



Universidade do Minho  
Escola de Engenharia

Mestrado em Bioinformática

Introdução aos algoritmos, à programação e às bases de dados

# SBD GenBank - mmj

Grupo 5:

João Cheixo PG49837

Márcia Oliveira PG49841

Mariana Braguês PG49843

# Objetivo

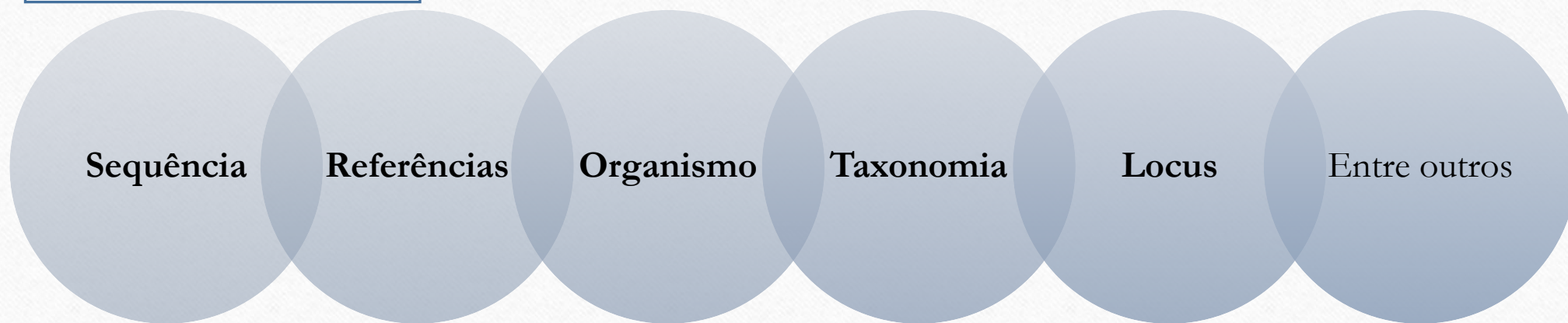
Estudar a qualidade de um ficheiro GenBank

Desenvolver um sistema que permita guardar dados de bactérias

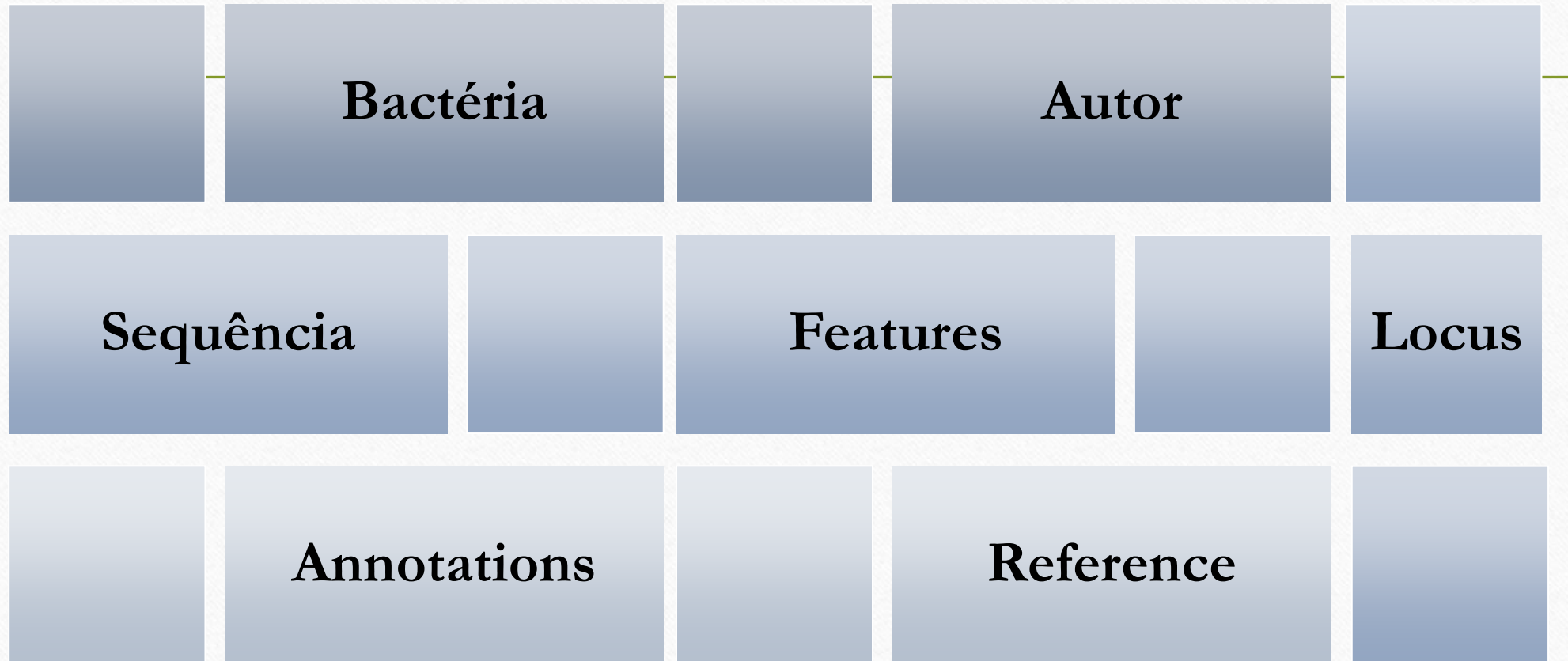
# Planificação da SBD a realizar

---

Um ficheiro GenBank  
fornece dados acerca de:



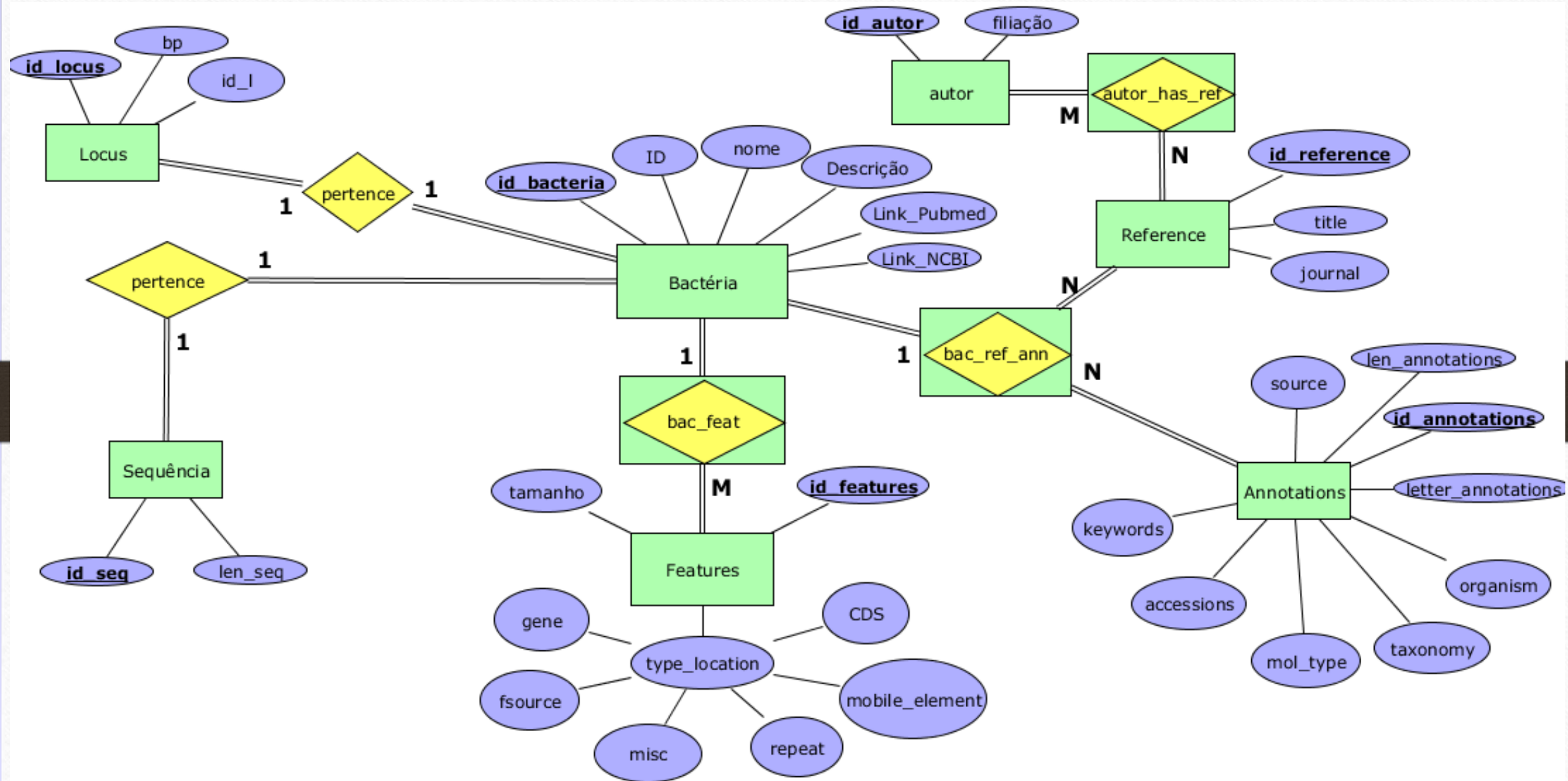
# Entidades



# MODELO CONCEPTUAL

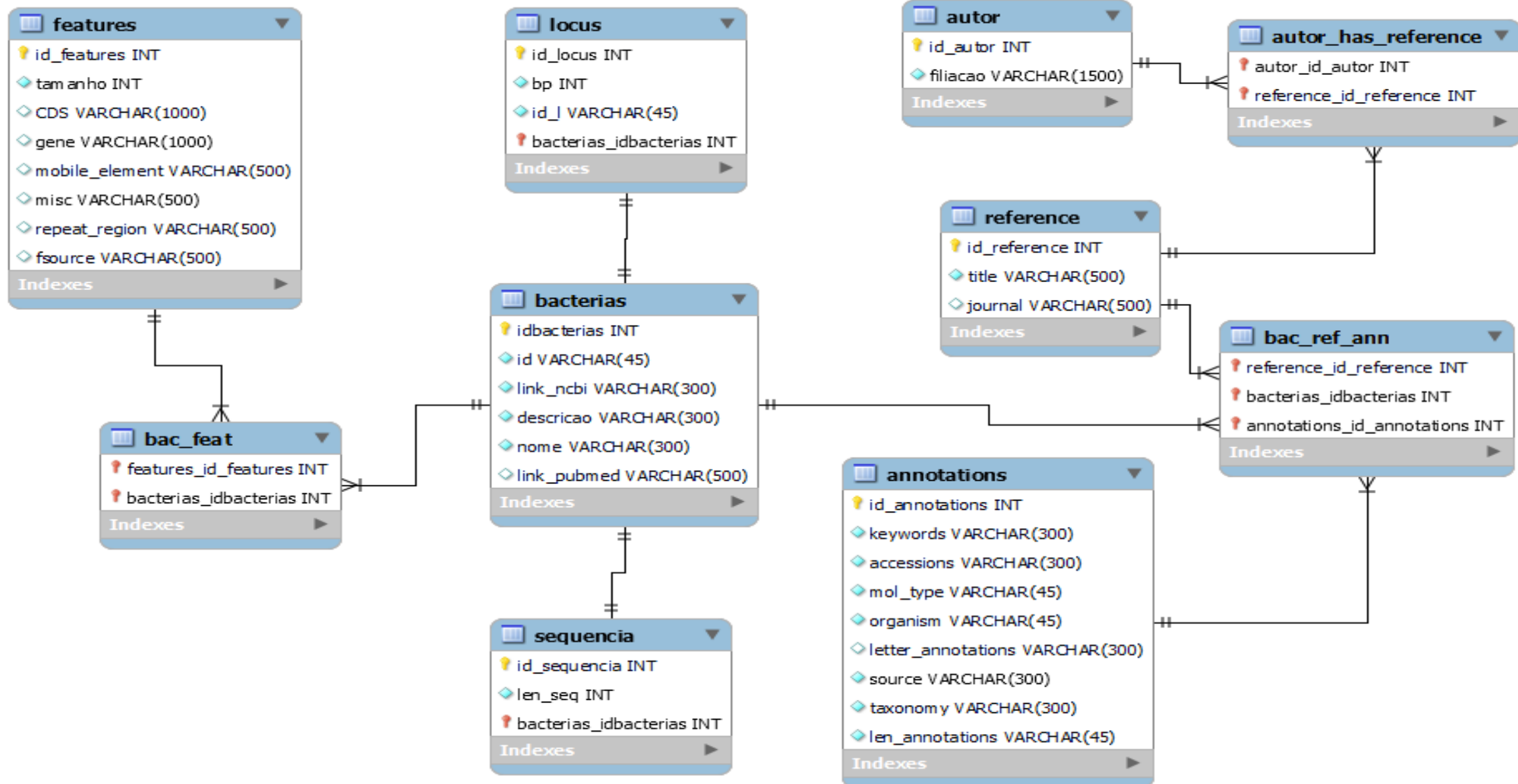
*TerraER*





# MODELO LÓGICO E FÍSICO

*SQL Workbench*





# POVOAMENTO DAS TABELAS

*MÓDULO povoarMMJ*

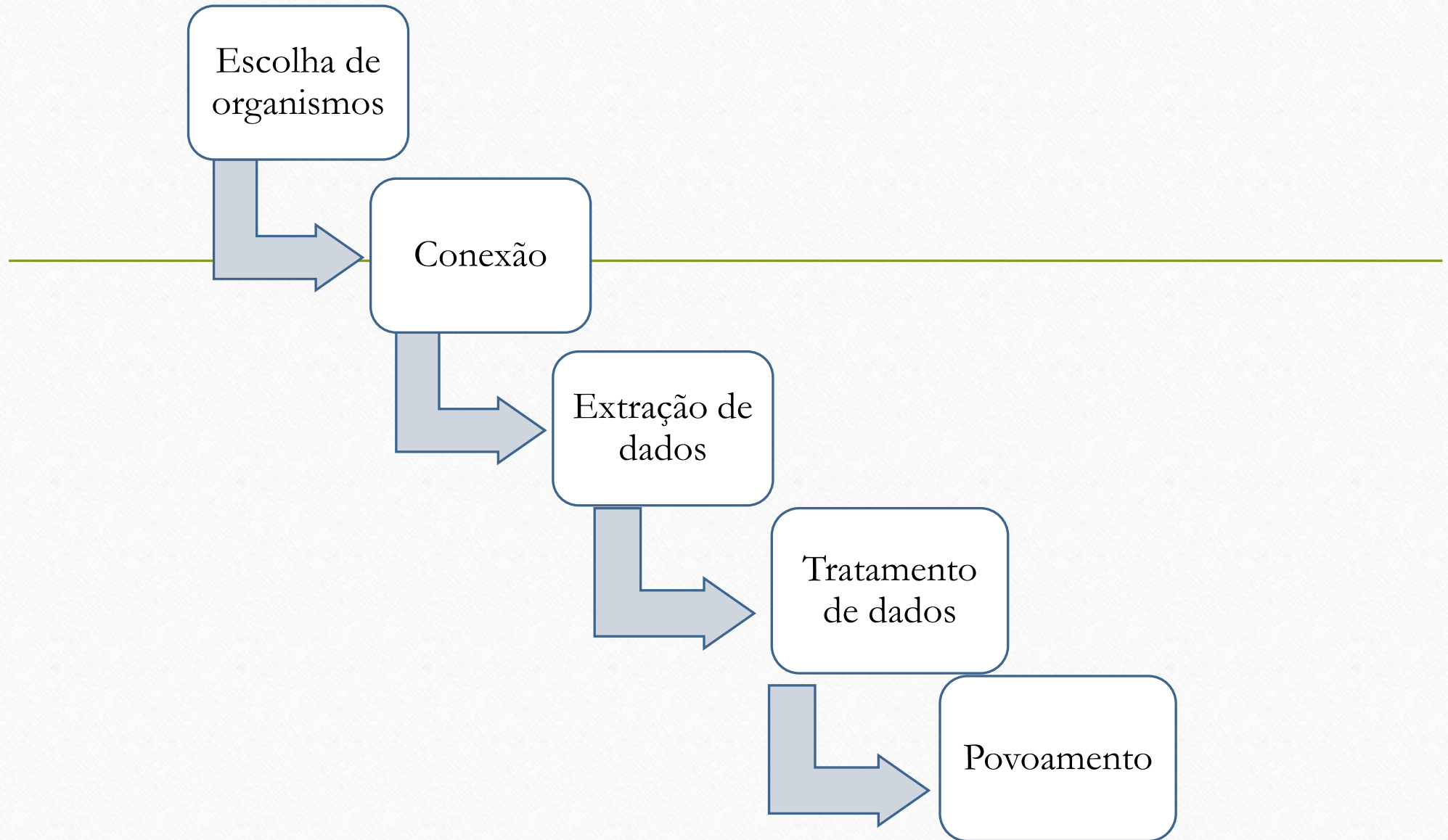
Escolha de organismos

Conexão

Extração de dados

Tratamento de dados

Povoamento



- 
- Exemplo de uma função de povoamento, do módulo criado:

```
def povoar_locus(org):  
    org = SeqIO.read(org, "genbank")  
    id_1 = org.name  
    bp = len(org)  
    sql_locus = f"INSERT INTO locus (bp, id_1) VALUES('{bp}','{id_1}')"   
    print(sql_locus)  
    Cursor.execute(sql_locus)  
    DataBase.commit()
```

# Perspetivas futuras e melhorias

---

## Perspetivas futuras

- otimizar o estudo de um ou vários organismos e a sua relação;
- inicialmente, foi pensada para armazenar informação sobre bactérias, mas poderá ser aplicada para outro tipo de organismo.

## Melhorias

- automatização da extração dos ficheiros *GenBank* da web.