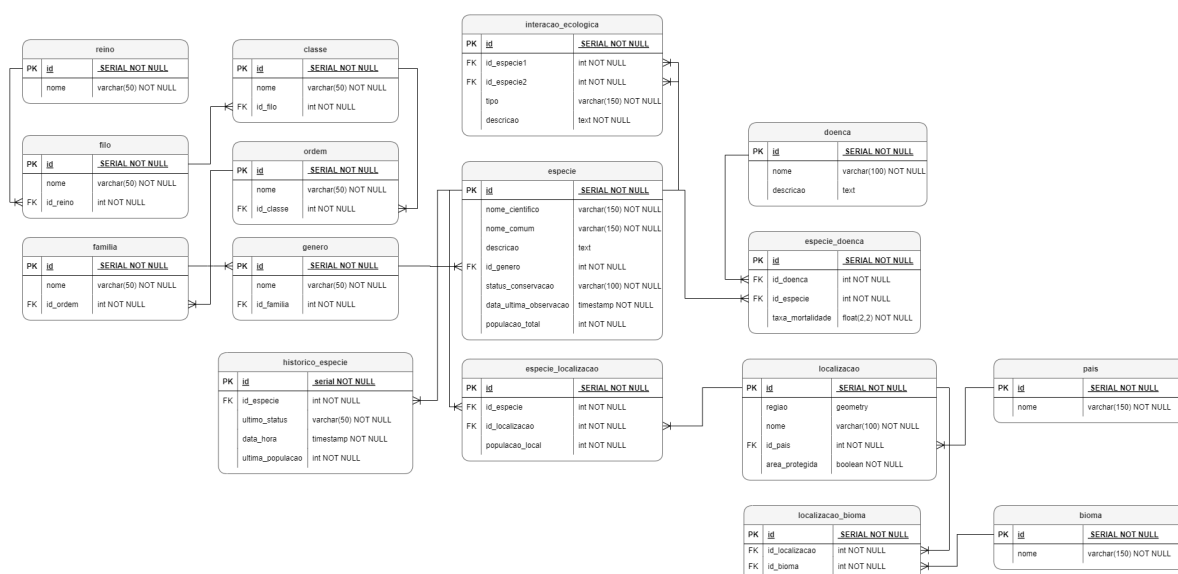


## Diagrama E/R



Link para melhor visualização: [Diagrama completo draw.io](https://draw.io)

## Documentação

Para a catalogação dos seres vivos, utilizamos como base o padrão ReFiCOFaGE. Para cada etapa do padrão, foi criada uma tabela no banco de dados, cada etapa referencia o ID da etapa acima na hierarquia. Para o caso de alguma espécie que não tenha todas as etapas do ReFiCOFaGE, a recomendação é que seja criado um registro genérico, que referencia a classificação-pai respectiva para aquela espécie.

Para manter o controle de população das espécies, foi criada a tabela *historico\_especie*, onde, através de um trigger, sempre que é feita uma alteração no registro de alguma espécie, são armazenados o último status e a última população. Também são utilizados triggers para atribuir valor aos campos *status\_conservacao*, *populacao\_total* e *data\_ultima\_observacao*.

A população total é calculada com base nas populações atribuídas para cada localização, na tabela *especie\_localizacao*. O status de conservação foi atribuído com base em valores imaginários para fins de simplificação, dado o contexto do trabalho, pois na prática para uma espécie ser classificada com determinado status de conservação, é necessária uma análise complexa que não caberia ao projeto. Os valores são os seguintes:

- Mais de 5000: Pouco Preocupante
- Entre 5000 e 1000: Quase Ameaçada

- Entre 1000 e 250: Vulnerável
- Entre 250 e 50: Em Perigo
- Entre 50 e 1: Criticamente em Perigo
- 0: Extinta

A tabela *interacao\_ecologica*, é uma entidade associativa do relacionamento N para N da tabela *especie* consigo mesma. Para registrar uma interação ecológica, associamos duas espécies, inserimos o tipo de relacionamento e uma breve descrição. Para maior eficiência, é recomendado que seja utilizado algum padrão ao inserir essas relações (exemplo: para a interação de predação, o campo *id\_especie1* é sempre do predador e o campo *id\_especie2* sempre da presa).

## Descrição das Tabelas

### Tabela reino

Armazena informações sobre os reinos biológicos existentes.

- **id:** Identificador único do reino. (Tipo: SERIAL, PK)
- **nome:** Nome do reino. (Tipo: VARCHAR(50), NOT NULL)

### Tabela filo

Armazena informações sobre os filios, que são subdivisões dos reinos.

- **id:** Identificador único do filo. (Tipo: SERIAL, PK)
- **nome:** Nome do filo. (Tipo: VARCHAR(50), NOT NULL)
- **id\_reino:** Identificador do reino ao qual o filo pertence. (Tipo: INTEGER, NOT NULL, FK)

### Tabela classe

Armazena informações sobre as classes, que são subdivisões dos filios.

- **id:** Identificador único da classe. (Tipo: SERIAL, PK)
- **nome:** Nome da classe. (Tipo: VARCHAR(50), NOT NULL)

- **id\_filo:** Identificador do filo ao qual a classe pertence. (Tipo: INTEGER, NOT NULL, FK)

### **Tabela ordem**

Armazena informações sobre as ordens, que são subdivisões das classes.

- **id:** Identificador único da ordem. (Tipo: SERIAL, PK)
- **nome:** Nome da ordem. (Tipo: VARCHAR(50), NOT NULL)
- **id\_classe:** Identificador da classe à qual a ordem pertence. (Tipo: INTEGER, NOT NULL, FK)

### **Tabela familia**

Armazena informações sobre as famílias, que são subdivisões das ordens.

- **id:** Identificador único da família. (Tipo: SERIAL, PK)
- **nome:** Nome da família. (Tipo: VARCHAR(50), NOT NULL)
- **id\_ordem:** Identificador da ordem à qual a família pertence. (Tipo: INTEGER, NOT NULL, FK)

### **Tabela genero**

Armazena informações sobre os gêneros, que são subdivisões das famílias.

- **id:** Identificador único do gênero. (Tipo: SERIAL, PK)
- **nome:** Nome do gênero. (Tipo: VARCHAR(50), NOT NULL)
- **id\_familia:** Identificador da família à qual o gênero pertence. (Tipo: INTEGER, NOT NULL, FK)

### **Tabela especie**

Armazena informações sobre as espécies, que são subdivisões dos gêneros.

- **id:** Identificador único da espécie. (Tipo: SERIAL, PK)
- **nome\_cientifico:** Nome científico da espécie. (Tipo: VARCHAR(150), NOT NULL)

- **nome\_comum**: Nome comum da espécie. (Tipo: VARCHAR(150), NOT NULL)
- **descricao**: Descrição da espécie. (Tipo: TEXT)
- **id\_genero**: Identificador do gênero ao qual a espécie pertence. (Tipo: INTEGER, NOT NULL, FK)
- **status\_conservacao**: Status de conservação da espécie. (Tipo: VARCHAR(50))
- **data\_ultima\_observacao**: Data e hora da última observação da espécie. (Tipo: TIMESTAMP, NOT NULL)
- **populacao\_total**: População total da espécie. (Tipo: BIGINT, NOT NULL, CHECK (populacao\_total >= 0))

### Tabela pais

Armazena informações sobre os países.

- **id**: Identificador único do país. (Tipo: SERIAL, PK)
- **nome**: Nome do país. (Tipo: VARCHAR(150), NOT NULL, UNIQUE)

### Tabela bioma

Armazena informações sobre os biomas.

- **id**: Identificador único do bioma. (Tipo: SERIAL, PK)
- **nome**: Nome do bioma. (Tipo: VARCHAR(150), NOT NULL, UNIQUE)

### Tabela localizacao

Armazena informações sobre as localizações.

- **id**: Identificador único da localização. (Tipo: SERIAL, PK)
- **regiao**: Coordenadas geográficas da localização. (Tipo: GEOGRAPHY, NOT NULL)
- **nome**: Nome da localização. (Tipo: VARCHAR(150), NOT NULL)
- **id\_pais**: Identificador do país ao qual a localização pertence. (Tipo: INTEGER, NOT NULL, FK)
- **area\_protegida**: Indica se a área é protegida. (Tipo: BOOLEAN, NOT NULL)

### Tabela localizacao\_bioma

Armazena a relação entre localizações e biomas.

- **id**: Identificador único da relação. (Tipo: SERIAL, PK)
- **id\_localizacao**: Identificador da localização. (Tipo: INTEGER, NOT NULL, FK)
- **id\_bioma**: Identificador do bioma. (Tipo: INTEGER, NOT NULL, FK)
- **UNIQUE (id\_localizacao, id\_bioma)**: Restrição de unicidade para evitar duplicação de registros.

### Tabela especie\_localizacao

Armazena a relação entre espécies e localizações.

- **id**: Identificador único da relação. (Tipo: SERIAL, PK)
- **id\_especie**: Identificador da espécie. (Tipo: INTEGER, NOT NULL, FK)
- **id\_localizacao**: Identificador da localização. (Tipo: INTEGER, NOT NULL, FK)
- **populacao\_local**: População local da espécie na localização específica. (Tipo: INTEGER, NOT NULL, CHECK (populacao\_local >= 0))
- **UNIQUE (id\_especie, id\_localizacao)**: Restrição de unicidade para evitar duplicação de registros.

### Tabela doenca

Armazena informações sobre doenças que podem afetar as espécies.

- **id**: Identificador único da doença. (Tipo: SERIAL, PK)
- **nome**: Nome da doença. (Tipo: VARCHAR(100), NOT NULL, UNIQUE)
- **descricao**: Descrição da doença. (Tipo: TEXT)

### Tabela especie\_doenca

Armazena a relação entre espécies e doenças.

- **id**: Identificador único da relação. (Tipo: SERIAL, PK)
- **id\_especie**: Identificador da espécie. (Tipo: INTEGER, NOT NULL, FK)
- **id\_doenca**: Identificador da doença. (Tipo: INTEGER, NOT NULL, FK)

- **taxa\_mortalidade:** Taxa de mortalidade da espécie devido à doença (valor entre 0 e 1). (Tipo: FLOAT, NOT NULL, CHECK (taxa\_mortalidade >= 0 AND taxa\_mortalidade <= 1))
- **UNIQUE (id\_especie, id\_doenca):** Restrição de unicidade para evitar duplicação de registros.

### **Tabela interacao\_ecologica**

Armazena informações sobre interações ecológicas entre espécies.

- **id:** Identificador único da interação ecológica. (Tipo: SERIAL, PK)
- **id\_especie1:** Identificador da primeira espécie envolvida na interação. (Tipo: INTEGER, NOT NULL, FK)
- **id\_especie2:** Identificador da segunda espécie envolvida na interação. (Tipo: INTEGER, NOT NULL, FK)
- **tipo:** Tipo de interação ecológica. (Tipo: VARCHAR(100))
- **descricao:** Descrição da interação ecológica. (Tipo: TEXT)
- **CHECK (id\_especie1 <> id\_especie2):** Restrição para garantir que a interação não ocorra entre a mesma espécie.
- **UNIQUE (id\_especie1, id\_especie2, tipo):** Restrição de unicidade para evitar duplicação de registros.

### **Tabela historico\_especie**

Armazena o histórico das populações e o status de conservação das espécies com o passar do tempo.

- **id:** Identificador único do histórico. (Tipo: SERIAL, PK)
- **id\_especie:** Identificador da espécie. (Tipo: INTEGER, NOT NULL, FK)
- **ultimo\_status:** Último status de conservação da espécie. (Tipo: VARCHAR(50), NOT NULL)
- **ultima\_populacao:** Última população registrada da espécie. (Tipo: BIGINT, NOT NULL, CHECK (ultima\_populacao >= 0))
- **data\_hora:** Data e hora da criação do histórico. (Tipo: TIMESTAMP, NOT NULL)