

Universidade Federal do Rio Grande do Norte
Banco de Dados - DIM0125

Relatório do Projeto de Sistemas de Banco de Dados

Aluno: Douglas Felipe de Lima Silva
Matrícula: 20220054131

Aluno: Elildes Fortaleza Santos
Matrícula: 20240078023

Aluno: Felipe Marley de Oliveira Gomes
Matrícula: 20210053408

Professor: Marcel Vinicius Medeiros Oliveira

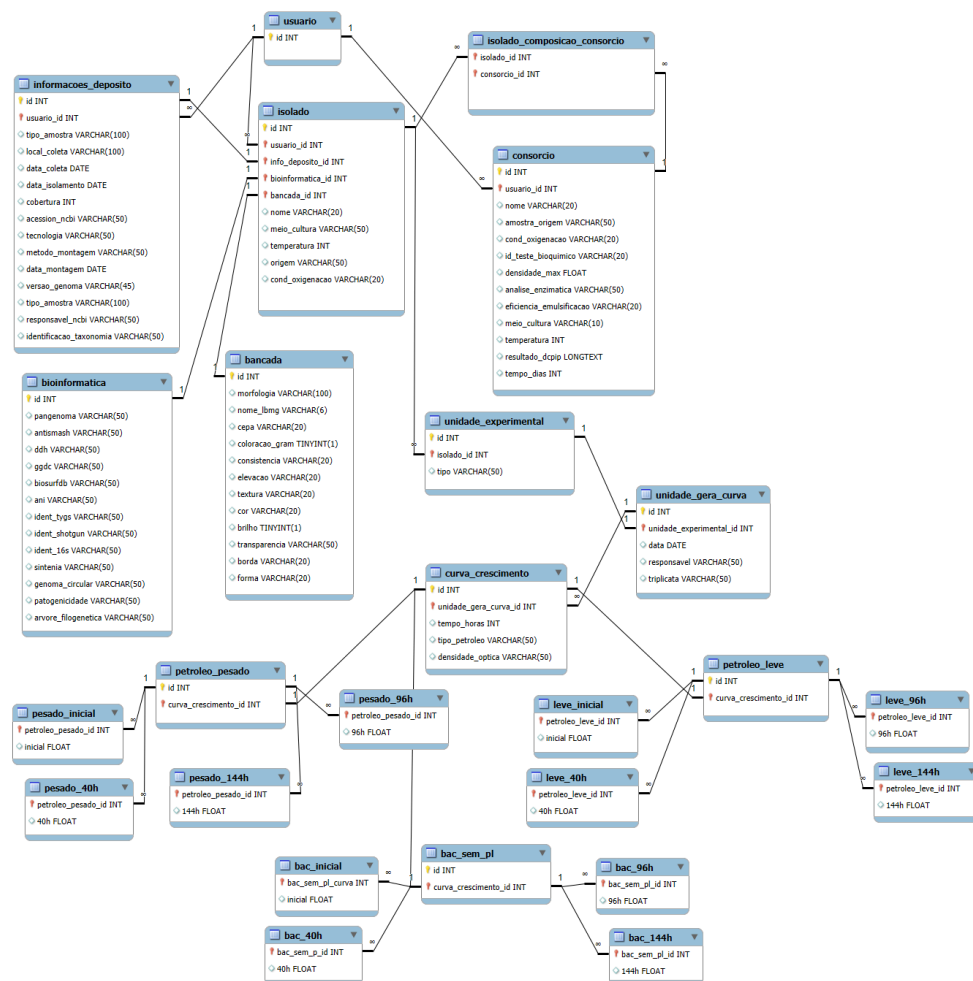
Natal, RN. Maio de 2025

SUMÁRIO

A. Mapeamento do Modelo ER/ERR para o Modelo relacional.....	3
Modelo ER/ERR do Projeto de Banco de Dados Bactéria.....	3
B. Modelo Relacional Normalizado.....	5
1. Relação “usuario”.....	5
2. Relação “isolado”.....	6
3. Relação “bioinformatica”.....	7
4. Relação “consorcio”.....	8
5. Relação “bancada”.....	9
6. Relação “informacoes_deposito”.....	10

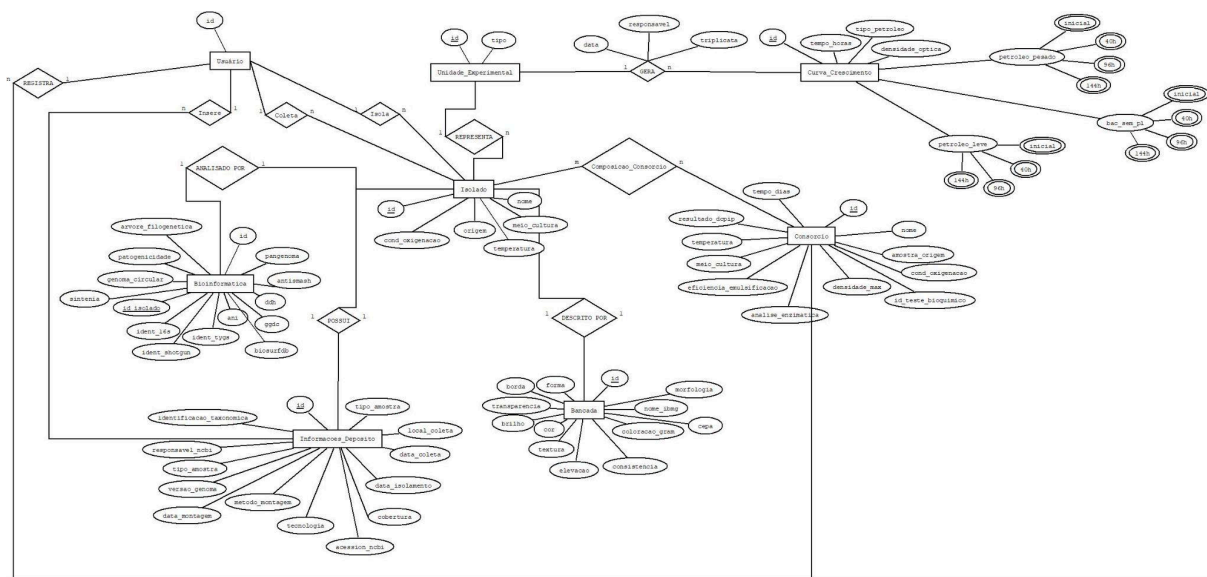
A. Mapeamento do Modelo ER/ERR para o Modelo relacional

Faça o mapeamento do Modelo ER/EER para o modelo relacional e normalize o modelo relacional do seu projeto. Banco de Dados Bactéria



Fonte: gerado pelo MySQL Workbench

Modelo ER/ERR do Projeto de Banco de Dados Bactéria



Fonte: gerado sistema de modelagem Dia Diagram Editor

B. Modelo Relacional Normalizado

1. Relação “usuario”

Relações e Dependências

```
schema([id, nome, senha]).  
fds([[[id],[nome, senha]],  
[[nome],[senha]])).
```

Normalização Pelo Griffith

Check Normal Form



2NF

The table is in 2NF



3NF

The table is not in 3NF.



BCNF

The table is not in BCNF.

Show Steps



Normalize to 3NF

Attributes

nome senha

Functional Dependencies

nome → senha

Attributes

id nome

Functional Dependencies

id → nome

Show Steps



Normalize to BCNF

Attributes

nome senha

Functional Dependencies

nome → senha

Attributes

id nome

Functional Dependencies

id → nome

2. Relação “isolado”

Relações e Dependências

schema([id, usuario_id, info_deposito, bioinformatica_id, bancada, nome, meio_cultura, temperatura, origem, cond_oxigenacao]).

fds([[id], [usuario_id, info_deposito, bioinformatica_id, bancada, nome, meio_cultura, temperatura, origem, cond_oxigenacao])).

Normalização Pelo Griffith

Check Normal Form



2NF

The table is in 2NF



3NF

The table is not in 3NF.



BCNF

The table is not in BCNF.

Show Steps



Normalize to BCNF

Attributes

nome meio_cultura origem cond_oxigenacao

Functional Dependencies

nome → meio_cultura origem cond_oxigenacao

Attributes

id usuario_id info_deposito bioinformatica_id bancada nome temperatura

Functional Dependencies

id → nome usuario_id info_deposito bioinformatica_id bancada temperatura

Show Steps



3. Relação “bioinformatica”

Relações e Dependências

schema([id, pangenoma, antismash, ddh, ggdc, biosurfdb, ani, ident_tygs, ident_shotgun, ident_16s, sintenia, genome_circular, patogenicidade, arvore_filogenetica]).

```
fds([[[id],[pangenoma]],
[[id],[antismash]],
[[id],[ddh]],
[[id],[ggdc]],
[[id],[biosurfdb]],
[[id],[ani]],
[[id],[ident_tygs]],
[[id],[ident_shotgun]],
```

```
[[id],[ident_16s]],  
[[id],[sintenia]],  
[[id],[genome_circular]],  
[[id],[patogenicidade]],  
[[id],[arvore_filogenetica]]  
]).
```

Normalização Pelo Griffith

Check Normal Form



2NF

The table is in 2NF



3NF

The table is in 3NF



BCNF

The table is in BCNF

4. Relação “consorcio”

Relações e Dependências

schema([id, usuario_id, nome, amostra_origem, cond_oxigenacao, id_teste_bioquimico, densidade_max, analise_enzimatica, eficiencia_emulsificacao, meio_cultura, temperatura, resultado_dcpip, tempo_dias]).

```
fds(  
  [[id], [usuario_id]],  
  [[id], [nome]],  
  [[id], [amostra_origem]],  
  [[id], [cond_oxigenacao]],  
  [[id], [id_teste_bioquimico]],  
  [[id], [densidade_max]],
```



```

[[id], [analise_enzimatica]],
[[id], [eficiencia_emulsificacao]],
[[id], [meio_cultura]],
[[id], [temperatura]],
[[id], [resultado_dcpip]],
[[id], [tempo_dias]],
[[nome], [amostra_origem]],
[[id_teste_bioquimico], [analise_enzimatica]]
]).

```

```

decomp1([[id, usuario_id, nome, cond_oxigenacao, id_teste_bioquimico,
densidade_max, eficiencia_emulsificacao, meio_cultura, temperatura, resultado_dcpip,
tempo_dias]]).

```

```

decomp2([[nome, amostra_origem]]).

```

```

decomp3([[id_teste_bioquimico, analise_enzimatica]]).

```

Normalização pelo Griffith

Check Normal Form



2NF

The table is in 2NF



3NF

The table is in 3NF



BCNF

The table is in BCNF

5. Relação “bancada”

Relações e Dependências

```

schema([id, morfologia, nome_lbmg, cepa, coloracao_gram, consistencia, elevacao, textura,
cor, brilho, transparencia, borda, forma]).

```

```

fds([
[[id], [morfologia]],
[[id], [nome_lbmg]],
[[id], [cepa]],
[[id], [coloracao_gram]],
[[id], [consistencia]],
[[id], [elevacao]],

```

```
[[id], [textura]],  
[[id], [cor]],  
[[id], [brilho]],  
[[id], [transparencia]],  
[[id], [borda]],  
[[id], [forma]]  
]).
```

Normalização pelo Griffith

Check Normal Form



2NF

The table is in 2NF



3NF

The table is in 3NF



BCNF

The table is in BCNF

6. Relação “informacoes_deposito”

Relações e Dependências

schema([id, usuario_id, tipo_amostra, local_coleta, data_coleta, data_isolamento, cobertura, accession_ncbi, tecnologia, metodo_montagem, data_montagem, responsavel_ncbi, identificacao_taxonomia]).

```
fds([  
  [[id], [usuario_id]],  
  [[id], [tipo_amostra]],  
  [[id], [local_coleta]],  
  [[id], [data_coleta]],
```

```
[[id], [data_isolamento]],  
[[id], [acession_ncbi]],  
[[acession_ncbi], [tecnologia]],  
[[acession_ncbi], [metodo_montagem]],  
[[acession_ncbi], [data_montagem]],  
[[acession_ncbi], [responsavel_ncbi]],  
[[acession_ncbi], [identificacao_taxonomia]],  
[[metodo_montagem, tecnologia], [cobertura]]  
)].
```

```
decomp1([id, usuario_id, tipo_amostra, local_coleta, data_coleta, data_isolamento,  
acession_ncbi]).
```

```
decomp2([[acession_ncbi, tecnologia, metodo_montagem, data_montagem,  
responsavel_ncbi, identificacao_taxonomia]]).
```

```
decomp3([[metodo_montagem, tecnologia, cobertura]]).
```