

Bio::DB::GenBank

- ▶ Zugriff auf Sequenzen der NCBI GenBank
`http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank/index.html`
- ▶ Hier beispielhaft für Zugriffe auf Sequenzdatenbanken

Konstruktor:

```
$gb = Bio::DB::GenBank->new();
```

Bio::DB::GenBank (2)

Methoden:

```
$gb->get_Seq_by_gi(<gi>);
```

```
$gb->get_Seq_by_acc(<accession>);
```

```
$gb->get_Seq_by_....
```

... geben Bio::SeqI-Objekte zurück

```
$gb->get_Stream_by_query(<query>); #Query-Objekte auf naechster Folie
```

```
$gb->get_Stream_by_gi([<gi1>,<gi2>,....]);
```

```
$gb->get_Stream_by_....
```

... geben Bio::SeqIO-Objekte zurück

Bio::DB::Query::GenBank

- ▶ Klasse für Anfragen an die NCBI GenBank
- ▶ wiederum exemplarisch

Konstruktor:

```
$query = Bio::DB::Query::GenBank->new();
```

Argumente:

- ▶ `-db` : 'protein' oder 'nucleotide'
- ▶ `-query` : die Anfrage (wie man sie im Suchfeld bei NCBI eingeben würde)
- ▶ `-mindate` : minimales Einstelldatum
- ▶ `-maxdate` : maximales Einstelldatum

Alternativ:

- ▶ `-ids` : Liste von GIs, überschreibt `query`

Query kann in `Bio::DB::GenBank::get_Stream_by_query()` benutzt werden.

Bio::DB::Query::GenBank (2)

Methoden:

`$query->count();` *#Anzahl der Ergebnisse der Anfrage*

`$query->ids();` *#Liste von Gls als Ergebnis der Anfrage*

Die Gls können in den Methoden von `Bio::DB::GenBank` benutzt werden.

Bio::SeqFeature1

- ▶ Interface für Sequenzfeatures (Coding Sequences, repetitive Elemente,...)
- ▶ Objekte werden von Bio::Seq::get_SeqFeatures() zurückgegeben

Methoden:

```
$f->primary_tag(); #Tag des Features (z.B. 'CDS')  
$f->display_id(); #Name des Features zur Anzeige  
$f->seq(); #Sequenz(abschnitt) f'ur dieses Feature (Bio::PrimarySeq)  
$f->spliced_seq() #ggf. gespeiste Sequenz  
$f->location() #Ort auf der Sequenz (Bio::Location1, naechste Folie)  
$f->get_SeqFeatures() #Liste von Subfeatures (wenn vorhanden)  
$f->strand() #1 fuer den aktuellen und -1 fuer den Gegenstrang  
$f->annotation() #Annotationen (uebernaechste Folie)
```

Bio::LocationI

- ▶ Interface für Start- und Endpositionen auf einer Sequenz
- ▶ Objekte werden von Bio::SeqFeature::location() zurückgegeben

Methoden:

`$loc->start()` *#Starposition auf der Sequenz*

`$loc->end()` *#Endposition auf der Sequenz*

... und weitere Methoden in abgeleiteten Klassen.

Bio::AnnotationCollection

- ▶ Annotationen zu einem Feature
- ▶ Objekte von Bio::SeqFeatureI::annotation() zurückgegeben

Methoden:

`$ac->get_all_annotation_keys()` *#Schluessel (Namen) aller Annotationen*
`$ac->get_Annotations(<key>)` *#Liste aller Annotation zu einem Schluessel*

Annotationsobjekte → nächste Folie

Bio::AnnotationI

- ▶ Interface für Annotationen (Genzugehörigkeit, Anmerkungen, ähnliche Gene,...)
- ▶ Objekte von Bio::AnnotationCollectionI :: get_Annotations() und Bio::SeqFeatureI :: get_Annotations() zurückgegeben

Methoden:

`$annot->tagname()` *#Tag der Annotation (entspricht key)*

`$annot->as_text()` *#textuelle Beschreibung des Wertes*