Taller grupal. Creación de una base de datos genómica

Antes de proceder al detalle con cada apartado, dejamos el [link](https://github.com/tnarrosf/unir-mubio01-grupo5/tree/main/basesdatos) al repositorio de Github donde podrá ver los scripts con detalle, la imagen con el modelo relaciona y otros archivos pertinentes.

1. **Análisis de requerimientos:** antes de diseñar la base de datos, es esencial entender qué información se quiere almacenar y cómo se relaciona. Para este taller, se almacenarán genes, secuencias, variantes genéticas y anotaciones asociadas.

﻿Las VARIANTES, en nuestro modelo, se refieren a las distintas SECUENCIAS. Asi a cada variante es variante de una secuencia, y no tienen sentido sin ella es una entidad débil.

Cada variante puede ser la variante identificada como referencia o una variante sobre esta. Esto se identifica a través del campo TipoVariante. Además, la variante tiene un campo 'Posición en la que identifica en qué posicion de la secuencia se encuentra la modificación. Esta Posicion puede ser NULL, en el caso de variantes de referencia.

Para simplificar, vamos a considerar que cada variante corresponde a un cambio único en una secuencia, aunque en el mundo real se trataría de conjuntos de cambios.

También puede haber secuencias que no estén relacionadas con ninguna variante, bien porque son secuencias no relacionadas con genes, o bien porque aún se desconoce esta relación.

Un ALELO se compone de un grupo de variantes (una o más), por tanto de secuencias.

Pueden existir variantes que no se relacionen con un alelo, ya que no están relacionadas con Genes (DNA estructural secuencias regulatorias, etc) o que dicha relación aún no se haya podido establecer.

También se permite la definición de alelos que no tengan relacionada ninguna secuencia Puede tratarse de alelos de un gen que se conocen por su efecto biológico, pero que aún no se hayan identificado las variantes de secuencia que lo componen.

Cada GEN tiene uno (wt) o varios alelos. El ALEO es de un GEN, por tanto, es una entidad débil.

1. **Diseño E-R:** utilizando herramientas de diseño o papel y lápiz crea un diagrama E‑R que represente las entidades principales (por ejemplo, gen, secuencia, variante) y sus relaciones.

Diagrama

Descripción generada automáticamente

1. **Transformación a modelo relacional:** convierte tu diseño E-R en un conjunto de tablas, atributos y relaciones que puedan implementarse en MySQL.

Procedemos a transformar el conjunto de atributos y relaciones comentados con anterioridad al modelo relacional:

Diagrama

Descripción generada automáticamente

Procedemos a definir las tablas y los atributos utilizados en la transformación al modelo relacional:

**Tabla Cromosoma:**

identificador (INT, PK)

nombre (VARCHAR(200))

especie (VARCHAR(200))

**Tabla Cromosoma-Gen:**

gen\_nombre (INT, FK, NOT NULL)

cromosoma\_identificador (INT, FK, NOT NULL)

posición (INT, NOT NULL)

**Tabla Gen:**

identificador (INT, PK, NOT NULL)

nombre (VARCHAR(45), NOT NULL, UNIQUE INDEX)

descripción (VARCHAR(200), NOT NULL)

**Tabla Anotacion:**

identificador (INT, PK, NOT NULL)

descripción (VARCHAR(200), NOT NULL)

gen\_identificador (INT, FK, NOT NULL)

tipo\_anotacion\_identificador (INT, FK, NOT NULL)

**Tabla Tipo\_anotacion:**

identificador (INT, PK, NOT NULL)

nombre (VARCHAR(200), NOT NULL)

**Tabla Estudio:**

identificador (INT, PK, NOT NULL)

fecha (DATE)

titulo (VARCHAR(200), NOT NULL)

referencia (VARCHAR(8), NOT NULL, UNIQUE INDEX)

**Tabla Estudio\_has\_gen:**

estudio\_identificador (INT, FK, NOT NULL)

gen\_nombre (INT, FK, NOT NULL)

**Tabla Alelo:**

identificador (INT, PK, NOT NULL)

tipo (ENUM(‘wt’,’mut’), NOT NULL)

nombre (VARCHAR(45), NOT NULL)

descripción (VARCHAR(45), NOT NULL)

gen\_identificador (INT, FK, NOT NULL)

**Tabla Variante:**

identificador (INT, PK, NOT NULL)

nombre (VARCHAR(45), NOT NULL)

tipo\_variante\_identificador (INT, PK, NOT NULL)

posición (INT, NOT NULL)

alelo\_identificador (INT)

secuencia\_identificador (INT, NOT NULL)

**Tabla Variante\_has\_estudio:**

variante\_identificador (INT, FK, NOT NULL)

estudio\_identificador (INT, FK, NOT NULL)

**Tabla Tipo\_variante:**

Identificador (INT, PK, NOT NULL)

nombre (VARCHAR(200), NOT NULL)

**Tabla Tipo\_secuencia:**

Identificador (INT, PK, NOT NULL)

nombre (VARCHAR(200), NOT NULL)

**Tabla Secuencia:**

Identificador (INT, PK, NOT NULL)

direccion (ENUM(‘+’,’-‘), NOT NULL)

posicion (INT, NOT NULL)

secuencia (VARCHAR(1000), NOT NULL)

tipo\_secuencia\_identificador (INT, FK)

1. **Creación en MySQL:** utiliza sentencias SQL para crear las tablas diseñadas en el paso anterior. Asegúrate de definir correctamente las claves primarias, las relaciones entre tablas y restricciones.

**Tabla Gen**

CREATE TABLE IF NOT EXISTS `actividadgrupal\_new`.`gen` (

`identificador` INT NOT NULL AUTO\_INCREMENT,

`nombre` VARCHAR(45) NOT NULL,

`descripcion` VARCHAR(200) NOT NULL,

PRIMARY KEY (`identificador`),

UNIQUE INDEX `nombre\_UNIQUE` (`nombre` ASC) VISIBLE)

ENGINE = InnoDB

DEFAULT CHARACTER SET = utf8mb4

COLLATE = utf8mb4\_0900\_ai\_ci;

**Tabla Tipo\_anotacion**

CREATE TABLE IF NOT EXISTS `actividadgrupal\_new`.`tipo\_anotacion` (

`identificador` INT NOT NULL AUTO\_INCREMENT,

`nombre` VARCHAR(200) NOT NULL,

PRIMARY KEY (`identificador`))

ENGINE = InnoDB;

**Tabla Anotacion**

CREATE TABLE IF NOT EXISTS `actividadgrupal\_new`.`anotacion` (

`identificador` INT NOT NULL AUTO\_INCREMENT,

`descripcion` VARCHAR(200) NOT NULL,

`gen\_identificador` INT NOT NULL,

`tipo\_anotacion\_identificador` INT NOT NULL,

PRIMARY KEY (`identificador`, `tipo\_anotacion\_identificador`),

INDEX `fk\_anotacion\_gen1\_idx` (`gen\_identificador` ASC) VISIBLE,

INDEX `fk\_anotacion\_tipo\_anotacion1\_idx` (`tipo\_anotacion\_identificador` ASC) VISIBLE,

CONSTRAINT `fk\_anotacion\_gen`

FOREIGN KEY (`gen\_identificador`)

REFERENCES `actividadgrupal\_new`.`gen` (`identificador`)

ON DELETE NO ACTION

ON UPDATE NO ACTION,

CONSTRAINT `fk\_anotacion\_tipo\_anotacion1`

FOREIGN KEY (`tipo\_anotacion\_identificador`)

REFERENCES `actividadgrupal\_new`.`tipo\_anotacion` (`identificador`)

ON DELETE NO ACTION

ON UPDATE NO ACTION)

ENGINE = InnoDB

DEFAULT CHARACTER SET = utf8mb4

COLLATE = utf8mb4\_0900\_ai\_ci;

**Tabla Cromosoma**

CREATE TABLE IF NOT EXISTS `actividadgrupal\_new`.`cromosoma` (

`identificador` INT NOT NULL AUTO\_INCREMENT,

`nombre` VARCHAR(200) NULL DEFAULT NULL,

`especie` VARCHAR(200) NULL DEFAULT NULL,

PRIMARY KEY (`identificador`))

ENGINE = InnoDB

DEFAULT CHARACTER SET = utf8mb4

COLLATE = utf8mb4\_0900\_ai\_ci;

**Tabla Estudio**

CREATE TABLE IF NOT EXISTS `actividadgrupal\_new`.`estudio` (

`identificador` INT NOT NULL AUTO\_INCREMENT,

`titulo` VARCHAR(200) NOT NULL,

`fecha` DATE NULL DEFAULT NULL,

`referencia` VARCHAR(8) NOT NULL,

PRIMARY KEY (`identificador`),

UNIQUE INDEX `referencia\_UNIQUE` (`referencia` ASC) VISIBLE,

CONSTRAINT `estudio\_referencia\_format` CHECK (`referencia` REGEXP '^[a-zA-Z]{4}\/[0-9]{3}$'))

ENGINE = InnoDB

DEFAULT CHARACTER SET = utf8mb4

COLLATE = utf8mb4\_0900\_ai\_ci;

**Tabla Tipo\_secuencia**

CREATE TABLE IF NOT EXISTS `actividadgrupal\_new`.`tipo\_secuencia` (

`identificador` INT NOT NULL AUTO\_INCREMENT,

`nombre` VARCHAR(200) NOT NULL,

PRIMARY KEY (`identificador`))

ENGINE = InnoDB;

**Tabla Secuencia**

CREATE TABLE IF NOT EXISTS `actividadgrupal\_new`.`secuencia` (

`identificador` INT NOT NULL AUTO\_INCREMENT,

`direccion` ENUM('+', '-') NOT NULL DEFAULT '+',

`posicion` INT NOT NULL,

`secuencia` VARCHAR(1000) NOT NULL,

`tipo\_secuencia\_identificador` INT NOT NULL,

PRIMARY KEY (`identificador`),

INDEX `fk\_secuencia\_tipo\_secuencia1\_idx` (`tipo\_secuencia\_identificador` ASC) VISIBLE,

CONSTRAINT `fk\_secuencia\_tipo\_secuencia1`

FOREIGN KEY (`tipo\_secuencia\_identificador`)

REFERENCES `actividadgrupal\_new`.`tipo\_secuencia` (`identificador`)

ON DELETE NO ACTION

ON UPDATE NO ACTION,

CONSTRAINT `secuencia\_min\_length` CHECK (CHAR\_LENGTH(`secuencia`) >= 10))

ENGINE = InnoDB

DEFAULT CHARACTER SET = utf8mb4;

**Tabla Cromosoma-gen**

CREATE TABLE IF NOT EXISTS `actividadgrupal\_new`.`cromosoma-gen` (

`gen\_nombre` INT NOT NULL,

`cromosoma\_identificador` INT NOT NULL,

`posicion` INT NOT NULL,

INDEX `fk\_cromosoma-gen\_cromosoma1\_idx` (`cromosoma\_identificador` ASC) VISIBLE,

PRIMARY KEY (`gen\_nombre`, `cromosoma\_identificador`),

CONSTRAINT `fk\_cromosoma-gen\_gen1`

FOREIGN KEY (`gen\_nombre`)

REFERENCES `actividadgrupal\_new`.`gen` (`identificador`)

ON DELETE NO ACTION

ON UPDATE NO ACTION,

CONSTRAINT `fk\_cromosoma-gen\_cromosoma1`

FOREIGN KEY (`cromosoma\_identificador`)

REFERENCES `actividadgrupal\_new`.`cromosoma` (`identificador`)

ON DELETE NO ACTION

ON UPDATE NO ACTION)

ENGINE = InnoDB

DEFAULT CHARACTER SET = armscii8;

**Tabla Alelo**

CREATE TABLE IF NOT EXISTS `actividadgrupal\_new`.`alelo` (

`identificador` INT NOT NULL AUTO\_INCREMENT,

`tipo` ENUM('wt', 'mut') NOT NULL,

`nombre` VARCHAR(45) NOT NULL,

`descripción` VARCHAR(45) NOT NULL,

`gen\_identificador` INT NOT NULL,

PRIMARY KEY (`identificador`),

INDEX `fk\_alelo\_gen1\_idx` (`gen\_identificador` ASC) VISIBLE,

CONSTRAINT `fk\_alelo\_gen1`

FOREIGN KEY (`gen\_identificador`)

REFERENCES `actividadgrupal\_new`.`gen` (`identificador`)

ON DELETE NO ACTION

ON UPDATE NO ACTION)

ENGINE = InnoDB;

**Tabla Tipo\_variante**

CREATE TABLE IF NOT EXISTS `actividadgrupal\_new`.`tipo\_variante` (

`identificador` INT NOT NULL AUTO\_INCREMENT,

`nombre` VARCHAR(200) NOT NULL,

PRIMARY KEY (`identificador`))

ENGINE = InnoDB;

**Tabla Variante**

CREATE TABLE IF NOT EXISTS `actividadgrupal\_new`.`variante` (

`identificador` INT NOT NULL AUTO\_INCREMENT,

`nombre` VARCHAR(45) NOT NULL,

`tipo\_variante\_identificador` INT NOT NULL,

`posicion` INT NOT NULL,

`alelo\_identificador` INT NULL,

`secuencia\_identificador` INT NOT NULL,

PRIMARY KEY (`identificador`, `tìpo\_variante\_identificador`),

INDEX `fk\_variante\_alelo1\_idx` (`alelo\_identificador` ASC) VISIBLE,

INDEX `fk\_variante\_secuencia\_no\_codificantes1\_idx` (`secuencia\_identificador` ASC) VISIBLE,

INDEX `fk\_variante\_tìpo\_variante1\_idx` (`tìpo\_variante\_identificador` ASC) VISIBLE,

CONSTRAINT `fk\_variante\_alelo1`

FOREIGN KEY (`alelo\_identificador`)

REFERENCES `actividadgrupal\_new`.`alelo` (`identificador`)

ON DELETE NO ACTION

ON UPDATE NO ACTION,

CONSTRAINT `fk\_variante\_secuencia\_no\_codificantes1`

FOREIGN KEY (`secuencia\_identificador`)

REFERENCES `actividadgrupal\_new`.`secuencia` (`identificador`)

ON DELETE NO ACTION

ON UPDATE NO ACTION,

CONSTRAINT `fk\_variante\_tìpo\_variante1`

FOREIGN KEY (`tìpo\_variante\_identificador`)

REFERENCES `actividadgrupal\_new`.`tìpo\_variante` (`identificador`)

ON DELETE NO ACTION

ON UPDATE NO ACTION)

ENGINE = InnoDB;

**Tabla Estudio\_has\_gen**

CREATE TABLE IF NOT EXISTS `actividadgrupal\_new`.`estudio\_has\_gen` (

`estudio\_identificador` INT NOT NULL,

`gen\_nombre` INT NOT NULL,

PRIMARY KEY (`estudio\_identificador`, `gen\_nombre`),

INDEX `fk\_estudio\_has\_gen\_gen1\_idx` (`gen\_nombre` ASC) VISIBLE,

INDEX `fk\_estudio\_has\_gen\_estudio1\_idx` (`estudio\_identificador` ASC) VISIBLE,

CONSTRAINT `fk\_estudio\_has\_gen\_estudio1`

FOREIGN KEY (`estudio\_identificador`)

REFERENCES `actividadgrupal\_new`.`estudio` (`identificador`)

ON DELETE NO ACTION

ON UPDATE NO ACTION,

CONSTRAINT `fk\_estudio\_has\_gen\_gen1`

FOREIGN KEY (`gen\_nombre`)

REFERENCES `actividadgrupal\_new`.`gen` (`identificador`)

ON DELETE NO ACTION

ON UPDATE NO ACTION)

ENGINE = InnoDB

DEFAULT CHARACTER SET = utf8mb4

COLLATE = utf8mb4\_0900\_ai\_ci;

**Tabla Variante\_has\_estudio**

CREATE TABLE IF NOT EXISTS `actividadgrupal\_new`.`variante\_has\_estudio` (

`variante\_identificador` INT NOT NULL,

`estudio\_identificador` INT NOT NULL,

PRIMARY KEY (`variante\_identificador`, `estudio\_identificador`),

INDEX `fk\_variante\_has\_estudio\_estudio1\_idx` (`estudio\_identificador` ASC) VISIBLE,

INDEX `fk\_variante\_has\_estudio\_variante1\_idx` (`variante\_identificador` ASC) VISIBLE,

CONSTRAINT `fk\_variante\_has\_estudio\_variante1`

FOREIGN KEY (`variante\_identificador`)

REFERENCES `actividadgrupal\_new`.`variante` (`identificador`)

ON DELETE NO ACTION

ON UPDATE NO ACTION,

CONSTRAINT `fk\_variante\_has\_estudio\_estudio1`

FOREIGN KEY (`estudio\_identificador`)

REFERENCES `actividadgrupal\_new`.`estudio` (`identificador`)

ON DELETE NO ACTION

ON UPDATE NO ACTION)

ENGINE = InnoDB;

1. **Inserción de datos:** rellena la base de datos con datos de ejemplo. Puedes usar datos ficticios o reales, pero asegúrate de que representen adecuadamente la estructura y relaciones de tu diseño.

Procedemos en primera instancia a insertar los datos pertinentes nuestras **tablas de tipología**:

INSERT INTO `actividadgrupal\_new`.`tipo\_anotacion` (`nombre`)

VALUES

('Funciónal'),

('Estructural'),

('De expresion'),

('De variación'),

('De regulación'),

('De conservación'),

('Clínica'),

('De interacción'),

('De localización');

INSERT INTO `actividadgrupal\_new`.`tipo\_secuencia` (`nombre`)

VALUES

('Exón'),

('Intrón'),

('ARNm'),

('miARN'),

('snARN'),

('snoARN'),

('tARN'),

('rARN'),

('Promotor'),

('Terminador'),

('Enhancer'),

('Silencer');

INSERT INTO `actividadgrupal\_new`.`tipo\_variante` (`nombre`)

VALUES

('SNP'),

('Inserción'),

('Deleción'),

('Duplicación'),

('Translocación'),

('Inversión'),

('Referencia');

Inserción de datos en la tabla **Alelo**:

LOCK TABLES `alelo` WRITE;

/\*!40000 ALTER TABLE `alelo` DISABLE KEYS \*/;

INSERT INTO `alelo` VALUES (1,'wt','ZNF398 - wt','Alelo salvaje del gen ZNF398',1),(2,'mut','ZNF398 - wt','Alelo mutante del gen ZNF398',1);

/\*!40000 ALTER TABLE `alelo` ENABLE KEYS \*/;

UNLOCK TABLES;

Inserción de datos en la tabla **Anotacion**:

LOCK TABLES `anotacion` WRITE;

/\*!40000 ALTER TABLE `anotacion` DISABLE KEYS \*/;

INSERT INTO `anotacion` VALUES (1,'funcional',' Molecular Function DNA-binding transcription repressor activity, RNA polymerase II-specific',1),(2,'expresion','Expressed in buccal mucosa cell and 187 other cell types or tissues',1),(3,'clinica','Relacionada algunos tipos de cancer',1);

/\*!40000 ALTER TABLE `anotacion` ENABLE KEYS \*/;

UNLOCK TABLES;

Inserción de datos en la tabla **Cromosoma**:

LOCK TABLES `cromosoma` WRITE;

/\*!40000 ALTER TABLE `cromosoma` DISABLE KEYS \*/;

INSERT INTO `cromosoma` VALUES (1,'Cromosoma 7','Homo sapiens');

/\*!40000 ALTER TABLE `cromosoma` ENABLE KEYS \*/;

UNLOCK TABLES;

Inserción de datos en la tabla **Cromosoma-gen**:

LOCK TABLES `cromosoma-gen` WRITE;

/\*!40000 ALTER TABLE `cromosoma-gen` DISABLE KEYS \*/;

INSERT INTO `cromosoma-gen` VALUES (1,1,149126408);

/\*!40000 ALTER TABLE `cromosoma-gen` ENABLE KEYS \*/;

UNLOCK TABLES;

Inserción de datos en la tabla **Estudio**:

LOCK TABLES `estudio` WRITE;

/\*!40000 ALTER TABLE `estudio` DISABLE KEYS \*/;

INSERT INTO `estudio` VALUES (1,'The transcriptional regulator ZNF398 mediates pluripotency and epithelial character downstream of TGF-beta in human PSCs ','2020-05-12','NATC/162'),(3,'p52-ZER6: a determinant of tumor cell sensitivity to MDM2-p53 binding inhibitors ','2022-08-22','APHS/973');

/\*!40000 ALTER TABLE `estudio` ENABLE KEYS \*/;

UNLOCK TABLES;

Inserción de datos en la tabla **Estudio\_has\_gen**:

LOCK TABLES `estudio\_has\_gen` WRITE;

/\*!40000 ALTER TABLE `estudio\_has\_gen` DISABLE KEYS \*/;

INSERT INTO `estudio\_has\_gen` VALUES (1,1);

/\*!40000 ALTER TABLE `estudio\_has\_gen` ENABLE KEYS \*/;

UNLOCK TABLES;

Inserción de datos en la tabla **Gen**:

LOCK TABLES `gen` WRITE;

/\*!40000 ALTER TABLE `gen` DISABLE KEYS \*/;

INSERT INTO `gen` VALUES (1,'ZNF398','Zinc finger protein 398');

/\*!40000 ALTER TABLE `gen` ENABLE KEYS \*/;

UNLOCK TABLES;

Inserción de datos en la tabla **Secuencia**:

LOCK TABLES `secuencia` WRITE;

/\*!40000 ALTER TABLE `secuencia` DISABLE KEYS \*/;

INSERT INTO `secuencia` VALUES (1,'+',1,'gcactcgctgcccacaaagcgccagctgaggggccgctgcgggtggagtgcggcggagtcggcctcgcgaccccagcttgatccgccgcctgctgcaccgcgcctccgccgcgttcctgcgcgtcccgagccccgacggccgcgtgagtcccgtccgtgcggggaaggcagggccgggtcggcgccgcctgtggagaggacccggcggccgggcctgcttggagccgggcgcggtggcagcggcggcagcggcggcgacttccgaggcccgggctagacagcgcagggccatggctgaggcggccccggccccg',13),(2,'+',2,'acatctgaatgggactccgagtgccttacatccctgcagccccttcctcttcctacacccccagcagcaaatgaggcacacctgcagacagcagctatctctctgtggacagtggtggccgccgtgcaggctatagagaggaaggtggagatccacagccggcgactcctacacctggaaggtcggacagggacagcagagaagaaactagccagctgtgaaaagacagttaccgagcttgggaaccagctggagggcaagtgggccgtgctgggaaccctgctgcaggagtacgggctgctgcagaggcggctggagaacttggagaacctgctgcgcaacaggaacttctggatcctgcggctccctccaggtattaagggagatatcccaaag',13),(3,'+',3,'gtgcctgtggcatttgatgatgtctccatctacttttccactccagagtgggaaaaattagaagaatggcaaaaggaactttacaagaatatcatgaagggcaactacgagtctctcatctccatgg',13),(4,'+',4,'attatgctataaatcaacctgatgtcttatctcagattcaaccagaaggggaacataatacagaggaccaggcagggccagaggaaagtgagattcccacagaccccagtgaag',13),(5,'+',4,'attatgctatGaatcaacctgatgtcttatctcagattcaaccagaaggggaacataatacagaggaccaggcagggccagaggaaagtgagattcccacagaccccagtgaag',13),(6,'+',4,'attatgctatGaatcaacctgatgtcttatctcagattcaaccagaaggggaacataatacagaggaccaggcagggccagaggaaagtgagattcccacagaccccagtgaag',13),(7,'+',4,'attatgctatGaatcaacctgatgtcttatctcagattcaaccagaaggggaacataatacagaggaccaggcagggccagaggaaagtgagattcccacagaccccagtgaag',13),(8,'+',4,'attatgctatGaatcaacctgatgtcttatctcagattcaaccagaaggggaacataatacagaggaccaggcagggccagaggaaagtgagattcccacagaccccagtgaag',13);

/\*!40000 ALTER TABLE `secuencia` ENABLE KEYS \*/;

UNLOCK TABLES;

Inserción de datos en la tabla **Tipo\_anotacion**:

LOCK TABLES `tipo\_anotacion` WRITE;

/\*!40000 ALTER TABLE `tipo\_anotacion` DISABLE KEYS \*/;

INSERT INTO `tipo\_anotacion` VALUES (1,'Funciónal'),(2,'Estructural'),(3,'De expresion'),(4,'De variación'),(5,'De regulación'),(6,'De conservación'),(7,'Clínica'),(8,'De interacción'),(9,'De localización');

/\*!40000 ALTER TABLE `tipo\_anotacion` ENABLE KEYS \*/;

UNLOCK TABLES;

Inserción de datos en la tabla **Tipo\_secuencia**:

LOCK TABLES `tipo\_secuencia` WRITE;

/\*!40000 ALTER TABLE `tipo\_secuencia` DISABLE KEYS \*/;

INSERT INTO `tipo\_secuencia` VALUES (13,'Exón'),(14,'Intrón'),(15,'ARNm'),(16,'miARN'),(17,'snARN'),(18,'snoARN'),(19,'tARN'),(20,'rARN'),(21,'Promotor'),(22,'Terminador'),(23,'Enhancer'),(24,'Silencer');

/\*!40000 ALTER TABLE `tipo\_secuencia` ENABLE KEYS \*/;

UNLOCK TABLES;

Inserción de datos en la tabla **Tipo\_variante**:

LOCK TABLES `tipo\_variante` WRITE;

/\*!40000 ALTER TABLE `tipo\_variante` DISABLE KEYS \*/;

INSERT INTO `tipo\_variante` VALUES (1,'SNP'),(2,'Inserción'),(3,'Deleción'),(4,'Duplicación'),(5,'Translocación'),(6,'Inversión'),(7,'Referencia');

/\*!40000 ALTER TABLE `tipo\_variante` ENABLE KEYS \*/;

UNLOCK TABLES;

Inserción de datos en la tabla **Variante**:

LOCK TABLES `variante` WRITE;

/\*!40000 ALTER TABLE `variante` DISABLE KEYS \*/;

INSERT INTO `variante` VALUES (1,'exon 1',7,0,1,1),(2,'exon 2',7,0,1,2),(3,'exon 3',7,0,1,3),(4,'exon 4',7,0,1,4),(8,'exon 3 SNP 6 T>G',1,6,2,5),(9,'exon 4 SNP 10 A>G',1,10,2,6);

/\*!40000 ALTER TABLE `variante` ENABLE KEYS \*/;

UNLOCK TABLES;

Inserción de datos en la tabla **Variante\_has\_estudio**:

LOCK TABLES `variante\_has\_estudio` WRITE;

/\*!40000 ALTER TABLE `variante\_has\_estudio` DISABLE KEYS \*/;

INSERT INTO `variante\_has\_estudio` VALUES (8,1),(9,1);

/\*!40000 ALTER TABLE `variante\_has\_estudio` ENABLE KEYS \*/;

UNLOCK TABLES;

**Documentación y explicación de inserciones**

Como hemos podido comprobar, en nuestras inserciones no hemos tenido ningún problema o fallo, lo que demuestra una correcta carga de datos y la integridad de las relaciones y adecuación de los datos al modelo planteado. Inclusive se han proporcionado restricciones como ‘LOCK TABLES’ y ‘UNLOCK TABLES’ que permiten deshabilita y luego vuelve a habilitar los índices para mejorar el rendimiento durante la inserción y asegura que no haya interferencia con otras operaciones en la tabla al bloquearla y desbloquearla al final.

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **HOJA DE CONTROL ACTIVIDAD GRUPAL 3**  Equipo 5 | | | |
|  | Marcar con una X lo que proceda | | |
| Asistencia a reuniones de equipo  David Fernández Martín | Asistencia a una reunión o ninguna  ✅ | Asistencia a dos reuniones  Cuadro de texto | Asistencia a tres reuniones  Cuadro de texto |
| Tareas o entregas a realizadas    David Fernández Martín | Ninguna o una tarea  Cuadro de texto | Dos tareas  ✅ | Tres tareas  Cuadro de texto |
| Asistencia a reuniones de equipo  Tomás Narros Fernández | Asistencia a una reunión o ninguna  ✅ | Asistencia a dos reuniones  Cuadro de texto | Asistencia a tres reuniones  Cuadro de texto |
| Tareas o entregas a realizadas    Tomás Narros Fernández | Ninguna o una tarea  Cuadro de texto | Dos tareas  ✅ | Tres tareas  Cuadro de texto |

Rúbrica

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Título de la actividad | Descripción | Puntuación máxima  (puntos) | Peso  % |
| Criterio 1 | Diseño correcto del modelo E-R, definiendo las entidades, relaciones, atributos y cardinalidad correctas. | 3 | 30 % |
| Criterio 2 | Conversión correcta al modelo de datos relacional, utilizando la nomenclatura estándar y teniendo en cuenta normalización. | 2 | 20 % |
| Criterio 3 | Utilización correcta de las sentencias SQL para crear las tablas de datos. Dando importancia a sentencias profundas y con restricciones. | 3 | 30 % |
| Criterio 4 | Inserción correcta de los datos en las tablas. Buscando documentar tanto datos insertados correctos como datos incorrectos que el modelo no permite insertar. | 2 | 20 % |
|  |  | **10** | **100 %** |