

---

# **Módulo Laboratorio : Rodam Análisis**

***Versión 0.0***

**Jonatan Ahumada Fernández**

**05 de febrero de 2021**



---

Contents:

---



---

## Documento de Especificación de Requerimientos

---

**author** Jonatan Ahumada Fernández

**contact** [jaumaf@hotmail.com](mailto:jaumaf@hotmail.com)

**date** <2021-01-15 Fri>

### 1.1 Introducción

Este documento es el *SRS* para el **Módulo Laboratorio** del **Sistema de Información de Rodám Análisis S.A.** Su propósito es describir los requerimientos que debe cumplir el **Módulo Laboratorio**

Este documento está dirigido principalmente a los miembros del equipo de desarrollo, pero también será de gran utilidad para los *stakeholders* que se pregunten ¿qué hace el **Módulo Laboratorio**?

#### 1.1.1 Referencias a otros documentos

Para una visión general del **Sistema de Información de Rodám Análisis S.A** se debe consultar el *Documento de proyecto*.

### 1.2 Descripción General

El **\*Módulo Laboratorio\*** se ocupa del ciclo de vida de los *análisis de laboratorio*. Rodam Análisis caracteriza su proceso de análisis de laboratorio de la siguiente manera:

1. Ingreso
2. Preprocesamiento
3. Siembra
4. Lectura

5. Recolección de resultados

6. Emisión de certificados

El caso de uso principal de la *aplicación de escritorio* será registrar el flujo de un análisis, desde que entra el sistema mediante su ingreso, hasta la producción de su certificado de análisis.

Por su parte, el **Módulo Web** se ocupará de emitir esos certificados a los clientes de Rodam Análisis por medio de una página web.

## 1.3 Funcionalidades del sistema

Nos referimos a las funcionalidades del sistema como *casos de uso*. Es útil considerar a los casos de uso como pertenecientes *submódulo*. A esto lo llamamos *caracterización de los casos de uso*. Esto facilita saber a qué parte del **Módulo Laboratorio** nos referimos.

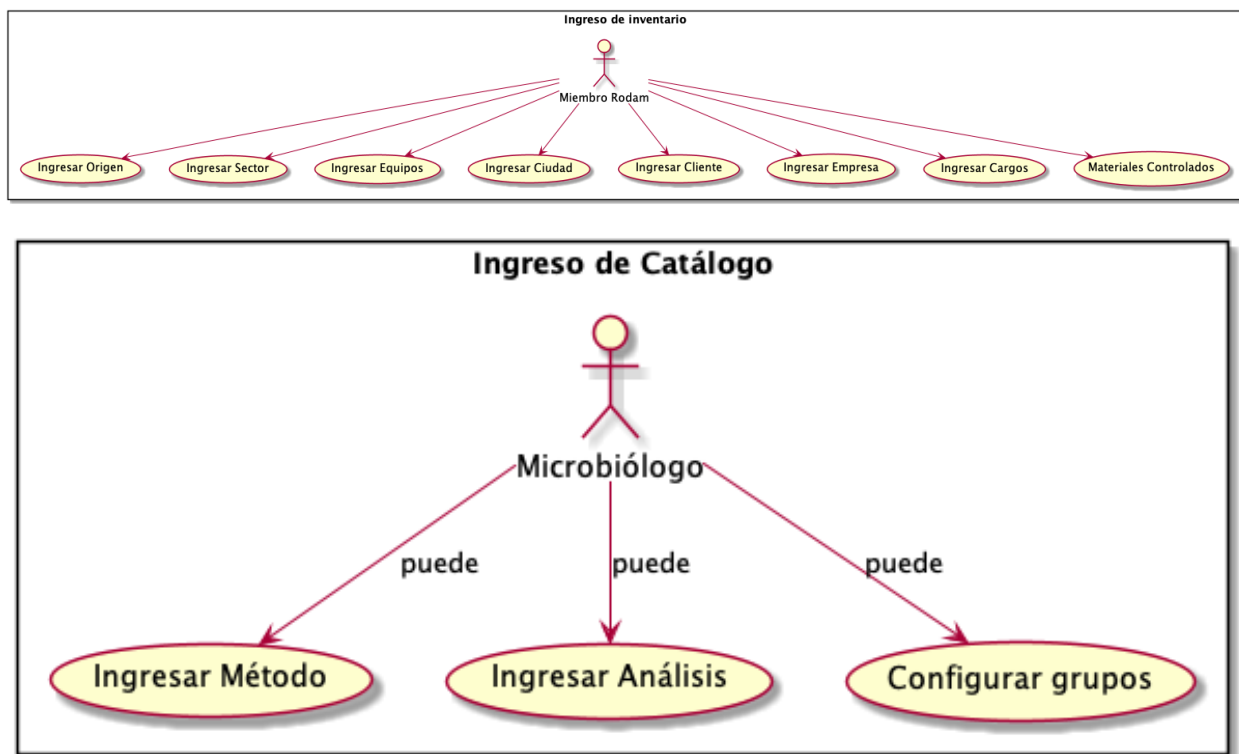
Los submódulos existentes en este momento son:

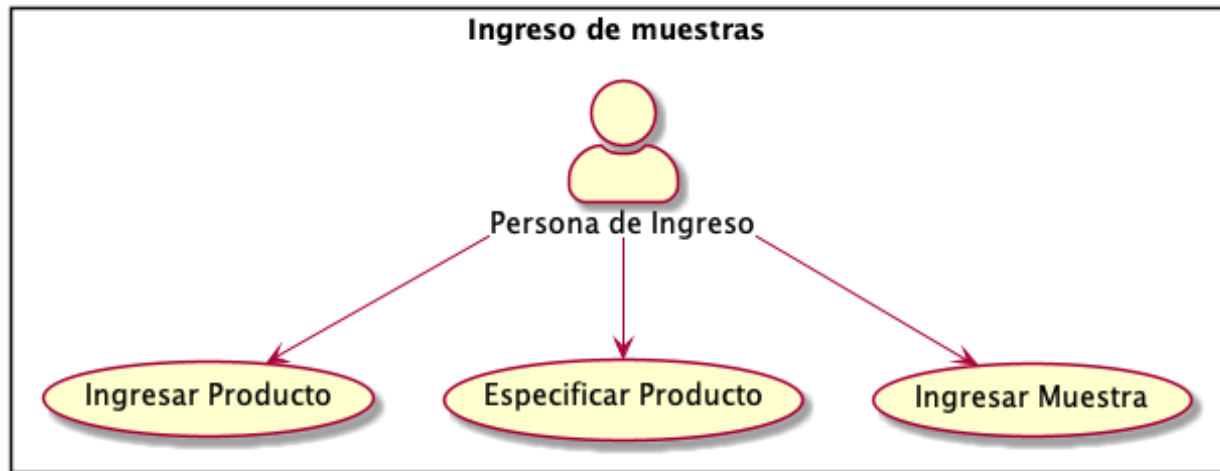
1. Inventario 3. Catálogo 2. Ingreso de Muestras 3. Recolección de resultados 4. Control de calidad 4. Emisión de certificados

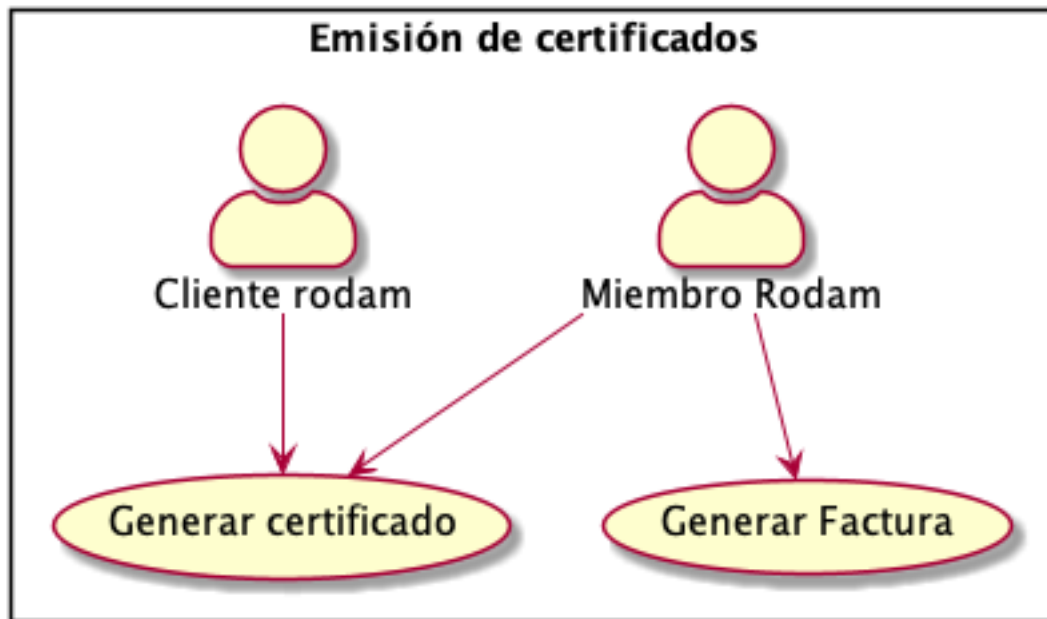
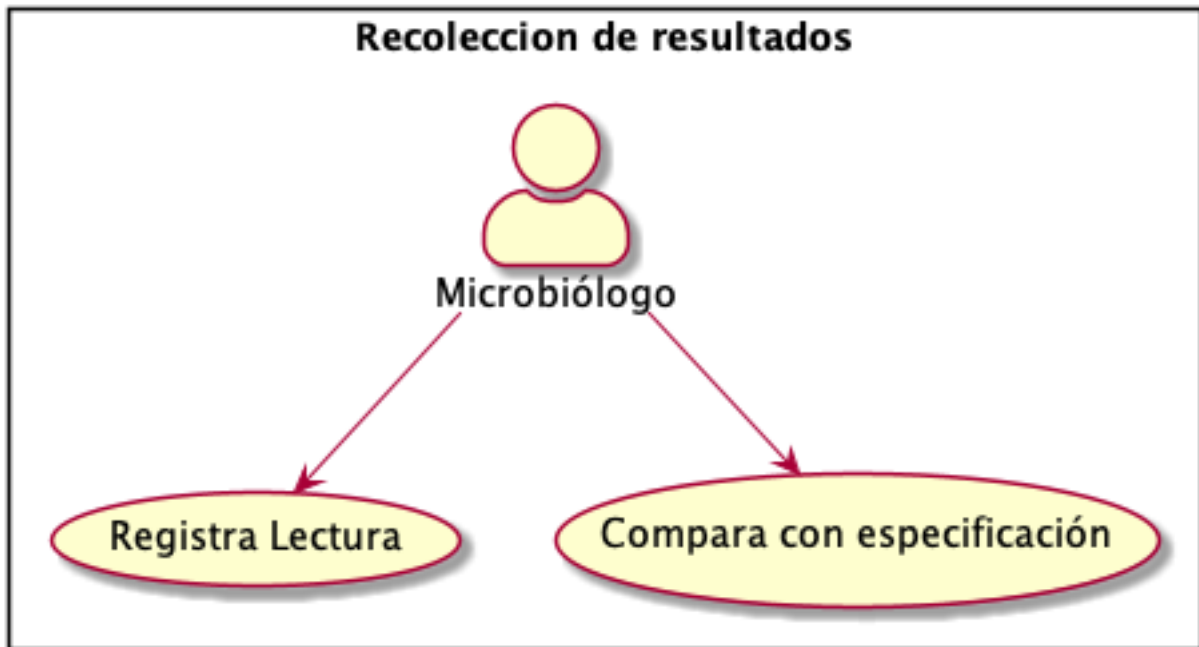
### 1.3.1 Caracterización de los casos de uso

Ahora veremos cómo estos casos de uso se subdividen naturalmente en submódulos. Son agrupaciones de tareas relacionadas dentro del **Modulo Laboratorio**.

A continuación veremos los casos de uso en más detalle.





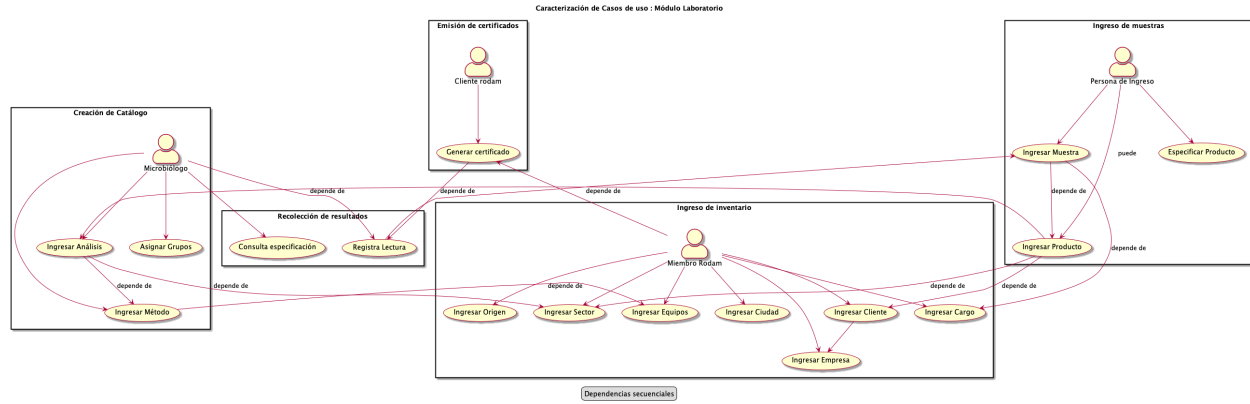




### 1.3.2 Dependencias secuenciales

Las dependencias secuenciales de los casos de uso muestran qué funcionalidades dependen de que otras se hayan ejecutado previamente. Por ejemplo, ingresar un análisis depende de que haya métodos que agregar en ese análisis.

Esta visualización es útil para diseñar el flujo de eventos de una interfáz de usuario.





**author** Jonatan Ahumada Fernández

**contact** [jaumaf@hotmail.com](mailto:jaumaf@hotmail.com)

**date** <2021-01-19 Tue>

## 2.1 Introducción

Aquí se documenta el diseño del módulo *laboratorio*. Para ver qué funcionalidades debe cumplir, se debe revisar la *Especificación de Requerimientos*.

## 2.2 Diseño de base de datos

La parte más crítica del sistema se considera el diseño de la base de datos, pues eventualmente reemplazará parte del sistema documental de Rodam Análisis. Esta será la capa sobre la cual se construyan interfaces gráficas. Es, entonces, importante que las relaciones y las tablas sean suficientes.

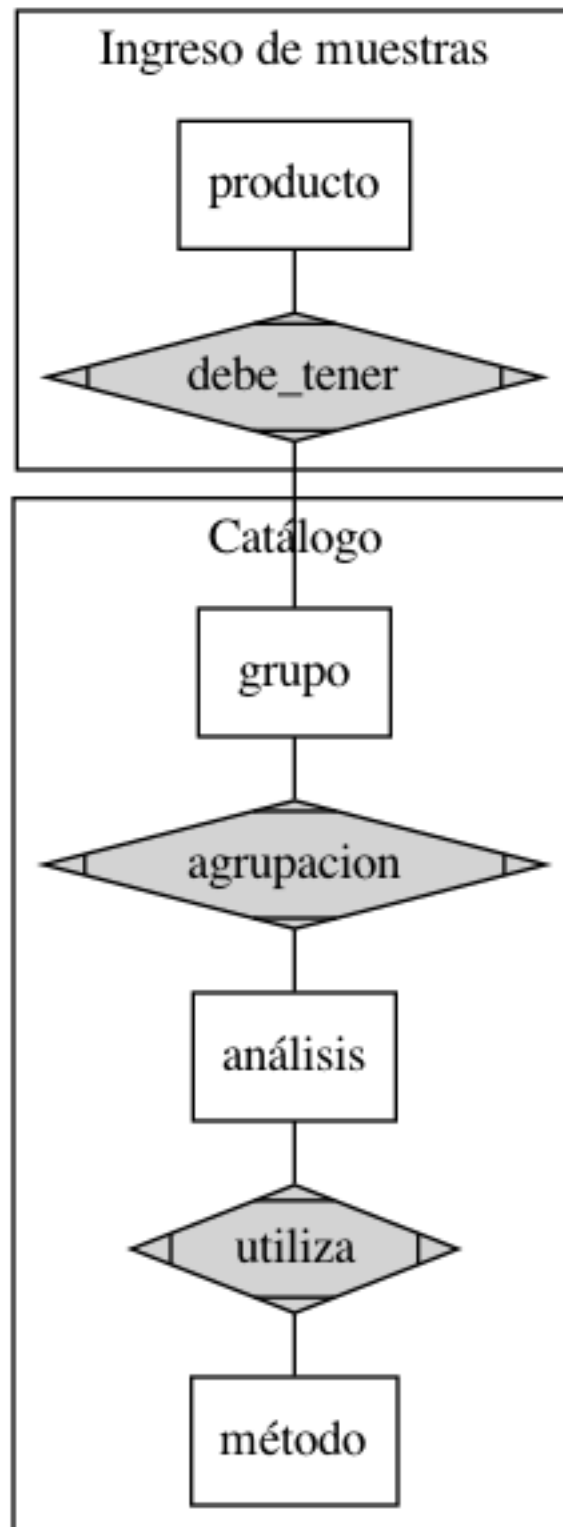
El diseño conceptual y el mapeo de los diagramas ER hacia los modelos relacionales es un proceso costoso en tiempo. Por las necesidades del desarrollo, se han optado por ciclos de desarrollo cortos. Por ende, aquí se expondrán solo los diagramas para los casos de uso más críticos.

### 2.2.1 El ingreso de muestras

El ingreso de muestras es un proceso bastante frecuente en el laboratorio y debe automatizarse al mayor grado posible. En el ingreso se relaciona un producto que proviene de un cliente del laboratorio con uno (o más) servicios que ofrece el laboratorio.

Un producto, casi siempre, es objeto de la misma serie de procedimientos, sujetos a los mismos parámetros. La asociación del producto con los servicios del laboratorio, por lo tanto, se decidió hacer una vez. Cuando el mismo cliente requiera un análisis para ese producto en particular, el laboratorio ya sabe qué procedimientos hacer sobre ese producto. A eso se le llama la *especificación de un producto*. Por otro lado, a la instancia particular del producto que se somete a los procedimientos, se le llama *muestra* del producto.

Aquí se presenta un diagrama entidad relación ajustado al caso de uso particular del ingreso de muestras.



## Asociaciones binarias

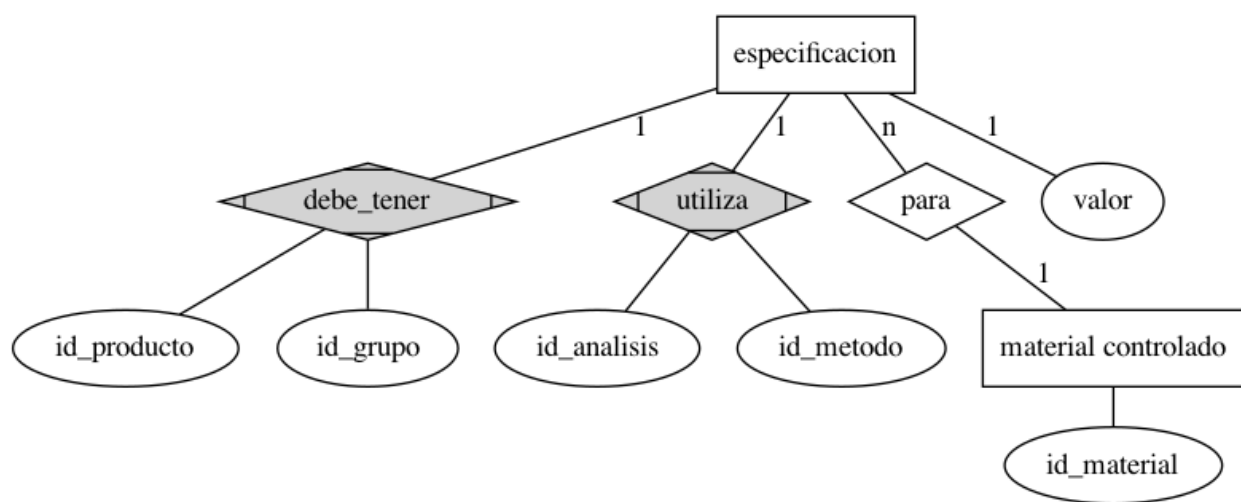
Notemos que los rombos con esquinas triangulares denotan relaciones de muchos a muchos. La técnica general de represtar ese tipo de relaciones es usar una tabla de asociacion en el modelo relacional. Por ende, si se revisa el *Dominio.py* se encontraran esas relaciones construidas como tablas. Esas tablas tienen además una llave sustituta (*surrogate key*).

La función de la llave sustituta es doble. Por un lado, codifica una 2-tupla a 1-tupla.

Por otro lado, Por las necesidades impuestas en el proceso de ingreso, era deseable restringir las opciones de la persona de ingreso a solo relacionar el producto con ciertos análisis dependiendo de los grupos que tuviera la especificacion. Es decir, la responsabilidad de la persona de ingreso se debe minimizar y, reciprocamente, el sistema debe capturar correctamente los servicios (el catálogo que ofrece el laboratorio). En general, no es posible construir este tipo de relaciones semánticas en relaciones de grado superior. Aún si se pudiese, se considera una «buena práctica» transformar las relaciones de orden superior en relaciones binarias. En general, las tablas presentan mucho menor redundancia y la búsqueda de llave fóraneas en la API de una aplicación cliente será menos dispendiosa.

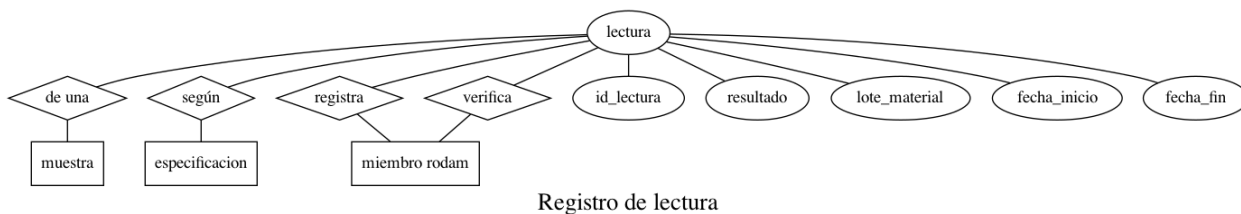
Ciertas herramientas, por ejemplo, Oracle Express o las formas de Microsoft Access solo construyen vistas entre dos tablas y no más.

La especificación, por lo tanto, no depende, de las entidades base (producto, grupo, analisis, metodo), sino de relaciones entre ellos, de la siguiente manera:



Especificación de un producto

Así, mismo, una lectura se compone por :



Registro de lectura

---

### Modelo relacional del laboratorio

---

#### 3.1 Resumen

Este cuaderno muestra la funcionalidad de la base de datos relacional utilizada para el módulo **Laboratorio** del sistema de información de Rodam Análisis S.A.S. Las funcionalidades se muestran *independientemente* de la interfaz de usuario que luego se implemente sobre el modelo. Idealmente, el modelo deberá cumplir con todos los casos de uso, para luego pasar a la implementación de su interfaz.

Con este cuaderno tanto el *product owner* como el desarrollador podrán evaluar su comprensión mutua sobre el sistema y poner a prueba nuevas ideas.

#### 3.2 Documentos relacionados

- La *Especificación de Requerimientos* detalla los requerimientos y los submódulos del laboratorio.
- El *Documento de Diseño* estudia las relaciones y las entidades del módulo.

#### 3.3 Objetivo

Evaluar el alcance y las limitaciones del *backend* del módulo Laboratorio.

Como criterios para evaluar la idoneidad del modelo, propongo estas consideraciones:

- ¿las tablas permiten hacer las consultas que necesito en este momento?
- ¿las tablas aseguran la integridad referencial de mi modelo?
- ¿parece posible extender el sistema con requerimientos que puedan salir a futuro?

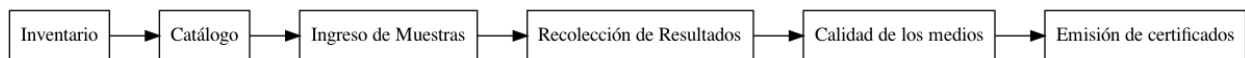
## 3.4 Definiciones

El *backend* está compuesto por dos capas. La primera de ellas es la **capa de la base de datos relacional**. La segunda de ellas es la **capa del ORM**, que mapea el modelo relacional al paradigma de orientación a objetos.

Tanto en el desarrollo como en esta *prueba de aceptación* nos valdremos del **ORM**, por las ventajas que ofrece. Sin embargo, el **modelo relacional** es el cimiento del sistema. Por eso, la exposición vendrá acompañada de consultas directas a una instancia de base de datos `sqlite` llamada `aceptacion.bd`.

### 3.4.1 Repaso por los casos de uso

Para consultar los casos de uso en mayor detalle, consultar la *Especificación de requerimientos* del módulo. El cuaderno seguirá el camino de las **dependencias secuenciales** esbozadas en ese documento. Un breve resumen del flujo de eventos del laboratorio sería:



### 3.4.2 Inicio del flujo

Primero, carguemos el módulo de Python con el dominio:

```
%cd ~/.devs/ # ubicarse un directorio arriba del paquete rodam
from rodam.modelos import Dominio
import rodam.conf as conf
```

```
/Users/jaumaf/.devs
```

## 3.5 Configurando la sesion

```
Dominio.Base.metadata.drop_all(conf.ACEPTACION_ENG)
```

Probemos que no haya datos:

```
!sqlite3 -header -column rodam/aceptacion.db '.schema' # no debe retornar nada
```

```
conf.Base.metadata.create_all(conf.ACEPTACION_ENG)
session = conf.sessionmaker(bind=conf.ACEPTACION_ENG)
```

```
session = session()
```



### 3.5.1 Inventario

Los objetos del Inventario son dependencias de los demás. Creemos, entonces, los objetos del inventario:

```
#ciudades

bogota = Dominio.Ciudad(
    id_ciudad = 1,
    nom_ciudad = "Bogotá",
    indicativo = 1
)

medellin = Dominio.Ciudad(
    nom_ciudad = "Medellín",
    indicativo = 4,
    id_ciudad = 2)

# sectores

farmaceutico = Dominio.Sector(
    id_sector = 1,
    nom_sector = "Farmaceutico"
)

cosmetico = Dominio.Sector(
    id_sector = 2,
    nom_sector = "Cosmético")

# origenes

prod_terminado = Dominio.Origen(
    nom_origen = "Producto terminado",
    id_origen = 1
)

muestreo_planta = Dominio.Origen(
    nom_origen = "Muestreo en planta",
    id_origen = 2
)

# empresas

conalcos = Dominio.Empresa(
    id_empresa = 1,
    nit_empresa = 90024,
    nom_empresa = "Compañía Nacional de Cosméticos CONALCOS",
    id_ciudad = bogota.id_ciudad,
    pagina = "conalcos.com.co",
    correo = "contacto@conalco.com.co",
    direccion = "calle 34 Bis 39-33",
)

remo = Dominio.Empresa(
    id_empresa = 2,
    nit_empresa = 90025,
    nom_empresa = "Laboratorios REMO S.A.S",
    id_ciudad = medellin.id_ciudad,
    pagina = "labremo.com.co",
    correo = "contacto@labremo.com.co",
```

(continué en la próxima página)

(proviene de la página anterior)

```
direccion = "calle 54 11-22",
)

# clientes
conalcos_cliente = Dominio.Cliente(
id_cliente = 1,
id_empresa = conalcos.id_empresa,
retencion = 0.14,
IVA = 0.15,
ISA = 0.16,
ICA = 0.17,
)

remo_cliente = Dominio.Cliente(
id_cliente = 2,
id_empresa = remo.id_empresa,
retencion = 0.14,
IVA = 0.15,
ISA = 0.16,
ICA = 0.17)

# cargos
jefe_laboratorio = Dominio.Cargo(
    id_cargo = 1,
    nom_cargo= "Jefe de laboratorio",
    observaciones = "No sabría que poner aquí"
)

jefe_calidad = Dominio.Cargo(
    id_cargo = 2,
    nom_cargo= "Jefe de calidad",
    jefe = jefe_laboratorio.id_cargo,
    reemplazo = jefe_laboratorio.id_cargo,
    observaciones = "No sabría que poner aquí"
)

microbiologo = Dominio.Cargo(
id_cargo = 3,
nom_cargo = "Microbiólogo",
jefe = jefe_calidad.id_cargo,
observaciones = "No sabría que poner aquí"
)

# equipos
cabina = Dominio.Equipo(
id_equipo = 1,
nom_equipo = "Cabina de flujo laminar",
ref_documental = "E001"
)

micropipeta = Dominio.Equipo(
id_equipo = 2,
```

(continué en la próxima página)

(proviene de la página anterior)

```
nom_equipo = "Micropipeta",
ref_documental = "E019",
)

balanza = Dominio.Equipo (
id_equipo = 3,
nom_equipo = "Balanza",
ref_documental = "E020",
)

incubadora = Dominio.Equipo(
id_equipo = 4,
    nom_equipo = "Incubadora",
    ref_documental = "E010",
)

caja_petri = Dominio.Equipo(
id_equipo = 5,
    nom_equipo = "Caja de Petri",
    ref_documental = "E011",
)

turbidimetro = Dominio.Equipo(
id_equipo = 6,
    nom_equipo = "Turbidimetro",
    ref_documental = "E012",
)

# Materiales controlados
no_aplica = Dominio.MaterialControlado(
nom_material = "N. A"
)

bacillus = Dominio.MaterialControlado(
nom_material = "Bacillus subtilis spizizenii ATCC 6633",
)

pseudomona = Dominio.MaterialControlado(
nom_material = "Pseudomona aeruginosa ATCC 9027",
)

staph_aureus = Dominio.MaterialControlado(
nom_material = "Staphylococcus Aureus ATCC 6538",
)

candida = Dominio.MaterialControlado(
nom_material = "Candida albicans ATCC 10231",
)

aspergillus = Dominio.MaterialControlado(
nom_material = "Aspergillus bresilensis ATCC 16404",
)
```

(continué en la próxima página)

(proviene de la página anterior)

```
inventario = [bogota, medellin, cosmetico, farmaceutico,
              prod_terminado, muestreo_planta, conalcos,
              remo, conalcos_cliente, remo_cliente,
              jefe_laboratorio, jefe_calidad,
              cabina, micropipeta, balanza, incubadora,
              caja_petri, turbidimetro, no_aplica, bacillus, pseudomona,
              , staph_aureus, candida, aspergillus]
```

Ahora agreguemos los objetos del inventario y veamos un ejemplo de cómo se vería una de sus tablas:

```
sesion.add_all(inventario)
sesion.commit()
```

```
!sqlite3 -header -column rodam/aceptacion.db 'select * from equipo;' # ejemplo de lo
↪que acabamos de ingresar
```

id_equipo	nom_equipo	ref_documental
1	Cabina de flujo laminar	E001
2	Micropipeta	E019
3	Balanza	E020
4	Incubadora	E010
5	Caja de Petri	E011
6	Turbidimetro	E012

### 3.5.2 Creación de Catálogo

Con el inventario listo, ahora realizaremos el proceso de creación del catálogo. El elemento atómico de un análisis de laboratorio es un método. Debemos crear primero los métodos existentes en el laboratorio.

```
# metodos

enriquecimiento = Dominio.Metodo(
    id_metodo = 1,
    nom_metodo = "Enriquecimiento",
    desc_metodo = "5g de producto en 45 de TSB, incubar 24 h a 30-25 grados",
    ref_documental = "IN006",
    observaciones= "",
    material = "Agar TSA" ,
    equipos = [cabina, balanza]
)

siembra_incub = Dominio.Metodo(
    id_metodo = 2,
    nom_metodo = "Siembra e incubación",
    desc_metodo = "Siembra en superficie: 0.1 ml en TSA, incubar 3 dias a 30-35°C",
    ref_documental = "IN007",
    observaciones= "",
    material = "Agar Sabouraud",
    equipos = [micropipeta, incubadora]
)
```

(continué en la próxima página)

(proviene de la página anterior)

```
conteo_petri = Dominio.Metodo(
    id_metodo = 3,
    nom_metodo = "Conteo en caja de Petri",
    desc_metodo = "Recuento en caja de petri",
    ref_documental = "IN009",
    observaciones= "",
    material = "Agar TSB",
    equipos = [balanza, caja_petri]
)

diluc_neutralizacion = Dominio.Metodo(
    id_metodo = 4,
    nom_metodo = "Dilución - neutralización",
    desc_metodo = "8 ml de producto (o solución del producto) durante 1 minuto",
    ref_documental = "IN010",
    observaciones= "",
    material = "Caldo caseína",
    equipos = [balanza]
)

inoculo = Dominio.Metodo(
    id_metodo= 5,
    nom_metodo = "Inóculo de material controlado",
    ref_documental = "IN011",
    observaciones = "",
    material = "Solución salina",
    equipos = [turbidimetro]
)

enriq_peptona = Dominio.Metodo(
    id_metodo = 8,
    nom_metodo = "Enriquecimiento + Peptona",
    desc_metodo = "5 ml de Buffer Peptona + 45 ml de TSB, incubar 24 h a 30-35 C",
    material = "Agar TSB",
    ref_documental = "IN014"
)

diluc_neut5 = Dominio.Metodo(
    id_metodo = 9,
    nom_metodo = "Dilución - neutralización 5 min",
    desc_metodo = "8 ml de producto (o solución del producto) durante 5 minutos",
    ref_documental = "IN015",
    observaciones= "",
    material = "Caldo caseína",
    equipos = [balanza]
)

diluc_neut15 = Dominio.Metodo(
    id_metodo = 10,
    nom_metodo = "Dilución - neutralización 15 min",
```

(continué en la próxima página)

(proviene de la página anterior)

```

desc_metodo = "8 ml de producto (o solucion del producto) durante 15 minutos",
ref_documental = "IN016",
observaciones= "",
material = "Caldo caseina",
equipos = [balanza]

)

diluc_neut30 = Dominio.Metodo(
    id_metodo = 11,
    nom_metodo = "Dilución - neutralización 30 min",
    desc_metodo = "8 ml de producto (o solucion del producto) durante 30 minutos",
    ref_documental = "IN017",
    observaciones= "",
    material = "Caldo caseina",
    equipos = [balanza]

)

diluc_neut45 = Dominio.Metodo(
    id_metodo = 12,
    nom_metodo = "Dilución - neutralización 45 min",
    desc_metodo = "8 ml de producto (o solucion del producto) durante 45 minutos",
    ref_documental = "IN018",
    observaciones= "",
    material = "Caldo caseina",
    equipos = [balanza]

)

metodos = [enriquecimiento, siembra_incub, conteo_petri, diluc_neutralizacion,
    inoculo, enriq_peptona, diluc_neut5, diluc_neut15, diluc_neut30, diluc_
↪neut45]

```

```
sesion.add_all(metodos)
```

```
sesion.commit()
```

```
!sqlite3 -header -markdown rodam/aceptacion.db 'select nom_metodo, material, ref_
↪documental from metodo;' # lo que acabamos de ingresar
```

nom_metodo	material	ref_documental
Enriquecimiento	Agar TSA	IN006
Siembra e incubación	Agar Sabouraud	IN007
Conteo en caja de Petri	Agar TSB	IN009
Dilución - neutralización	Caldo caseina	IN010
Inóculo de material controlado	Solución salina	IN011
Enriquecimiento + Peptona	Agar TSB	IN014
Dilución - neutralización 5 min	Caldo caseina	IN015
Dilución - neutralización 15 min	Caldo caseina	IN016
Dilución - neutralización 30 min	Caldo caseina	IN017
Dilución - neutralización 45 min	Caldo caseina	IN018

## 3.6 Creación de análisis

Los analisis tienen muchos métodos. Así que podremos simplemente agregarlos al atributo `metodos` correspondiente:

```
# Analisis

meso_aerob = Dominio.Analisis(
id_analisis = 1,
nom_analisis = "Recuento de Mesofilos Aeorobios",
id_sector = farmaceutico.id_sector,
ref_documental= "PR001",
)

# asociaciones
util1 = Dominio.Utiliza(
id_utiliza = 1,
metodo = enriquecimiento
)

util2 = Dominio.Utiliza(
id_utiliza = 2,
metodo = siembra_incub,
)

util3= Dominio.Utiliza(
id_utiliza = 3,
metodo = conteo_petri)

meso_aerob.metodos= [util1,util2, util3]
```

```
sesion.add(meso_aerob)
```

```
sesion.commit()
```

La asociación entre analisis y metodo queda registrada en la tabla utiliza

```
!sqlite3 -header -markdown rodam/aceptacion.db 'select * from utiliza;' # lo que
→acabamos de ingresar
```

id_utiliza	id_analisis	id_metodo
1	1	1
2	1	2
3	1	3

```
# hongos y levaduras

hongos_lev = Dominio.Analisis(
id_analisis = 2,
nom_analisis = "Recuento de Hongos y Levaduras",
id_sector = farmaceutico.id_sector,
ref_documental= "PR002",
```

(continué en la próxima página)

(proviene de la página anterior)

```
)

util4 = Dominio.Utiliza(
id_utiliza = 4,
metodo = enriquecimiento
)

util5 = Dominio.Utiliza(
id_utiliza = 5,
metodo = siembra_incub
)

util6 = Dominio.Utiliza(
id_utiliza = 6,
metodo = conteo_petri
)

hongos_lev.metodos = [util4, util5, util6]
```

```
sesion.add(hongos_lev)
sesion.commit()
```

```
# E. Coli

e_coli = Dominio.Analisis(
    id_analisis = 3,
    nom_analisis = "Presencia de E. Choli",
    id_sector = farmaceutico.id_sector,
    ref_documental= "PR003"
)

util7 = Dominio.Utiliza(
id_utiliza = 7,
metodo = enriquecimiento
)

util8 = Dominio.Utiliza(
id_utiliza = 8,
metodo = siembra_incub
)

util9 = Dominio.Utiliza(
id_utiliza = 9,
metodo = conteo_petri
)

e_coli.metodos = [util7, util8, util9]
```

```
sesion.add(e_coli)
sesion.commit()
```



```
# Actividad bactericida

a_bactericida = Dominio.Analisis(
nom_analisis = "Actividad Bactericida Básica",
id_sector = cosmetico.id_sector,
ref_documental = "PR004",
)

util10 = Dominio.Utiliza(
id_utiliza = 10,
metodo = enriquecimiento
)

util11 = Dominio.Utiliza(
id_utiliza = 11,
metodo = siembra_incub
)

util12 = Dominio.Utiliza(
id_utiliza = 12,
metodo = inculo
)

util15 = Dominio.Utiliza(
id_utiliza = 15,
metodo = siembra_incub
)

util16 = Dominio.Utiliza(
id_utiliza = 16,
metodo = conteo_petri
)

util17 = Dominio.Utiliza(
id_utiliza = 17,
metodo = enriq_peptona)

util18 = Dominio.Utiliza(
id_utiliza = 18,
metodo = diluc_neut5)

util20 = Dominio.Utiliza(
id_utiliza = 20,
metodo = diluc_neut15)

util20 = Dominio.Utiliza(
id_utiliza = 21,
metodo = diluc_neut30)

util21 = Dominio.Utiliza(
id_utiliza = 22,
```

(continué en la próxima página)

(proviene de la página anterior)

```
metodo = diluc_neut45)

util22 = Dominio.Utiliza(
id_utiliza = 23,
metodo = diluc_neutralizacion)

a_bactericida.metodos = [util10, util11, util12, util15, util16,
util17, util18, util20, util21, util22]
```

```
sesion.add(a_bactericida)
```

```
sesion.commit()
```

Revisemos la relación utiliza con la siguiente consulta:

```
select utiliza.id_utiliza, analisis.nom_analisis, analisis.ref_documental, metodo.
nom_metodo, metodo.ref_documental from utiliza JOIN analisis on utiliza.id_analisis
= analisis.id_analisis JOIN metodo on utiliza.id_metodo = metodo.id_metodo;
```

```
!sqlite3 -header -markdown rodam/aceptacion.db 'select utiliza.id_utiliza, analisis.
nom_analisis, analisis.ref_documental, metodo.nom_metodo, metodo.ref_documental
from utiliza JOIN analisis on utiliza.id_analisis = analisis.id_analisis JOIN
metodo on utiliza.id_metodo = metodo.id_metodo;'
```

id_utiliza	nom_analisis	ref_documental	nom_
metodo	ref_documental		
-----	-----	-----	-----
1	Recuento de Mesofilos Aeorobios	PR001	Enriquecimiento
2	Recuento de Mesofilos Aeorobios	PR001	Siembra e
incubación	IN007		
3	Recuento de Mesofilos Aeorobios	PR001	Conteo en caja de
Petri	IN009		
4	Recuento de Hongos y Levaduras	PR002	Enriquecimiento
5	Recuento de Hongos y Levaduras	PR002	Siembra e
incubación	IN007		
6	Recuento de Hongos y Levaduras	PR002	Conteo en caja de
Petri	IN009		
7	Presencia de E. Choli	PR003	Enriquecimiento
8	Presencia de E. Choli	PR003	Siembra e
incubación	IN007		
9	Presencia de E. Choli	PR003	Conteo en caja de
Petri	IN009		
10	Actividad Bactericida Básica	PR004	Enriquecimiento
11	Actividad Bactericida Básica	PR004	Siembra e
incubación	IN007		
12	Actividad Bactericida Básica	PR004	Inóculo de material
controlado	IN011		
15	Actividad Bactericida Básica	PR004	Siembra e
incubación	IN007		
16	Actividad Bactericida Básica	PR004	Conteo en caja de
Petri	IN009		

(continué en la próxima página)

(proviene de la página anterior)

17	Actividad Bactericida Básica	PR004	Enriquecimiento +
↪Peptona	IN014		
18	Actividad Bactericida Básica	PR004	Dilución -
↪neutralización 5 min	IN015		
21	Actividad Bactericida Básica	PR004	Dilución -
↪neutralización 30 min	IN017		
22	Actividad Bactericida Básica	PR004	Dilución -
↪neutralización 45 min	IN018		
23	Actividad Bactericida Básica	PR004	Dilución -
↪neutralización	IN010		

## 3.7 Creación de Grupos

Los analisis pueden pertenecer a varios grupos.

```

grupo_unico = Dominio.Grupo(
nom_grupo = "Grupo único",
desc_grupo = "Para análisis simples que no requieren grupos")

recuento_inoc= Dominio.Grupo(
nom_grupo = "Recuento del inóculo",
desc_grupo = "Recuento del inóculo para actividad bactericida básica")

toxicidad = Dominio.Grupo(
nom_grupo = "Control de toxicidad del neutralizante",
desc_grupo = "Pseudomonas Aeruginosa y staphylococcus Aureus",
)

control_neutralizacion = Dominio.Grupo(
nom_grupo = "Control del método de dilución-neutralización",
)

prueba_dilucion = Dominio.Grupo(
nom_grupo = "Prueba de dilución - neutralización"
)

# estos analisis quedan asociados al grupo único

agrupa1 = Dominio.Agrupacion(
id_agrupacion = 1,
analisis = meso_aerob
)

agrupa2 = Dominio.Agrupacion(
id_agrupacion = 2,
analisis = hongos_lev
)

agrupa3 = Dominio.Agrupacion(
id_agrupacion = 3,
analisis = e_coli
)

```

(continué en la próxima página)

(proviene de la página anterior)

```
grupo_unico.analisis = [agrupa1, agrupa2, agrupa3]
```

```
sesion.add(grupo_unico)
sesion.commit()
```

```
!sqlite3 -header -markdown rodam/aceptacion.db 'select * from agrupacion'
```

id_agrupacion	id_grupo	id_analisis
1	1	1
2	1	2
3	1	3

```
# actividad bactericida tiene estos grupos == estos grupos tienen actividad_
↪bactericida
```

```
agrupa4 = Dominio.Agrupacion(
id_agrupacion = 4,
 analisis = a_bactericida
)
```

```
agrupa5 = Dominio.Agrupacion(
id_agrupacion = 5,
 analisis = a_bactericida
)
```

```
agrupa6 = Dominio.Agrupacion(
id_agrupacion = 6,
 analisis = a_bactericida)
```

```
agrupa7 = Dominio.Agrupacion(
id_agrupacion = 7,
 analisis = a_bactericida
)
```

```
toxicidad.analisis.append(agrupa4)
recuento_inoc.analisis.append(agrupa5)
control_neutralizacion.analisis.append(agrupa6)
prueba_dilucion.analisis.append(agrupa7)
```

```
sesion.add_all([toxicidad, recuento_inoc, prueba_dilucion])
```

```
sesion.commit()
```

```
!sqlite3 -header -markdown rodam/aceptacion.db 'select grupo.nom_grupo, analisis.nom_
↪analisis from agrupacion join grupo on agrupacion.id_grupo = grupo.id_grupo join_
↪analisis on agrupacion.id_analisis = analisis.id_analisis'
```

nom_grupo	nom_analisis
Grupo único	Recuento de Mesofilos Aeorobios
Grupo único	Recuento de Hongos y Levaduras

(continúe en la próxima página)

(proviene de la página anterior)

Grupo único	Presencia de E. Choli	
Control de toxicidad <b>del</b> neutralizante	Actividad Bactericida Básica	
Recuento <b>del</b> inóculo	Actividad Bactericida Básica	
Prueba de dilución - neutralización	Actividad Bactericida Básica	

### 3.7.1 Ingreso de Muestras

Una vez sabemos qué servicios están en nuestro catálogo, podemos empezar a ingresar productos y a realizar análisis sobre esas muestras.

## 3.8 Ingreso de un producto

En **Rodam Análisis S.A.S**, un producto se ingresa una sola vez. A partir de allí, el producto queda enlazado con una serie de especificaciones que indican qué grupos, análisis y métodos deben correrse sobre una muestra de ese producto.

Luego del ingreso del producto, cada **muestra** de ese producto siempre tendrá las especificaciones estipuladas para el producto.

Primero empezamos con la creación de un producto:

```
# producto 1
xinefax = Dominio.Producto(
id_producto= 1,
nom_producto = "Xinefax" ,           # libre
forma_farmaceutica = "Emulsión",     # libre
id_sector = farmaceutico.id_sector,  # dependencia
id_cliente = conalcos_cliente.id_cliente
)
sesion.add(xinefax)
sesion.commit()

# producto 2

seximax = Dominio.Producto(
id_producto = 2,
nom_producto = "Seximax",
forma_farmaceutica = "Loción",
id_sector = cosmetico.id_sector,
id_cliente = remo_cliente.id_cliente
)

sesion.add(seximax)
sesion.commit()
```

Ahora debemos indicar qué grupos tendrá el producto.

```
# El producto debe tener grupos ya existentes en el catálogo

debel = Dominio.Debe_tener(
id_debe_tener = 1,
grupo = recuento_inoc
)
```

(continué en la próxima página)

(proviene de la página anterior)

```

debe2 = Dominio.Debe_tener(
id_debe_tener = 2,
grupo = toxicidad
)

debe3 = Dominio.Debe_tener(
id_debe_tener = 3,
grupo = control_neutralizacion
)

debe4 = Dominio.Debe_tener(
id_debe_tener = 4,
grupo = prueba_dilucion
)

xinefax.grupos = [debe1, debe2, debe3, debe4]

debe5 = Dominio.Debe_tener(
id_debe_tener = 5,
grupo = grupo_unico
)

seximax.grupos = [debe5]

```

```
sesion.commit()
```

```
!sqlite3 -header -markdown rodam/aceptacion.db 'select * from debe_tener;'
```

id_debe_tener	id_producto	id_grupo
1	1	3
2	1	2
3	1	5
4	1	4
5	2	1

### 3.9 Especificar un producto

Sabemos que xinefax *debe tener* los grupos estipulados en el resultado anterior. Pero aún no hemos especificado cuáles de los análisis disponibles en esos grupos se tienen que correr.

Sin embargo, podemos saber qué análisis están disponibles dentro de qué grupo (esto puede ser útil, en una interfaz de usuario):

```

!sqlite3 -header -markdown rodam/aceptacion.db "select agrupacion.id_agrupacion,
↪ grupo.nom_grupo, grupo.id_grupo, analisis.nom_analisis, analisis.id_analisis from
↪ agrupacion join grupo on agrupacion.id_grupo = grupo.id_grupo join analisis on
↪ agrupacion.id_analisis = analisis.id_analisis"

```

(continúe en la próxima página)

(proviene de la página anterior)

id_agrupacion	nom_grupo	id_grupo	
nom_analisis	id_analisis		
1	Grupo único	1	Recuento
de Mesofilos Aerobios	1		
2	Grupo único	1	Recuento
de Hongos y Levaduras	2		
3	Grupo único	1	
Presencia de E. Choli	3		
4	Control de toxicidad del neutralizante	2	
Actividad Bactericida Básica	4		
5	Recuento del inóculo	3	
Actividad Bactericida Básica	4		
7	Prueba de dilución - neutralización	4	
Actividad Bactericida Básica	4		
6	Control del método de dilución-neutralización	5	
Actividad Bactericida Básica	4		

También necesitaremos especificar qué métodos para qué análisis. Entonces debemos buscar:

```
!sqlite3 -header -markdown rodam/aceptacion.db "select id_utiliza, id_analisis,
metodo.nom_metodo, utiliza.id_metodo, metodo.ref_documental from utiliza join
metodo on utiliza.id_metodo = metodo.id_metodo"
```

id_utiliza	id_analisis	nom_metodo	id_metodo	ref_
documental				
1	1	Enriquecimiento	1	IN006
2	1	Siembra e incubación	2	IN007
3	1	Conteo en caja de Petri	3	IN009
4	2	Enriquecimiento	1	IN006
5	2	Siembra e incubación	2	IN007
6	2	Conteo en caja de Petri	3	IN009
7	3	Enriquecimiento	1	IN006
8	3	Siembra e incubación	2	IN007
9	3	Conteo en caja de Petri	3	IN009
10	4	Enriquecimiento	1	IN006
11	4	Siembra e incubación	2	IN007
12	4	Inóculo de material controlado	5	IN011
15	4	Siembra e incubación	2	IN007

(continúe en la próxima página)

(proviene de la página anterior)

16	4	Conteo en caja de Petri	3	IN009	
↩					
17	4	Enriquecimiento + Peptona	8	IN014	
↩					
18	4	Dilución - neutralización 5 min	9	IN015	
↩					
21	4	Dilución - neutralización 30 min	11	IN017	
↩					
22	4	Dilución - neutralización 45 min	12	IN018	
↩					
23	4	Dilución - neutralización	4	IN010	
↩					

Para este producto, hemos decidido que

Para el *recuento del inoculo* queremos: - inoculo \**Stafilococcus*,

- inoculo de *Pseudomona*.
- siembra e incubacion para cada uno
- conteo en caja de petri para cada uno

Para *Control de toxicidad de nautralizante*:

- queremos nuestro enriquecimiento + peptona
- inoculo de *Stafilococcus*
- Inoculo de *pseudomona*
- siembra e incubacion para cada uno
- conteo en caja de petri para cada uno

Para *Control del método de dilución - neutralización* queremos: - nuestro enriquecimiento común

- nuestro inoculos para *Pseudomona* y *Stafilococcus*
- siembra e incubacion para cada uno
- recuento en caja de petri para cada uno

Para la *prueba de dilución* queremos correr todos los metodos de dilución :

- IN015- IN018 para cada cepa
- nuestro enriquecimiento TSB
- siembra incubacion para cada uno
- Conteo en caja de Petri para cada uno

```
# Creamos las especificaciones
## Recuento
# stafilococcus e
recuento_inocl = Dominio.Especificacion(
id_debe_tener = 1,
id_utiliza = 12,
id_material_controlado = 4 ,
valor = "170<t<230 "
```

(continué en la próxima página)



(proviene de la página anterior)

```

)

# Pseudomona en recuento
recuento_inoc2 = Dominio.Especificacion(
id_debe_tener = 1,
id_utiliza = 12,
id_material_controlado = 3,
valor = "170<t<230 "
)

# Siembra
recuento_inoc3 = Dominio.Especificacion(
id_debe_tener = 1,
id_utiliza = 15,
id_material_controlado = 4,
valor = "<200 ufc"
)

recuento_inoc4 = Dominio.Especificacion(
id_debe_tener = 1,
id_utiliza = 15,
id_material_controlado = 3,
valor = "<200 ufc"
)

# petri

recuento_inoc5 = Dominio.Especificacion(
id_debe_tener = 1,
id_utiliza = 16,
id_material_controlado = 4,
valor = "<200 ufc"
)

recuento_inoc6 = Dominio.Especificacion(
id_debe_tener = 1,
id_utiliza = 16,
id_material_controlado = 3,
valor = "<200 ufc"
)

recuento = [recuento_inoc1, recuento_inoc2, recuento_inoc3, recuento_inoc4, recuento_
→ inoc5, recuento_inoc6]

## Control de toxicidad
# peptona
control_toxicidad1 = Dominio.Especificacion(
id_debe_tener= 2,
id_utiliza = 17,
valor = "<100 ufc",
id_material_controlado = 4,
)

control_toxicidad1_2 = Dominio.Especificacion(
id_debe_tener= 2,

```

(continué en la próxima página)

(proviene de la página anterior)

```
id_utiliza = 17,
valor = "<100 ufc",
id_material_controlado = 3,
)
# staph
control_toxicidad2 = Dominio.Especificacion(
id_debe_tener= 2,
id_utiliza = 14,
id_material_controlado = 4,
valor = "170<t<230"
)

# pseudo
control_toxicidad3 = Dominio.Especificacion(
id_debe_tener= 2,
id_utiliza = 13,
id_material_controlado = 3,
valor = "170<t<230"
)

# siembra
control_toxicidad4 = Dominio.Especificacion(
id_debe_tener= 2,
id_utiliza = 15,
id_material_controlado = 4,
valor = "<100"
)

control_toxicidad4_2 = Dominio.Especificacion(
id_debe_tener= 2,
id_utiliza = 15,
id_material_controlado = 3,
valor = "<100"
)

# petri
control_toxicidad5 = Dominio.Especificacion(
id_debe_tener= 2,
id_utiliza = 16,
valor = "<130 ufc",
id_material_controlado = 4,
)

control_toxicidad5_2 = Dominio.Especificacion(
id_debe_tener= 2,
id_utiliza = 16,
valor = "<130 ufc",
id_material_controlado = 3,
)

control_toxicidad = [control_toxicidad1,
                     control_toxicidad1_2,
                     control_toxicidad2,
                     control_toxicidad3,
                     control_toxicidad4,
                     control_toxicidad4_2,
                     control_toxicidad5,
```

(continué en la próxima página)

(proviene de la página anterior)

```

        control_toxicidad5_2]

## Prueba dilucion

prueba_dilucion1 = Dominio.Especificacion(
id_debe_tener = 4,
id_utiliza = 18,
valor = "tiempo de exposicion"
)
prueba_dilucion2 = Dominio.Especificacion(
id_debe_tener = 4,
id_utiliza = 21,
valor = "tiempo de exposicion"
)
prueba_dilucion3 = Dominio.Especificacion(
id_debe_tener = 4,
id_utiliza = 22,
valor = "tiempo de exposicion"
)

prueba_dilucion = [prueba_dilucion1,
                    prueba_dilucion2,
                    prueba_dilucion3]

## Control de dilucion

# enriq nomral
control_dilucion1 = Dominio.Especificacion(
id_debe_tener = 3,
id_utiliza = 10,
id_material_controlado = 4,
valor = "<150 ufc"
)

control_dilucion1_2 = Dominio.Especificacion(
id_debe_tener = 3,
id_utiliza = 10,
id_material_controlado = 3,
valor = "<150 ufc"
)

#staph
control_dilucion2 = Dominio.Especificacion(
id_debe_tener = 3,
id_utiliza = 13,
id_material_controlado = 4,
valor = "170<t<230")

# pseudo
control_dilucion3 = Dominio.Especificacion(
id_debe_tener = 3,
id_utiliza = 14,

```

(continué en la próxima página)

(proviene de la página anterior)

```
id_material_controlado = 3,
valor = "170<t<230"
)

# siembra
control_dilucion4 = Dominio.Especificacion(
id_debe_tener = 3,
id_utiliza = 15,
id_material_controlado = 4,
valor = "< 120 ufc"
)

control_dilucion4_2 = Dominio.Especificacion(
id_debe_tener = 3,
id_utiliza = 15,
id_material_controlado = 3,
valor = "< 120 ufc"
)

# petri
control_dilucion5 = Dominio.Especificacion(
id_debe_tener = 3,
id_utiliza = 16,
id_material_controlado = 4,
valor = "<230 ufc"
)

control_dilucion5_2 = Dominio.Especificacion(
id_debe_tener = 3,
id_utiliza = 16,
id_material_controlado = 3,
valor = "<230 ufc"
)

control_dilucion = [control_dilucion1,
                    control_dilucion1_2,
                    control_dilucion2,
                    control_dilucion3,
                    control_dilucion4,
                    control_dilucion4_2,
                    control_dilucion5,
                    control_dilucion5_2]
```

```
# agregamos cada grupo de especificaciones
```

```
sesion.add_all(recuento)
sesion.add_all(control_toxicidad)
sesion.add_all(prueba_dilucion)
sesion.add_all(control_dilucion)
```

```
sesion.commit()
```

```
espec_2_1 = Dominio.Especificacion(
id_debe_tener = debe5.id_debe_tener,
```

(continué en la próxima página)

(proviene de la página anterior)

```

id_utiliza = 1,      # Aquí no aplica el material controlado porque
valor = "< 140 ufc"  # mesofilos son muchos. Se puede dejar en blanco
)

espec_2_2 = Dominio.Especificacion(
id_debe_tener = debe5.id_debe_tener,
id_utiliza = 2,
valor = "< 145 ufc"
)

espec_2_3 = Dominio.Especificacion(
id_debe_tener = debe5.id_debe_tener,
id_utiliza = 3,
valor = "< 150 ufc"
)

```

```
sesion.add_all([espec_2_1, espec_2_2, espec_2_3])
```

```
sesion.commit()
```

Esta vista resume los datos relevantes para especificaciones:

```
!sqlite3 -header -markdown rodam/aceptacion.db 'select * from especificaciones_con_
↪nombres'
```

nom_producto	nom_grupo	nom_metodo	material	nom_
↪analisis		valor		↪
↪material_controlado				
Xinefax	Recuento	del inóculo		Actividad
↪Bactericida Básica		Inóculo de material controlado	Solución salina	↪
↪Staphylococcus Aureus ATCC 6538		170<t<230		
Xinefax	Recuento	del inóculo		Actividad
↪Bactericida Básica		Inóculo de material controlado	Solución salina	↪
↪Pseudomona aeruginosa ATCC 9027		170<t<230		
Xinefax	Recuento	del inóculo		Actividad
↪Bactericida Básica		Siembra e incubación	Agar Sabouraud	↪
↪Staphylococcus Aureus ATCC 6538		<200 ufc		
Xinefax	Recuento	del inóculo		Actividad
↪Bactericida Básica		Siembra e incubación	Agar Sabouraud	↪
↪Pseudomona aeruginosa ATCC 9027		<200 ufc		
Xinefax	Recuento	del inóculo		Actividad
↪Bactericida Básica		Conteo en caja de Petri	Agar TSB	↪
↪Staphylococcus Aureus ATCC 6538		<200 ufc		
Xinefax	Recuento	del inóculo		Actividad
↪Bactericida Básica		Conteo en caja de Petri	Agar TSB	↪
↪Pseudomona aeruginosa ATCC 9027		<200 ufc		
Xinefax	Control de toxicidad	del neutralizante		Actividad
↪Bactericida Básica		Enriquecimiento + Peptona	Agar TSB	↪
↪Staphylococcus Aureus ATCC 6538		<100 ufc		
Xinefax	Control de toxicidad	del neutralizante		Actividad
↪Bactericida Básica		Enriquecimiento + Peptona	Agar TSB	↪
↪Pseudomona aeruginosa ATCC 9027		<100 ufc		

(continúe en la próxima página)

(proviene de la página anterior)

Xinefax	Control de toxicidad <del>del</del> neutralizante	Actividad	u
↪Bactericida Básica	Siembra e incubación	Agar Sabouraud	u
↪Staphylococcus Aureus ATCC 6538	<100		
Xinefax	Control de toxicidad <del>del</del> neutralizante	Actividad	u
↪Bactericida Básica	Siembra e incubación	Agar Sabouraud	u
↪Pseudomona aeruginosa ATCC 9027	<100		
Xinefax	Control de toxicidad <del>del</del> neutralizante	Actividad	u
↪Bactericida Básica	Conteo en caja de Petri	Agar TSB	u
↪Staphylococcus Aureus ATCC 6538	<130 ufc		
Xinefax	Control de toxicidad <del>del</del> neutralizante	Actividad	u
↪Bactericida Básica	Conteo en caja de Petri	Agar TSB	u
↪Pseudomona aeruginosa ATCC 9027	<130 ufc		
Xinefax	Prueba de dilución - neutralización	Actividad	u
↪Bactericida Básica	Dilución - neutralización 5 min	Caldo caseína	N. A u
↪	tiempo de exposicion		
Xinefax	Prueba de dilución - neutralización	Actividad	u
↪Bactericida Básica	Dilución - neutralización 30 min	Caldo caseína	N. A u
↪	tiempo de exposicion		
Xinefax	Prueba de dilución - neutralización	Actividad	u
↪Bactericida Básica	Dilución - neutralización 45 min	Caldo caseína	N. A u
↪	tiempo de exposicion		
Xinefax	Control <del>del</del> método de dilución-neutralización	Actividad	u
↪Bactericida Básica	Enriquecimiento	Agar TSA	u
↪Staphylococcus Aureus ATCC 6538	<150 ufc		
Xinefax	Control <del>del</del> método de dilución-neutralización	Actividad	u
↪Bactericida Básica	Enriquecimiento	Agar TSA	u
↪Pseudomona aeruginosa ATCC 9027	<150 ufc		
Xinefax	Control <del>del</del> método de dilución-neutralización	Actividad	u
↪Bactericida Básica	Siembra e incubación	Agar Sabouraud	u
↪Staphylococcus Aureus ATCC 6538	< 120 ufc		
Xinefax	Control <del>del</del> método de dilución-neutralización	Actividad	u
↪Bactericida Básica	Siembra e incubación	Agar Sabouraud	u
↪Pseudomona aeruginosa ATCC 9027	< 120 ufc		
Xinefax	Control <del>del</del> método de dilución-neutralización	Actividad	u
↪Bactericida Básica	Conteo en caja de Petri	Agar TSB	u
↪Staphylococcus Aureus ATCC 6538	<230 ufc		
Xinefax	Control <del>del</del> método de dilución-neutralización	Actividad	u
↪Bactericida Básica	Conteo en caja de Petri	Agar TSB	u
↪Pseudomona aeruginosa ATCC 9027	<230 ufc		
Seximax	Grupo único	Recuento de	u
↪Mesofilos Aeorobios	Enriquecimiento	Agar TSA	N. A u
↪	< 140 ufc		
Seximax	Grupo único	Recuento de	u
↪Mesofilos Aeorobios	Siembra e incubación	Agar Sabouraud	N. A u
↪	< 145 ufc		
Seximax	Grupo único	Recuento de	u
↪Mesofilos Aeorobios	Conteo en caja de Petri	Agar TSB	N. A u
↪	< 150 ufc		

### 3.10 Ingreso de una muestra

Una vez ingresado el xinefax, con sus respectivas especificaciones, se puede ahora ingresar una *muestra* de ese producto. Un producto podra tener muchas muestras, pero como las especificaciones están asociadas al producto, no se tendrá que repetir el proceso de especificación.

```
# Creo que en el proceso de laboratorio alguien es responsable del ingreso de la
↪muestra
# Voy a inventar a alguien por el momento que quede asociado al ingreso de muestra.

ernesto_segura = Dominio.MiembroRodam(
id_miembro = 3,
nom_miembro = "Ernesto Segura",
id_cargo = jefe_calidad.id_cargo)

muestra = Dominio.Muestra(
id_muestra = 1,
id_producto = xinefax.id_producto,
id_origen = muestreo_planta.id_origen,
presentacion = 'tabletas',
lote_muestra = "12345",
tamano_muestra= 500,
unidades_tamano = "mg",
registra = ernesto_segura.id_miembro

)
```

```
sesion.add(ernesto_segura)
sesion.add(muestra)
sesion.commit()
```

```
!sqlite3 -header -column rodam/aceptacion.db 'select id_muestra as id, id_producto as
↪prod, id_origen as orig, presentacion as pres, lote_muestra as lote, tamano_muestra
↪as tamaño, ingreso_muestra as ingreso, registra from muestra;'
```

id	prod	orig	pres	lote	tamaño	ingreso	registra
1	1	2	tabletas	12345	500	2021-02-02 16:42:05.599979	3

### 3.11 Ingreso de lectura

Viendo las especificaciones del xinefax, el microbiólogo ha corrido cuidadosamente cada uno de los métodos de laboratorio asociados a ese producto. Es hora, entonces, de crear una lectura. Para ingresar una lectura, necesitamos ser un MiembroRodam. Primero creemoslo.

```
yuli_largo = Dominio.MiembroRodam(
id_miembro = 1,
nom_miembro = "Yuli Largo",
id_cargo = microbiologo.id_cargo
)

daniel_arias = Dominio.MiembroRodam(
```

(continué en la próxima página)

(proviene de la página anterior)

```
id_miembro= 2,  
nom_miembro = "Daniel Arias",  
id_cargo = jefe_laboratorio.id_cargo )
```

```
sesion.add_all([yuli_largo, daniel_arias])  
sesion.commit()
```

```
!sqlite3 -header -column rodam/aceptacion.db 'select * from miembro_rodam;'
```

id_miembro	nom_miembro	id_cargo	ingreso	salida
1	Yuli Largo	3		
2	Daniel Arias	1		
3	Ernesto Segura	2		

```
# cuántas especificaciones hay?
```

```
!sqlite3 rodam/aceptacion.db 'select count(*) from especificacion'
```

```
28
```

Vemos que la remisión del producto es bastante extensa. Para este ejemplo, solo recolectaremos la lectura de *algunas* de las especificaciones.

```
lectura1 = Dominio.Lectura(  
id_muestra = muestra.id_muestra,  
id_especificacion = 1,  
valor_lectura = "112 ufc",  
lote_medio = "M314-20",  
registra = yuli_largo.id_miembro,  
verifica = daniel_arias.id_miembro,  
concepto = False  
)  
  
lectura2 = Dominio.Lectura(  
id_muestra = muestra.id_muestra,  
id_especificacion = 2,  
valor_lectura = "211 ufc",  
registra = yuli_largo.id_miembro,  
verifica = daniel_arias.id_miembro,  
lote_medio = "M315-20",  
concepto = False  
)  
  
lectura3 = Dominio.Lectura(  
id_muestra = muestra.id_muestra,  
id_especificacion = 3,  
valor_lectura = "211 ufc",  
registra = yuli_largo.id_miembro,  
verifica = daniel_arias.id_miembro,  
lote_medio = "M316-20",  
concepto = False  
)  
  
lectura4 = Dominio.Lectura(  

```

(continué en la próxima página)



(proviene de la página anterior)

```

id_muestra = muestra.id_muestra,
id_especificacion = 4,
valor_lectura = "211 ufc",
registra = yuli_largo.id_miembro,
verifica = daniel_arias.id_miembro,
lote_medio = "M316-20",
concepto = False
)
lectura5 = Dominio.Lectura(
id_muestra = muestra.id_muestra,
id_especificacion = 5,
valor_lectura = "211 ufc",
registra = yuli_largo.id_miembro,
verifica = daniel_arias.id_miembro,
lote_medio = "M316-20",
concepto = False)

lectura6 = Dominio.Lectura(
id_muestra = muestra.id_muestra,
id_especificacion = 6,
valor_lectura = "211 ufc",
registra = yuli_largo.id_miembro,
verifica = daniel_arias.id_miembro,
lote_medio = "M316-20",
concepto = False)

lectura7 = Dominio.Lectura(
id_muestra = muestra.id_muestra,
id_especificacion = 7 ,
valor_lectura = "211 ufc",
registra = yuli_largo.id_miembro,
verifica = daniel_arias.id_miembro,
lote_medio = "M316-20",
concepto = False)

# Para control de los medios
lectura18 = Dominio.Lectura(
id_muestra = muestra.id_muestra,
id_especificacion = 18,
valor_lectura = "211 ufc",
lote_medio = "M341-22",
registra = yuli_largo.id_miembro,
verifica = daniel_arias.id_miembro,
concepto = True
)

lecturas = [lectura1, lectura2, lectura3, lectura4, lectura5, lectura6, lectura7, ↵
↵lectura18]

```

```
sesion.add_all(lecturas)
```

```
sesion.commit()
```

```
!sqlite3 -header -column rodam/aceptacion.db 'select * from lectura;'
```

id_lectura	id_especificacion	id_muestra	valor_lectura	fecha_lectura	
↳ lote_medio	registra	verifica	concepto	observaciones	
↳					
1	1	1	112 ufc	2021-02-02 16:42:06.181797	
↳ M314-20	1	2	0		
2	2	1	211 ufc	2021-02-02 16:42:06.183285	
↳ M315-20	1	2	0		
3	3	1	211 ufc	2021-02-02 16:42:06.183608	
↳ M316-20	1	2	0		
4	4	1	211 ufc	2021-02-02 16:42:06.183816	
↳ M316-20	1	2	0		
5	5	1	211 ufc	2021-02-02 16:42:06.184012	
↳ M316-20	1	2	0		
6	6	1	211 ufc	2021-02-02 16:42:06.184231	
↳ M316-20	1	2	0		
7	7	1	211 ufc	2021-02-02 16:42:06.184489	
↳ M316-20	1	2	0		
8	18	1	211 ufc	2021-02-02 16:42:06.184865	
↳ M341-22	1	2	1		

Unamos las lecturas con las especificaciones para obtener un resumen del analisis

```
!sqlite3 -header -markdown rodam/aceptacion.db "select * from especificacion,
↳ lectura where lectura.id_especificacion = especificacion.id_especificacion"
```

id_especificacion	id_debe_tener	id_utiliza	id_material_controlado	valor	
↳ id_lectura	id_especificacion	id_muestra	valor_lectura	fecha_	
↳ lectura	lote_medio	registra	verifica	concepto	observaciones
↳					
1	1	12	4	170<t<230	
↳ 1	1	1	112 ufc	2021-02-02	
↳ 16:42:06.181797	M314-20	1	2	0	
2	1	12	3	170<t<230	
↳ 2	2	1	211 ufc	2021-02-02	
↳ 16:42:06.183285	M315-20	1	2	0	
3	1	15	4	<200 ufc	
↳ 3	3	1	211 ufc	2021-02-02	
↳ 16:42:06.183608	M316-20	1	2	0	
4	1	15	3	<200 ufc	
↳ 4	4	1	211 ufc	2021-02-02	
↳ 16:42:06.183816	M316-20	1	2	0	
5	1	16	4	<200 ufc	
↳ 5	5	1	211 ufc	2021-02-02	
↳ 16:42:06.184012	M316-20	1	2	0	
6	1	16	3	<200 ufc	
↳ 6	6	1	211 ufc	2021-02-02	
↳ 16:42:06.184231	M316-20	1	2	0	
7	2	17	4	<100 ufc	
↳ 7	7	1	211 ufc	2021-02-02	
↳ 16:42:06.184489	M316-20	1	2	0	
18	3	10	4	<150 ufc	
↳ 8	18	1	211 ufc	2021-02-02	
↳ 16:42:06.184865	M341-22	1	2	1	

Podemos revisar los datos más relevantes de la lectura con la vista:

```
!sqlite3 -header -markdown rodam/aceptacion.db "select * from lectura_con_nombres;"
```

nom_producto	id_muestra	nom_grupo	nom_analisis	nom_metodo	nom_material
especificacion	resultado	material	lote_medio	registra	
verifica	concepto				
----- ----- ----- ----- ----- -----					
----- ----- ----- ----- ----- -----					
----- ----- ----- ----- ----- -----					
----- ----- ----- ----- ----- -----					
Xinefax	1	Recuento del inóculo			
Actividad Bactericida Básica	Inóculo de material controlado	Staphylococcus			
Aureus ATCC 6538	170<t<230	112 ufc	Solución salina	M314-20	1
2	0				
Xinefax	1	Recuento del inóculo			
Actividad Bactericida Básica	Inóculo de material controlado	Pseudomona			
aeruginosa ATCC 9027	170<t<230	211 ufc	Solución salina	M315-20	
1	2	0			
Xinefax	1	Recuento del inóculo			
Actividad Bactericida Básica	Siembra e incubación	Staphylococcus			
Aureus ATCC 6538	<200 ufc	211 ufc	Agar Sabouraud	M316-20	1
2	0				
Xinefax	1	Recuento del inóculo			
Actividad Bactericida Básica	Siembra e incubación	Pseudomona			
aeruginosa ATCC 9027	<200 ufc	211 ufc	Agar Sabouraud	M316-20	
1	2	0			
Xinefax	1	Recuento del inóculo			
Actividad Bactericida Básica	Conteo en caja de Petri	Staphylococcus			
Aureus ATCC 6538	<200 ufc	211 ufc	Agar TSB	M316-20	1
2	0				
Xinefax	1	Recuento del inóculo			
Actividad Bactericida Básica	Conteo en caja de Petri	Pseudomona			
aeruginosa ATCC 9027	<200 ufc	211 ufc	Agar TSB	M316-20	
1	2	0			
Xinefax	1	Control de toxicidad del neutralizante			
Actividad Bactericida Básica	Enriquecimiento + Peptona	Staphylococcus			
Aureus ATCC 6538	<100 ufc	211 ufc	Agar TSB	M316-20	1
2	0				
Xinefax	1	Control del método de dilución-neutralización			
Actividad Bactericida Básica	Enriquecimiento	Staphylococcus			
Aureus ATCC 6538	<150 ufc	211 ufc	Agar TSA	M341-22	1
2	1				

### 3.11.1 Control de calidad de los medios

El control de calidad se debe asociar a una muestra. En esa muestra, tendríamos que ver qué medios son susceptibles al control de calidad, y realizar varios controles por cada medio. En este caso, observamos que el Agar TSA del necesita un control de calidad del medio. Haremos el ejemplo con el lote M341-22, teniendo en mente que cada uno de los lotes implicados en una muestra tendrían que pasar por control del medio:

```
# lectura 15 (Enriquecimiento normal - medio TSA)

control_medio1 = Dominio.Control_Material(
lote_material = "M341-22",
id_material_controlado = bacilus.id_material,
```

(continué en la próxima página)

(proviene de la página anterior)

```
lote_material_controlado = "486-862-5-a10-4",
especificacion = "Entre 50 y 150 ufc",
resultado = "98 ufc",
concepto = True
)

control_medio2 = Dominio.Control_Material(
lote_material = "M341-22",
id_material_controlado = pseudomona.id_material,
lote_material_controlado = "484-862-5-a10-4",
especificacion = "Entre 50 y 150 ufc",
resultado = "98 ufc",
concepto = True
)

control_medio3 = Dominio.Control_Material(
lote_material = "M341-22",
id_material_controlado = staph_aureus.id_material,
lote_material_controlado = "483-862-5-a10-4",
especificacion = "Entre 50 y 150 ufc",
resultado = "98 ufc",
concepto = True
)

control_medio4 = Dominio.Control_Material(
lote_material = "M341-22",
especificacion = "Entre 50 y 150 ufc",
lote_material_controlado = "286-862-5-a10-4",
resultado = "98 ufc",
concepto = True
)

control_medio5 = Dominio.Control_Material(
lote_material = "M341-22",
id_material_controlado = aspergillus.id_material,
especificacion = "Entre 50 y 150 ufc",
lote_material_controlado = "386-862-5-a10-4",
resultado = "98 ufc",
concepto = True
)

control_del_medio = [control_medio1, control_medio2, control_medio3, control_medio4,
↪control_medio5]
```

```
sesion.add_all(control_del_medio)
sesion.commit()
```

```
!sqlite3 -header -markdown rodam/aceptacion.db 'select lote_medio, nom_microorganismo,
↪ ATC, lote_cepa, especificacion, resultado, fecha_resultado from control_medio,
↪microorganismo where microorganismo.id_microorganismo = control_medio.id_
↪microorganismo '
```

lote_medio	nom_microorganismo	ATC	lote_cepa	
↪especificacion	↪resultado	↪fecha_resultado		

(continué en la próxima página)

(proviene de la página anterior)

----- ----- ----- ----- -----
↪----- ----- ----- -----
M341-22   Bacillus subtilis spizizenii   6633   486-862-5-a10-4   Entre 50 y 150 ufc   98 ufc   2021-01-29 12:48:14.117903
↪150 ufc   98 ufc   2021-01-29 12:48:14.120013
M341-22   Pseudomona aeruginosa   9027   484-862-5-a10-4   Entre 50 y 150 ufc   98 ufc   2021-01-29 12:48:14.120613
↪150 ufc   98 ufc   2021-01-29 12:48:14.121559
M341-22   Staphylococcus Aureus   6538   483-862-5-a10-4   Entre 50 y 150 ufc   98 ufc   2021-01-29 12:48:14.121559
↪150 ufc   98 ufc   2021-01-29 12:48:14.121559
M341-22   Aspergillus bresilensis   16404   386-862-5-a10-4   Entre 50 y 150 ufc   98 ufc   2021-01-29 12:48:14.121559
↪150 ufc   98 ufc   2021-01-29 12:48:14.121559

l ote _me dio	nom_ microorga- nismo	A T C	lot e_cep a	especi fica- cion	res ult ado	fe cha_resultado
M 341 -22	Bacillus subtilis spizizenii	6 6 3 3	486 -862-5 - a10-4	Entre 50 y 150 ufc	98 ufc	2021-01-29 12:48:14.117903
M 341 -22	Pseudomona aeruginosa	9 0 2 7	484 -862-5 - a10-4	Entre 50 y 150 ufc	98 ufc	2021-01-29 12:48:14.120013
M 341 -22	Staphylococcus Aureus	6 5 3 8	483 -862-5 - a10-4	Entre 50 y 150 ufc	98 ufc	2021-01-29 12:48:14.120613
M 341 -22	Aspergillus bresilensis	1 6 4 0 4	386 -862-5 - a10-4	Entre 50 y 150 ufc	98 ufc	2021-01-29 12:48:14.121559

### 3.11.2 Emisión de certificados

En esta sección veremos cómo podemos construir un certificado de análisis a partir de las tablas que tenemos. Con consultas más elaboradas, podemos reconstruir los aspectos principales del certificado de análisis actual:

## 3.12 Informacion del cliente

Con una consulta como:

```
select nom_empresa as empresa, nit_empresa as nit, direccion, pagina, correo from empresa, ciudad where empresa.id_ciudad = ciudad.id_ciudad and empresa.id_empresa = 1;
```

Podemos generar:

```
!sqlite3 -header -line rodam/aceptacion.db 'select nom_empresa as empresa, nit_empresa as nit, direccion, pagina, correo from empresa, ciudad where empresa.id_ciudad = ciudad.id_ciudad and empresa.id_empresa = 1;'
```

```
empresa = Compañía Nacional de Cosméticos CONALCOS
nit = 90024
direccion = calle 34 Bis 39-33
pagina = conalcos.com.co
correo = contacto@conalco.com.co
```

### 3.13 Información de la muestra

Con una consulta como :

```
select nom_producto, presentacion,tamano_muestra as tamano, unidades_tamano as
↪unidades, ingreso_muestra, nom_miembro as registra from producto, muestra, miembro_
↪rodam m where producto.id_producto = muestra.id_muestra and muestra.registra = m.id_
↪miembro
```

produce:

```
!sqlite3 -header -line rodam/aceptacion.db 'select nom_producto, presentacion,tamano_
↪muestra as tamano, unidades_tamano as unidades, ingreso_muestra, nom_miembro as
↪registra from producto, muestra, miembro_rodam m where producto.id_producto =
↪muestra.id_muestra and muestra.registra = m.id_miembro'
```

```
nom_producto = Xinefax
presentacion = tabletas
tamano = 500
unidades = mg
ingreso_muestra = 2021-02-02 16:42:05.599979
registra = Ernesto Segura
```

### 3.14 Resumen analisis

```
!sqlite3 -header -markdown rodam/aceptacion.db "select * from lectura_con_nombres"
```

nom_producto	id_muestra	nom_grupo	nom_metodo	nom_material
especificacion	resultado	material	lote_medio	registra
verifica	concepto			
Xinefax	1	Recuento del inóculo		
Actividad Bactericida Básica	Inóculo de material controlado	Staphylococcus		
Aureus ATCC 6538	170<t<230	112 ufc	Solución salina	M314-20
2	0			
Xinefax	1	Recuento del inóculo		
Actividad Bactericida Básica	Inóculo de material controlado	Pseudomona		
aeruginosa ATCC 9027	170<t<230	211 ufc	Solución salina	M315-20
1	2	0		
Xinefax	1	Recuento del inóculo		
Actividad Bactericida Básica	Siembra e incubación	Staphylococcus		
Aureus ATCC 6538	<200 ufc	211 ufc	Agar Sabouraud	M316-20
2	0			
Xinefax	1	Recuento del inóculo		
Actividad Bactericida Básica	Siembra e incubación	Pseudomona		
aeruginosa ATCC 9027	<200 ufc	211 ufc	Agar Sabouraud	M316-20
1	2	0		
Xinefax	1	Recuento del inóculo		
Actividad Bactericida Básica	Conteo en caja de Petri	Staphylococcus		
Aureus ATCC 6538	<200 ufc	211 ufc	Agar TSB	M316-20
2	0			

(continué en la próxima página)

(proviene de la página anterior)

Xinefax	1	Recuento <b>del</b> inóculo		
↪Actividad Bactericida Básica		Conteo en caja de Petri		Pseudomona
↪aeruginosa ATCC 9027		<200 ufc		211 ufc
↪1		2		0
Xinefax	1	Control de toxicidad <b>del</b> neutralizante		
↪Actividad Bactericida Básica		Enriquecimiento + Peptona		Staphylococcus
↪Aureus ATCC 6538		<100 ufc		211 ufc
↪		2		0
Xinefax	1	Control <b>del</b> método de dilución-neutralización		
↪Actividad Bactericida Básica		Enriquecimiento		Staphylococcus
↪Aureus ATCC 6538		<150 ufc		211 ufc
↪		2		1

### 3.15 Equipos utilizados

nom_equipo	ref_documental
Cabina de flujo laminar	E001
Balanza	E020
Balanza	E020
Micropipeta	E019
Incubadora	E010
Balanza	E020
Caja de Petri	E011





---

### Indices and tables

---

- `genindex`
- `modindex`
- `search`