

УДК 004.75

BioUniWA – СИСТЕМА ГЕНЕРАЦИИ WEB-СЕРВИСОВ И КОНВЕЙЕРОВ ДЛЯ УНИФИЦИРОВАННОГО ДОСТУПА К РЕСУРСАМ В ОБЛАСТИ БИОИНФОРМАТИКИ

© 2013 г. **Е.Г. Комышев^{1,2}, М.А. Генаев², К.В. Гунбин², Д.А. Афонников^{1,2}**

¹ Новосибирский национальный исследовательский государственный университет, Новосибирск, Россия, e-mail: komyshev@bionet.nsc.ru;

² Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук, Новосибирск, Россия

Поступила в редакцию 15 августа 2013 г. Принята к публикации 5 сентября 2013 г.

Представлена компьютерная система BioUniWA, предназначенная для автоматической генерации Web-сервисов для унифицированного доступа к ресурсам в области биоинформатики. Система BioUniWA изначально разрабатывалась как развитие системы BioInfoWF для поддержки доступа к вычислительным модулям и конвейерам посредством Web-сервисов.

Система BioUniWA способна автоматически генерировать Web-сервисы для вычислительных модулей и конвейеров, формальные описания которых определяются посредством языка XML. Данные Web-сервисы в дальнейшем могут использоваться как в различных биоинформационных системах, таких как Taverna, Galaxy, так и непосредственно в программном коде разрабатываемых приложений. Разработанный нами инструмент существенно упрощает аннотацию вычислительных модулей и конвейеров, а также их публикацию в сети Интернет.

Система BioUniWA распространяется под свободной лицензией GNU GPL. Дистрибутив и пользовательская документация системы BioUniWA доступны на сайте <http://bioinfoWF.bionet.nsc.ru>.

Ключевые слова: BioUniWA, унификация доступа, интеграция данных, конвейерная обработка данных, описание вычислительных модулей, Web-интерфейс, Web-сервис, биоинформатика.

ВВЕДЕНИЕ

Для решения конкретной биологической задачи рутинными процедурами являются обращение к базам данных, представленных в разных форматах, использование большого числа программ, объединенных в цепочки, доступ к которым осуществляется различными способами. Все это делает актуальным в биоинформатике использование конвейерных систем для обработки данных (Deelman *et al.*, 2009), а для получения доступа к ресурсам – применение средств, упрощающих интеграцию программных систем и данных.

Унификация доступа подразумевает его единообразие. При использовании стандартизованных интерфейсов биоинформатику не нужно заботиться о множестве различных нюансов

при получении доступа к какому-либо ресурсу из систем, таких как Taverna (Hull *et al.*, 2006) или Galaxy (Goecks *et al.*, 2010). Унификацию доступа можно осуществлять с помощью Web-сервисов. Актуальной задачей является также обеспечение возможности повторного использования разработанных конвейеров, их доступности другим пользователям, в том числе и в виде отдельных модулей.

СИСТЕМА BioInfoWF

BioInfoWF – это система генерации Web-интерфейсов и пакет конвейерной обработки данных для решения задач биоинформатики (Генаев и др., 2012). Система BioInfoWF предоставляет простой и удобный способ формального описания вычислительных модулей

с помощью языка, основанного на XML (Bray *et al.*, 2006). С помощью таких XML-описаний BioInfoWF способна объединять вычислительные модули данной системы в конвейеры, для которых автоматически генерируется пользовательский Web-интерфейс. Недостаток данной системы заключается в невозможности интегрировать созданные конвейеры и аннотированные вычислительные модули в другие системы, а также в отсутствии графического интерфейса для аннотирования вычислительных модулей и создания новых конвейеров. Одним из решений вышеописанных недостатков BioInfoWF является применение Web-сервисов для унифицированного доступа к вычислительным модулям и их организации в виде конвейеров.

WEB-СЕРВИСЫ

Web-сервис – это программная система, идентифицируемая строкой URI. Ее общедоступные интерфейсы основаны на базе открытых стандартов и протоколов. Web-сервис является единицей модульности при использовании сервис-ориентированной архитектуры приложений и обеспечивает взаимодействие программных систем независимо от платформы. Во множестве современных языков программирования существуют необходимые библиотеки для работы с Web-сервисами (Cerami, 2002; Richardson, Ruby, 2008).

Web-сервисы различаются по типу используемого при реализации протокола, виду запросов и т. д.

В Web-сервисах для передачи данных используются различные протоколы, такие как HTTP (Fielding *et al.*, 1999), SMTP (Postel, 1982), FTP (Postel, Reynolds, 1985), SOAP (Simple Object Access Protocol) и другие (Gudgin *et al.*, 2003). Часто в качестве транспортного протокола используется HTTP, реже SMTP.

Один из наиболее применяемых типов Web-сервисов – Web-сервисы, основанные на REST (Representational State Transfer), так называемые RESTful Web-сервисы. REST не является протоколом или стандартом, так как это, скорее, стиль построения архитектуры (Pautasso *et al.*, 2008). RESTful Web-сервисы используют основные методы запросов HTTP

протокола для реализации разделения логики их запросов. В основной четверке типов запросов HTTP протокола присутствуют самые необходимые методы для реализации базовых запросов, обращенных к Web-приложению. Это методы GET (получение доступа), POST (создание), PUT (обновление), DELETE (удаление). Остальная логика раскрывается более подробно с помощью других конструкций протокола, таких как заголовки, либо при использовании других методов HTTP протокола. Также REST подразумевает обмен сообщениями без сохранения состояния (англ. stateless). Использование этих и других особенностей подхода REST обеспечивает простоту реализации и использования RESTful Web-сервисов.

Другой, получивший распространение, вид Web-сервисов – это SOAP Web-сервисы.

Разработанный консорциумом W3C протокол SOAP (Gudgin *et al.*, 2003) является протоколом более высокого уровня, чем другие, ранее упомянутые. При этом SOAP использует один из этих протоколов в качестве транспортного протокола. Протокол SOAP основывается на расширении языка XML и предназначен для обмена структурированными сообщениями в распределенной вычислительной среде. Основное преимущество SOAP в том, что он является стандартом, а использование XML для передачи структурных сообщений позволяет более просто включать сложные конструкции в запросы. Также консорциум W3C разработал язык WSDL (Web Services Description Language) для описания Web-сервисов и доступа к ним, который хорошо сочетается с протоколом SOAP, что позволяет не только реализовывать Web-сервисы, соответствующие стандарту, но и подробно и формально описывать их (Christensen *et al.*, 2001). Все это позволяет формировать запросы к таким Web-сервисам автоматически. Существуют различные системы, в которых реализован доступ к SOAP Web-сервисам при использовании описания WSDL (Kawashima *et al.*, 2003; Aloisio *et al.*, 2005).

По типу обмена запросами Web-сервисы бывают синхронными и асинхронными (Erl, 2004). Синхронные Web-сервисы выполняют весь цикл задач за один запрос. Это удобно с точки зрения использования Web-сервиса, так как взаимодействие с ним сводится к одному запросу

и ответу для каждой задачи. С другой стороны, при выполнении длительных вычислений, тем более в конвейере, такие сервисы могут не работать из-за превышения времени соединения на запрос–ответ Web-сервиса. В таких случаях необходимо использовать асинхронные Web-сервисы. Такие сервисы запрашивают каждый этап операции отдельным запросом: начать выполнение, получить статус выполнения, забрать результат. В этом случае выполнение длительных вычислений происходит между запросами, и обрыва соединения не произойдет.

В настоящей работе мы представляем систему BioUniWA – надстройку над системой BioInfoWF (Генаев и др., 2012) для автоматической генерации Web-сервисов и их организации в виде конвейеров. Система BioInfoWF предоставляет простой и удобный способ формального описания биоинформатических ресурсов с помощью языка, основанного на XML. На основе таких XML описаний BioInfoWF автоматически генерирует Web-интерфейсы, а система BioUniWA может генерировать Web-сервисы, которые в дальнейшем могут использоваться как в различных биоинформационных системах, так и непосредственно в программном коде разрабатываемого приложения.

Для ускорения (упрощения) процесса аннотации (формального описания) вычислительных модулей и конвейеров нами было разработано приложение, предоставляющее интерактивный Web-интерфейс, который обеспечивает генерацию аннотаций вычислительных модулей и конвейеров на основе языка XML.

АРХИТЕКТУРА СИСТЕМЫ BioUniWA

Предлагаемая система включает (рис. 1):

1. Web-сервисы для модулей и конвейеров BioInfoWF;
2. Web-интерфейс BioUniWA;
3. Модуль генерации Web-сервисов;
4. Репозитории, в которых хранятся:
 - а) вычислительные модули;
 - б) описания вычислительных модулей и схем конвейеров, которые являются наборами XML файлов.

Также существует возможность извлечения информации из баз данных.

СТРУКТУРА WEB-СЕРВИСОВ И ИХ ИСПОЛНЕНИЕ

Web-сервисы системы BioUniWA основаны на Java сервлетах ver. 3.0, которые исполняются в рамках контейнера сервлетов. При реализации Web-сервисов были применены как REST (Pautasso *et al.*, 2008) подход, так и протокол SOAP ver 1.2 (Gudgin *et al.*, 2003), что позволяет использовать их в различных системах, которые поддерживают только один из данных подходов. В качестве транспортного протокола был выбран HTTP ver. 1.1. Одни модули BioInfoWF выполняются довольно быстро, другие – намного медленнее, поэтому нами были реализованы как синхронные, так и асинхронные типы Web-сервисов.

Обычный запрос методом GET используется для получения простого текстового описания Web-сервиса. Так можно получить информацию о том, как посылать запросы к REST Web-сервису. Метод GET с параметром «wsdl=get» в URL строке используется для получения WSDL описания. Таким образом, имея URL адрес, сервис можно использовать и как REST, и как SOAP. Для реализации SOAP запросов используется метод POST.

Java Web-сервисы находятся под управлением контейнера сервлетов Tomcat ver. 7 (Apache Software Foundation, 2013), который загружает их в память сервера и инициализирует при первом обращении к ним. После инициализации Web-сервис ожидает запросы к нему. При получении

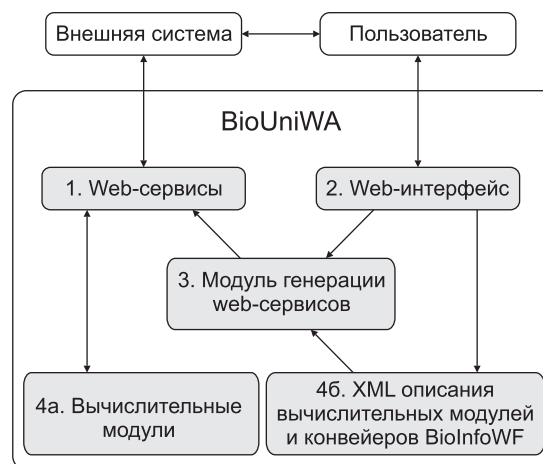


Рис. 1. Основные структурные элементы системы BioUniWA.

запроса Web-сервис определяет вид (REST или SOAP) и тип запроса (создание и выполнение задачи, проверку статуса выполнения, получение результатов выполнения). Таким образом, Web-сервис предоставляет необходимые данные для исполнения, запускает исполнение и возвращает результаты работы модулей или конвейеров BioInfoWF ver. 0.1 (Генаев и др., 2012).

ОПИСАНИЕ МОДУЛЯ ГЕНЕРАЦИИ WEB-СЕРВИСОВ

Модуль генерации запускается из командной строки, принимая на вход команду, опции и пути к необходимым файлам с описаниями модулей и конвейеров. Он анализирует описания вычислительных модулей и конвейеров, производит копирование, модификацию и сборку генерируемого Web-сервиса, упаковывает его в war-файл и помещает в соответствующую директорию, указанную в конфигурации. В случае помещения war-файла в директорию webapps контейнера сервлетов Web-сервис становится доступным для запросов к нему. Формат команды генерации сервисов:

```
java jar webServicesGenerator.jar <--pipeline>
<-a> <moduleName> description.xml...
```

- Опция pipeline используется при генерации Web-сервиса для конвейера.
- Опция -a используется при генерации асинхронного Web-сервиса.

При генерации Web-сервиса для вычислительного модуля после опций следуют название модуля и файл с описаниями модулей. Если генерация производится для конвейера, то после опций следует список файлов с описаниями. Первый файл в списке должен содержать описание конвейера, а остальные (опционально) должны содержать описания вычислительных модулей, входящих в конвейер. Сначала проверяются описания в указанных файлах, и в случае если они не были найдены в файлах или файлы не указывались, то описания проверяются в хранилище.

WEB-ИНТЕРФЕЙС BioUniWA

Web-интерфейс системы позволяет генерировать описания вычислительных модулей и схем конвейеров, а также производить генера-

цию Web-сервисов для аннотированных вычислительных модулей и описанных конвейеров.

До генерации описаний вычислительных модулей их установка или обновление на сервере должны быть произведены администратором. При использовании Web-интерфейса BioUniWA необходимо заполнить соответствующие поля, описывающие данный вычислительный модуль. Практически все необходимые данные можно найти в справке по используемой программе, предоставляемой разработчиком. После заполнения полей о входных/выходных файлах и опциях модуля производится генерация описания на специальном языке, основанном на XML. На рис. 2, а продемонстрирован пример описания вычислительного модуля из пакета анализа молекулярной эволюции генов и белков SAMEM (Gunbin *et al.*, 2012) с использованием Web-интерфейса системы BioUniWA. В результате был создан файл с описанием данного модуля (рис. 2, б).

Для генерации описания схемы конвейера необходимо вписать названия аннотированных вычислительных модулей, вовлекаемых в конвейер, после чего будет произведен поиск аннотаций соответствующих вычислительных модулей и создана страница с их описанием (рис. 3). Данный интерфейс позволяет соединять выходы одних вычислительных модулей с входами других и указывать используемые опции модулей при вычислениях. После отправки формы на сервер будет произведена генерация описания схемы конвейера.

Запрос на генерацию Web-сервиса для вычислительного модуля или созданного конвейера можно отправить, открыв страницу для генерации Web-сервисов. При этом будет произведен поиск необходимых описаний и создан соответствующий Web-сервис.

ХРАНИЛИЩЕ АННОТАЦИЙ ВЫЧИСЛИТЕЛЬНЫХ МОДУЛЕЙ И ОПИСАНИЙ КОНВЕЙЕРОВ

Аннотации вычислительных модулей и описания конвейеров хранятся в специальной директории на сервере. При создании новых описаний они сохраняются отдельно до предстоящей проверки. Хранилище накапливает описания конвейеров для их последующего использования в компьютерных экспериментах.

a

← → ↻ bioinfowf-web-services.bionet.nsc.ru/moduleDescription

Generate annotation for new module

Name:
NetBlastP

Exe:
blastcl3 -p blastp -d nr -m 7

Category:
blast, alignment

Description:
compare an amino acid query sequence against the NCBI GenBank "nr" protein sequence database

Input prefix:
-i

Output prefix:
-o

- +

Input files:

Id	Type	Name	Description	Example
in	fasta	Input	fasta amino acids file	Download

- +

Options:

Id	Name	Type	Description	Default

- +

Output files:

Id	Type	Name	Description	Example
out	blastxml	Output	blast xml file	Download
stdout	text	STDOUT	Standard output	Download
stderr	text	STDERR	Standard error	Download

Generate

б

```
<programs>
  <program name="NetBlastP" exe="../../../blastcl3" category="blast, alignment" >
    <description>compare an amino acid query sequence against
      the NCBI GenBank "nr" protein sequence database</description>
    <input>
      <file id="in" type="fasta" name="Input" description="fasta amino acids file"/>
    </input>
    <output>
      <file id="out" type="blastxml" name="output" description="blast xml file" />
      <file id="stdout" type="text" name="STDOUT" description="standard output" />
      <file id="stderr" type="text" name="STDERR" description="standard error" />
    </output>
    <cmdline>
      $cmd = "\"-p\" \"blastp\" \"-d\" \"nr\" \"-i\" \"%files{in}\" \"-m\" \"7\" \"-o\" \"%files{out}\"\".
        \" 1>%files{stdout}\" 2>%files{stderr}\"";
    </cmdline>
  </program>
</programs>
```

Рис. 2. Страница Web-интерфейса для генерации описания вычислительного модуля (а); пример XML описания вычислительного модуля (б).

В результате генерации аннотации вычислительного модуля Web-интерфейсом системы BioUniWA создается файл с содержанием, описывающим вычислительный модуль. Заполненные поля «in», «out», «stdout», «stderr» и др. в Web-интерфейсе соответствуют XML-элементам и атрибутам в файле.

bioinfowf-web-services.bionet.nsc.ru/pipelineConstructor?name%3A1=Mafft&name%3A2=Modelest

Generate pipeline description

Name of pipeline:

Input

Mafft

Accurate multiple sequence alignment algorithm based on fast Fourier transform (Katoh and Toh, 2008)
 with BLOSUM (Henikoff, Henikoff, 1992)
 or PAM (Dayhoff et al., 1978)
 or transmembrane PAM (Jones et al., 1994)
 matrices

Alignment strategy:
 Select matrix:
 BLOSUM matrix:
 PAM matrix:
 Transmembrane PAM matrix:

STDOUT STDERR

Input

Modelestimator

Amino acid substitution model estimation from alignment (Arvestad, 2006)

Use gaps in analysis:
 Calculation precision:

Model STDERR

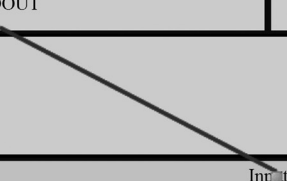


Рис. 3. Страница Web-интерфейса для генерации схемы конвейера.

Страница содержит визуальные представления вычислительных модулей, вовлекаемых в конвейер. Представления содержат краткое описание вычислительного модуля, идентификаторы входных файлов модуля – сверху, и идентификаторы выходных файлов – снизу. Данный Web-интерфейс позволяет указывать связи выходных файлов одних вычислительных модулей с входными файлами других, ассоциируя стрелками эти файлы.

ИЗВЛЕЧЕНИЕ ИНФОРМАЦИИ ИЗ БАЗ ДАННЫХ

Извлечение информации из баз данных осуществляется путем создания клиентов для этих баз данных. При этом вся бизнес-логика определена внутри такого клиента. Система BioUniWA может рассматривать клиента как вычислительный модуль. Таким образом, наша система позволяет реализовывать API для любых существующих баз данных.

ПРИМЕНЕНИЕ СИСТЕМЫ BioUniWA

Основная задача системы BioUniWA – унификация доступа к различным ресурсам в области биоинформатики при помощи автоматической генерации Web-сервисов для данных ресурсов. На данный момент в BioUniWA реализована генерация Web-сервисов для вычислительных модулей и конвейеров системы BioInfoWF с помощью Web-интерфейса. Это упрощает процедуру обновления вычислительных модулей по мере появления новых программ или выхода обновлений к программам, описанным модулями BioInfoWF.

Компьютерная система анализа режимов эволюции белок-кодирующих генов SAMEM (Gunbin *et al.*, 2012) построена на основе вычислительных модулей BioInfoWF, что позволяет непосредственно протестировать возможности BioUniWA. SAMEM состоит из двух основных конвейеров, анализа эволюции генов (состоящего из 12 вычислительных модулей) и анализа эволюции белков (состоящего из 10 вычислительных модулей) и двух дополнительных, собирающих выборки генов и белков и производящих их первичный анализ (состоят в общей сложности из 6 вычислительных модулей). Благодаря разработанной системе BioUniWA в виде Web-сервисов были созданы конвейеры SAMEM, использующие как ранее установленное, так и обновленное программное обеспечение. Управление одним из конвейеров SAMEM частично представлено на рис. 3.

Дополнительная задача BioUniWA – организация доступа к базам данных посредством программ-клиентов. В настоящее время для базы данных PEFF DB (авторское свидетельство № 2012620659), интегрирующей информацию о

режимах эволюции белок-кодирующих генов и данные о динамике функционирования генных сетей, в которых функционируют эти гены, разрабатывается возможность авторизованного доступа к информации этой базы данных опосредованного Web-сервисами BioUniWA.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В настоящей работе предложена система BioUniWA, разрабатываемая для унификации доступа к ресурсам в области биоинформатики, которая позволяет генерировать Web-сервисы для решения биоинформатических задач, расширять функционал существующей системы BioInfoWF, создавая с помощью Web-интерфейса системы необходимые описания вычислительных модулей и конвейеров BioInfoWF (Генаев и др., 2012). Удобство системы заключается в быстром получении доступа к вычислительным модулям и конвейерам BioInfoWF посредством Web-сервисов. Основным преимуществом представленной системы является простота работы с ней. Таким образом, для создания собственных Web-сервисов пользователю не требуется специальных технических знаний, достаточно воспользоваться разработанным Web-интерфейсом системы BioUniWA. Использование системы было продемонстрировано на примере создания описаний новых вычислительных модулей и конвейеров BioInfoWF, а также генерации Web-сервисов уже существующих вычислительных модулей для решения задач по анализу молекулярной эволюции генов и белков – SAMEM (Gunbin *et al.*, 2012).

Система BioUniWA распространяется под свободной лицензией GNU GPL ver. 3 (Free Software Foundation ..., 2007). Дистрибутив и пользовательская документация системы доступны на официальном сайте <http://bioinfowf.bionet.nsc.ru>.

БЛАГОДАРНОСТИ

Работа поддержана интеграционным проектом СО РАН 39, грантом РФФИ 11-04-01771-а, программами РАН «Происхождение и эволюция биосферы» и «Молекулярная и клеточная биология» (проект 6.6), программой поддержки ведущих научных школ НШ-5278.2012.4.

ЛИТЕРАТУРА

- Генаев М.А., Комышев Е.Г., Гунбин К.В., Афонников Д.А. BioInfoWF – система автоматической генерации Web-интерфейсов и Web-сервисов для биоинформационных исследований // Вавилов. журн. генет. и селекции. 2012. Т. 16. № 4/1. С. 849–857.
- Aloisio G., Cafaro M., Fiore S., Mirto M. A Workflow management system for bioinformatics grid // Proc. of the Network Tools and Applications in Biology (NETTAB) Workshops, Naples, Italy, 2005.
- Apache Software Foundation, Apache Tomcat. 2013. <http://tomcat.apache.org>
- Bray T., Paoli J., Sperberg-McQueen C.M. *et al.* Extensible Markup Language (XML) (2006). Available at: www.w3.org/TR/xml.
- Cerami E. Web services essentials: distributed applications with XML-RPC, SOAP, UDDI and WSDL. O'Reilly Media, Inc., 2002.
- Christensen E., Curbera F., Meredith G., Weerawarana S. Web services description language (WSDL) 1.1. 2001. <http://www.w3.org/TR/wsdl>
- Deelman E., Gannon D., Shields M., Taylor I. Workflows and e-Science: An overview of workflow system features and capabilities // Future Generation Computer Systems. 2009. V. 25. No. 5. P. 528–540.
- Erl T. Service-oriented architecture. Englewood Cliffs: Prentice Hall, 2004.
- Fielding R., Gettys J., Mogul J. *et al.* Hypertext transfer protocol–HTTP/1.1. 1999.
- Free Software Foundation, Inc., GNU General Public License, 2007. <http://www.gnu.org/licenses/gpl.html>
- Goecks J., Nekrutenko A., Taylor J. Galaxy a comprehensive approach for supporting accessible, reproducible, and transparent computational research in the life sciences // Genome Biol. 2010. V. 11. No. 8. P. R86.
- Gudgin M., Hadley M., Moreau J. *et al.* Simple Object Access Protocol (SOAP) 1.2. W3C, 2003.
- Gunbin K.V., Suslov V.V., Genaev M.A., Afonnikov D.A. Computer system for analysis of molecular evolution modes (SAMEM): analysis of molecular evolution modes at deep inner branches of the phylogenetic tree // In Silico Biol. 2012. V. 11. No. 3. P. 109–123.
- Hull D., Wolstencroft K., Stevens R. *et al.* Taverna: a tool for building and running workflows of services // Nucl. Acids Res. 2006. V. 34. Suppl. 2. W729–W732.
- Kawashima S., Katayama T., Sato Y., Kanehisa M. KEGG API: A web service using SOAP/WSDL to access the KEGG system // Genome Inform. Ser. 2003. P. 673–674.
- Pautasso C., Zimmermann O., Leymann F. Restful web services vs. big web services: making the right architectural decision // Proc. 17th Intern. Conf. on World Wide Web. ACM, 2008. P. 805–814.
- Postel J., Reynolds J. File transfer protocol. 1985., available at <http://tools.ietf.org/html/rfc959>
- Postel J. Simple mail transfer protocol // Inform. Sci. 1982.
- Richardson L., Ruby S. RESTful web services. O'Reilly, 2008.

BioUniWA – WEB SERVICES GENERATION SYSTEM AND PIPELINES FOR UNIFIED ACCESS TO RESOURCES IN THE FIELD OF BIOINFORMATICS

E.G. Komyshev^{1,2}, M.A. Genaev², K.V. Gunbin², D.A. Afonnikov^{1,2}

¹Novosibirsk National Research State University, Novosibirsk, Russia,
e-mail: komyshev@bionet.nsc.ru;

²Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Novosibirsk, Russia

Summary

We present the BioUniWA system for automatic generation of Web services for unified access to resources in the field of bioinformatics. The BioUniWA system was originally designed as the BioInfoWF development system to support access to computing modules and pipelines through Web services. BioUniWA can automatically generate Web-based applications for computational modules and pipelines whose formal descriptions are defined by a language based on XML. In the future, one will be able to use these Web-based applications in a variety of bioinformational systems, such as Taverna or Galaxy, as well as directly in the source code of applications to be developed. We have designed a tool that greatly simplifies the annotation of computing modules and schemes of pipelines, as well as their publication via Internet.

BioUniWA is distributed under a free GNU general public license. The distribution package and user documentation are available at BioUniWA <http://bioinfowf.bionet.nsc.ru>.

Keywords: BioUniWA, unification of access, data integration, pipelined data processing, descriptions of computational modules, Web interface, Web services, bioinformatics.