

[Petición 1] regresa WarningList/ OutputMessage/ "No items found" en caso de error Observaciones: [Petición 2] regresa un código de salida en <DocumentSummarySet status="OK">

→ [Petición 2] eSummaryResult/ DocumentSummarySet/ DocumentSummary/ Name Id recibida en la petición 1 d_symbol

 [Petición 1] eSearchResult/IdList/Id Eliminar official_name → [Petición 2] NomenclatureName OSOH P

Chromosome → [Petición 2] eSummaryResult/ DocumentSummarySet/ DocumentSummary/ Chromosome → [Petición 2] eSummaryResult/ DocumentSummarySet/ DocumentSummary/ Summary Summary

Petición 2] eSummaryResult/ DocumentSummarySet/ DocumentSummary/ MapLocation Tomar completo

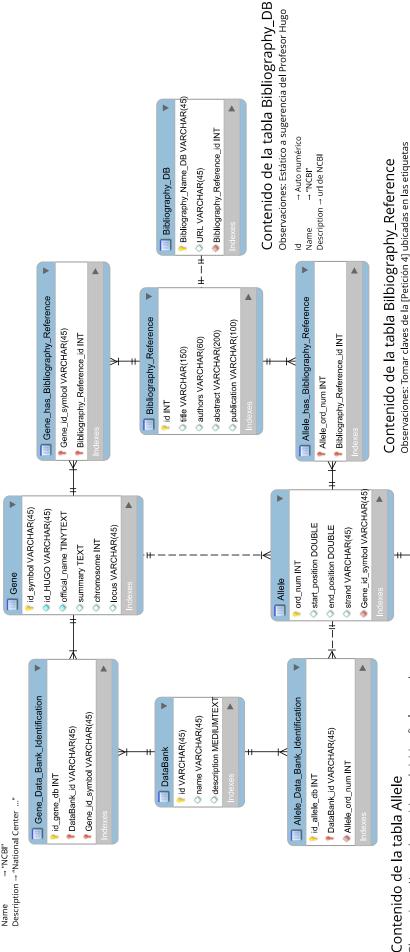
Locus

Observaciones: Estática a sugerencia del profesor Hugo, se

Contenido de la tabla DataBank

muestra un registro de ejemplo a continuación:

→ [Petición 3] Entrezgene-Set/ Entrezgene/ Entrezgene_gene/ Gene-ref/ Gene-ref_maploc



Observaciones: Hay muchas posiciones de inicio y final comprobar que

<GBReference_pubmed> para formar la [Petición 5]

Base: PubmedArticle/ MedlineCitation/

Allelic_Reference_Type

<Gene-commentary_type value="genomic">

Gene-commentary_seqs/ Seq-loc/ Seq-loc_int/ Seq-interval/ start_position → Entrezgene-Set/ Entrezgene_locus/ Gene-commentary/ → Auto numérico

Gene-commentary_seqs/ Seq-loc/ Seq-loc_int/ Seq-interval/ → Entrezgene-Set/ Entrezgene_locus/ Gene-commentary/ Seq-interval_from Seq-interval_to end_position

Gene-commentary_seqs/ Seq-loc/ Seq-loc_int/ Seq-interval/ Entrezgene-Set/ Entrezgene_locus/ Gene-commentary/ Seq-interval_strand/ <Na-strand value="minus"/>

Strand

Si value = "minus": strand = "M" Si value = "plus": strand = "P"

→ Article PubModel/AuthorList CompleteYN/Author/ {LastName, ForeName, Initials} → Article PubModel/ Journal/ Title → Article PubModel/Journal/Title → Article PubModel/Abstract Publication authors Abstract Contenido de la tabla sequence MEDIUMTEXT * Allele_ord_num INT

Allelic_Reference_Type Observaciones: Sequence ightharpoonup [Petición 4] GBSet/ GBSeq_sequence allele_ord_num ightharpoonup Foreign Key from table Allele

esummary.fcgi?db=gene&id=2200&retmode=xml

esearch.fcgi?db=gene&term=FBN1[Gene%20Name]+AND+%22Homo%20sapiens%22[Organism] Petición 2] Regresa datos generales de gen con el id anterior, id=2200 cambia por el id del

.**Petición 1]** Regresa ID de gen, term=FBN1 cambia por el nombre del gen a extraer

[Petición 3] Regresa en XML el NG_XXXXXX del gen .

[Petición 4] Con el NG_XXXXXX se obtiene la cadena de ADN

http://eutils.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/eutils/efetch.fcgi?db=pubmed&retmode=xml&id=20301510 [Petición 5]. En los enlaces 3 y 4 hay etiquetas llamadas PubMedId..