# Trabalho de MC536

Nomes: RA:

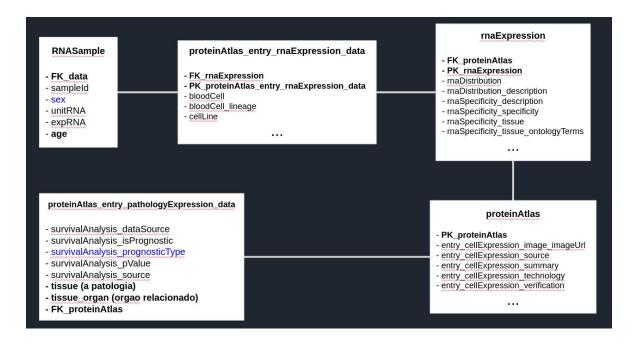
Pedro Barros Bastos 204481

Gabriel Volpato Giliotti 197569

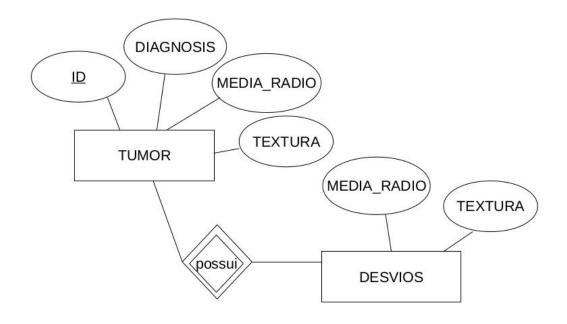
Rafael Cabral Pili 185999

## Etapa SQL

#### Dupla CCP



#### Dupla ODP



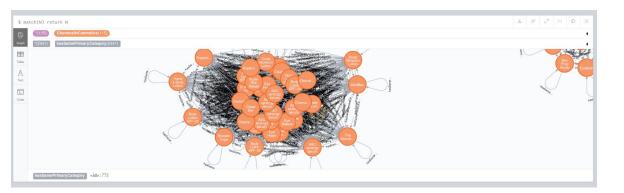
### Etapa XQuery

```
v<antibody id="CAB000115" releaseVersion="1.2" releaseDate="2006-03-13">
  <antigenSequence/>
 ▶ <antibodyTargetWeights>...</antibodyTargetWeights>
 v<tissueExpression source="HPA" technology="IHC" assayType="tissue">
   ▶ <summary type="tissue">...</summary>
    <verification type="validation">supported</verification>
    <validation type="RNAConsistency">Mainly not consistent with RNA expression data</validation>
   ▶ <validation type="literatureConformity">...</validation>
   ▶<image imageType="selected" description="Immunohistochemical staining of human lymph node shows strong cytoplasmic positivity in reaction center cells.">...</image>
      <tissue organ="Adipose & soft tissue" ontologyTerms="UBERON:0001013">Adipose tissue/tissue>
    ▶ <tissueCell>...</tissueCell>
     ▼<patient>
       <sex>Female</sex>
       <age>45</age>
       <patientId>1447</patientId>
      ▼<sample>
        v<snomedParameters>
          <snomed tissueDescription="Normal tissue, NOS" snomedCode="M-00100"/>
          <snomed tissueDescription="Breast" snomedCode="T-04000"/>
         </snomedParameters>
         v<image imageType="sampleImage">
            <imageUrl>http://images.proteinatlas.org/115/2043_B_2_8.jpg</imageUrl>
         </assayImage>
       </sample>
      </patient>
     ▶ <patient>...</patient>
     ▶ <patient>...</patient>
    ▶ <patient>...</patient>
    ▶ <patient>...</patient>
     ▶ <patient>...</patient>
    </data>
   ▶ <data>...</data>
   ▶<data>...</data>
v<rnaExpression source="HPA" technology="RNAseq" assayType="consensusTissue">
 ▶ <rnaSpecificity description="At least four-fold higher mRNA levels in a particular tissue as compared to average levels in all tissues" specific.
   <rnaDistribution description="n=all">Detected in all</rnaDistribution>
 ▼<data>
     <tissue organ="Adipose & soft tissue" ontologyTerms="UBERON:0001013">Adipose tissue/tissue>
     <level type="normalizedRNAExpression" unitRNA="NX" expRNA="3.2"/>
     <level type="proteinCodingRNAExpression" unitRNA="pTPM" expRNA="7.6"/>
     <level type="RNAExpression" unitRNA="TPM" expRNA="5.2"/>
   </data>
 ▶ <data>...</data>
 ▶ <data>...</data>
 ▶ <data>...</data>
 ▶ <data>...</data>
 ▶ <data>...</data>
 ▶ <data>...</data>
 ▶ <data>...</data>
```

Utilizando XQuery foi muito mais simples fazer uma busca dentro da hierarquia do que em SQL. Especialmente, como a hierarquia se desdobra em vários níveis, a XQuery ajudou muito a recuperar os dados de interesse. Por exemplo, como a hierarquia é grande demais para compreender exatamente todos seus dados, a XQuery ajudou a filtrar dados específicos (sexo, tipo de doença, tipo de amostra de RNA, etc) em nós imprevisíveis.

</proteinAtlas>

### Cypher



O uso de Cypher se mostrou no momento de analisar possíveis relações entre os dados usando grafos e suas possibilidade de análise de comunidade usando diferentes tipos de algorítmos. Tal uso permitiu uma análise mais fácil e imediata do que se fosse feita com SQL pelo fato de se trocar o dado em análise de forma fácil para a criação de arestas no Neo4J. Outro ponto importante foi a melhor visualização da análise promovida, permitindo se verificar as comunidades formadas de forma gráfica, diferentemente do SQL e da análise do formato em tabela dos resultados obtidos.