# System EMR do przechowywania wyników pacjenta.

Zaawansowane zagadnienia programowania obiektowego

Barbara Parzonka, Joanna Zoglowek

Marzec-Czerwiec 2024

# Spis treści

| 1 | 1 Streszczenie                      |                                    |    |  |  |  |  |
|---|-------------------------------------|------------------------------------|----|--|--|--|--|
| 2 | Wstępny opis słowny                 |                                    |    |  |  |  |  |
| 3 | Słow                                | Słownik pojęć z dziedziny problemu |    |  |  |  |  |
| 4 | Analiza wymagań użykownika          |                                    |    |  |  |  |  |
|   | 4.1                                 | System z punktu widzenia pacjenta  | 6  |  |  |  |  |
|   | 4.2                                 | System z punktu widzenia lekarza   | 13 |  |  |  |  |
| 5 | Mode                                | ele systemu z różnych perspektyw   | 17 |  |  |  |  |
|   | 5.1                                 | Diagram klas                       | 17 |  |  |  |  |
|   |                                     | 5.1.1 Klasa <i>User</i>            | 17 |  |  |  |  |
|   | į                                   | 5.1.2 Klasa Patient                | 18 |  |  |  |  |
|   | į                                   | 5.1.3 Klasa Doctor                 | 18 |  |  |  |  |
|   | į                                   | 5.1.4 Enumeracja Speciality        | 18 |  |  |  |  |
|   |                                     | 5.1.5 Enumeracja TestTyp           | 18 |  |  |  |  |
|   |                                     | 5.1.6 Klasa TestOrder              | 18 |  |  |  |  |
|   | į                                   | 5.1.7 Klasa TestResult             | 19 |  |  |  |  |
|   | į                                   | 5.1.8 Klasa TestAbstractFactory    | 19 |  |  |  |  |
|   | į                                   | 5.1.9 Interfejs TestFactory        | 20 |  |  |  |  |
|   | 5.2                                 | Baza danych                        | 20 |  |  |  |  |
|   | į                                   | 5.2.1 Tabele i ich relacje         | 20 |  |  |  |  |
|   | į                                   | 5.2.2 Relacje                      | 21 |  |  |  |  |
| 6 | Kwestie implementacyjne             |                                    |    |  |  |  |  |
| 7 | 7 Podsumowanie i dyskusja krytyczna |                                    |    |  |  |  |  |
| 8 | Wykaz materiałów źródłowych         |                                    |    |  |  |  |  |
| 9 | 9 Przydatne linki                   |                                    |    |  |  |  |  |

## 1 Streszczenie

System EMR do przechowywania wyników pacjenta - system z bazą danych, typu klient-serwer. Klienci to lekarze i pacjenci kliniki, którzy chcieliby pozyskać informacje o wynikach medycznych, a także zapisać się do lekarza (zgoda na leczenie u niego).

Implementacja projektu przebigła w języku Java (uwaga do dziedziczenia: każda klasa może dziedziczyć tylko po jednej klasie) w środowisku IntelliJ IDEA. Modele zostały opracowane przy użyciu programu Visual Paradigm (finalne diagramy zostały wygenerowane na podstawie kodu projektu). Do bazy danych użyto MariiDB. Do stworzenia wizualizacji projektu wykorzystano narzędzie Figma.

Wykorzystane wzorce projektowe to wzorzec fabrtki abstrakcyjnej. Wykorzystano klasy abstrakcyjne i interfejsy, aby spełnić zasady SOLID.

# 2 Wstępny opis słowny

System może być wykorzystywany zarówno przez pacjenta jak i lekarza do przechowywania i oględzin wyników badań. Głównymi aktorami systemu są lekarz i pacjent.

Pacjent zapisuje się do lekarza - nie jest to umówienie się na konkretną wizytę, a zgoda pacjenta na leczenie przez danego lekarza (zlecanie mu badań) oraz udzieleniu mu dostępu do wszystkich wyników badań pacjenta. Do jego funkcjonalności należą manipulacja listą swoich lekarzy oraz oględziny własnych wyników badań.

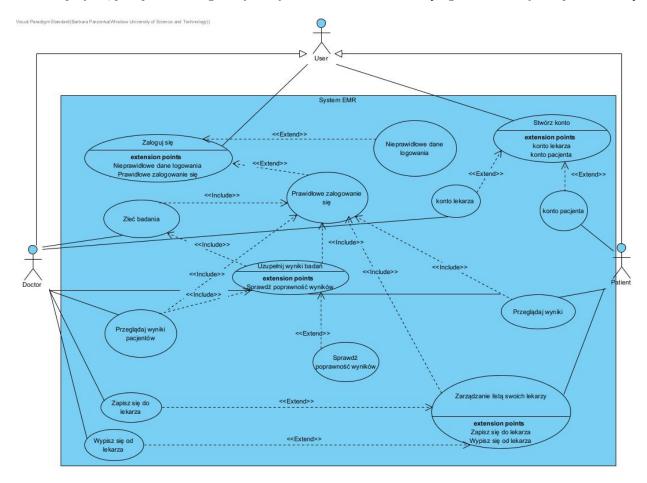
Lekarz może przeglądać wyniki badań pacjentów, którzy się u niego leczą, zlecać pacjentowi badania i uzupełniać wyniki poszczególnych badań.

# 3 Słownik pojęć z dziedziny problemu

- badanie, zlecenie badania jest wykonywane pacjentowi na zlecenie lekarza. Zlecone badanie może mieć wiele typów przypisanych do niego. Lekarz wybiera, które z dostępnych w ofercie wyników mają zostać wykonane na pacjencie.
- typ badania konkretne badanie, któremu ma zostać poddany pacjent. W zaimplementowanym systemie są to: hemoglobina, ciśnienie rozkurczowe, ciśnienie skurczowe.
- wynik badania reprezentacja wartości otrzymanych podczas badania. Wartość może mieć różne znaczenie w zależności od typu badania, które zostało wykonane.

# 4 Analiza wymagań użykownika

Użytkownikowi zależy na poufności systemu, dlatego należy ograniczyć możliwość przeglądania wyników i danych osobowych pacjenta przez lekarzy. Opis przypadków użycia znajduje się w rozdziale 2, obrazuje je również diagram przypadków użcia 1. Ważną cechą systemu jest to, że wszelkie działania użytkownika są możliwe jedynie, jeśli jest on zalogowany do systemu. Przed możliwością logowania należy zarejestrować się.



Rysunek 1: Diagram Use Case

W fazie projektowania systemu przygotowano wizualizację, aby zrozumieć działanie systemu z punktu widzenia użytkownika.

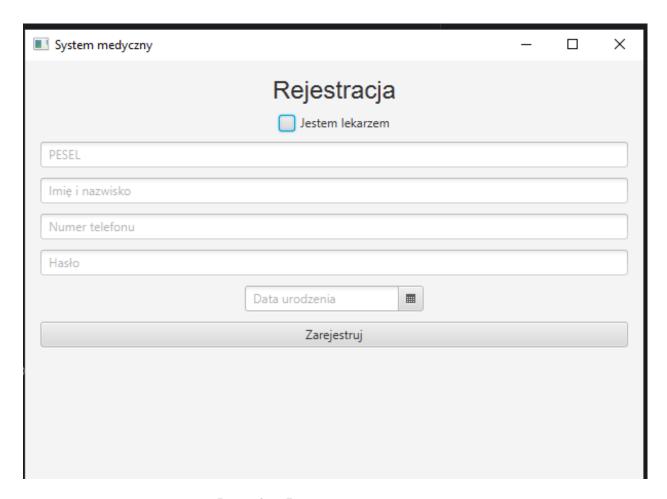
### 4.1 System z punktu widzenia pacjenta

Na początku musi zostać stworzone konto pacjenta. System przechowuje takie dane pacjenta jak: PESEL, imię, nazwisko, data urodzenia i numer telefonu, dlatego konieczne jest wypełnienie tych wartości w momenecie tworzenia nowego pacjenta (Rysunek 2). W ramach implementacji stworzono prototyp rejestracji (Rysunek 3).



Rysunek 2: Widok rejestracji pacjenta

Jeśli pacjent posiada już konto, to loguje się do systemu. Jego PESEL jest loginem, a hasło jest ustawiane w momencie tworzenia konta (Rysunek 4).



Rysunek 3: Prototyp rejestracji pacjenta

Wizualizacja okienkowa z użyciem JavyFX.



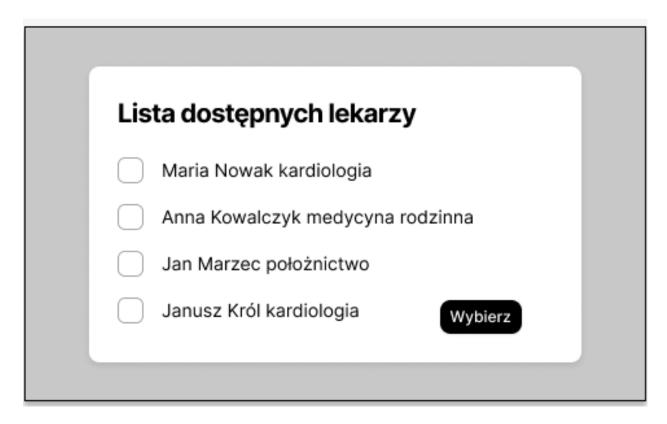
Rysunek 4: Logowanie użytkownika

Zalogowany użytkownik (Rysunek 5) może zarządzać listą swoich lekarzy (Rysunek 6) lub prezglądać wyniki swoich badań (Rysunek 7).



Rysunek 5: Menu opcji pacjenta

W widoku zarządzania lekarzami pacjent widzi wszytskich dostępnych lekarzy. Ci z nich, u których pacjent się leczy, są oznaczeni. Lista lekarzy zawiera ich imiona, nazwiska i specjalizacje.



Rysunek 6: Zarządzanie lekarzami

Druga z opcji dostępnych w menu, to "Przeglądaj wyniki" (Rysunek 7). Przycisk ten przenosi do strony, w której dostępne są wpisane przez lekarzy wyniki badań, w których uczestniczył pacjent. Wyniki pacjenta są porównywane ze wzorcowymi dla danego typu badania, aby móc wskazać poprawność wyniku. Wyniki są zatem oznaczane przy użyciu skali kolorów (Rysunek 8).

| Twoje badania |          |                        |        |  |  |
|---------------|----------|------------------------|--------|--|--|
|               | А        | В                      | С      |  |  |
| 1             | data     | typ badania            | wyniki |  |  |
| 2             | 19.02.24 | ciśnienie<br>skurczowe | 115    |  |  |
| 3             | 21.02.24 | hemoglobina            | 12.3   |  |  |

Rysunek 7: Przeglądanie wyników - pacjent



Rysunek 8: Skala kolorów używana w znakowaniu wyników badań

### 4.2 System z punktu widzenia lekarza

Lekarz podobnie jak pacjent rejestruje się do systemu, jednak wymaga to podania innych informacji (imię, nazwisko, specjalizacja, hasło). (Rysunek 9).



Rysunek 9: Rejestracja lekarza



Rysunek 10: Prototyp rejestracji lekarza - JavaFX

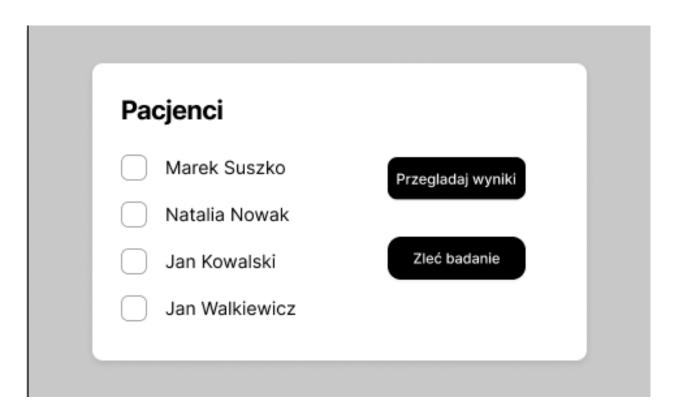
Widok logowania lekarza pokrywa się z widokiem logowania użytkownika (Rysenek 4). Loginem lekarza jest połączenie jego imienia i nazwiska w formacie "imie.nazwisko".

Zalogowany lekarz (Rysunek 11) może dodać wyniki (wartości zleconych badań) lub przeglądać uzupełnione już wyniki. Ma on również dostęp do listy pacjentów (Rysunek 12) zapisanych do niego (po wejściu w konkretnego pacjenta może on przeglądać jego wyniki w sposób analogiczny jak pacjent (Rysunek 7)).



Rysunek 11: Menu lekarza

W widoku listy pacjentów lekarz wybiera jednego pacjenta. Oprócz oględzin wyników, może on również zlecić mu badanie. Zlecenie badania odbywa się poprzez wybór typów badań, które mają zostać wykonane na danym pacjencie (Rysunek 13).



Rysunek 12: Lista pacjentów



Rysunek 13: Zlecanie badania

Dodanie wyników (Rysunek 14) pozwala zobaczyć wszystkie typy badań, które lekarz musi zrealizować dla wszytskich swoich pacjentów. Lekarz wpisuje wartości i zatwierdza zmiany przyciskiem "Wybierz".

|   | Badania oczekujące do dodania do bazy |        |                  |        |  |  |
|---|---------------------------------------|--------|------------------|--------|--|--|
|   | А                                     | В      | С                |        |  |  |
| 1 | typ badania                           | wyniki | imię<br>nazwisko |        |  |  |
| 2 | ciśnienie<br>rozkurczowe              | 76     | Jan Kowalski     |        |  |  |
| 3 | hemoglobina                           | 13.4   | Natalia<br>Nowak | Zapisz |  |  |

Rysunek 14: Dodawanie wyników

## 5 Modele systemu z różnych perspektyw

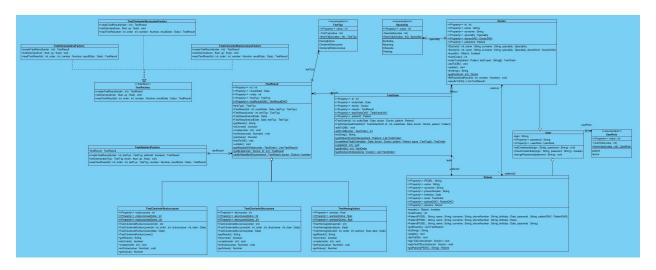
### 5.1 Diagram klas

System w podstawowej wersji można zobrazować za pomocą uproszczonego diagramu klas (Rysunek 15). Zgodnie z uprzednio przedstawionym diagramem przypadków użycia (4), w systemie występują aktorzy będący użytkownikami (User).

System wykorzystuje bazę danych, którą opisano szczegółowo w podroździale 5.2. Klasy opisane w tej sekcji są częścią uproszczonego modelu systemu. Dla klas z uproszczonego modelu istnieją odpowiadające im klasy DAO (Data Access Object), które pozwalają na manipulacje danymi z bazą danych. Taki podział obowiązków pozwala na spełnienie zasady pojedynczej odpowiedzialności i zasadę segregacji interfejsów.

Metoda update() obecna w wielu klasach z uproszczonego widoku, jest wykonywana, gdy w czasie działania zmienią się dane osobowe pacjenta lub gdy lista lekarzy pacjeta ulegnie zmianie. Jej zadaniem jest zaaktualizowanie stanu bazy danych, tak aby odpowiadał aktualnemu stanowi. Metoda da wywołuje odpowiednie funkcję obiektu z klasy "**DAO**", który jest odpowiedzialny za operacje bazodanowego tej klasy. Analogicznie działa metoda addToDB(), która dodaje dany obiekt do odpowiedniej tabeli bazy danych.

Większość atrybutów klas posiada swoje własne gettery i settery, podczas gdy same atrybuty są prywatne. Zapewnia to hermetyzację projektu.



Rysunek 15: Uproszczony diagram klas

### 5.1.1 Klasa User

Klasa *User* jest klasą abstrakcjną, ponieważ każdy tworzony użytkownik będzie pacjentem (**Patient**) lub lekarzem (**Doctor**) - nie może istnieć użytkownik będący po prostu **User**. Klasa **User** określa funkcjonalności logowania i ustawienia danych logowania (dlatego zdecydowano się zaimplementować **User** jako klasę abstrakcyjną, a nie interfejs). Zdefiniowanie tych metod w ten sposób pozwoliłoby na przyszłe dodanie dodatkowej klasy aktora będącego użytkownikiem, np. pracownika placówki medycznej bez konieczności zmiany istniejącego kodu. Spełnia zatem zasadę otwarte-zamknięte oraz zasadę pojedyńczej odpowiedzialności.

#### 5.1.2 Klasa Patient

Klasa **Patient** odpowiedzialna za reprezentację pacjenta. Jego atrybutami są dane osobowe pacjenta, lista lekarzy, u których się leczy i lista zleconych mu badań (**TestOrder**). Może on zapisać się do lekarza i wypisać od niego (metody signToDoctor(Doctor doctor) i signOutOfDoctor(Doctor doctor) przyjmują jako argument obiekt klasy **Doctor** lekarza).

Klasa posiada statyczną metodę getPatient(String PESEL), która pozwala na uzyskanie obiektu pacjenta o zadanym numerze PESEL. Jeśli pacjent o takim numerze nie istnieje, zostanie zwrócona wartość null.

#### 5.1.3 Klasa Doctor

Klasa **Doctor** odpowiedzialna za reprezentację lekarza. Lekarz oprócz imienia, nazwiska, hasła i specjalizacji, posiada atrybut id, który jest jego identyfikatorem używanym w bazie danych.

Analogicznie jak klasa **Patient**, klasa **Doctor** posiada statyczną metodę  $getDoctor(int\ id)$ , która zwraca lekarza o zadanym identyfikatorze id. Ponadto posiada statyczną funkcję getAll(), która zwraca listę wszytskich lekarzy. Funkcja ta byłaby wykorzystywana w widoku (Rysunek 6) pacjenta zarządzającego swoimi lekarzami.

Metoda results To Fill() zwraca listę wyników badań (**TestResult**), które lekarz powinien uzupełnić (wykonać). Są to wyniki badań, które konkretny lekarz (obiekt klasy **Doctor**) zlecił swojemu pacjentowi.

Funkcja fillResult(int testResultId, Number number) ustawia wartość wyniku o zadanym identyfikatorze testResultId na wartość number. Funkcja wyrzuca własny wyjątek NotAccessiblePatientException, który oznacza, że pacjent, którego dotyczy wybrany wynik nie leczy się u danego lekarza, wobec czego lekarz nie może manipulować jego badaniami.

Metoda orderTest(Patient patient, String [] testTypes) jest odpowiedzialna za stworzenie badania (a właściwie jego zlecenia), które ma zostać wykonane na danym pacjencie i dla którego powinno się wykonać badania o typach zadanych w tablicy string. Podobnie jak poprzednia metoda, wyrzuca wyjątek NotAccessiblePatientException.

#### 5.1.4 Enumeracja Speciality

Typ wyliczeniowy Speciality jest reprezentacją możliwych specjalizacji lekarza. Enumeracja pozwala na pozyskanie specjalności na podstawie wartości (metoda from Value (int value), która wyrzuca wyjątek Illegal Argument Exception informaujący o niedozwolonej wartości w przypadku, gdy wskazana wartość nie występuje w tym typie).

Wprowadzenie enumeracji specjalności pozwala na sprawniejsze zarządzanie tym typem, na łatwe sprawdzenie, że typ jest jednym z obsługiwanych i można przypisać im wartości. Jest to wykorzystane do stworzenia encji bazy dancyh. (Więcej szczegółów na ten temat w podroździale 5.2).

### 5.1.5 Enumeracja TestTyp

Jest odpowiedzialna za wskazanie typu badania. Ma zastosowanie w szczególności w klasie **TestAbstract-Factory**, która tworzy nowe badania na podstawie jego typu.

#### 5.1.6 Klasa TestOrder

Klasa **TestOrder** jest reprezentacją zlecenia badania. Do jego atrybutów należą: identyfikator (*id*), data zlecenia (*orderDate*), lekarz zlecający (*doctor*), pacjent, którego dotyczy badanie (*patient*) a także lista re-

zultatów (wyników) badań (**TestResult**). Klasa ma wiele statycznych metod, dzięki którym możliwe jest pozyskiwanie z bazy danych informacji na temat interesujących zleceń. Metody te zostały wykorzystane w klasach **Patient** i **Doctor**, aby móc wykorzystać informacje o zleceniach badań w funkcjach, m.in. w funkcjonalności przeglądania wyników badań.

Metoda getDoctorsOrders(Doctor doctor) zwraca listę badań zleconych przez danego lekarza.

Metoda <u>createNewTestOrder(Date date, Doctor doctor, Patient patient, TestTyp[] types)</u> jest odpowiedzialna za stworzenie zlecenia badania o wskazanej dacie zlecenia <u>date</u>, przez lekarza <u>doctor</u> pacjentowi <u>patient</u>. Zlecenie obejmuje typy badań wskazane przez <u>types</u>. Zlecenie tworzy obiekty wyników (**TestResult**), którym jako rezultat (wartość) przypisywana jest domyślna, ujemna wartość (-1), która jest flagą informującą o konieczności wpisania wartości. Gdy **Doctor** uzupełnia wyniki (opisana wcześniej metoda fillResult(int testResultId, Number number)), modyfikuje on jedynie wartość atrybutu istniejącego już obiektu.

Metoda getPatientsTestOrders(Patient patient) zwraca listę wszystkich badań zleconych pacjentowi.

#### 5.1.7 Klasa TestResult

Klasa *TestResult* jest abstrakcyjną klasą reprezentującą wynik badania. Jej atrybuty to typ badania, identyfikator badania, na zlecenie którego zostało wykonane badania, identyfikator wyniku i data wykonania badania. Klasa posiada metody abstrakcyjne, które powinny zostać zaimplementowane przez klasy potomne. Są nimi:

- getResult() zwraca wynik jako łańcuch znaków, co pozwala na jego wizualizację
- isCorrect()- zwraca wartość logiczną, jeśli zwróci true, to znaczy, że wynik badania nie znajduje się w dopuszczalnej normie, a więc jest prawidłowy, wartość false oznaczałaby, że wartość badania odbiega od normy i powinien on zostać wyróżniony podczas prezentowania wyników.

Klasa posiada również metody statyczne takie jak:

- $\bullet \ \underline{getResultsOfOrder(TestOrder\ order)}$  zwraca listę wyników wykonanych na zlecenie wskazanego badania
- prywatna metoda <u>canBeReadByADoctor(TestResult result, Doctor doctor)</u>, która sprawdza, czy podany wynik może być odczytywany przez wskazanego lekarza.
- <u>getById(Doctor doctor, int id)</u> zwraca wynik na podstawie jego id, jeśli lekarz ma prawo odczytania go.

Obiekty klas potemnych klasy *TestResult* są tworzone przy użyciu fabryki: klasa **TestAbstractFactory**. Wszystkie obiekty klas dziedziczących po tej klasie są zapisywane do jednej tabeli w bazie danych. Klasy potomne zaimplementowane w systemie to: **TestResultHemoglobina**, **TestCisnienieRozkurczowe** i **TestCisnienieSkurczowe**.

#### 5.1.8 Klasa TestAbstractFactory

Klasa **TestAbstractFactory** posiada 3 metody, których zadaniem jest obsługa klas potomnych klasy **TestResult**.

- createTestResult(int order, TestTyp testTyp, boolean withAdd)- tworzy obiekt klasy potemnej klasy TestResult odpowiedzialnej za obsługę testu o zadanym typem wyliczenioweym TestTyp rodzaju badania. Ostatni parametr tej funkcji jest odpowiedzialny za decyzję, czy wstworzony obiekt ma zostać dodany do bazy danych, czy nie.
- setGranice(TestTyp testTyp, float down, float up) metoda odpowiedzialna za jednorazowe odczytanie norm związanych z testem o zadanym typie. Metoda ta powinna zostać wywołana na początku życia programu. Zakłada się, że wartości graniczne testów są stałe dla wybranego testu, dlatego są one statycznymi atrybutami danego testu.
- readTestResult(int id, int order, TestTyp testTyp, Number number, Date resultDate) tworzy obiekt wynik testu o zadanym typie i ustawia jego wartości. Nie manipuluje bazą danych.

#### 5.1.9 Interfejs TestFactory

Deklaruje metody analogiczne do metod zdefiniowanych w klasie **TestAbstractFactory**. Klasy implementujące ten interfejs są wykorzystywane w funkcjach klasy **TestAbstractFactory** do tworzenia obiektów klas potomnych klasy **TestResult**. Różnicą pomiędzy metodami interfejsu **TestFactory** a metodami **TestAbstractFactory** jest brak parametru **TestTyp** testTyp.

Aktualnie utworzonymi klasami implementującymi ten interfejs to: **TestHemoglobinaFactory**, **TestCisnienieSkurczoweFactory** i **TestCisnienieRozkurczoweFactory**, które są odpowiedzialne za manipulacje swoimi odpowiednikami opisanymi w podroździale 5.1.7.

### 5.2 Baza danych

Diagram (Rysunek 16) składa się z kilku tabel, które reprezentują różne informacje o pacjentach (dane osobowe), lekarzach (dane osobowe), specjalnościach lekarskich, zleconych badaniach oraz wynikach tych badań. Tak zaprojektowana baza pozwala na śledzenie, kto i kiedy zlecił badanie, jaki jest wynik i jak ten wynik ma się do wzorcowych wartości. Początkowo baza zawierała także pracownika przychodni, jednak zdecydowano się zrezygnować z jego obecności zarówno w bazie jak i całym systemie ze względu na złożoność rozdzielania odpowiedzialności pomiędzy lekarzem a zwykłym pracownikiem.

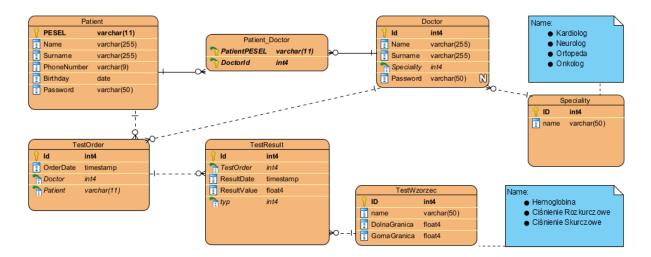
### 5.2.1 Tabele i ich relacje

- Patient: Zawiera informacje o pacjentach, takie jak PESEL, imię, nazwisko, numer telefonu, data urodzenia.
- Doctor: Przechowuje dane o lekarzach, w tym ID, imię, nazwisko, ilość pacjentów i specjalizacje.
  Relacja z tabelą Speciality jest reprezentowana przez kolumnę Speciality, która jest kluczem obcymidentyfikatorem specjalizacji.
- Speciality Zawiera ID i nazwę specjalności lekarza (kardiologia, ortopedia, onkologia, neurologia).
- Patient Doctor: Tabela wiele-do-wiele między pacjentami a lekarzami, przechowująca PESEL pacjenta i ID lekarza.
- TestOrder: Zawiera informacje o badaniach w tym ID, date badania, przypisanego lekarza i pacjenta.
- TestResult: Zawiera wyniki badań, ID, datę wyniku, nazwę, wartość oraz typ badania.

• Test Wzorzec: Przechowuje nazwę testu oraz jego dolną i górną granicę wartości.

### 5.2.2 Relacje

- Patient Doctor: Relacja wiele-do-wiele za pośrednictwem tej tabeli możliwe jest zapisanie informacji, którzy lekarze obsługują danego pacjenta.
- **Doctor Speciality**: Relacja jeden-do-wielu, gdzie jeden lekarz ma jedną specjalizację, ale jedna specjalność może być przypisana wielu lekarzom.
- TestOrder Patient: Każde zlecenie testu jest powiązane z jednym pacjentem.
- TestOrder Doctor: Każde zlecenie testu jest również powiązane z jednym lekarzem.
- TestResult TestOrder: Wynik testu jest bezpośrednio powiązany z jego zleceniem.



Rysunek 16: Diagram bazy danych

# 6 Kwestie implementacyjne

Program implementowany jest w środowisku Intellij IDEA w języku Java. Do stworzenia bazy danych wykorzystywane jest narzędzie HeidiSQL łącząc się z MariaDB. Początek GUI napisany jest przy pomocy JavyFX. Można tworzyć automatycznie widoki okienkowe poprzez Scene Builder albo "klasycznie"napisać kod. Do formatowania stylów można podpiąć plik .css.

Przykładową implementację projektu można znaleźć w repozytorium: https://github.com/bParz156/System-EMR-ZZPO

Program działa w oparciu o bazę danych MariaDB o nazwie **erm** uruchomioną lokalnie na porcie 3306. Dane logowania do bazy to user=root, password=password. Baza musi zawierać opisane w rozdziale 5.2 encje oraz musi mieć automatyczne indeksowanie tabel: doktor, testOrder i testResult. Polecenie do generowania bazy można znaleźć we wspomnianym repozytorium (zawartość pliku sql\_console.txt należy skopiować i uruchomić w konsoli w programie HeidiSQL).

## 7 Podsumowanie i dyskusja krytyczna

Wykorzystanie typów wyliczeniowych do obsługi specjalności i typów badań sprawia, że w przypadku konieczności manipulacji tymi typami (dodanie nowego czy usunięcie istniejącego) konieczne będzie zatrzymanie programu, dodanie tych typów w kodzie (i bazie danych - nie przewidziano mechanizmu menadżera DAO tych typów), a następnie ponowne uruchomienie programu. Mimo tej niedoskonałości, wykorzystanie enumeracji pozwala na łatwą kontrolę typu, co ułatwia również wykorzystanie abstrakcyjnej fabryki do tworzenia wyników badań.

Wykorzystanie wzorca fabryki w tworzeniu wyników badań pozwala na proste zarządzanie typami (dodawanie, usuwanie) badań przy zachowaniu unifikacji i spójności z resztą kodu. Tworzenie kolejnej klasy dziedziczącej po klasie TestResult nie powoduje zmian w tej klasie ani w klasie TestOrder. Spełniona jest zatem zasada odwrócenia zależności (Dependency inversion principle) - niskopoziomowe moduły nie wpływają na moduły wysokopoziomowe.

Chociaż aktualna struktura klas zajmujących się wyniki pozwalałaby na reprezentowanie wartości wyniku w dowolnej formie - liczba całkowita, liczba rzeczywista, tekst, zdjęcie, np. rentgen, plik tesktowy np. zawierający dane z EKG - (pod warunkiem zmiany metod: readTestResult(int id, int order, TestTyp testTyp, Number number, Date resultDate) - zmiana Number na Object lub String, i ewentualnej zmiany metody setGranice(TestTyp testTyp, float down, float up), która jednak mogłaby pozostać niezmienna przy założeniu, że np. dla obrazów nie niesie ona poważnych konsekwencji, gdyż nie da się ustalić wartości granicznych zdjęcia), to proponowane rozwiązanie w bazie danych nie pozwalałoby na podobną manipulację. W bazie wartość jest zawsze reprezentowana przez liczbę zmiennoprzecinkową float, a więc nie mogłaby służyć do przechowywania wartości tekstowych. Rozwiązaniem tego problemu mogłaby być zmiana typu atrybutu w bazie danych na tekst, a następnie odpowiednia konwersja tekstu na pożądany format w momencie tworzenia obiektu klasy potemnej klasy *TestResult*.

# 8 Wykaz materiałów źródłowych

- Informacje na temat wzorca projketowwego fabryka:
  - https://devszczepaniak.pl/wzorzec-projektowy-factory-fabryka/
  - https://refactoring.guru/pl/design-patterns/abstract-factory
- Rozwiązania w języku Java
  - https://javastart.pl/baza-wiedzy/darmowy-kurs-java
  - https://www.geeksforgeeks.org/javafx-tutorial/
- Praca z bazą danych
  - https://javastart.pl/baza-wiedzy/java-ee/jdbc-podstawy-pracy-z-baza-danych
  - https://www.baeldung.com/java-jdbc

# 9 Przydatne linki

https://stfalcon.com/en/blog/post/ehr-user-interface-design-principles

https://sbmi.uth.edu/nccd/ehrusability/design/guidelines/Principles/consistency.html