

Programa de Pós-Graduação em Pesquisa e
Desenvolvimento – Biotecnologia Médica
Mestrado Profissional – Hemocentro de Botucatu

EMERSON CARLOS SARTI FERRASI

Desenvolvimento de Sistema para Gerenciamento de Dados de Pesquisa

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Pesquisa e Desenvolvimento: Biotecnologia Médica, do Hemocentro de Botucatu, Faculdade de Medicina, UNESP, para obtenção do título de Mestre

Orientadora: Dra. Maria Inês de Moura Campos Pardini

Botucatu
2013

FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA SEÇÃO DE AQUIS. E TRAT. DA INFORMAÇÃO
DIVISÃO TÉCNICA DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - CAMPUS DE BOTUCATU - UNESP
BIBLIOTECÁRIA RESPONSÁVEL: **ROSANGELA APARECIDA LOBO**

Ferrasi, Emerson Carlos Sarti.

Desenvolvimento de sistema para gerenciamento de dados de pesquisa /
Emerson Carlos Sarti Ferrasi. – Botucatu : [s.n.], 2013

Dissertação (mestrado) – Universidade Estadual Paulista, Faculdade de
Medicina de Botucatu

Orientador: Maria Inês de Moura Campos Pardini

Capes: 10303030

1. Banco de dados. 2. Projeto de banco de dados. 3. Pesquisa
biomédica. 4. Java (Linguagem de programação de computador).

Palavras-chave: Banco de dados; JAVA; JSF; Pesquisa biomédica.

A minha esposa Adriana e meu filho Augusto, por fazerem a minha vida ter sentido.

Amo vocês.

Meus sinceros agradecimentos:

A Profa. Dra. Maria Inês de Moura Campos Pardini, pela orientação, incentivo e, acima de tudo, por ter acreditado neste projeto.

Ao Programa de Pós-Graduação em Pesquisa e Desenvolvimento em Biotecnologia Médica, pela oportunidade.

Aos Professores do Programa de Pós-Graduação, por compartilharem os seus conhecimentos, o que muito me auxiliou no entendimento dessa nova área em minha carreira profissional.

Aos colegas do Laboratório de Biologia Molecular, pela grande colaboração e aprendizado.

A todos que trabalham comigo e que colaboraram para que eu conseguisse frequentar as aulas do Mestrado.

Agradeço ainda, àqueles que contribuíram para a realização desse trabalho e que, involuntariamente, eu possa ter esquecido de mencionar.

Sumário

Lista de Figuras

Resumo

Abstract

1. Introdução	10
2. Objetivos	12
3. Materiais e Métodos.....	13
4. Resultados	17
5. Considerações Finais	41
6. Referências.....	44
Anexo A	46

Lista de Figuras

Figura 1: Tela de Acesso ao Sistema.....	17
Figura 2: Tela de Acesso ao Menu Principal	18
Figura 3: Detalhe da tela exibida na Opção Cadastros	19
Figura 4: Detalhe da tela de Pesquisa.....	20
Figura 5: Detalhe dos ícones de opções do Sistema	20
Figura 6: Tela de pesquisa pelos Projetos.....	20
Figura 7: Imagem ilustrativa da tela com as características de um dos Projetos cadastrados no sistema.....	21
Figura 8: Opções de formatos disponíveis dos relatórios gerados.....	22
Figura 9: Relatório para simples-conferência das características dos Projetos cadastrados	22
Figura 10: Detalhe da tela de Inclusão, Alteração, Exclusão e Relatório dos Grupos de Amostras	23
Figura 11: Detalhe da tela de Inclusão, Alteração, Exclusão e Relatório das Amostras.....	23
Figura 12: Tela de Pesquisa pelas Amostras já cadastradas.....	24
Figura 13: Imagem ilustrativa da tela com as características de uma das amostras cadastradas.....	24
Figura 14: Tela do módulo Classificação, que agrupa os Valores da amostra.....	25
Figura 15: Tela inicial do módulo VALOR.....	26
Figura 16: Seleção MENU PRINCIPAL/CADASTROS/VALOR.....	26
Figura 17: Tela de inclusão de Valor	27
Figura 18: Tela inicial do módulo PROCEDIMENTO.....	28
Figura 19: Seleção MENU PRINCIPAL/CADASTROS/PROCEDIMENTO	29
Figura 20: Tela de inclusão de Procedimento	29
Figura 21: Seleção MENU PRINCIPAL/CADASTROS/ANÁLISE.....	30
Figura 22: Tela de inclusão de Resultados de Análise.....	31
Figura 23: Tela de inclusão de Sequencia de nucleotídeos (formato FASTA) nos Resultados de Análise.	32
Figura 24: Tela de inclusão de Imagem nos Resultados de Análise	32

Figura 25: Tela de Pesquisa dos sites cadastrados no módulo ferramentas	32
Figura 26: Tela de Inclusão de Usuários	33
Figura 27: Tela de Log do Sistema.....	34
Figura 28: Detalhe da tela de gerenciamento dos perfis de usuário pelo Administrador	36
Figura 29: Tela de Inclusão de Relatórios de Análise	36
Figura 30: Seleção de parâmetros da Amostra	36
Figura 31: Seleção de parâmetros de Procedimentos.....	36
Figura 32: Painel de Opções do Relatório de Análises	37
Figura 33: Tela de pré-visualização dos dados do Relatório de Análise	37
Figura 34: Tela de Inclusão de Relatórios de Análise	38
Figura 35: Seleção de Parâmetros da Amostra.....	39
Figura 36: Seleção de Parâmetros de Análise	39

Resumo

Os avanços biotecnológicos vêm contribuindo para a excelência na qualidade das pesquisas científicas, bem como para o aumento exponencial dos dados gerados. A análise e interpretação dos dados obtidos em pesquisa científica é uma atividade essencial quando se busca gerar conhecimento biológico de excelência. A informática vem se destacando como uma ferramenta essencial no gerenciamento de dados e processos administrativos. Os órgãos públicos de financiamento têm estimulado a colaboração entre grupos de pesquisa situados em instituições diferentes, muitas vezes bem distantes geograficamente, possibilitado a criação de “grupos de pesquisa virtuais”, onde a troca de informações e discussão de resultados se faz de maneira tão eficiente quanto o seria em grupos reunidos *in loco*. É comum na pesquisa científica, a condução de diferentes análises laboratoriais em uma mesma casuística, delineando projetos com abordagens diferentes. Entretanto, por repetidas vezes, tais dados, embora sejam referentes à mesma casuística, nem sempre são analisados em conjunto. Tal situação representa perda de informações biológicas preciosas na construção do conhecimento científico. Nesse contexto, faz-se importante o desenvolvimento de ferramentas computacionais para o armazenamento e gerenciamento dos dados gerados, de forma a otimizar as análises dos resultados obtidos ao longo de pesquisas científicas diversas, porém conduzidas em uma mesma amostragem. O presente estudo teve como objetivo principal o desenvolvimento de um *Software* para o gerenciamento de amostras geradas a partir de Projetos de Pesquisa na Área de Ciências da Saúde. O desenvolvimento do Sistema teve como ponto de partida a análise de requisitos dos dados necessários para elaboração de um banco de dados, bem como os procedimentos de acesso às informações. Os pesquisadores envolvidos nos projetos científicos foram consultados quanto ao modelo de informações a serem gerenciadas. O Sistema desenvolvido no presente estudo pode ser considerado um instrumento inovador na área da Pesquisa em Saúde por tratar-se de um *Software* que evolui de acordo com as novas necessidades dos grupos de pesquisa e dispensar a necessidade de intervenção por profissionais de TI (Tecnologia da Informação). Também, é desenvolvido a partir de tecnologias livres de direitos comerciais, além de permitir o acesso simultâneo através da *internet* por computadores pessoais de diferentes sistemas operacionais (Windows, Mac OS e Linux) e dispositivos como *Tablets e Smartphones*, permitindo o acesso dos dados a pesquisadores localizados em pontos geográficos distantes, proporcionando a interação entre diferentes grupos de pesquisa.

Palavras-chave: banco de dados, JAVA, JSF, Pesquisa Biomédica

Abstract

The biotechnological advances have contributed to the excellence in the quality of scientific research, as well as the exponential growth of data generated. The analysis and interpretation of data in scientific research is an essential activity when it seeks to generate biological knowledge of excellence. Information technology has emerged as an essential tool in data management and administrative processes. Public agencies funding have stimulated collaboration between research groups located in different institutions, often far apart geographically, enabled the creation of "virtual research groups", where the exchange of information and discussion of results is done as efficiently as would be gathered in groups spot. It is common in scientific research, conducting various laboratory tests on a single sample, outlining projects with different approaches. However, by repeatedly such data, although they refer to the same sample, are not always analyzed together. This situation represents a loss of valuable biological information in the construction of scientific knowledge. In this context, it is important to develop computational tools for the storage and management of data generated in order to optimize the analysis of the results obtained over various scientific researches, but conducted in the same sample. This study aimed to develop a software for managing samples generated from research projects in the area of Health Sciences Development System had as its starting point the analysis of the data requirements necessary for development of a database, as well as the procedures for access to information. The researchers involved in scientific projects were consulted on the information model to manage. The system developed in this study can be considered an innovative tool in the area of Health Research as it is a software that evolves according to the needs of new research groups and obviate the need for intervention by IT professionals (Technology Information). Moreover, it is developed from technologies free of commercial rights, and allows simultaneous access via the internet by personal computers of different operating systems (Windows, Mac OS and Linux) and devices such as tablets and smartphones, allowing access data researchers located in distant geographical points, providing the interaction between different research groups.

Keywords: database, JAVA, JSF, Biomedical Research

:

1. Introdução

Os avanços biotecnológicos vêm contribuindo para a excelência na qualidade das pesquisas científicas, bem como para o aumento exponencial dos dados gerados.

A análise e interpretação dos dados obtidos experimentalmente é uma atividade essencial quando se busca gerar conhecimento biológico (TEIXEIRA, 2003). Contudo, para a correta interpretação desses dados faz-se necessária a sua organização, bem como a sua recuperação de forma simples e eficiente (DATE, 2000; MARCON, 2002). As análises estatísticas e descritivas são mais confiáveis quando os resultados estão dispostos de maneira padronizada, sem redundâncias ou erros (JOHNSON, 1997).

Ao longo dos anos, vários métodos de armazenamento e tabulação foram utilizados, como tabelas em editores de textos e planilhas de cálculo. Embora tais ferramentas representem uma evolução no tratamento desses dados quando comparadas às anotações manuais, são limitadas quando utilizadas por mais do que um usuário, com ou sem acesso simultâneo. Ainda, o agrupamento dos dados não é tarefa fácil quando se deseja analisar diversos parâmetros em conjunto.

A informática vem se destacando como uma ferramenta essencial no gerenciamento de dados e processos administrativos. Tornou-se imprescindível em quase todos os campos da atividade humana e, pouco se faz sem a utilização de algum recurso computacional (MACHADO; ABREU, 2002).

A disponibilização de ferramentas computacionais cada vez mais rápidas e dinâmicas vem contribuindo para o avanço nas áreas biológicas e científicas. Tais ferramentas, assim como o acesso a computadores de maior desempenho, permitiram que profissionais das áreas biológicas pudessem fazer uso de recursos da tecnologia da informação para cálculos matemáticos e estatísticos, iniciando desta forma, a biologia computacional (SANSOM; SMITH, 2000).

Os órgãos públicos de financiamento têm estimulado a colaboração entre grupos de pesquisa situados em instituições diferentes, muitas vezes bem distantes geograficamente e, na última década, estudos relevantes foram desenvolvidos, como é o caso de alguns projetos brasileiros como o Projeto Genoma da *Xylella fastidiosa* (SIMPSON et al., 2000), Genoma Humano do Câncer (BRENTANI et al., 2003), *Transcript Finishing Initiative* (SOGAYAR et al., 2004), *Viral Genetic Diversity Network* (PARDINI et

al, 2008), dentre outros, nacionais e internacionais. O notável desempenho dessa nova abordagem em pesquisa deve-se, em parte, ao desenvolvimento e democratização da *Wilde World Web (internet)*. Tal plataforma de comunicação tem possibilitado a criação de “grupos de pesquisa virtuais”, onde a troca de informações e discussão de resultados se faz de maneira tão eficiente quanto o seria em grupos reunidos *in loco*.

O desenvolvimento de um sistema de gerenciamento de dados de pesquisas biológicas deve ser realizado por um profissional da área de tecnologia da informação que possua conhecimento suficiente para entender quais são as questões biológicas e quais são as ferramentas mais viáveis para a abordagem computacional a ser utilizada.

É comum na pesquisa científica, a condução de diferentes análises laboratoriais em uma mesma casuística, delineando projetos com abordagens diferentes. Entretanto, por repetidas vezes, tais dados, embora sejam referentes à mesma casuística, nem sempre são analisados em conjunto. Tal situação representa perda de informações biológicas preciosas na construção do conhecimento científico.

Nesse contexto, faz-se importante o desenvolvimento de ferramentas computacionais para o armazenamento e gerenciamento dos dados gerados, de forma a otimizar as análises dos resultados obtidos ao longo de pesquisas científicas diversas, porém conduzidas em uma mesma amostragem.

2. Objetivos

2.1 Gerais

- Desenvolvimento de um sistema de gerenciamento de dados de pesquisa.

2.2 Específicos

- Análise de requisitos do sistema de gerenciamento;
- Modelagem de dados para criação da estrutura do banco de dados;
- Desenvolvimento do sistema de gerenciamento em plataforma *web*;

3. Materiais e Métodos

O trabalho foi desenvolvido no Hemocentro da Faculdade de Medicina da Universidade Estadual Paulista – UNESP e foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa da instituição sob protocolo CEP 4339-2012 (Anexo A).

Para o desenvolvimento do Sistema de Gerenciamento de Dados de Pesquisa, foram utilizados recursos de elaboração de *software* em conformidade com os moldes de implementação atuais, bem como a padronização de modelagem de estrutura de dados a serem armazenados.

3.1 Tecnologias Empregadas

3.1.1 Java

Linguagem de programação desenvolvida em 1991 pela *Sun Microsystems*, originando-se de um projeto de codinome *Green*. Atualmente, um comitê denominado JCP (*Java Communit Process*) formado por grandes organizações empresariais de tecnologia de ponta (IBM, Nokia Corporation, Hewlett-Packard, Borland Software Corporation, Apple Computer Inc, Cisco Systems, Hitachi LTDA, Mitsubishi Eletric Corp, NEC, Sony Internacional, Sharp, Ericsson Inc, Motorola, Samsung Eletronics, entre outras) especifica e determina os novos recursos e modificações em sua evolução. Inicialmente, o JAVA teve o propósito de ser desenvolvido para dispositivos móveis, entretanto ficou mais conhecido através do seu uso em *browser* (navegador de páginas) para *internet*, tornando-se uma linguagem de referência na área de Tecnologia da Informação em desenvolvimento de *softwares* (DEITEL; DEITEL, 2005). Caracteriza-se pela independência de plataforma de sistema operacional, além da compatibilidade com diversos dispositivos móveis e sistemas embarcados. Atualmente, a detentora da marca *Sun Microsystems* é a *Oracle*, uma das maiores empresas na área de Tecnologia da Informação (TI).

3.1.2 SQL

Structured Query Language ou Linguagem de Consulta Estruturada, foi desenvolvida no laboratório de pesquisa da IBM em 1970. Trata-se de uma linguagem de banco de

dados usada em diversos Sistemas Gerenciadores de Banco de Dados (SGDB), disponível em versões pagas ou de *software* livres, mantida por comunidades de desenvolvedores e instituições sem fins lucrativos (MACHADO, 2004). Foi desenvolvida com a finalidade de padronizar a forma de acesso a dados, permitindo maior interoperabilidade entre os *softwares*.

3.1.3 Firebird

Teve sua origem baseada no código do *software* aberto denominado *Interbase 6*, disponibilizado pela empresa *Borland*. Possui um grande número de usuários e um conjunto completo de recursos de Sistema Gerenciador de Banco de Dados (SGDB). Uma comunidade ativa de desenvolvedores o aprimora continuamente, permitindo que seja um dos *softwares* livres de banco de dados mais utilizados da atualidade.

3.1.4 Apache Tomcat

Servidor *Web* baseado em *Java*, responsável pelo gerenciamento de páginas de *internet* geradas através de código de programação. Desenvolvido e mantido pela *Apache Software Foundation*, trata-se de um *software* livre que faz parte do projeto de codinome *Apache Jakarta*.

3.1.5 JSF (Java Server Faces)

Trata-se de uma especificação da JCP de um *framework* para desenvolvimento de aplicações *web*. Baseado no padrão MVC (*Model View Control*), destina-se a simplificar o desenvolvimento de *interfaces* de usuários em tecnologia *web*.

3.1.6 JasperReports

Ferramenta escrita em *Java* para elaboração de relatórios em diversos formatos de arquivo, como pdf, xls, html. Disponível em versão gratuita e possui uma comunidade de usuários ativa.

3.1.7 Hibernate

Mecanismo de acesso a banco de dados relacionais, de maneira transparente e para qualquer tipo de aplicação Java, possibilitando a portabilidade para vários bancos de dados relacionais.

3.1.8 PrimeFaces

Conjunto de componentes visuais que visam a produção de aplicações RIA (*Rich Internet Application*), permitindo o seu uso em ambiente *web* e dispositivos móveis, úteis na construção de interfaces gráficas de usuário GUIs (*Graphical User Interfaces*).

3.2 Metodologia de Desenvolvimento

O desenvolvimento do Sistema de Gerenciamento de Dados de Pesquisa teve como ponto de partida a análise de requisitos dos dados necessários para elaboração de um banco de dados, bem como os procedimentos de acesso às informações.

A análise de requisitos do sistema norteou a elaboração do modelo de dados, que será o repositório de informações gerenciadas pelo sistema, evitando assim o armazenamento de dados em redundâncias e informações inconsistentes.

Foi atribuída uma política de procedimento de acesso aos dados, que garante o correto armazenamento das informações, bem como a forma como os dados são manipulados, levando em consideração fatores externos, como segurança e atualização das informações.

Os pesquisadores envolvidos nos projetos científicos, usuários do Sistema de Gerenciamento, foram consultados quanto ao modelo de informações a serem gerenciadas, tornando-o assim, uma ferramenta aliada para análise de seus resultados.

4. Resultados

Os resultados desse trabalho constam na apresentação do *software* desenvolvido para o gerenciamento de dados de amostras e resultados de pesquisa. O *software* em referência recebeu a denominação *Tabular*.

Cada módulo do *Tabular* está apresentado em forma de telas "capturadas" a partir do sistema em execução. Um breve descritivo de cada módulo, bem como sua funcionalidade é apresentada na sequência da respectiva figura (tela).

Para demonstrar a funcionalidade do *software* e tornar mais realista a sua apresentação, o sistema foi alimentado com dados de um projeto de pesquisa em andamento no Laboratório de Biologia Molecular do Hemocentro de Botucatu (LOMBARDI et al., 2013, dados não publicados).

4.1 Acesso ao Sistema

O acesso ao sistema ocorre através de um *browser* (navegador) de *internet* por computadores pessoais (PC) de diferentes sistemas operacionais (Windows, Mac OS e Linux) e dispositivos como *Tablets* e *Smartphones*. A Figura 1 ilustra a tela de acesso ao sistema.

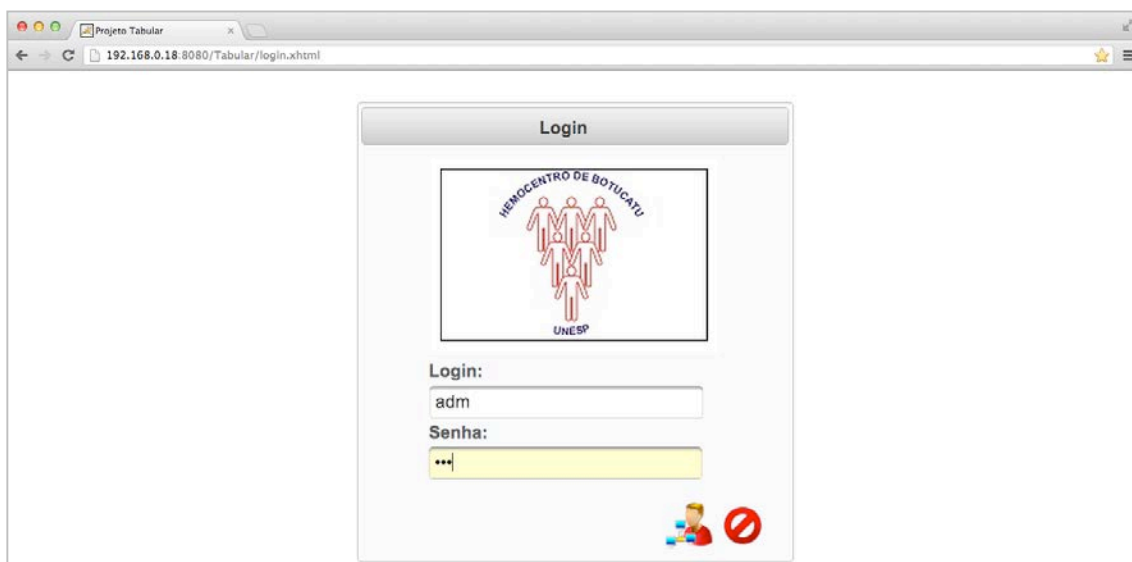


Figura 1 Tela de Acesso ao Sistema

O acesso ao sistema é controlado por nome de usuário (*login*) e senha, individual e cerceada de acordo com o seu perfil de usuário.

O sistema contará, inicialmente, com três perfis de usuário: o Administrador, o Gerente de Projetos e o Colaborador, cuja identidade e atribuições são detalhada a seguir:

4.1.1 Administrador

Trata-se do perfil de usuário com acesso irrestrito a todos os módulos do sistema.

4.1.2 Gerente de Projetos

Categoria de usuário definido previamente pelo Administrador, com permissão para cadastrar procedimentos e relatórios para os projetos a ele vinculados, além de todas as atribuições permitidas ao Colaborador.

4.1.3 Colaborador

Categoria de usuário definido previamente pelo Administrador, com permissão para cadastrar e editar amostras e resultados de análises, além de executar relatórios, previamente cadastrados pelo Gerente de cada projeto.

4.2 Menu Principal

Após *login*, o usuário acessará a tela do menu principal (Figura 2).

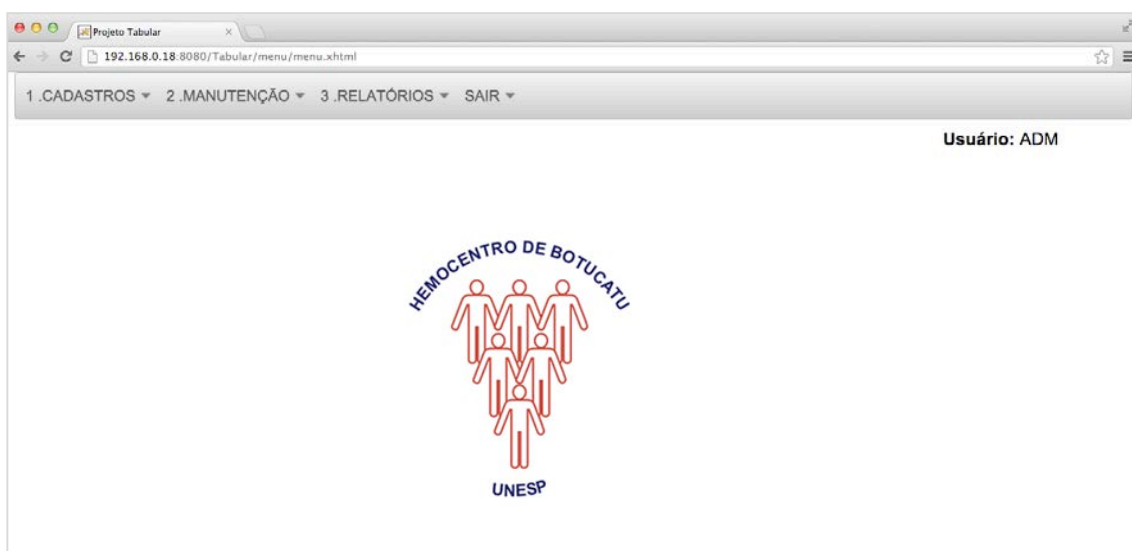


Figura 2 Tela de Acesso ao Menu principal

O acesso ao Menu principal possibilita ao usuário navegar pelas opções do software: Cadastros, Manutenção e Relatórios, detalhados a seguir:

4.2.1. Cadastros

Nessa opção, o usuário tem acesso aos módulos de cadastro de amostras, grupo de amostras, projetos, classificações, valores, procedimentos, análises e ferramentas de análises (Figura 3).

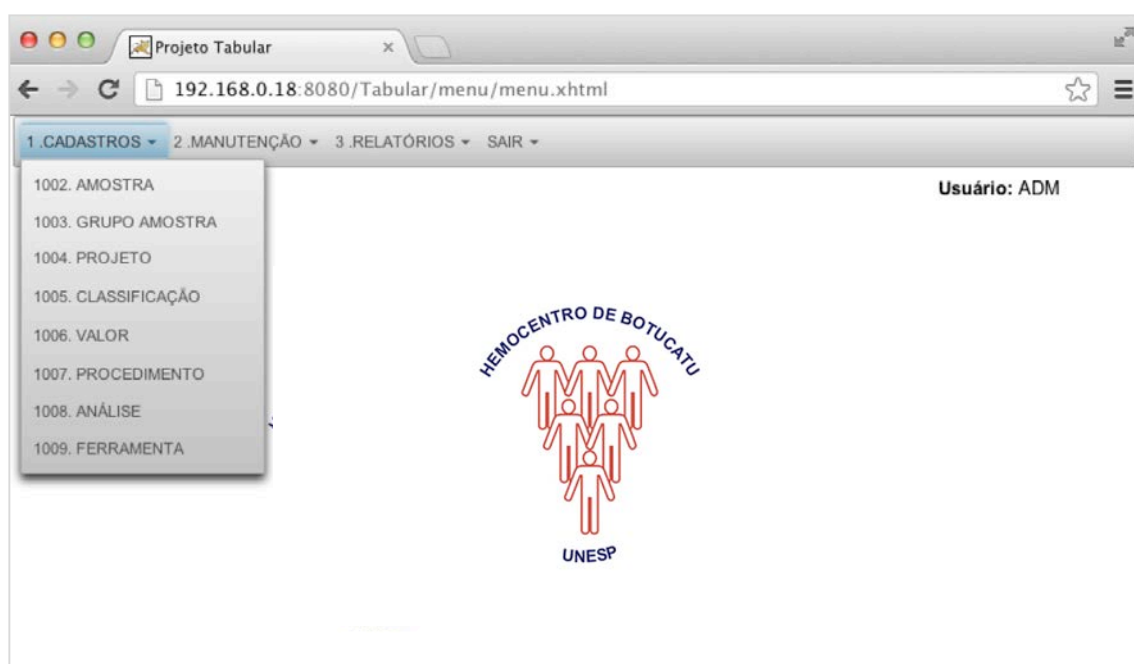


Figura 3 Detalhe da tela exibida na Opção Cadastros

4.2.1.1 Cadastros/Projetos

O módulo "PROJETO" permitirá a Pesquisa, Inclusão, Alteração, Exclusão e Emissão de Relatórios dos Projetos de Pesquisa, como pode ser observado na tela ilustrada na Figura 4.

No canto superior direito da tela, é observada a barra de navegação, onde estão dispostos os ícones para Pesquisa, Inclusão, Alteração, Exclusão e Relatório, respectivamente ilustrados na Figura 5. Tais ícones estarão disponíveis em todas as opções de cadastro do sistema.

Figura 4 Detalhe da tela de Pesquisa



Figura 5 Detalhe dos ícones de opções do sistema

A escolha do ícone  apresentará a tela para pesquisa dos Projetos previamente cadastrados (Figura 6):

Código	Nome	Descritivo	Data Início	Data Término
2	CÂNCER GÁSTRICO		01/03/2003	
1	CÂNCER SNC		05/10/2012	

Figura 6 Tela de pesquisa pelos Projetos

A escolha de um dos Projetos retornará todos os dados referentes a este como Nome do Projeto, Breve Descritivo, Data de Início e Término e os Grupos de Amostras que fazem parte deste projeto (detalhes sobre *Grupos de Amostras* será fornecido mais adiante).

Manutenção de Projeto - [Visualização]

Projeto

Código: 1

Nome: CÂNCER SNC

Descritivo:

Data Início: 05/10/2012 Data Término: ☐ Inativo

Grupo Amostra

Descrição	Ações
MENINGIOMA	
GLIOMA	
OUTROS SNC	

Figura 7 Imagem ilustrativa da tela com as características de um dos Projetos cadastrados no sistema

Após a seleção de um Projeto, é permitida a Alteração dos dados, se necessário. O ícone torna disponível essa opção.

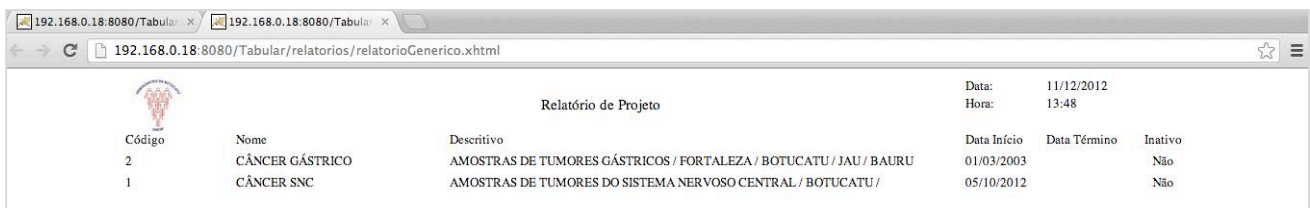
Caso seja necessária a exclusão do Projeto, o ícone deverá ser escolhido. Somente os Projetos que não tenham resultados de análises vinculadas a ele poderão ser excluídos.

O ícone  permitirá a Inclusão de novos Projetos.

Caso o usuário necessite de um relatório para simples-conferência das características atribuídas aos Projetos, basta selecionar o ícone  e escolher o formato de arquivo desejado, dentre os quais: *Acrobat* PDF, Excel, Word ou HTML (Figura 8). A Figura 9 demonstra um exemplo desse tipo de relatório.



Figura 8 Opções de formatos disponíveis dos relatórios gerados.



Código	Nome	Descritivo	Data Início	Data Término	Inativo
2	CÂNCER GÁSTRICO	AMOSTRAS DE TUMORES GÁSTRICOS / FORTALEZA / BOTUCATU / JAU / BAURU	01/03/2003		Não
1	CÂNCER SNC	AMOSTRAS DE TUMORES DO SISTEMA NERVOSO CENTRAL / BOTUCATU /	05/10/2012		Não

Figura 9 Relatório para simples-conferência das características dos Projetos cadastrados

O botão  aborta a operação em execução.

4.2.1.2 Cadastros/Grupos de Amostras

O módulo "GRUPO DE AMOSTRAS" permitirá a Pesquisa, Inclusão, Alteração, Exclusão e Emissão de Relatórios, como pode ser observado na tela ilustrada na Figura 10.

O Grupo de Amostras agrupa as amostras de acordo com a suas características. O agrupamento é definido pelo Administrador do Sistema e podem ser criados quantos grupos forem necessários.

Figura 10 Detalhe da tela de Inclusão, Alteração, Exclusão e Relatório dos Grupos de Amostras

4.2.1.3 Cadastros/Amostras

O módulo "AMOSTRAS" permitirá a Pesquisa, Inclusão, Alteração, Exclusão e Emissão de Relatórios das amostras que serão analisadas em um ou mais projetos, como pode ser observado na tela ilustrada na Figura 11.

Figura 11 Detalhe da tela de Inclusão, Alteração, Exclusão e Relatório das Amostras

Ao clicar no botão de pesquisa, o sistema retorna uma listagem (Figura 12) onde todas as amostras previamente cadastradas serão exibidas. Para maiores informações a respeito de alguma amostra (Figura 13), basta selecionar sobre a linha do registro.

Pesquisa Amostra

Pesquisa: Descrição Ordenação: Descrição Crescente

Resultado da Pesquisa

(1 of 8) << 1 2 3 4 5 6 7 8 >>

Código	Descrição	Grupo Amostra
1	TC001	SNC_GLIOMA
2	TC002	SNC_MENINGIOMA
3	TC003	SNC_GLIOMA
4	TC004	SNC_MENINGIOMA
5	TC005	SNC_GLIOMA
6	TC006	SNC_MENINGIOMA
9	TC008	SNC_MENINGIOMA
11	TC009	SNC_MENINGIOMA
12	TC010	SNC_GLIOMA
14	TC012	SNC_MENINGIOMA
15	TC013	SNC_MENINGIOMA
16	TC014	SNC_GLIOMA
17	TC015	SNC_MENINGIOMA
18	TC016	SNC_GLIOMA

(1 of 8) << 1 2 3 4 5 6 7 8 >>

Figura 12 Tela de pesquisa pelas Amostras já cadastradas

Manutenção de Amostra - [Alteração]

Amostra

Código: 6

Descrição: TC006

Grupo Amostra: SNC_MENINGIOMA ☐ Inativo

Valor

Classificação: DADOS PESSOAIS

Descrição	Valor
NOME	JOÃO JOSÉ
INICIAIS	JJ
RG INSTITUIÇÃO SAÚDE	12345678910
PROCEDÊNCIA	BOTUCATU
DATA DA COLETA	16/02/2000
IDADE	23
SEXO	MASCULINO

Figura 13 Imagem ilustrativa da tela com as características de uma das amostras cadastradas. Por questões éticas, os dados de identificação dessa amostra são fictícios.

O módulo de Cadastro de Amostras é composto por campos previamente definidos pelo Administrador do Sistema. Tais campos foram aqui definidos como "Valor" (opção Cadastro/Valor, detalhado mais adiante). Valores são informações/variáveis que caracterizam a amostra, como por exemplo *nome do paciente*, *sexo*, *idade*, *cidade de procedência da amostra*, entre outros.

4.2.1.4 Cadastros/Classificação

Esse módulo será utilizado para agrupar os Valores das Amostras. Por exemplo, a classificação *Dados Pessoais* agrupa os valores *nome do paciente*, *sexo*, *idade* e *cidade de procedência da amostra*.

Será também permitida a Pesquisa, Inclusão, Alteração, Exclusão e Emissão de relatórios das classificações. Para melhor compreensão, a figura 14 ilustra a tela do módulo.

Manutenção de Classificação - [Visualização]

Classificação

Código: 1

Descrição: DADOS PESSOAIS

Ordem: 0 ☐ Inativo

Valor

Descrição	Ações
NOME	↑ ↓
INICIAIS	↑ ↓
RG INSTITUIÇÃO SAÚDE	↑ ↓
PROCEDÊNCIA	↑ ↓
DATA DA COLETA	↑ ↓
IDADE	↑ ↓
SEXO	↑ ↓

Figura 14 Tela do módulo Classificação, que agrupa os Valores (variáveis) da amostra

4.2.1.5 Cadastros/Valor

O módulo "VALOR" permitirá a Pesquisa, Inclusão, Alteração, Exclusão e Emissão de Relatórios dos Valores de cada amostra (Figura 15). Valores são informações/variáveis que caracterizam a amostra, como por exemplo *nome do paciente, sexo, idade, cidade de procedência da amostra*, entre outros.

Nesse módulo, o administrador irá definir quais são as variáveis que deverão ser informadas para caracterizar as amostra. Como existem variáveis com atributos e unidades próprias, será permitida a escolha do tipo de dado mais adequado ao campo.

Manutenção de Valor

Valor

Código: 0

Descrição:

Classificação:

Ordem: 0 Tipo Dado:

☐ Lista ☐ Inativo

Botão de salvar (seta vermelha)

Figura 15 Tela inicial do módulo VALOR.

Para melhor compreensão dessa importante etapa de cadastro, uma simulação de cadastro de VALOR será apresentada:

SIMULAÇÃO: incluir a variável SEXO no cadastro de Amostras.

I. No menu de cadastros, selecionar VALOR (Figura 16)

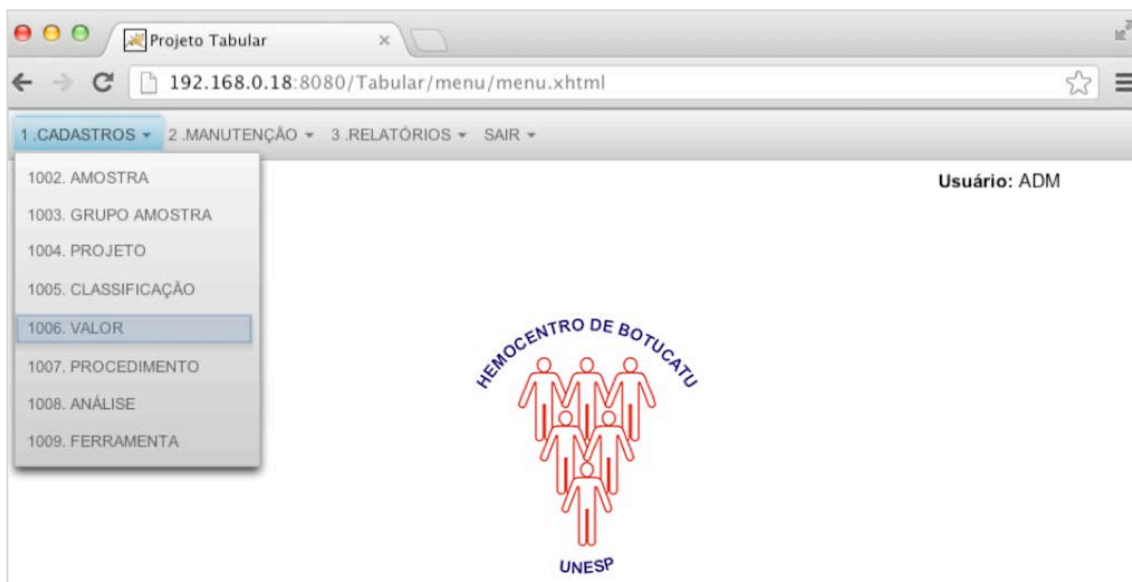
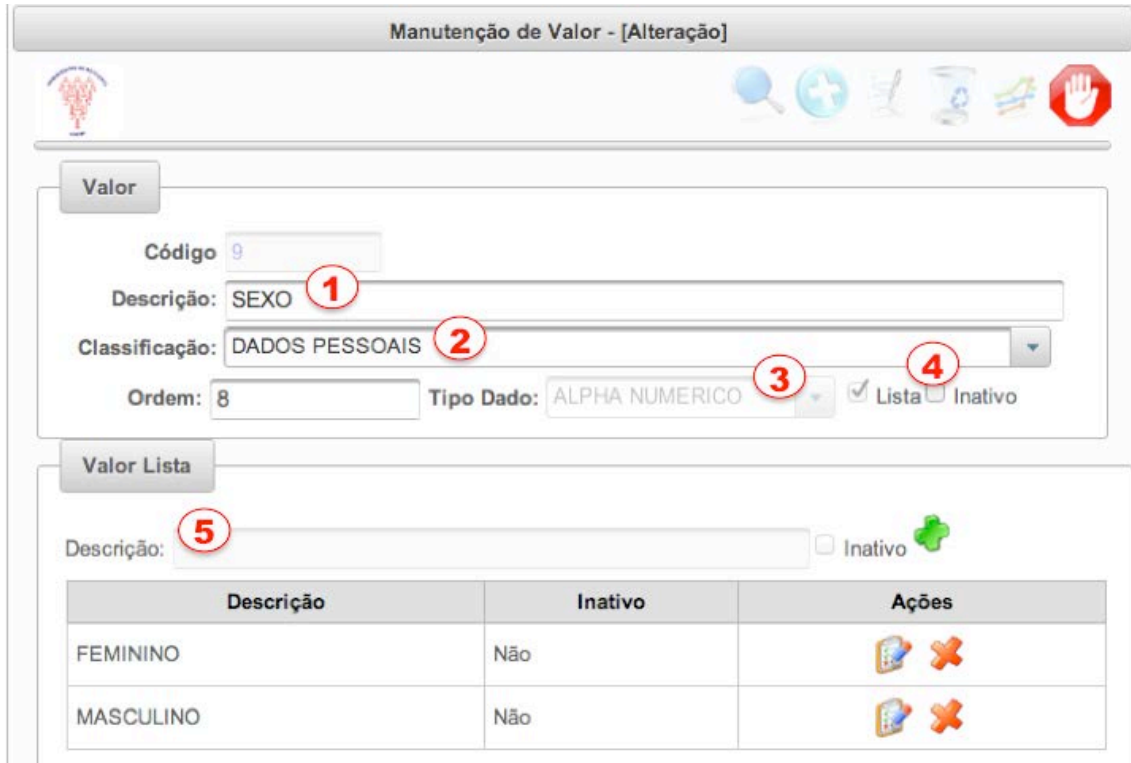


Figura 16 Seleção MENU PRINCIPAL/CADASTROS/VALOR

- II. Clicar no ícone  (canto superior direito) para incluir novo VALOR (Figura 15).
 III. Será apresentada a tela ilustrada a seguir:



Manutenção de Valor - [Alteração]

Valor

Código: 9

Descrição: SEXO

Classificação: DADOS PESSOAIS

Ordem: 8 Tipo Dado: ALPHA NUMERICO

☒ Lista ☐ Inativo

Valor Lista

Descrição:

☐ Inativo

Descrição	Inativo	Ações
FEMININO	Não	 
MASCULINO	Não	 

Figura 17 Tela de inclusão de Valor

IV. Nessa tela informar:

- ① Descrição: SEXO
- ② Classificação: DADOS PESSOAIS <escolher a partir de uma lista previamente cadastrada>
- ③ Tipo de Dado: ALPHA NUMÉRICO <escolher entre ALPHA NUMÉRICO, NUMÉRICO DECIMAL ou NUMÉRICO INTEIRO>
- ④ <marcar a opção lista> Indica que essa variável apresentará ao usuário uma lista de opções
- ⑤ Digitar as possíveis opções para essa variável, selecionando o ícone  a cada item a ser incluído.

Caso a variável deva ser digitada pelo usuário (por exemplo, Nome Paciente: *João José da Silva*) a opção LISTA não deve ser selecionada.

Para as variáveis numéricas é permitido usar valores inteiros ou decimais. Nesse caso, a opção LISTA não deve ser selecionada.

4.2.1.6 Cadastros/Procedimento

O módulo "PROCEDIMENTO" permitirá a Pesquisa, Inclusão, Alteração, Exclusão e Emissão de Relatórios de todos procedimentos que serão executados em cada projeto (Figura 18). Procedimentos são os testes laboratoriais que serão executados em cada amostra, como por exemplo (1) *detecção por PCR (Reação em Cadeia da Polimerase) da bactéria Helicobacter pylori* (PCR-HP), (2) análise de metilação no gene *BRCA1* por MSP-PCR (BRCA1-MSP), entre outros.

The screenshot shows the 'Manutenção de Procedimento' window. It has a title bar and a toolbar with icons for search, add, edit, delete, and print. The main area has two tabs: 'Procedimento' and 'Procedimento Variável'. The 'Procedimento' tab is active, showing fields for 'Código' (with value 0), 'Descrição', 'Observação', and 'Projeto'. There is also an 'Inativo' checkbox. The 'Procedimento Variável' tab is also visible, showing fields for 'Ordem' (with value 0), 'Descrição', and 'Tipo Dado'. There are also 'Lista' and 'Inativo' checkboxes. At the bottom, there is a table with columns for 'Ordem', 'Descrição', 'Inativo', and 'Ações'.

Figura 18 Tela inicial do módulo PROCEDIMENTO.

É permitida inclusão de quantos testes laboratoriais forem necessários, em qualquer etapa do projeto.

Para melhor compreensão dessa importante etapa de cadastro, uma simulação de cadastro de PROCEDIMENTO será apresentada abaixo:

SIMULAÇÃO: incluir o procedimento MSP-PCR - BRCA1 (análise do perfil de metilação do gene *BRCA1* pela técnica MSP-PCR).

I. No menu de cadastros, selecionar PROCEDIMENTO (figura 19).

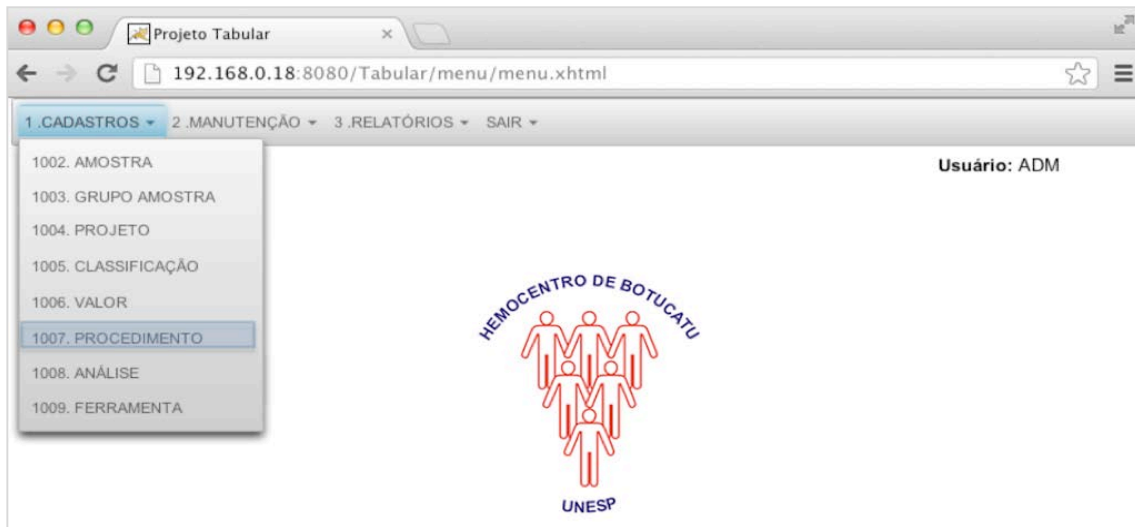


FIGURA 19 Seleção MENU PRINCIPAL/CADASTROS/PROCEDIMENTO

II. Clicar no ícone (canto superior direito) para incluir novo PROCEDIMENTO (Figura 18) será apresentada a tela ilustrada abaixo:

Manutenção de Procedimento - [Alteração]

Procedimento

Código: 2

Descrição: METILAÇÃO BRCA1 **1**

Observação: TECNICA MSP PCR **2**

Projeto: CÂNCER SNC **3** ☐ Inativo

Procedimento Variável

Ordem: 0 Descrição: MSP PCR **4** Tipo Dado: ALPHA NUMERICO **5** ☒ Lista ☐ Inativo **6**

Procedimento Variável **Procedimento Variável Lista**

Descrição: **7** ☐ Inativo

Descrição	Inativo	Ações
METILADO	Não	
NÃO METILADO	Não	

Figura 20 Tela de inclusão de Procedimento.

III. Nessa tela informar:

- ① Descrição: METILAÇÃO BRCA1<identificação do teste/análise>
- ② Observação: <opcional>
- ③ Projeto: SNC <informar a qual projeto esse procedimento pertence >
- ④ Descrição da Variável: MSP PCR
- ⑤ Tipo de Dado: ALPHA NUMÉRICO <escolher entre ALPHA NUMÉRICO, NUMÉRICO DECIMAL ou NUMÉRICO INTEIRO>
- ⑥ <marcar a opção lista> Indica que essa variável apresentará ao usuário uma lista de opções
- ⑤ Digitar as possíveis opções para essa variável, selecionando o ícone  a cada item a ser incluído.

Caso o resultado deva ser digitado pelo usuário a opção LISTA não deve ser selecionada.

4.2.1.6 Cadastros/Análise

O módulo "ANÁLISE" permitirá a Pesquisa, Inclusão, Alteração, Exclusão e Emissão de Relatórios dos resultados dos procedimentos (análises) de cada amostra.

Abaixo é apresentada uma simulação da digitação de resultados da análise de metilação do gene *BRCA1* em uma amostra do Sistema Nervoso Central (SNC):

I. No menu de cadastros, selecionar ANÁLISE (Figura 21)

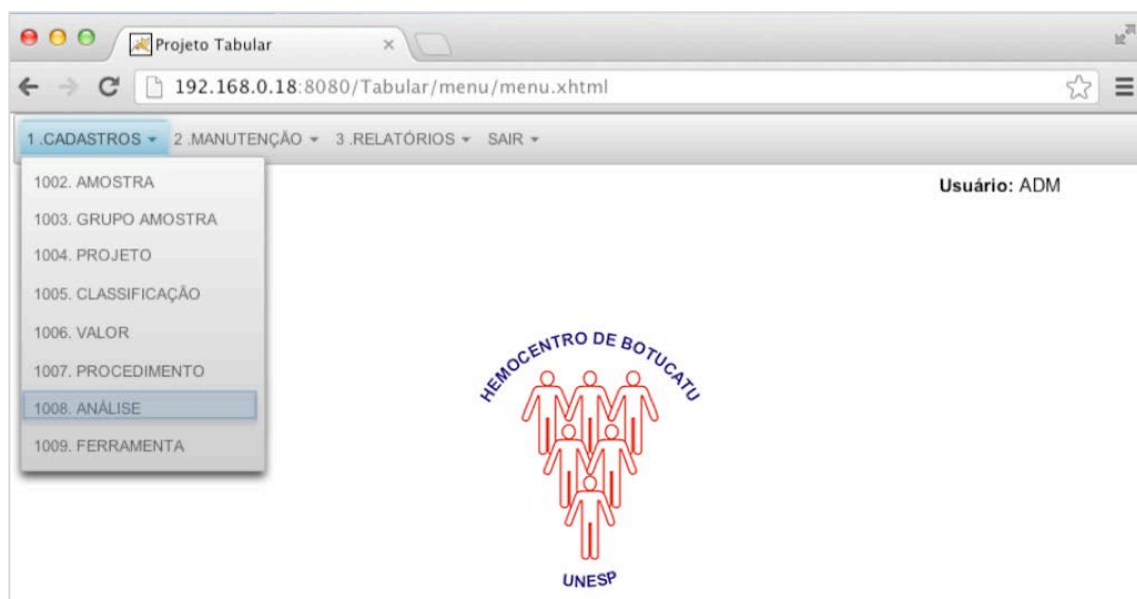
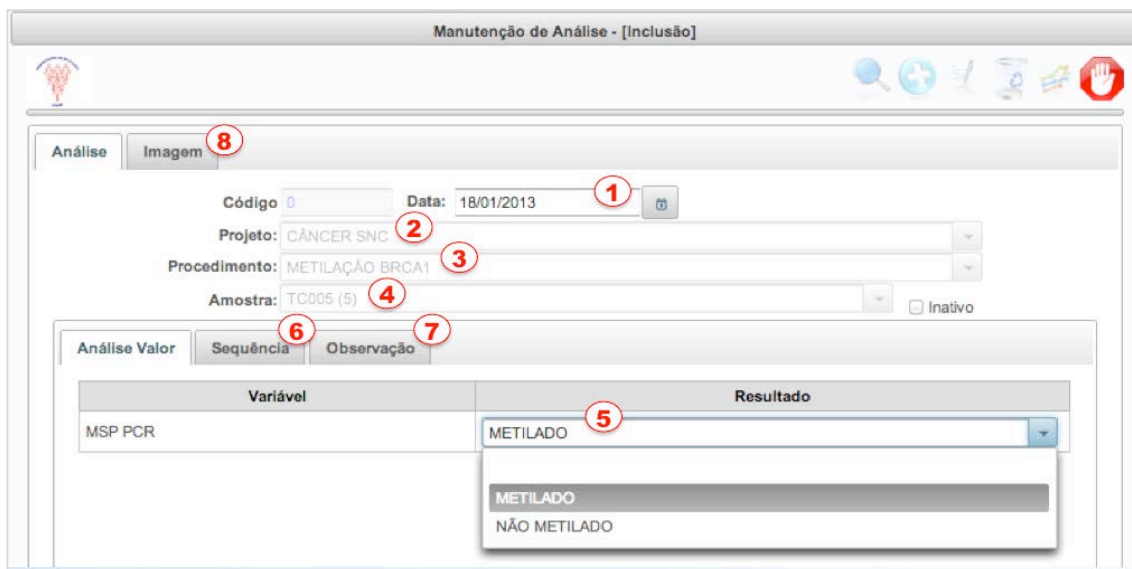


Figura 21 Seleção MENU PRINCIPAL/CADASTROS/ANÁLISE

- II. Clicar no ícone  (canto superior direito) para incluir uma nova ANÁLISE.
- III. Será apresentada a tela ilustrada abaixo:



Manutenção de Análise - [Inclusão]

Ícone de adição (destacado com círculo vermelho 8)

Campos de formulário:

- Código: 0
- Data: 18/01/2013 (destacado com círculo vermelho 1)
- Projeto: CÂNCER SNC (destacado com círculo vermelho 2)
- Procedimento: METILAÇÃO BRCA1 (destacado com círculo vermelho 3)
- Amostra: TC005 (5) (destacado com círculo vermelho 4)
- Inativo: ☐

Abas: Análise Valor (destacado com círculo vermelho 6), Sequência (destacado com círculo vermelho 7), Observação (destacado com círculo vermelho 7)

Variável	Resultado
MSP PCR	METILADO (destacado com círculo vermelho 5)

Lista de resultados para MSP PCR:

- METILADO
- NÃO METILADO

Figura 22 Tela de inclusão de Resultados de Análise.

IV. Nessa tela informar:

- ① Data: <data em que a análise foi realizada >
- ② Projeto: CÂNCER SNC <escolher a partir de uma lista dos Projetos previamente cadastrados>
- ③ Procedimento: METILAÇÃO BRCA1 <escolher a partir de uma lista dos Procedimentos previamente cadastrados>
- ④ ANÁLISE VALOR: METILADO <escolher a partir de uma lista de resultados previamente cadastrados>
- ⑤ Tipo de Dado: ALPHA NUMÉRICO <escolher entre ALPHA NUMÉRICO, NUMÉRICO DECIMAL ou NUMÉRICO INTEIRO>
- ⑥ Caso seja necessário armazenar uma sequência de nucleotídeos, basta selecionar a aba SEQUENCIA (Figura 23) e "colar" a sequencia.
- ⑦ Caso seja necessário incluir alguma observação a respeito do resultado, basta selecionar a aba OBSERVAÇÃO.
- ⑧ Caso seja necessário incluir uma imagem para documentar o resultado, basta selecionar a aba IMAGEM (Figura 24) selecionar o arquivo a partir de uma pasta no computador e incluí-lo. São aceitos os formatos JPG, GIF, PNG.

Manutenção de Análise - [Alteração]

Análise Imagem

Código: 196 Data: 27/11/2012

Projeto: CÂNCER SNC

Procedimento: METILAÇÃO BRCA1

Amostra: TC117 (124) ☐ Inativo

Análise Valor Sequência Observação

```

CCACNNCNGNTCCACTCCCTAATTAAACCATAAAATAAACTTCTCTAAAAATAAAACAATCTCNCGGTAAATCTCCAACCCACGAAAAANCCTCT
NNTNCTCANNCTGCTCTNTTTGACCTGTGGTAAAGTCTNNATAATNCNCCTGAACGTNGNTCTTGCNGTTAGTNGTTCNTGGGGGATATTGN
NNATTCGGGGAGGCCACNNCNGNTCCACTCCCTAATTAAACCATAAAATAAACTTCTCTAAAAATAAAACAATCTCNCGGTAAATCTCCAACCC
TACGAAANCCCTCTNNTNCTCANNCTGCTCTNTTTGACCTGTGGTAAAGTCTNNATAATNCNCCTGAACGTNGNTCTTGCNGTTAGTNGTTC
NTGGGGGATATTGNNNATTCGGGAAGN
  
```

Figura 23 Tela de inclusão de Sequencia de nucleotídeos (formato FASTA) nos Resultados de Análise.

Manutenção de Análise - [Alteração]

Análise Imagem

+ Selecionar Enviar Cancelar

Figura 24 Tela de inclusão de Imagem nos Resultados de Análise.

4.2.1.6 Cadastros/Ferramentas

O módulo "FERRAMENTAS" tem como objetivos facilitar o acesso a endereços de internet que possam servir como ferramentas para análises dos dados de pesquisa. Os endereços são cadastrados conforme as necessidades dos usuários e são definidos pelo Administrador do sistema. Para acessar o site cadastrado, basta clicar sobre o endereço do site. A figura 25 ilustra a tela inicial do módulo.

Pesquisa Ferramenta de Análise

Pesquisa: Descrição Ordenação: Descrição Crescente

Resultado da Pesquisa

Código	Descrição	Endereço
3	BLAST / BASIC LOCAL ALIGNMENT SEARCH TOOL	blast.ncbi.nlm.nih.gov
4	GENE CARDS	www.genecards.org
1	NATIONAL CENTER FOR BIOTECHNOLOGY INFORMATION	www.ncbi.nlm.nih.gov
2	PUBMED	www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/

Figura 25 Tela de Pesquisa dos sites cadastrados no módulo ferramentas.

4.2.2 Manutenção

O menu Manutenção permite ao Administrador ter acesso aos módulos para gerenciar o acesso e o uso do sistema. É composto pelos módulos Usuário, Log e Perfil, descritos a seguir.

4.2.2.1 Manutenção/Usuário

O módulo USUÁRIO permite pesquisar, incluir, excluir e alterar os usuários do sistema. Somente o Administrador terá acesso a essa modalidade.

O gerenciamento do perfil do usuário, ou seja, a quais Projetos, Módulos e permissões (incluir, excluir, alterar, etc.) ele terá acesso, também é atividade exclusiva do Administrador (A figura 26).

Manutenção de Usuário

Usuário

Código:

Nome: Sobrenome:

Login:

Perfil:

Projeto

Nome	Ações

Credenciais

Senha:

Confirmar Senha:

☐ Administrador ☐ Inativo



Figura 26 Tela de Inclusão de Usuários

4.2.2.2 Manutenção/Log

Esse módulo permite ao Administrador consultar os acessos realizados ao sistema pelos usuários, detalhando a sua utilização (Figura 27).

Manutenção de Log

Período
 Data Inicial: 11/12/2012 00:00 Data Final: 11/12/2012 16:45

Evento: ☒ Todos Módulo: ☒ Todos Permissão: ☒ Todos Usuário: ☒ Todos Endereço IP:

Resultado da Pesquisa

(1 of 2) 1 2

Chave	Data / Hora	Endereço IP	Usuário	Evento	Módulo	Permissão
	11/12/2012 01:11:43	192.168.0.10	ADM	LOGIN EFETUADO COM SUCESSO	MENU PRINCIPAL	
	11/12/2012 02:11:22	0:0:0:0:0:0:1	ADM	LOGIN EFETUADO COM SUCESSO	MENU PRINCIPAL	
	11/12/2012 02:12:11	192.168.0.10	ADM	LOGIN EFETUADO COM SUCESSO	MENU PRINCIPAL	
	11/12/2012 02:17:59	192.168.0.10	ADM	LOGIN EFETUADO COM SUCESSO	MENU PRINCIPAL	
	11/12/2012 11:00:44	192.168.0.10	ADM	LOGIN EFETUADO COM SUCESSO	MENU PRINCIPAL	
	11/12/2012 11:25:56	192.168.0.10	ADM	LOGIN EFETUADO COM SUCESSO	MENU PRINCIPAL	
	11/12/2012 12:03:14	192.168.0.10		LOGIN NÃO EFETUADO	MENU PRINCIPAL	
	11/12/2012 12:03:21	192.168.0.10	ADM	LOGIN EFETUADO COM SUCESSO	MENU PRINCIPAL	
	11/12/2012 13:14:57	0:0:0:0:0:0:1	ADM	LOGIN EFETUADO COM SUCESSO	MENU PRINCIPAL	
	11/12/2012 13:20:14	192.168.0.10	ADM	LOGIN EFETUADO COM SUCESSO	MENU PRINCIPAL	
	11/12/2012 13:35:15	192.168.0.10	ADM	LOGIN EFETUADO COM SUCESSO	MENU PRINCIPAL	
1	11/12/2012 13:46:17	192.168.0.10	ADM	ALTERAÇÃO EFETUADO COM SUCESSO	PROJETO	ALTERAR
	11/12/2012 13:46:42	192.168.0.10		LOGIN NÃO EFETUADO	MENU PRINCIPAL	
	11/12/2012 13:46:48	192.168.0.10		LOGIN NÃO EFETUADO	MENU PRINCIPAL	

(1 of 2) 1 2

Gerar Relatório
☒ Agrupado por Módulo ☐ Período  

Figura 27 Tela de Log do sistema

4.2.2.3 Manutenção/Perfil

No módulo PERFIL, será discriminado quais serão os módulos e permissões de cada perfil de usuário. O gerenciamento deste módulo é exclusivo ao Administrador (Figura 28).

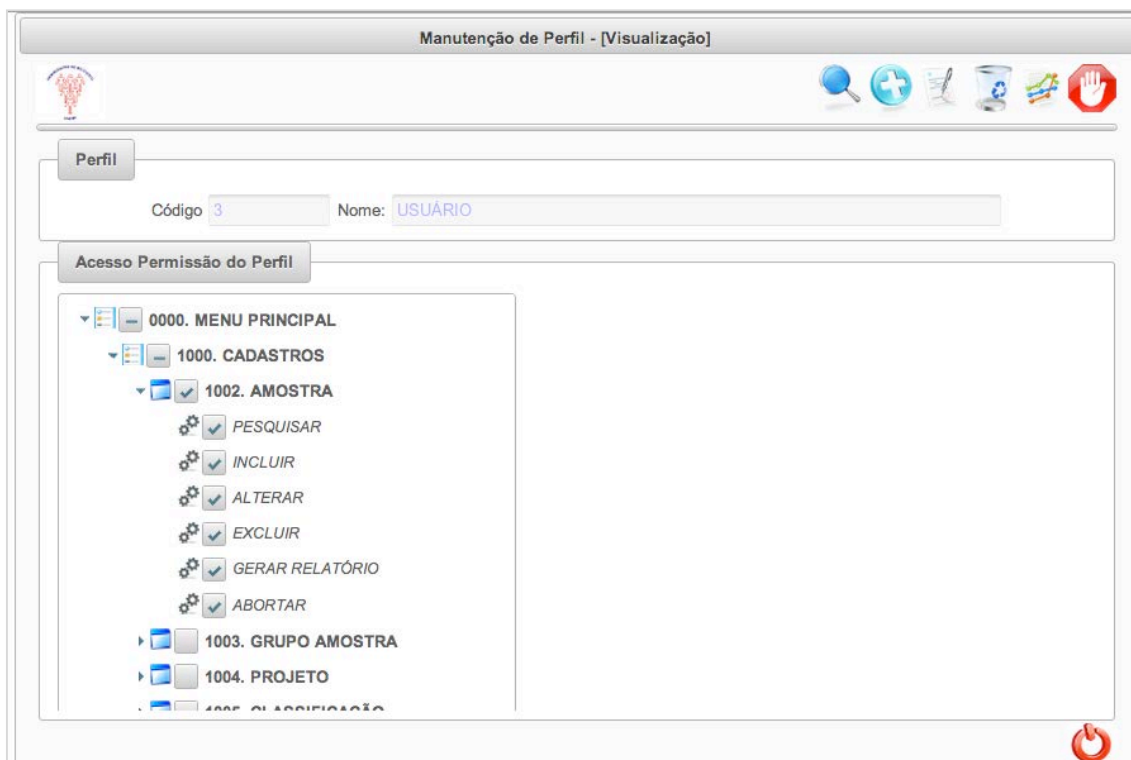


Figura 28 Detalhe da tela de gerenciamento dos perfis de usuário pelo Administrador

4.2.3 Relatórios

Nessa opção, o usuário tem acesso aos relatórios gerados a partir dos resultados dos Projetos.

As correlações e parâmetros das análises serão determinados de acordo com as necessidades definidas pelos usuários. Não existem restrições quanto ao número de variáveis escolhidas para as correlações.

São permitidas análises entre amostras de um mesmo Projeto ao entre Projetos diferentes, bastando apenas que compartilhem as mesmas amostras.

A inclusão, alteração e exclusão dos relatórios pode ser realizada em qualquer etapa dos Projetos.

Para melhor compreensão da utilização desse módulo, alguns exemplos de relatórios são apresentados a seguir.

Exemplo 1: Emissão do Relatório "Análise da metilação do gene *BRCA1* em tumores de SNC distribuídos por sexo".

I. No menu Relatórios, selecionar "Relatório Análise" e será exibida a tela abaixo:

Figura 29 Tela de Inclusão de Relatórios de Análise

- II. Clicar em  para incluir um novo relatório. Esse procedimento será realizado somente uma vez. Nas próximas consultas, essa opção de relatório já estará armazenada e disponível.
- III. Indicar de qual(is) projeto(s) pertencem os parâmetros a serem analisados.
No presente exemplo: *Câncer SNC*
- IV. Escolher os parâmetros da amostra que serão correlacionados.
No presente exemplo: *Sexo* (Figura 30)

Valor	Ord.	Imprime	Intervalo	Con. Ini.	Valor Condição Inicial	Con. Fin.	Valor Condição Final	Ações
SEXO	0	Sim	Não					   

Figura 30 Seleção de parâmetros da Amostra

- V. Escolher os parâmetros da análise que serão correlacionados.
No presente exemplo: *MSP - BRCA1* (Figura 31)

Projeto	Procedimento	Procedimento Variável	Ord.	Imprime	Intervalo	Con. Ini.	Valor Condição Inicial	Con. Fin.	Valor Condição Final	Ações
CÂNCER SNC	METILAÇÃO BRCA1	MSP PCR	0	Sim	Não					   

Figura 31 Seleção de parâmetros dos Procedimentos

- VI. Salvar o relatório clicando no ícone .
- VII. O relatório poderá ser visualizado na opção  (canto superior direito da tela)
- VIII. Será exibida o painel de opções ilustrado a seguir:

Informe os dados para filtrar os dados

Data Início:

Data Término:

☒ Todos

Tipo de Relatório ☐ Listagem de Análises ☒ Tabela de Análises

Figura 32 Painel de Opções do Relatório de Análises

- IX. Nessa tela (Figura 32) o usuário poderá determinar o período e a forma de apresentação dos dados (Listagem ou Tabela)
- X. Após confirmação dos parâmetros desejados , será exibida uma tela de pré visualização dos dados, como ilustrado abaixo:

Relatório de MSP BRCA1 X SEXO			
Código	Amostra	Sexo	Msp pcr
88	TC085	Feminino	Metilado
Subtotal:	1 / 11	9,09 %	
118	TC083	Feminino	Não metilado
Subtotal:	1 / 11	9,09 %	
79	TC076	Masculino	Metilado
80	TC077	Masculino	Metilado
82	TC079	Masculino	Metilado
83	TC080	Masculino	Metilado
84	TC081	Masculino	Metilado
85	TC082	Masculino	Metilado
87	TC084	Masculino	Metilado
Subtotal:	7 / 11	63,64 %	
78	TC075	Masculino	Não metilado
81	TC078	Masculino	Não metilado
Subtotal:	2 / 11	18,18 %	

Gerar Relatório

Figura 33 Tela de pré visualização dos dados do Relatório de Análise

IX. É permitida a escolha do tipo de arquivo em que o relatório será gerado: PDF, XML ou CSV.

O relatório em formato PDF pode ser visualizado a seguir.

MSP BRCA1 X SEXO		Data:22/01/2013 - 22:59h	
Código	Amostra	Sexo	Msp pcr
88	TC085	Feminino	Metilado
Subtotal:	1 / 11	9,09 %	
118	TC083	Feminino	No metilado
Subtotal:	1 / 11	9,09 %	
79	TC076	Masculino	Metilado
80	TC077	Masculino	Metilado
82	TC079	Masculino	Metilado
83	TC080	Masculino	Metilado
84	TC081	Masculino	Metilado
85	TC082	Masculino	Metilado
87	TC084	Masculino	Metilado
Subtotal:	7 / 11	63,64 %	
78	TC075	Masculino	No metilado
81	TC078	Masculino	No metilado
Subtotal:	2 / 11	18,18 %	

Exemplo 2 Emissão do Relatório "Análise da metilação do gene *FOXE1* em tumores de SNC do tipo histológico meningioma em pacientes com idade superior a 45 anos".

I. No menu Relatórios, selecionar "Relatório Análise" e será exibida a tela abaixo:

Figura 34 Tela de Inclusão de Relatórios de Análise

- II. Clicar em  para incluir um novo relatório.
- III. Indicar de qual(is) projeto(s) pertencem os parâmetros a serem analisados.
No presente exemplo: *Câncer SNC*

IV. Escolher os parâmetros da amostra que serão correlacionados (Figura 35)

No presente exemplo: *Tipo histológico* = meningioma

Idade > 45 anos

Manutenção de Relatório Dado Análise - [Alteração]

Relatório Dado Análise

Código: 6 Título: MSP FOXE1 X TIPO HISTOLOGICO X ID Totalizar: ☒ Não Ordenar: ☐

Projeto Parâmetros Amostra Parâmetros Análise Descritivo

Ordem: 0 Valor: Imprime: NÃO

Condição Inicial: Valor Condição Inicial:

Valor	Ord.	Imprime	Intervalo	Con. Ini.	Valor Condição Inicial	Con. Fin.	Valor Condição Final	Ações
TIPO HISTOLÓGICO DO TUMOR	1	Sim	Não	=	MENINGIOMA			   
IDADE	2	Sim	Não	>	45			   

Figura 35 Seleção de Parâmetros da Amostra

V. Escolher os parâmetros da análise que serão correlacionados.

No presente exemplo: *MSP - FOXE1* (Figura 36)

Relatório Dado Análise

Código: 6 Título: MSP FOXE1 X TIPO HISTOLOGICO X ID Totalizar: ☒ Não Ordenar: ☐

Projeto Parâmetros Amostra Parâmetros Análise Descritivo

Ordem: 0 Procedimento Variável: Imprime: NÃO

Condição Inicial: Valor Condição Inicial:

Projeto	Procedimento	Procedimento Variável	Ord.	Imprime	Intervalo	Con. Ini.	Valor Condição Inicial	Con. Fin.	Valor Condição Final	Ações
CÂNCER SNC	METILAÇÃO FOXE1	MSP PCR	0	Sim	Não					   

Figura 36 Seleção de Parâmetros de Análise

VI. Salvar o relatório clicando no ícone .

VII. O relatório poderá ser visualizado na opção (canto superior direito da tela)

O relatório em formato PDF é demonstrado abaixo.

MSP FOXE1 X GLIOMA X IDADE		Data:23/01/2013 - 20:38h	
Cdigo	Amostra	Tipo histolgico do tumor	Msp pcr
25	TC022	Glioblastoma multiforme	Metilado
38	TC035	Glioblastoma multiforme	Metilado
56	TC053	Glioblastoma multiforme	Metilado
58	TC055	Glioblastoma multiforme	Metilado
80	TC077	Glioblastoma multiforme	Metilado
81	TC078	Glioblastoma multiforme	Metilado
Subtotal:	6 / 12	50,00 %	
1	TC001	Glioblastoma multiforme	No metilado
2	TC002	Glioblastoma multiforme	No metilado
3	TC003	Glioblastoma multiforme	No metilado
18	TC016	Glioblastoma multiforme	No metilado
52	TC049	Glioblastoma multiforme	No metilado
55	TC052	Glioblastoma multiforme	No metilado
Subtotal:	6 / 12	50,00 %	

4.3 Implementação

Após a análise dos requisitos necessários ao desenvolvimento do *software* supracitado, optou-se pela composição do sistema em 13 módulos desenvolvidos em JSF 2.0, utilizando componentes de interface *PrimeFaces* 3.4.

O banco de dados *Firebird* 2.1.5 foi utilizado para a construção das 32 tabelas do sistema.

Cada módulo possui uma estrutura padrão de recursos, visando facilitar a usabilidade do sistema.

O acesso é registrado e pode ser visualizado no módulo de *Log*, permitindo não só a auditoria de uso do sistema, como também um fácil rastreamento da movimentação de seus dados. Todo acesso aos módulos são validados em tempo de execução, garantindo a segurança no acesso de suas informações.

Visando a independência de plataforma de sistema operacional optou-se pelo desenvolvimento em linguagem Java, permitindo o uso de tecnologia de *software* livre.

O sistema é implementado em linguagem Português, contudo, futuramente será disponibilizada a opção em Inglês.

5. Considerações Finais

O presente estudo propôs-se ao desenvolvimento de um *software* para o gerenciamento de amostras geradas a partir de Projetos de Pesquisa na Área de Ciências da Saúde.

A análise e interpretação dos dados obtidos em pesquisa científica é uma atividade essencial quando se busca gerar conhecimento biológico de excelência, uma vez que as análises estatísticas e descritivas são mais confiáveis quando os resultados estão dispostos de maneira padronizada, sem redundâncias ou erros.

Segal e Morris (2008) destacam que a abordagem de criação de *softwares* científicos deve ser diferente do desenvolvimento de *softwares* convencionais. Ferramentas cujo objetivo é o gerenciamento desses dados, devem ser modeladas para atuar em um ambiente extremamente mutável, com novas tecnologias surgindo a todo momento, além das variáveis que, muitas vezes, não podem ser previstas no planejamento de execução de projetos dessa natureza.

Considerando que cada projeto de pesquisa científica possui suas peculiaridades técnicas, diferentes variáveis e, em alguns casos, sistemas próprios de medida ou quantificação dos resultados, optou-se pelo desenvolvimento de um *software* que priorizasse a flexibilidade e o dinamismo na modelagem dos dados. Nesse contexto, é o pesquisador-responsável (definido nesse estudo como Administrador) que, à sua necessidade, determinará quais serão os campos que devem compor a base de dados, bem como a sua ordenação. A composição é dinâmica, possibilitando a inclusão, alteração e/ou inativação dos campos quanto isso se fizer necessário.

O uso de ferramentas com possibilidade de incremento de dados, sem a necessidade de intervenção dos profissionais de TI (Tecnologia da Informação) permitem maior autonomia, com impacto na produtividade e uso do sistema de dados.

Para o desenvolvimento do *software* em questão, os pesquisadores envolvidos nos projetos científicos foram consultados quanto ao modelo de informações a serem gerenciadas.

São raras as iniciativas que visem o desenvolvimento desse tipo de ferramenta na área de pesquisa em Ciências da saúde. O que mais próximo chega a esse objetivo seria a disponibilização de Sistemas de Gerenciamento de Prontuários Médicos, denominado mais apropriadamente como Prontuário Eletrônico do Paciente (PEP) (PATRICIO et al., 2011).

Recentemente, Araujo e colaboradores (2012) desenvolveram um *software* para armazenar os dados clínicos e análises moleculares laboratoriais de pacientes atendidos no Centro de Estudos do Genoma Humano (CEGH), ligado ao Instituto de Biociências da Universidade de São Paulo (USP). Após sua implantação, esse sistema facilitará o acompanhamento e a seleção de pacientes para as pesquisas sobre doenças genéticas, além de permitir ao médico ou geneticista solicitar a realização de exames e obter os resultados tão logo em que estes estiverem finalizados.

Ackerman e Osborne (2005) descrevem o desenvolvimento de um sistema de banco de dados usado para facilitar uma pesquisa clínica com pacientes à espera de cirurgias ortopédicas (substituição de quadril e joelhos) em um Hospital de ensino público (*Royal Melbourne Hospital*). Um sistema de banco de dados eletrônicos foi projetado para receber atualizações diárias da lista de espera e as datas de atendimento clínico e cirurgia. Com esse *software*, novos pacientes foram identificados permitindo recrutamento rápido no momento da entrada para a lista de espera, além de disponibilizar os dados a vários projetos de pesquisa vinculados.

Entretanto, observa-se que as ferramentas descritas acima têm finalidades específicas e restritas, sempre dependendo de um profissional da área da Informática em caso de futuras alterações. Um sistema com as características apresentadas no presente estudo é um instrumento inovador por tratar-se de um *software* que evolui de acordo com as novas necessidades dos grupos de pesquisa.

A combinação das tecnologias de *softwares* livres escolhidas para a implementação do presente Sistema supriram todas as necessidades inerentes aos seus requisitos. Ainda, a manipulação dos dados poderá ser realizada através da *internet* por computadores pessoais de diferentes sistemas operacionais (Windows, Mac OS e Linux) e dispositivos como *Tablets* e *Smartphones*, permitindo o acesso dos dados a

pesquisadores localizados em pontos geográficos distantes, proporcionando a interação entre diferentes grupos de pesquisa.

6. Referências

ACKERMAN, I.N., OSBORNE, R.H. Integrating data to facilitate clinical research: a case study. **Informatics in Primary Care**. v.13, p.263–70, 2005.

ARAÚJO, L.V. et al. A rigorous approach to facilitate and guarantee the correctness of the genetic testing management in human genome information systems. **BMC Genomics**. v.12, (S13), 2011.

BRENTANI, H. et al. The generation and utilization of a cancer oriented representation of the human transcriptome, using Expressed Sequence Tags. **PNAS**, v.100, p.13418-13423, 2003.

COSTA, C.G.A.C. **Desenvolvimento e avaliação tecnológica de um sistema de prontuário eletrônico do paciente, baseado nos paradigmas da World Wide Web e da engenharia de software**. 2001. 268f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Estadual de Campinas, Campinas, 2001.

DATE, C.J. **Introdução a sistemas de bancos de dados**. Rio de Janeiro: Campus, 2000. 803p.

DEITEL, H.M., DEITEL, P.J. **Java: como programar**. 6.ed. São Paulo: Pearson Prentice Hall, 2005. 1500p.

JOHNSON, G.W. **LabVIEW graphical programming: practical applications in instrumentation and control**. New York: McGraw-Hill, 1997. 665p.

LAUDON, K.C., LAUDON, J.P. **Information systems and the internet: a problem solving approach**. 2nd ed. Rio de Janeiro: LTC, 1999. 389 p.

LOMBARDI, I.A.S. et al. **Metilação e expressão do gene BRCA1 em meningiomas**. 2013. 71f. Dissertação (Mestrado) - Faculdade de Medicina de Botucatu, Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 2013.

MACHADO, F., ABREU, M. **Projeto de banco de dados**. 6.ed. São Paulo: Érica, 2002. 392p.

MACHADO, F.N.R. **Banco de dados: projeto e implementação**. São Paulo: Érica, 2004. 398p.

MARCON, A.M. **Aplicações de banco de dados para internet**. 2.ed. São Paulo: Érica, 2002. 366p.

PARDINI, M.I. et al. Boosting virology in Brazil. **PLoS Biol**, v.6, e57, 2008.

PATRÍCIO, C.M. et al. O prontuário eletrônico do paciente no sistema de saúde brasileiro: uma realidade para os médicos? **Scientia Medica**, v.21 (3), p.121-131, 2011.

SANSOM, C.E., SMITH, C.A. Computer applications in biomolecular sciences. Part 2: bioinformatics and genome projects. **Biochemical Education**. v.28, p.127-131, 2000.

SEGAL, J., MORRIS, C. Developing scientific software. **IEEE Software**, v.25(4), p.18-20, 2008.

SIMPSON, A.J.G. et al. The genome sequence of the plant pathogen *Xylella fastidiosa*. **Nature**, v.406, p.151-157, 2000.

SOGAYAR, M.C. et al. A Transcript Finishing Initiative for Closing Gaps in the Human Transcriptome. **Genome Research**, v.14, p.1-11, 2004.

TEIXEIRA, E.B. A Análise de Dados na Pesquisa Científica: importância e desafios em estudos organizacionais. **Desenvolvimento em Questão**. Ano 1(2), p.177-201, 2003.

Anexo A - Protocolo de Aprovação do Projeto no Comitê de Ética da Faculdade de Medicina de Botucatu - UNESP



**Universidade Estadual Paulista
Faculdade de Medicina de Botucatu**

Distrito Rubião Junior, s/nº - Botucatu – S.P.
CEP: 18.618-970
Fone/Fax: (0xx14) 3811-6143
e-mail secretaria: capellup@fmb.unesp.br
e-mail coordenadoria: tsarden@fmb.unesp.br



Registrado no Ministério da Saúde
em 30 de abril de 1997

Botucatu, 03 de setembro de 2012

Of. 437/2012

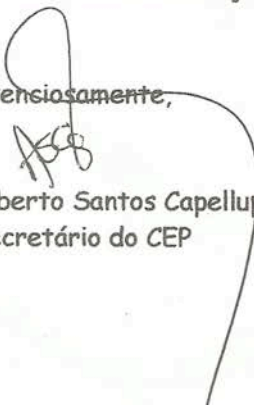
Ilustríssima Senhora
Profª Drª Maria Inês de Moura Campos Pardini
Divisão de Hemocentro da
Faculdade de Medicina de Botucatu

Prezada Profª Maria Inês,

De ordem do Senhor Coordenador, informo que o Projeto de Pesquisa, (Protocolo CEP 4339-2012) "Desenvolvimento de Sistema para gerenciamento de dados de pesquisa", a ser conduzido por Emerson Carlos Sarti Ferrasi, orientado por Vossa Senhoria, recebeu do relator parecer favorável, aprovado em reunião de 03/09/2012.

Situação do Projeto: **APROVADO**. Os pesquisadores deverão apresentar ao CEP ao final da execução do Projeto o "Relatório Final de Atividades".

Atenciosamente,


Alberto Santos Capelluppi
Secretário do CEP