
| 2009/12/29      | バージョン1.4.0 リリース   |
| 2010/2          | DBCLS BioHackathon2010 (東京)                                 |
| 2010/8          | 論文アクセプト   |



# BioRubyの良いところ

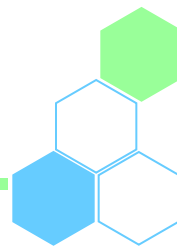
- 継続
  - もうすぐ10周年
- 国際的プロジェクト
  - 海外からも参加
  - 世界のオープンソースバイオ開発者との交流
- 学術的成果: 論文
- IT 系コミュニティとの関係
  - Ruby コミュニティ: Ruby勉強会@関西, RubyKaigi
  - IPA 未踏プロジェクト
  - Google Summer of Code





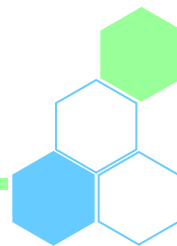
# 問題点

- リリースマネージメント不足
  - 新バージョンのリリース間隔が空いてしまう
- レビューアー不足
  - 新しいコードを試してくれる人があまりいない
  - 他のソフトやデータの準備が必要な場合が多いのも一因
- ドキュメント不足
  - チュートリアルやHowTo が少ない
- 使用例不足
  - ブログなどの記事が少ない
  - サンプルスクリプトも多くない



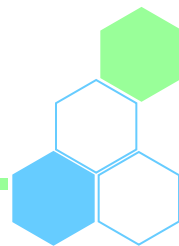
# 今後の予定

- 新バージョンリリース
  - 今週中には何とか
- プラグイン機能
  - 開発の敷居を下げる
- Ruby 1.9.2 完全対応
- ドキュメントの充実
  - HOWTO, チュートリアルetc.
- 新機能
  - セマンティックウェブ関係
  - 次世代シーケンサー関係



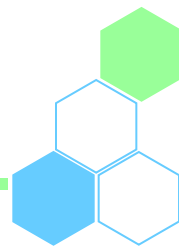
# 最新のBioRubyに触ってみよう

- BioRubyの開発版の最新のソースはGitHubにある
  - <http://github.com/bioruby/bioruby>
  - バージョン管理システムGitを使用
- GitHub
  - Git の共有リポジトリを設置できるサーバーのひとつ
    - オープンソースソフトウェアの公開の開発には無料
    - 非公開(指定したユーザー間のみで共有)は有料
- GitHubの「fork」機能を活用
  - GitHub上の他のコードから簡単に「分岐」できる
    - ソースの取得だけならforkしなくてもOKだが
    - BioRubyに取り込んでもらいたい場合はほぼ必須
      - 自分のコードを他の人に見てもらいたい場合も便利



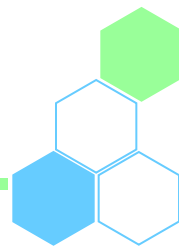
## GitHub上でのフォーク(分岐)

- 1. 登録する(とりあえず無料プランでOK)
- 2. <http://github.com/bioruby/bioruby> にアクセス
- 3. 「フォーク (fork) 」ボタンを押す
  
- これで自分用BioRubyリポジトリの準備完了
  - [http://github.com/\\*\\*\\*\\*\\*/bioruby](http://github.com/*****/bioruby)
  - (\*\*\*\*\* は登録したユーザー名)
  - 自分(登録者)と別途指定した共同開発者は書込可能
    - <http://github.com/bioruby/bioruby> はコアメンバーのみ書込可能



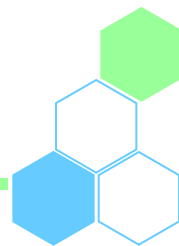
# ソースコードのバージョン管理

- バージョン管理システムとは？
  - 追加や変更の履歴を記録してくれるソフト
    - 記録時にその変更に関する説明メモを同時に残すのが通例
      - ファイルとは別にその説明メモも管理してくれるのが普通
  - いつでも昔の状態に戻れる
  - 任意のバージョン間の差分の閲覧もできる
- BioRubyのバージョン管理
  - ～2001年10月(リリースバージョン0.3より前): 手動？
  - 2001年10月～2008年8月: CVS
  - 2008年8月～: Git



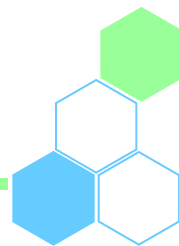
# バージョン管理システム *Git*

- 「ぎっと」と読む
- 分散型バージョン管理システム
- フリーソフトウェア
- 創始者:リーナス・トーバルズ (Linus Torvalds)
  - Linuxの作者
  - Linuxカーネルのソースコード管理用に開発開始
    - それ以前はBitKeeperという商用ソフトを使っていた
  - 2005年春～7月頃
- 現在のメンテナ: Junio Hamano (濱野 純)
  - 2005年7月頃～現在



# インストール

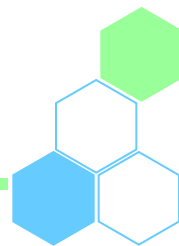
- UNIX / Linux
  - パッケージをインストール、またはソースからビルド
- Mac OS X
  - git-osx-installer
    - <http://code.google.com/p/git-osx-installer/>
  - または、MacPorts または fink
- Windows
  - msysgit
    - <http://code.google.com/p/msysgit/>
    - 事前にPuTTYまたはWinSCPをインストールしておくとい
    - 改行コードの取り扱いに注意
      - インストール時に「Checkout-as-is, commit-as-is」選択が無難



# Gitの利点

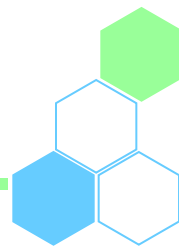
- 速い
  - 巨大なLinuxカーネルソースをストレスなく扱える速さ
- 複数ファイル・ディレクトリ対応
  - CVSはファイル単位の履歴記録だった
- 分散型
  - サーバーや共有ディレクトリ無しでも使用可
    - コミット(変更の記録)にネットワーク接続不要
  - もし壊れても他のリポジトリからの復旧が容易
- 管理用ディレクトリは1レポジトリ1か所のみ (.git)
  - CVS やSubversionは各ディレクトリに再帰的にばらまく
- GitHubなど優れた共有リポジトリの存在





# Gitの欠点とその対策

- コマンドがたくさんあってわかりにくい
  - よく使う10個くらいのコマンドだけ覚えておけばOK
- ネット上の情報が新旧混ざっている
  - 古いバージョンの情報が出てくると混乱しがち
    - 急速に発展したソフトなので仕方ない
  - 少なくとも2007年以前の情報は無条件に捨ててください



# BioRubyソースの取得

- git clone (または git-clone) コマンド

- (フォークしていない人)

```
git clone git://github.com/bioruby/bioruby.git
```

(httpしか通らない環境の場合)

```
git clone http://github.com/bioruby/bioruby.git
```

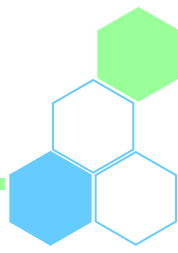
- (フォークした人)

```
git clone https://****@github.com/****/bioruby.git
```

(\*\*\*\* は登録ユーザー名)

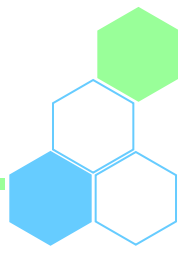
または

```
git clone git://github.com/****/bioruby.git
```



# これまでの履歴を見る

- git log コマンド
- 変更されたファイルの情報付きで見たい
  - git log -stat
- パッチ付きで履歴を見たい
  - git log -p
  - 合わせ技もOK: git log -p --stat



# Gitのコミットの指定方法

- 各コミットは16進数40桁のコミットIDを持っている
  - 長いので省略可能
    - (偶然の重複がなければ)先頭5-6ケタ入力すればOK
  - 基本はコミットIDで指定
- 最新のコミットは常に「HEAD」

# ソースを変更する

---



- お好みのエディタを使ってソースを変更

# 差分を見る

---



- git diff コマンド

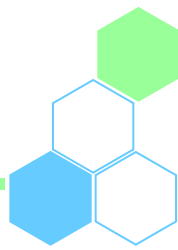


# 新ファイルの追加・既存ファイル変更の一時記録

- git add コマンド
  - 例: `git add sample/my_example.rb`
- 新ファイルの場合
  - そのファイルを追加
    - まだ最終確定ではない
- 既存ファイルの場合
  - そのファイルへの変更を一時記録
    - まだ最終確定ではない
- git add 済みの変更点を見るには
  - `git diff --cached`

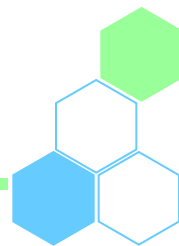
# 現在の状況を確認

---



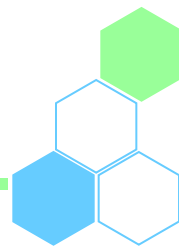
- git status コマンド





# 変更の記録

- git commit コマンド
- (git add 済の場合)
  - git commit
    - git add で指定済の変更を記録
- (既存ファイルで git add していない場合)
  - git commit ファイル名...
- (既存ファイルへの全変更を取り込みたい場合)
  - git commit -a
- エディタが起動してコミットメッセージを書き込む



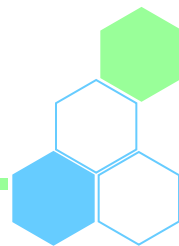
# 直前のコミットを変更したい

- `git commit --amend`
  - 典型的にはコミットメッセージのみ変更
  - `git commit --amend` 前に `git add` ファイル名 しておくと、そのファイルへの変更も追加で取り込む。
  - 「履歴」自体を改変している



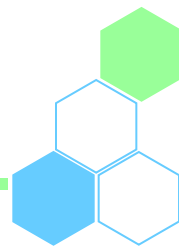
# ファイルの削除・名前変更・移動

- 削除: `git rm` コマンド
  - 例: `git rm sample/test000.rb`
  - まだ最終確定ではない(`git add` に相当する操作)
  - 確定するには `git commit` を実行
  
- ファイル名変更・移動: `git mv` コマンド
  - 例: `git mv sample/test000.rb sample/test001.rb`
  - まだ最終確定ではない(`git add` に相当する操作)
  - 確定するには `git commit` を実行



# 変更のキャンセル

- 間違えたので元の状態に戻したいとき
- git reset コマンド
  - 例: commit をあきらめたのでレポジトリの状態に戻したい
  - git reset --hard HEAD
    - 追加/削除したファイルも元に戻る
    - 実は任意のコミットIDの状態に戻せるが、git reset は履歴も含めて完全に「無かった」ことにしてくれるので、生半可に使うと危険



# ブランチの作成

- Git はブランチを簡単に作成できる
  - Git の利点のひとつ
- ブランチの一覧: `git branch`
  - `git branch`
    - 最初に作成されるブランチの名前は”master”
- ブランチの作成: `git branch` コマンド
  - `git branch` ブランチ名
- ブランチへの移動: `git checkout` コマンド
  - `git checkout` ブランチ名
  - ブランチを作成してそこに移動
    - `git checkout -b` ブランチ名



# あるファイルだけ特定の状態にしたい

- git checkout コミットID ファイル名...
  - まだ最終確定ではない、つまり後で git commit が必要



# ブランチの変更をマージ

- git merge コマンド
  - git merge ブランチ名
  
- git の変更の伝播方法
  - “Fast-Forward”
    - 履歴が一直線になる場合
    - 基本的にはこちらだけを使いたい
  - “merge”
    - いわゆるマージ

# GitHubに変更を転送



- git push コマンド
  - 例: git push origin master





# GitHubの変更を取り込む

- git pull
  - 作業ディレクトリの変更も行う
- git fetch
  - リモートのリポジトリから変更情報を取得するだけ
  - マージは行わない