

Web Services at EMBL-EBI

(EMBL-EBI の Web サービス)

(この文書は EMBL-EBI の <http://www.ebi.ac.uk/Tools/webservices/> の和訳です。 ecobioinfo.com で独自に訳したもので EMBL-EBI とは直接関係ありません。元の Web ページの理解のためにご利用ください。この文書を単独で配布流通させることはご遠慮ください。この文書は 12/10/04 時点の情報に基づいて書かれています。)

はじめに

[EMBL-EBI](#) は、Web サービス技術を通じて、多様なデータ資源と分析ツールへのプログラマ的なアクセスを提供しています。

Web サービスとは、様々なところで開発されたクライアント/サーバソフトウェアが相互にうまく働くようにするための統合と相互運用技術で、その技術はオープンな標準規格:

- [Representational state transfer \(REST\)](#): ソフトウェアのアーキテクチャスタイル
- [Simple Object Access Protocol \(SOAP\)](#): 情報伝達のためのメッセージング・プロトコル
- [Web Services Description Language \(WSDL\)](#): Web サービスとその機能・性能を記述する方式

に基づいて作られています。トランスポート層として、Web サービスは共通のネットワークプロトコル、一般的には HTTP ([Hypertext Transfer Protocol](#)) を使っています。

Web サービス技術の概要と、一般的なプログラミング言語と Web サービスツールキットを使った簡単なチュートリアルは [Introduction to Web Services](#) をご覧ください。

重要な注意

一度に 25 を超えるジョブの送信と、その最後 25 番目のジョブの結果を獲得する前に次のジョブを送信することは、ご遠慮くださるようお願い申し上げます。多くの方々がサービスを利用していますので、サービスをご利用の他のユーザ様の妨害となる方法でジョブを送信するようなユーザをブロックできる、フェアシェア・ポリシーが導入されています。このブロックは、組織全体あるいはクラス B,C のサブネットの EMBL-EBI Web サービスへのアクセスに影響するかもしれません。それから、申請には間違いなく本当の E-メールアドレスを使ってください。偽の E-メールアドレスでは連絡がとれませんし、おそらく貴方のジョブが停止され、貴方の IP, 組織、あるいはドメイン全体がブラックリストに載る結果となるかもしれません。このような原因によるご不便をおかけいたしますことをお詫び申し上げます。

Web サービス

EMBL-EBI により提供されている Web サービスの一覧は以下の通りです。他のプロバイダ(例えば、[DDBJ](#), [KEGG](#), [NCBI](#), etc.)のサービスについては、[BioCatalogue](#), [The Embrace Service Registry](#), [seekda](#) のような Web サービスレジストリをご覧ください。

データ収集 (Data Retrieval)

サービス	クライアント	解説
ArrayExpress		ArrayExpress のマイクロレイデータ検索
ChEBI Web Services	ChEBI Web Services	ChEBI データベースからのエントリ獲得
EB-Eye	EB-eye	EB-eye サーチエンジンを使ったデータベース検索
ENA Browser		ENA からシーケンスと関連する記録を獲得
Gene Expression Atlas API		ArrayExpress Archive の学術管理されたサブセット上の要約統計の充実したデータベース
Integr8 Web Service		Integr8 Web Portal から利用可能なデータのサブセット
MartService		BioMart を使ったデータベース検索とデータ獲得
PSICQUIC		ChEMBL , Reactome , IntAct を含む分子間相互作用データベースへの標準化されたアクセス
SRS		SRS@EBI を利用したデータベース検索とデータ獲得
UniProt.org		UniProt (Universal Protein Resource)、タンパク質シーケンスとアノテーションデータの包括的なリソース
WSDbfetch (REST)	WSDbfetch (REST)	各種最新データベースから識別子に基づいてエントリを獲得
WSDbfetch (SOAP)	WSDbfetch (SOAP)	各種最新データベースから識別子に基づいてエントリを獲得

分析ツール (Analysis Tools)

サービス	クライアント	解説
Soaplab	examples	Web サービスを通しての起動に適しているほとんどの EMBOSS アプリケーションを含んでいる
WSCensor	WSCensor	クエリシーケンスを反復配列のリファレンスコレクションで選別するツール

タンパク質機能解析 (Protein Functional Analysis (PFA))

REST サービス	SOAP サービス	解説
InterProScan (REST)	InterProScan (SOAP)	異なるタンパク質シグネチャ認知メソッドを一体化するツール
Phobius (REST)	Phobius (SOAP)	タンパク質のアミノ酸配列からの膜貫通トポロジとシグナルペプチドの予測
RADAR (REST)	RADAR (SOAP)	タンパク質シーケンスの反復の検出とアライメント

配列相同性検索 (Sequence Similarity Search (SSS))

REST サービス	SOAP サービス	解説
FASTA (REST)	FASTA (SOAP)	FASTA suite を使った高速なタンパク質またはヌクレオチドの比較。Smith Waterman local-local (SSEARCH), global-local (GLSEARCH) and global-global (GGSEARCH) アライメント検索を含む。
FASTM (REST)	FASTM (SOAP)	FASTA suite の FASTF, FASTM ,FASTS を使ったペプチドフラグメントの検索
NCBI BLAST (REST)	NCBI BLAST (SOAP)	配列を NCBI BLAST を使ってヌクレオチドとタンパク質のデータベースの配列と比較
PSI-BLAST (REST)	PSI-BLAST (SOAP)	PSI-BLAST (Position Specific Iterative BLAST) ガイドモード
PSI-Search (REST)	PSI-Search (SOAP)	PSI-BLAST 戦略を使った反復 Smith - Waterman
WU-BLAST (REST)	WU-BLAST (SOAP)	新規の配列を WU-BLAST を使ってヌクレオチドとタンパク質のデータベースの配列と比較

マルチプルシーケンスアライメント (Multiple Sequence Alignment (MSA))

REST サービス	SOAP サービス	解説
Clustal Omega (REST)	Clustal Omega (SOAP)	Clustal Omega を使ったタンパク質、DNA、RNA マルチプルシーケンスアライメント
ClustalW2 (REST)	ClustalW2 (SOAP)	ClustalW 2 を使った DNA とタンパク質配列のグローバルマルチプルシーケンスアライメント
DbClustal (REST)	DbClustal (SOAP)	BLAST の結果からアンカー領域を使った DNA とタンパク質配列のグローバルマルチプルシーケンスアライメント
Kalign (REST)	Kalign (SOAP)	Kalign 法を用いたシーケンスアライメント。長い配列を処理する高速で正確なアルゴリズム
MAFFT (REST)	MAFFT (SOAP)	MAFFT 法を用いたシーケンスアライメント。高速で長い配列を扱うことができる。

MUSCLE (REST)	MUSCLE (SOAP)	MUSCLE (Multiple Sequence Comparison by Log-Expectation)法を用いたシーケンスアライメント
MView (REST)	MView (SOAP)	配列の相同性検索の結果(BLAST または FASTA)からマルチプルシーケンスアライメント作成、あるいはマルチプルシーケンスアライメントの再フォーマット
PRANK (REST)	PRANK (SOAP)	PRANK 法を用いたシーケンスアライメント
T-Coffee (REST)	T-Coffee (SOAP)	T-Coffee 法を用いたシーケンスアライメント

系統 (Phylogeny)

REST サービス	SOAP サービス	解説
ClustalW2 Phylogeny (REST)	ClustalW2 Phylogeny (SOAP)	ClustalW 2 を使ったアライメントからの NJ 法 (Neighbor-joining) または UPGMA 遺伝子系統樹

ペアワイズシーケンスアライメント (Pairwise Sequence Alignment (PSA))

REST サービス	SOAP サービス	解説
EMBOSS matcher (REST)	EMBOSS matcher (SOAP)	EMBOSS matcher を用いた Waterman-Eggert ローカルアライメント
EMBOSS needle (REST)	EMBOSS needle (SOAP)	EMBOSS needle を用いた Needleman-Wunsch グローバルアライメント
EMBOSS stretcher (REST)	EMBOSS stretcher (SOAP)	EMBOSS stretcher を用いた Myers and Miller グローバルアライメント
EMBOSS water (REST)	EMBOSS water (SOAP)	EMBOSS water を用いた Smith-Waterman ローカルアライメント
GeneWise (REST)	GeneWise (SOAP)	タンパク質配列とゲノム DNA 配列との比較
lalign (REST)	lalign (SOAP)	lalign を用いた Huang and Miller <i>sim</i> ローカルアライメント
PromoterWise (REST)	PromoterWise (SOAP)	反転と転座を考慮に入れている 2 つの DNA 配列比較、プロモータに望ましい
Wise2DBA (REST)	Wise2DBA (SOAP)	DBA (Wise2 DNA Block Aligner) は 2 つの DNA 配列を整列

配列書式変換 (Sequence Format Conversion)

REST サービス	SOAP サービス	解説
EMBOSS seqret (REST)	EMBOSS seqret (SOAP)	シーケンスデータフォーマットの変換を含む、シーケンスエントリの操作
MView (REST)	MView (SOAP)	マルチプルシーケンスアライメントデータの再フォーマット
Readseq (REST)	Readseq (SOAP)	一般的な生物学的シーケンスフォーマットを選択してバイオシーケンスを変換

配列統計 (Sequence Statistics)

REST サービス	SOAP サービス	解説
EMBOSS pepinfo (REST)	EMBOSS pepinfo (SOAP)	EMBOSS pepinfo がアミノ酸の特性をプロット
EMBOSS pepstats (REST)	EMBOSS pepstats (SOAP)	EMBOSS pepstats が分子量のようなタンパク質の特性を計算
EMBOSS pepwindow (REST)	EMBOSS pepwindow (SOAP)	EMBOSS pepwindow がタンパク質の疎水性プロットを生成
SAPS (REST)	SAPS (SOAP)	SAPS (Statistical Analysis of Protein Sequences タンパク質配列の統計分析)

配列翻訳 (Sequence Translation)

REST サービス	SOAP サービス	解説
EMBOSS transeq (REST)	EMBOSS transeq (SOAP)	EMBOSS transeq が核酸配列を対応するペプチド配列に翻訳
EMBOSS sixpack (REST)	EMBOSS sixpack (SOAP)	EMBOSS sixpack が DNA 配列を6つの読み枠での翻訳と ORF を表示
EMBOSS backtranseq (REST)	EMBOSS backtranseq (SOAP)	EMBOSS backtranseq がタンパク質配列をヌクレオチド配列に逆翻訳
EMBOSS backtranambig (REST)	EMBOSS backtranambig (SOAP)	EMBOSS backtranambig タンパク質配列をあいまいなヌクレオチド配列に逆翻訳

構造解析 (Structural Analysis)

REST サービス	SOAP サービス	解説
DaliLite (REST)	DaliLite (SOAP)	2つの構造比較
MaxSprout (REST)	MaxSprout (SOAP)	C(alpha) trace からのタンパク質バックボーンと側鎖の座標を生成する高速データベースアルゴリ

		ズム
	WSDaliLite	2つの構造比較
	WSMaxSprout	C(alpha) trace からのタンパク質バックボーンと側鎖の座標を生成する高速データベースアルゴリズム

文献とオントロジ (Literature and Ontologies)

サービス	クライアント	解説
BioModels	BioModels	公表されている生物学関連の数学モデルの保存、検索、獲得
PICR	PICR	タンパク質 ID 相互参照サービス
QuickGO	QuickGO	遺伝子オントロジ (GO) と遺伝子オントロジアノテーション (GOA) のデータベース
WSCiteXplore	WSCiteXplore	CiteXplore 引用データベースの検索
WSMIRIAM		MIRIAM (生物学的モデルのアノテーション内の最少要求情報) の Web サービス
WSOntology Lookup		統一出力形式で一か所からの複数オントロジ検索
WSSBO	WSSBO	SBO (システム生物学オントロジ) の Web サービス
WSWhatizit	WSWhatizit	テキストのテキストマイニング作業ができるテキスト処理システム

Help

- [Frequently Asked Questions](#)
- [EMBL-EBI Support](#)