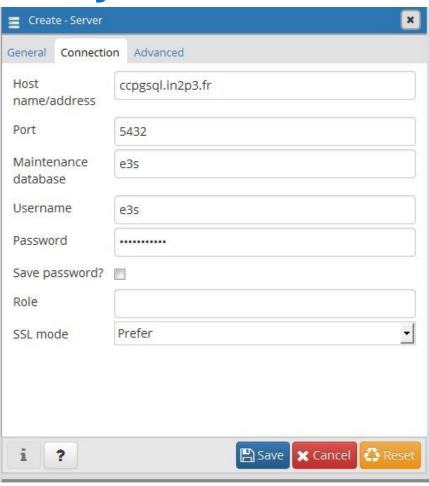
Base De Données E3S

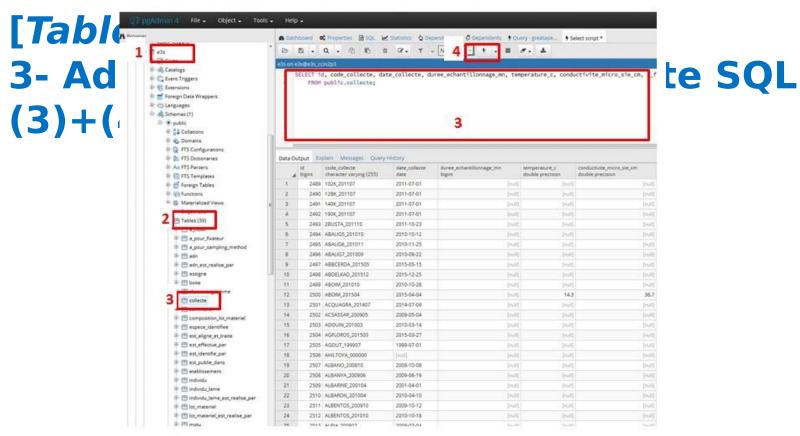
- Serveur postgres mutualisé du CC-in2p3 sauvegarde régulière + maintenance 7/7j + maj PostgreSQL
- 2 comptes utilisateurs
 - a) **e3s**: compte administrateur: Tous droits
 - b) e3s_readonly: droit de lecture + export
- Sécurité du Système d'Information Contrôle d'accès :
 - a) à la bdd PostgreSQL par : login/pswd + n°IP
 - b) via l'interface web par : login/pswd (+ n°IP?)
- Accès et interrogation de la bdd
 - a) via un **terminal psql** (psql.exe : Windows)
 - b) via un **logiciel client PgAdmin4** (v2.0)
 - https://www.pgadmin.org/download

pgAdmin4 - Connexion bdd menu [Object][Create][Server]

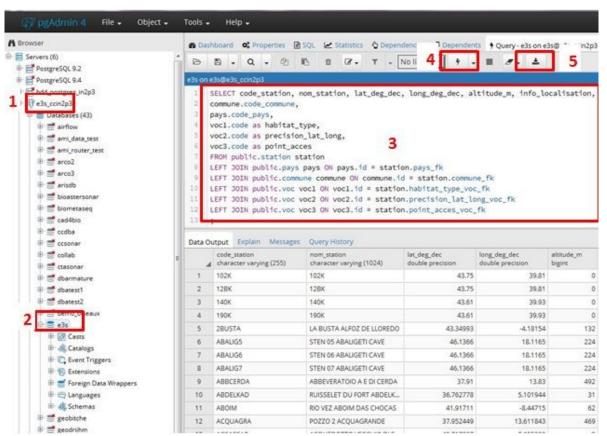


pgAdmin4 - Interface de gestion gestion 1- Selectionner la bdd & 1 Table

- 1- Selectionner la bdd & 1 Table (1)+(2)
- 2- Selectionner un Menu: ClickDroit

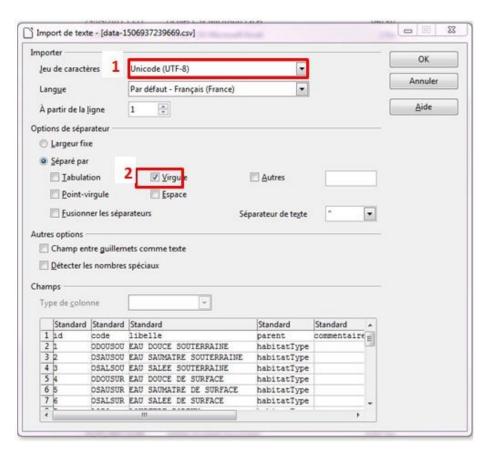


pgAdmin4 - Interrogation bdd (SQL) electionner la base e3s (1)+(2) lickDroit e3s Menu [Query Tool ...] (2) opier/coller le script (3) + Executer(4) + Expo



pgAdmin4 - Export au format CSV

- Utiliser Libre Office (open office)
- jeu de caractère = Unicode (UTF-8)
- Option de séparateur 'Virgule' (1 unique séparateu



1- Exemples Requêtes SQL /ReqGaranceAout2017

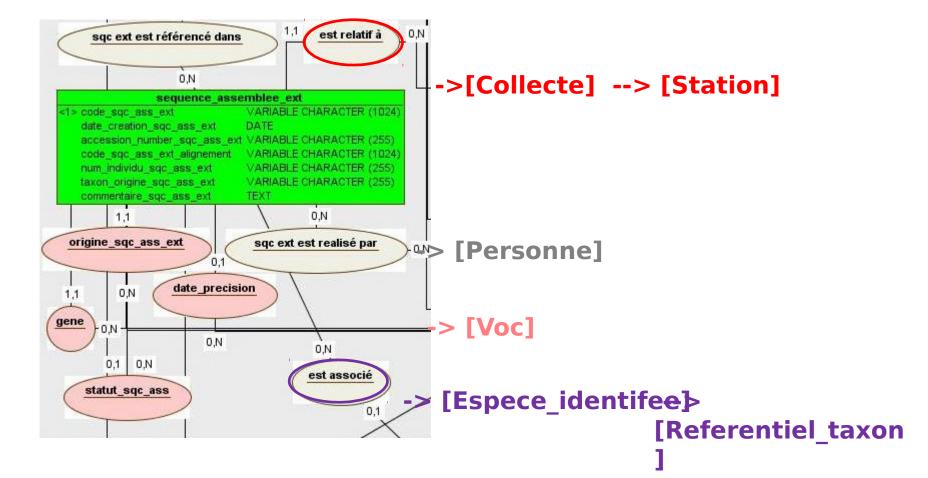
- Req1 « Sélectionner les individus de type Femelle-Ovigère qui ont donné lieu à des extraction ADN par la méthode de type CHELEX »
- Req2(b) « Sélectionner le primer start et le primer end qui ont donné des PCRs pour des individus associés morphologiquement à l'espèce 'Proasellus walteri ' »
- Req3 « Sélectionner les chromatogrammes de bonne qualité (qualite_chromato=OK), pour des individus de type mâle et pour le gène ciblé AM4 »

2 - Exemples Requêtes SQL /ReqFlorianSept2017

- Req1 « Sélectionner toutes les stations qui ont donné lieu à des identifications de 'Asellus aquaticus' » :
 - 1a) au niveau du lot_matériel ou de l'individu ou de la séquence assembléee interne
 - 1b) au niveau de la séquence assembléee interne (gène)
 - 1c) au niveau des séquences externes (gène cible)
- Req2 « Sélectionner les stations qui ont donné lieu à des individus pour lesquels il existe des séquences pour les 4 gènes : 16S, COI ,28S, AM4 »

2 -Requêtes SQL - Exemple.1c

« Sélectionner toutes les stations qui ont donné lieu à des séquences externes associées à des identifications de 'Asellus aquaticus' » => Afficher les informations principales des tables station, sqc_ass_ext_ainsi que le gène ciblé



2 -Requête SQL - Exemple.1c req1c_asellus_aquaticus.txt

```
SELECT st.code station, st.lat deg dec, st.long deg dec,
sae.code_sqc_ass_ext, sae.code_sqc_ass_ext_alignement,
voc_statut.code as statut_sqc_ass, sae.date_creation_sqc_ass_ext,
rt.taxname as taxname sqc ass, ei.date identification as
date identification sqc ass, voc gene.code as gene
FROM collecte col
 JOIN station st ON st.id = col.station fk
 JOIN sequence_assemblee_ext sae ON sae.collecte_fk = col.id
  LEFT JOIN voc voc_gene ON sae.gene_voc_fk = voc_gene.id
  LEFT JOIN voc voc_statut ON sae.statut sqc ass voc fk = voc statut.id
  LEFT JOIN espece_identifiee ei ON ei.sequence assemblee ext fk =
sae.id
    LEFT JOIN referentiel_taxon rt ON ei.referentiel_taxon_fk = rt.id
WHERE rt.taxname LIKE 'ASELLUS AQUATICUS'
ORDER BY st.code station ASC, sae.code sqc ass ext ASC
```

ANNEXE - SQL : SELECT multi- tables

```
SELECT (DISTINCT) liste champs a afficher
FROM table1
 JOIN table 2 ON table 2.t1 fk = table 1.id
  LEFT JOIN table3 ON table3.t2 fk =
table2.id
WHERE condition
ORDER BY expression
LIMIT count
OFFSET start
```

ANNEXE - SQL : SELECT + Aggregation

```
SELECT (DISTINCT) liste champs a afficher
string agg(expression, delimiter),array agg(expression)
count(*), count(expression),
sum(expression), min(expression), max(expression),
avg(expression) ...
FROM table1
 JOIN table2 ON table2.t1 fk = table1.id
  LEFT JOIN table3 ON table3.t2 fk = table2.id
WHERE condition
GROUP BY liste champs a afficher +
liste_champs sup
HAVING condition
ORDER BY expression
```