

de médicos que passaram por problemas gerados pelo termo, e, portanto, colocam a defesa legal como fator acima da importância bioética do mesmo. Conclusão: Dessa forma, torna-se importante mencionar que a utilização do TCLE isoladamente não garante que o paciente tenha obtido todos os esclarecimentos necessários. Ademais, comprehende-se que uma conduta ética com o paciente é mais significativa do que utilizar o termo apenas como meio para defender-se de processos.

BIOINFORMÁTICA

2152

A RESTFUL API ENDPOINT FOR THE PRO SCHEDULE SOLVER

TONI ISMAEL WICKERT; ALAN BARONIO MENEGOTTO

HCPA - Hospital de Clínicas de Porto Alegre

Introduction

Personnel rostering aims to assign employees to shifts respecting a set of mandatory and other desired constraints. Pro Schedule Solver is a standalone computer software created to solve the physician and nurse rostering problem. Because it is a standalone program, it cannot communicate with other computers or software components, hindering its usage on network and cluster environments. A Restful Application Programming Interface (API) is a set of Web Services that adhere to the Representational State Transfer (REST) architectural style: client-server model, stateless and a uniform command interface.

Objectives

Enable the Pro Schedule Solver to accept commands dispatched from other computers or software components within a network.

Methods

Requirements gathering and analysis.

Design software architecture.

Define the commands interfaces.

Add a new input form in Pro Schedule Solver that accepts serialized Instance objects, used for constraints definition, using JSON.

Development of the planned architecture using the Java Programming Language and the Spring Framework.

Results

The API was developed using a queue approach to receive problem-solving requests. A scheduler component periodically reads the queue and spawn a new thread for every request found, translating the command received to be executed by the Pro Schedule Solver.

Pro Schedule Solver can now accept the following commands over the network:

/solve, used to send problem constraints and other useful information for the roster calculation.

/reprocess, used to recalculate a nurse roster.

/kill, used to abort a running solving process

/download, used to get the solution of the problem and the solving statistics.

Conclusions

The Pro Schedule Solver partnership between HCPA and UFRGS is another example of the successful integration of academic research bringing benefits to the real world.

A Restful API provides inherent properties such as scalability, simplicity and portability, which enhance the robustness of the communication component developed and increase the usage opportunities of the Pro Schedule Solver.

2896

GENES ENVOLVIDOS EM AUTOFAGIA INFLUENCIAM NA SOBREVIDA GLOBAL EM SARCOMA DE EWING

MATHEUS GIBEKE SIQUEIRA DALMOLIN; MAURÍCIO GOMES; RICARDO MELO FERREIRA; CAROLINE BRUNETTO DE FARIA; ANDRÉ TESAINER BRUNETTO; MARIANE DA CUNHA JAEGER; RAFAEL ROESLER; MARIALVA SINIGAGLIA; RITA M.C. DE ALMEIDA;

UFRGS - Universidade Federal do Rio Grande do Sul

O Sarcoma de Ewing (SE) é um tumor altamente agressivo, afeta ossos e tecidos moles, sendo a segunda neoplasia pediátrica óssea mais frequente. Caracteriza-se pela presença de uma translocação envolvendo o gene EWS e outro gene da família ETS, geralmente FLI1. Apesar do tratamento para doença localizada apresentar uma eficácia comprovada, a sobrevida a longo prazo de pacientes com SE metastático ou que apresentam recidiva é ainda muito baixa. Assim, a detecção de marcadores prognósticos de desfecho do SE no momento do diagnóstico, poderia orientar para um protocolo de tratamento mais eficaz e individualizado de acordo com o perfil de agressividade do tumor.

As análises foram realizadas utilizando dados públicos disponíveis no Gene Expression Omnibus (GEO). Dados de expressão gênica de biópsias de SE, coletadas no momento do diagnóstico e que continham metadados sobre o desfecho dos pacientes: COG (GSE63155), EuroEwing (GSE63156) e Italianos (GSE17679), foram analisados separadamente. Cada coorte foi classificada em dois grupos: (i) SOB (sobreviventes), sobrevida global maior do que cinco anos e (ii) NSOB (não sobreviventes), sobrevida global menor do que cinco anos. A comparação entre os dois desfechos foi realizada utilizando o software The Transcriptogramer V.1, demais análises foram feitas no ambiente R.

Houve diferença significativa do perfil de expressão gênica entre os grupos (SOB e NSOB) das coortes COG e Italianos. O grupo de genes diferencialmente expressos de cada uma das duas coortes foi processado através de várias etapas,