



Gerando laudos médicos em Go

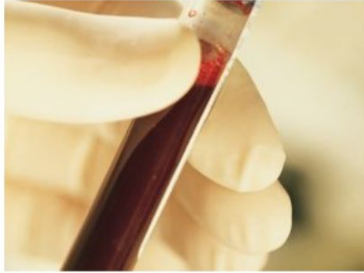
Marco Singer
GopherCon Brasil 2017



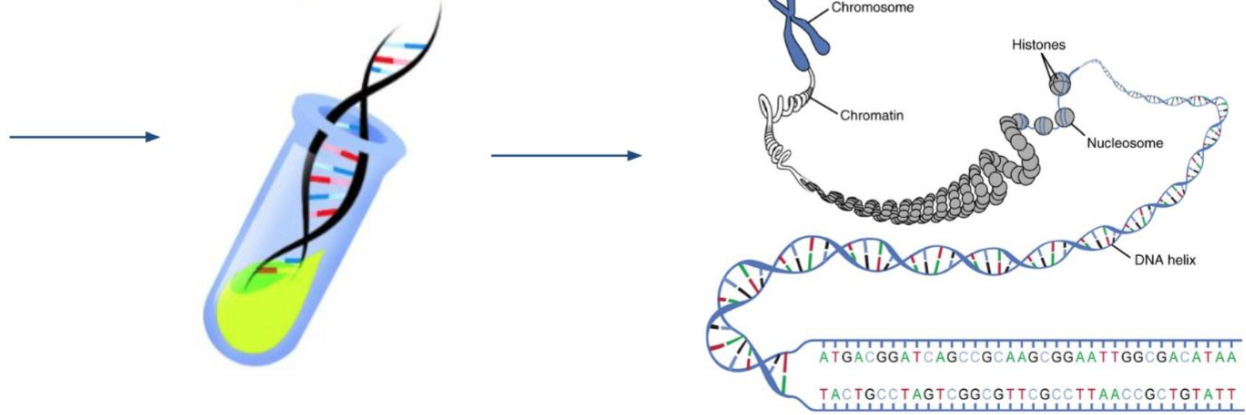
Jogou onde?

- Trabalho com TI desde 2006
- Organizador do Meetup Go em SP
- Empresas
 - Concrete Solutions
 - Locaweb
 - Codeminer42
- Linguagens
 - VB6
 - Java
 - Ruby
 - Javascript
 - Python
 - Go

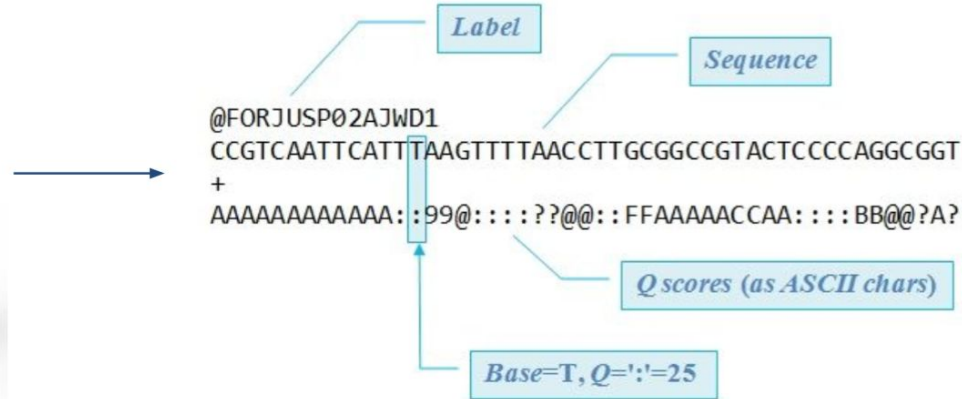




Extração de DNA

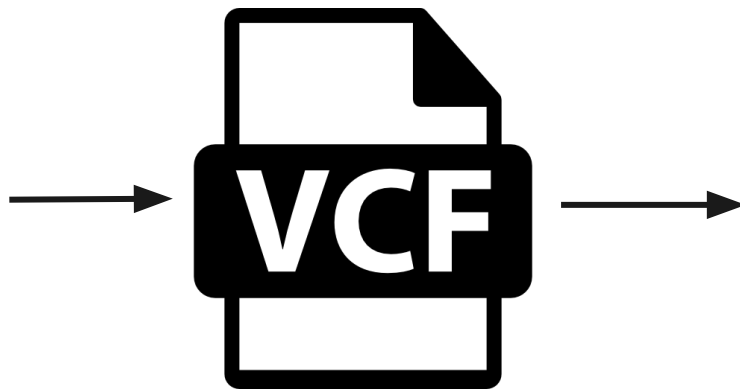


Sequenciamento

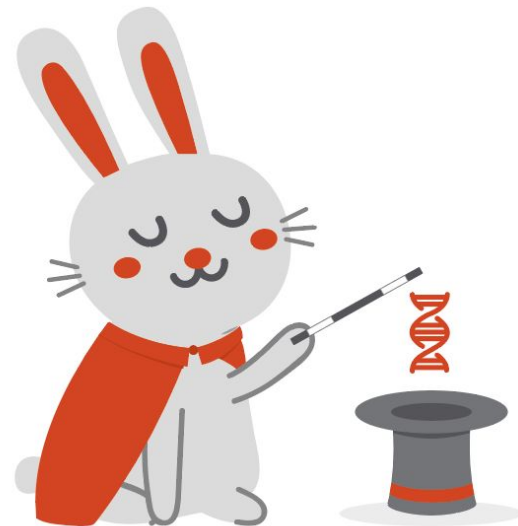




Alinhamento & Genotipagem



Variant Call Format (tabular)



Abracadabra

1 - RAG1 (Recombination Activating Gene 1)
IGV
READS
PUBMED
ENVIAR PARA O LAUDO

[601457] Severe Combined Immunodeficiency (SCID) | Herança: biallelic | Fenótipo: Sistema Imunológico
[603554] Omenn Syndrome | Herança: biallelic | Fenótipo: Sistema Imunológico
[609889] Alpha/Beta T-Cell Lymphopenia and Gamma/Delta T-Cell Expansion, Severe Cytomegalovirus Infection, and Autoimmunity | Herança: biallelic | Fenótipo: Sistema Imunológico

Variante	UCSC	IGV	Cópias	Efeito	MAF	Clinvar	PubMed	Predição	Consenso	Qual.	Validação
Chr11:36,614,399 Ref: T Alt: G	UCSC	IGV	1	Intronic 118bp from 3'SS, Exon 10/10 ENST00000534663	0.002891		pubmed	Deletério	likely-pathogenic		
Chr11:36,614,402 Ref: G Alt: T	UCSC	IGV	1	Intronic 115bp from 3'SS, Exon 10/10 ENST00000534663	0.000000			Deletério	vus		

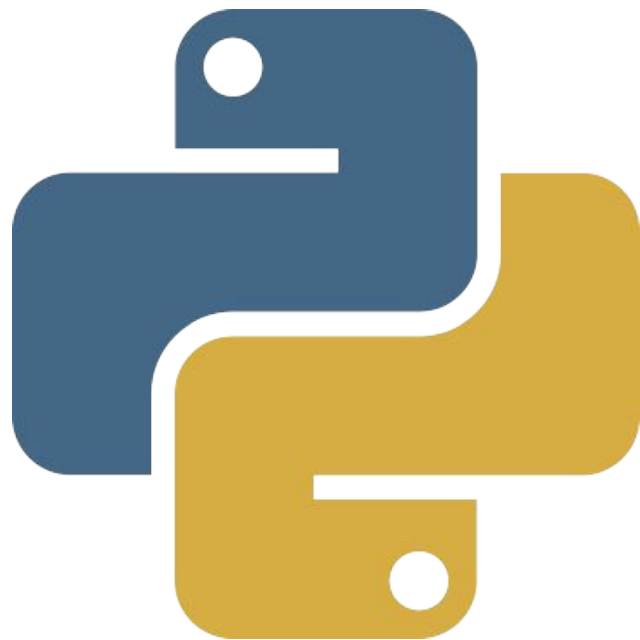
2 - RAG2 (Recombination Activating Gene 2)
IGV
READS
PUBMED
ENVIAR PARA O LAUDO

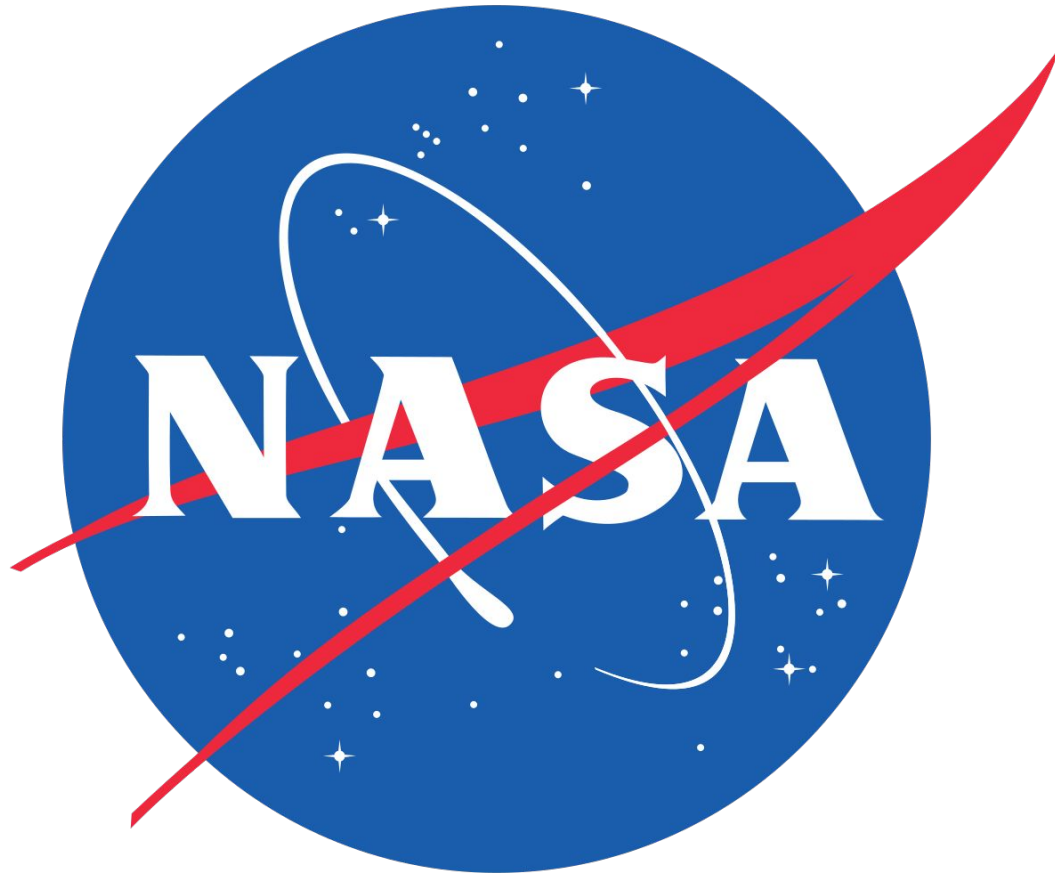
[233650] Combined Cellular and Humoral Immune Defects and Granulomas (CCHIDG) | Herança: biallelic | Fenótipo: Sistema Imunológico
[601457] Severe Combined Immunodeficiency (SCID) | Herança: biallelic | Fenótipo: Sistema Imunológico
[603554] Omenn Syndrome | Herança: biallelic | Fenótipo: Sistema Imunológico

Nome: [REDACTED]**Sexo:** Masculino**Data de nascimento:** 18/10/1980**Solicitante:** [REDACTED]**Sumário clínico:** Suspeita de amaurose congênita de Leber.**Material:** DNA extraído de SWAB bucal enviado ao laboratório.**Data de entrada da amostra:** 20/02/2017**Data de liberação do resultado:** [REDACTED]**Exame: Painel de Retinopatias Hereditárias****Resultado****Diagnóstico: Retinopatia associada ao gene CEP290 (OMIM # 611755)**

Gene	Posição	Variação	Consequência	Cópias	
CEP290	chr12:88.508.194 - 88.508.196	TAC > T	Intrônica, 1pb do éxon ENST00000552810	Heterozigose (1 cópia)	5
CEP290	chr12:88.533.299	T > C	p.Lys75Glu ENST00000552810	Heterozigose (1 cópia)	4

5 Definitivamente patogênico**4** Provavelmente patogênico





<http://www.reportlab.com/casestudies>

Como eram construídos os laudos?

MINISTÉRIO DA FAZENDA

Secretaria da Receita Federal do Brasil

2010 IMPOSTO SOBRE A RENDA PESSOA FÍSICA ANO-CALENDÁRIO DE 2009

ECT

DECLARAÇÃO DE AJUSTE ANUAL

ARQUIVAMENTO
(Não utilize campos nesta área)

IDENTIFICAÇÃO

73 CPF DO CONTRIBUINTE	74 NOME DO CONTRIBUINTE	
75 TÍTULO ELEITORAL DO CONTRIBUINTE	76 DATA DE NASCIMENTO DO CONTRIBUINTE	77 CPF DO CÔNJUGE

ENDEREÇO

78 TIPO (rua, avenida, estrada etc.)	79 LOGRADOURO	80 NÚMERO
81 COMPLEMENTO (apto., sala, bloco etc.)	82 BAIRRO / DISTRITO	83 MUNICÍPIO
84 UF	85 CEP	86 DDD
87 TELEFONE	88 ASSINALE COM "X" SE O ENDEREÇO ATUAL FOR DIFERENTE DO INFORMADO NA DECLARAÇÃO ANTERIOR	

OCUPAÇÃO PRINCIPAL

89 NATUREZA	90 CÓDIGO	91 DESCRIÇÃO DA OCUPAÇÃO
-------------	-----------	--------------------------

RENDIMENTOS TRIBUTÁVEIS RECEBIDOS DE PESSOAS JURÍDICAS

NOME	CNPJ	RENDIMENTOS - R\$	IMPOSTO NA FONTE - R\$
01	5	4	1
02	3	2	8
03	1	9	6
TOTAL (transporte os TOTAIS para as linhas 08 e 12, respectivamente, de APURAÇÃO DO IMPOSTO, na página 2)	04	7	4

RENDIMENTOS ISENTOS E NÃO-TRIBUTÁVEIS

DISCRIMINAÇÃO	RENDIMENTOS - R\$
---------------	-------------------



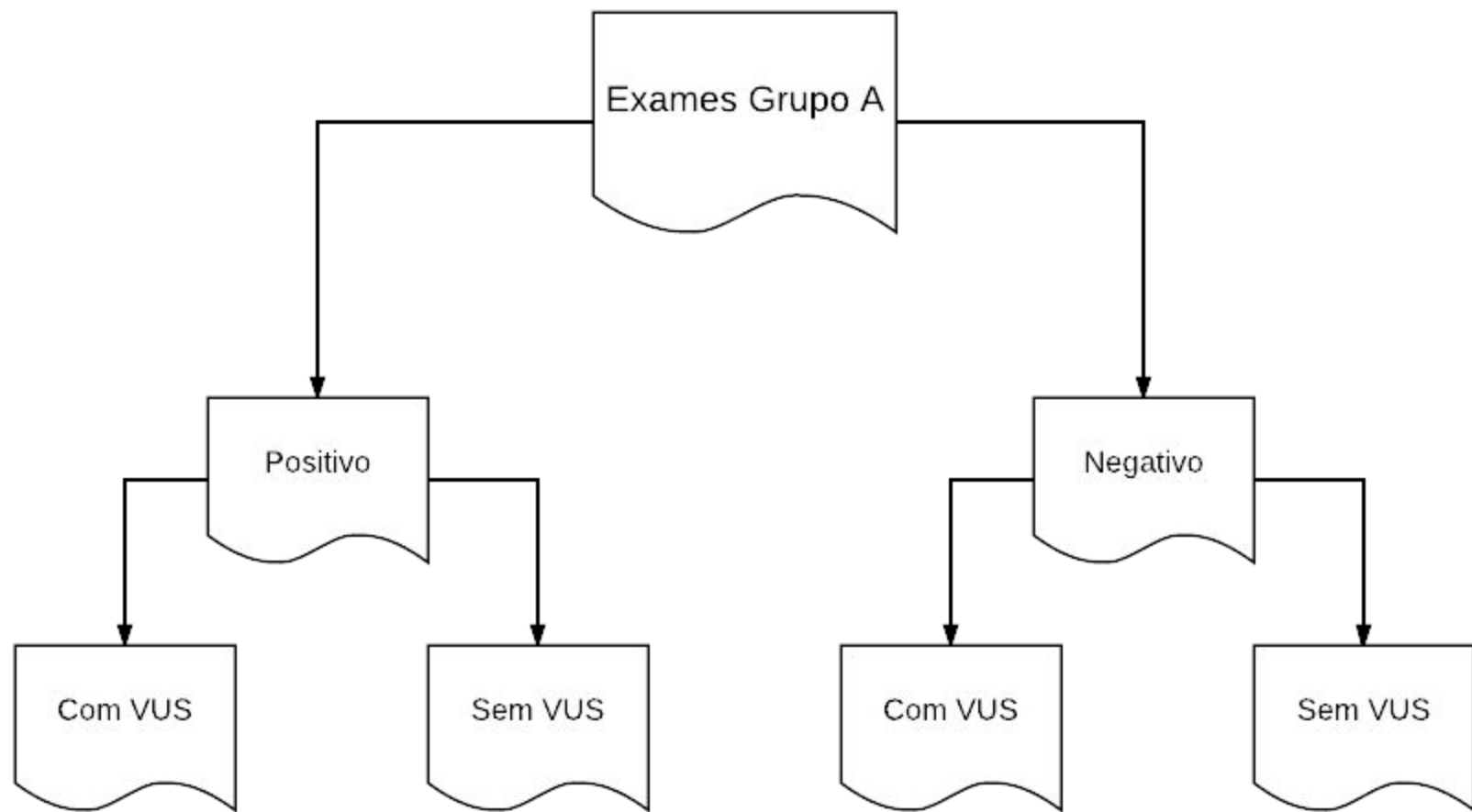
Limitações

- Limite de páginas (2 páginas)
- Limite de texto (tamanho de fonte)
- Tabelas pré-montadas
- Dificuldade em alinhar os textos
- Layout não customizável

Nome:**Sexo:****Data de nascimento:****Solicitante:****Sumário clínico:****Material:****Data de entrada da amostra:****Data de liberação do resultado:****Exame:**

Resultado

Gene	Posição	Variação	Consequência	Cópias
------	---------	----------	--------------	--------



Como assim VUS?



Classificação de variante

1. Benigna
2. Provavelmente benigna
3. VUS
4. Provavelmente patogênica
5. Patogênica

Nome:**Sexo:****Data de nascimento:****Solicitante:****Sumário clínico:****Material:****Data de entrada da amostra:****Data de liberação do resultado:****Exame:**

Resultado

Gene	Posição	Variação	Consequência	Cópias
------	---------	----------	--------------	--------

Nome:

Sexo:

Data de nascimento:

Solicitante:

Sumário clínico:

Material:

Data de entrada da amostra:

Data de liberação do resultado:

Exame:

Resultado

Ausência de variantes patogênicas nos genes analisados.

Genes analisados:

Variantes de significado incerto (VUS)

Pelo conhecimento atual não é possível definir a patogenicidade da(s) variante(s) abaixo. Portanto, recomenda-se que essas informações **não** sejam usadas para fundamentar decisões clínicas. Sugere-se, ainda, acompanhamento da literatura científica a respeito das mesmas.

Gene	Crom.	Posição	Variação	Consequência	Cópias


Comentários

Variantes de significado incerto (VUS)

Não foram detectadas variantes de significado incerto relevantes para o quadro clínico nos genes analisados.

Comentários

Feature: Adicionar VUS na tabela de resultados



Adicionar uma nova legenda + Listar classificações de 3 até 5

Nome:

Sexo:

Data de nascimento:

Solicitante:

Sumário clínico:

Material:

Data de entrada da amostra:

Data de liberação do resultado:

Exame:

Resultado

Gene	Posição	Variação	Consequência	Cópias
------	---------	----------	--------------	--------

5

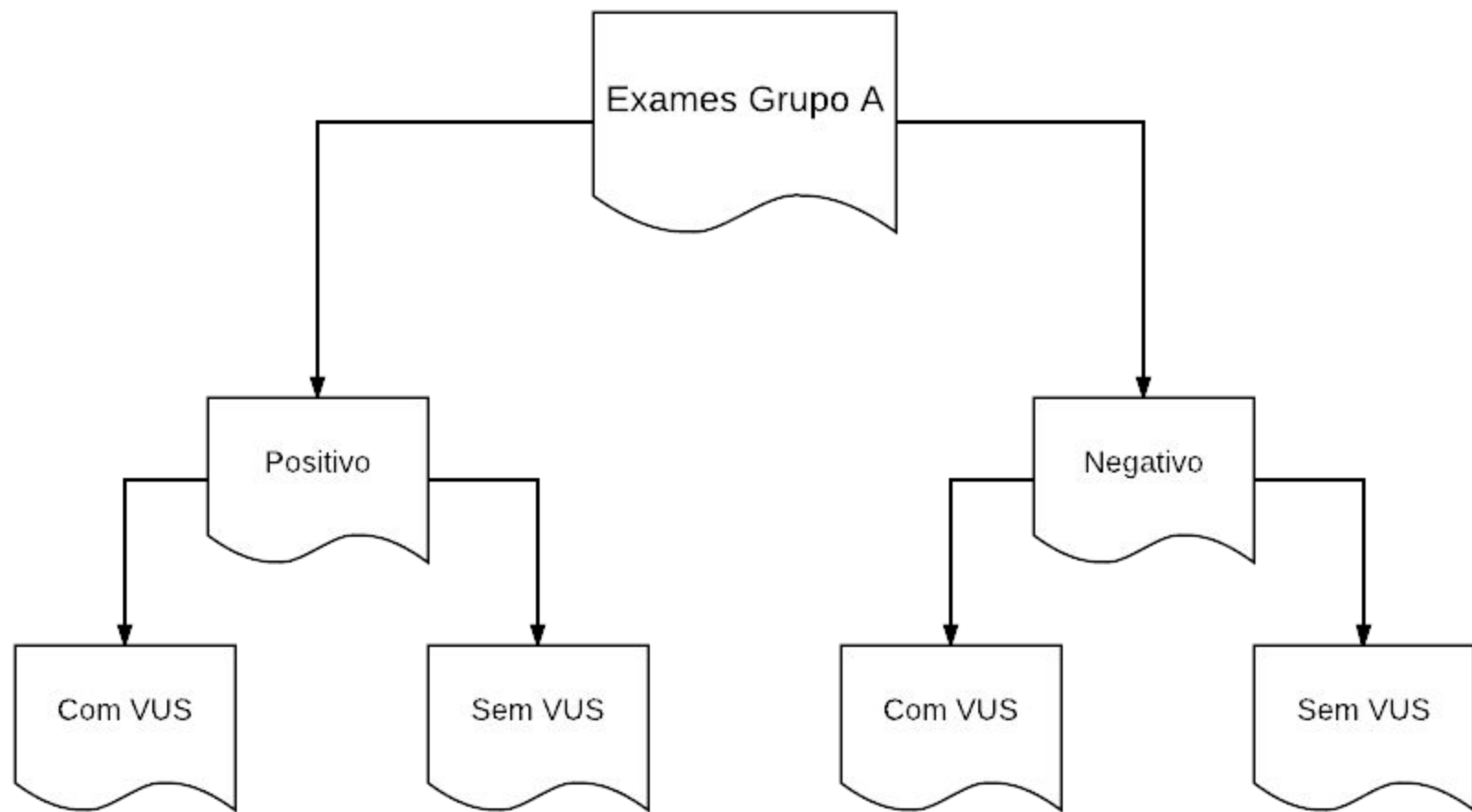
Definitivamente patogênico

4

Provavelmente patogênico


Moleza!





3 grupos de exames

Antes: ~8 tipos de laudos

Depois: ~12 tipos de laudos

Realinhar TODOS os laudos!



Reescrever em Go

Simplicidade

Simplicity is Complicated

Rob Pike at dotGo 2015



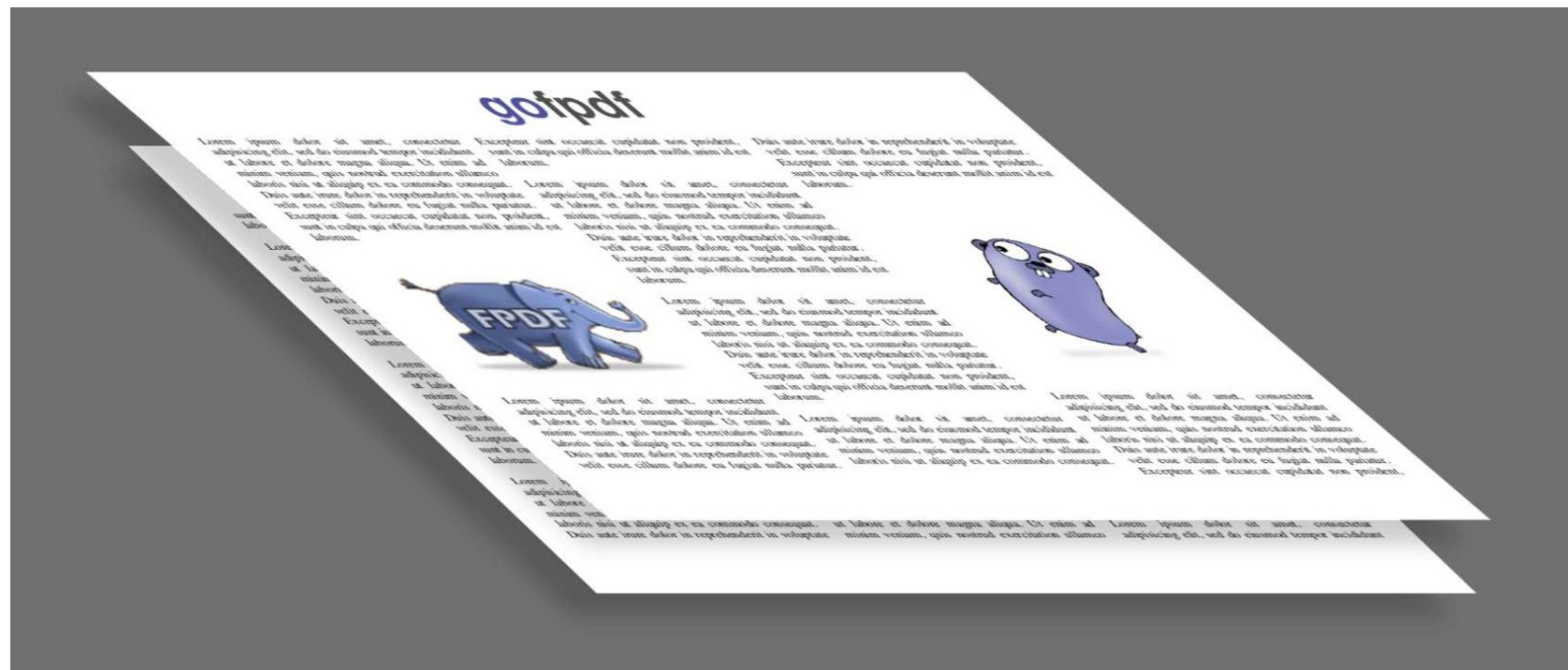
Go is often described as a simple language. It is not, it just seems that way. Rob explains how Go's simplicity hides a great deal of complexity, and that both the simplicity and complexity are part of the design.

Slides

The speaker



Rob Pike  
Co-creator of [Go](#)



license MIT godoc reference build passing



Features

- Choice of measurement unit, page format and margins
- Page header and footer management
- Automatic page breaks, line breaks, and text justification
- Inclusion of JPEG, PNG, GIF, TIFF and basic path-only SVG images
- Colors, gradients and alpha channel transparency
- Outline bookmarks
- Internal and external links
- TrueType, Type1 and encoding support
- Page compression
- Lines, Bézier curves, arcs, and ellipses
- Rotation, scaling, skewing, translation, and mirroring
- Clipping
- Document protection
- Layers
- Templates
- Barcodes



```
go get github.com/jung-kurt/gofpdf
```



POC

- Sem limite de páginas
- Sem limite de texto
- Tabelas dinâmicas
- Alinhar os textos de forma automática
- Layout *pode ser* customizável

Code

Issues 0

Pull requests 0

Projects 0

Wiki

Insights

Settings

POC em Go para a criação de laudos usando a lib gofpdf

Edit

Add topics

22 commits

1 branch

0 releases

2 contributors

Branch: master










New pull request

Create new file

Upload files

Find file

Clone or download

 marcosinger chore(sample): Update sample.pdf using the latest design	Latest commit a086927 on Mar 13
 assets	feature(report): Apply custom fonts 8 months ago
 README.md	docs(readme): Update drawbacks section 8 months ago
 helpers.go	fix(RoundedRect): Use LinearGradient instead of RadialGradient 8 months ago
 main.go	feature(route): Flag to set server port (default 8080) 8 months ago
 mock.go	feature(RoundedRect): Create a custom way to draw rounded rectangles 8 months ago
 report.go	feature(RoundedRect): Create a custom way to draw rounded rectangles 8 months ago
 sample.pdf	chore(sample): Update sample.pdf using the latest design 8 months ago
 types.go	feature(RoundedRect): Create a custom way to draw rounded rectangles 8 months ago

```
http.HandleFunc("/report", func(w http.ResponseWriter, r *http.Request) {  
    report := NewReport()  
    report.PatientHeader()  
    report.Diagnostic()  
    report.GeneList()  
    report.TechnicalResponsible()  
    report.Method()  
    report.QualityFlags()  
    report.VUS()  
    report.Comments()  
  
    if err := report.document.Output(w); err != nil {  
        log.Print(err)  
    }  
})
```

```

func NewReport() *Report {
    pdf := gofpdf.New("P", "mm", "A4", "./assets/fonts")
    html := pdf.HTMLBasicNew()
    encodingFunc := pdf.UnicodeTranslatorFromDescriptor("")

    pdf.AddFont("ProximaNova", "", "ProximaNova-Reg-webfont.json")
    pdf.AddFont("ProximaNova", "B", "ProximaNova-Bold-webfont.json")
    pdf.AddFont("ProximaNova-Light", "", "ProximaNova-Light-webfont.json")

    report := &Report{
        htmlContent: html,
        encodingFunc: encodingFunc,
    }

    pdf.SetFont("ProximaNova", "", fontPtSize)
    pdf.SetTextColor(75, 75, 80)
    pdf.AliasNbPages("")
    pdf.SetHeaderFunc(report.headerFunc)
    pdf.SetFooterFunc(report.footerFunc)

    report.document = pdf
    return report
}

```

```
func (r *Report) Method() {  
    fs := 10.0  
    r.document.SetFontSize(fs)  
  
    content := "Captura de exons com Nextera Exome Capture seguida por sequenciamento de nova " +  
        "geração com Illumina HiSeq. Alinhamento e identificação de variantes utilizando protocolos " +  
        "de bioinformática, tendo como referência a versão GRCh37 do genoma humano. Análise médica " +  
        "orientada pelas informações que motivaram a realização deste exame."  
  
    r.drawLine(fs, "<b>Método</b>", 10)  
  
    // MultiCell(width, height, content, border, align, fill)  
    r.document.MultiCell(0, 5, r.encodingFunc(content), "", "", false)  
    r.lineStroke()  
}
```


351 LOC

Criamos o laudo mais complicado possível

Nome:

Sexo: Feminino

Data de nascimento: 27/03/2009

Solicitante:

Sumário clínico: Investigação de retinopatia hereditária. Ausência de informações clínicas.

Material: DNA extraído de sangue periférico enviado ao laboratório.

Data de entrada da amostra: 17/01/2017

Data de liberação do resultado: 07/03/2017

Exame: Painel de Câncer Hereditário

Resultado

Gene	Posição	Variação	Consequência	Cópias
MSH2	47.702.194	A > C	p.Asp597Ala ENST00000233146	Heterozigose (1 cópia) 5
TP53	7.576.911	G > C	p.Thr312Ser ENST00000269305	Heterozigose (1 cópia) 4
BRCA1	chr17:41.245.510	T > TG	p.Lys680Gln fs*3 ENST00000357654	Heterozigose (2 cópias) 3
BRCA1	chr17:41.245.510	T > TG	p.Lys680Gln fs*3 ENST00000357654	Heterozigose (2 cópias) 3

5 Definitivamente Patogênico**4** Provavelmente Patogênico**3** Variante de significado incerto

Genes analisados:

MSH2: 47.702.194 A > C p.Asp597Ala ENST00000233146 Heterozigose (1 cópia) **5**

TP53: 7.576.911 G > C p.Thr312Ser ENST00000269305 Heterozigose (1 cópia) **4**

BRCA1: chr17:41.245.510 T > TG p.Lys680Gln fs*3 ENST00000357654 Heterozigose (2 cópias) **3**

Médico Responsável: Dr. Fernando Kok - CRM-SP 32.255

Responsável Técnico: Dr. Fernando Kok - CRM-SP 32.255

Laudo elaborado de acordo com RDC 302/2005 ANVISA.

Método

Captura de exons com Nextera Exome Capture seguida por sequenciamento de nova geração com Illumina HiSeq. Alinhamento e identificação de variantes utilizando protocolos de bioinformática, tendo como referência a versão GRCh37 do genoma humano. Análise médica orientada pelas informações que motivaram a realização deste exame.

Parâmetros de qualidade de sequenciamento

Porcentagem de bases-alvo com pelo menos 20 leituras: 98,2%

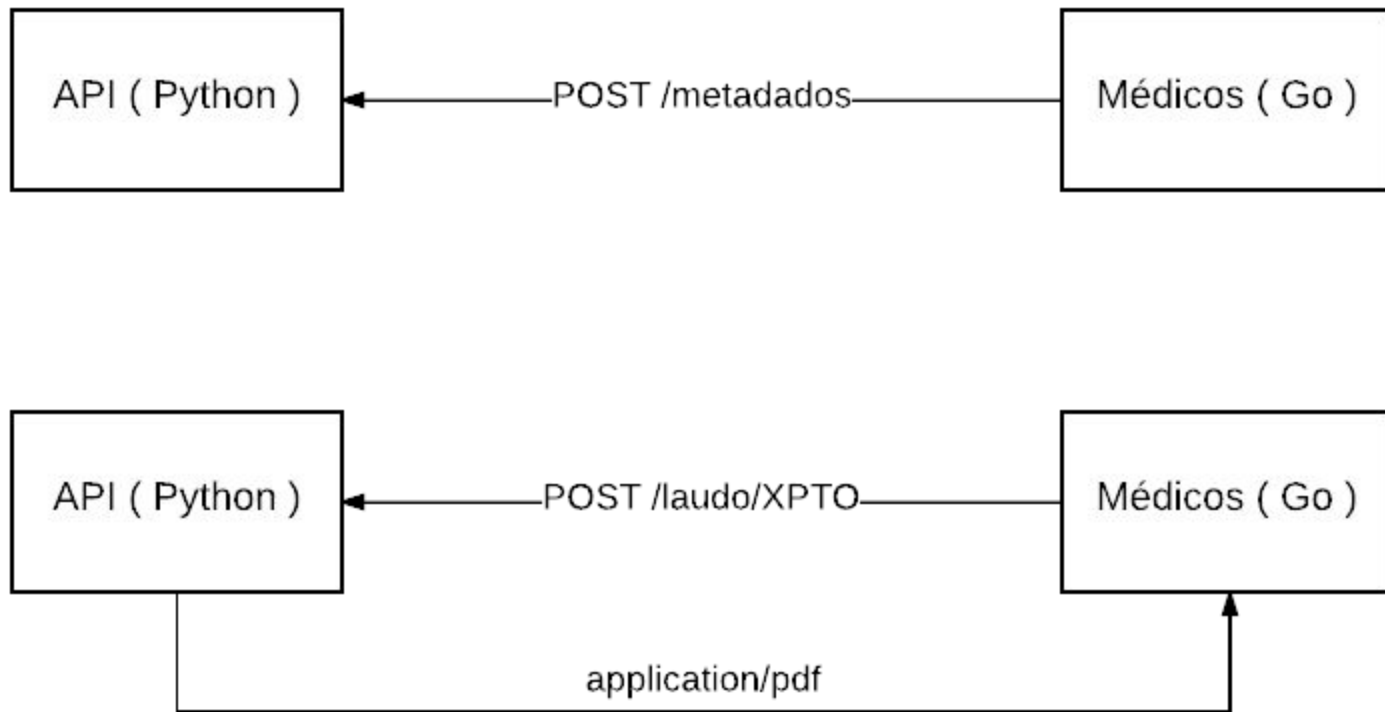
Número médio de vezes que cada base foi lida: 90

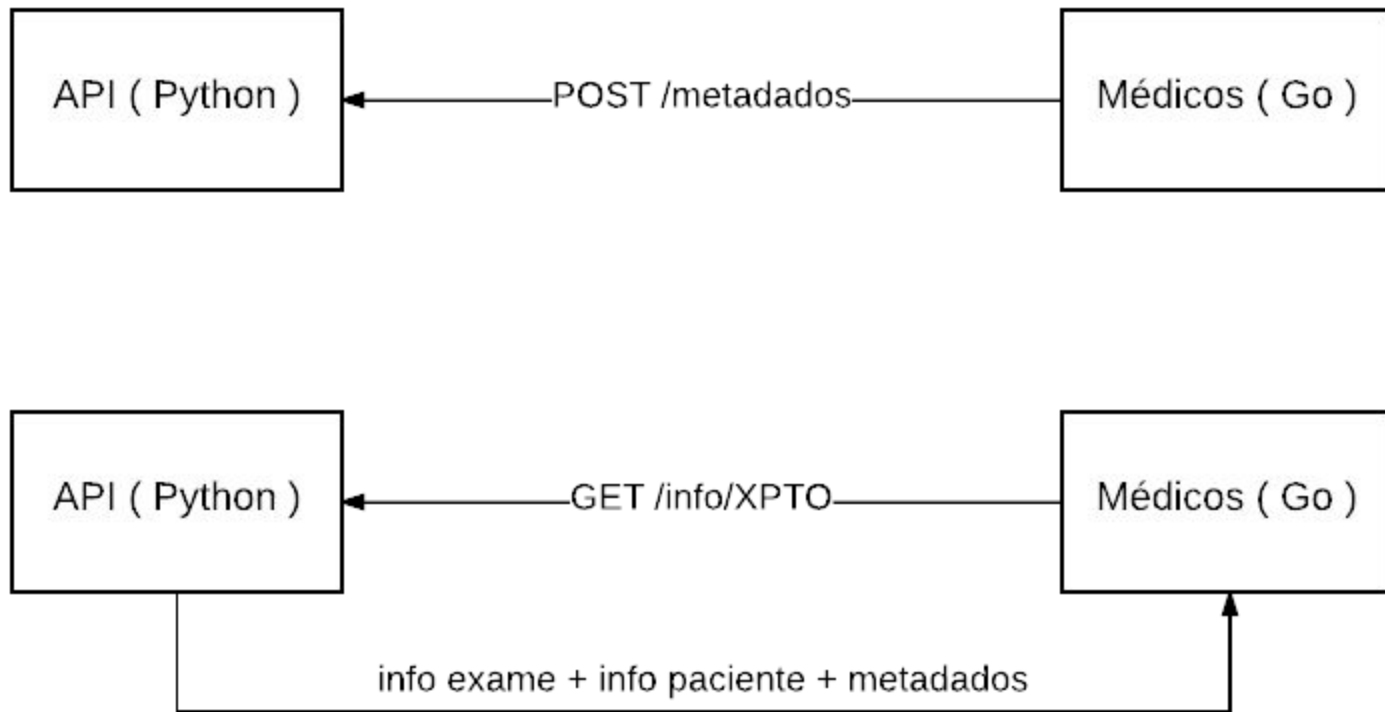
Variantes de significado incerto (VUS)

Pelo conhecimento atual não é possível definir a patogenicidade da(s) variante(s) abaixo. Portanto, recomenda-se que essas informações não sejam usadas para fundamentar decisões clínicas. Sugere-se, ainda, acompanhamento da literatura científica a respeito das mesmas.

Gene	Crom.	Posição	Variação	Consequência	Cópias
MSH2	2	47.702.194	A > C	p.Asp597Ala ENST00000233146	Heterozigose (1 cópia)
TP53	17	7.576.911	G > C	p.Thr312Ser ENST00000269305	Heterozigose (1 cópia)

API v2





TALK IS CHEAP



SHOW ME THE CODE

memegenerator.net

```
model, err := api.GetModel(code, user)
```

```
if err != nil {  
    errorMessage := "unable to get report model"  
    logrus.WithFields(logrus.Fields{  
        "code": code,  
        "user": user,  
        "error": err,  
    }).Error(errorMessage)  
    http.Error(w, errorMessage, http.StatusInternalServerError)  
}
```

**Nova feature limitada a uma parte
dos laudos**


```
// VUS
// weight: flag para saber em qual tabela devemos mostrar a variante
if variant.Rating == 3 && variant.Weight == 1 {
    report.New(model).Output(w)
    return
}

// chama a API antiga
api.generatePDF(code, user)
```

```

func New(model *Model) *Report {
    pdf := gofpdf.New("P", "mm", "A4", rootPath()+"/app/assets/fonts")
    html := pdf.HTMLBasicNew()
    encodingFunc := pdf.UnicodeTranslatorFromDescriptor("")

    pdf.AddFont("ProximaNova", "", "ProximaNova-Reg-webfont.json")
    pdf.AddFont("ProximaNova", "B", "ProximaNova-Bold-webfont.json")
    pdf.AddFont("ProximaNova-Light", "", "ProximaNova-Light-webfont.json")

    report := &Report{
        model:      model,
        htmlContent: html,
        encodingFunc: encodingFunc,
    }

    pdf.SetFont("ProximaNova", "", fontPtSize)
    pdf.SetTextColor(75, 75, 80)
    pdf.AliasNbPages("")

    // custom config for margin bottom
    pdf.SetAutoPageBreak(true, 50.0)
    pdf.SetHeaderFunc(report.headerFunc)
    pdf.SetFooterFunc(report.footerFunc)

    report.document = pdf
    return report
}

```

```
func (r *Report) Output(w io.Writer) error {  
    if err := r.Error(); err != nil {  
        r.document.SetError(err)  
        return r.document.Output(w)  
    }
```

```
    r.patientHeader()
```

```
    r.diagnostic()
```

```
    r.geneList()
```

```
    r.method()
```

```
    r.qualityFlags()
```

```
    r.vusSection()
```

```
    r.comments()
```

```
    r.additionalInformation()
```

```
    return r.document.Output(w)
```

```
}
```

Merge & Deploy



Nome: **Sexo:** Feminino**Data de nascimento:** 01/01/1983**Solicitante:** **Sumário clínico:****Material:** DNA extraído de SWAB bucal enviado ao laboratório.**Data de entrada da amostra:** 31/01/2017**Data de liberação do resultado:** 03/04/2017**Exame: Painel de Retinopatias Hereditárias - ID Your IRD****Resultado**

Gene	Posição	Variação	Consequência	Cópias
CNGB3	chr8:87.641.188	C > T	p.Arg480Gln ENST00000320005	Heterozigose (1 cópia)
CNGB3	chr8:87.755.813	C > G	p.Gly15Arg ENST00000320005	Heterozigose (1 cópia)

Definitivamente patogênico

Provavelmente patogênico

Variante de significado incerto

Nome: [Redacted]

Sexo: Feminino

Data de nascimento: 01/01/1983

Solicitante: [Redacted]

Sumário clínico:

Material: DNA extraído de SWAB bucal enviado ao laboratório.

Data de entrada da amostra: 31/01/2017

Data de liberação do resultado: 03/04/2017

Exame: Painel de Retinopatias Hereditárias - ID Your IRD

Resultado

Gene	Posição	Variação	Consequência	Cópias
CNGB3	chr8:87.641.188	C > T	p.Arg480Gln ENST00000320005	Heterozigose (1 cópia)
CNGB3	chr8:87.755.813	C > G	p.Gly15Arg ENST00000320005	Heterozigose (1 cópia)

Definitivamente patogênico

Provavelmente patogênico

Variante de significado incerto


**Horas e horas
depois..**



Author: Marco Singer <markaum@gmail.com>

Date: Mon Apr 3 07:43:33 2017 -0300

report: acertando cores na tabela de resultado

diff --git a/medicosapi/internal/report/helpers.go b/medicosapi/internal/report/helpers.go

index e3b7f59..7f95032 100644

--- [a/medicosapi/internal/report/helpers.go](#)

+++ b/medicosapi/internal/report/helpers.go

@@ -16,9 +16,9 @@ func RoundedRectangle(r *Report, layout Layout) {

 r.document.SetTextColor(foreground.R, foreground.G, foreground.B)

 r.document.ClipRoundedRect(layout.X, layout.Y, width, height, radius, false)

- r.document.LinearGradient(layout.X, layout.Y, width, height,

+ r.document.RadialGradient(layout.X, layout.Y, width, height,

 background.R, background.G, background.B, background.R, background.G, background.B,

- 0, 0, 0, 0)

+ 0, 0, 0, 0, 0.5)

Nome: [Redacted]

Sexo: Feminino

Data de nascimento: 01/01/1983

Solicitante: [Redacted]

Sumário clínico:

Material: DNA extraído de SWAB bucal enviado ao laboratório.

Data de entrada da amostra: 31/01/2017

Data de liberação do resultado: 03/04/2017

Exame: Painel de Retinopatias Hereditárias - ID Your IRD

Resultado

Gene	Posição	Variação	Consequência	Cópias	
CNGB3	chr8:87.641.188	C > T	p.Arg480Gln ENST00000320005	Heterozigose (1 cópia)	3
CNGB3	chr8:87.755.813	C > G	p.Gly15Arg ENST00000320005	Heterozigose (1 cópia)	3

5 Definitivamente patogênico

4 Provavelmente patogênico

3 Variante de significado incerto

~55 laudos
quebrados

**~2.500 exames
por mês**

—

```
// VUS == 3
// weight == 1 : mostrar na tabela de resultados
if variant.Rating == 3 && variant.Weight == 1 {
    report.New(model).Output(w)
    return
}

// chamada a API antiga
api.generatePDF(code, user)
```

~2% de taxa de
erro

—

Protip: Planeje grandes mudanças em fases

Hora de migrar tudo


```
// VUS
// weight: flag para saber em qual tabela devemos mostrar a variante
if variant.Rating == 3 && variant.Weight == 1 {
    report.New(model).Output(w)
    return
}

// chama a API antiga
api.generatePDF(code, user)
```

```
if err := report.New(model).Output(w); err != nil {  
    errorMessage := "unable to generate report"  
    logrus.WithFields(logrus.Fields{  
        "code": code,  
        "error": err,  
    }).Error(errorMessage)  
    http.Error(w, errorMessage, http.StatusInternalServerError)  
}
```

Trace List



1 hour

4 hours

12 hours

1 day

3 days

1 week

1 month

Custom

Request URI

/core/medical_reports/generate_pdf_report ▾

HTTP method

All ▾

HTTP status

All ▾

Service

All services ▾

Version

All versions ▾

There are no matched traces

Trace List



1 hour

4 hours

12 hours

1 day

3 days

1 week

1 month

Custom

Request URI

/core/medical_reports/finalize_pdf_report/ ▾

HTTP method

All ▾

HTTP status

All ▾

Service

All services ▾

Version

All versions ▾

There are no matched traces

pdf: Removendo código ligado a geração de laudos #514

[Edit](#)**Merged**

vdemario merged 3 commits into master from refactor/pdf/removing_unused_code on Apr 18



Conversation 1



Commits 3



Files changed 18

Changes from all commits ▾

Jump to... ▾

+2 -1,889 ■■■■■

Unified

Split

Review changes ▾



Testes unitários em PDFs

Nome: Karen Pisano**Sexo:** Feminino**Data de nascimento:** 30/11/1940**Solicitante:** Dr. Ricardo Zotti (CRM-SP 010203-04)**Sumário clínico:****Material:** DNA extraído de sangue periférico**Data de entrada da amostra:** 15/01/2014**Data de liberação do resultado:** 03/04/2017**Exame: Painel de Distrofia de Duchenne****Resultado**

Gene	Posição	Variação	Consequência	Cópias
DMD	chrX:32.398.627 - 32.536.248	CNV	Deleção dos éxons 18 a 34 ENST00000357033	Hemizigose (1 cópia)

5**5**

Definitivamente patogênico

```
diff --git a/medicosapi/internal/report/types.go b/medicosapi/internal/report/types.go
index cb4f85c..f6554b0 100644
--- a/medicosapi/internal/report/types.go
+++ b/medicosapi/internal/report/types.go
@@ -93,7 +93,7 @@ type RGB struct {
     type Red struct{}

     func (r Red) Background() RGB {
-        return RGB{R: 220, G: 20, B: 60}
+        return RGB{R: 0, G: 0, B: 0}
     }
 }
```


Nome: Karen Pisano**Sexo:** Feminino**Data de nascimento:** 30/11/1940**Solicitante:** Dr. Ricardo Zotti (CRM-SP 010203-04)**Sumário clínico:****Material:** DNA extraído de sangue periférico**Data de entrada da amostra:** 15/01/2014**Data de liberação do resultado:** 03/04/2017**Exame: Pannel de Distrofia de Duchenne****Resultado**

Gene	Posição	Variação	Consequência	Cópias
DMD	chrX:32.398.627 - 32.536.248	CNV	Deleção dos éxons 18 a 34 ENST00000357033	Hemizigose (1 cópia)

5**5**

Definitivamente patogênico

```

report master go test -run DuchennePositive
< 0003240 30 5d 20 2f 43 30 20 5b 30 2e 38 36 33 20 30 2e |0] /C0 [0.863 0.1
> 0003240 30 5d 20 2f 43 30 20 5b 30 2e 30 30 30 20 30 2e |0] /C0 [0.000 0.1
< 0003250 30 37 38 20 30 2e 32 33 35 5d 20 2f 43 31 20 5b |078 0.235] /C1 [1
> 0003250 30 30 30 20 30 2e 30 30 30 5d 20 2f 43 31 20 5b |000 0.000] /C1 [1
< 0003260 30 2e 38 36 33 20 30 2e 30 37 38 20 30 2e 32 33 |0.863 0.078 0.23|
> 0003260 30 2e 30 30 30 20 30 2e 30 30 30 20 30 2e 30 30 |0.000 0.000 0.00|
< 0003270 35 5d 20 2f 4e 20 31 3e 3e 0a 65 6e 64 6f 62 6a |5] /N 1>>.endobj|
> 0003270 30 5d 20 2f 4e 20 31 3e 3e 0a 65 6e 64 6f 62 6a |0] /N 1>>.endobj|
< 0003440 43 30 20 5b 30 2e 38 36 33 20 30 2e 30 37 38 20 |C0 [0.863 0.078 |
> 0003440 43 30 20 5b 30 2e 30 30 30 20 30 2e 30 30 30 20 |C0 [0.000 0.000 |
< 0003450 30 2e 32 33 35 5d 20 2f 43 31 20 5b 30 2e 38 36 |0.235] /C1 [0.86|
> 0003450 30 2e 30 30 30 5d 20 2f 43 31 20 5b 30 2e 30 30 |0.000] /C1 [0.00|
< 0003460 33 20 30 2e 30 37 38 20 30 2e 32 33 35 5d 20 2f |3 0.078 0.235] /|
> 0003460 30 20 30 2e 30 30 30 20 30 2e 30 30 30 5d 20 2f |0 0.000 0.000] /|

```

```

--- FAIL: Test_DuchennePositive (0.02s)

```

```

    report_test.go:866: documents are different

```

```

FAIL

```

```

exit status 1

```

```

references master ll
total 4304
-rw-r--r-- 1 marco.singer staff 104K Aug 16 11:17 AgilentSureSelectClinicalResearchExomeV2
-rw-r--r-- 1 marco.singer staff 103K Aug 16 11:17 DuchenneNegative
-rw-r--r-- 1 marco.singer staff 105K Aug 16 11:17 DuchenneNegativePTC
-rw-r--r-- 1 marco.singer staff 105K Apr 18 2017 DuchenneNegativeWithAdditionalInformation
-rw-r--r-- 1 marco.singer staff 109K Aug 16 11:17 DuchennePTC
-rw-r--r-- 1 marco.singer staff 108K Aug 16 11:17 DuchennePositive
-rw-r--r-- 1 marco.singer staff 105K Aug 16 11:17 ExomeNegativeWithAdditionalInformation
-rw-r--r-- 1 marco.singer staff 104K Aug 16 11:17 ExomeNegativeWithVus
-rw-r--r-- 1 marco.singer staff 102K Aug 16 11:17 ExomeNegativeWithoutVus
-rw-r--r-- 1 marco.singer staff 102K Aug 16 11:17 ExomeNegativeWithoutVusNonCRMAuthor
-rw-r--r-- 1 marco.singer staff 108K Aug 16 11:17 ExomePositiveWithVus
-rw-r--r-- 1 marco.singer staff 108K Aug 16 11:17 ExomePositiveWithoutVus
-rw-r--r-- 1 marco.singer staff 111K Aug 16 11:17 MaterdeiLogo
-rw-r--r-- 1 marco.singer staff 105K Aug 16 11:17 PanelNegativeWithAdditionalInformation
-rw-r--r-- 1 marco.singer staff 106K Aug 16 11:17 PanelNegativeWithVus
-rw-r--r-- 1 marco.singer staff 104K Aug 16 11:17 PanelNegativeWithoutVus
-rw-r--r-- 1 marco.singer staff 116K Aug 16 11:17 PanelPositiveWithVus
-rw-r--r-- 1 marco.singer staff 109K Aug 16 11:17 PanelPositiveWithoutVus
-rw-r--r-- 1 marco.singer staff 100K Nov 10 11:37 Reanalysis
-rw-r--r-- 1 marco.singer staff 90K Apr 3 2017 RoundedRectExample

```

Criando um teste unitário

```

func Test_DuchennePositive(t *testing.T) {
    report := buildTestReport(&Model{
        // basic information
        Code:          "NDP272-001",
        Patient:        "Karen Pisano",
        Gender:         "Feminino",
        Birth:          "30/11/1940",
        Physician:      "Dr. Ricardo Zotti",
        PanelName:      "Distrofia de Duchenne",
        Material:       "DNA extraído de sangue periférico",
        CollectDate:    "15/01/2014",

        // + informações
    })

    if err := Compare(report, "DuchennePositive"); err != nil {
        t.Error(err)
    }
}

```

```
func buildTestReport(m *Model) *Report {  
    // não comprime o documento  
    gofpdf.SetDefaultCompression(false)  
    // mantém a ordenação dos elementos ( fica mais fácil para debugar )  
    gofpdf.SetDefaultCatalogSort(true)  
    // data de criação fixa  
    gofpdf.SetDefaultCreationDate(time.Date(2000, 1, 1, 0, 0, 0, 0, time.UTC))  
  
    report := New(m)  
    // data de liberação do laudo usa timer.Now()  
    report.timer = &Timer{  
        instant: time.Date(2017, time.April, 3, 23, 0, 0, 0, time.UTC),  
    }  
  
    return report  
}
```

```

func Test_DuchennePositive(t *testing.T) {
    report := buildTestReport(&Model{
        // basic information
        Code:          "NDP272-001",
        Patient:        "Karen Pisano",
        Gender:         "Feminino",
        Birth:          "30/11/1940",
        Physician:      "Dr. Ricardo Zotti",
        PanelName:      "Distrofia de Duchenne",
        Material:        "DNA extraído de sangue periférico",
        CollectDate:    "15/01/2014",

        // + informações
    })

    if err := Compare(report, "DuchennePositive"); err != nil {
        t.Error(err)
    }
}

```



```
func Compare(report *Report, filename string) error {  
    tmpfile, _ := ioutil.TempFile("", filename)  
  
    defer os.Remove(tmpfile.Name())  
  
    report.Output(tmpfile)  
    tmpfile.Close()  
  
    referencePath := "./documents/" + filename  
  
    CreateReferenceFileIfNotExists(referencePath, tmpfile.Name())  
  
    if err := gofpdf.ComparePDFFiles(referencePath, tmpfile.Name()); err != nil {  
        return err  
    }  
  
    return nil  
}
```


Conclusão

**Linguagem A não é melhor ou
pior que a linguagem B.**

Tudo depende de contexto!

**Faça provas de conceito e
avalie os trade-offs**

Planeje grandes mudanças em fases

Mas nunca esqueça...

—

Go é amor. Go é vida.



Dúvidas?



Obrigado!



mahsinger



marco.singer@mendelics.com.br