

# MC536

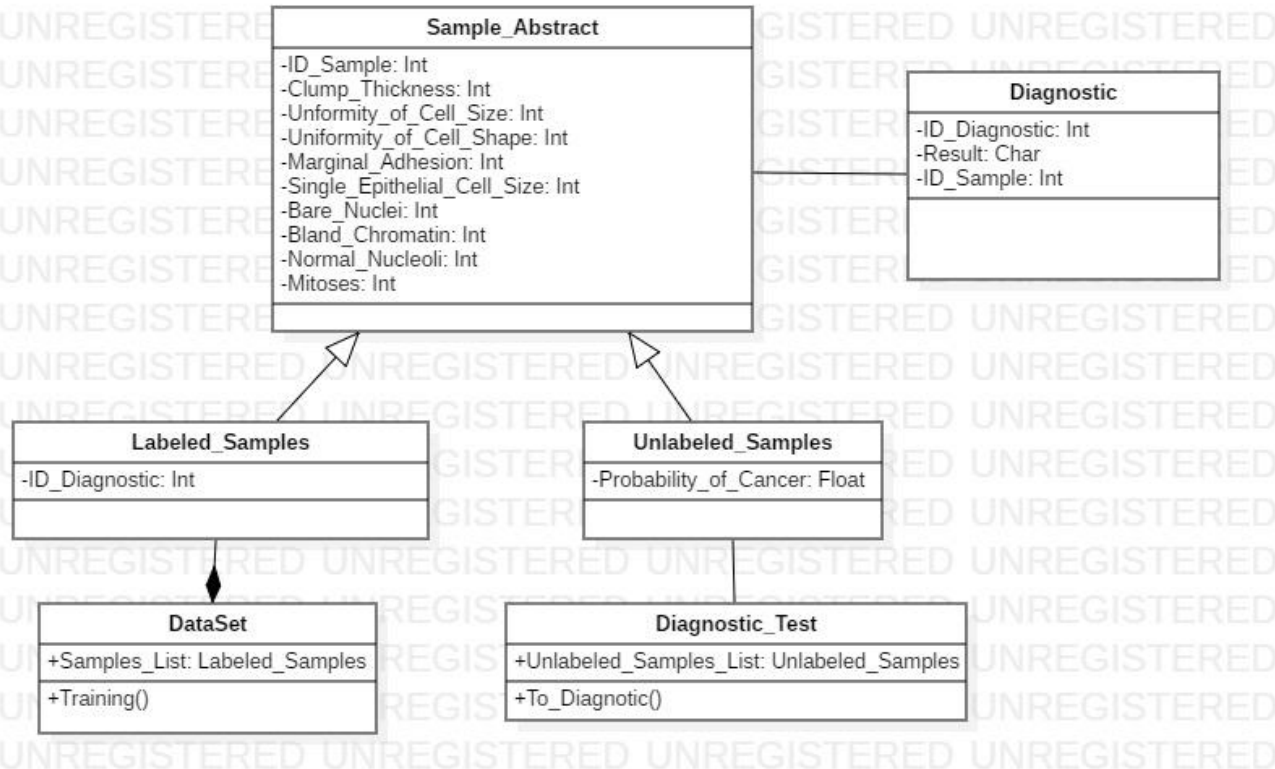
# BANCO DE DADOS

Nome: Murilo Guidetti Andrietta  
Nome: Naomi Takemoto

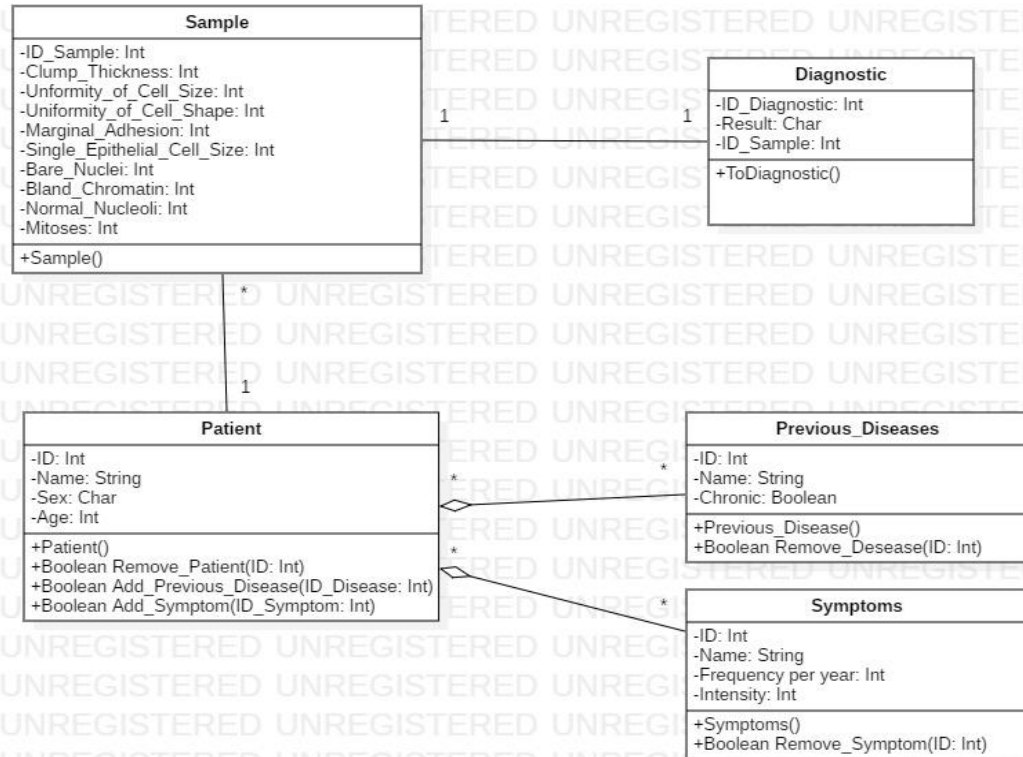
RA:147472  
RA:184849



# Modelo Conceitual Etapa 1



# Modelo conceitual da etapa 2





## Consultas Interessantes

**Número de amostras Malígnas - 239/683 (35%)**

**Número de Amostras Benignas - 444/683 (65%)**

**Número de amostras malignas que apresentam anomalias no tamanho e forma das células - 98/683 (14%)**

**Número de amostras malignas que apresentam anomalias no núcleo - 70/239 (30%)**



## Consultas Interessantes

**Número de amostras benignas que possuem baixo valor de anomalia na forma e tamanho da célula - 424**

**Número de amostras que possuem baixo valor de anomalia no núcleo - 415**

**Número de amostras malignas que possuem média de todos os atributos maiores que 5 - 126**

**Número de amostras benignas que possuem média de todos os atributos menores que 5 - 559**

# Próximos Passos

\$ match (n) return n

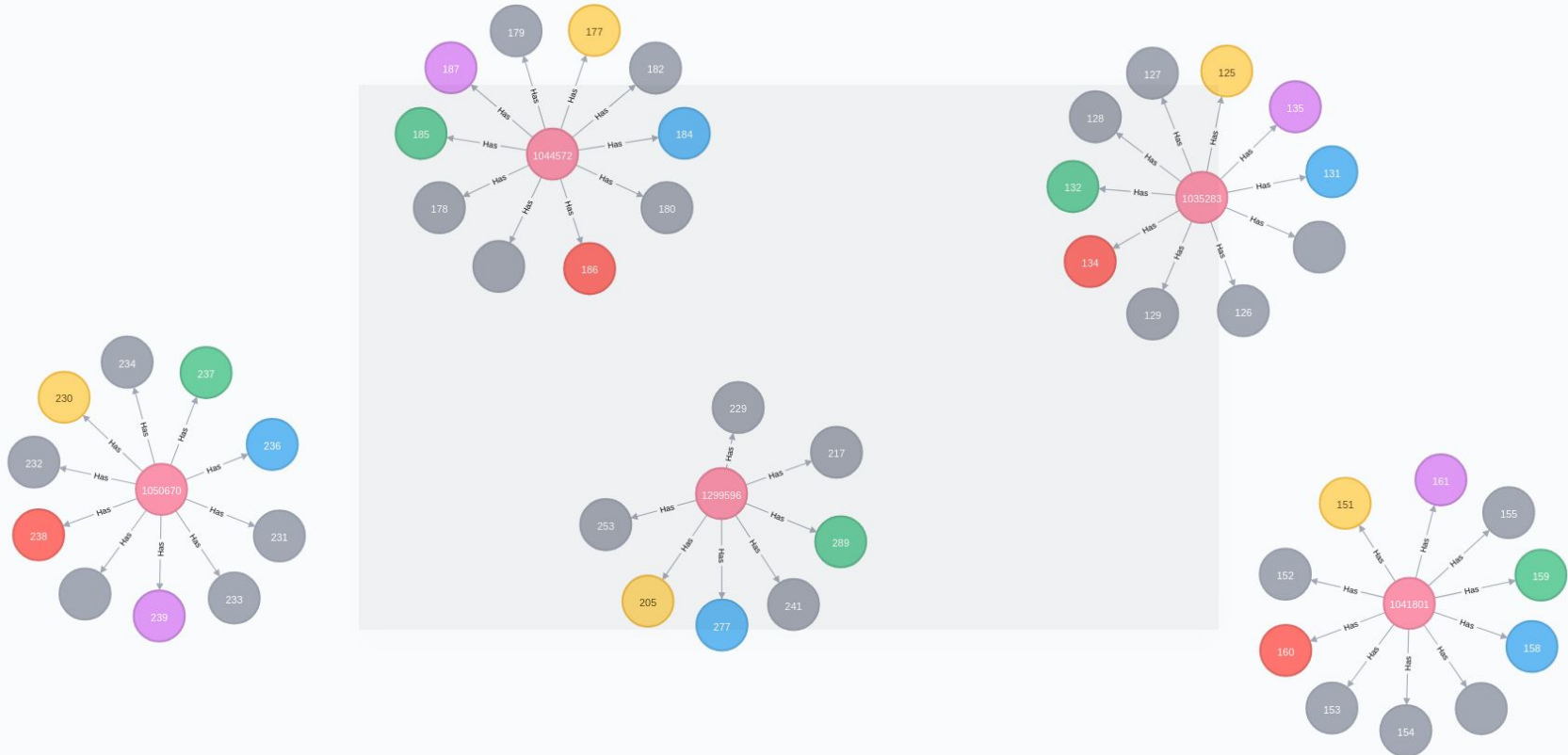
Graph

Table

Text

Code

**\*(275)** **land\_Chromatin(25)** **Bland\_Chromatin(26)** **Normal\_Nucleoli(25)** **Mitoses(25)** **Sample(25)** **Clump\_Thickness(25)** **Uniformity\_of\_Cell\_Size(25)** **Uniformity\_of\_Cell\_Shape(25)** **Marginal\_Adhesion(25)** **Single\_Epithelial\_Cell\_Size(25)** **Bare\_Nuclei(24)**



Displaying 300 nodes, 242 relationships.



# Referências

Repositório gitHub:

<https://github.com/ntak1/404NotFound>



# Detalhes - Consultas interessantes

## Número de amostras malignas

```
In [6]: DROP TABLE IF EXISTS AmostrasMalignas;  
  
        CREATE VIEW AmostrasMalignas AS  
        SELECT COUNT(*) Malignos  
        FROM Sample s  
        WHERE s.Id_Diagnostic = 4;  
  
        SELECT * FROM AmostrasMalignas;
```

Out[6]: 239

## Número de Amostras Benígnas

```
In [7]: DROP TABLE IF EXISTS AmostrasBenignas;  
  
        CREATE VIEW AmostrasBenignas AS  
        SELECT COUNT(*) Benignos  
        FROM Sample s  
        WHERE s.Id_Diagnostic = 2;  
  
        SELECT * FROM AmostrasBenignas;
```

Out[7]: 444





# Detalhes - Consultas interessantes

**Número de amostras malignas que apresentam anormalias no tamanho e forma das células.**

```
In [8]: SELECT COUNT(*) M
        FROM Sample, AmostrasMalignas
        WHERE (Uniformity_of_Cell_Size >= 7) AND (Uniformity_of_Cell_Shape >= 7) AND (Sample.Id_Diagnostic = 4);
```

Out[8]: 98

**Número de amostras malignas que apresentam anormalias no núcleo.**

```
In [9]: SELECT COUNT(*) M
        FROM Sample, AmostrasMalignas
        WHERE (Normal_Nucleoli >= 7) AND (Bare_Nuclei >= 7) AND (Sample.Id_Diagnostic = 4);
```

Out[9]: 70

**Número de amostras benígnas que possuem baixo valor de anomalia na forma e tamanho da célula.**

```
In [10]: SELECT COUNT(*) M
         FROM Sample, AmostrasMalignas
         WHERE (Uniformity_of_Cell_Size <= 3) AND (Uniformity_of_Cell_Shape <= 3) AND (Sample.Id_Diagnostic = 2);
```

Out[10]: 424

# Detalhes - Consultas interessantes

**Número de amostras que possuem baixo valor de anomalia no núcleo.**

```
In [11]: SELECT COUNT(*) M
FROM Sample, AmostrasMalignas
WHERE (Normal_Nucleoli <= 3) AND (Bare_Nuclei <= 3) AND (Sample.Id_Diagnostic = 2);
```

Out[11]: 415

**Número de amostras malignas que possuem média de todos os atributos maiores que 5.**

```
In [12]: DROP TABLE IF EXISTS Attributes_Average;

CREATE VIEW Attributes_Average AS
SELECT Id Sample, ((Clump_Thickness + Uniformity_of_Cell_Size + Uniformity_of_Cell_Shape + Marginal_Adhesion + Single_Epithelial_Cell_Size + Bare_Nuclei + BLand_Chromatin + Normal_Nucleoli + Mitoses)/9) AS Media FROM Sample;

SELECT COUNT(*) FROM Attributes_Average AA, Sample S WHERE (AA.Id_Sample = S.Id_Sample) AND (AA.Media > 5) AND (S.Id_Diagnostic = 4);
```

Out[12]: 126

**Número de amostras benígnas que possuem média de todos os atributos menores que 5.**

```
In [13]: SELECT COUNT(*) FROM Attributes_Average AA, Sample S WHERE (AA.Id_Sample = S.Id_Sample) AND (AA.Media < 5) AND (S.Id_Diagnostic = 2);
```

Out[13]: 559