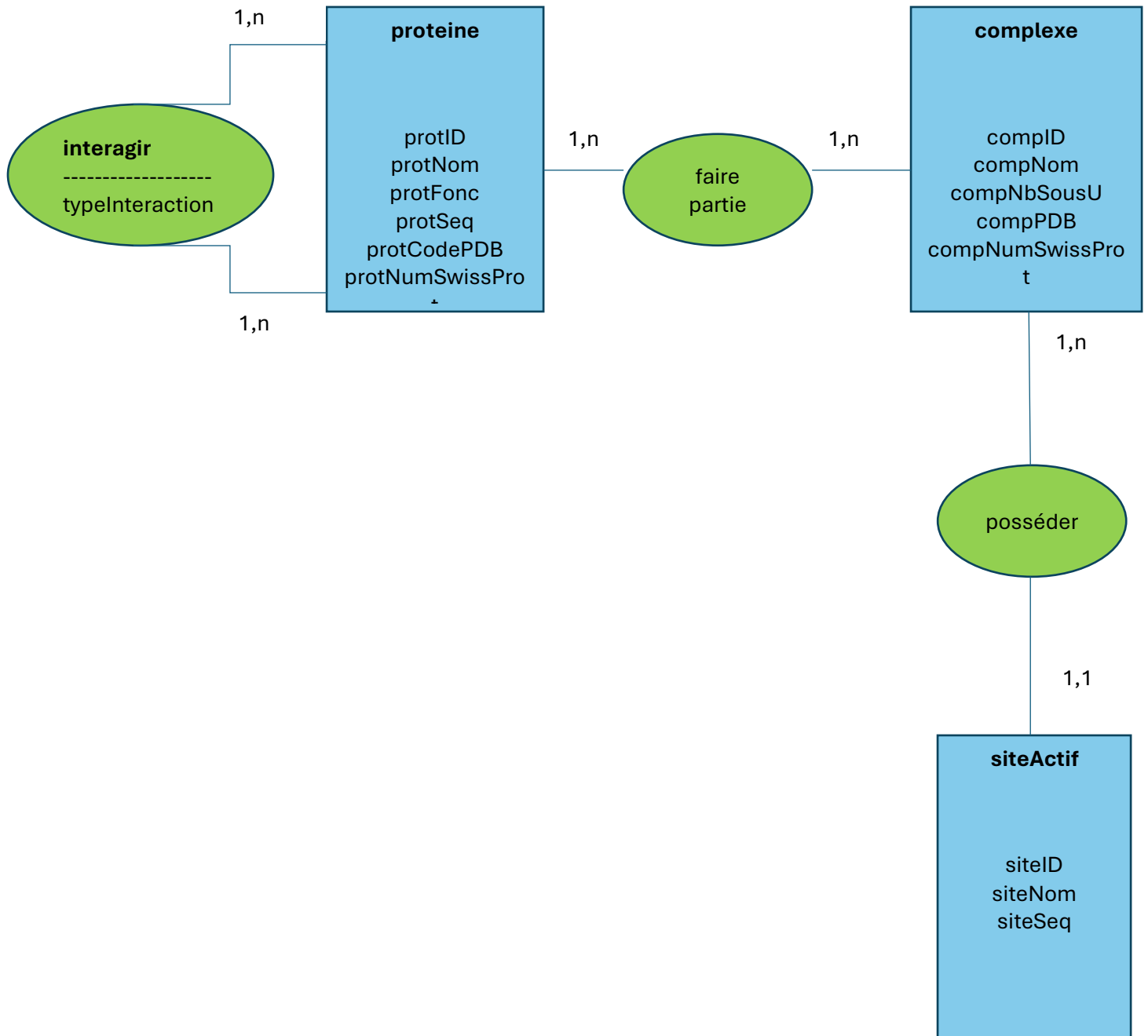


BNF101 - Exercice interactions protéine-protéine

Corrigé :

1/ MCD : Modèle Conceptuel de Données de la base de données «Interactions protéines/protéines.



Remarque :

Dans cette exercice, on suppose qu'une protéine interagit au moins avec une protéine et qu'une protéine fait partie d'au moins un complexe.

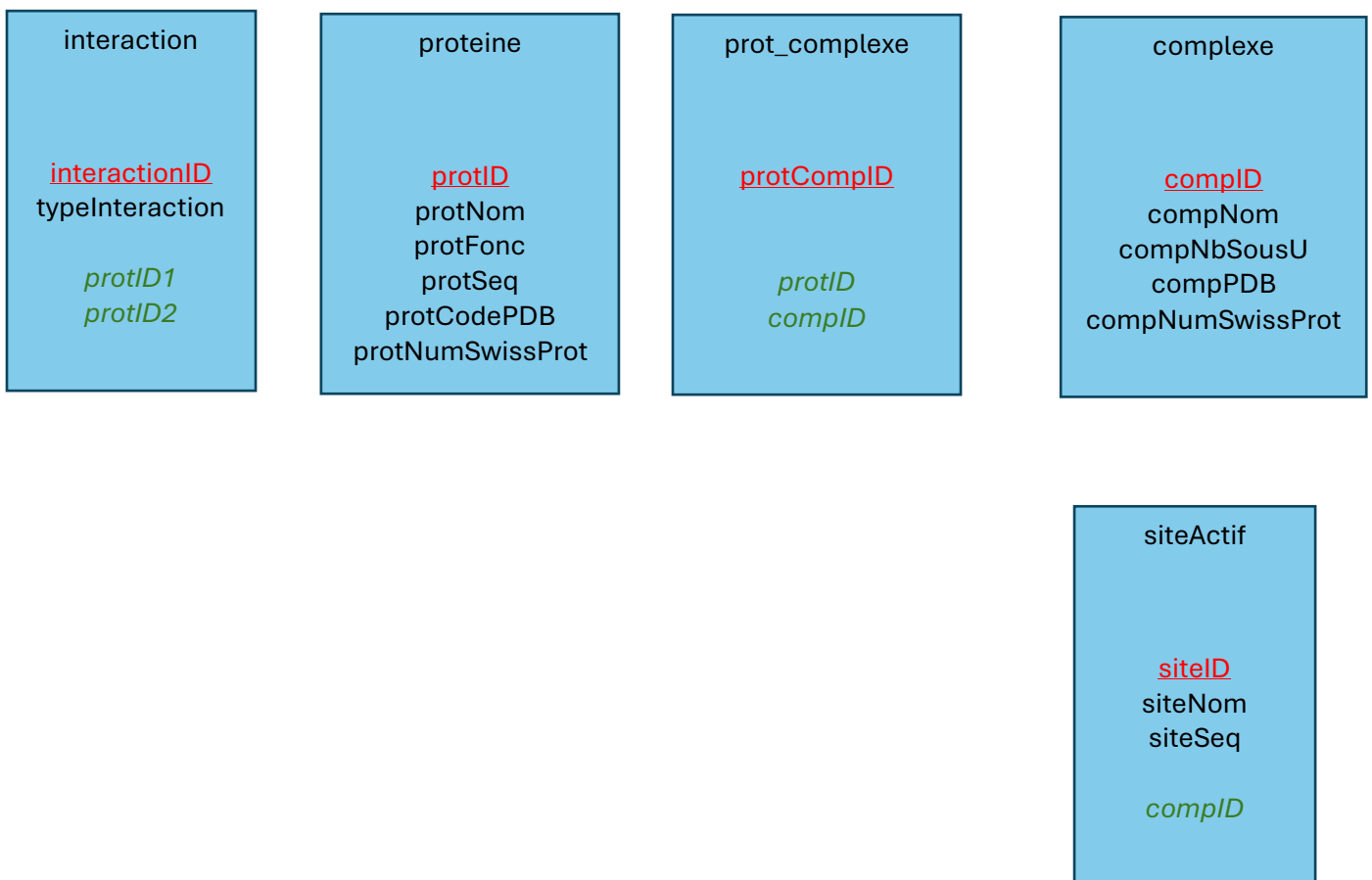
C'est pourquoi on indique des cardinalités (1,n).

2 et 3/ MPD modèle physique de données:

Nous allons maintenant appliquer les règles de la méthode Merise pour traduire le MCD en MPD (Modèle Physique de Données).

Les clés primaires sont colorées en **rouge et soulignées**.

Les clés étrangères sont colorées en **vert et en italique**.



4/ Création des tables siteActif et complexe :

```
CREATE TABLE complexe
(
  compID NUMBER(5),
  compNom VARCHAR2(30),
  compNbSousU NUMBER(2),
  compPDB VARCHAR2(8),
  compNumSwissProt NUMBER(5),
  CONSTRAINT c_pk_compID PRIMARY KEY (compID)
);
```

```
CREATE TABLE siteActif
(
  siteID NUMBER(5),
  siteNom VARCHAR2 (30),
  siteSeq VARCHAR2 (200),
  compID NUMBER(5),
  CONSTRAINT c_pk_siteID PRIMARY KEY (siteID),
  CONSTRAINT c_fk_compID FOREIGN KEY (compID) REFERENCES
  complexe(compID)
);
```

Il faut d'abord créer la table "**complexe**" dans la mesure où la table "**siteActif**" possède une clé étrangère **compID** qui référence la clé primaire **compID** de la table "**complexe**".

5/ Requêtes SQL:

- obtenir la liste complète des protéines:

```
SELECT * FROM proteine;
```

- obtenir la liste complète des complexes:

```
SELECT * FROM complexe;
```

- obtenir le nom des protéines, le nom et la séquence des sites actifs de ces protéines:

forme historique :

```
SELECT a.protNom, d.siteNom, d.siteSeq FROM protein a, protein_complexe b,
complexe c, siteActif d WHERE
a.protID=b.protID AND
b.compID=c.compID AND
c.compID=d.compID;
```

forme INNER JOIN :

```
SELECT a.protNom, d.siteNom, d.siteSeq FROM protein a
INNER JOIN protein_complexe b ON a.protID=b.protID
INNER JOIN complexe c ON b.compID=c.compID
INNER JOIN siteActif d ON c.compID=d.compID;
```

- obtenir le nom des protéines et le nom des complexes pour les complexes qui ont 3 sous-unités:

forme historique :

```
SELECT a.protNom, c.compNom FROM protein a, protein_complexe b, complexe c
WHERE
a.protID=b.protID AND
b.compID=c.compID AND compNbSousU=3;
```

forme INNER JOIN :

```
SELECT a.protNom, c.compNom FROM protein a
INNER JOIN protein_complexe b ON a.protID=b.protID
INNER JOIN complexe c ON b.compID=c.compID
WHERE compNbSousU=3;
```

- obtenir les noms des protéines dont l'interaction est de type «coiled-coil»:

forme HISTORIQUE :

```
SELECT a.protNom as proteineNom1, b.protNom as proteineNom2 FROM protein a,
protein b, interaction c WHERE
a.protID = c.protID1 AND b.protID = c.protID2
AND
c.typeInteraction = 'coiled-coil';
```

forme INNER JOIN :

```
SELECT a.protNom as proteineNom1, b.protNom as proteineNom2 FROM
interaction c INNER JOIN protein a ON a.protID = c.protID1 INNER JOIN protein b
b.protID = b.protID2)
WHERE c.typeInteraction = 'coiled-coil';
```

remarque :

Dans cette requête, pour extraire les interactions entre les protéines, il faut penser à **matérialiser les 2 tables « protéine »** dans la requête : cf **protéine a et protéine b**.

Pour bien comprendre la structure de cette requête, vous pouvez comparer le résultat de cette requête avec 2 jointures et la matérialisation de 2 tables protéines avec une autre requête qui réalise 1 jointure 1 seule table PROTEINE.

>> exemples de requête avec 1 seule table protéine :

```
SELECT a.protNom FROM protein a
INNER JOIN interaction b ON a.protID = b.protID1 AND a.protID = b.protID2
WHERE b.typeInteraction = 'coiled-coil';
```

Ou bien

```
SELECT a.protNom FROM protein a
INNER JOIN interaction b ON a.protID = b.protID1 OR a.protID = b.protID2
WHERE b.typeInteraction = 'coiled-coil';
```

Vous pouvez simuler les requêtes sur les tables ci-dessous :

PROTEINE

| protID | protNom |
|--------|---------|
| 1 | WWWW |
| 2 | XXXX |
| 3 | YYYY |
| 4 | ZZZZ |

INTERACTION

| ProtID1 | ProtID2 | typeInteraction |
|---------|---------|-----------------|
| 2 | 3 | |
| 4 | 1 | coiled-coil |
| 2 | 2 | coiled-coil |
| 3 | 3 | |

Réponse à la question subsidiaire :

On peut on peut optimiser l'enregistrement des types d'interaction pour qu'ils soient en 1^{ère} forme normale.

On peut ainsi créer une table TYPE_INTERACTION avec 2 colonnes :

- TYPE_INTERACTION_ID
- TYPE_INTERACTION_NOM

TYPE_INTERACTION_ID serait positionné comme une clé étrangère dans la table INTERACTION.