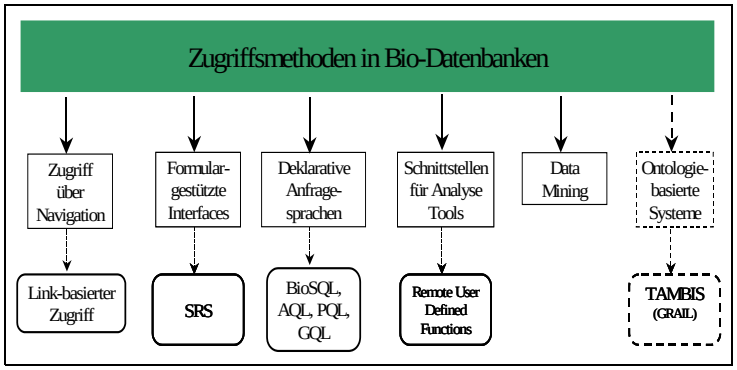
Kapitel 7: Zugriffsmethoden in Bio-Datenbanken

- Navigation
- Stichwortsuche
  - Formulargestützte Interfaces
  - SRS
- Deklarative Anfragesprachen
- Schnittstellen für Analyse-Tools
- Data Mining

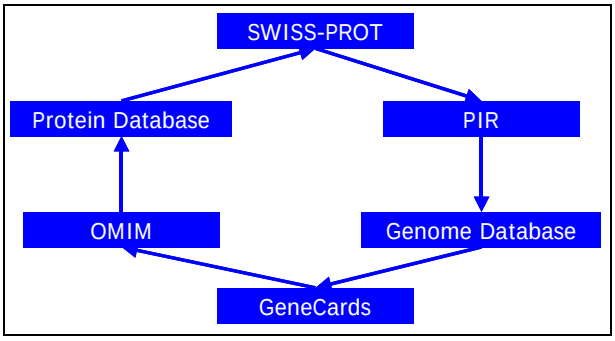


Navigation

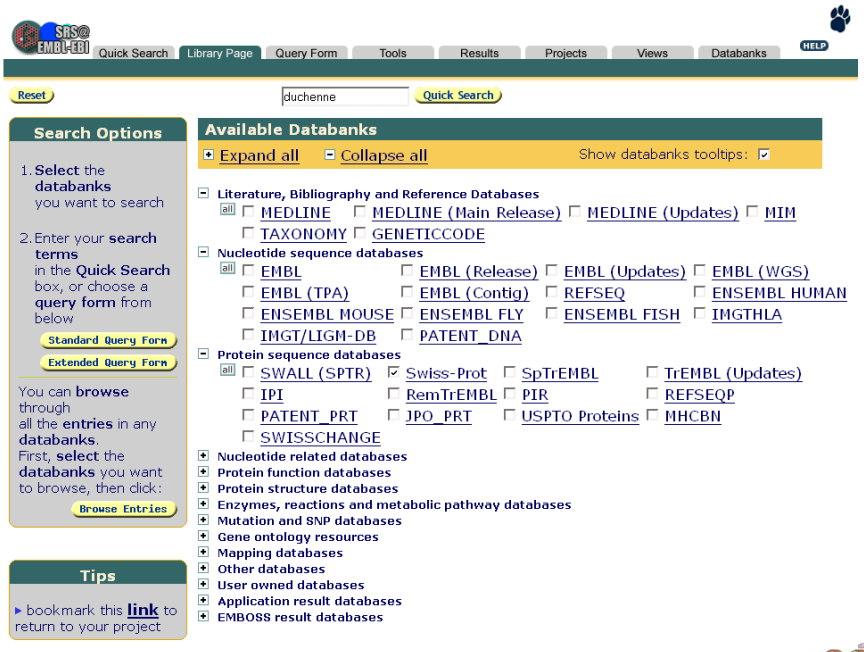
- Ansatz
  - Browsen in den Datenbeständen; Zugriff auf benötigtes (Zusatz)-Wissen über html-Links
- Vorteile
  - Einfach zu realisieren
  - Für Standardfälle effizient
- Problematik
  - Wenig flexibel, kein Muster-basierter Zugriff
  - Verlinkung unterliegt der "Willkür" der DB-Anbieter
  - "Lost in Hyperspace"-Phänomen
  - Referentielle Integrität schwierig zu wahren
- Wesentliche größere Flexibilität erst durch Bio-Ontologien
  - Ontologie: Explizite begriffliche Formalisierung eines Anwendungsbereiches (Fachsprache)
  - Dazu mehr in Kapitel 8 (Integration von Bio-Datenbanken)

Navigation: Beispiel

- Stichwort: Duchenne Muskeldystrophie
- Startpunkt:
  - Swiss-Prot (EBI) mit Stichwort "Duchenne" (DMD_HUMAN; menschliche Duchenne Muskeldystrophie)

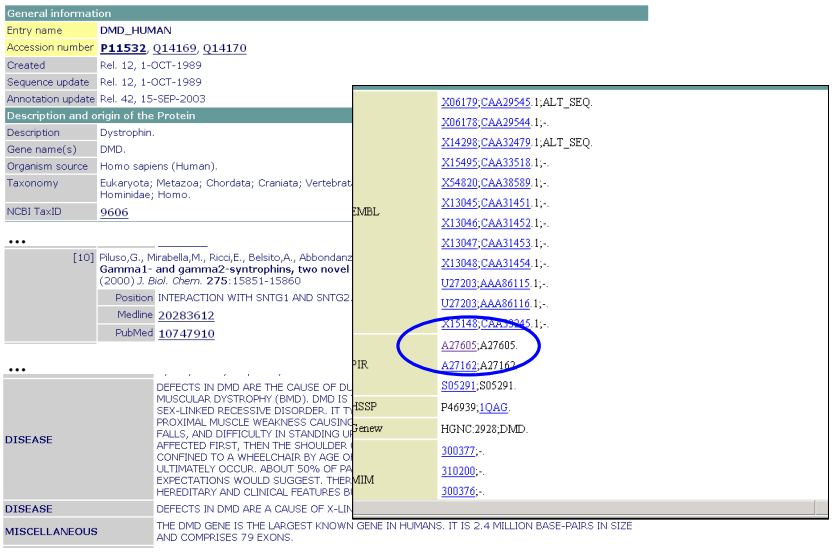


Swiss-Prot: Eingabe



Swiss-Prot: Ausgabe (Auszug)

- Kurze Beschreibung (mit Lit.-Referenzen etc.)
- Link u.a. zu Datenbank PIR (Protein Information Resource): A27605



General information

Entry name	DMD_HUMAN
Accession number	**P11532**, Q14169, Q14170
Created	Rel. 12, 1-OCT-1989
Sequence update	Rel. 12, 1-OCT-1989
Annotation update	Rel. 42, 15-SEP-2003

Description and origin of the Protein

Description	Dystrophin.
Gene name(s)	DMD.
Organism source	Homo sapiens (Human).
Taxonomy	Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrat… Hominidae; Homo.
NCBI TaxID	9606

…

[10] Piluso,G., Mirabella,M., Ricci,E., Belsito,A., Abbondanz…
Gamma1- and gamma2-syntrophins, two novel
(2000) *J. Biol. Chem.* **275**:15851-15860

Position	INTERACTION WITH SNTG1 AND SNTG2.
Medline	20283612
PubMed	10747910

…

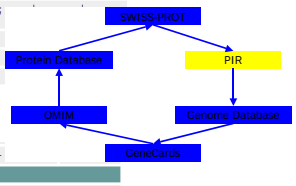
DISEASE	DEFECTS IN DMD ARE THE CAUSE OF DU… MUSCULAR DYSTROPHY (BMD). DMD IS … SEX-LINKED RECESSIVE DISORDER. IT TY… PROXIMAL MUSCLE WEAKNESS CAUSING… FALLS, AND DIFFICULTY IN STANDING UP… AFFECTED FIRST, THEN THE SHOULDER … CONFINED TO A WHEELCHAIR BY AGE O… ULTIMATELY OCCUR. ABOUT 50% OF PA… EXPECTATIONS WOULD SUGGEST. THER… HEREDITARY AND CLINICAL FEATURES B…
DISEASE	DEFECTS IN DMD ARE A CAUSE OF X-LIN…
MISCELLANEOUS	THE DMD GENE IS THE LARGEST KNOWN GENE IN HUMANS. IT IS 2.4 MILLION BASE-PAIRS IN SIZE AND COMPRISES 79 EXONS.

EMBL	X06179;CAA29545.1;ALT_SEQ.
	X06178;CAA29544.1;-.
	X14298;CAA32479.1;ALT_SEQ.
	X15495;CAA33518.1;-.
	X54820;CAA38589.1;-.
	X13045;CAA31451.1;-.
	X13046;CAA31452.1;-.
	X13047;CAA31453.1;-.
	X13048;CAA31454.1;-.
	U27203;AAA86115.1;-.
	U27203;AAA86116.1;-.
	X15148;CAA33345.1;-.
PIR	A27605;A27605.
	A27162;A27162.
	S05291;S05291.
HSSP	P46939;1QAG.
Genew	HGNC:2928;DMD.
MIM	300377;-.
	310200;-.
	300376;-.

PIR-Eintrag

- Link u.a. zu Datenbank GDB (Genome Database): GDB:119850

General Information	
ID	A27605
Accession	A27605; S07710; A27162; S05291; A40134; S06051; S10346; S02243; S02242; S02244; S02109; S23736; S09071; I54186; I68509; I68510; I54175; I54166; S03902;
Date	19-Nov-1988 #sequence_revision 27-Jun-1994 #text_change 16-Jun-2000
Description	dystrophin, muscle - human
Superfamily	dystrophin; alpha-actinin actin-binding domain homology; spectrin/dystrophin repeat homology; WW repeat homology;
Species	Homo sapiens; man;
Sequence Length	3685
Keywords	actin binding; alternative splicing; calmodulin binding; cytoskeleton; leucine zipper; membrane-associated protein; dystrophy; structural protein; tandem repeat; triple helix;
Comment	Dystrophin is proposed to play a role in anchoring the cytoskeleton to the plasma membrane.
Alternate Names	Duchenne muscular dystrophy protein
Map Position	Xp21.2-Xp21.2
...	
Region	leucine zipper motif 3572 -



Genetics	
Gene	GDB:DMD
Cross-References	GDB:119850; OMIM:310200
Intron	11/1; 31/3; 62/3; 88/3; 119/3; 177/2; 217/1; 277/3; 320/3; 383/3; 444/2; 494/3; 534/3; 568/3; 604/3; 664/3; 723/2; 764/3; 794/1; 824/3; 935/1; 1816/3; 1862/3; 1913/3; 1974/3; 2890/1; 3028/3; 3055/1; 3075/2; 3096/1; 3121/1; 3188/2; 3217/1; 3269/3; 3325/2; 3362/3; 3408/2; 3421/2; 3443/2; 3465/2; 3518/2; 3599/3; 3641/1; 3672/1; 3682/3
Note	the list of introns is incomplete

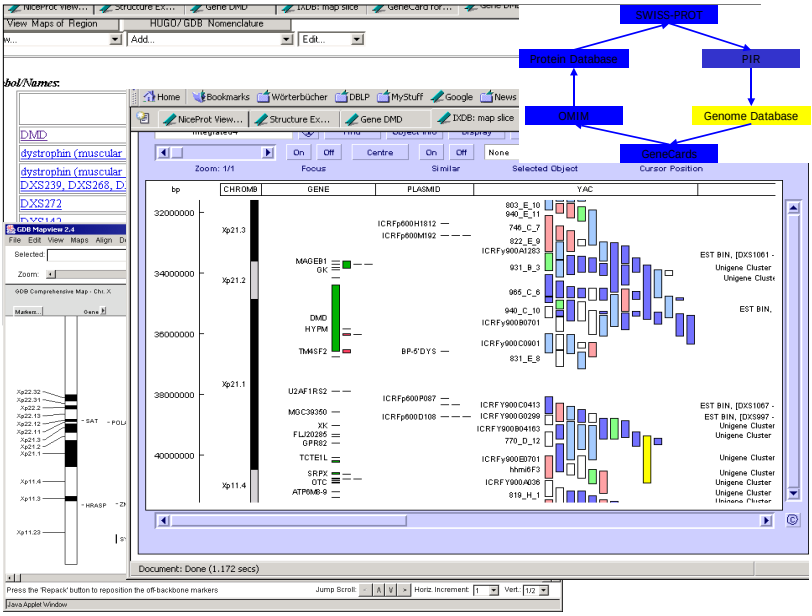
Sequence

```
>P1;A27605

MLWWEEVEDC YEREDVQKKT FTKWVNAQFS KFGKQHIENL FSDLQDGRRL LDLLEGLTGQ
KLPKEKGSTR VHALNNVNKA LRVLQNNNVD LVNIGSTDIV DGNHKLTLGL IWNIILHWQV
KNVMKNIMAG LQQTNSEKIL LSWVRQSTRN YPQVNVINFT TSWSDGLALN ALIHSHRPDL
FDWNSVVCQQ SATQRLEHAF NIARYQLGIE KLLDPEDVDT TYPDKKSILM YITSLFQVLP
QQVSIEAIQE VEMLPRPRVV TKEEHFQLHH QMHYSQQITV SLAQGYERTS SPKPRFKSYA
```

GDB-Eintrag

- Genome Database*
- Aliase, Clone, Loci
- Karten
- Link to GeneCard DMD



* http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de/

Gene-Card DMD

- SNPs, Mutationen, ...
- Link u.a. zu OMIM ID: 300377

GeneCard for gene DMD GC0XM029822

Approved UCL/HGNC/HUGO Human Gene Nomenclature database symbol
DMD (dystrophin (muscular dystrophy, Duchenne and Becker types))

Aliases and Additional Descriptions (According to GDB, HUGO, LocusLink, SWISS-PROT, and/or GeneLoc)

- BMD
- DXS142
- DXS164
- DXS206
- DXS230
- DXS239
- DXS268
- DXS269
- DXS270
- DXS272
- dystrophin (muscular dystrophy, Duchenne and Becker types)
- dystrophin (muscular dystrophy, Duchenne and Becker types), includes DXS142, DXS164, DXS206, DXS230, DXS239, DXS268, DXS269,
- Dystrophin.

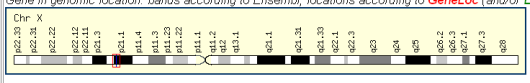
Previous GC identifer: GC0XM029640

Chromosomal Location (According to GeneLoc and/or HUGO, and/or LocusLink(NCBI build 31), Genomic Views According to UCSC and Ensembl)

Chromosome: X GeneLoc gene densities

LocusLink cytogenetic band: **xp21.2** *Ensembl cytogenetic band:* **Xp21.2**

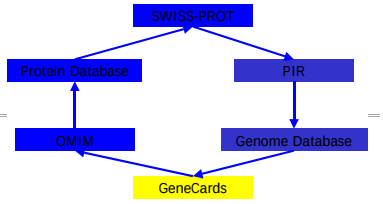
Gene in genomic location: bands according to Ensembl, locations according to **GeneLoc** *(and/or* **LocusLink** *and/or* **Ensembl** *if different)*



GeneLoc location for GC0XM029822: (about GC identifiers)

Start: **29,822,399** bp from *pter*
End: **32,042,786** bp from *pter*
Size: **2,220,387** bases
Orientation: **minus** strand

Genomic View:
UCSC Golden Path
UCSC Golden Path with GeneCards custom track



DMD_HUMAN

Disorders & Mutations

OMIM ID: 300377

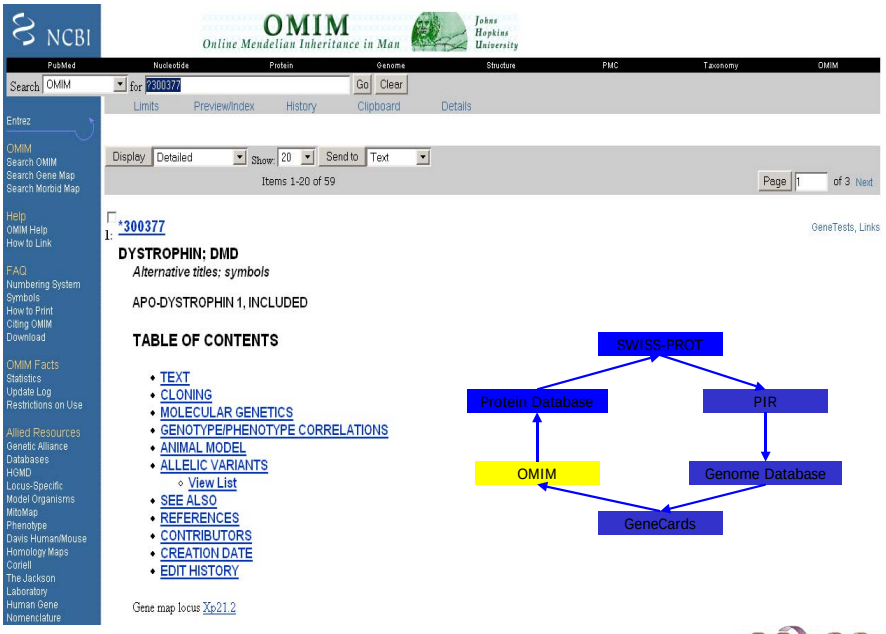
search databases for MIM named disorders:
- Duchenne muscular dystrophy
- Becker muscular dystrophy,

SWISS-PROT: DMD_HUMAN

- **Disease**: Defects in DMD are the cause of Duchenne muscular dystrophy (DMD) and Becker muscular

OMIM

- OMIM 300377 DMD
  - Beschreibung
  - Klinischer Verlauf
  - Molekulare Grundlagen
  - Populationsgenetik
  - Mutationen und Häufigkeiten
  - Links u.a. zu PDB



PDB

PDB PROTEIN DATA BANK

Structure Explorer - 1DXX

Summary Information

Summary Information
View Structure
Download/Display File
Structural Neighbors
Geometry
Other Sources
Sequence Details
Structure Factors (compressed)

Explore
SearchLite SearchFields

Title: N-Terminal Actin-Binding Domain Of Human Dystrophin

Compound: Mol_Id: 1; Molecule: Dystrophin; Chain: A, B, C, D; Fragment: Actin-Binding; Engineered: Yes; Mutation: Yes

Authors: F. L. Norwood, A. J. Sutherland-Smith, N. H. Keep, J. Kendrick-Jones

Exp. Method: X-ray Diffraction

Classification: Structural Protein

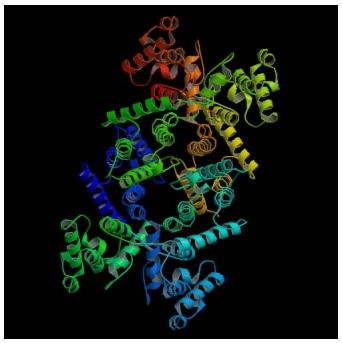
Source: Homo sapiens

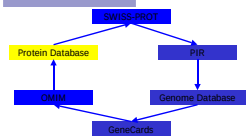
Primary Citation: Norwood, F. L., Sutherland-Smith, A. J., Keep, N. H., Kendrick-Jones, J.: The Structure of the N-Terminal Actin-Binding Domain of Human Dystrophin and How Mutations in This Domain May Cause Duchenne or Becker Muscular Dystrophy ***Structure (London)*** *8 pp.* 481 (2000)
[Medline]

Deposition Date: 19-Jan-2000

Resolution [Å]: 2.60
Space Group: P 1
Unit Cell: *dim [Å]:* *a* 59.69 *b* 79.33 *c* 81.95
angles [°]:alpha 61.08 *beta* 78.22 *gamma* 70.54

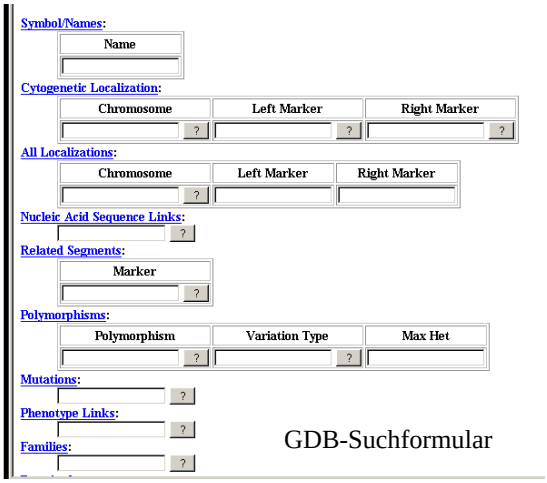
Polymer Chains: A, B, C, D
Atoms: 7622
HET groups: HOH





Stichwortsuche / Suchformulare

- Typische Zugriffsmöglichkeit im Web (Google, Altavista, Internet-Shopping etc.)
  - Einfach, schnell, verständlich, bekannt
- Vorstrukturierte Suchformulare
- Verwendung von Methoden des IR
  - Ranking der Ergebnisse
  - Operatoren: AND, OR, NOT, + / –
- Probleme
  - Ergebnis nicht zwingend Treffer
  - Wortformen: Zeiten, Sing. / Plural, Casus, ...
  - Synonym / Homonymprobleme
  - Treffer sind Dokumente, nicht Attribute

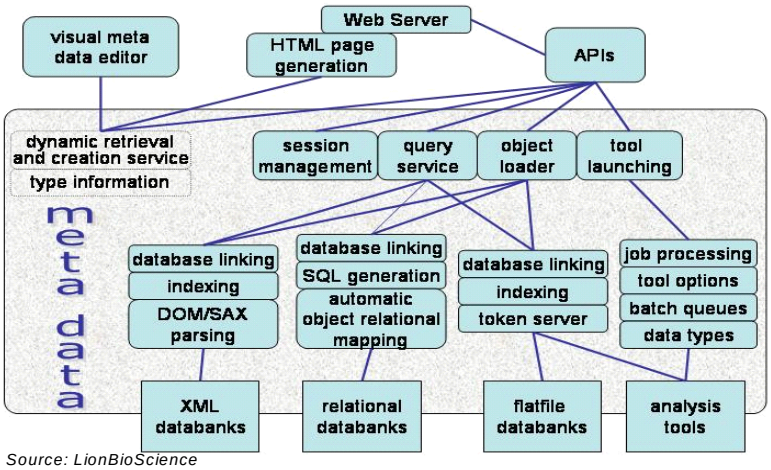


GDB-Suchformular

- Nachteil: Starke Einschränkung der Expressivität, keine Unterstützung vom komplexen Anfragen

SRS (Sequence Retrieval System)

- Ursprünglich als Zugriffstool für Sequenzdatenbank EMBL entwickelt
  - Mehr als 400 wissenschaftliche Datenbanken ansprechbar
  - Einheitliche graphische Nutzerschnittstelle
  - Formularbasiert
  - Fokus auf Flatfile-Datenbanken, Weiterentwicklung zur Unterstützung relationaler Datenquellen
  - Übernahme und kommerzieller Vertrieb durch LION BIOSCIENCE*

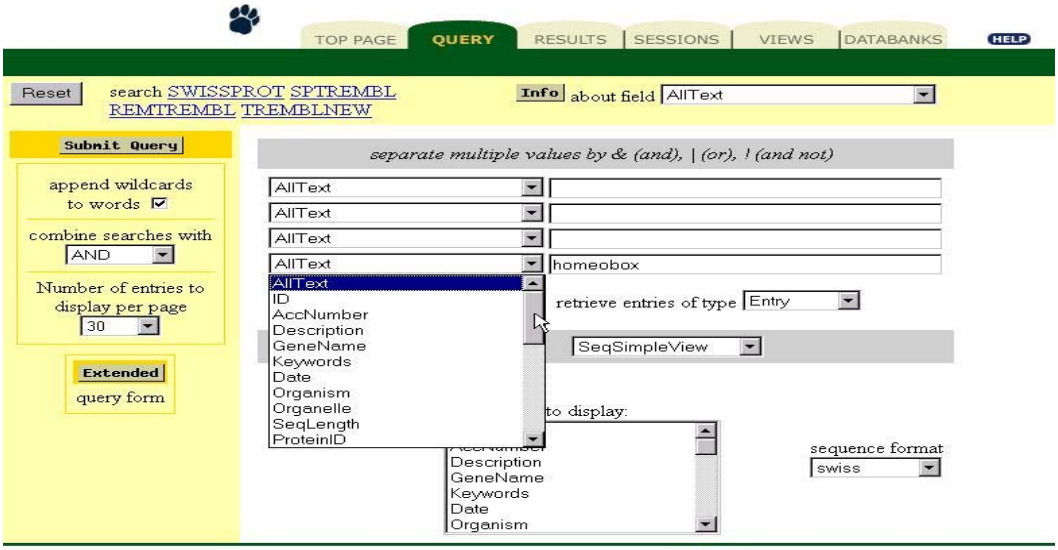


Source: LionBioScience

* http://www.lionbioscience.com

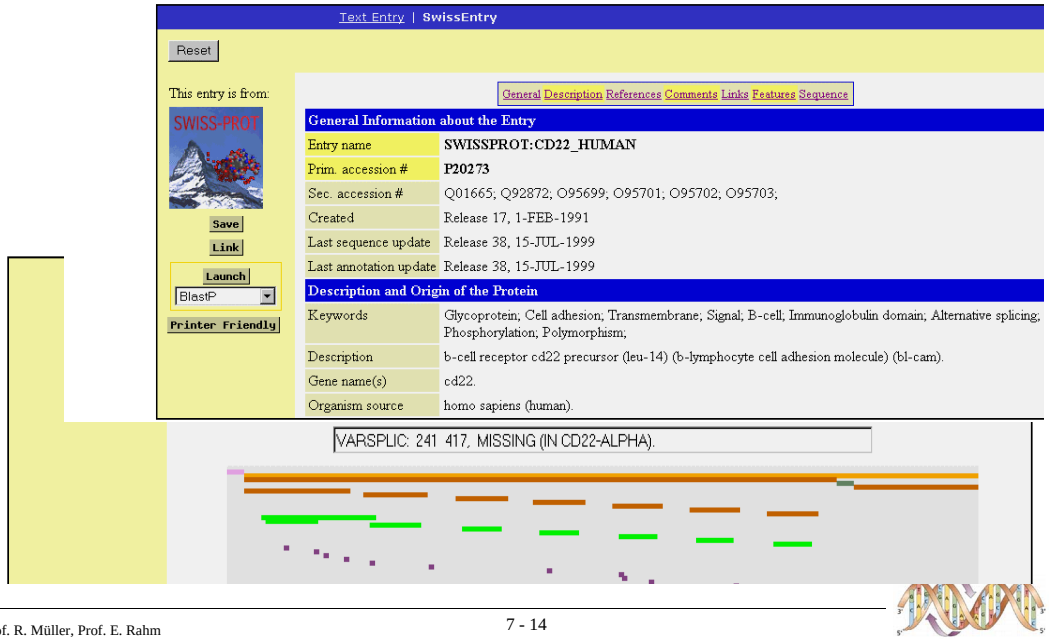
SRS: Konzept (1)

- Ein "Konzept" wird über eine Anzahl von Feldern (Entries, Attributen) beschrieben
  - Beispiel: Konzept *Gen*



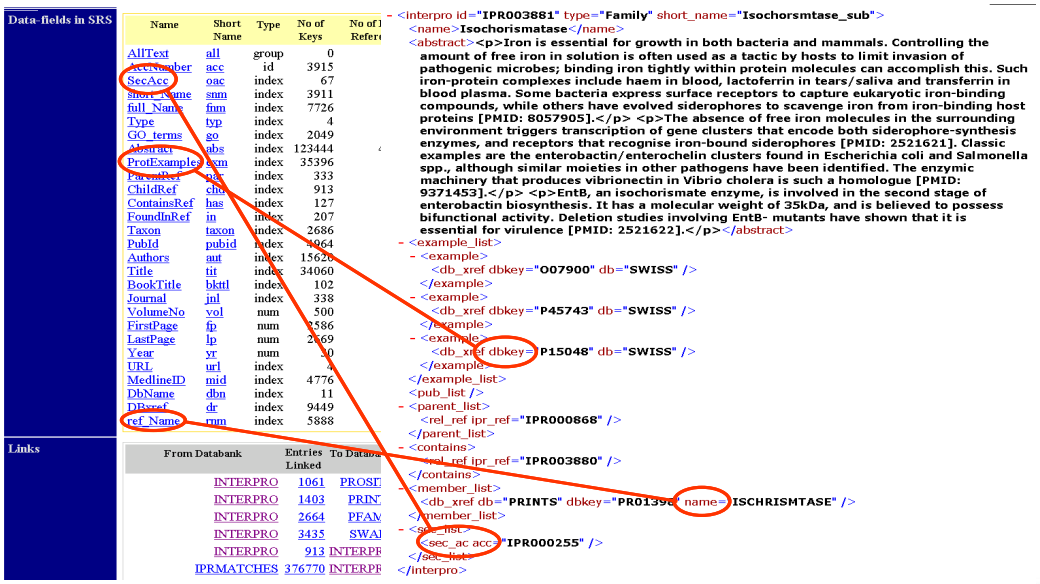
SRS: Konzept (2)

- Ein Konzept kann als html-Seite visualisiert werden



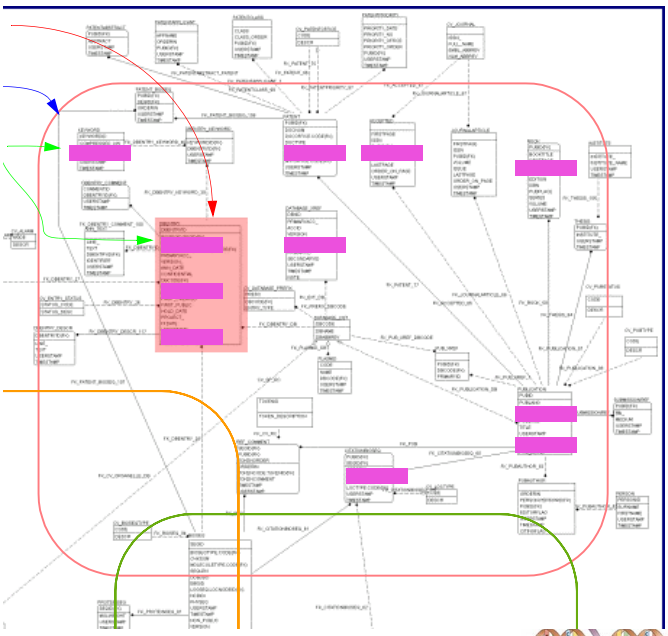
SRS: Konzept (3)

- Export als SRS-"Objekt" (C++, Java, Perl, CORBA) oder Speicherung als XML



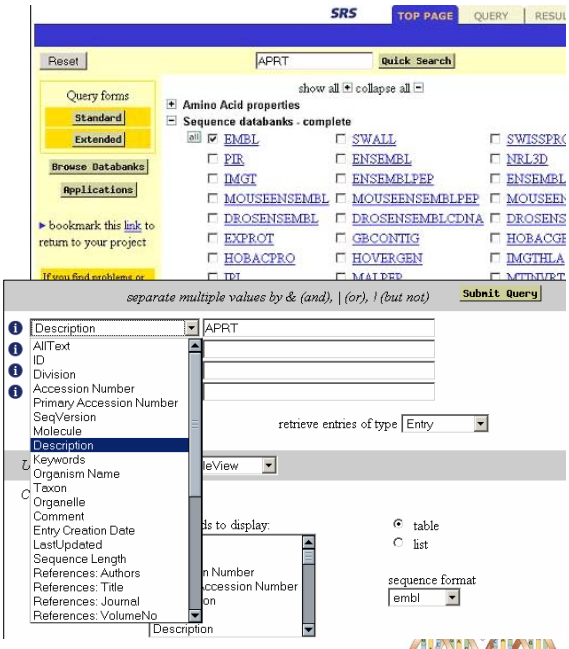
SRS: Zugriff auf relationale Datenbanken

- Auswahl einer *hub*-Tabelle (als "Aufhänger"-Konzept) (→)
- Angabe der Tabellen die zum Konzept "dazu gehören" (→)
- Angabe der abfragbaren Attribute (→)
- Interne Umsetzung via Views/ Joins



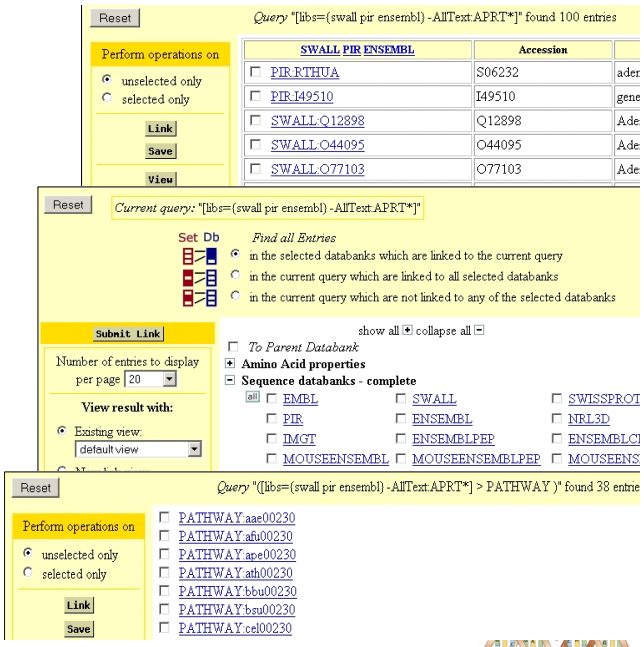
SRS: Datenzugriff (1)

- Objektsuche
  - Auswahl von Datenquellen
  - Spezifikation der Suchkriterien für abfragbaren Attribute
  - Schnittmenge der Attribute aller ausgewählten Quellen (z.B. ID)
- Unterstützte Query-Möglichkeiten
  - Textsuche, Bereichsuche für numerische/ Datumattribute
  - Regulär Ausdrücke
- Automatische Übersetzung von SRS-Queries nach SQL zum Zugriff auf relationale Datenbanken
- Ergebnis als Vereinigung der Suchergebnisse über einzelne Quellen



SRS - Datenzugriff (2)

- Querverweis-Suche
  - Für Objekte einer Ergebnismenge oder für eine ganze Quelle
  - Referenzierte Objekte in anderen Datenquellen
- Automatische Bestimmung der Pfade zwischen Quellen
  - Shortest-Path-Algorithmus
  - Gleiche Semantik der Beziehungen
- Tool-Integration
  - Anwendung auf Ergebnismengen der Abfragen
  - Anzeige direkt im Web-Browser
  - Große Anzahl von Tools bereits integriert

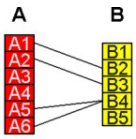


SRS Anfrage Sprache

- Anfragen können an vielen Stellen direkt formuliert werden, z.B. Results -> Search using a query expression
- Anfrage-Syntax
  - Stringsuche: [Menge-Mengenattribut:Suchmuster], Menge kann eine Datenbank, DB-Gruppe, Index, Index-Gruppe oder Suchausdruck sein
  - z.B. [pir-des:elestase], oder [swissprot-AllText:duchenne*]
  - Wildcards: [swissprot-aut:sanger,f*!coulson,a*]
  - Reguläre Ausdrücke: [swissprot-aut:/mue?ller/]
  - Zahlenbereiche: [swissprot-SeqLength#400:500]
  - mehrere DBs: [{swissprot swissnew sptrembl}-des:kinase], [dbs={swissprot swissnew sptrembl}-des:kinase] &[dbs-org:human]

SRS Anfrage Sprache

- Einfache Anfragen kombinieren:
  - operand operator operand …
  - z.B. verlinken: [swissprot-AllText:duchenne*] > pdb
- Operatoren
  - logisch: | oder, & und, ! aber nicht
  - Links:
    - > liefere die linken Einträge, < liefere die rechten Einträge



    - Komplexe Verweise: (q = [{swissprot swissnew}-des:kinase])!(q<swissnew)
  - Hierarchische Suche
    - >^ liefere Teilbaum-Einträge definiert durch linke Seite
    - >_ liefere Blatt-Einträge des Teilbaums definiert durch linke Seite

SRS Anfrage Sprache

- Mehrfache Links
  - [swissprot-AllText:duchenne*] >omim
    OMIM-Einträge zu denen man direkt von SwissProt-Einträgen mit Begriff “duchenne” gelangt
  - [swissprot-AllText:duchenne*] >pdb >omim
    wie oben, doch SwissProt und OMIM müssen über PDB verlinkt sein
  - [swissprot-id:acha_human] > prosite > swissprot
    Suche nach Eintrag “acha_human”, Link nach Prosite (Protein Fam.) “neuronal acetylcholine receptors”, Link zu Swissprot Einträgen => Sequenzen aus einer Proteinfamilie
  - [swissprot-id:gshr_caeel] > prodom > pdb
    kein direkt Link von „gshr_caeel” zur PDB, aber über ProDom (Protein Domainen), Ergebnis homologe Proteine zu „gshr_caeel”

SRS Anfrage Sprache

- Einträge und Untereinträge
  - [swissprot-keywords:transmembrane] alle Einträge mit Keyword Transmembr.
  - [swissprot-ftkey:transmem] Menge von Untereinträgen mit Typ transmem
- Einträge und Untereinträge können über Links kombiniert werden
  - [swissprot-org:human] > [swissprot-ftkey:transmem]
    Menge der Transmembransegemente in menschlichen Proteinen
  - [swissprot-org:human] < [swissprot-ftkey:transmem]
    Menge der menschlichen Proteine mit Transmembransegmenten
  - [swissprot-ftkey:transmem] > parent
    Konvertierung der Untereinträge zu den zugehörigen Einträgen
  - [swissprot-ftkey:transmem] > parent | [swissprot-key:transmembrane]
    Einträge mit Transmembransegementen oder mit dem Schlüsselwort "transmembrane"

SRS Anpassung

- Komplizierte Anfragen können vordefiniert werden
- Perl-ähnlich Sprache ICARUS
- Beispiel: Suche einen Swissprot-Eintrag nach Zugriffsnummer oder Beschreibung

```
$CannedQuery:[sampleQuery
prompt:|Sample canned query
options:{
        $AppOpt:[ac prompt:'Access number' defStr: 'Q1']
        $AppOpt:[des prompt:'Description' defStr:'cancer']
}
queryStr:
@"[swissprot-des:($des)*]|[swissprot-acc:($ac)*]"
]
```

- Das @ zeigt, das die Anfrage zur Laufzeit bearbeitet wird.
- Datei mit Anfragedefinition wird ähnlich wie ein HTML Link in SRS-Seite eingebunden.

Aufruf von SRS aus HTML Seiten

- Wegtz kann als CGI Programm direkt als HTML Link aufgerufen werden
- Einfaches Anzeigen von Einträgen
  - wgetz?-e+[embl-id:rnelas]
  - wgetz?-e+[{embl%20emblnew}-acc:X012345]
  - Die Option –e lässt wegtz volle Einträge anzeigen
- Anzeigen von Mengen
  - wgetz?[embl-all:elastase]
  - wgetz?swissprot
  - wgetz?swissprot+-lv+30+-bv+31 (-lv Anzahl Einträge pro Seite, -bv erster Eintrag
  - wgetz?swissprot+-lv+30+-bv+31+-view+SequenceSimple
    zeigt ZusatzInfos mit Hilfe eines vordef. Views
  - wgetz?swissprot+-lv+30+-bv+31+-view+SequenceSimple+-ascii+-rs+||+-cs+@@
    Wie oben aber als HTML Tabelle

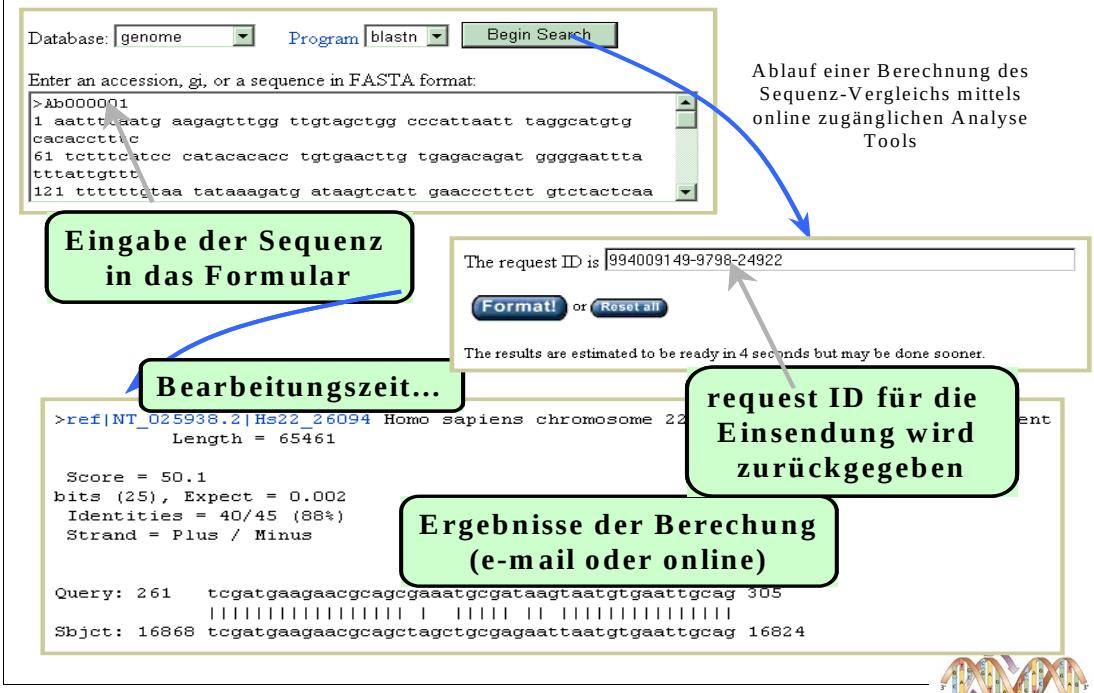
Kapitel 7 (Forts.): Schnittstellen für Analyse-Tools

- Vielzahl an Analyseprogrammen für Verarbeitung von Bio-Daten, z.B.
  - CLUSTALX (Graphisches Tool für ClustalW multiple sequence alignment program)
  - FASTA
  - BLAST (Basic Local Alignment Search Tool)
  - Sacc3D (Structural Information for Yeast Proteins)
- Installation auf lokalem Rechner vs. Remote-Zugang über Web-Interface
- Installation auf lokalem Rechner: Effizient, aber Update-Problematik
- Zugang über Web-Interface
  - Via Formulare und ftp/e-mail: Einfach zu realisieren, aber oft umständlich und wenig flexibel
  - Via API von Remote User Defined Functions (RUDFs): Flexibler, aber komplexer
  - Realisierung von RUDFs als Internet Functions

Eigenschaften von Internet Functions (IFs)

- Kein Teil der Datenbank
- Werden von einem externen System gestartet
- Erreichbar über das Internet
- Beinhalten Kommunikationsprotokoll zum Datenaustausch mit der Datenbank
- Verschachtelungen mehrerer IFs beim Aufruf möglich

Beispiel-Szenario



Internet Function Definition Language (IFDL)

- Erweiterung der SQL DDL
  - *Kein* Teil des SQL-Standards
  - Nicht verwechseln mit der *Independent Form Definition Language* (Abk. auch IFDL)
- Definition für die Einbindung von IFs in SQL-Queries
- IF-Definition: 5-Tupel
  - Funktionsname der aufzurufenden IF
  - URL der Funktion
  - Liste von Eingabeparametern mit Typen
  - Typ des Rückgabewertes
  - HTQL*-Wert

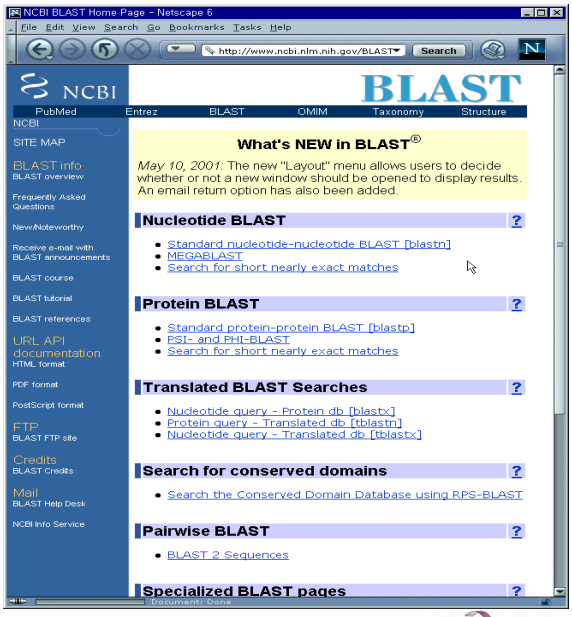
* Hyper Text Query Language

Hyper Text Query Language (HTQL)

- Unterstützt Suche in Web-Dokumenten
- Nutzung der Tags in HTML/XML-Dokumenten zur Navigation und Ausgabestrukturierung (ähnlich wie bei XPath, XQuery)
- Dient im Zusammenhang mit IFs als Schnittstelle zw. DB und IFs
  - HTQL-Wert in IFDL Function Definition informiert über Position des Rückgabewertes im (generierten) Web-Rückgabedokument
  - IF extrahiert für weitere Verarbeitung Rückgabewert aus dem (generierten) Web-Dokument

Beispiel für IF-Ausführung (GenBank)

- Vergleich von neuen, noch uncharakterisierten Gensequenzen (in Tabelle *local*) mit bekannten Sequenzen der Kenianischen Fruchtfliege
  - Nur solche Sequenzen von Interesse, die Ähnlichkeit von mind. 98 % zu geg. Sequenz aufweisen
  - Für Berechnung der Editierdistanz Verwendung des über Internet Schnittstelle zugänglichen Programms BLAST (http://ncbi.nlm.nih.gov/blast/blast.cgi)



Beispiel für IF-Ausführung (2)

- Verwendung von zwei IFs: *blast*, *get_seq*
  - *blast* verwendet als Eingabe eine Sequenz der Tabelle *local* und liefert "requestID"-Wert (rein "technischer" Parameter für weitere Referenz auf Anfrage, vor allem wg. oft langer Laufzeit von *blast*)
  - Ergebnis von *blast* befindet sich nach Ausführung in von *Blast.cgi* erzeugter HTML-Datei im Eingabefeld des 1. form-Tags
  - Dieser Wert wird extrahiert und dient als Parameter für *get_seq*, dessen Ergebnis nach dem 2. pre-Tag der erzeugten HTML-Datei steht
  - Ergebnis von *get_seq* ist Tabelle, welche die ermittelten Ähnlichkeitsscores, Herkunft und Art enthält

define function *blast*
href "http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/Blast.cgi"
parameters *query* varchar(10000)
results *request_id* varchar(40)
htql value: <form>.<input>;

define function *get_seq*
href "http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/Blast.cgi"
parameters rid varchar(40)
results *sequence* varchar(10000)
htql value: <pre>.<pre>;

Beispiel für IF-Ausführung (3)

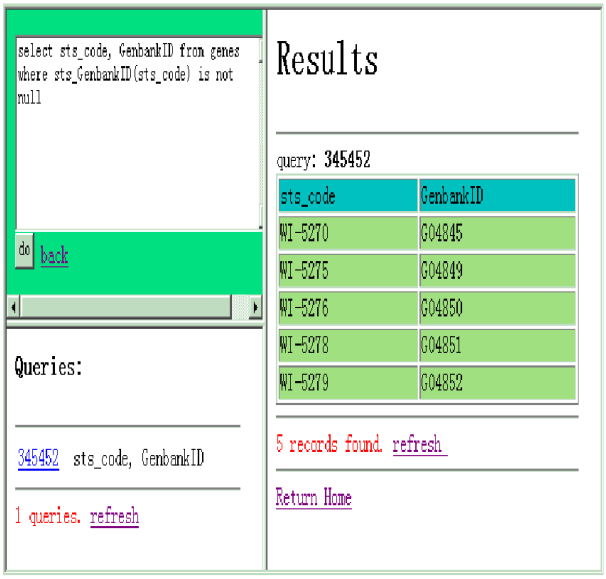
- SQL Query mit IF-Aufrufen

```
SELECT b.sequence
FROM (SELECT get_seq( blast( a.sequence ))
          FROM local as a) as b
WHERE b.organism = “Drosophila” AND b.source(country) = “Kenia”
        AND b.e-value >= 0.98
```

- Teile der Anfrage
  - Führe für alle Sequenzen der DB-Tabelle *local* (hier *a*) die BLAST-Suche in GenBank durch
  - Speichere die Ergebnisse in die Tabelle *b* ab und gib alle Sequenzen aus, die zur Kenianischen Fruchtfliege gehören und einen Ähnlichkeits-Score von mehr als 0.98 haben

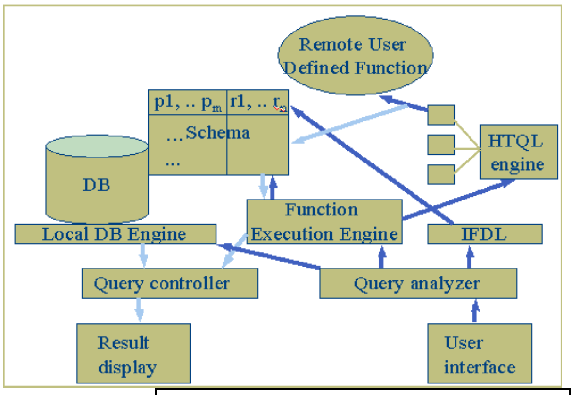
Anwendung: LifeDB

- Biologisches Datenbanksystem (Prototyp der Mississippi State University)
- Unterstützt das Konzept der IFs
- Dreiteiliges Interface
  - Textfeld links oben für Eingabe der IFs und SQL-Anfragen
  - Query-Ergebnisseite rechts
  - Feld links unten zur Auflistung bereits getätigter Anfragen



LifeDB Anfrageverarbeitung: Architektur

- Query Analyzer
  - Parsen von Eingaben im Query-Eingabefeld (stand-alone IF-Aufrufe sowie SQL-Anfragen mit oder ohne eingebundene IF)
  - Weiterleitung von SQL-Anfragen ohne eingebundene IF direkt an die lokale DB Engine
  - Weiterleitung von IF-Aufrufen an IFDL Modul



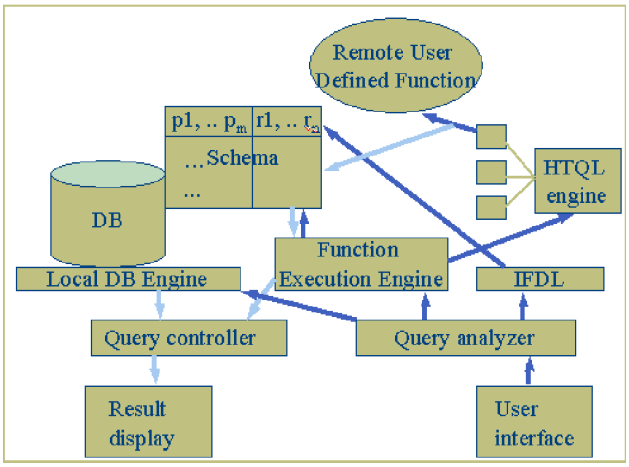
- IFDL Modul
  - Weiterleitung von eingebetteten IF an Function Execution Engine
  - Verfügt über Metadaten-Tabelle in lokalen Datenbank mit Strukturinformationen über die definierten IF (diese wird von Function Execution Engine benötigt, um IF über HTQL-Engine einzubinden und auszuführen)

IF-Metadaten-Tabelle

```
create table EDL_UDFS (
    function_name varchar(30),
    store_table_name varchar(30),
    address varchar(100),
    para_num number(2),
    para_name_list varchar(200),
    result_name_list varchar(200),
    result_htql varchar(200)
```

LifeDB Anfrageverarbeit.: Architektur (2)

- HTQL Engine
  - Nutzt http zur Übermittlung der Eingabedaten an IF
  - IF wird extern ausgeführt und legt Ergebnis in HTML-Seite ab
  - HTQL Engine extrahiert Ergebnis anhand des HTQL-Wertes der IF-Definition
  - Ergebnis wird in einer weiteren Tabelle in lokaler Datenbank abgelegt
- Query Controller führt SQL-Anfrage aus und verwendet dabei Ergebnistabelle aus der Ausführung der IF



- Schließlich wird Ergebnis dem Nutzer präsentiert

RUDF/IF: Zusammenfassung

- API / CLI Ansatz zur Einbindung externer Funktionalität bei der Auswertung von Bio-Daten
- Einbindung von RUDF / IFs innerhalb von SQL-Queries
- Rückgabe der Ergebnisse in html-Format mit Extraktionsinformation (wo ist gewünschte Information im Rückgabe-Dokument?)
- Vorteile: Umgehung lokaler Installation von externer Funktionalität
- Nachteile: Proprietäre Formate und Ausführungsarchitektur
- Weiter Informationen unter:
  - http://www.cse.msstate.edu/~cly/EDI/index.html
  - Chen, L.; Jamil, H. M.: Supporting Remote User Defined Functions in Heterogeneous Biological Databases. Proceedings IEEE International Conference on BIBE 2001: 144-152, 2001.
  - Chen, L.; Jamil, H. M.: On Using Remote User Defined Functions as Wrappers for Biological Database Interoperability; International Journal of Cooperative Information Systems (IJCIS),Special Issue on Data Management and Modeling Support in Bioinformatics, 12(2):161-195, 2003.