1. **Interacción (Clase)**

Instancia de "Interaction" tiene relaciones con:

1. pathogen\_involved -> Con instancia de patógeno [Instancia de Patógeno creada]
2. host\_involved -> Con instancia de host (planta) [*Experimental\_host*]
3. gene\_involved -> Con instancia de Gene - Es gen del patógeno… lo modelamos así? [Instancia Gene creada]

Nota: El gen es del patógeno. Afecta a la interacción porque es el que marca la diferencia fundamentalmente pero igual también es necesario meter una relación entre el patógeno y el gen.

1. has\_phenotypic\_process -> Con instancia de phenotypic\_process [*Disease\_Name*]
2. has\_host\_response -> Con instancia de Host\_reponse (clase nueva) [*Host\_response*]
3. has\_host\_target -> Con instancia de Host\_target (u otra clase que represente las partes de una celula) [*Host\_target*] -> <http://brg.ai.sri.com/CCO/downloads/cco.owl>
4. comments -> data property [*Comments*]
5. **Gen (Clase)**
6. has\_function -> Con instancia de function O como DATA PROPERTY y TEXTO [*Function*]
7. name -> Data property [*Gene name*]
8. dbxref -> ref a GO [*GO annotation*] / seeAlso ¿?
9. locusID -> Data property [*Locus\_ID*]
10. AA\_sequence -> Data property [*AA\_sequence*]
11. NT\_sequence -> Data property [*NT\_sequence*]
12. Accession\_ID -> Data property [Accession]
13. Accession\_DB -> Data Property [*DB \_Type*]

Asociadas a la mutación. *¿Crear una clase que represente estos datos de la mutación del gen o se meten en el gen directamente dando a entender en el nombre de la relación que es algo de la mutación?*

1. letal\_knockout -> Data property boolean [*Essential\_gene\_Lethal\_knockout*] -> Falta el dominio, a falta de decidir si se creará una clase nueva o será parte de la clase gen
2. experimental\_evidences -> Data property string [*Experimental\_evidences*] -> Falta el dominio, a falta de decidir si se creará una clase nueva o será parte de la clase gen
3. phenotype\_of\_mutant -> Object property? [*Phenotype\_of\_mutant*] -> Falta el rango. Podríamos meter una nueva subclase en phenotype que represente los mutant\_phenotype??

**Patógeno (Clase)**

1. associated\_strain -> Data property [*Associated\_strain*]
2. Strain -> Data property [S*train*]
3. in\_vitro\_growth\_type -> object property (subproperty de growth\_type) [*In\_vitro\_growth*]
4. species -> data property [Pathogen\_species]

**Planta (Clase)**

1. ncbi\_taxonomy\_id -> data property [*Host\_NCBI\_Taxonomy\_ID / Pathogen\_NCBI\_Taxonomy\_ID* ]

DUDAS:

PHI-base\_accession\_no? -> duda de dónde meterlo y como organizarlo