

## Web サービスによるバイオ情報資源の統合化の可能性

阿部貴志<sup>†</sup> 重元康昌<sup>††</sup> 宮崎智<sup>†††</sup> 菅原秀明<sup>†</sup>

<sup>†</sup> 国立遺伝学研究所 生命情報・DDBJ センター <sup>††</sup> 富士通株式会社 <sup>†††</sup> 東京理科大学

分子生物学データベースや解析プログラムを Web ブラウザー経由ではなく自作のプログラムから直接操作したいという需要がますます強くなっていることから、SOAP/WSDL サーバーを構築し、DDBJ で公開しているデータ検索・解析ツールの Web サービス化を行い、公開をおこなっている (<http://www.xml.nig.ac.jp/>)。この新機能はすでに国内外から利用されているが、DDBJ としても複数の情報資源を組み合わせた種々のワークフローの開発を行っている。その結果、Web サービスによって多様なバイオ情報資源の統合利用環境を構築できると考えている。

## Integration of the biological databases and bioinformatics resources by Web services

Takashi Abe<sup>†</sup> Yasumasa Shigemoto<sup>††</sup> Satoru Miyazaki<sup>†††</sup> Hideaki Sugawara<sup>†</sup>

<sup>†</sup> National Institute of Genetics and SOKEN-DAI <sup>††</sup> Fujitsu Inc. <sup>†††</sup> Tokyo Univ. of Science

Thanks to World Wide Web and the Web browser, it is easy for us to access biological data. However it is not suitable for a large scale data retrieval and analysis. In the meantime, demands on programmatic interfaces to heterogeneous distributed data resources have been recognized by the resource provider. In response to the demand, DDBJ set up Web services by use of SOAP server (<http://www.xml.nig.ac.jp/>). We demonstrate workflows in biological data analysis using the DDBJ Web Services. With the increasing amount of available workflows, the integrated use environment of the biological data could be built by Web services.

### 1. はじめに

塩基配列の解読技術の発展に伴い、ヒトを始めとする脊椎動物から原核生物に至る様々な生物種のゲノム配列が決定されている。ゲノム配列情報の増加に伴い、解読されたゲノム配列を解析するための情報資源(データベースとデータ解析ツール)の提供も増え、インターネットを通じて、公開されている。雑誌 *Nucleic Acids Research* のデータベース特集号<sup>1)</sup>によれば、生命現象の階層性に対応して、塩基配列、蛋白質の構造、パスウェイ、ゲノム、疾患、遺伝子発現など数百の様々な対象に関する情報資源がインターネット上で Web サイトとして公開されている。

公開されている Web サイトに、Web ブラウザーを用いてアクセスすると、例えば図 1 のように、複数の情報資源を渡り歩いてデータを入手し、解析することができる。図1は、①学術雑誌のサイトを

検索して文献に記載されている塩基配列のアクセション番号を入手する。次に、②取得したアクセション番号を使って塩基配列データベースを検索し、塩基配列中のコーディング領域のアミノ酸配列を入手する。最後に、③そのアミノ酸配列を使って蛋白質の立体構造データベースを検索して、蛋白質の立体構造を入手した例である。この一連の作業は確かに手元のコンピュータの操作だけで遂行できるが、それぞれの情報資源の検索結果や解析結果を紙にメモあるいはコンピュータ上でコピー&ペーストをして、次の情報資源に入力として与える必要がある。したがって、多数の情報資源を利用する場合や、大量のデータを検索・解析する場合は、このような手作業による操作には限界があり、利用者からは自動化の要望が絶えない。そこで、誰もが使いやすい自動化プログラミングを提供でき、かつ一旦開発された自動化システムを共有できるような Web サイトがあれば、これまでと比べてはるかに効率よく作業を行うことが可能となる<sup>2)</sup>。

我々は、上述のような手作業をコンピュータプログラムに置き換え、簡便に自動化できるサービスとして、Web サービス技術に着目し、日本 DNA データバンク (DNA Data Bank of Japan, DDBJ) で公開を行っているデータベースとデータ解析ツールの Web サービス化を行った<sup>3), 4)</sup>。我々は、DDBJ に登録されている配列データの XML (eXtensible Markup Language) 化を行い、SOAP (Simple Object Access Protocol)、WSDL (Web Services Description Language)、UDDI (Universal Description, Discovery and Integration) 等の Web サービス技術を用いて、大量データの転送や長時間ジョブへの対処を実現し、DDBJ-XML として公開を行っている (<http://www.xml.nig.ac.jp/index.html>)。同時に、要素となる Web サービスを組み合わせたデータ処理の流れに対する要求とその実現手法を調査し、一連のデータ処理を可能とするワークフローの開発を行った。こうした Web サービスの所在と利用方法は Web サービスの登録・公開・検索を行う仕組み(UDDI)を用いて、ディレクトリーに蓄積される。バイオデータと解析ツールの利用者のプログラムは、このディレクトリーから必要な Web サービスを見つけて、その Web サービスに接続して、必要なサービスを受けてその結果をプログラムで選択・加工して自動的に利用者のデータベースに蓄積して再利用可能とする。さらに、Web サービスの充実と利用経験の蓄積によって、複数の Web サービスを組み合わせた複合サービスをワークフローとして提供・利用可能となる。

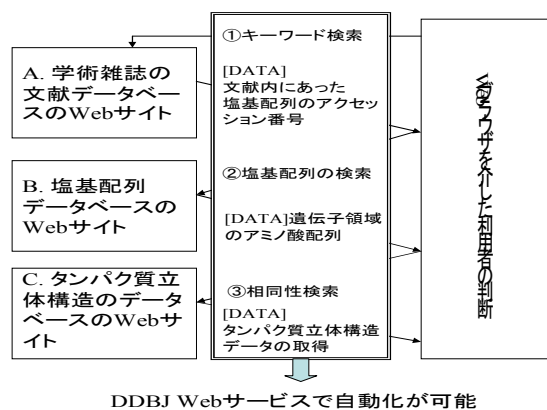


図 1 Web ブラウザーからの複数 Web サイトへのアクセス例。ここで、A-C は、利用するデータベースの Web サイトを表し、①-③は、各 Web サイトで行う解析を表す。また、[DATA] は、①-③の解析によって得られたデータ群を表す。ここで、解析①-③は、Web サービス技術を用いることによって、各 Web サイトにアクセスすることなく、自動化が可能である。

## 2. DDBJ が提供するWebサービス

DDBJ の Web サービスは DDBJ-XML (<http://www.xml.nig.ac.jp/>) で確認することができる。このサイトで提供されている Web サービスの一覧 (WSDL リスト) を図2に示す。図2の右端のカラムにある "List to execute" をクリックすると該当する各 Web サービスで利用可能なメソッドの一覧表が Web ブラウザーに表示される。Web サービスで利用可能な全メソッドの一覧は、日本語バイオポータルサイト (<http://www.biportal.jp/>) の "工具箱" 内の "DDBJ が提供する Web サービス" より提供されているので参考にされたい。

DDBJ Web サービスで提供されているメソッドの一例として、"Blast" のメソッドを図 3 に示す。Blast には、3 種類のメソッドが用意されている。最初のメソッド serchParam は、①BLAST の中で使用する特定の BLAST プログラム(例 blastp)、②相同性検索の対象とするデータベースの名称(例 SWISS;Swiss-Prot の意)、③問い合わせ配列(Query)、④相同性検索のパラメーター、これら4つを指定して実行するメソッドである。2 番目のメソッド serchSimple は、パラメーターはシステムに予め設定されているものを用いて実行するメソッドである。3 番目のメソッド extractPosition は、上述のメソッドより得られた BLAST の結果を分析して、問い合わせ配列(Query)とデータベースからヒットした配列(Hit)の一致した部分の位置を抽出するメソッドである。

我々が構築した Web サービスは通信プロトコルとして World Wide Web コンソーシアム (W3C, <http://www.w3.org/>) で標準化が進んでいる SOAP を利用している。外部から送り込まれた要求はファイアウォールの内側にある SOAP 対応のサーバーで受け付けた後、実際に検索や解析をするサーバーに転送され、実行サーバーは実行結果を SOAP サーバーに返す。その後、SOAP サーバーが利用者に行先結果を送信する。(この SOAP プロトコルを使用することによって、利用者はインターネットで繋がれたほかのマシンを利用者のマシンと同じようにプログラムを実行させることができる。)利用者からの要求も実行結果も基本的には XML 形式でやりとりされる。利用者は SOAP で返送されてくる実行結果を加工するプログラムを用意しておけば、実行結果を独自の形式に変換したり、手元のデータベースに格納したり、独自の解析プログラムに渡すことができる。我々が構築した Web サービスのハードウェアとソフトウェア一覧を図 4 に示す。

## 3. DDBJ Web サービスを利用するための実行環境と実行例

SOAP を使用することにより、いくつものデータベースや解析結果に容易にアクセスすることが可能となる。DDBJ の Web サービスは Perl または JAVA のプログラムから利用できるが、ここでは、利用者のコンピュータの微妙な設定の違いの影響が少ない Perl プログラムを WINDOWS 上から利用する場合について紹介する。SOAP の環境が用意されていない WINDOWS の場合は、<http://www.activestate.com/>から ActivePerl の WINDOWS 版をダウンロードし、インストールを行う。Web サービスにアクセスするためには、「1. WSDL ファイルの指定。2. メソッドの呼び出し。」をプログラム上で行う必要がある。ここで、サンプルプログラムとして、アクセッション番号を指定して該当する国際塩基配列データベースのエントリを XML 形式で入手するために、Web サービスの GetEntry 中のメソッド getXML\_DDBJEntry(accession)を利用する例である。

Name	URL	Document	Registrant	Methods
BLAST Demo	<a href="http://xml.nig.ac.jp/wsdl/BlastDemo.wsdl">http://xml.nig.ac.jp/wsdl/BlastDemo.wsdl</a>	<a href="#">document</a> <a href="#">javadoc</a>	XML Central of DDBJ	<a href="#">List to execute</a>
Blast	<a href="http://xml.nig.ac.jp/wsdl/Blast.wsdl">http://xml.nig.ac.jp/wsdl/Blast.wsdl</a>	<a href="#">document</a> <a href="#">javadoc</a>	XML Central of DDBJ	<a href="#">List to execute</a>
ClustalW	<a href="http://xml.nig.ac.jp/wsdl/ClustalW.wsdl">http://xml.nig.ac.jp/wsdl/ClustalW.wsdl</a>	<a href="#">document</a> <a href="#">javadoc</a>	XML Central of DDBJ	<a href="#">List to execute</a>
DDBJ	<a href="http://xml.nig.ac.jp/wsdl/DDBJ.wsdl">http://xml.nig.ac.jp/wsdl/DDBJ.wsdl</a>	<a href="#">document</a> <a href="#">javadoc</a>	XML Central of DDBJ	<a href="#">List to execute</a>
Ensembl	<a href="http://xml.nig.ac.jp/wsdl/Ensembl.wsdl">http://xml.nig.ac.jp/wsdl/Ensembl.wsdl</a>	<a href="#">document</a> <a href="#">javadoc</a>	XML Central of DDBJ	<a href="#">List to execute</a>
Fasta	<a href="http://xml.nig.ac.jp/wsdl/Fasta.wsdl">http://xml.nig.ac.jp/wsdl/Fasta.wsdl</a>	<a href="#">document</a> <a href="#">javadoc</a>	XML Central of DDBJ	<a href="#">List to execute</a>
GetEntry	<a href="http://xml.nig.ac.jp/wsdl/GetEntry.wsdl">http://xml.nig.ac.jp/wsdl/GetEntry.wsdl</a>	<a href="#">document</a> <a href="#">javadoc</a>	XML Central of DDBJ	<a href="#">List to execute</a>
Gib	<a href="http://xml.nig.ac.jp/wsdl/Gib.wsdl">http://xml.nig.ac.jp/wsdl/Gib.wsdl</a>	<a href="#">document</a> <a href="#">javadoc</a>	XML Central of DDBJ	<a href="#">List to execute</a>
Gtop	<a href="http://xml.nig.ac.jp/wsdl/Gtop.wsdl">http://xml.nig.ac.jp/wsdl/Gtop.wsdl</a>	<a href="#">document</a> <a href="#">javadoc</a>	XML Central of DDBJ	<a href="#">List to execute</a>
NCBIGenomeAnnotation	<a href="http://xml.nig.ac.jp/wsdl/NCBIGenomeAnnotation.wsdl">http://xml.nig.ac.jp/wsdl/NCBIGenomeAnnotation.wsdl</a>	<a href="#">document</a> <a href="#">javadoc</a>	XML Central of DDBJ	<a href="#">List to execute</a>
PML	<a href="http://xml.nig.ac.jp/wsdl/PML.wsdl">http://xml.nig.ac.jp/wsdl/PML.wsdl</a>	<a href="#">document</a> <a href="#">javadoc</a>	XML Central of DDBJ	<a href="#">List to execute</a>
RefSeq	<a href="http://xml.nig.ac.jp/wsdl/RefSeq.wsdl">http://xml.nig.ac.jp/wsdl/RefSeq.wsdl</a>	<a href="#">document</a> <a href="#">javadoc</a>	XML Central of DDBJ	<a href="#">List to execute</a>
SPS	<a href="http://xml.nig.ac.jp/wsdl/SPS.wsdl">http://xml.nig.ac.jp/wsdl/SPS.wsdl</a>	<a href="#">document</a> <a href="#">javadoc</a>	XML Central of DDBJ	<a href="#">List to execute</a>
SRS	<a href="http://xml.nig.ac.jp/wsdl/SRS.wsdl">http://xml.nig.ac.jp/wsdl/SRS.wsdl</a>	<a href="#">document</a> <a href="#">javadoc</a>	XML Central of DDBJ	<a href="#">List to execute</a>
TxSearch	<a href="http://xml.nig.ac.jp/wsdl/TxSearch.wsdl">http://xml.nig.ac.jp/wsdl/TxSearch.wsdl</a>	<a href="#">document</a> <a href="#">javadoc</a>	XML Central of DDBJ	<a href="#">List to execute</a>
VecScreen	<a href="http://xml.nig.ac.jp/wsdl/VecScreen.wsdl">http://xml.nig.ac.jp/wsdl/VecScreen.wsdl</a>	<a href="#">document</a> <a href="#">javadoc</a>	XML Central of DDBJ	<a href="#">List to execute</a>

[\[contact us\]](#)

図 2 DDBJ が提供する Web サービス一覧

DDBJ-XML (<http://www.xml.nig.ac.jp/>) の Web サービスのメニューで表示される一覧表。左端のカラムに Web サービスのカテゴリーが表示されており、右端のカラムにある ”List to execute” をクリックすると各 Web サービスで利用可能なメソッドの一覧表が表示される。現在、16 サービス 136 メソッドが利用可能である。

### Method List (Blast)

Method
<a href="#">searchParam(program, database, query, param)</a>
<a href="#">searchSimple(program, database, query)</a>
<a href="#">extractPosition(result)</a>

Warning for a long job and a large output:

Your trial will take a very long time or produce a large output depending on your query and program. Please quit here and go back to the menu, if the system does not reponse for a long time. The Web interface is for your trial to understand the function of the method. Please call the method from your program in Java or Perl when you use the Web services seriously. You can call the method even in asynchronous mode form your program.

図 3 Web サービス Blast に用意されているメソッド

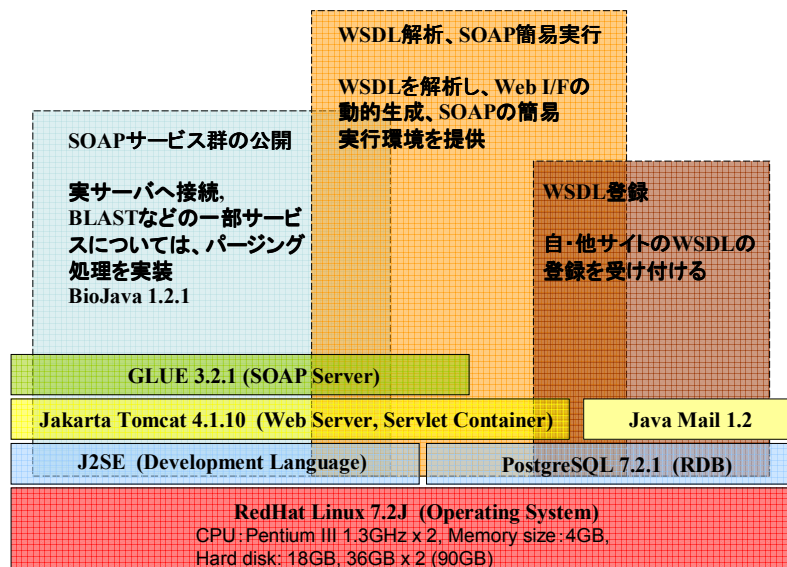


図 4 DDBJ Web サービス用 SOAP サーバーの使用ハードウェアとソフトウェアの一覧

Perl のソースコードを以下に示す。

```
#!/usr/bin/perl

# 1. SOAP にアクセスするために必要なパッケージである SOAP Lite のインクルード
use SOAP::Lite;

# 2. 使用した SOAP サーバーの WSDL リストファイルの指定
$service = SOAP::Lite -> service('http://xml.nig.ac.jp/wsd/GetEntry.wsdl');

# 3. 使用したい WEB サービスの呼び出し
$result = $service->getXML_DDBJEntry("AB000003");
```

なお、JAVA、もしくは、Windows 以外の OS(Mac、Linux)上での利用実行環境構築については、DDBJ-XML の Web サービスチュートリアル ([http://www.xml.nig.ac.jp/tutorial/index\\_jp.html](http://www.xml.nig.ac.jp/tutorial/index_jp.html)) に詳しく紹介されているので、参考にされたい。また、大量データの転送や長時間ジョブへの対処として、タイムアウト時間の設定や非同期にメソッドを実行させる設定など大規模な配列データ解析に用いられることを想定した対応も行っている。こちらも上述の Web サービスチュートリアルに紹介されているので、併せて参考にされたい。

#### 4. DDBJ Web services を用いたワークフローの構築



我々は、これまで紹介してきた DDBJ Web サービスのメソッドを用いて、複数の Web サービスを組み合わせた複合サービスをワークフローとして開発を行った。以下に、現在開発したワークフローについて、配列データベースからの情報抽出や情報の統合化を中心としたワークフローについて紹介を行う。

#### 4.1. DDBJ-Uniprot ワークフロー

我々は、タンパク質名などのキーワードから塩基配列データベース(DDBJ)とアミノ酸配列データベース(Uniprot)中より関連するエンTRIESを検索し、DDBJ アクセション番号、プロテイン ID、UniProtID の関連付けを行うためのワークフローの開発を行った ([http://www.xml.nig.ac.jp/workflow/ddbj\\_uniprot\\_jp.html](http://www.xml.nig.ac.jp/workflow/ddbj_uniprot_jp.html))。構築したワークフローと解析内容を図 5 に示す。本ワークフローは、上述のサイトにて Perl と JAVA のサンプルプログラムの提供を行っているので、実際に、Web サービスを体感されることをお勧めする。

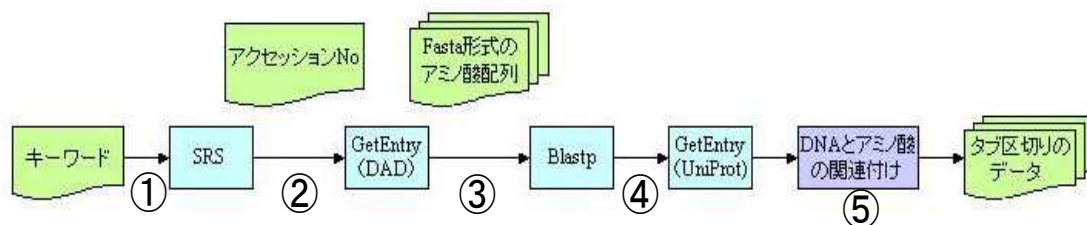


図 5 DDBJ-Uniprot ワークフロー。ワークフローの解析手順は、

- ①、キーワード検索システムである[SRS]を用いて検索をかけ、該当するエンTRIESのアクセション No を取得する。
- ②、その結果から [GetEntry] を用いて、DDBJ エンTRIESから FASTA 形式で コーディング領域のアミノ酸配列を抜き出す。
- ③、その配列で 相溶性検索の一つである [Blastp] を 比較対照を UniProt のデータベースに指定して実行する。
- ④、ヒットしたエンTRIESのアノテーションを用いて [GetEntry] を用いて、UniProt エンTRIESから情報を取得する。
- ⑤、アクセション番号、プロテイン ID、UniProt ID、プロテインシンボル、プロテインの定義 の取得を行い、タブ区切りで表示する。

となっている。DDBJ Web サービスで提供しているメソッドを解析手順中[ ]で示す。

#### 4.2. Ensembl – PSB ワークフロー

我々は、塩基配列データベース (DDBJ) とアミノ酸配列データベース (Uniprot/SwissProt) とのクロスリファレンス情報を元に Ensembl のヒトゲノムの全遺伝子とタンパク質の立体構造データベース (Protein Data Bank, PDB) を関連付け、立体構造まで分かっているタンパク質を分かりやすく整理を行うためのワークフローの開発を行った([http://bioportal.ddbj.nig.ac.jp/gene/index\\_jp.html](http://bioportal.ddbj.nig.ac.jp/gene/index_jp.html))。解析ワークフローを図 6 に示す。本解析の結果、Ensembl で公開されているヒト全遺伝子数 35,845 遺伝子に対する各データベースとのクロスリファレンス情報があった遺伝子数を図 6C に示す。なお、各データベースのクロスリファレンス情報を取得し、染色体ごとにまとめて表示するサービスも行っている(図 6D)。

#### 4.3. その他のワークフロー

4.1、4.2 章にて紹介してきたワークフローのほかにも、任意の DNA 配列を DDBJ データベース対して `blastn` を行い、その結果の上位ヒットのエントリを抽出し `ClustalW` で比較を行う「Blast-ClustalWワークフロー」や DDBJ に登録されている全ての大腸菌エントリをゲノム配列にマッピングを行う「大腸菌ゲノムワークフロー」等のワークフローの開発を行っている。開発したワークフローは、下記 URL にて公開を行っているので、参照されたい ([http://www.xml.nig.ac.jp/workflow/index\\_jp.html](http://www.xml.nig.ac.jp/workflow/index_jp.html))。

## 5. まとめ

ゲノムに代表されるような大量なデータを解析対象とし、多様で大量の情報資源がインターネット上に点在する今日、多様な情報資源をコンピュータプログラムによってできる限り自動的に処理できる環境が望まれる。点在する情報資源を共有するためには、利用者側だけでこうした環境を実現することは不可能であり、情報資源を提供する側も協力しなければならない。その有力な手段が Web サービスである。Web サービスを活用することによって、利用者のプログラムがディレクトリに問い合わせをして必要な Web サービスを見つけ出し、該当する Web サービスに直接指示を出して結果を受け取ることができる。さらに、比較的开发コストをかけることなく、今回ご紹介したような複数の Web サービスをつなぎ合わせ、一連の課題を実行するワークフローを構築することもできる。

これまでに Web の世界を爆発的に広げた HTML と HTTP と同様に、これからは、XML, SOAP 等の Web サービス技術がこれまでとは次元の違う Web の世界を展開することを信じている。すでに、BioMoby<sup>5)</sup> のプロジェクトでは Web サービスの活用が進んでいる。また、国際塩基配列データベース事業において DDBJ のパートナーである EBI<sup>6)</sup> や、タンパク質立体構造データベースである PDBj (<http://pdbj.protein.osaka-u.ac.jp/SOAP/>), KEGG (<http://www.genome.jp/kegg/soap/>) など様々な機関において Web サービスを展開されつつある<sup>7) ~ 9)</sup>。今後、Web サービスを提供するサイトが増えることによって、Web サービスを活用した解析は重要性を増していくと考えられる。

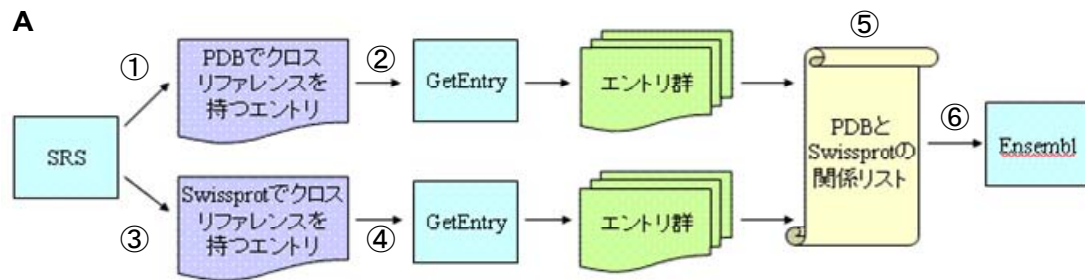
## 謝辞

本研究成果の一部は、科学技術振興調整費先導的研究「新世代バイオポータルの研究開発」および科学技術振興機構「バイオインフォマティクス高度化事業」のもと開発が行われた。

## 参考文献

- 1) Nucleic Acids Research: Database Issue. *Nucleic Acids Research*, Vol. 33, pp. D1-D679, (2005).
- 2) Stein, L.: Creating a bioinformatics nation, *Nature*, Vol. 417, pp. 119-120, (2002).
- 3) Sugawara, H. and Miyazaki, S.: Biological SOAP servers and web services provided by the public sequence data bank. *Nucleic Acids Research*, Vol. 31, pp. 3836-3839, (2003).
- 4) 菅原秀明, 五條堀孝 (編集): DDBJ の利用法, 共立出版, (2003).
- 5) Wilkinson, M.D. and Links, M.: BioMoby: an open source biological web services proposal. *Brief. Bioinf.*, Vol. 3, pp. 331-341, (2002).
- 6) Wang, L., Riethoven, J.J.M. and Robinson, A.J.: XEMBL - distributing EMBL data in XML format. *Bioinformatics*, Vol. 18, pp. 1147-1148, (2002).

- 7) Wang, J. and Mu, Q.: Soap-HT-BLAST: high throughput BLAST based on Web services. *Bioinformatics*, Vol. 19, pp. 1863-1864, (2003).
- 8) Casstevens, T.M. and Buckler, E.S.: GDPC: connecting researchers with multiple integrated data sources. *Bioinformatics*, Vol. 20, pp. 2839-2840, (2004).
- 9) Iragne, F., Barre, A., Goffard, N. and De, Daruvar, A.: AliasServer: a web server to handle multiple aliases used to refer to proteins. *Bioinformatics*, Vol. 20, pp. 2331-2332, (2004).



#### B ワークフロー手順

1. SRSを用いてPDBデータベースからSwiss-protのクロスリファレンスを持つエントリの一覧を取得する。
2. 1.の結果から1件1件をGetEntryから取得し、Swiss-protのクロスリファレンス情報を収集する。
3. SRSを用いてSwiss-protデータベースからPDBのクロスリファレンスを持つエントリの一覧を取得する。
4. 3.の結果から1件1件をGetEntryから取得し、PDBのクロスリファレンス情報を収集する。
5. 2.と4.の結果を統合してPDBとSwiss-protの関係リストを作成する。
6. Ensemblのヒトの全遺伝子を取得し、Ensemblに登録されているクロスリファレンスと5.の結果を統合する。

#### C 統計情報

DDBJと クロスリファレンスが ある遺伝子数	Swiss-protと クロスリファレンスが ある遺伝子数	PDBと クロスリファレンスが ある遺伝子数
19462	19477	1390

#### ワークフロー詳細

染色体番号

#### D

Chromosome 1 genes list					各DBとの関連情報の ある/なしを表示		詳細情報へ	
2202 genes are registered.							Gene Detail	
Gene ID	Gene symbol	start	end	db_xref	Gene Information			
<a href="#">ENSG00000146556</a>	Q7Z3N4_HUMAN	4274	19433	Swiss-prot;PDB	Gene ID	<a href="#">ENSG00000146556</a>		
<a href="#">ENSG00000197194</a>	Q6VEP1_HUMAN	25001	25357	Swiss-prot;PDB	Gene symbol	Q7Z3N4_HUMAN		
<a href="#">ENSG00000197490</a>	-	27260	44799	DDBJ;	Chromosome	1		
<a href="#">ENSG00000177693</a>	OR4F5	58954	59871	DDBJ;Swiss-prot;PDB	Location	4274-19433		
<a href="#">ENSG00000196573</a>	XP_497645.1	218155	218517		Strand	-1		
<a href="#">ENSG00000177799</a>	OR4F3_HUMAN	407522	408460	DDBJ;Swiss-prot;PDB	DDEJ	<a href="#">EX537637</a>		
<a href="#">ENSG00000185097</a>	OR4F3_HUMAN	660959	661897	Swiss-prot;PDB	DDEJ	<a href="#">BC073913</a>		
<a href="#">ENSG00000197049</a>	-	761269	761775	DDBJ;	DDEJ	<a href="#">AK024448</a>		

図6 Ensembl - PSB ワークフロー。(A). Ensembl - PSB ワークフローの概要。(B). ワークフロー解析手順。(C). Ensembl ヒトゲノムの全遺伝子と各データベースとクロスリファレンス情報があつた遺伝子数の統計情報。(D). 各染色体ごとの詳細情報一覧。図中「染色体番号」により、ヒト染色体ごとの詳細情報を閲覧することが可能。