

# WSDbfetch (REST)

(この文書は EMBL-EBI の [http://www.ebi.ac.uk/Tools/webservices/services/dbfetch\\_rest](http://www.ebi.ac.uk/Tools/webservices/services/dbfetch_rest) の和訳です。  
[ecobioinfo.com](http://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 12/10/16 時点の情報に基づいて書かれています。)

## 解説

---

[dbfetch](#) サービスは、様々な最新の生物学データベースから、エン트리識別子またはアクセッション番号によるエン트리へのアクセスを提供します。[dbfetch](#) へのインターフェースは主に3種類あります。

1. Web インターフェース: <http://www.ebi.ac.uk/Tools/dbfetch/>
2. REST: WSDbfetch (REST)
3. SOAP: [WSDbfetch \(SOAP\)](#)

詳細については:

- [EBI Dbfetch URL Syntax](#)
- [REST tutorial](#)

をご覧ください。

Web サービスレジストリのエン트리:

- [BioCatalogue](#)

## クライアント

---

サンプルクライアントは、多くのプログラミング言語で提供されています。これらのクライアントの使用法の詳細を見るには、クライアントをダウンロードしてプログラムをパラメータなしで実行してください。

言語	Download	必要条件
Perl	<a href="#">dbfetch_lwp.pl</a>	<a href="#">LWP</a> and <a href="#">YAML::Syck</a>
Python	<a href="#">dbfetch_urllib2.py</a>	<a href="#">urllib2</a> and <a href="#">xmltramp</a>
Ruby	<a href="#">dbfetch_net_http.rb</a>	<a href="#">net/http</a> and <a href="#">REXML</a>

## サービス API

---

WSDbfetch (REST) インターフェースの RESTful な形式をここで解説します。パラメータ化された形式については、[Dbfetch URL Syntax](#) ガイドをご覧ください。

### データベースエン트리

デフォルトのデータベースフォーマットでエントリを獲得するには URL:

```
http://www.ebi.ac.uk/Tools/dbfetch/dbfetch/{db}/{id}
```

の形式を使います。

ここで:

1. {db}はデータベース名(例えば uniprotkb)
2. {id}はエントリ識別子、ID(例えば WAP\_RAT)またはアクセッション番号(例えば P01174)

有効なデータベース名の一覧は、[dbfetch](#)ドキュメントをご覧ください。

[UniProtKB](#) から WAP\_RAT を獲得する例:

- [http://www.ebi.ac.uk/Tools/dbfetch/dbfetch/uniprotkb/WAP\\_RAT](http://www.ebi.ac.uk/Tools/dbfetch/dbfetch/uniprotkb/WAP_RAT)

## 書式付データベースエントリ

特定のデータベースフォーマットでエントリを獲得するには URL:

```
http://www.ebi.ac.uk/Tools/dbfetch/dbfetch/{db}/{id}/{format}
```

の形式を使います。

ここで:

1. {db}はデータベース名(例えば uniprotkb)
2. {id}はエントリ識別子、ID(例えば WAP\_RAT)またはアクセッション番号(例えば P01174)
3. {format}は必要なデータフォーマット(例えば、uniprotxml)

有効なデータベースとフォーマット名の一覧は、[dbfetch](#)ドキュメントをご覧ください。

[UniProtKB](#) から WAP\_RAT を UniProtXML 形式で獲得する例:

- [http://www.ebi.ac.uk/Tools/dbfetch/dbfetch/uniprotkb/WAP\\_RAT/uniprotxml](http://www.ebi.ac.uk/Tools/dbfetch/dbfetch/uniprotkb/WAP_RAT/uniprotxml)

## 書式とスタイル付データベースエントリ

特定のデータベースフォーマットと結果スタイルでエントリを獲得するには URL:

```
http://www.ebi.ac.uk/Tools/dbfetch/dbfetch/{db}/{id}/{format}?  
style={style}
```

の形式を使います。

ここで:

1. {db}はデータベース名(例えば uniprotkb)
2. {id}はエントリ識別子、ID(例えば WAP\_RAT)またはアクセッション番号(例えば P01174)
3. {format}は必要なデータフォーマット(例えば、fasta)
4. {style} は必要な結果スタイル(例えば HTML)

(訳注:元のページで{format}になっているのは誤記と思われれます。)

有効なデータベースとフォーマットと結果スタイル名の一覧は、[dbfetch](#)ドキュメントをご覧ください。

[UniProtKB](#) から WAP\_RAT を fast シーケンスフォーマットで HTML スタイルで獲得する例:

- [http://www.ebi.ac.uk/Tools/dbfetch/dbfetch/uniprotkb/WAP\\_RAT/fasta?style=html](http://www.ebi.ac.uk/Tools/dbfetch/dbfetch/uniprotkb/WAP_RAT/fasta?style=html)

## データベース情報

データベース、フォーマット、結果スタイルの詳細は、URL:

```
http://www.ebi.ac.uk/Tools/dbfetch/dbfetch/dbfetch.databases?style={style}
```

の形式でサービスから様々なフォーマットで入手できます。

利用可能なスタイル:

- [html](#): データベース情報を Web インターフェースで使われる XHTML ページとして
- [json](#): JSON ベースの REST クライアントで使うための [JSON](#) 表現
- [xml](#): XML ベースの REST クライアントで使うための [XML](#) 表現
- [yaml](#): YAML ベースの REST クライアントで使うための [YAML](#) 表現

## WADL

リクエストフォーマットを定義する [WADL](#) 文書:

```
<?xml version="1.0" encoding="utf-8"?>
<application
  xmlns:xsi="http://www.w3.org/2001/XMLSchema-instance"
  xmlns:xsd="http://www.w3.org/2001/XMLSchema"
  xsi:schemaLocation="http://research.sun.com/wadl/2006/10 wadl.xsd"
  xmlns="http://research.sun.com/wadl/2006/10">
  <resources base="http://www.ebi.ac.uk/">
    <resource path="Tools/dbfetch/dbfetch">
      <!-- Default data format -->
      <resource path="{db}/{id}">
        <param name="db" type="xsd:string" style="template" required="true">
          <doc xml:lang="en" title="db (Sample Value: EMBL)">Database name to get
data from</doc>
        </param>
        <param name="id" type="xsd:string" style="template" required="true">
          <doc xml:lang="en"
            title="id (Sample Value: J00231,HSFOS,ROD894,LOP242600)">Comma separated
list of identifiers, max. 200.</doc>
        </param>
      </resource>
      <!-- Specified data format -->
      <resource path="{db}/{id}/{format}">
        <param name="db" type="xsd:string" style="template" required="true">
          <doc xml:lang="en" title="db (Sample Value: EMBL)">Database name to get
data from</doc>
        </param>
        <param name="id" type="xsd:string" style="template" required="true">
          <doc xml:lang="en"
            title="id (Sample Value: J00231,HSFOS,ROD894,LOP242600)">Comma separated
list of identifiers, max. 200.</doc>
```

```
</param>
<param name="format" type="xsd:string" style="template" required="true">
  <doc xml:lang="en" title="format (Sample Value: fasta)">Database format to
get data in</doc>
</param>
</resource>
</resource>
</resources>
</application>
```

**注:** WSDbfetch 呼出しで使われる可能性のある返信フォーマットが広範囲(例えば、EMBL flatfile, EMBLXML, INSDXML, GenBank, UniProtKB flatfile, UniProtKB XML, UniRef XML, UniParc XML, fasta format, etc.)のため、返信フォーマットを WADL の記述で特定することは容易ではありません。エンリフォーマットの詳細は、興味のあるデータベースのドキュメントをご覧ください。もし結果を解析する必要があるなら:

- [BioJava](#)
- [BioPerl](#)
- [Biopython](#)
- [BioRuby](#)
- [EMBOSS](#)

のようなバイオインフォマティクスツールキットで見つかるかもしれません。

一般のシーケンスフォーマット(例えば、fasta format, EMBL, UniProt, GenBank, etc.)の操作に便利です。

## 窓口

---

ご意見・ご質問がございましたら、あるいは、このサービスを課程の一部とする予定がございましたら、あるいは、多数の申請をする場合は、[EBI Support](#)までご連絡ください。

---