

Implementation of a Laboratory Information Management System for a Sequencing Laboratory

Mauricio A. Brunner¹, Jorge A. Garbino¹, Marcelo R. Risk^{1,2}, Francisco J. Oliver³, and Daniel R. Luna¹

¹*Innovacion E Investigacion, Departamento de Informatica en Salud, Hospital Italiano de Buenos Aires, Argentina,* ²*Consejo Nacional de Investigaciones Cientificas y Tecnicas (CONICET), Argentina,* ³*Area de Secuenciacion, Hospital Italiano de Buenos Aires, Argentina.*

Abstract— The rapid advances in human genetics from the Human Genome Project have resulted in the expansion of the number and range of genetic diagnoses, which is an evolution of the practice of medicine. The DNA Sequencing Laboratory of the Italian Hospital of Buenos Aires (LS-HIBA) is a highly complex laboratory in continuous growth that provides services to other areas of the institution such as the Central Laboratory, Pathological Anatomy and Histocompatibility. Therefore it is extremely important to have a computer system that allows the acquisition and management of all the information generated in the laboratory, which offers sample monitoring throughout the workflows, supports the sample report and allows generation of productivity reports.

A Laboratory Information Management System (LIMS) is a comprehensive software tool that is used to centralize laboratory operational workflows. These are centered on the samples instead of focusing on the patient as they do on a Laboratory Information System (LIS). A LIMS assists analysts and technicians in all tasks associated with the handling of samples and information related to them.

Bika Health LIMS is an open source web based LIMS for health care laboratories. In this work we propose to use this system for the sequencing laboratory of the Italian Hospital of Buenos Aires, presenting an alternative to the expensive software licensed with a functional, open-source and low-cost LIMS for a highly complex laboratory. To this end, we work on the integration of laboratory practices to obtain a correct workflow

for the analysis of the samples, creating an interface between the LIMS and other systems of the institution, and exporting configurations to the equipment and import the results of the same, either by modifying the software source code or by configuring it from its various options.

Index Terms—Bika Health, bioinformatics, DNA Sequencing, laboratories, HL7 Protocol, LIMS, open source, Plone, sample management.

I. INTRODUCCIÓN

UN Sistema de Gestión de Información de Laboratorio (LIMS) es un Conjunto de herramientas basadas en sistemas informáticos que permite la adquisición y gestión de toda la información generada en el laboratorio [1]. Estas herramientas ayudan a los analistas y técnicos en todas las tareas asociadas con la manipulación y gestión de las muestras y la información relativa a las mismas. Estos sistemas surgen para cubrir las necesidades de los laboratorios de gestionar en su totalidad toda la información relacionada con sus procesos analíticos. Inicialmente, durante la década del 60, fueron desarrollados por organizaciones individuales. Recién en la década del 80 emergen los primeros LIMS como producto comercial [2]. En la actualidad, sin un LIMS, a un laboratorio de alta complejidad que trabaja con cantidades grandes de datos, se le haría imposible controlar la calidad de los procesos y los resultados generados. Para abordar estas cuestiones, un LIMS debe permitir la reproducibilidad en cualquier momento y de forma sencilla de toda la documentación generada con anterioridad en el laboratorio, controlar cualquier cambio en todas aquellas zonas críticas de la información, almacenar la trazabilidad de procesos y cambios en los mismos, la adquisición manual o automática de datos (integración de equipos, códigos de barras, conexión con otros sistemas informáticos), la revisión y visualización de datos de forma completa, flexible y accesible, la generación rápida y efectiva de informes y la centralización de la información en una única base de datos, lo que conlleva que la accesibilidad a los datos sea más segura, rápida, cómoda y sencilla.

Este trabajo fue presentado para su revision el 19 de junio del 2017, está siendo realizado actualmente en el Departamento de Informatica en Salud del Hospital Italiano de Buenos Aires, Argentina.

M. A. Brunner, actualmente desarrollador en las Areas de Bioingenieria y Bioinformatica del Departamento de Informatica en Salud del Hospital Italiano de Buenos Aires. Argentina (e-mail: mauricio.brunner@hiba.org.ar).

J. A. Garbino, actualmente Coordinador en Innovacion E Investigacion del Departamento de Informatica en Salud del Hospital Italiano de Buenos Aires. Argentina (e-mail: jorge.garbino@hiba.org.ar).

M. R. Risk, actualmente Jefe del Area Innovacion E Investigacion del Departamento de Informatica en Salud del Hospital Italiano de Buenos Aires. Argentina (e-mail: marcelo.risk@hiba.org.ar).

F. J. Oliver, actualmente Jefe del Area de Secuenciacion del Hospital Italiano de Buenos Aires. Argentina (e-mail: javier.oliver@hiba.org.ar).

D. R. Luna, actualmente Jefe del Departamento de Informatica en Salud del Hospital Italiano de Buenos Aires. Argentina (e-mail: daniel.luna@hiba.org.ar).

Actualmente hay una gran variedad de LIMS disponibles. Sin embargo, la mayoría de ellos no son del tipo *Open Source* (código abierto) y se comercializan con un alto costo. Además, las prácticas y procedimientos ejecutados en los laboratorios son, en general, diferentes entre laboratorios distintos, lo que dificulta la construcción de un LIMS adaptable por completo. Debido a su complejidad, los LIMS suelen estar diseñados para satisfacer las necesidades de un solo tipo de laboratorio [3].

En el Departamento de Informática en Salud (DIS) del Hospital Italiano de Buenos Aires (HIBA) estamos implementando un LIMS basándonos en la personalización del *software* Bika Health LIMS [4] como sistema de gestión de datos para el Laboratorio de Secuenciación de ADN (LS).

La capacidad técnica y operativa del DIS nos da la posibilidad de adaptar un LIMS *open source* como Bika Health a nuestras necesidades y de incorporarlo a nuestros sistemas de información como alternativa a los costosos sistemas comerciales de gestión de laboratorio. En este trabajo estamos presentando el grado de avance del proyecto realizado hasta el momento.

A. Bika Health

Bika LIMS es un sistema Open Source de entorno web y de gran calidad técnica que puede ser adaptado e implementado en una amplia variedad de tipos de laboratorios, desde aquellos de dimensiones pequeñas hasta grandes laboratorios de investigación y de análisis clínicos [4] [5]. Bika Health es la versión de Bika LIMS diseñada para laboratorios que se desempeñan dentro de un ámbito clínico: añade Pacientes, Doctores, Casos Clínicos e Instituciones de Referencia. En esta versión las muestras de los pacientes son el elemento central del flujo de trabajo del laboratorio. Además permite la incorporación de datos de la Historia Clínica Electrónica (HCE) y la interfaz con otros sistemas de laboratorios para la carga de solicitudes de análisis y la devolución de resultados.

Dentro de Bika Health se puede realizar el circuito completo, desde la realización de una solicitud de análisis hasta la publicación de los resultados por parte de un cliente del laboratorio, pasando por todo el flujo de trabajo de la muestra, contemplando la creación de hojas de trabajo, la preparación de las muestras, la captura de resultados, los controles de calidad, etc. (Fig. 1)

La personalización del software Bika Health proporciona el beneficio de adquirir una gama de funciones de registro de salud electrónica que son fundamentales para establecer una instalación básica para apoyar la investigación de la medicina personalizada [6].

B. Requerimientos del usuario

Los usuarios del sistema son tanto el jefe (*Lab Manager*) como los analistas (*Lab Technicians*) del LS. Las prácticas realizadas dentro del laboratorio son muy variadas y las solicitudes de las mismas provienen principalmente de tres servicios efectores: Laboratorio Central, Histocompatibilidad y Anatomía Patológica (Tabla 1). Cada uno de estos servicios

posee su propio sistema, los cuales deben estar conectados al LIMS para establecer una correcta comunicación que permita realizar solicitudes de análisis (AR), avisos de muestras recibidas y obtención de resultados. Sobre estos sistemas se generan los informes finales de cada práctica que luego se muestran en la HCE, y entre los resultados que se esperan del LIMS, se necesita un pre informe elaborado por el laboratorio respecto a la calidad del resultado (Fig. 2).

TABLA I
SERVICIOS EFECTORES Y PRACTICAS ASOCIADAS

Practica	Servicio Efector
Clonalidad linfomas B y T.	Anatomía Patológica
HIV Genotipo.	Laboratorio Central
Secuenciación ABCA4.	Laboratorio Central
Análisis HID.	Histocompatibilidad
Análisis Microquimerismo.	Histocompatibilidad
Fragilidad.	Laboratorio Central
Colon: Inestabilidad Microsatelital.	Anatomía Patológica
Cáncer de colon: MLPA.	Anatomía Patológica
Cáncer de colon: KRAS, NRAS.	Anatomía Patológica
Cáncer de páncreas KRAS.	Anatomía Patológica
KRAS Melanoma BRAF negativos.	Anatomía Patológica
Cáncer Tiroides: ADN: KRAS, NRAS, HRAS, BRAF.	Anatomía Patológica
Panel de cáncer tiroides de RNA: RET/PTC/PTC 3 PAX8/PPARG.	Anatomía Patológica
Cáncer de pulmón: KRAS, NRAS, BRAF.	Anatomía Patológica
EGFR T790 circulante.	Anatomía Patológica
Cáncer de mama: Secuenciación BRCA1 y BRCA2.	Laboratorio Central

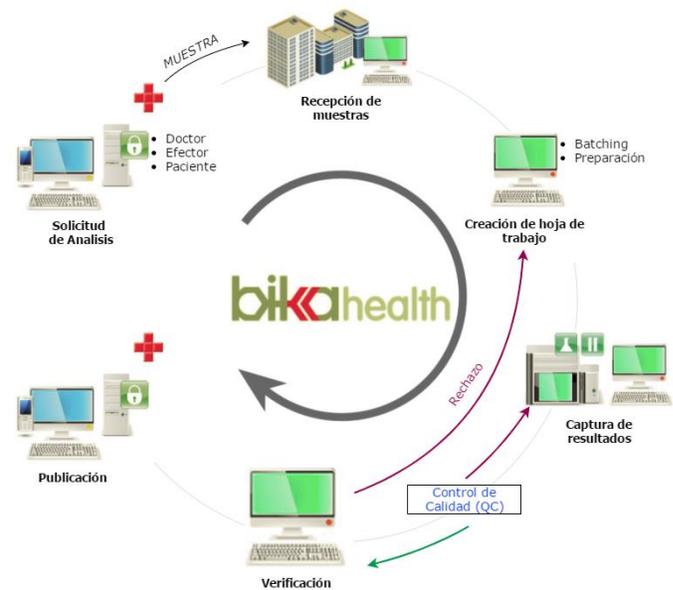


Fig. 1. Flujo de trabajo de Bika Health: Un contacto de cliente del laboratorio solicita un análisis para una determinada muestra y solicita la verificación de los resultados para su posterior publicación.

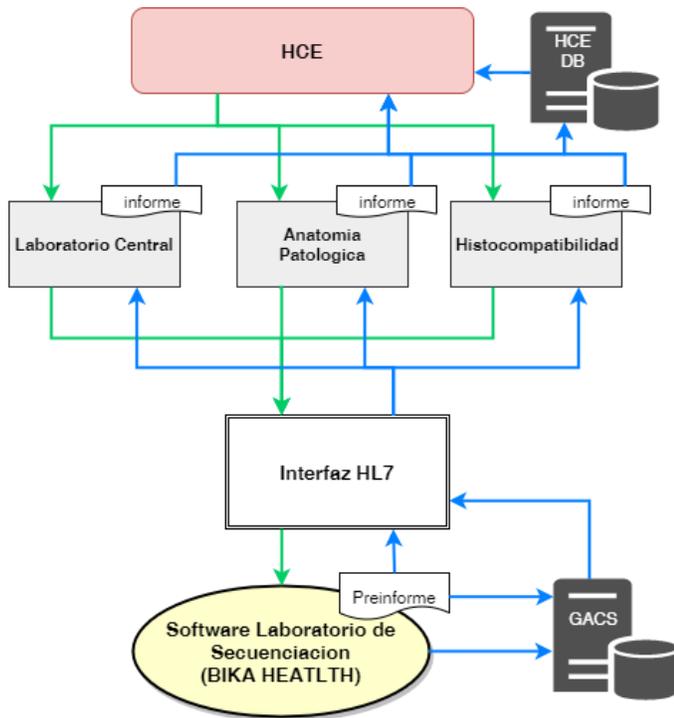


Fig. 2. Flujo de datos de los servicios efectores: La solicitud de análisis inicia del servicio efector, el mismo a través de un mensaje HL7 es enviado al LIMS. Los procesos, resultados e informes que se generan en el LIMS se almacenan en una base de datos GACS (Genetics Archiving and Communication System) y son enviados nuevamente al servicio efector. Éste genera el informe final de la práctica y lo incorpora a la HCE para que sea accesible por el médico.

Dentro del LIMS, es necesario poder configurar flujos de trabajos para cada práctica, donde el sistema no solo sirva como ayuda para el analista respecto al procedimiento a realizar a la muestra, sino que también le permita organizar su trabajo y llevar un registro de cada acción realizada.

Además, el sistema debe permitir:

- Almacenamiento de la trazabilidad de procesos y cambios en los mismos.
- Adquisición manual o automática de datos (integración con instrumentos)
- Revisión y visualización de datos de forma completa, flexible y accesible.
- Generación rápida y efectiva de informes de productividad.
- Centralización de la información en una única base de datos, lo que conlleva que la accesibilidad a los datos sea más segura, rápida y cómoda.

Otro requisito, que si bien no es del usuario debe cumplirse, es la adaptación del LIMS a los sistemas del HIBA, no solo a los sistemas de los servicios efectores sino que también a la HCE.

II. MATERIALES

Se utilizó Bika Health en su versión 3.1.13. Para hacer uso de esta versión, y como requerimiento de Bika, utilizamos Plone 4.3.11, un sistema de gestión de contenido (CMS) de

código abierto basado en Zope. Zope es un servidor de almacenamiento de aplicaciones web escrito en el lenguaje de programación Python. El sistema de gestión de bases de datos utilizado es ZODB (Zope Database). Esta es una base de datos nativa para Python, lo que la hace muy rápida ya que el lenguaje no está separado de la misma cuando se realizan operaciones de consulta o lectura. Otra ventaja de la utilización de ZODB es que proporciona una JSON-API para integrar Bika con el resto de los sistemas. Las versiones utilizadas fueron Zope 2.13.24, Python 2.7.12 y ZODB 3.10.5.

Debido a que ZODB sólo se puede utilizar dentro de un solo proceso de Python, se utiliza Zeoserver, que es un gestor de bases de datos que permite a varios servidores web de Plone comunicarse con una única base de datos, gestionando los bloqueos y las transacciones, como se observa en la figura 3.

El sistema se instaló en los servidores del HIBA, en una máquina virtual con las siguientes características:

- Sistema operativo Ubuntu Server 14.04.
- 25 GB de espacio de almacenamiento.
- 8 núcleos de procesamiento GenuineIntel Xeon E312 2300 MHz
- 8 gigabytes de memoria RAM.

El entorno de desarrollo integrado (IDE) que utilizamos para las modificaciones en el código de Bika Health es Eclipse 4.6 extendido con el *plugin* PyDev 5.2 y el sistema de control de versiones Git, versión 2.12.

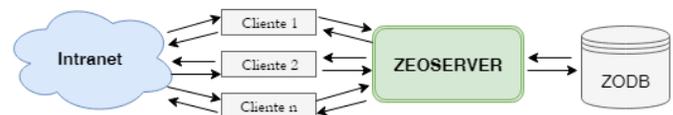


Fig. 3. Función de Zeoserver en una instalación Plone. Zeoserver gestiona los bloqueos y transacciones para que más de un cliente pueda acceder a la base de datos ZODB.

III. METODOLOGÍA

A. Proceso de selección del LIMS

Un LIMS es una herramienta que no tiene éxito para todos los laboratorios que deciden emplearla ya que no todos son iguales, no realizan las mismas prácticas, no utilizan los mismos modelos de equipos, no tienen la misma complejidad, etc. Para cubrir los requerimientos del usuario y no cometer errores en el proceso de selección de un LIMS que puedan tener una influencia significativa en el éxito del proyecto seleccionamos un LIMS teniendo en cuenta las siguientes cuestiones:

- Libre y de código abierto.
- Personalizable para las prácticas que se realizan en el LS.
- Seguro y con posibilidad de *Backup*.
- Confiable.
- Capaz de conectarse con otros sistemas.
- Que permita el seguimiento de muestras.

Realizamos una búsqueda en *LIMSwiki* [7], un *Wiki* dedicado a la comunidad científica, con contenido organizado, documentado y actualizado sobre todos los aspectos relacionados a sistemas informáticos de laboratorios, bioinformática e informática de la salud.

B. Configuración del LIMS

Una vez instalado el sistema en los servidores de la institución siguiendo los tutoriales que ofrece tanto Plone como Bika Health, se procedió a configurar las distintas partes del LIMS que no necesitan modificaciones de su código fuente, para adaptarlo a las necesidades del usuario.

Los datos que se utilizan para realizarlas se obtienen del relevamiento de cada práctica. Las configuraciones fueron divididas en seis grupos:

- *Datos del LS.*
- *Clientes.*
- *Muestras.*
- *Equipamiento del laboratorio.*
- *Análisis.*
- *Plantillas para hojas de trabajo.*

1) Datos del LS

La información que se agregó al LIMS respecto a los datos del LS fueron los contactos del laboratorio. Éstos son todos los datos personales de las personas que trabajan en el LS: Nombre completo, Cargo, dirección de correo electrónico, teléfono, localidad y dirección. Además, se editaron los datos básicos del LS como el nombre, teléfono, dirección, y acreditaciones.

2) Clientes

Se cargaron al sistema un identificador y un nombre para cada uno de los efectores, en Bika denominados *Clientes*. Éstos son las entidades que realizan la solicitud del análisis. A cada cliente se les agregaron sus correspondientes *Contactos del Cliente*. Para tramitar un AR, el cliente debe tener dado de alta como mínimo un contacto. Es quien hace la solicitud de análisis. También se cargaron *Pacientes*, que son a quien se les va a realizar el análisis.

3) Muestras

Todos los tipos de muestras que recibe el LS para realizar sus análisis se cargaron en el sistema, esto se debe a que muchas muestras ya ingresan pre procesadas, como en el caso de la practica HIV Genotipo donde las muestras consisten en ADN más sus respectivos *primers* específicos. Los datos de cada muestra que se incorporaron son: un título que identifica la muestra, el periodo de retención de la muestra, que es el periodo de tiempo durante el que se pueden mantener las muestras en un estado de no conservación antes que caduquen y no puedan ser analizadas, y el volumen mínimo de muestra necesario para efectuar el análisis.

4) Equipamiento del laboratorio

Incorporamos al sistema los datos de todos los equipos del LS que participen en alguna práctica realizada por el

mismo. Primero cargamos el nombre de cada tipo de equipo, de su fabricante y de su proveedor. Luego definimos los equipos en sí: nombre, código de identificación dentro del HIBA, número de serie y tipo, fabricante y proveedor correspondiente, estos últimos tres, ya configurados previamente. En este punto cabe destacar que el sistema antes de poder utilizar cada equipo alerta al usuario de que se debe realizar su correspondiente calibración, en la cual se adjunta un documento que avale la misma, la fecha de calibración y la fecha hasta la cual puede ser utilizado sin volver a calibrar.

5) Análisis

En este grupo configuramos las prácticas que realiza el LS dentro del LIMS. Cargamos las categorías de los análisis, los servicios de análisis y las especificaciones de los mismos. Con esto determinamos el flujo de trabajo de la muestra. En otras palabras, para cada práctica cargamos los tipos de análisis que se le realizan dentro del LS para diferenciar entre los análisis de diferentes disciplinas que el laboratorio ofrece, los servicios de análisis para describir las pruebas que componen los mismos, y las especificaciones para realizarlos. Todo esto incluye configurar: nombres, identificadores comerciales, código de servicio de análisis, puntos de muestreo, tipos de muestras, métodos utilizados con sus descripciones, protocolos, especificación de equipos para cada análisis, formatos de los archivos generados por los equipos (para cargarlos al sistema de manera correcta), cálculos matemáticos y opciones de listas desplegables para los resultados.

6) Plantillas para hojas de trabajo

Las plantillas para hojas de trabajo (*Worksheet Templates*) son útiles para que hojas de trabajo similares se puedan crear repetidamente sin tener que pasar por largos procesos manuales de configuración. Se editó una plantilla por cada práctica, donde se asignó para cada una de ellas un título, una descripción, los análisis para los que está diseñada y el diseño de las posiciones de las muestras en los equipos.

C. Modificaciones realizadas

Hay dos necesidades que el sistema seleccionado no satisface por completo, por lo que se agregan a su código: los cálculos matemáticos que normalmente se realizan manualmente por los operarios del laboratorio, y la exportación por parte del LIMS de un archivo tabular que sirve de entrada para el secuenciador de ADN. Con estos dos cambios, además de acelerar el flujo de trabajo en tiempo, se reduce el error del operario.

Bika Health permite realizar cálculos para cada posición en la grilla de muestras de la hoja de trabajo, pero dentro de las necesidades del LS es necesario un cálculo general para el preparado de las muestras que contemple todas las posiciones de la grilla, por lo que se agregará un botón al sistema que tome los datos de la hoja de trabajo y realice el cálculo. Respecto al archivo de exportación que sirve de entrada para el secuenciador, el sistema tiene incorporado esta funcionalidad pero solo para un pequeño número de tipos de

archivos. Éstos nos sirven de referencia para modificar el código y agregar los datos específicos del equipo en el archivo de exportación.

D. Conexión entre sistemas

Cada servicio efector tiene su propio sistema, el cual se conecta a través del resto utilizando mensajería HL7 [8]. Para la interfaz entre el LIMS con cada efector seguimos el mismo camino. La comunicación de cada efector con el LIMS es bidireccional: el sistema realiza una solicitud de análisis mediante un mensaje HL7, el mensaje se analiza sintácticamente y utilizando la JSON-API se inserta la solicitud en Bika. Luego se le confirma al efector si su solicitud se envió correctamente o si fallo. Una vez que la muestra llega al laboratorio y completo su flujo de trabajo, el LIMS realizando un cambio de estado en el AR, del estado *Recibido* al estado *Verificado*, informa al efector que sus resultados ya están disponibles y de donde los puede obtener. El cambio de estado antes nombrado se detecta también utilizando la JSON-API en la interfaz.

IV. RESULTADOS

A. Selección del LIMS

Seleccionamos Bika Health LIMS debido a que no solo satisface todas las cuestiones antes listadas en el punto *Proceso de Selección del LIMS* sino que también posee características adicionales que si bien tal vez no se les de uso a corto plazo son muy interesantes para el ámbito clínico pensando en el crecimiento de datos y practicas futuras. Entre estas características encontramos la posibilidad de asignar al sistema y relacionar pacientes, médicos, institutos de referencia, casos clínicos, alergias, historial clínico, historial de viajes del paciente e historial de vacunación. En Bika Health no solo las muestras de pacientes son los elementos centrales en el flujo de trabajo del laboratorio sino que también lo son los casos clínicos.

B. Configuraciones

En la configuración del sistema no hubo percances, el sistema posee una gran documentación respecto a su instalación y configuraciones como para obtener fácilmente un sistema funcional. La página de configuración del sitio combina las configuraciones de Plone y Bika. Una vez que se ha abierto una opción, en el *portlet* de configuración del sistema aparecen todos los elementos de configuración.

El sistema además posee un foro activo de usuarios y desarrolladores.

Toda la configuración se completa durante la implementación inicial y sólo se edita posteriormente cuando sea necesario, por ejemplo, cuando aparezcan nuevas prácticas o equipos.

C. Interfaz

Bika incluye *Plone.Json.Api* para leer, actualizar, crear y eliminar objetos. La JSON-API se utiliza internamente para muchas solicitudes AJAX, pero fundamentalmente es de nuestro interés que permite también implementar interfaces alternativas entre sistemas. Si bien el mensaje enviado está

construido con el estándar HL7, éste luego es fácilmente procesado y los datos se insertan utilizando dicha API.

D. Grado de avance en el desarrollo

El grado de avance de este trabajo se muestra en la tabla 2. El agregado de prácticas al sistema se realiza de manera gradual: se comenzó con la práctica clínica más compleja en cuanto a flujo de información respecto a las muestras y que se realiza con más frecuencia: HIV Genotipo. Luego se irán agregando las prácticas restantes. Con el agregado de éstas, surgirán nuevas funcionalidades para agregar o pequeñas modificaciones a las ya insertadas, como por ejemplo, modificaciones en la estructura de los mensajes HL7 y nuevas pruebas de *Backups*. De todos modos, las configuraciones a realizar sobre el LIMS son semejantes entre prácticas.

El resultado teórico final se resume en la figura 4, donde se presenta el ciclo completo del sistema: Desde el sistema del servicio efector se realiza un AR, el cual es un mensaje HL7. La interfaz se encarga de obtener dicho mensaje, analizarlo sintácticamente e insertarlo dentro del LIMS, confirmando al sistema efector si el proceso se realizó o no con éxito. Ya dentro de Bika Health, el operador recibe las muestras, y arma su hoja de trabajo. En esta hoja de trabajo, de acuerdo a la práctica asignada, el sistema le dice al usuario cual es el proceso a seguir con las muestras: como se preparan, en que posición de la grilla de trabajo se deben colocar, que equipos están involucrados en el proceso. En este punto el sistema permite exportar archivos hacia los equipos y luego importar si es necesario los resultados de los mismos. Luego en el flujo de trabajo de las muestras puede o no existir un control de calidad (QC), dependiendo de si el operador del LS añadió o no muestras de referencia que ayudaran en la toma de decisiones de verificación o de retracción, para volver a realizar el análisis. El final del proceso en el LIMS es cuando el usuario capacitado verifica el proceso y los resultados, pasando éstos a un estado (*Verificado*) que le permite a la interfaz recuperarlos y enviárselos al servicio efector para la realización del informe final y publicación de los mismos.

TABLA II
GRADO DE AVANCE DEL PROYECTO.

Etapa	Completado
Relevamiento de las necesidades del Laboratorio de Secuenciación.	100 %
Relevamiento de las prácticas que se realizan actualmente.	100 %
Análisis y selección de un LIMS Open Source.	100 %
Requerimiento de Hardware.	100 %
Instalación del LIMS.	100 %
Configuración del LIMS.	80 %
Agregado de prácticas.	10 %
Pruebas de <i>Backups</i>	50 %
Agregado de funcionalidades al LIMS.	75 %
Interfaz del LIMS con los sistemas efectores	70 %
Implementación del LIMS.	75 %

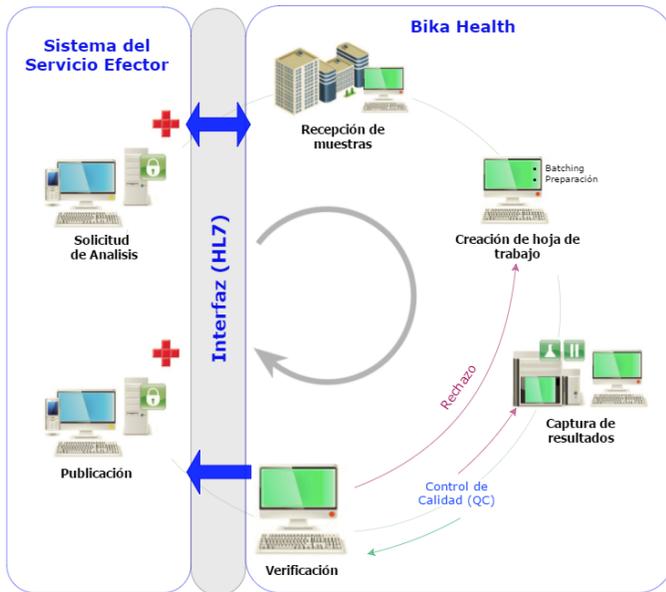


Fig. 4. Sistema final: se diferencia que actividad realiza cada parte del sistema. Quien realiza la solicitud de análisis y arma el informe final con los resultados el efector. El flujo de trabajo completo de las muestras se realiza dentro del LIMS, y la interfaz entre los sistemas se basa en mensajería HL7 y el uso de Bika Json-Api.

V. CONCLUSIONES

El aumento de prácticas y de generación de datos que tienen relación con la secuenciación de ADN y su esencial cuidado crean la necesidad de herramientas informatizadas de gestión de muestras más potentes que los cuadernos de laboratorio y las hojas de cálculo y de trabajo tradicionales.

La implementación del LIMS en el Laboratorio de Secuenciación del Hospital Italiano de Buenos Aires nos permitirá contar con un sistema que incremente la eficiencia del laboratorio por varias razones: los datos de las muestras y solicitudes de análisis están fácilmente disponibles para ver y aprobar, la integración de instrumentos reduce el tiempo de entrada de datos y los errores de transcripción, los registros de control de calidad están disponibles para la revisión del laboratorio y de auditorías, la generación de informes de productividad se puede completar en segundos, y la complejidad de implementar y administrar una aplicación web se hace mínima por lo que el LIMS se convierte en un sistema fácil de configurar y mantener.

Debido a que el HIBA posee su propio Departamento de Informática en Salud, el LIMS puede ser diseñado y configurado como una alternativa de código abierto a los costosos sistemas comerciales para satisfacer las demandas de las prácticas actuales del laboratorio.

Bika LIMS posee un foro activo de usuarios y desarrolladores y ha demostrado que supera los desafíos claves que por lo general se asocian con los LIMS.

Para finalizar, concluimos que un LIMS libre de licencias y de código abierto es un proyecto que, si se aborda correctamente, puede producir resultados superadores.

REFERENCIAS

- [1] "LIMS empleados en los Laboratorios Químicos de Chile" in *Química Industria & Minería, Edición 6*. Chile, 2012, pp. 5–10.
- [2] Gibbon, G. A. "A brief history of LIMS", *Laboratory Automation and Information Management*, vol.32, pp. 1-5, 1996.
- [3] Melo, A., Faria-Campos, A., DeLaat, D., Keller, R., Abreu, V., & Campos, S. "SIGLa: an adaptable LIMS for multiple laboratories", *BMC Genomics*, vol.11, pp. 1471-2164, 2010.
- [4] *Bika Health*. Disponible en <http://health.bikalabs.com/> (Fecha de acceso: 10 de junio del 2017).
- [5] *Naralabs: LIMS Engineering & Consulting*. Disponible en <https://naralabs.com/> (Fecha de acceso: 5 de mayo del 2017).
- [6] Bendou, H., Sizani, L., Reid, T., Swanepoel, C., Ademuyiwa, T., Merino-Martínez, R., Christoffels, A. "Baobab Laboratory Information Management System: Development of an Open-Source Laboratory Information Management System for Biobanking", *Biopreservation and Biobanking*, vol.15, pp. 116-120, 2017.
- [7] *LIMSwiki: The laboratory, health, and science informatics encyclopedia*. Disponible en <https://www.limswiki.org/> (Fecha de acceso: 31 de mayo del 2017).
- [8] *Health Level 7*. Disponible en <http://http://www.hl7.org/> (Fecha de acceso: 10 de mayo del 2017).
- [9] Palla, P., Frau, G., Vargiu, L., & Rodríguez-Tomé, P. "QTREDS: a Ruby on Rails-based platform for omics laboratories". *BMC Bioinformatics*, vol.15, pp. 13, 2014.
- [10] Tagger, B. "An Introduction and Guide to Successfully Implementing a LIMS". 2011. Disponible en <http://www0.cs.ucl.ac.uk/staff/B.Tagger/LimsPaper.pdf>
- [11] Voegelé, C., Tavtigian, S. V., de Silva, D., Cuber, S., Thomas, A., & Le Calvez-Kelm, F. "A Laboratory Information Management System (LIMS) for a high throughput genetic platform aimed at candidate gene mutation screening", *Bioinformatics*, vol.23, pp. 2504-2506, 2007.
- [12] Turner, E. "Implementing a Laboratory Information Management System (LIMS) in an Army Corps of Engineers' Water Quality Testing Laboratory", *Journal of the Association for Laboratory Automation*, vol. 6, pp. 60-63, 2001.
- [13] Hunter, A., Dayalan, S., De Souza, D., Power, B., Lorrimar, R., Szabo, T., Bellgard, M. "MASTR-MS: a web-based collaborative laboratory information management system (LIMS) for metabolomics", *Metabolomics*, vol. 13, pp. 1-9, 2017.
- [14] Yalan Chen, Yuxin Lin, Xuye Yuan, and Bairong Shen. "LIMS and Clinical Data Management", *Springer*, vol. 939, pp. 225-240. 2016.