

COBITIS: COmputational BIology TOols Interoperability Schema

U. Pozzoli, G. Menozzi⁽¹⁾, L. Riva⁽¹⁾⁽²⁾ and Manuela Sironi⁽¹⁾

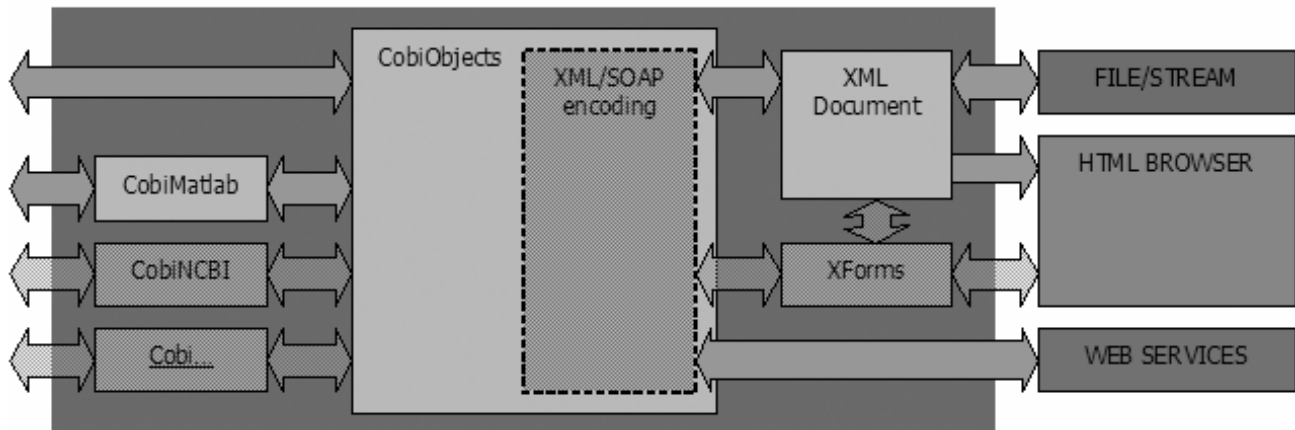
⁽¹⁾IRCCS E. Medea, Associazione La Nostra Famiglia, 23842 Bosisio Parini (LC) -Italy

⁽²⁾Department of Biomedical Engineering, Polytechnic University, Milan -Italy

Keywords: XML, SOAP, Interoperability, C++, Matlab.

Abstract

L'utilizzo programmatico di algoritmi in biologia computazionale presenta quasi sempre parecchie difficoltà. Spesso gli autori scelgono di pubblicare i propri algoritmi mediante interfacce web che ne facilitano l'impiego da parte di un utente umano ma ne rendono impraticabile l'utilizzo all'interno di un processo di elaborazione più complesso da parte di un qualsiasi sistema software. Il problema è ancora più limitante quando l'algoritmo deve essere usato ripetutamente. Anche la disponibilità di versioni compilate o addirittura del codice sorgente non risolve completamente il problema. Infatti, a prescindere dalle difficoltà di installazione/integrazione, vi è pur sempre da risolvere il problema del formato in cui i dati sono richiesti e i risultati forniti. Una soluzione parziale e intuitivamente praticabile è la standardizzazione del formato dei dati. Molti tentativi sono stati fatti in questa direzione ma nessuno ha raggiunto lo scopo di definire un formato generalmente accettato e utilizzato se non in ambiti specifici o all'interno di singole organizzazioni. L'utilizzo di formati definiti mediante schemi XML consente agli algoritmi di identificare il tipo dei dati forniti. L'utilizzo di uno schema XML può risultare assai efficiente se, ad esempio, gli algoritmi possono comunicare mediante SOAP. Abbiamo sviluppato una serie di strumenti in C++ e in modo indipendente dalla piattaforma che consentono l'implementazione di algoritmi in grado di scambiare dati secondo COBITIS; un semplice schema XML. Tali strumenti consentono la trasformazione di dati da diversi formati a COBITIS, l'implementazione di applicazioni client e server che comunicano via SOAP consentendo l'utilizzo remoto e distribuito di algoritmi. In particolare abbiamo sviluppato un server accessibile mediante web services e due client: uno web che sfrutta XSLT per la visualizzazione dei dati risolvendo molti problemi nell'implementazione delle interfacce e uno che consente di accedere al server da Matlab. Riteniamo che, pur rinunciando a imporre qualsiasi ontologia sui dati, questo modello possa risolvere parecchi dei problemi relativi all'utilizzo programmatico di algoritmi in biologia computazionale.



Rappresentazione schematica delle funzionalità degli strumenti di Cobitis