

MetaStanza

片山俊明・守屋勇樹・川島秀一
ライフサイエンス統合データベースセンター (DBCLS)
株式会社PENQE, 株式会社えにしテック

LODチャレンジ2021 データ活用部門 優秀賞 授賞式 (2022-03-13)

MetaStanza

NoCodeで、SPARQLの結果やJSON, CSV, TSV等のデータを可視化し、ウェブアプリに組み込みたい

- ショーケース
 - <http://dev.togostanza.org/metastanza/>
- GitHubレポジトリ
 - <https://github.com/togostanza/metastanza>
- デプロイ先
 - <https://togostanza.github.io/metastanza/>

The screenshot displays the MetaStanza web application interface. At the top, there is a navigation bar with the TOGO STANZA logo and links for About, Showcase, MetaStanza, Documents, and FAQ. Below the navigation bar is a red banner with the title "Showcase - MetaStanza" and a paragraph of introductory text. The main content area is divided into several sections:

- Tree:** A hierarchical tree diagram showing a structure of nodes and branches.
- Barchart:** A bar chart showing data points across a range of values (1 to 12).
- Piechart:** A pie chart showing the distribution of data across different categories.
- Linechart:** A line chart showing data points across a range of values (1 to 31).
- Scatterplot:** A scatter plot showing data points across a range of values (0 to 3).
- Scorecard:** A scorecard displaying a single value, "seq_length 5592".
- Text:** A text block containing a large amount of raw data or code.
- Pagination-table:** A pagination table showing a range of values (1 to 31) and a search bar.
- Hash-table:** A hash table showing a key-value pair: "Title: Human IP8 cell_20187-P25" and "Description: Proteome analyses of human induced pluripotent stem cell line (20187-P25) were carried out using a bio-meter monoclonal silica C18 capillary column without neofur-formulation. Toxic".
- Scroll-table:** A scrollable table with columns "location_lamprot" and "location", showing multiple rows of data.

MetaStanza

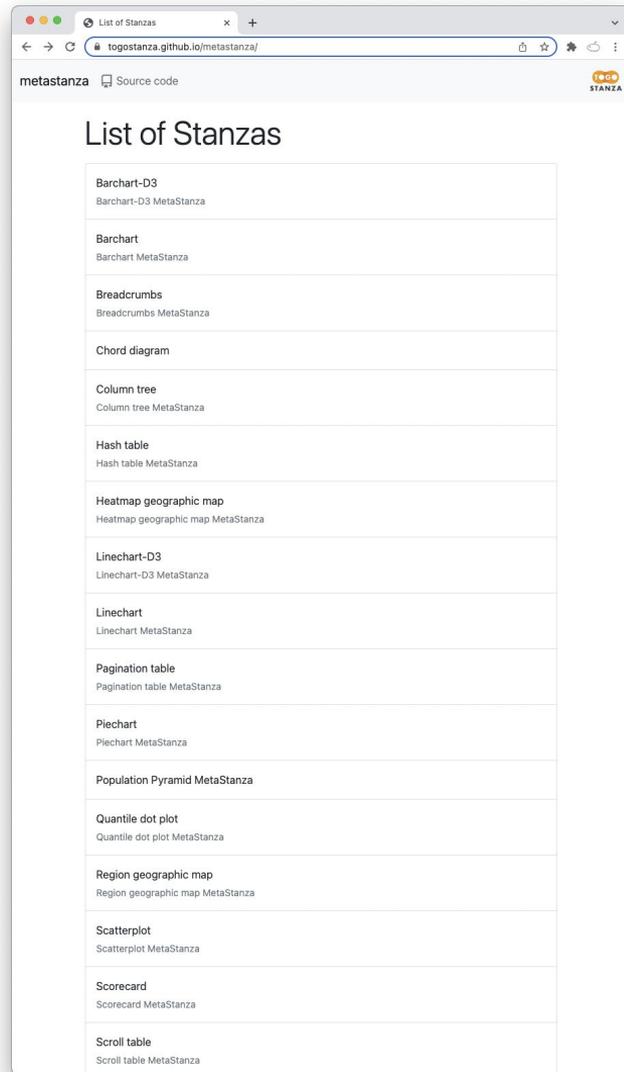
— — —

現状公開中

- 高機能HTMLテーブル
 - ソート、検索、型指定とsprintf表記、ページネーション
 - カラム固定、URLリンク、最大文字長指定、HTMLエスケープなど
- 棒グラフ・円グラフ・折れ線グラフ
- デンドログラム
- スキャッタープロット
- テキスト表示（Markdown対応）

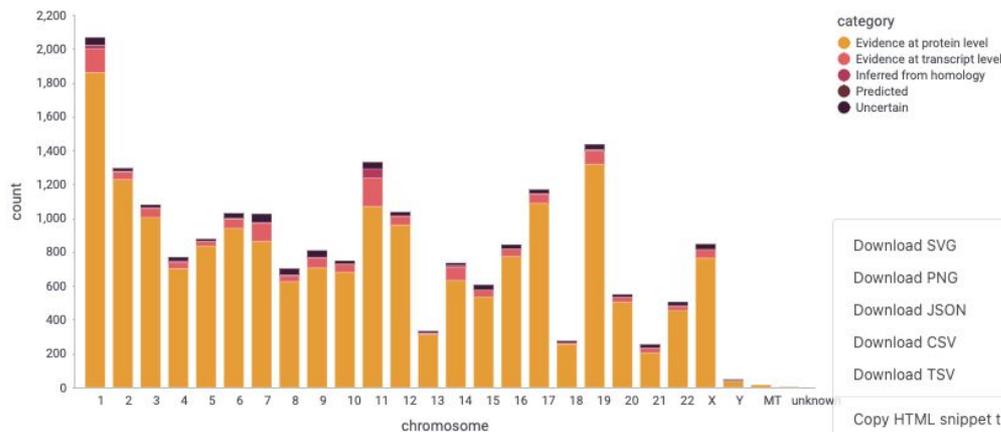
現在開発中

- Treemap, Heatmap, Chord, Sunburst, ベン図、地図
- パンくず、カラムブラウザ、時系列、人口ピラミッドなど
- MetaStanza間のイベント連携
- 読み込んだデータの加工など高機能化



共通機能

- SPARQL検索結果、ウェブ上のTSV, CSV, JSONなどを読み込み可能
- 全MetaStanzaに共通のCSSをテーマとして設定可能
- インフォボタンから、画像として保存、データを保存、再現HTMLのコピー、ヘルプページへのリンク



共通テーマ

- ショーケースから選択

```
<link rel="stylesheet"
href="https://togostanza.github.io/togostanza-themes/official/bright.css">
```

- ダウンロードして変更
 - マイテーマを公開

<https://github.com/togostanza/togostanza-themes>

The screenshot displays the MetaStanza website interface. At the top, there's a navigation bar with 'About', 'Showcase', 'MetaStanza', 'Documents', and 'FAQ'. The main content area features a 'Showcase - MetaStanza' section with a red header. Below this, there are several data visualization examples: a tree diagram, a bar chart, a pie chart, a line chart, a scatterplot, a scorecard, a text block, a pagination table, a hash-table, and a scroll-table. A 'Themes' sidebar is open on the right, showing a list of themes with 'Customize' options. The 'Bright' theme is selected, and its 'Apply your stylesheet' button is visible. The website URL is <https://togostanza.org/metastanza/>.

MetaStanza

埋め込み方を対話的にカスタマイズ可能

- パラメータ Parameters
 - データソース (SPARQL, TSV/CSV, JSON)
 - 軸などの指定
 - 表示の有無や位置
- デザイン Styles
 - フォント
 - 色

右上の黒背景テキストボックスに表示されるHTMLを、埋め込みたいページに追記するだけで完了

The screenshot displays the 'Barchart' configuration interface. The 'Parameters' section includes:

- chart-type:** single-choice dropdown set to 'stacked'.
- data-uri:** string input 'https://sparql-support.dbcls.jp/sparql/api/m'.
- data-type:** single-choice dropdown set to 'json'.
- value:** string input 'count'.
- category:** string input 'chromosome'.
- group-by:** string input 'category'.
- category-title:** string input (empty).
- value-title:** string input (empty).
- width:** number input '400'.
- height:** number input '300'.
- padding:** number input '50'.
- padding-inner:** number input '0.1'.
- padding-outer:** number input '0.4'.
- axis-placement:** single-choice dropdown set to 'bottom'.
- axis-placement:** single-choice dropdown set to 'left'.
- xgrid:** single-choice dropdown set to 'false'.
- ygrid:** single-choice dropdown set to 'true'.
- xtick:** single-choice dropdown set to 'false'.
- ytick:** single-choice dropdown set to 'true'.
- xlabel-max-width:** number input '200'.
- ylabel-max-width:** number input '200'.
- xlabel-angle:** string input (empty).
- ylabel-angle:** string input (empty).

The code block on the right shows the following HTML snippet:

```
<script type="module" src="https://togostanza.github.io/metastanza/barchart.js" async>
</script>
<togostanza-barchart
  chart-type="stacked"
  data-uri="https://sparql-support.dbcls.jp/sparql/api/metastanza_multi_data_chart"
  data-type="json"
  category="chromosome"
  value="count"
  group-by="category"
  category-title=""
  value-title=""
  legend-title=""
  width="400"
  height="300"
  padding="50"
  padding-inner="0.1"
  padding-outer="0.4"
  axis-placement="bottom"
  xaxis-placement="left"
  xgrid="false"
  ygrid="true"
  xtick="false"
  ytick="true"
  xlabel-max-width="200"
  ylabel-max-width="200"
  xlabel-angle="0"
  ylabel-angle="0"
  xlabel-padding="5"
  ylabel-padding="5"
  xlabel-alignment="left"
  ylabel-alignment="right"
  xtitle-padding="10"
  ytitle-padding="10"
  bar-width="0.8"
  legend="true"
  legend-padding="10"
  metastanza-menu-placement="top-right"
></togostanza-barchart>
```

The preview shows a stacked bar chart with 'count' on the y-axis (0 to 2,000) and 'chromosome' on the x-axis (1 to 22, X, Y, Mt, unknown). The legend indicates categories: Evidence at protein level (blue), Evidence at transcript level (green), Derived from homology (orange), Medicated (red), and Unclustered (purple).

MetaStanzaの設定 → <https://togostanza.github.io/metastanza/>

データソース

- data-url
 - SPARQL, JSON, CSV, TSVが取得できるURLを指定
 - 注: GitHubにデプロイ済のMetaStanzaを使う場合はHTTPSアクセスの必要あり
- data-type
 - JSON
 - TSV
 - CSV
 - SPARQL Results JSON

データの準備

- data-url
 - `https://example.org/hoge.json`
 - `https://example.org/hoge.tsv`
 - `https://example.org/hoge.csv`
 - `https://example.org/sparql?query="select * where { ... }"`
- data-type
 - LODチャレンジ2017受賞作品[SPARQList](#)で、SPARQL検索結果を都合の良いJSON, TSV, CSVに加工するAPI化をしても良い
 - SPARQLの場合、可視化方法によって、結果に含めておくべき項目に注意

MetaStanzaの設定 → Pagination tableの場合

表データのカスタマイズ

- <https://togostanza.github.io/metastanza/pagination-table.html>

ここでカラム設定のJSONが複雑ですが...

- ```
[{"id":"id","label":"Accession","link":"uniprot"}, {"id":"mnemonic","label":"Mnemonic"}, {"id":"name","label":"Proteinname"}, {"id":"mass","label":"Mass","type":"number"}, {"id":"location_name","label":"Subcellularlocation","link":"location_uniprot","type":"category"}]
```

## 下記JSONオブジェクトの配列

- id: カラムのID
- label: カラムの表示名
- type: 検索条件のUIが変わる
  - 文字列 (デフォルト)
  - 数値 (number)
  - カテゴリ (category)
- link: `<a href>`に使うカラムのID
  - `<a href=uriカラム>値</a>`
- escape: 値のHTMLをエスケープしない
- rowspan: 縦に同じ値の場合に省略表記する
- fixed: スクロール時に固定する行・列数
- align: 左・中央・右揃え
- sprintf: フォーマット文字列
- lineClamp: 表示行数指定
- charClamp: 表示最大文字列長設定
- class: カラムごとの追加クラス名
- target: リンク時のターゲット属性

# MetaStanzaの「無いとき～、有るとき～」

---

これまでのウェブ開発



- それぞれの「表」や「チャート」などの各可視化をスクラッチから開発
  - → 同じような機能を何度も開発...
  - → 時間がなくて機能が不足しがち...
- 単一ページに様々な要素をハードコード
  - → 他のウェブサイトでの再利用は困難
  - → 同様な機能が欲しい場合は真似して開発するしかない

MetaStanzaによるウェブ開発

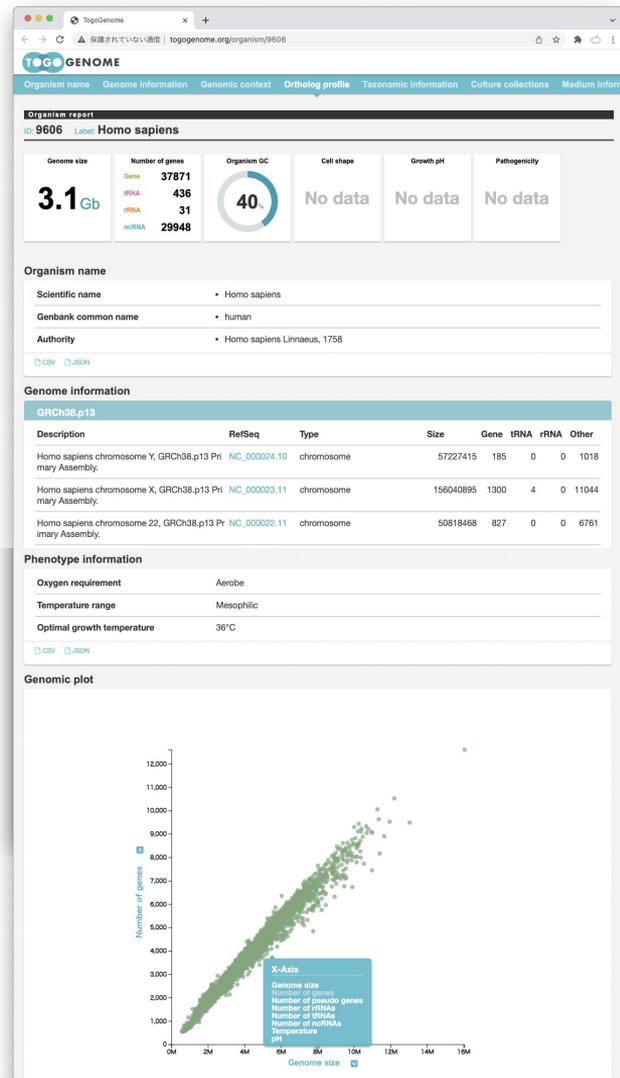


- 表示するデータそのものに注力
  - → NoCodeで様々な機能が利用可能
  - → テーマとカスタムCSSによるデザインのカスタマイズ
- WebComponentsでパーツをモジュール化
  - → 一度作った機能が再利用可能
  - → ページの中で並べ替えや位置調整するだけでレイアウト完了
- 可視化パターンや機能が足りないときは
  - 鋭意開発中ですので、ご相談ください！
  - 良いものができたら [OpenStanza](#) に！

# 開発経緯

これまでに様々なウェブデータベースを作ったり、開発の支援をしていく中で、求められているものの多くは「表やチャート」であり、車輪の再開発をしていることに気づいた

- TogoStanzaという汎用フレームワークを開発
  - HTMLで表現できるどのような可視化でも可能
  - Vue, React, Svelteなども利用可能
  - WebComponentsとして任意のページに埋め込み可能
- TogoStanzaを用いて、よくある可視化のベストプラクティスをMetaStanzaとして公開
  - NoCodeでデータを流し込み、カスタマイズするだけ



# 活用事例

----

## 日本人のゲノム変異データベース

TogoVarでは、MetaStanzaを利用することで高機能な表示の開発コストを軽減

一方で、科学データベースで利用してみることにより、指数表記の指定やHTMLによるカスタマイズ、追加のCSS指定などのニーズに気づきも

The screenshot displays the TogoVar web interface. At the top, the header includes the TogoVar logo and navigation links. The main content area is titled "Gene Report" for "ALDH2, aldehyde dehydrogenase 2 family member". Below this, there are fields for HGNC/Approved name, Ensembl ID, Alias, NCBI Gene, Chromosomal Location, and RefSeq ID.

The "Clinical significance" section features a search bar and a table of results. The table columns include TogoVar ID, rs#, Position, Title, Clinical significance, Review status, Last evaluated, and Condition(s). The table lists several entries with different significance labels like "Pathogenic", "drug response", "protective", and "risk factor".

Below the clinical significance table is the "Genome-wide association study" section, which also includes a search bar and a table with columns for TogoVar ID, rs#, Position, Ref/Alt, Allele frequency, P-value, OR, CI, Beta, Beta unit, Trait(s), PubMed ID, and Study accession.

At the bottom of the screenshot, the browser's developer tools are open, showing the HTML structure of the page. The code includes various classes and IDs, such as "LayoutReport", "stanza-view", and "div-gene-clinvar". There is also a CSS style sheet visible in the bottom right corner of the developer tools.

# デモ

---

<http://togostanza.org/metastanza/demo/>

# みなさまのcontributionもお待ちしております！

---

- TogoStanza: 共通フレームワーク
- MetaStanza: 公式開発環境
- OpenStanza: コミュニティ開発環境
- NetaStanza: ネット募集中
- togostanza-themes:
  - CSSテーマ集 (official, contrib)
- togostanza-data:
  - データ形式の標準化
- togostanza-utils:
  - データ加工や可視化のためのライブラリ集

→ <https://github.com/togostanza>

