

Това е API за достъпване на референтни гени, с някакво количество предварителна обработка

/v1/sequence/gene/<id>/

url-parameter

<id> - идентификационния низ на гена в ensamb

query-parameters

gc\_content - true/false - булева стойност, която указва дали заявката ни трябва да взима gc\_content

swap - base1/base2 - сменя base1 в секвенцията с base2

Ако няма нито gc\_content, нито swap, заявката връща секвенцията и екзоните и във формат {"seq": #sequence, "exons": [{"seq": #sequence, "start": #startInChromosome, "end": #endInChromosome, "id": #id}, ...]}

Ако има параметър "gc\_content" в резултата, който е със стойност между 0 и 1 и показва колко бази в секвенцията са G или C

Ако има параметър „swap“, в резултата има допълнително поле, в което секвенцията има разменени двете бази, от двете страни на двете точки

/v1/sequence /<id>/

url-parameter

<id> - идентификационния низ на гена в ensamb

query-parameters

content-type

Връща съдържание на fasta файл – опциите са fasta-x, fasta и би трябвало да има multi-fast, но не открих формата.