

Kapitel 7 (Forts.): Deklarative Anfragesprachen in Bio-Datenbanken

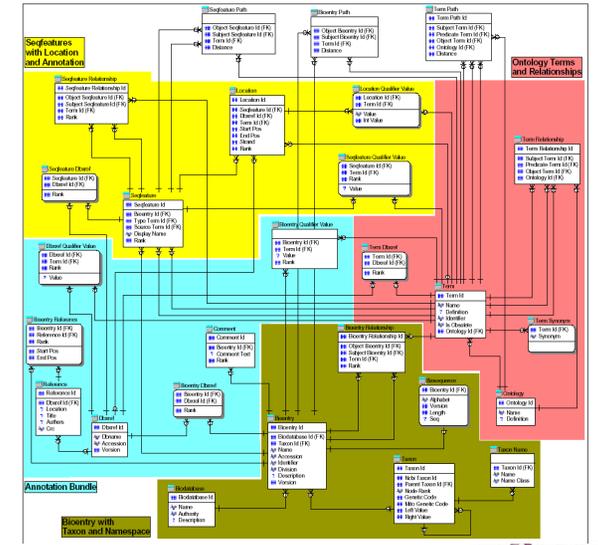
- Unterstützen (semi-)strukturierte Anfragen (i. allg. via Mengenoperationen)
- Vertreter
 - SQL92 (relational), SQL:2003 (objekt-relational)
 - OQL (objektorientiert)
 - XPath / XQuery (XML-basiert)
- Verwendbarkeit für Bio-Datenbanken?
 - Bio-Daten: Oft nur semi-strukturiert
 - Ggf. hoher Multimedia-Anteil: Text, Images (z.B. bei Genexpression), Verlaufskurven (z.B. bei medizinischen Daten)
- Kaum Verwendung als "öffentliches" Bio-Interface, da zu komplex
- Bio-Spezialsprachen: BioSQL, PQL, ...



(C) Prof. R. Müller, Prof. E. Rahm

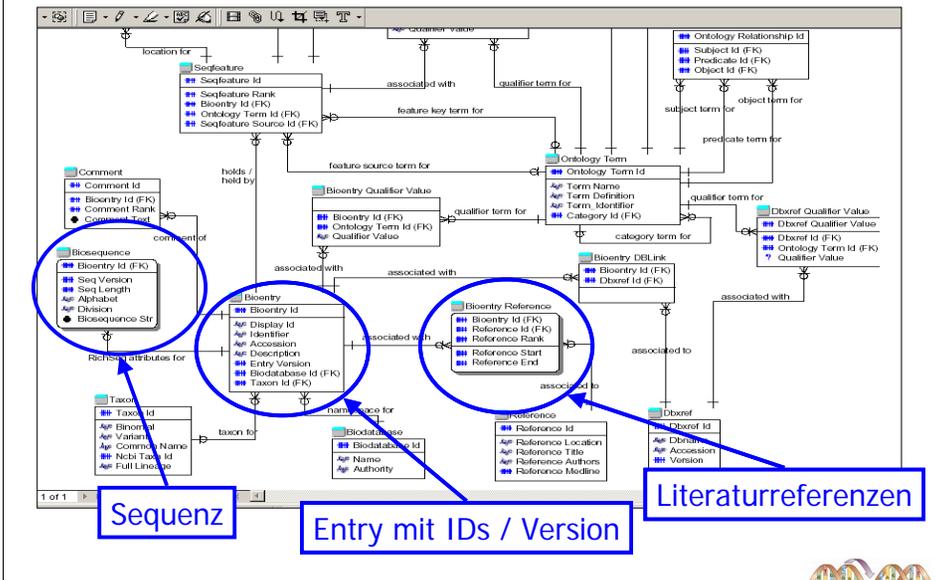
Beispiel: BioSQL

- Auf Basis von SQL92
- Keine SQL-Spracherweiterung, sondern spezifische DDL-Ausprägung
- OpenSource Projekt (<http://cvs.bioperl.org/>)
- Relationale Schemata (Oracle, PostGres, MySQL)
- EMBL & SwissProt
 - Ca. 20 SQL-Tabellen



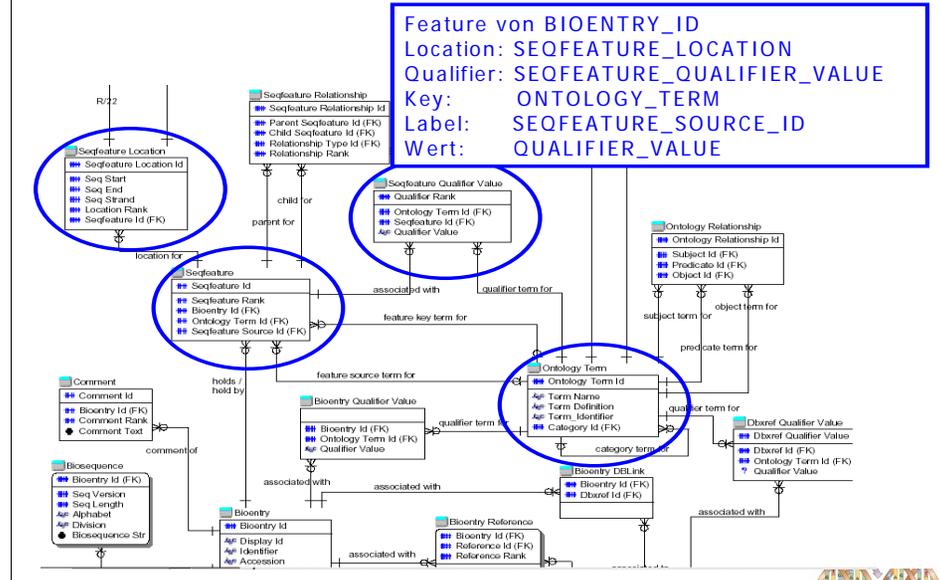
(C) Prof. R. Müller, Prof. E. Rahm

BioSQL Core



(C) Prof. R. Müller, Prof. E. Rahm

BioSQL Feature



(C) Prof. R. Müller, Prof. E. Rahm

BioSQL und BioPython

- BioSQL liefert API für mehrere Programmiersprachen
Python, Perl, Ruby, Java, ...
- Zugriff auf BioSQL DB aus Python

```
>>> from BioSQL import BioSeqDatabase
>>> server = BioSeqDatabase.open_database(driver = "MySQLdb", user = "chapmanb",
...                                     passwd = "biopython", host = "localhost", db = "bioseqdb")
>>> db = server.new_database("cold")
>>> from Bio import GenBank
>>> parser = GenBank.FeatureParser()
>>> iterator = GenBank.Iterator(open("cor6_6.gb"), parser)
>>> db.load(iterator)
6
>>> record = db.lookup(accession = "X62281")
>>> record.id
'X62281'
>>> record.name
'ATKIN2'
>>> record.description
'A.thaliana kin2 gene.'
```



© Dr. A. Hinneburg, Prof. R. Müller, Prof. E. Rahm

DiscoveryLink

[L.M. Haas, P.M. Schwarz, P. Kodali, E. Kotlar, J. E. Rice und W. C. Swope. *DiscoveryLink: A system for integrated access to life sciences data sources. IBM Systems Journal, 40(2):489-511, 2001.*]

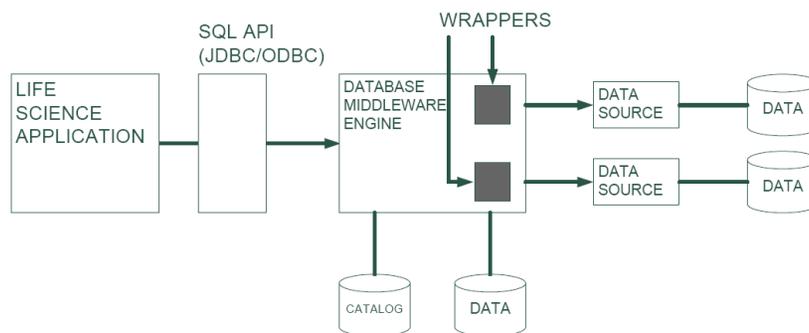
- kommerzielles System von IBM
- vollkommene Transparenz für Anwender
- Anwender denkt: Ich arbeite mit einer Datenquelle!
- Vorgänger war GARLIC-Projekt:
Integration von heterogenen Quellen mit
Spezifikation eines integrierten Schemas und unter
Nutzung von Wrappern
- Ankopplung von Analysewerkzeugen ist primäres Ziel
von Discovery Link
- FDBMS-Ansatz



© Dr. A. Hinneburg, Prof. R. Müller, Prof. E. Rahm

DiscoveryLink

Architektur:



© Dr. A. Hinneburg, Prof. R. Müller, Prof. E. Rahm

DiscoveryLink

- Wrapper sind in C++ implementiert und werden dynamisch geladen

```
CREATE WRAPPER ChemWrapper LIBRARY
'libchemdb.a'
```
- Definition eines Servers auf den mittels Wrapper zugegriffen wird

```
CREATE SERVER Chem-HTS WRAPPER ChemWrapper
OPTIONS(NODE 'hts1.bigpharma.com',
PORT '2003', VERSION '3.2b')
```
- Schemadefinition eines Wrappers

Protein_Sequence Wrapper Schema	Assay Wrapper Schema	Molecule Wrapper Schema
<pre>CREATE NICKNAME PROTEINS { PROTEIN_ID VARCHAR(30) NOT NULL, NAME VARCHAR(60), FAMILY VARCHAR(256), DISEASES VARCHAR(256) } SERVER PROTEINDB</pre>	<pre>CREATE NICKNAME ASSAYS { COMPOUND_ID VARCHAR(10) NOT NULL, SCREEN_NAME VARCHAR(30) NOT NULL, IC50 DECIMAL(12,10) } SERVER ORACLE12</pre>	<pre>CREATE NICKNAME COMPOUNDS { COMPOUND_ID VARCHAR(10) NOT NULL, STRUCTURE LONG VARCHAR, MOL_WT DECIMAL(10,6), LOGP DECIMAL(10,2) } SERVER CHEM-HTS CREATE FUNCTION MAPPING FOR SIMILARITY(LONG VARCHAR, LONG VARCHAR) RETURNS FLOAT SERVER CHEM-HTS</pre>



© Dr. A. Hinneburg, Prof. R. Müller, Prof. E. Rahm

DiscoveryLink

- Anfragen werden mittels SQL formuliert

```
SELECT a.compound_id, a.IC50, p.name,
       c.structure
FROM Assays a, Proteins p, Compounds c
WHERE a.screen_name = p.protein_id
      AND a.compound_id = c.compound_id
      AND p.family LIKE '%serotonin%'
      AND a.IC50 < 1E-8
```



DiscoveryLink

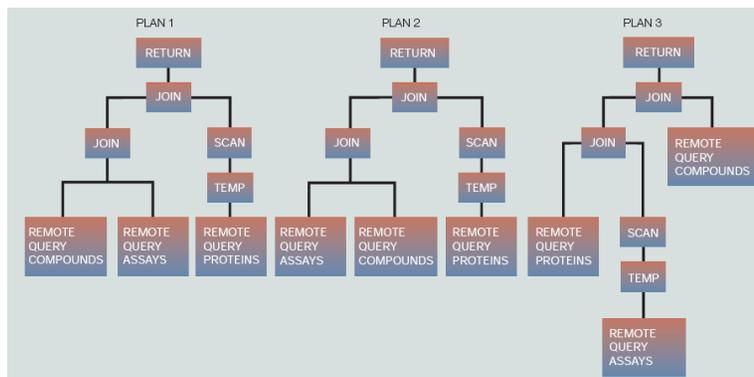
- Anfragen werden optimiert
- Erste Phase: Zugriff auf einzelne Tabellen optimieren
- Predikate an Datenquellen delegieren

RemoteQuery	RemoteQuery	RemoteQuery
Tables: Assays	Tables: Compounds	Tables: Proteins
Columns: compound_id IC50 screen_name	Columns: compound_id structure	Columns: protein_id name
Predicates: IC50 < 1E-8	Predicates: (None)	Predicates: family LIKE '%serotonin%'



DiscoveryLink

- Zweite Phase: Joins zwischen Tabellen optimieren (links -> rechts)



DiscoveryLink

- Komplexere Anfragen

```
SELECT a.compound_id., a.IC50, p.name,
       c.mol_wt, c.logP, c.structure,
       similarity(c.structure,
                 :KETANSERIN_MOL) AS rank
FROM Assays a, Proteins p, Compounds c
WHERE a.screen_name = p.protein_id
      AND a.compound_id = c.compound_id
      AND p.family LIKE '%serotonin%'
      AND a.IC50 < 1E-8
      AND c.mol_wt BETWEEN 375 AND 425
      AND c.logP BETWEEN 4 AND 5
ORDER BY rank
```



DiscoveryLink

- FDBMS -> integriertes Schema
- Zugriff auf Originaldaten durch Views
- kommerzielles Produkt
Kostet sehr viel Geld!!! ☹
- Plattformunabhängigkeit
- Internetfähigkeit
- lesendes SQL
- JDBC-, ODBC-Treiber
- verschiedenste Ausgabeformate
- keine Einbindung eigener Datenquellen, immer Wrapper-Implementation notwendig
- Informationsfusion wird unterstützt

© Dr. A. Hinneburg, Prof. R. Müller, Prof. E. Rahm



SQL92: Bewertung für Bio-Datenbanken

- n Vorteile
 - Breite Verwendung in kommerziellen Datenbank-Systemen
 - Gute Einbindung in Programmiersprachen
 - Mächtig, effizient, stabil
- n Nachteile
 - Für Anfrage muss zugrundeliegendes Datenschema im Detail bekannt sein
 - Eingeschränkte Unterstützung von semi-strukturierten Daten und Multimedia-Objekten
- n Ausweg: SQL:2003 ??

(C) Prof. R. Müller, Prof. E. Rahm



Typsystem von SQL:2003

- n Erweiterbares Typkonzept
 - vordefinierte Datentypen
 - konstruierte Typen (Konstruktoren): REF, Tupel-Typen (ROW-Typ), Kollektionstyp ARRAY
 - benutzerdefinierte Datentypen (User-Defined Types, UDT): Distinct Types und Structured Types
- n Definition von UDTs unter Verwendung von vordefinierten Typen, konstruierten Typen und vorher definierten UDTs
- n UDTs unterstützen u.a.
 - Kapselung
 - Vererbung (Subtypen)
- n alle Daten werden weiterhin innerhalb von Tabellen gehalten
 - Definition von Tabellen auf Basis von strukturierten UDTs möglich
 - Bildung von Subtabellen (analog zu UDT-Subtypen)
- n neue vordefinierte Datentypen
 - Boolean (Werte: TRUE, FALSE, UNKNOWN)
 - Large Objects (Binärdarstellung bzw. Texte), Multimedia-Objekte

(C) Prof. R. Müller, Prof. E. Rahm



Large Objects

- n 3 neue Datentypen:
 - BLOB (Binary Large Object)
 - CLOB (Character Large Object): Texte mit 1-Byte Character-Daten
 - NCLOB (National Character Large Objects): ermöglicht 2-Byte Character-Daten für nationale Sonderzeichen (z.B. Unicode)
- n Verwaltung großer Objekte im DBS (nicht in separaten Dateien)
 - umgeht große Datentransfers und Pufferung durch Anwendung; Zugriff auf Teilbereiche
- n Beispiel Genexpression (stark vereinfacht):

```
CREATE TABLE GenExpression-Data
  (Exp-ID      INTEGER,
   Lab         VARCHAR (40),
   Annotation  CLOB (75K),
   Exp-Image   BLOB (12M) )
```
- n indirekte Verarbeitung großer Objekte über Locator-Konzept (ohne Datentransfer zur Anwendung) (SQL/MED; IBM DB2 DataLink)

(C) Prof. R. Müller, Prof. E. Rahm



SQL:2003: Bewertung

- n SQL:2003-Standardisierung
 - Kompatibilität mit existierenden SQL-Systemen
 - Objektorientierung
 - Unterstützung von semi-strukturierten Daten und Multimedia
 - SQL/MED: DBS-Einbindung von externen Daten / Dateien
- n Daher: Als Anfragesprache für Biodaten prinzipiell geeignet
- n Aber: Bzgl. Datenschema muss a priori immer noch bekannt sein, welche Teile wie strukturiert und welche unstrukturiert sind (im Ggs. zu XML)



XML-basierte Anfragesprachen

- n XQuery: W3C-Standardisierungsprozeß für einheitliche XML-Anfragesprache
- n abgeleitet von vorangegangenen proprietären XML-Anfragesprachen (Quilt, XPath, XQL, XML-QL, ...) sowie SQL und OQL
- n funktionale Anfragesprache
- n komplexe Pfadausdrücke (basierend auf XPath 2.0), Funktionen, konditionale und quantifizierte Ausdrücke, Ausdrücke zum Testen/Modifizieren von Datentypen, Elementkonstruktoren
- n FLWOR-Syntax (For ... Let ... Where ... Order By ... Return)



XQuery: FLWOR

- n Generelle Vorgehensweise
 - Dokumentzugriff mit doc(url)
 - Knotennavigation mit XPath 2.0 (z.B. //book oder /book/author[Name = "Rahm"])
 - Variablenbindung im Kontext existierender Bindungen
 - Operationen auf den Knotenmengen
 - Erzeugung neuer Knoten
- n FLWOR-Ausdrücke

```
FLWOR-expr ::= (FOR-expr | LET-expr)+
              WHERE-expr? ORDERBY-expr? RETURN-expr
FOR-expr    ::= for $var in expr (, $var in expr)*
LET-expr    ::= let $var := expr (, $var := expr)*
WHERE-expr  ::= where expr
ORDERBY-expr ::= (order by | stable order by) OrderSpecList
OrderSpecList ::= OrderSpec (, OrderSpec)*
OrderSpec   ::= expr OrderModifier
OrderModifier ::= (ascending | descending)? (empty greatest | empty least)? (collation StringLiteral)?
RETURN-expr ::= return expr
```



XQuery: FLWOR (2)

- n LET-Ausdruck
 - bindet Menge von Werten an Variable
 - Menge wird geschlossen an Variable gebunden

```
let $n := //Book/Author/Name
return $n
```
- n FOR-Ausdruck
 - für jedes Element der Ergebnismenge erfolgt Bindung an Variable (Iteration über die Menge)
 - Beispiel liefert gleiches Ergebnis wie bei LET, jedoch wird es anders abgearbeitet:
 - \$n wird jeweils an Elemente der Sequenz von Autorennamen gebunden (für jeden Namen genau einmal)
 - RETURN wird für jede Bindung einmal ausgeführt
 - Zwischenergebnisse werden zu Gesamtergebnis zusammengefaßt

```
for $n in //Book/Author/Name
return $n
```



XQuery: Bio-Beispiel

n Ausgangs-
schema

```
<!ELEMENT seq (dbref, family?, full_seq, annotation*) >
<!ATTLIST seq id ID #REQUIRED
              name CDATA #IMPLIED
              length CDATA #IMPLIED >

<!ELEMENT dbref (database, unique_id, version?)>
<!ELEMENT database (#PCDATA)>
<!ELEMENT unique_id (#PCDATA)>
<!ELEMENT version (#PCDATA)>
<!ELEMENT family (#PCDATA)>
<!ELEMENT full_seq (#PCDATA)>
<!ATTLIST full_seq type (dna | rna | aa) #REQUIRED>
<!ELEMENT annotation (#PCDATA)>
```

DTD

Daten-
satz

```
<seq id="my_seq" name="NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN">
  <dbref>
    <database>SWISS-PROT</database>
    <unique_id>P09651</unique_id>
  </dbref>
  <family>RIBONUCLEASEN TYPE 15</family>
  <full_seq type="aa">
    SKSESPEPEQLKLFIGGLSPEFTTDESLSRSHFEQWGLTDCVVMRDPTKRSGFGFVYATVEEVDAAMNARPH
    KVDGRVVEPKRAVREDSQRPGAHLTVKKIFVGGIKEDTEHHLRDYFEQYGKIEVIEIMTDRGSGKKRGFAPVTF
    DDDSDVKIYIKYHTVNGHNCVGRKALSKQEMASASSQRGRSGNFGGGGGGFGGNDNFGRGNFSGRGGFG
    GSRGGGSGGSDGYNFGNDGCVGGGPGYSGGSRGYSGGQGYGNQGSYGGSSGSDYDYNNGGRRGFGGGGSGN
    FGGGSSYNDPFGNYNQSNGFPMKGGNFGGRSSGPGYGGGQYFAKPRNQGGYGGSSSSSSSYGSGRRF
  </full_seq >
  <annotation> This protein binds to RNA and ... </annotation>
</seq>
```

* industry.ebi.ac.uk/~alan/XMLWorkshop/Presentations/XML-Bio ppt



XQuery: Bio-Beispiel (2)

```
<!ELEMENT seq (dbref, family?, full_seq, annotation*) >
<!ATTLIST seq id ID #REQUIRED
              name CDATA #IMPLIED
              length CDATA #IMPLIED >

<!ELEMENT dbref (database, unique_id, version?)>
<!ELEMENT database (#PCDATA)>
<!ELEMENT unique_id (#PCDATA)>
<!ELEMENT version (#PCDATA)>
<!ELEMENT family (#PCDATA)>
<!ELEMENT full_seq (#PCDATA)>
<!ATTLIST full_seq type (dna | rna | aa) #REQUIRED>
<!ELEMENT annotation (#PCDATA)>
```

- Liste alle Elemente, die etwas zu "RIBONUCLE..." enthalten
`doc("http://data.bio-server.bio-university.edu/biodata.xml")/*[contains(text(), 'RIBONUCLE')]`
- Liste alle Aminosäuresequenzen mit Namen auf, welche die Teilsequenz "SFETTDESLRSH" enthalten, in alphabetischer Reihenfolge
`for $s in doc("http://.../biodata.xml")//seq
where $s/full_seq/@type = aa and
 $s/full_seq[contains(text(), 'SFETTDESLRSH')]
order by $s/@name
return $s/@name`



XQuery: Bio-Beispiel (3)

```
<!ELEMENT seq (dbref, family?, full_seq, annotation*) >
<!ATTLIST seq id ID #REQUIRED
              name CDATA #IMPLIED
              length CDATA #IMPLIED >

<!ELEMENT dbref (database, unique_id, version?)>
<!ELEMENT database (#PCDATA)>
<!ELEMENT unique_id (#PCDATA)>
<!ELEMENT version (#PCDATA)>
<!ELEMENT family (#PCDATA)>
<!ELEMENT full_seq (#PCDATA)>
<!ATTLIST full_seq type (dna | rna | aa) #REQUIRED>
<!ELEMENT annotation (#PCDATA)>
```

- Geben Sie zu jeder Proteinfamilie die durchschnittliche Länge der Proteinsequenzen aus

```
for $f in distinct-values(doc("http://.../biodata.xml")//family)
where $f./full-seq/@type = aa
let $a := avg(doc("http://.../biodata.xml")//seq[family = $f]/full-seq/string-length( text() ) )
return
<family>
  <name> { $f/text() } </name>
  <avglength> { $a } </avglength>
</family>
```



XML/XQuery: Bewertung

- n Standardisiert, objektorientierte Mächtigkeit
- n Als Anfragesprache für Bio-Daten prinzipiell geeignet
 - Gute Unterstützung von semi-strukturierten Daten
 - Anfragen auch mit sehr wenig Metawissen über Struktur der Bio-Daten möglich
- n Nachteile
 - Noch unklare Situation bzgl. Produkten (Native XML-DBMS vs OR-DBMS mit XML-Modulen)
 - Keine Unterstützung von Multimedia-Objekten

