

Red Maple - Workflow-Unterstützung für die Mikrobiologie

Studiengang: BSc in Medizininformatik | Vertiefung:

Betreuer: Prof. Dr. Murat Sariyar

Experte: Jean-Marie Leclerc (Sword Services)

Industriepartner: Universitätsspital Basel Klinische Mikrobiologie, Basel

Die Mikrobiologie entschlüsselt die DNA von Krankheitserregern. Dabei fallen neben den genetischen Daten auch Prozessdaten an. Diese dienen zur Verwaltung der Proben, wie auch der Nachvollziehbarkeit der Untersuchungsergebnisse. In der Bachelorthesis wurde die Softwarelösung Red Maple entwickelt. Diese speichert Prozessdaten in eine Datenbank und macht sie durch ein Webportal zugänglich. Durch die Abbildung der Prozesse werden die Mitarbeiter in ihrer Tätigkeit unterstützt.

Einleitung

Eine der Aufgaben der klinischen Mikrobiologie des Universitätsspitals Basel ist die Gensequenzierung von Krankheitserregern. Bei diesem Prozess fallen Prozessdaten an, die von den Mitarbeitern verwaltet werden müssen. Die bisherig verwendete Lösung zur Verwaltung dieser Daten war nicht zufriedenstellend. Ziel unseres Projekts war es, eine Lösung zu diesem Problem zu entwickeln.

Methodik

- Es wird eine Full Stack Webapplikation zur Workflow-Unterstützung entwickelt
- Für die Webapplikation wird ein Usability Test durchgeführt
- Zusätzlich wird ein Konzept zur Anbindung einer Biobank erarbeitet

Ergebnisse

Im Rahmen der Bachelorthesis wurde die Webapplikation Red Maple für die beiden Anwender Bioinformatiker und Biomediziner entwickelt. Für die Bioinformatik wurde eine Tabellenansicht umgesetzt. Diese erleichtert das Datenmanagement durch ihre Übersichtlichkeit. Zusätzlich können Aufträge mittels CSV-Import erfasst oder Daten exportiert werden. Für die Biomedizin, welche die Genomsequenzierungen durchführt, wurde eine Workflow Unterstützung

implementiert. Der Arbeitsprozess wurde in vier Prozessschritte untergliedert, welche die Arbeitsabläufe abbilden.

- **Geplant:** Darin befinden sich alle Aufträge für die Biomedizin.
 - **Extrahiert:** Enthält alle Proben, deren DNA extrahiert wurde.
 - **Lauf:** Ermöglicht den Mitarbeitern, Arbeitspakete für die Sequenzierung zu definieren.
 - **Sequenziert:** Enthält alle sequenzierten Proben.
- Dadurch erhält der Benutzer einen besseren Überblick in welchem Prozessschritt er sich gerade befinden und welche Schritte als nächstes zu tätigen sind. Die eingegebenen Daten werden danach mittels REST-Schnittstelle in eine NoSQL-Datenbank persistiert. Dank der Einbindung von Sockets verfügen die Benutzer immer über die aktuellsten Daten und können erkennen, welche Datensätze aktuell von anderen Benutzern bearbeitet werden.

Ausblick

Unser Lösungsansatz mit Red Maple hat grossen Anklang bei den Mitarbeitern der Mikrobiologie gefunden. In weiteren Schritten wird abgeklärt, wie es mit Red Maple weitergeht, da ihrerseits ein Interesse besteht die Lösung produktiv einzusetzen.



Jan Philippe Aeschmann



Silvan Dominic Huber



Abbildung: Die vier verschiedenen Prozessansichten der erarbeiteten Lösung Red Maple.