

NCBIのWebサービス

E-Utilitiesを使うことで、アプリケーションでNCBIのデータベースを活用できる。

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query/static/eutils_help.html

SOAPサービスも利用できるようになった。

http://eutils.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query/static/esoap_help.html

BLASTのAPIは、

- <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/Doc/urlapi.html>
- [NCBI Blast API](#)

NCBIとのやりとりの流れ

ESearchとEFetchを用いる場合は次のような流れになる。

	クライアント		NCBI
1	検索クエリの送信	→	
2		←	セッションの作成と送信
3	セッションXMLの受信と解析		
4	検索結果の要求を送信	→	
5		←	検索結果XMLの送信
6	検索結果XMLの受信と利用		

- ESearch URL

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/eutils/esearch.fcgi>

- EFetch URL

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/eutils/efetch.fcgi>

XMLのススメ

PHPやPerlなどで使い捨てるプログラムならテキストやhtmlベースでデータを取得してもいいが、理想的には、XMLデータをSOAPクライアントで取得し、保持するクラスを作っておく方が応用が利く。

XMLの定義はDTDファイルとして公開されているから、それを元にクラスは作成できる。

- Base http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query/DTD/nlmedline_070101.dtd
- PubMed http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query/DTD/pubmed_070101.dtd

次の3つのクラスを作っておけばどのデータベース (nucleotid, taxonomy, pubmed etc.) にも対応できるので便利。

1. DocSum : ESummaryで取得するエントリの概要データ構造
2. EFetchResult : EFetchで取得するエントリ情報データ構造
3. ESearchResult : ESearchで取得する検索結果の情報データ構造

[NCBI, データベース](#)

From:
<https://bio.edu-wiki.org/> - BioWiki

Permanent link:
<https://bio.edu-wiki.org/ncbi%E3%81%AEweb%E3%82%B5%E3%83%BC%E3%83%93%E3%82%B9>

Last update: **2013/01/31 05:38**

