

# AUBERTOT Emma | PERRIER Marie-Lou | POUVREAU Pimprenelle Groupe n°54



# Compte-Rendu Projet de BDD : Medical Care

Instructions pour lancer la base de données et exécuter les tests :

- 1. Exécutez le fichier 54-Script-Création de la base de données qui va permettre de créer la base de données.
- Une fois la base de données créée, exécutez le script 54-Script-Contraintes dans sa totalité pour appliquer les contraintes et automatisations nécessaires à la base de données.
- 3. Désactiver les triggers nécessaires aux peuplements en exécutant les instructions d'ALTER TRIGGER en haut du fichier *54-Script-Peuplement*, ainsi que les deux instructions d'ALTER TABLE à la suite de celles-ci.

```
ALTER TRIGGER COMPOUNDINSERTTRIGGER_CENTRE_E DISABLE;
    ALTER TRIGGER COMPOUNDINSERTTRIGGER_ARC DISABLE;
   ALTER TRIGGER COMPOUNDINSERTTRIGGER MEDECIN DISABLE;
   ALTER TRIGGER COMPOUNDINSERTTRIGGER PATIENT DISABLE;
   ALTER TRIGGER COMPOUNDINSERTTRIGGER SANG ANA DISABLE;
   ALTER TRIGGER COMPOUNDUPDATETRIGGER_SANG_ANA DISABLE;
   ALTER TRIGGER COMPOUNDINSERTTRIGGER PCR COVI DISABLE:
   ALTER TRIGGER COMPOUNDUPDATETRIGGER_PCR_COVI DISABLE;
   ALTER TRIGGER COMPOUNDUPDATETRIGGER_PATIENT DISABLE;
   ALTER TRIGGER COMPOUNDINSERTTRIGGER_EFFORT_A DISABLE;
10
   ALTER TRIGGER COMPOUNDDELETETRIGGER EFFORT A DISABLE;
   ALTER TRIGGER COMPOUNDUPDATETRIGGER_EFFORT_A DISABLE;
   ALTER TRIGGER COMPOUNDUPDATETRIGGER_EFFORT_A DISABLE;
   ALTER TRIGGER COMPOUNDINSERTTRIGGER_VISITE_Q DISABLE;
   alter table PCR_Covid_Analyse add constraint Nom_Resultats_PCR_Covid
   check (Resultat_PCR_Covid in ('Negatif', 'Variant alpha detecte', 'Variant delta detecte', 'Variant omega detecte'));
   ALTER TABLE Intervalles_resultats_sang_ana add constraint Nom_Type_Analyse
    check (Type_Analyse in ('Cholesterol', 'Glycemie', 'Plaquettes', '4', '5', '6'));
```

4. Toujours dans 54-Script-Peuplement, compilez seulement la procédure Intervalles\_resultats\_sang\_peuplement (première procédure de peuplement du fichier) puis remplissez la table <u>Intervalles\_Resultats\_Sang\_Ana</u> en exécutant les 6 premiers call de procédures à la fin du fichier (tous les call se trouvent à la fin du fichier).

```
CREATE OR REPLACE PROCEDURE Intervalles_resultats_sang_peuplement(
p_type_analyse varchar2,
p_normal_1 integer,
p_anormal_2 integer,
p_anormal_2 integer
)
as

begin
INSERT INTO Intervalles_Resultats_Sang_Ana VALUES (p_type_analyse, p_normal_1, p_normal_2);
end Intervalles_resultats_sang_peuplement;
//
```



#### AUBERTOT Emma | PERRIER Marie-Lou | POUVREAU Pimprenelle



## Groupe n°54

Attention de ne pas peupler toutes les tables (et donc ne pas compiler les autres procédures maintenant)!! Au risque d'avoir des erreurs de duplications de données de clés primaires lors de l'exécution des tests (car nous utilisons parfois les mêmes valeurs pour les clés primaires, normalement on les a changé pour ne pas que ça interfère avec les valeurs du peuplement, mais ne sait-on jamais). Le peuplement complet pourra se faire à la fin.

```
295 --Peuplement pour les intervalles de résultats de sang à exécuter avant d'exécuter les tests
296 CALL Intervalles_resultats_sang_peuplement('Cholesterol', 2, 5, 0, 7);
297 CALL Intervalles_resultats_sang_peuplement('Glycemie', 2, 5, 0, 7);
298 CALL Intervalles_resultats_sang_peuplement('Plaquettes', 2, 5, 0, 7);
299 CALL Intervalles_resultats_sang_peuplement('4', 2, 5, 0, 7);
300 CALL Intervalles_resultats_sang_peuplement('5', 2, 5, 0, 7);
301 CALL Intervalles_resultats_sang_peuplement('6', 2, 5, 0, 7);
```

5. Une fois que vous avez désactivé les triggers mentionnés ci-dessus, puis peuplé la table <u>Intervalles\_Resultats\_Sang\_Ana</u>, le fichier *54-Script-Test* peut être exécuté dans sa totalité. Les résultats seront rassemblés dans la table <u>Tests\_BDD</u>.

```
⊕ ⊞ TESTS_BDD
```

6. Une fois les tests exécutés, les peuplements peuvent être exécutés. Attention, veuillez à peupler dans l'ordre : <u>CENTRE</u>, <u>ARC</u>, <u>MEDECIN</u> puis PATIENT. Après <u>PATIENT</u>, toutes les tables peuvent être peuplées.

## Quelques précisions :

Pour le peuplement, nous avons pour chaque table mis au moins un exemple d'entrée, excepté les tables :

- <u>EEG\_ANALYSE</u> qui est incomplète et donc non fonctionnelle (Calcul de la date de prochaine analyse en cours de développement).
- acte\_medical\_carnet\_medical
- traitement\_pathologie\_carnet\_medical