

UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

BRUNA ZULKIEVICZ
FELIPE STEIN RIBEIRO
PRISCILA GOULART KLAWA

μ SEQUENCE BASE:
SISTEMA WEB PARA GERENCIAMENTO DO LABORATÓRIO DE GENÉTICA DA
UFPR

CURITIBA
2012

BRUNA ZULKIEVICZ
FELIPE STEIN RIBEIRO
PRISCILA GOULART KLAWA

μ SEQUENCE BASE:
SISTEMA WEB PARA GERENCIAMENTO DO LABORATÓRIO DE GENÉTICA DA
UFPR

Trabalho de conclusão de curso de graduação em
Tecnologia em Sistemas de Informação,
Universidade Federal do Paraná, Curitiba – PR.
Orientadora: Prof^a MSc. Rafaela Mantovani
Fontana

CURITIBA
2012

RESUMO

O sistema de gerenciamento de dados é uma ferramenta importante para administrar informações da área de biologia e se mostrou indispensável no Laboratório de Genética de Micro-organismos (LabGeM) da Universidade Federal do Paraná. Este laboratório desenvolve trabalhos de microbiologia e biologia molecular, com fungos e bactérias de importância ecológica e sócio-econômica. As condições de armazenamento e controle das informações são precárias, pois não há sistemas que auxiliem e padrões estabelecidos. Os pesquisadores trabalham simultaneamente arquivando seus estudos de diversas formas, podendo ocasionar a perda de dados, principalmente quando outro pesquisador dará continuidade ao trabalho. Nesse contexto, para o progresso dos estudos no laboratório, foi desenvolvida uma aplicação web capaz de armazenar a informação biológica associada aos milhares de micro-organismos. A internet contribuirá com a interação dos usuários, para que os dados sejam lançados em tempo real, evitando a perda de informações por falta de ferramenta confiável para registrá-las. Neste projeto foram utilizadas algumas tecnologias, a maioria ferramentas livres como linguagem de programação PHP em conjunto com o framework CodeIgniter e o banco de dados MySQL. O sistema possui os módulos administrativo, para controlar perfis de usuários, e operacional, para armazenar o fluxo de informações das pesquisas. Há ainda, uma base de dados adequada para catalogar os micro-organismos, manter dados de origem, coleta e identificação, e associar a estes micro-organismos a informação molecular já obtida. O sistema atendeu aos requisitos estabelecidos pelo cliente, pois padronizou o armazenamento, agrupando os dados de maneira prática e ágil, e facilitou a busca das informações.

Palavras-chave: Laboratório de genética, micro-organismos, informação biológica.

ABSTRACT

Databases are important tools to organize biological data and it proved to be invaluable in the Microorganism Genetics Laboratory (LabGeM) of the Paraná Federal University. The Laboratory is designed to do research in microbiology and molecular biology with ecologically and socially significant fungi and bacteria. The current system of storing and controlling data is not adequate because there is no system in place and policies to follow. The many researchers that work together all store their data in different ways, leading to data loss, especially when the work is to be continued by another researcher. In this context, where adequate computer systems are necessary for the progress of the laboratory's work, a web application capable of storing the biological data associated with the thousands of microorganisms was designed. Internet will provide interaction between the users so that data can be accessed in real-time and data will not be lost due to the lack of a reliable tool to register data. A few different technologies were used in the project, most of them free tools such as PHP programming language along with CodeIgniter framework and MySQL database. The system has an administrative module to control the profiles of users and an operational module for storing the flow of data from the research. It also provides an adequate database to catalogue the microorganisms in a consistent form and maintain data related to origin, collection and identification and then link the new microorganisms to molecular information previously obtained. The system met the requirements put forth by the client, as it provided consistency to the data entry, grouped the data in a practical and quick way, and made searching the data easy.

Keyword: Genetics laboratory, microorganisms, biological Information.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Complexidade dos atores.....	25
Tabela 2 - Complexidade dos casos de uso.....	26
Tabela 3 - Fator de Complexidade Técnica.....	27
Tabela 4 - Fator de Complexidade Ambiental	27
Tabela 5 - Plano de Riscos	37

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Processo do Negócio	18
Figura 2 - WBS.....	30
Figura 3 - GANTT	32
Figura 4 - Detalhes GANTT 1	33
Figura 5 - Detalhes GANTT2.....	33
Figura 6 - Detalhes GANTT 3.....	34
Figura 7 - Detalhes GANTT 4.....	34
Figura 8 - Tabelas do banco de dados	46
Figura 9 - Estrutura de pastas do CodeIgniter.....	47
Figura 10 - Tela Login responsável por dar acesso ao sistema	48
Figura 11 - Tela Esqueceu a Senha solicitando dados para enviar nova.....	49
Figura 12 - Tela Perfil do Usuário, exibindo dados do usuário logado	49
Figura 13 - Tela Idiomas permite escolher a língua que o sistema deverá usar	50
Figura 14 - Tela Inicial de apresentação do sistema	50
Figura 15 - Tela Registrar Grupo.....	51
Figura 16 - Tela Pesquisar Grupos	51
Figura 17 - Tela Editar Grupo.....	52
Figura 18 - Tela Excluir Grupo	52
Figura 19 - Tela Permissões	53
Figura 20 - Tela Usuários	53
Figura 21 - Tela Pesquisa de Usuários	54
Figura 22 - Tela Editar Usuário	54
Figura 23 - Tela Excluir Usuário	55
Figura 24 - Tela Registrar Gene	55
Figura 25 - Tela Pesquisa Gene.....	56

Figura 26 - Tela Editar Estado.....	56
Figura 27 - Tela Excluir Estado	57
Figura 28 - Tela Avaliar Materiais Biológicos	57
Figura 29 - Tela Visualizar Material.....	58
Figura 30 - Tela Materiais do Usuário	59
Figura 31 - Tela Registrar Material.....	59
Figura 32 - Tela Pesquisar Materiais Biológicos	60
Figura 33 - Tela Editar Material Biológico	60
Figura 34 - Tela Excluir Material.....	61
Figura 35 - Tela Sequências de DNA.....	61
Figura 36 - Tela Registrar Sequência.....	62
Figura 37 - Tela Editar Sequência.....	63
Figura 38 - Tela Visualizar Sequência.....	64
Figura 39 - Tela Pesquisa Avançada Materalis Biológicos	64
Figura 40 - Tela Sequências de DNA.....	65
Figura 41 - Tela Pesquisar Sequências de DNA.....	66
Figura 42 - Tela Pesquisa Avançada Sequências de DNA	66
Figura 43 - Tela Pesquisar Sequência de DNA.....	67
Figura 44 - Tela Editar Sequência.....	68
Figura 45 - Tela Visualizar Sequência.....	69

LISTA DE SIGLAS

DER	– Diagrama de Entidade e Relacionamento
DNA	– Ácido Desoxirribonucleico
EAP	– Estrutura Analítica de Projeto
FCA	– Fator de Complexidade Ambiental
FCT	– Fator de Complexidade Técnica
GHz	– Gigahertz
HD	– Hard Disk
HP	– Hewlett-Packard
LabGeM	– Laboratório de Genética de Micro-organismos
MVC	– Model View Controller
NCBI	– National Center for Biotechnology Information
PCR	– Polymerase Chain Reaction
PCUNA	– Pontos por caso de uso não ajustados
PHP	– Hypertext Preprocessor
RUP	– Rational Unified Process
TCC	– Trabalho de Conclusão de Curso
TPNAA	– Total de pesos não ajustados de atores
TPNAUC	– Pontos por caso de uso não ajustados
UC	– Caso de Uso
UFPR	– Universidade Federal do Paraná
UML	– Unified Modeling Language
WBS	– Work Breakdown Structure
XML	– Extensible Markup Language

LISTA DE SÍMBOLOS

μ – micro

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	13
1.1	OBJETIVOS DO PROJETO.....	14
1.2	ESTRUTURA DO DOCUMENTO	15
2	FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	16
2.1	SISTEMAS SEMELHANTES	18
2.1.1	Biolumics Software Desktop Version	18
2.1.2	Bionumerics.....	20
3	METODOLOGIA.....	23
3.1	MODELO DE PROCESSO DE ENGENHARIA DE SOFTWARE.....	24
3.2	ESTIMATIVA DE ESFORÇO DE DESENVOLVIMENTO (PCU).....	25
3.2.1	Complexidade dos Atores (TPNAA)	25
3.2.2	Complexidade dos Casos De Uso (TPNAUC).....	25
3.2.3	Cálculo do Fator de Complexidade Técnica (FCT).....	26
3.2.4	Fator de Complexidade Ambiental (FCA)	27
3.2.5	Cálculo dos Pontos por Caso De Uso Ajustados.....	28
3.3	PLANO DE ATIVIDADE	29
3.3.1	WBS	29
3.3.2	GANTT	31
3.4	PLANO DE RISCOS	35
3.5	PLANO DE TESTE.....	38
3.6	RESPONSABILIDADES.....	38
3.7	MATERIAIS.....	39
3.7.1	Hardware	39
3.7.2	Softwares.....	40
3.7.3	Codeigniter 2.1.0.....	40

3.8	DESENVOLVIMENTO DO PROJETO	42
4	APRESENTAÇÃO DO SOFTWARE	45
4.1	MANUAL DE INSTALAÇÃO.....	45
4.1.1	Configuração do Banco De Dados	45
4.1.2	Código Fonte	46
4.2	MANUAL DO SISTEMA	47
4.2.1	Login.....	48
4.2.2	Idioma.....	50
4.2.3	Home	50
4.2.4	Menu Administração	51
4.2.5	Menu Laboratório.....	55
4.2.6	Menu Materiais Biológicos.....	57
4.2.7	Menu Sequências de DNA	65
5	CONSIDERAÇÕES FINAIS	70
5.1	PARECER DO CLIENTE	71
	REFERÊNCIAS.....	72
	APÊNDICE A – DIAGRAMA DE CASOS DE USO	74
	APÊNDICE B – ESPECIFICAÇÃO CASOS DE USO	75
B.1.	MANTER GRUPOS	75
B.2.	MANTER PERMISSÕES.....	78
B.3.	MANTER USUÁRIOS.....	79
B.4.	SELECIONAR IDIOMA.....	84
B.5.	PERFIL DO USUÁRIO	85
B.6.	RECUPERAR SENHA.....	87
B.7.	MANTER ESTADOS DO MATERIAL	90
B.8.	MANTER GENES	93
B.9.	MANTER PRIMERS	97

B.10. MANTER TAXONOMIAS.....	100
B.11. MANTER TECIDOS DE ISOLAMENTO	104
B.12. MANTER TIPOS DE MATERIAL	107
B.13. AVALIAR MATERIAIS BIOLÓGICOS.....	110
B.14. AVALIAR SEQUÊNCIAS	112
B.15. MATERIAIS DO USUÁRIO.....	115
B.16. SEQUÊNCIAS DE DNA.....	119
B.17. PESQUISAR MATERIAIS BIOLÓGICOS	124
B.18. PESQUISAR SEQUÊNCIAS DE DNA.....	129
APÊNDICE C - TABELA DE REFERÊNCIA PARA A CLASSIFICAÇÃO DOS ATORES	135
APÊNDICE D - TABELA DE REFERÊNCIA PARA A CLASSIFICAÇÃO DOS CASOS DE USO.....	136
APÊNDICE E - TABELA DE REFERÊNCIA PARA CALCULAR FATOR DE COMPLEXIDADE TÉCNICA.....	137
APÊNDICE F - TABELA DE REFERÊNCIA PARA CALCULAR O FATOR DE COMPLEXIDADE AMBIENTAL	138
APÊNDICE G - TABELA IMPACTO X PROBABILIDADE DO PLANO DE RISCO	139
APÊNDICE H – CASOS DE TESTE	140
APÊNDICE I – DIAGRAMA DE CLASSES	144
APÊNDICE J – DIAGRAMA DE ATIVIDADES.....	145
APÊNDICE K – DIAGRAMA DE ENTIDADE E RELACIONAMENTO	146
APÊNDICE L – DIAGRAMA DE SEQUÊNCIA.....	147
L.1. MANTER GRUPOS	147
L.2. MANTER PERMISSÕES	148
L.3. MANTER USUÁRIOS	149
L.4. PERFIL DO USUÁRIO.....	150
L.5. RECUPERAR SENHA	151

L.6. SELECIONAR IDIOMA	152
L.7. MANTER ESTADOS DO MATERIAL.....	153
L.8. MANTER GENES	154
L.9. MANTER PRIMERS.....	155
L.10. MANTER TAXONOMIAS	156
L.11. MANTER TECIDOS DE ISOLAMENTO.....	157
L.12. MANTER TIPOS DE MATERIAL	158
L.13. MATERIAIS DO USUÁRIO	159
L.14 AVALIAR MATERIAIS BIOLÓGICOS	160
L.15. PESQUISAR MATERIAIS BIOLÓGICOS	161
L.16. SEQUÊNCIAS DE DNA	162
L.17. AVALIAR SEQUÊNCIAS DE DNA	163
L.18. PESQUISAR SEQUÊNCIAS DE DNA	164

1 INTRODUÇÃO

Os conjuntos de dados biológicos têm aumentado em uma escala que torna complexa não somente a sua análise, mas também a organização e catalogação. Com o advento de novas metodologias de sequenciamento de DNA (ácido desoxirribonucleico) e o consequente barateamento dos métodos tradicionais, como o método de Sanger¹, tornou-se viável que laboratórios de médio porte gerem centenas de sequências de diferentes genes e espécies dentro de poucos dias. A demanda levou ao surgimento de grandes bancos públicos de armazenamento de dados de sequenciamento, como o GenBank², que armazenam bilhões de sequências de DNA, organizadas e disponíveis para todos os pesquisadores do mundo. Todavia, entre o processo de produção e a posterior submissão das sequências para o banco de dados público, são necessários passos de certificação e correção das mesmas, além de realização de possíveis análises para a publicação de novos fatos científicos e a divulgação de tais sequências para o domínio público.

Assim, é necessária a manutenção prévia das sequências de DNA de forma acessível e organizada para facilitar o trabalho dos pesquisadores. A disponibilidade de tais dados permite a publicação de novas proteínas, novos mecanismos genéticos ou até mesmo novas espécies - fato importante em um país com uma diversidade do tamanho da brasileira, até então não explorada adequadamente.

A utilização do sequenciamento de DNA se mostra ainda mais crítica em estudos de micro-organismos, porque podem ser novos produtores de antibióticos, controladores biológicos para pragas agrícolas ou produtores de compostos secundários eficazes para o tratamento de doenças ou pragas. Além disso, muitas vezes, os micro-organismos apresentam similaridade morfológica e bioquímica tão elevada que somente a análise profunda de diversos de seus genes pode levar a distinção entre espécies, que podem causar doenças devastadoras para um determinado cultivar, causar a improdutividade ou serem meramente inofensivas.

¹ Sanger: Técnica de sequenciamento que consiste na utilização de interruptores da síntese da fita nova de DNA. São preparados quatro tubos de reação, cada um contendo o DNA molde, a sequência iniciadora, a enzima DNA polimerase, os quatro nucleotídeos (adenina, timina, citosina e guanina) e um único tipo de nucleotídeo modificado, que promove o término da síntese quando incorporado a fita de DNA.

² GenBank: é um banco de dados público de sequências genéticas, que armazena sequências de DNA.

Portanto, não somente é preciso que os laboratórios mantenham uma base de dados confiável para classificar corretamente os micro-organismos, mas também é indispensável associar a estes micro-organismos a informação molecular existente, dos diversos genes sequenciados. Para realizar estas atividades, diversas ferramentas estão disponíveis no mercado, entretanto, possuem um alto custo de licenciamento. Outras, de custo inferior ou mesmo distribuídas livremente, não apresentam a praticidade de um Sistema Web, que permite a comunicação e troca de informações, não somente entre pesquisadores de um mesmo laboratório, mas também de grupos de pesquisa de instituições diferentes que estejam trabalhando em conjunto para a resolução de um mesmo problema.

Sendo assim, se justifica a demanda de um sistema capaz de armazenar a informação biológica associada aos milhares de micro-organismos, que podem estar representados em uma micoteca³ de pequena escala de um laboratório de pesquisa.

1.1 OBJETIVOS DO PROJETO

O objetivo geral é informatizar o Laboratório de Genética da Universidade Federal do Paraná desenvolvendo uma ferramenta WEB que permita organizar e manter as informações das espécies, materiais biológicos e sequências de DNA dos experimentos realizados.

Objetivos específicos:

- Levantar dados referentes ao funcionamento do laboratório, ao material biológico e às necessidades do cliente.
- Pesquisar conceitos de termos biológicos associados a área de genética de micro-organismos.
- Desenvolver sistema web intuitivo, que possibilite a interação entre os usuários e que ofereça a eles autonomia para cadastrar seus dados por meio de interfaces.
- Entregar software funcional, para uso imediato do laboratório.

³ Micoteca : é uma coleção científica de fungos.

1.2 ESTRUTURA DO DOCUMENTO

Com o intuito de organizar a estrutura deste trabalho, os assuntos abordados no documento foram distribuídos em 5 capítulos.

Capítulo 1: justificativa da necessidade do desenvolvimento do projeto, objetivos gerais e específicos.

Capítulo 2: a fundamentação teórica explica o processo do negócio do laboratório de genética e compara softwares semelhantes ao sistema proposto.

Capítulo 3: apresenta a metodologia utilizada no desenvolvimento, estimativas de esforço baseadas no casos de uso, plano de atividades com auxílio da WBS e do gráfico de Gantt, plano de riscos, plano de testes, responsabilidades da equipe, materiais utilizados e descrição do processo de desenvolvimento do projeto.

Capítulo 4: contém a apresentação do software com o manual de instalação e do sistema.

Capítulo 5: destinado as considerações finais com parecer do cliente e da equipe.

2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

A tecnologia da informação pode atuar em todas as áreas, portanto além da parte técnica compreendida pelo desenvolvimento de ferramentas, é necessário agregar outros conhecimentos.

Para o desenvolvimento deste projeto, foi necessário realizar pesquisas relacionadas às ciências biológicas, pois desta forma aprenderíamos sobre o negócio do nosso cliente. Observou-se a necessidade de compreender conceitos de microbiologia, genética e biologia molecular.

O procedimento realizado no laboratório, apresentado na Figura 1, compreende várias etapas, desde atividades de coleta do material biológico e seu tratamento até sequenciamento do DNA e análises dos resultados.

Os fungos e as bactérias são objetos de estudo do LabGeM. Os fungos, segundo Pelczar Jr *et al.*(1996), se caracterizam por serem eucariontes – núcleo delimitado por uma membrana – e heterótrofos, podendo ser uni ou pluricelulares diferentemente das bactérias, seres procariontes – que carecem de membrana nuclear – heterótrofos e estritamente unicelulares.

Esses microrganismos estudados pelos integrantes do laboratório colonizam partes específicas de determinadas plantas, deste modo é preciso que essas partes, geralmente folhas para fungos e raízes para bactérias, sejam coletadas para análise.

O foco das pesquisas está nos micro-organismos que vivem no interior das plantas, fazendo-se necessário, primeiramente, realizar a desinfestação da superfície do material, para eliminar os micro-organismos que ali habitam. Após esta etapa o material vegetal é fragmentado e colocado em meio de cultura na estufa, isto para que os micro-organismos internos ao material cresçam sobre este meio. Formadas as colônias, um único esporo de cada uma é transferido para outro recipiente asséptico contendo meio de cultura, de modo que seu crescimento seja individualizado, possibilitando, assim, tanto sua utilização em experimentos ou seu armazenamento. O LabGeM possui uma micoteca, – biblioteca de fungos – com mais de mil isolados (microrganismos já identificados e individualizados).

De acordo com o processo que será realizado com os fungos e as bactérias, estes são preparados de maneira específica. Um procedimento de importância dentro da área de genética, e que é realizado no laboratório, é a extração do DNA.

Conforme Pelczar Jr *et al.* (1996), o DNA é um composto orgânico com moléculas portadoras de informação genética. Para tal procedimento, são feitas réplicas de cada isolado para a obtenção de um montante considerável do material biológico, para que seja possível extrair uma quantidade apropriada de seu material genético. Extraído o DNA, tanto por intermédio de kits próprios para isso ou de métodos caseiros, é realizado uma eletroforese, técnica utilizada na separação de macromoléculas, para verificar a quantidade extraída, bem como sua qualidade. Caso estes itens sejam avaliados como incompatíveis para seguir adiante com os estudos moleculares, são realizadas novas extrações.

Após obter o DNA, os pesquisadores partem para a PCR (*Polymerase Chain Reaction*). Segundo Faveretto e Mercadante (1999) a PCR é um processo simples e eficiente, usado para aumentar a quantidade de uma amostra de DNA. São realizados testes para que este processo seja, primeiramente, otimizado para que depois seja efetuada uma PCR em larga escala, propiciando maior eficiência dos processos futuros e evitando desperdício de reagentes.

Com o produto da PCR também é executada a quantificação e avaliação de pureza por meio de eletroforese, para que então ele seja purificado, isto é, para que sejam retirados os aditivos que foram necessários para a realização da PCR. Após esta etapa é verificado, novamente por eletroforese, o sucesso do procedimento.

Em seguida, os pesquisadores preparam as reações com o produto da PCR purificada, para que, em equipamento apropriado, seja realizado o sequenciamento do DNA, técnica que consiste em decifrar a ordem dos nucleotídeos numa fita de DNA. Um dos métodos mais utilizados para realizar o sequenciamento é o de Sanger. O resultado do sequenciamento é, por conseguinte, analisado e editado.

A partir das sequências obtidas, o pesquisador realiza comparações com as sequências já identificadas presentes no GenBank e efetua análises conjuntas com estas, para que seja possível, entre outras coisas, verificar possíveis proteínas a serem codificadas, corroborar hipóteses de taxonomia do organismo em questão e reconstruir filogenias, a partir da relação entre as diferentes espécies.

O sistema propõe dar suporte a todas essas etapas realizadas pelos pesquisadores, impedindo a perda de dados devida falta de organização e controle das informações. O processo é trabalhoso e o re-trabalho traz consequências econômicas e o progresso das pesquisas fica comprometido. Com intuito de resolver os problemas de falta de perda de dados, o sistema possui a funcionalidade de

cadastrar os materiais biológicos e para organizar os dados, o sistema foi estruturado de forma que vincule os dados relacionados à pesquisa realizada.

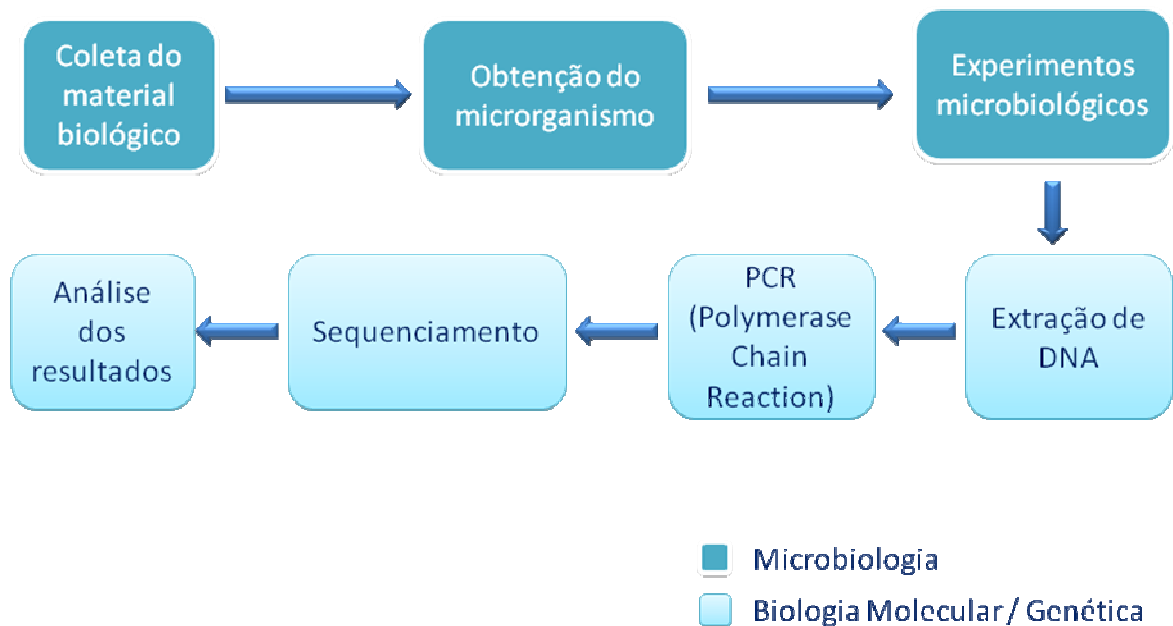


Figura 1 - Processo do Negócio

2.1 SISTEMAS SEMELHANTES

Atualmente no mercado existem bons sistemas considerados completos que são utilizados pelos laboratórios da área, porém, são softwares pagos. As versões gratuitas são insuficientes para as necessidades dos laboratórios de pesquisa como o LabGen.

2.1.1 Biolomics Software Desktop Version

Desenvolvido pela empresa BioAware (Bélgica), o BioloMics Software Desktop Version é um sistema de recuperação e gerência de dados, análise de dados biológicos, publicação de coleções e resultados de pesquisas. É utilizado para coleções de culturas, museus, laboratórios de pesquisa, laboratórios industriais, por biólogos moleculares, taxonomistas, ecologistas e pesquisadores.

Entre suas funcionalidade estão:

- Consultas básicas e avançadas a base de dados: é possível consultar bases de dados, as consultas podem ser salvas e reutilizadas.
- Criação dinâmica e modificação de bases de dados: permite criar e alterar bases de dados em tempo real.
- Sistema de gestão de dados: os usuários podem criar layouts, visualizar as tabelas a partir da interface principal do sistema. Os dados podem ser exibidos e/ou editados em planilhas e árvores hierárquicas.
- Segurança e gerenciamento de acesso: o acesso a bases de dados é feita através de login e senha. Os administradores do banco definem diferentes níveis de perfis de grupos com funcionalidades limitadas.
- Sistema de rastreamento: as modificações realizadas no banco de dados são gravadas. O administrador pode pesquisar, desfazer ou refazer as alterações.
- Ferramentas de recuperação de dados: permite aos usuários recuperar facilmente dados de imagens, géis de eletroforese, leitores de microplacas, mapas e bases de dados geográficas, bases de dados de sequências de DNA e proteínas, bases de dados de publicação, etc.
- Importação e exportação de dados: os dados podem ser exportados usando extensões como texto, MS-Word, MS-Excel, HTML, XML, Fasta, NCBI, etc. Os usuários também podem criar modelos de relatórios com seus próprios formatos.
- Gestão de estoque: controla o estoque e emite aviso quando estiver com pouca quantidade. Este módulo pode ser integrado a sistemas de faturamento, pedidos e clientes.
- Gestão de clientes: dados de usuários podem ser administrados e utilizados com sistemas de faturamento, pedidos e de segurança.
- Gestão de pedidos e faturas: possibilita encomendar itens utilizando o sistema online de compras. O sistema envia e-mail aos administradores e responsáveis pelas vendas quando os pedidos são enviados, eles podem remover itens do estoque e criar faturas.
- Edição e análise de dados moleculares: sequências de DNA e proteínas podem ser armazenadas e editadas. O sistema gera estatísticas básicas sobre sequências disponíveis para realizar identificações e classificações.

- Gerenciar e controlar as operações de seqüenciamento: permite gerenciar amostras, extração de DNA, inserção dos resultados na base de dados e gerar relatórios.
- Alinhamentos de arquivos de rastreamento e edição: possui um visualizador de arquivos e uma ferramenta de edição. Os resultados podem ser armazenados diretamente em bases de dados ou salvos como arquivos XML.
- Possibilita criar e alinhar bases de dados de sequência desconhecidas em lote que podem ser realizados em um banco de dados local e, ao mesmo tempo no Genbank / NCBI.

2.1.2 Bionumerics

Desenvolvido pela empresa Applied Maths, o BioNumerics é uma plataforma para informatização e análise de praticamente todos os tipos de dados biológicos. Possibilita a comparação, visualização, agrupamento, identificação e estatísticas de todos os dados armazenados no banco. Com base em diferentes abordagens experimentais de um banco de dados global, o sistema sintetiza informações em respostas conclusivas e compartilha informações na internet para troca de dados biográficos de maneira uniforme e padronizada.

O sistema é dividido em módulos, podendo ser adquiridos separadamente para realizar combinações conforme necessidade. Os módulos de aplicação possuem as seguintes funcionalidades:

- Impressões digitais: leitura de formatos de arquivos gráficos, arquivos de imagem e seqüenciadores automáticos.
- Tipos de caracteres: inclui qualquer tipo de dados existente, numérica, binária ou contínua, dentro de qualquer intervalo, com número fixo ou variável de caracteres. Esses conjuntos de caracteres também podem ser usados por plugins para armazenar o resultado dos dados processados obtidos por outras fontes.

- Tipos de sequência: o usuário pode montar sequências, ler dados de genes individuais obtidos em seqüenciadores automáticos de cromossomos completos sobre seqüenciadores de nova geração.
- Tipos de dados da Trend: incluem todos os tipos de leituras seqüenciais que expressam uma evolução de um parâmetro em função do outro, formando um gráfico.
- Tipos de Matrix: importação de matrizes de similaridade ou distância através de scripts de importação.
- Tipos de gel 2D: uma interface com base no projeto permite o processamento automatizado e sobreposição de imagens interativas com géis mostrados em cores diferentes, que permitem ao usuário corrigir manualmente normalizações e detectar pontos únicos.

Os módulos de análise possui um conjunto de pequenos módulos, cujas suas funcionalidades estão divididas em:

- Árvore e Rede Inferência: apresenta uma visão abrangente de todas as experiências disponíveis para uma seleção de entradas e que permite ao usuário mostrar e comparar qualquer combinação de experimentos.
- Bibliotecas e módulo de identificação: permite identificar organismos desconhecidos com base em vários conjuntos de dados experimentais disponíveis, através de métodos de aprendizagem e classificação.
- Dimensionamento e estatística: coloca as entradas de dados em espaços de duas ou mais dimensões e fornece recursos interativos, tornando possível selecionar, adicionar ou remover entradas, exibir informações de banco de dados adicionais como cores ou etiquetas.
- Ferramentas de análise molecular: realiza a análise específica na sequência de DNA e auxilia na criação de testes.
- Comparação cromossômica e módulo de anotação: responsável pela comparação de genomas e cromossomos, análise da organização e do comportamento funcional dos genomas e o alinhamento dos cromossomos múltiplos. Possibilita edição das anotações feitas pelo software e novos agrupamentos realizados manualmente.
- Ferramenta de compartilhamento de banco de dados: possui a funcionalidade para se conectar a bancos de dados do servidor remoto,

que permite a troca de dados. Este módulo trabalha com perfis de níveis de usuário.

- Controle de versão e auditoria: responsável por salvar todas as alterações e manter as versões, registrar todas as ações do usuário, comparar duas versões e destacar as alterações, exclusões e inserções em cores diferentes, criar relatórios detalhados XML completos e comparações entre as versões, restaurar versões anteriores após as alterações erradas, assinatura digital de objetos aprovados.

Além das particularidades de cada módulo, o sistema possui funcionalidades comuns:

- Armazenar campos de informações como número, texto ou data.
- Bloquear campos de informação ou limitar opções de edição.
- Pesquisar dados com filtros escolhidos pelo usuário.
- Realizar sequência completa e análise cromossômica.
- Armazenar e gerenciar consultas de banco de dados.
- Definir níveis de acesso a diferentes perfis de usuários
- Gerar arquivos XML para exportar os dados pesquisados .
- Combinar consulta, mineração e análise de todos os tipos de dados biológicos.
- Realizar numerosos testes supervisionados e não supervisionados com técnicas de aprendizagem e estatística.
- Possui um grande número de Plugins disponíveis para aplicações especializadas, automação, ferramentas avançadas de análise e relatórios.

3 METODOLOGIA

Visando a abordagem sistemática de gerenciamento de processos para implementação e implantação de software, utilizou-se o modelo de processo RUP (Rational Unified Process) focado na UML (Unified Modeling Language), formado por um conjunto de 9 disciplinas que regem a divisão de tarefas e as responsabilidades do projeto.

Segundo Martins (2007), o RUP é iterativo e incremental por isso divide as tarefas em ciclos de vida e assim incrementa novas funcionalidades ao software. Cada ciclo de vida possui 4 fases:

- iniciação: define-se os objetivos do projetos, requisitos gerais e visão do negócio;
- elaboração: cria-se uma arquitetura estável para o desenvolvimento do projeto. São realizadas tarefas de análises, refinamento dos requisitos e da visão do negócio;
- construção: foca-se no desenvolvimento do software, no gerenciamento de recursos, e controle de custo e tempo;
- transição: transfere-se o sistema aos usuários, esta fase abrange correções, testes, treinamento, melhorias necessárias, configurações e instalações. Dependendo do resultado dos testes e das melhorias, esta fase pode gerar novos ciclos.

As disciplinas foram responsáveis por direcionar quais atividades seriam necessárias, para atingir o objetivo da fase trabalhada. Foram divididas em 6 processos de engenharia e 3 processos de suporte, respectivamente:

- modelagem de negócio: focada no entendimento do negócio que o software deverá atender;
- requisitos: processo que define os requisitos do sistema;
- análise e design: tem como finalidade desenvolver uma arquitetura para o software;
- implementação: disciplina dedicada ao desenvolvimento do sistema;
- teste: responsável por garantir a qualidade, portanto sua função é encontrar erros e expor as deficiências.
- implantação: o objetivo é entregar o produto aos usuários finais.

- gerenciamento do projeto: deve garantir o sucesso do projeto, controla os riscos e monitora as iterações;
- gerenciamento de configurações e mudanças: esta disciplina controla as mudanças realizadas, mantendo a integridade delas;
- ambiente: suas atividades oferecem suporte à equipe e organizam o ambiente de desenvolvimento.

3.1 MODELO DE PROCESSO DE ENGENHARIA DE SOFTWARE

O desenvolvimento do projeto foi inteiramente regido pelas diretrizes dos processos do RUP. Na fase de iniciação o foco era o entendimento do negócio do laboratório, por meio de reuniões com o cliente foram descritos como os procedimentos eram realizados sem a utilização de um sistema. A equipe comparou sistemas existentes com funcionalidades semelhantes, pesquisou sobre os termos biológicos utilizados no cotidiano dos técnicos, desenvolveu um plano de atividade WBS (Figura 2) analisou os requisitos iniciais, as regras de negócio mais relevantes e definiu o ambiente de desenvolvimento.

A segunda fase, elaboração, foi dividida em quatro iterações, visando o desenvolvimento incremental. Ao final, obteve-se uma documentação refinada e revisada do sistema. Os artefatos gerados foram diagrama de casos de uso (Apêndice A), especificação dos casos de uso com template das telas (Apêndice B), diagrama de classes (Apêndice I), diagrama de atividades (Apêndice J), diagrama de entidade e relacionamento (Apêndice K), diagrama de sequência (Apêndice L) e manual do sistema.

A fase de construção foi marcada com atividades de codificação dos módulos do sistema, também realizou-se revisões na documentação e testes de validação com base nos casos de teste (Apêndice H).

Transição é a última fase do projeto, manteve-se o foco na revisão da monografia e nos testes finais do sistema, a preocupação estava nas correções de falhas identificadas nos casos de testes.

3.2 ESTIMATIVA DE ESFORÇO DE DESENVOLVIMENTO (PCU)

Conforme Martins (2007), a análise por pontos por Caso de Uso é realizado com base nos casos de uso e nos atores (Apêndice A). Consiste em classificá-los e pontuá-los de acordo com o nível de complexidade. O resultado é um cálculo entre a soma dos pesos dos atores e dos casos de uso. A fórmula é $PCUNA = TPNA + TPNAUC$, ou seja, a soma do Total de Pesos não Ajustados de Atores com Total de Pesos não Ajustados dos Casos de Uso é igual aos Pontos por Caso de Uso não Ajustados.

3.2.1 Complexidade dos Atores (TPNAA)

Com base na tabela do Apêndice C, os atores apresentaram os seguintes graus de complexidade:

Ator	Grau de Complexidade
Administrador	2
Professor	1
Pesquisador	3
TOTAL:	6

Tabela 1 - Complexidade dos atores

3.2.2 Complexidade dos Casos De Uso (TPNAUC)

Utilizando como referência a tabela do Apêndice D, os casos de uso obtiveram as complexidades exibidas abaixo:

Casos de Uso	Grau de Complexidade
Manter grupos	1
Manter usuários	2
Manter permissões	3
Manter tipos de material	1
Manter taxonomias	2
Manter tecidos de isolamento	1
Manter estados do material	1
Manter primers	1
Manter genes -	1
Avaliar materiais biológicos	2
Pesquisar materiais	2
Materiais do usuário	3
Avaliar sequências de DNA	2
Pesquisar sequências	2
TOTAL:	24

Tabela 2 - Complexidade dos casos de uso

Cálculo de Pontos por Caso de Uso não Ajustados (PCUNA)

$$PCUNA = TPNA A + TPNA UC$$

$$PCUNA = 6 + 24$$

$$PCUNA = 30$$

3.2.3 Cálculo do Fator de Complexidade Técnica (FCT)

Segundo Martins (2007), o Fator de Complexidade Técnica pontua valores para algumas características técnicas que podem dificultar o desenvolvimento de software. A pontuação da classificação varia de 0 a 5, onde 0 significa que não influenciará no processo e 5 terá grande influência. O total dos pesos é aplicado à fórmula $FCT = 0,6 + (0,01 * \text{Somatório})$.

O cálculo do fator de complexidade técnica se baseou na tabela do Apêndice E, para obter os resultados abaixo:

Requisito	Peso	Fator	Resultado
Sistemas Distribuídos	2,0	1	2
Desempenho da Aplicação	1,0	1	1
Eficiência do Usuário Final	1,0	3	3
Processamento Interno Complexo	1,0	1	1
Reusabilidade do Código	1,0	1	1
Facilidade de Instalação	0,5	1	0.5
Usabilidade	0,5	3	1.5
Portabilidade	2,0	1	2
Manutenabilidade	1,0	2	2
Concorrência	1,0	1	1
Características Especiais de Segurança	1,0	3	3
Acesso Direto Para Terceiros	1,0	3	3
Facilidades Especiais de Treinamento	1,0	2	2
TOTAL:			23

Tabela 3 - Fator de Complexidade Técnica

$$FCT = 0,6 + (0,01 * \text{Somatório})$$

$$FCT = 0,6 + (0,01 * 23)$$

$$FCT = 0,83$$

3.2.4 Fator de Complexidade Ambiental (FCA)

Conforme Martins (2007), o cálculo de fator de complexidade ambiental está ligado à experiência dos profissionais e indicam a eficiência do projeto. Os valores atribuídos variam de 0 a 5 onde 0 classifica pouca experiência e 5 alta experiência (Apêndice F). O resultado dos fatores é aplicado a fórmula $FCA = 1,4 + (-0,03 * \text{Somatório})$.

Com base na tabela do Apêndice F, o cálculo do fator de complexidade ambiental apresentou os seguintes resultados:

	Descrição	Peso	Fator	Resultado
F1	Familiaridade com o Processo de Desenvolvimento de Software	1,5	4	6
F2	Experiência na Aplicação	0,5	3	1,5
F3	Experiência com OO, na Linguagem e na Técnica de Desenvolvimento	1,0	4	4
F4	Capacidade do Líder de Análise	0,5	3	1,5
F5	Motivação	1,0	4	4
F6	Requisitos Estáveis	2,0	3	6
F7	Trabalhadores com Dedicação Parcial	-1,0	3	-3
F8	Dificuldade na Linguagem de Programação	-1,0	1	-1
TOTAL:				19

Tabela 4 - Fator de Complexidade Ambiental

$$FCA = 1,4 + (-0,03 * \text{Somatório})$$

$$FCA = 1,4 + (-0,03 * 19)$$

$$FCA = 0,83$$

3.2.5 Cálculo dos Pontos por Caso De Uso Ajustados

O cálculo dos Pontos por Caso de Uso Ajustados (PCUA) é realizado multiplicando-se os PCUs não ajustados (PCUNA), o fator de complexidade técnica (FCT) e a complexidade técnica (FCA).

$$PCUA = PCUNA * FCT * FCA$$

$$PCUA = 30 * 0,83 * 0,83$$

$$PCUA = 20.6$$

Para realizar a estimativa com o resultado dos pontos por caso de uso, os fatores ambientais influenciam diretamente na quantidade de homens/hora.

O cálculo se dá com a soma dos valores da pontuação abaixo de 3 dos fatores F1 ao F6 e a soma de F7 ao F8 com pontuação maior que 3. Se o resultado for igual ou menor que 2 utiliza-se 20 homens/hora. Se o resultado for igual a 3 ou 4 utiliza-se 28 homens/hora. Caso o resultado seja maior que 5, significa que o risco é muito elevado e deve-se modificar o projeto.

A estimativa de horas equivale ao total de pontos por caso de uso ajustados (PCUA), multiplicados pela quantidade de homens/hora necessários.

Sendo assim, serão aproximadamente 21 pontos por caso de uso, estimando-se 20 horas por ponto, foram estimadas aproximadamente 420 horas para o desenvolvimento do projeto.

O esforço real para a realização do projeto foi maior do que o tempo de esforço estimado, desta forma foram necessárias 2.285 horas, ou seja 96 dias para a conclusão do projeto.

3.3 PLANO DE ATIVIDADE

3.3.1 WBS

Para criar o plano de atividade utilizamos a ferramenta WBS (Work Breakdown Structure) ou em português EAP (Estrutura Analítica de Projeto), que corresponde a uma estrutura disposta hierarquicamente, identificando todas as atividades que compõem o projeto. Conforme a Figura 2, as atividades foram organizadas de maneira que permitissem total gerenciamento, por isso, algumas se encontram subdivididas em pacotes.

A WBS foi desenvolvida a partir das fases do modelo de processo do RUP e das atividades de gerenciamento, com base no escopo do produto e do projeto, portanto contém todas as tarefas que foram ser executadas.

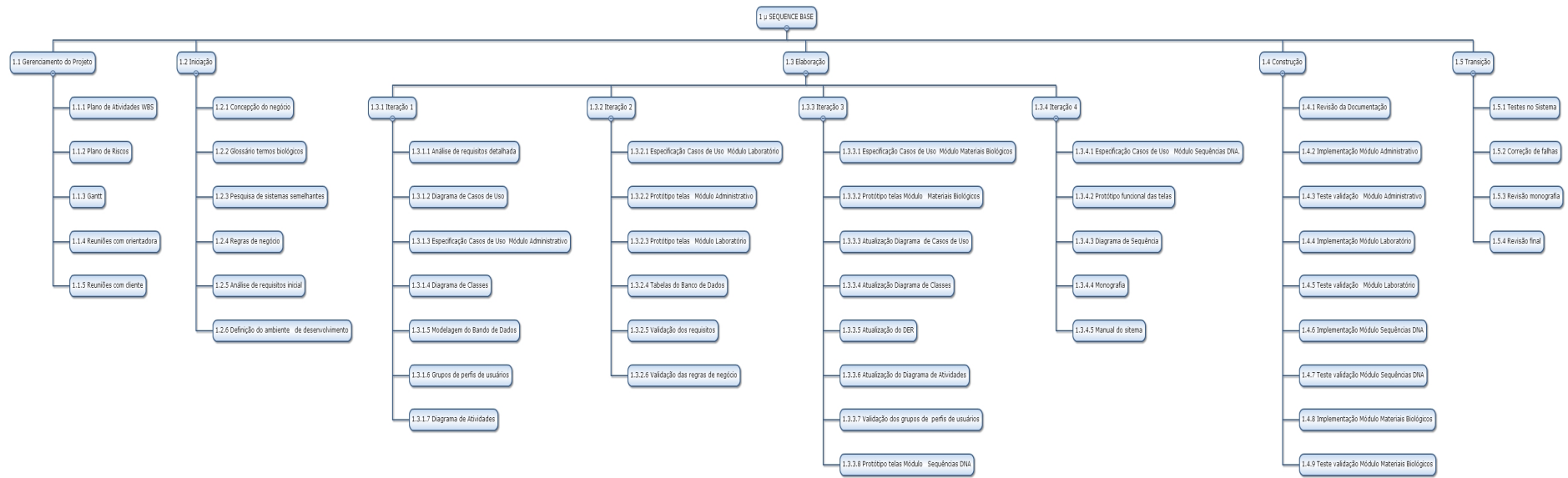


Figura 2 - WBS

3.3.2 GANTT

O gráfico de Gantt é uma ferramenta de gerenciamento utilizada para realizar o cronograma do projeto, nele estão todas as atividades que deverão ser realizadas e suas respectivas datas de início e término.



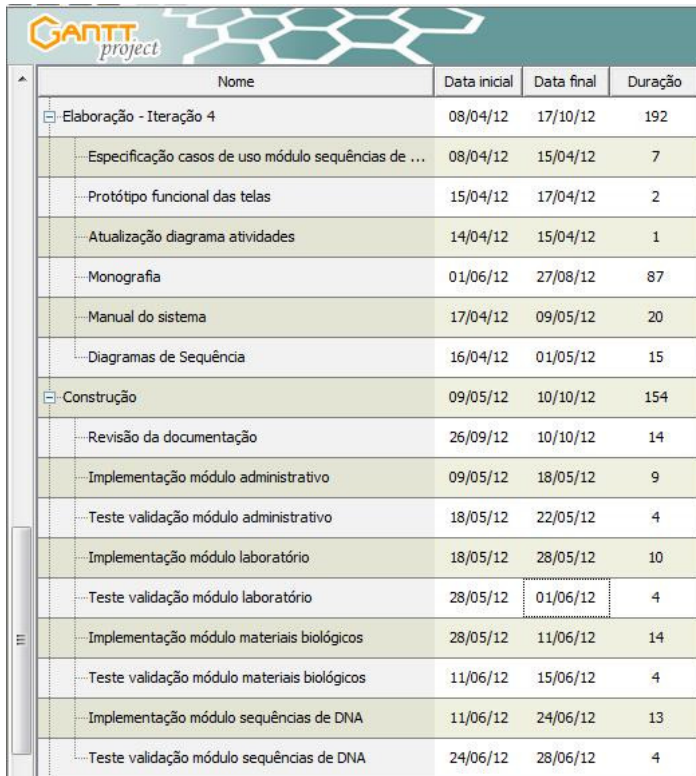
Nome	Data inicial	Data final	Duração
Gerenciamento do projeto	19/03/12	23/03/12	4
WBS	19/03/12	20/03/12	1
Gantt	20/03/12	21/03/12	1
Plano de Riscos	21/03/12	23/03/12	2
Iniciação	28/03/12	04/04/12	7
Concepção do negócio	28/03/12	30/03/12	2
Pesquisa de sistemas semelhantes	30/03/12	02/04/12	3
Glossário termos biológicos	02/04/12	04/04/12	2
Análise requisitos inicial	30/03/12	03/04/12	4
Regras de negócio	30/03/12	03/04/12	4
Definição ambiente de desenvolvimento	02/04/12	03/04/12	1
Elaboração - Iteração 1	05/04/12	14/04/12	9
Análise requisitos detalhada	05/04/12	11/04/12	6
Definição grupo usuários	09/04/12	11/04/12	2
Diagrama casos de uso	05/04/12	08/04/12	3
Especificação casos de uso módulo administrativo	08/04/12	14/04/12	6
Modelagem banco de dados	08/04/12	09/04/12	1
Diagrama classes	09/04/12	10/04/12	1

Figura 4 - Detalhes GANTT 1



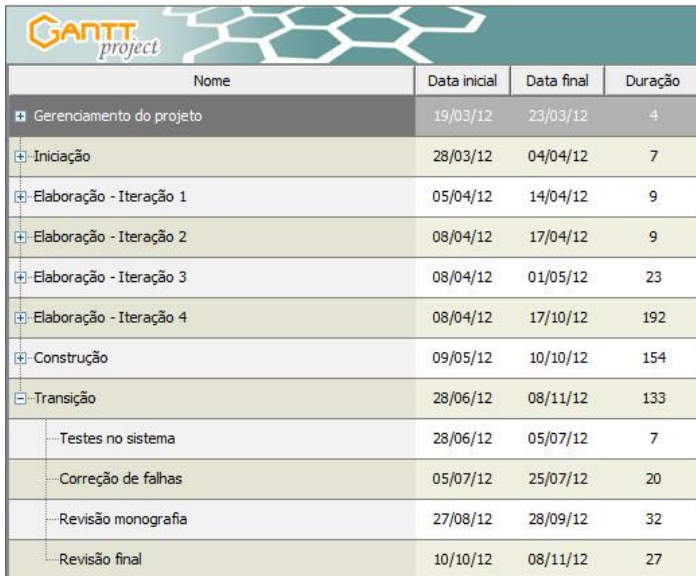
Nome	Data inicial	Data final	Duração
Elaboração - Iteração 1	05/04/12	14/04/12	9
Diagrama atividades	08/04/12	11/04/12	3
Elaboração - Iteração 2	08/04/12	17/04/12	9
Especificação casos de uso módulo laboratório	08/04/12	14/04/12	6
Protótipo telas módulo administrativo	08/04/12	10/04/12	2
Protótipo telas módulo laboratório	08/04/12	10/04/12	2
Tabelas do banco de dados	12/04/12	17/04/12	5
Validação dos requisitos	11/04/12	13/04/12	2
Validação das regras de negócio	11/04/12	13/04/12	2
Elaboração - Iteração 3	08/04/12	01/05/12	23
Especificação casos de uso módulo materiais biológi...	08/04/12	01/05/12	22
Protótipo telas módulo materiais biológicos	08/04/12	21/04/12	13
Atualização diagrama de casos de uso	13/04/12	14/04/12	1
Atualização DER	14/04/12	15/04/12	1
Atualização diagrama de classes	15/04/12	16/04/12	1
Validação dos grupos de usuários	13/04/12	14/04/12	1
Protótipo telas módulo sequências de DNA	08/04/12	10/04/12	2

Figura 5 - Detalhes GANTT2



Nome	Data inicial	Data final	Duração
Elaboração - Iteração 4	08/04/12	17/10/12	192
Especificação casos de uso módulo sequências de ...	08/04/12	15/04/12	7
Protótipo funcional das telas	15/04/12	17/04/12	2
Atualização diagrama atividades	14/04/12	15/04/12	1
Monografia	01/06/12	27/08/12	87
Manual do sistema	17/04/12	09/05/12	20
Diagramas de Sequência	16/04/12	01/05/12	15
Construção	09/05/12	10/10/12	154
Revisão da documentação	26/09/12	10/10/12	14
Implementação módulo administrativo	09/05/12	18/05/12	9
Teste validação módulo administrativo	18/05/12	22/05/12	4
Implementação módulo laboratório	18/05/12	28/05/12	10
Teste validação módulo laboratório	28/05/12	01/06/12	4
Implementação módulo materiais biológicos	28/05/12	11/06/12	14
Teste validação módulo materiais biológicos	11/06/12	15/06/12	4
Implementação módulo sequências de DNA	11/06/12	24/06/12	13
Teste validação módulo sequências de DNA	24/06/12	28/06/12	4

Figura 6 - Detalhes GANTT 3



Nome	Data inicial	Data final	Duração
Gerenciamento do projeto	19/03/12	23/03/12	4
Iniciação	28/03/12	04/04/12	7
Elaboração - Iteração 1	05/04/12	14/04/12	9
Elaboração - Iteração 2	08/04/12	17/04/12	9
Elaboração - Iteração 3	08/04/12	01/05/12	23
Elaboração - Iteração 4	08/04/12	17/10/12	192
Construção	09/05/12	10/10/12	154
Transição	28/06/12	08/11/12	133
Testes no sistema	28/06/12	05/07/12	7
Correção de falhas	05/07/12	25/07/12	20
Revisão monografia	27/08/12	28/09/12	32
Revisão final	10/10/12	08/11/12	27

Figura 7 - Detalhes GANTT 4

3.4 PLANO DE RISCOS

O plano de riscos objetiva gerenciar as incertezas de um projeto, e tratar aquelas que possam causar impacto considerável no projeto, sendo ele positivo, podendo gerar uma oportunidade, ou negativo que pode ocasionar um problema (MARTINS, 2007).

O principal foco da gerencia de riscos é evitar ser surpreendido por eles. Portanto, os mais prováveis de ocorrer foram identificados para que pudessem ser controlados e impedidos de agravar a situação.

Para levantar os possíveis riscos foi utilizada a técnica do *brainstorming*. A equipe listou quais poderiam afetar o desenvolvimento do projeto e classificou que impacto e probabilidade teriam se ocorressem, por meio da análise qualitativa.

A tabela Impacto x Probalidade do Apêndice G foi usada como referência, onde o cruzamento dos valores da matriz que resultaram em 7, 8 ou 9 foram considerados críticos e deveriam ser priorizados.

O resultado foi o planejamento de riscos detalhados que poderiam ser encontrados ao longo do projeto, a lista contém a consequência, monitoramento, as atribuições de valores de probabilidades e impactos, e que medidas tomar caso acontecessem.

	Condição	Data Limite	Consequência	Ação	Monitoramento	Probabilidade	Impacto	Classificação
1	Cliente com pouca infraestrutura.	Março de 2012	Limitação do projeto.	Solicitar ampliação (servidor).	Equipe verificar a possibilidade.	Muito alta	Alto	8
2	Requisitos mal definidos.	Abril de 2012	Comprometer o desenvolvimento e atraso do projeto.	Reuniões para validar requisitos e mostrar os módulos prontos.	Analista validar análise de requisitos e apresentar módulos prontos ao cliente.	Baixa	Moderado	4
3	Cirurgia de membro da equipe.	Maio de 2012	O afastamento atrasará algumas tarefas e sobrecarregará a equipe.	Redividir as tarefas.		Muito alta	Alto	8
4	Pouco tempo para desenvolver o projeto.	Maio de 2012	Atraso no cronograma	Motivar equipe e rever tarefas.	Equipe verificar e incentivar e ajudar nas tarefas.	Moderada	Muito alto	7
5	Mudança em regra de negócio complexa.	Maio de 2012	Retrabalho e atraso pois poderá afetar outras regras já definidas.	Reuniões para confirmar regras de negócio.	Analista validar regras de negócio com cliente.	Muito baixa	Alto	4

6	Greve dos professores.	Sem data	Comprometer as orientações.			Baixa	Alto	5
7	Dificuldade de contato com cliente.	Sem data	Atraso no desenvolvimento do projeto.	Tentar contato por vários meios de comunicação	Equipe insistir no contato.	Muito baixa	Alto	4
8	Desentendimentos entre a equipe.	Sem data	Desistência do projeto ou falta de cooperação.			Baixa	Muito alto	6

Tabela 5 - Plano de Riscos

3.5 PLANO DE TESTE

O Plano de teste é um processo da engenharia de software, que tem como intuito principal encontrar o número máximo de erros dispondo do mínimo de esforço, seu foco está em prevenir contra falhas antes da entrega final ao cliente (KOSCIANSKI; SOARES, 2007).

Buscando um software bem elaborado e com o menor número de erros possível, realizamos os casos de teste (Apêndice H).

3.6 RESPONSABILIDADES

No início do projeto definiu-se como seriam divididas as tarefas, visando a melhor maneira de atingir o principal objetivo, o de entregar o projeto ao cliente, dentro do prazo e atendendo os requisitos estabelecidos. Considerando o tamanho da equipe, o critério utilizado foi combinar os perfis de cada integrante, bem como seu interesse em estudar e se aprofundar dentro das áreas de sistemas de informação. Sendo assim a divisão foi;

- Bruna: possui interesses voltados à área de análise de sistemas e gerenciamento de projetos, portanto sua contribuição no projeto foi com a documentação do sistema, atividades relacionadas ao modelo de processo de software, metodologia do projeto e contato com o cliente. Realizou tarefas especificação de casos de uso, plano de atividades, plano de riscos, cronograma, manual do sistema, reuniões da equipe com cliente.
- Felipe: responsável pela programação do sistema, seu perfil técnico e interesse em aprender novos frameworks e se aperfeiçoar na linguagem de programação foi fundamental. Além disso, contribuiu com as tarefas de design, modelagem do banco de dados, diagrama de casos de uso, diagrama de sequência e diagrama de classes.

- Priscila: interessada pela área de análise de sistemas focou na parte de documentação de sistemas, suas tarefas abrangeram a elaboração de diagramas de atividade, diagrama de sequência, especificação de casos de uso, atualização da documentação conforme ocorriam mudanças, validação dos requisitos.

A equipe trabalhou de maneira integrada, mostrando os resultados das suas tarefas, discutindo sobre ações de melhorias, realizando testes, e revisando as atividades concluídas.

3.7 MATERIAIS

A elaboração do projeto e o desenvolvimento da aplicação exigiram a utilização de hardwares e o suporte de softwares e tecnologias.

3.7.1 Hardware

Notebook: Macbook Pro

Processador: 2.26 GHz Intel Core 2 Duo

Memória: 8 GB DDR3

HD: 160 GB FUJITSU

Placa de vídeo: NVIDIA GeForce 9400M

Notebook: Sony Vaio VPCEB46FX

Processador: Intel(R) Core(TM) i5 CPU M 480 2.67GHz

Memória: 4 GB RAM DDR3

HD: 640 GB SATA 5400 RPM

Placa de vídeo: Intel Graphics HD

Notebook: HP Pavilion dv4

Processador: AMD Athlon Dual Core M300 2.0 GHz

Memória: 3 GB

HD: 320 GB

Placa de vídeo: AMD M880G - ATI Mobility Radeon HD 4200

3.7.2 Softwares

Sistema operacional do Macbook Mac OS X 10.6.8

Sistema operacional do Sony Vaio Windows 7 Ultimate

Sistema operacional do HP Windows 7 Home Basic

Servidor: Apache versão 2.0.63

Banco de Dados: MySQL 5.1.37

Linguagem de Programação: PHP 5.2.10

Ambiente de Desenvolvimento: MAMP 1.8.4, Wamp Server 2.2

IDE: Aptana Studio 3 e Eclipse Galileo

Biblioteca JavaScript: jQuery 1.7.2

Diagrama DER: MySQLWorkbench 5.2.39

Diagramas UML: Astah community 6.4

WBS: ferramenta online WBS Tool

Navegadores: Chrome e Mozilla Firefox

Microsoft Office 2007 (Word e Excel)

Armazenamento e edição de documentos: Google Drive.

Gadwin Print Screen 3.1 programa utilizado para tirar print screen personalizado, pois possibilita selecionar a área desejada da tela.

3.7.3 Codeigniter 2.1.0 (com biblioteca de autenticação DX Auth Library 1.0.6)

Conforme Zemel (2009), Codeigniter é um framework PHP criado por Rick Ellis e mantido pela Expression Engine Development Team, que tem como objetivo

disponibilizar uma ferramenta de alta performance, flexível e leve para facilitar o desenvolvimento de aplicações web.

Suas principais características são:

- Instanciamento dinâmico: os componentes e rotinas são carregados e executados apenas quando necessário.
- Singularidade dos componentes: classes e funções autônomas.
- Junção de componentes: a comunicação dos componentes permite reutilização e flexibilidade.
- Padrão MVC: os arquivos são separados dentro dos diretórios Model, View e Controller.
- Recursos nativos: bibliotecas, classes e helpers com funções específicas para atender uma determinada funcionalidade.

A estrutura raiz do CodeIgniter é dividida em 3 diretórios:

- Application que armazena o MVC e todos os arquivos da aplicação.
- System com os arquivos do core que não devem ser alterados.
- User_guide que contém o guia do usuário.

E 2 arquivos:

- index.php principal arquivo para o funcionamento do CodeIgniter.
- license.txt com a licença do framework.

3.8 DESENVOLVIMENTO DO PROJETO

Após a formação da equipe, a preocupação foi reunir propostas de possíveis projetos para TCC. Havia três ideias superficiais de sistemas web, que foram apresentadas a dois professores, a fim de que, avaliassem a possibilidade de orientação. A opção mais adequada, que se enquadrou no perfil de projeto final, foi a do μ SequenceBase; a necessidade de um software dentro do setor de Ciências Biológicas chegou até nós, por contato de uma aluna que conhecia um estagiário do laboratório de genética.

Com a definição da professora orientadora e do escopo do projeto, iniciamos as reuniões com cliente a fim de definir os requisitos iniciais do sistema bem como entender sobre o negócio. Para a realização dessas e outras atividades, contamos com suporte da engenharia de software.

Na etapa inicial do projeto, houve reuniões semanais com cliente, depois contatos via e-mail para esclarecer dúvidas e confirmar regras e requisitos. O cliente esteve presente em todo desenvolvimento do projeto, realizou testes conforme os módulos eram disponibilizados, passava constantes feedbacks à equipe, forneceu material de consulta para facilitar a concepção do negócio e entendimentos sobre os procedimentos biológicos do laboratório.

O LabGeM não possuía nenhum sistema que provesse suporte às atividades, cada pesquisador organizava o próprio material biológico, e os dados disponíveis, eram depositados em planilhas separadas sem padronização, que não eram atualizados com a mesma frequência em que os trabalhos eram realizados, implicando em trabalhoso processo de busca para a obtenção de uma simples informação sobre o material. Quanto aos dados do sequenciamento, a situação era mais crítica, dado que não havia nenhuma organização e disponibilidade dos mesmos, pois para que outro pesquisador tivesse acesso aos dados já sequenciados, essas sequências já deveriam estar publicadas no GenBank, caso contrário só seriam acessadas manualmente, ou seja pegando essas informações diretamente com o responsável. Este procedimento atrasava as pesquisas e comprometia o resultado, por conta do retrabalho que podia gerar.

As orientações com a professora davam-se uma vez por semana, sempre as quartas-feiras. Nesses encontros a equipe recebia direcionamento para prosseguir

com as atividades do projeto, o trabalho realizado era apresentado, discutido e quando necessário era melhorado.

A greve foi um risco previsto que ocorreu, com isso, as orientações foram diminuídas. O projeto não sofreu consequências, pois ocorreram esclarecimentos de dúvidas por e-mail e quando se fez necessário, houve reunião pessoalmente.

Outro problema enfrentado foi de afastamento de uma integrante por motivos de saúde, a equipe precisou se reorganizar na divisão das tarefas, para que não ocorressem atrasos no cronograma.

Em alguns momentos para respeitar o prazo, foi necessário que dois membros da equipe focassem na mesma atividade. Fato que ocorreu na fase elaboração, na especificação de casos de uso. O esforço nesta etapa foi fundamental, pois outras atividades dependiam do término dela.

Conforme explanado no item “Responsabilidades”, cada membro da equipe focou em uma parte do projeto, porém se manteve em tarefas secundárias se envolvendo com todo projeto, revisando o material já criado, mostrando os erros e ideias de melhorias.

As tarefas foram distribuídas de modo que a implementação ocorresse em paralelo com a documentação do sistema. Ao passo que os casos de uso eram finalizados a codificação iniciava. O primeiro módulo desenvolvido foi o administrativo com as funcionalidades de gerenciar os perfis dos usuários. Seguido pelo módulo laboratório, responsável pelos cadastros, edições e pesquisas. Os últimos, materiais biológicos e sequências de DNA foram desenvolvimentos quase que simultaneamente, devido às semelhanças.

Na medida em que, as funcionalidades eram criadas, os membros que não estavam programando aquela parte do sistema, realizavam testes validando os campos da tela e os requisitos estabelecidos. Assim que passavam pelos testes, as telas eram disponibilizadas ao cliente para que ele pudesse realizar testes de aceitação.

O sistema foi desenvolvido localmente e conforme eram testadas e validadas era disponibilizada uma versão em ambiente de produção. Foi utilizada uma hospedagem particular para realizar os testes em ambiente Web real. A publicação na maioria de vezes ocorreu sem problemas e quando ocorria algum erro, era reportado para correção.

Para lançar a primeira versão do sistema, a equipe juntamente com o cliente, definiu quais funcionalidades seriam mais relevantes, para contribuir com o progresso do trabalho dentro do laboratório. Com base nisso, todo esforço dedicado focou nessas solicitações do cliente. Algumas funcionalidades que não entraram neste escopo, ficaram como sugestão de módulos a serem implementados no futuro.

4 APRESENTAÇÃO DO SOFTWARE

O μ SequenceBase, sistema de gerenciamento do LabGeM, é responsável por armazenar os dados de pesquisas biológicas de maneira segura oferecendo confiabilidade aos pesquisadores e praticidade na troca de informações. O Diagrama de Atividades (Apêndice J) mostra o fluxo do sistema permite cadastrar, editar, pesquisar e avaliar materiais biológicos e sequências de DNA, além fazer upload e download dos cromatogramas e administrar os perfis de contas dos usuários.

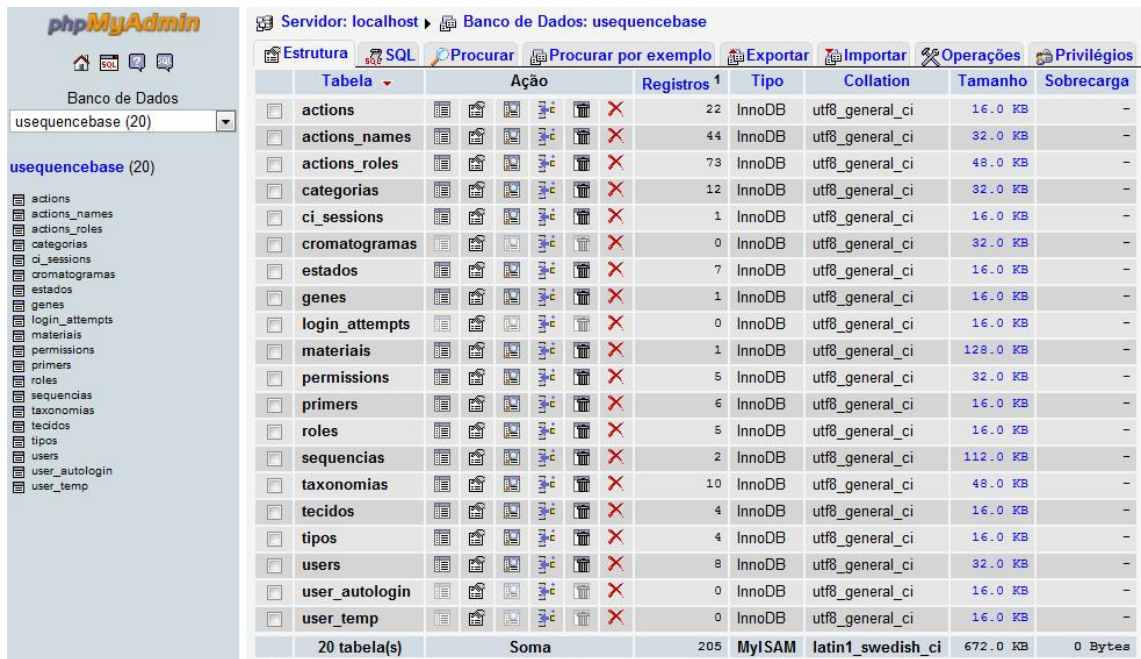
4.1 MANUAL DE INSTALAÇÃO

Para realizar a instalação do μ SequenceBase será necessário possuir os seguintes pré-requisitos:

- Banco MySQL versão 5.1 ou superior;
- Servidor PHP Apache versão 2.1 ou superior;
- CD com os códigos fontes;
- CD com script do banco de dados;

4.1.1 Configuração do Banco De Dados

Será necessário criar o banco usequencebase colation utf8_general_ci e importar o arquivo usequencebase.sql, do CD Projeto μ SequenceBase dentro do diretório SQL. A execução do script gerará todas as tabelas do sistema.



The screenshot shows the phpMyAdmin interface for a database named 'usequencebase'. The left sidebar lists the database's tables: actions, actions_names, actions_roles, categorias, ci_sessions, cromatogramas, estados, genes, login_attempts, materiais, permissions, primers, sequencias, taxonomias, tecidos, tipos, users, user_autologin, and user_temp. The main area displays a table with the following columns: Tabela, Ação, Registros, Tipo, Collation, Tamanho, and Sobrecarga. The table lists 20 tables, all using the InnoDB engine and utf8_general_ci collation. The total size of the database is 672.0 KB.

Tabela	Ação	Registros	Tipo	Collation	Tamanho	Sobrecarga
actions		22	InnoDB	utf8_general_ci	16.0 KB	-
actions_names		44	InnoDB	utf8_general_ci	32.0 KB	-
actions_roles		73	InnoDB	utf8_general_ci	48.0 KB	-
categorias		12	InnoDB	utf8_general_ci	32.0 KB	-
ci_sessions		1	InnoDB	utf8_general_ci	16.0 KB	-
cromatogramas		0	InnoDB	utf8_general_ci	32.0 KB	-
estados		7	InnoDB	utf8_general_ci	16.0 KB	-
genes		1	InnoDB	utf8_general_ci	16.0 KB	-
login_attempts		0	InnoDB	utf8_general_ci	16.0 KB	-
materiais		1	InnoDB	utf8_general_ci	128.0 KB	-
permissions		5	InnoDB	utf8_general_ci	32.0 KB	-
primers		6	InnoDB	utf8_general_ci	16.0 KB	-
roles		5	InnoDB	utf8_general_ci	16.0 KB	-
sequencias		2	InnoDB	utf8_general_ci	112.0 KB	-
taxonomias		10	InnoDB	utf8_general_ci	48.0 KB	-
tecidos		4	InnoDB	utf8_general_ci	16.0 KB	-
tipos		4	InnoDB	utf8_general_ci	16.0 KB	-
users		8	InnoDB	utf8_general_ci	32.0 KB	-
user_autologin		0	InnoDB	utf8_general_ci	16.0 KB	-
user_temp		0	InnoDB	utf8_general_ci	16.0 KB	-
20 tabela(s)	Soma	205	MyISAM	latin1_swedish_ci	672.0 KB	0 Bytes

Figura 8 - Tabelas do banco de dados

4.1.2 Código Fonte

Criar novo projeto com os códigos fontes no diretório httdocs (www). Serão criados os diretórios e arquivos principais Application, Media, System, Uploads, index.php, license.txt e subdiretórios com os arquivos fontes.

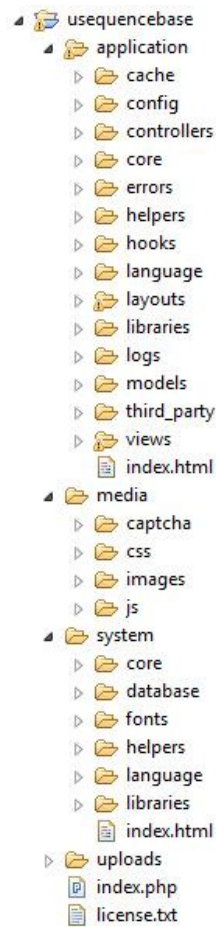


Figura 9 - Estrutura de pastas do CodeIgniter

4.2 MANUAL DO SISTEMA

Para ter acesso às funcionalidades é necessário ter uma conta ativa que deverá ser criada pelo administrador. Existem cinco diferentes grupos de perfis de usuário:

- Administrador: tem acesso total ao sistema, cadastra novos grupos e suas permissões, cria conta para os novos usuários, redefine senha, altera status das contas (ativar/desativar acesso).
- Professor: este perfil está abaixo apenas do administrador, portanto com exceção do menu Administração, tem acesso a todas as outras funcionalidades do sistema.
- Pesquisador I: tem acesso aos menus Materiais Biológicos e Sequências

de DNA com as funcionalidades registrar, visualizar e editar os próprios materiais/sequências cadastrados e inserir cromatograma.

- Pesquisador II: acessa os menus Materiais Biológicos e Sequências de DNA com permissão para registrar, visualizar, pesquisar e editar os próprios materiais/sequências cadastrados, inserir cromatograma, editar e visualizar os materiais/sequências aprovados.
- Pesquisador III: tem acesso aos menus Materiais Biológicos e Sequências de DNA que possibilita registrar, visualizar, editar e excluir os próprios materiais/sequências cadastrados, inserir cromatograma, editar, visualizar os materiais/sequências aprovados e avaliar materiais/sequências.

4.2.1 Login

A tela Login (Figura 10) permite acesso ao sistema de acordo com as permissões do grupo ao qual o usuário pertence. Possui a funcionalidade recuperar senha que envia nova senha pelo e-mail cadastrado. Para sair basta clicar em , na parte superior direita da tela.

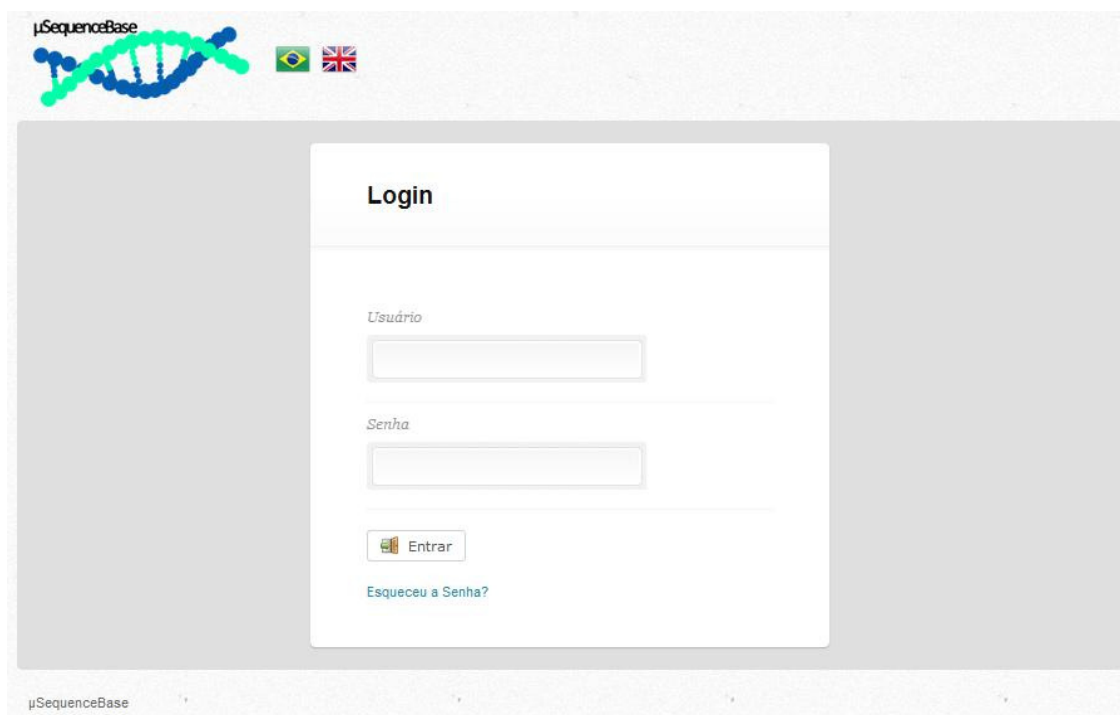


Figura 10 - Tela Login responsável por dar acesso ao sistema

Ao clicar em “Esqueceu a Senha?” uma nova tela é exibida (Figura 11), solicitando o usuário ou e-mail para recuperar os dados.

A interface da tela "Esqueceu a Senha?" do sistema μSequenceBase. No topo, há o logo μSequenceBase com uma estrutura de DNA colorida (verde e azul) e as bandeiras do Brasil e do Reino Unido. O formulário centralizado tem o título "Esqueceu a Senha?". Abaixo dele, há um campo de entrada rotulado "Usuário / Email". Logo abaixo do campo, há um botão "Enviar" com uma seta verde apontando para a direita. Abaixo do botão, há um link "Login" em azul. No canto inferior esquerdo da interface, o nome μSequenceBase aparece novamente.

Figura 11 - Tela Esqueceu a Senha solicitando dados para enviar nova

Após logado, é possível ver detalhes do usuário clicando em , localizado na parte superior direita da Figura 12.

A interface da tela "Perfil do Usuário". O título "Perfil do Usuário" está em um cabeçalho cinza. Abaixo, há uma lista de informações do usuário: "Nome: Bruna", "Usuário: bruna", "Senha: *****" com um link "Alterar Senha" em azul, "Grupo: Administrador", "Email: bru.zung@gmail.com", "Nº Documento: 12345" e "Registrado em: 09/06/2012".

Figura 12 - Tela Perfil do Usuário, exibindo dados do usuário logado

4.2.2 Idioma

O sistema permite escolher o idioma (português ou inglês) em que será utilizado, clicando nos ícones das bandeiras, conforme mostra a Figura 13.

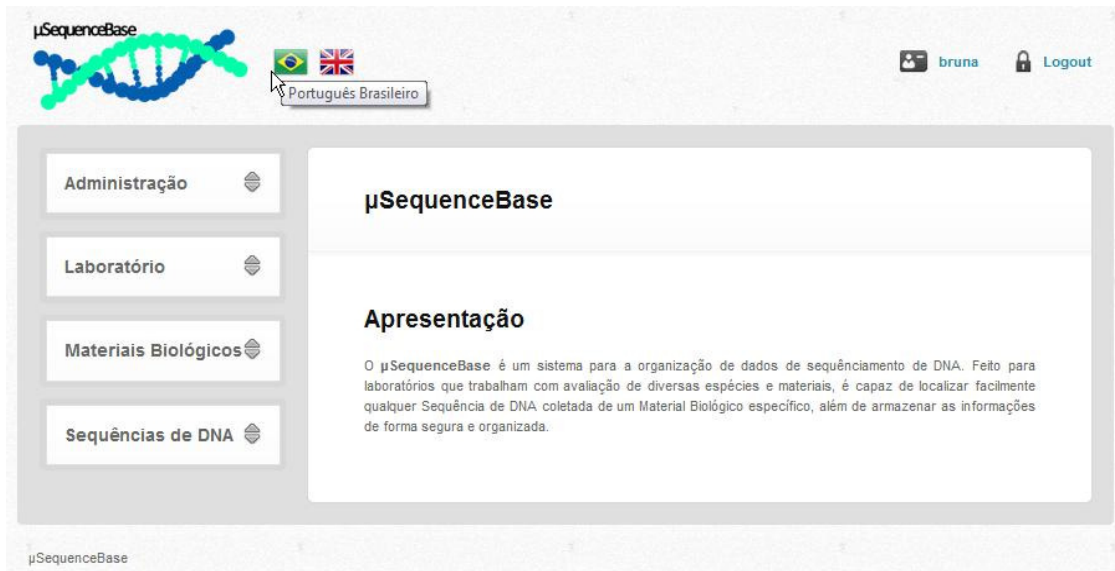


Figura 13 - Tela Idiomas permite escolher a língua que o sistema deverá usar

4.2.3 Home

A tela inicial (Figura 14) possui o menu a esquerda e uma apresentação geral do sistema.



Figura 14 - Tela Inicial de apresentação do sistema

4.2.4 Menu Administração

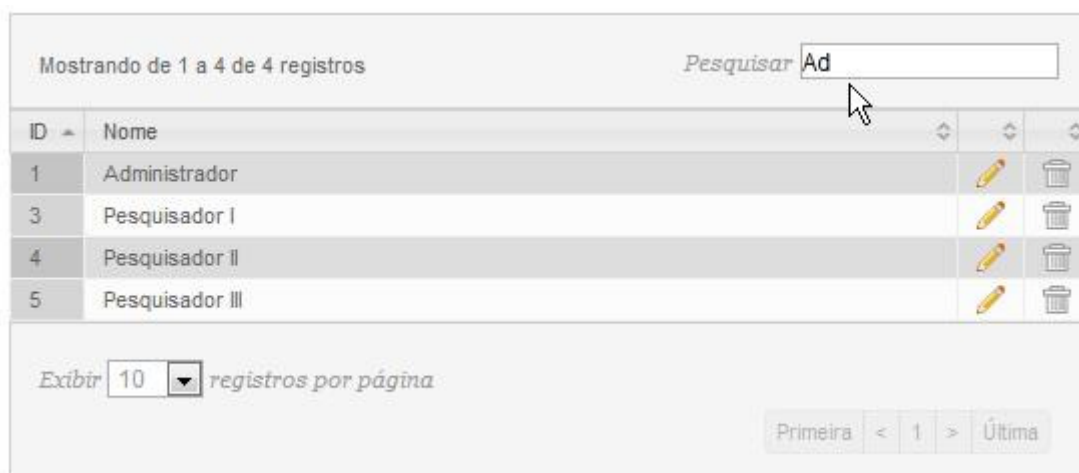
O menu administração possui três submenus Grupos, Permissões e Usuários, que podem ser acessados apenas pelo administrador do sistema.

A opção Grupos exibe a tela responsável por registrar novos, editar, excluir e pesquisar. O botão Registrar Grupo abre nova tela de cadastro (Figura 15):



Figura 15 - Tela Registrar Grupo
(responsável por cadastrar novo grupo de usuário)

Ao digitar o termo de busca na caixa de texto Pesquisar, o sistema filtra e exibe os resultados encontrados, como mostra a Figura 16. No rodapé da tela é possível definir a quantidade de registros por tela e/ou escolher a página de navegação (primeira/última).



ID	Nome		
1	Administrador		
3	Pesquisador I		
4	Pesquisador II		
5	Pesquisador III		

Figura 16 - Tela Pesquisar Grupos
(exibindo o resultado da busca)

Ao clicar no ícone  o sistema exibe a tela para edição do grupo, Figura 17.

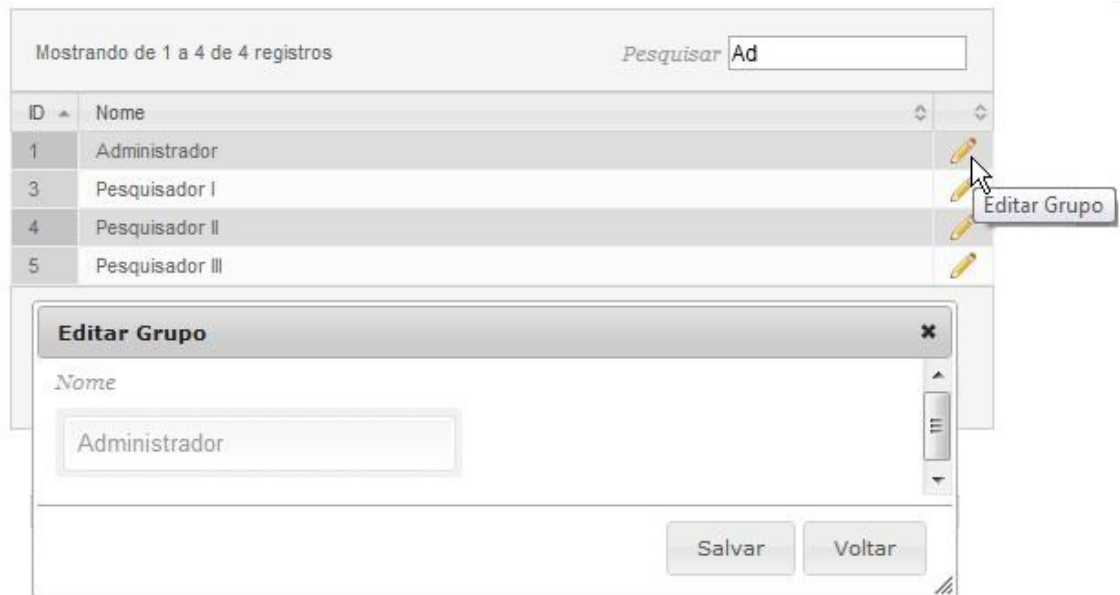


Figura 17 - Tela Editar Grupo
(exibindo o grupo selecionado para editar)

Ao clicar no ícone  o sistema exibe a tela para confirmar a operação (Figura 18).

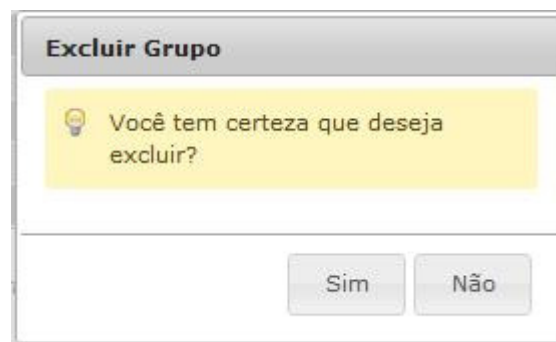


Figura 18 - Tela Excluir Grupo
(mostrando mensagem de confirmação de exclusão)

O item Permissões exibe a tela (Figura 19) responsável por listar as funcionalidades liberadas, de acordo com a opção selecionada na combo Grupo.

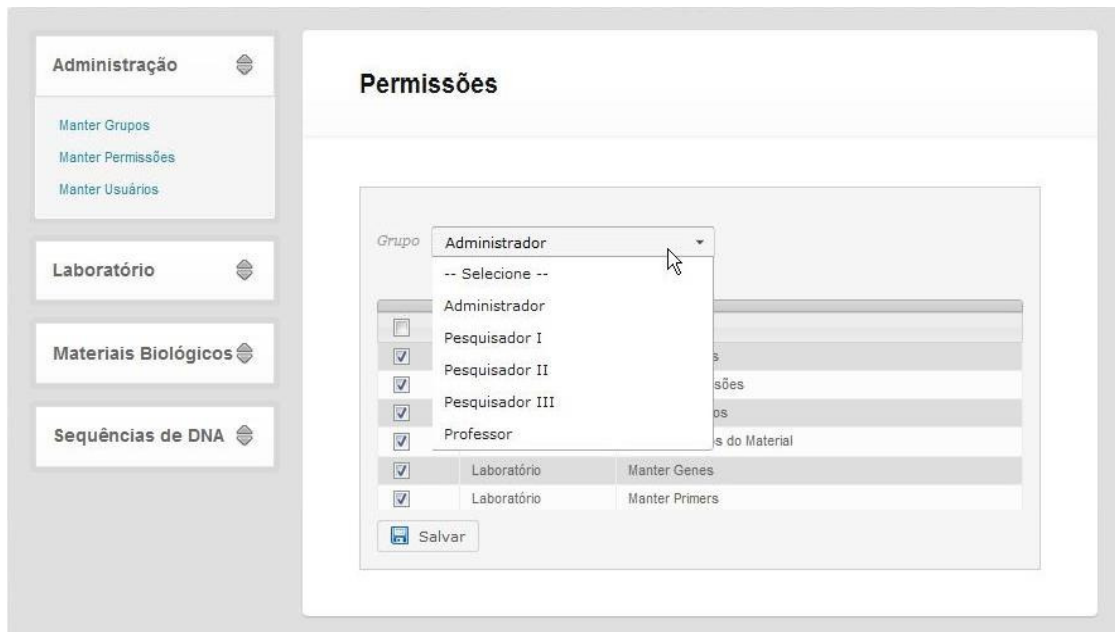


Figura 19 - Tela Permissões
(exibindo combo para escolher o grupo e quais funcionalidades terá acesso)

O submenu Usuários exibe a tela responsável por registrar novos, editar, excluir, pesquisar e redefinir senha. O botão Registrar Usuário abre nova tela de cadastro (Figura 20):

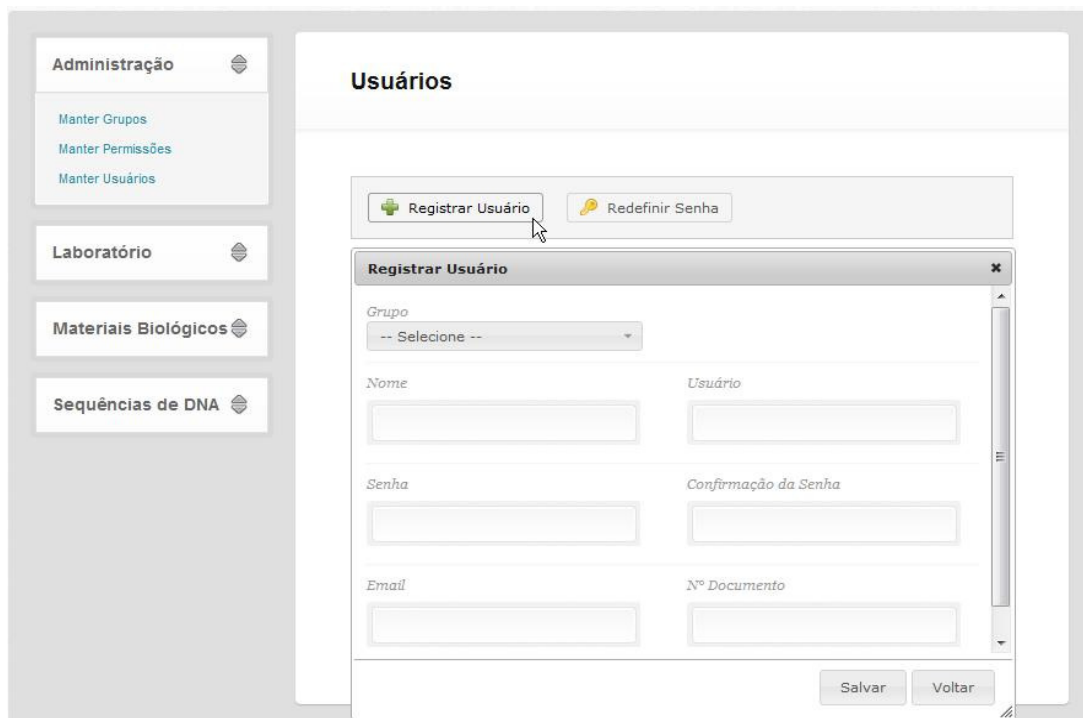


Figura 20 - Tela Usuários
(mostrando tela para registrar novo usuário)

Ao digitar o termo de busca na caixa de texto Pesquisar, o sistema filtra e exibe os resultados encontrados, como mostra a Figura 21. No rodapé da tela é possível definir a quantidade de registros por tela e/ou escolher a página de navegação (primeira/última).

Mostrando de 1 a 7 de 7 registros

Pesquisar

	ID	Nome	Usuário	Grupo	Ativo		
☐	1	Felipe	felipe	Administrador			
☐	3	Priscila	priscila	Administrador			
☐	4	Bruna	bruna	Administrador			
☐	5	Douglas	douglas	Administrador			
☐	6	Pesquisador 1	pes1	Pesquisador I			
☐	7	Pesquisador 2	pes2	Pesquisador II			
☐	8	Pesquisador 3	pes3	Pesquisador III			

Exibir registros por página

Primeira < 1 > Última

Figura 21 - Tela Pesquisa de Usuários
(exibindo os resultados da busca)

Ao clicar no ícone o sistema exibe a tela para editar usuário (Figura 22).

Editar Usuário

Grupo:

Ativo:

Nome:

Usuário:

Email:

Nº Documento:

Salvar Voltar

Figura 22 - Tela Editar Usuário
(exibindo os campos habilitados para edição)

Ao clicar no ícone  o sistema exibe a tela (Figura 23) para confirmar a exclusão usuário.

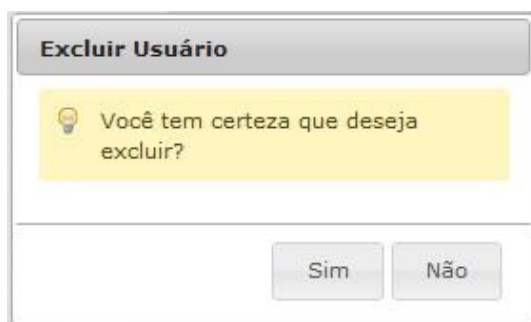


Figura 23 - Tela Excluir Usuário
(emitindo mensagem de confirmação antes da exclusão)

4.2.5 Menu Laboratório

O menu laboratório possui seis submenus Estados do Material, Genes e Primers, Taxonomias, Tecidos de Isolamento e Tipos de Material. Cada um deles possuem as funcionalidades de registrar novos, editar, excluir e pesquisar. O botão Registrar+item selecionado, abre nova tela de cadastro, por exemplo submenu Manter Genes, como exibido na Figura 24:

A imagem mostra a interface da tela "Registrar Gene". No topo, há o título "Genes". Abaixo dele, há um botão "Registrar Gene" com um ícone de plus. O formulário principal tem o título "Registrar Gene" e um ícone de fechar. O campo "Descrição" é um texto grande e vazio. Na base do formulário, há dois botões: "Salvar" e "Voltar". Abaixo do formulário, há uma barra de paginação que indica "Exibir 10 registros por página" e botões para "Primeira", "< 1 >" e "Última".

Figura 24 - Tela Registrar Gene
(solicitando campo para novo cadastro)

Ao digitar o termo de busca na caixa de texto Pesquisar, o sistema filtra e exibe os resultados encontrados. No rodapé da tela é possível definir a quantidade de registros por tela e/ou escolher a página de navegação (primeira/última). Conforme mostra a Figura 25.

ID	Descrição		
2	DNAA		
6	Isolado		
8	asd		

Mostrando de 1 a 3 de 3 registros

Pesquisar

Exibir 10 registros por página

Primeira < 1 > Última

Figura 25 - Tela Pesquisa Gene
(exibindo os resultados da busca)

Ao clicar no ícone o sistema exibe a tela de edição (Figura 26), de acordo com o submenu selecionado.

Editar Estado

Descrição

DNAA

Salvar Voltar

Figura 26 - Tela Editar Estado
(com campo habilitado para edição)

Ao clicar no ícone o sistema exibe a tela para confirmar a exclusão (Figura 27).

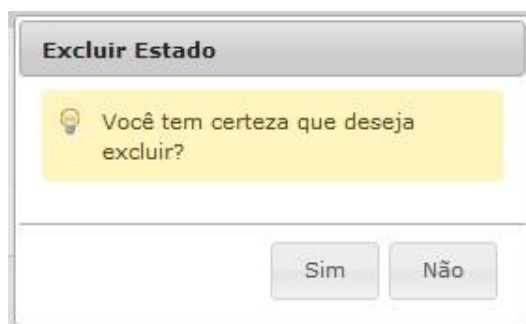


Figura 27 - Tela Excluir Estado
(exibindo mensagem de confirmação antes da exclusão)

4.2.6 Menu Materiais Biológicos

O menu Materiais Biológicos possui três submenus Avaliação, Materiais do Usuário e Pesquisar.

Avaliação exibe a tela Avaliar Materiais Biológicos, responsável por pesquisar, visualizar, aprovar e reprovar, como mostrada na Figura 28.

Ao digitar o termo de busca na caixa de texto Pesquisar, o sistema filtra e exibe os resultados encontrados. No rodapé da tela é possível definir a quantidade de registros por tela e/ou escolher a página de navegação (primeira/última).

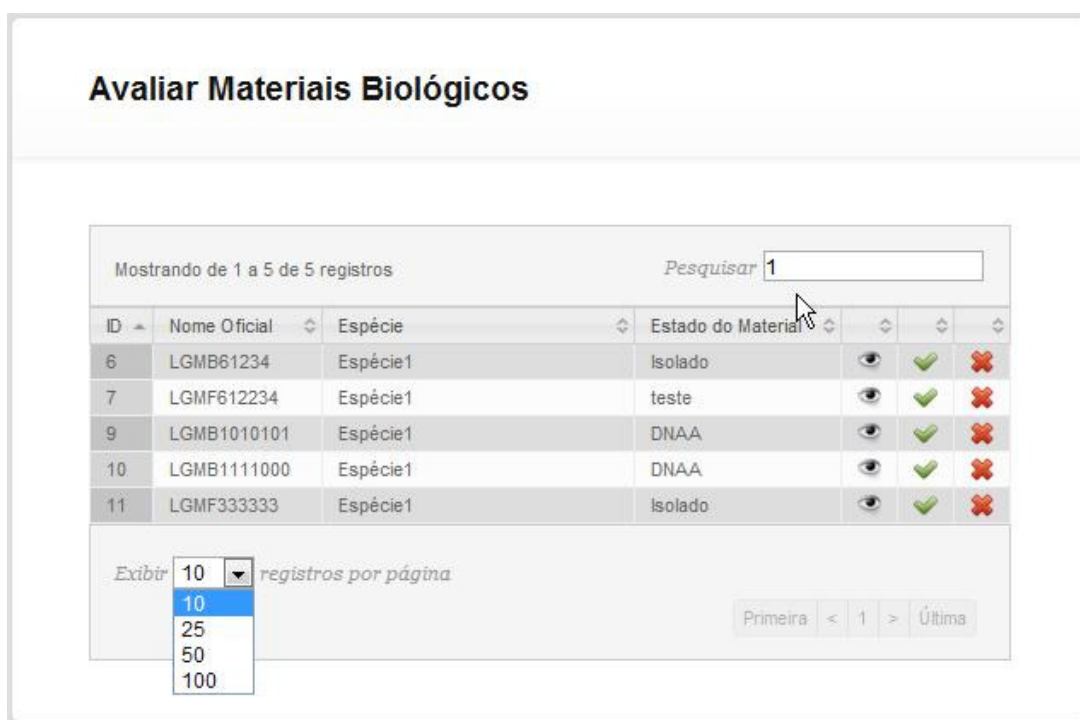


Figura 28 - Tela Avaliar Materiais Biológicos
(exibindo resultados da pesquisa)

Ao clicar no ícone  o sistema exibe a tela (Figura 29) de visualização. O Link circulado refere-se às coordenadas Latitude Origem e Longitude Origem, que redireciona para a página do Google exibindo o mapa do local onde foi extraído o material biológico.

Visualizar Material		
<i>Registrado por</i> Pesquisador 3	<i>Data de Registro</i> 09/09/2012 22:51:02	<i>Data da Última Alteração</i> 09/09/2012 22:52:14
<i>Taxonomia</i> Espécie1	<i>Estado do Material</i> Isolado	<i>Nome Coletor</i> pesq3
<i>Nome Oficial</i> LGMF333333	<i>Nome Antigo</i> pesq3	<i>Cidade Origem</i> ctbaaaa
<i>Estado Origem</i> pr	<i>País Origem</i> br	<i>Descrição Origem</i> pes3
<i>Latitude Origem</i> 875232	<i>Longitude Origem</i> 33421	<i>Localização Geográfica</i> Google maps
<i>Data de Isolamento</i> 02/09/2012	<i>Tipo de Isolamento</i> Organismo	<i>Nome Popular Hospedeiro</i> pesq3
<i>Espécie Hospedeiro</i> Espécie1	<i>Tecido de Isolamento</i> asdasd	<i>Tipo de Material</i> Indefinido
<i>Observações Gerais</i> pesq3		
<i>Situação</i> Aguardando Avaliação		
OK		

Figura 29 - Tela Visualizar Material
(exibindo todos os dados cadastrados do material biológico)

Ao clicar no ícone  o sistema aprova o material biológico e altera o status, enquanto o ícone  reprova.

O submenu Materiais do Usuário exibe a tela Materiais do Usuário responsável por registrar, pesquisar, editar, excluir, visualizar e inserir sequência de DNA, conforme Figura 30.

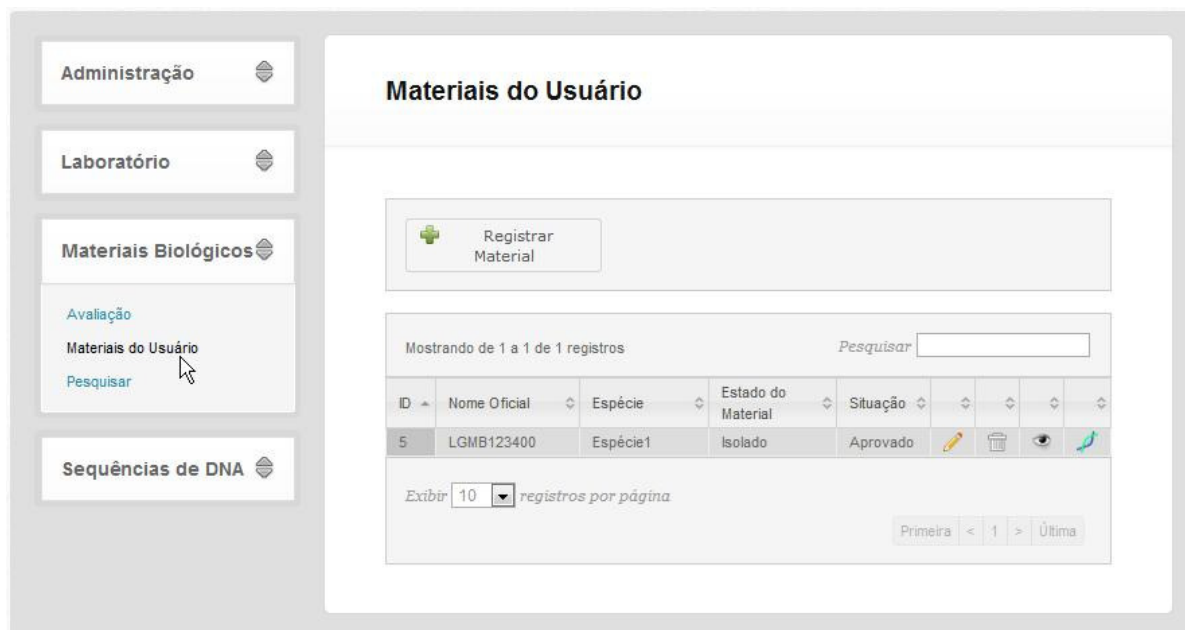


Figura 30 - Tela Materiais do Usuário
(exibida ao clicar no menu)

O botão Registrar Material exibe tela (Figura 31) para preencher os dados do material.

Figura 31 - Tela Registrar Material
(exibindo os campos para inserir novo cadastro)

Ao digitar o termo de busca na caixa de texto Pesquisar, o sistema filtra e exibe os resultados encontrados, Figura 32. No rodapé da tela é possível definir a quantidade de registros por tela e/ou escolher a página de navegação (primeira/última).

Figura 32 - Tela Pesquisar Materiais Biológicos (exibindo os resultados da busca)

Ao clicar no ícone  o sistema exibe a tela (Figura 33) para Editar Material.

Figura 33 - Tela Editar Material Biológico (com os campos habilitados para edição)

Ao clicar no ícone  o sistema exibe a tela de confirmação da exclusão conforme mostra a Figura 34.

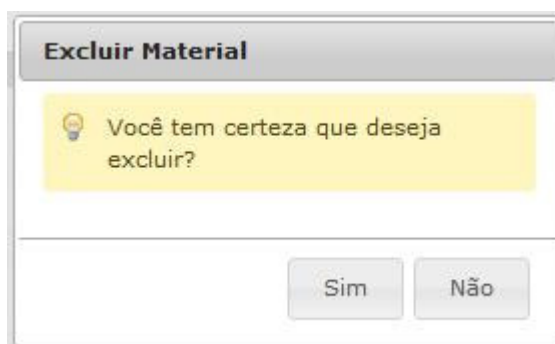


Figura 34 - Tela Excluir Material
(exibindo mensagem de confirmação antes da exclusão)

Ao clicar no ícone  o sistema exibe a tela (Figura 35), da atual sequência de DNA.

LGMB123400 - Sequências de DNA

 Registrar Sequência

 Voltar

Mostrando de 1 a 1 de 1 registros

Pesquisar

ID	Material Biológico	Código Genbank	Gene	Situação			
10	LGMB123400	2121212	gene 2	Aguardando Avaliação			

Exibir

registros por página

Primeira

<

1

>

Última

Figura 35 - Tela Sequências de DNA

A tela de Sequências de DNA possui funções para registrar nova, editar, visualizar, excluir e pesquisar sequências. Ao clicar em Registrar Sequência o sistema exibe a tela que permite cadastrar os dados da sequência e fazer upload de arquivo contendo o cromatograma, conforme mostrada na Figura 36.

Registrar Sequência

Material Biológico
LGMB123400

Código Genbank

Gene
-- Selezione --

Primer Forward
-- Selezione --

Primer Reverse
-- Selezione --

Sequência Consenso

Observações Gerais

Cromatogramas

Nenhum arquivo selecionado

É possível enviar até 10 arquivos por vez.

Salvar

Voltar

Figura 36 - Tela Registrar Sequência
(exibindo os campos para novo cadastro)

Ao clicar no ícone  da tela Sequências de DNA (Figura 35), o sistema exibe a tela para Editar Sequência (Figura 37). O ícone  permite fazer o download do arquivo do cromatograma, enquanto  realiza a exclusão.

Editar Sequência

Material Biológico

LGMB123400

Código Genbank

2121212

Gene

gene 2

Primer Forward

GCTAGCTAGCTAGCTAGCTAGCTAGC

Primer Reverse

GCTAGCTAGCTAGCTAGCTAGCTAGC

Sequência Consenso

atgc

Observações Gerais

cgta

Cromatogramas

Selecionar arquivo...

É possível enviar até 10 arquivos por vez.

Mostrando de 1 a 1 de 1 registros

Pesquisar

ID	Arquivo			
12	cromatograma.txt			

Exibir 10 registros por página

Primeira

<

1

>

Última

Salvar

Voltar

Figura 37 - Tela Editar Sequência
(exibindo os campos habilitados para edição)

Ao clicar em  da tela Sequências de DNA (Figura 35), o sistema exibe a tela de visualização, com os dados da Sequência de DNA. Acessando o link  o usuário é redirecionado para a página do NCBI (Centro Nacional de Informações sobre Biotecnologia) onde está o banco de dados público e nacional de sequências genéticas GenBank. Além disso é possível realizar pesquisas ou download do cromatograma clicando em , conforme mostrado abaixo na Figura 38.

Visualizar Sequência

Material Biológico
LGMB123400

Código Genbank
 2121212

Situação
Aguardando Avaliação

Gene
gene 2

Primer Forward
GCTAGCTAGCTAGCTAGCTAGCTA
GCTAGCTAGCTAGCTA

Primer Reverse
GCTAGCTAGCTAGCTAGCTAGCTA
GCTAGCTAGCTAGCTA

Sequência Consenso
atgc

Observações Gerais
cgta

Cromatogramas

Mostrando de 1 a 1 de 1 registros

Pesquisar

ID	Arquivo
12	cromatograma.txt

Exibir registros por página

Primeira < 1 > Última

OK

Figura 38 - Tela Visualizar Sequência
(exibindo a sequência de DNA de um material biológico)

O submenu Pesquisar dá acesso a página Pesquisar Materiais Biológicos. Possui opções para realizar pesquisa avançada, pesquisa simples, editar, visualizar e ir para tela de Sequências de DNA. Ao clicar em Busca Avançada o sistema exibe nova tela (Figura 39) com campos sobre o material biológico, permitindo ao usuário digitar os dados que possui e clicar no botão Pesquisar. O resultado é uma tabela com os registros encontrados, ver Figura 32.

Pesquisa Avançada

Nome Oficial

Nome Antigo

Taxonomia

Data de Isolamento

Estado do Material
-- Seleccione --

Tipo de Isolamento
-- Seleccione --

Espécie Hospedeiro
-- Seleccione --

Tecido de Isolamento
-- Seleccione --

Tipo de Material
-- Seleccione --

Para visualizar todos os Materiais clique em Pesquisar sem preencher os campos

Pesquisar Voltar

Figura 39 - Tela Pesquisa Avançada Materiais Biológicos
(exibindo os campos que podem ser preenchidos para filtrar os resultados)

4.2.7 Menu Sequências de DNA

O menu Sequências de DNA possui dois submenus Avaliação e Pesquisar.

A opção Avaliação exibe a tela Avaliar Sequências de DNA, responsável por pesquisar, visualizar, aprovar e reprovar. Vide Figura 40.

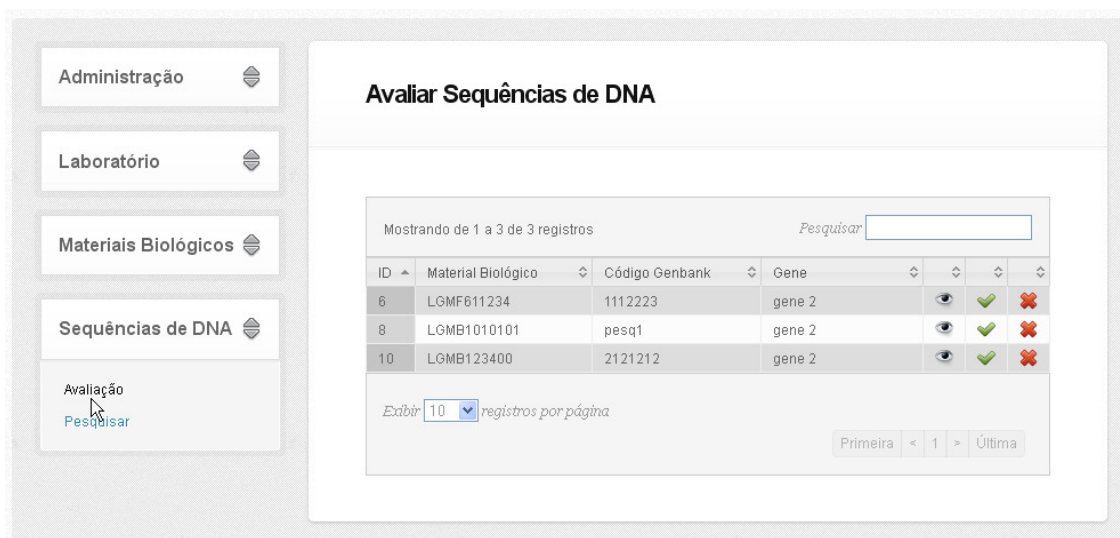


Figura 40 - Tela Sequências de DNA

O ícone da tela Sequências de DNA (Figura 40), permite a visualização e pesquisa dos dados da Sequência de DNA e o download de arquivos de cromatogramas. Ao clicar no ícone o sistema aprova a sequência de DNA e altera o status, enquanto o ícone reprova.

A opção Pesquisar do submenu de Sequências de DNA acessa a tela Pesquisar Sequências de DNA (Figura 41), que oferece as funcionalidades de pesquisa avançada, pesquisa simples, edição e visualização.

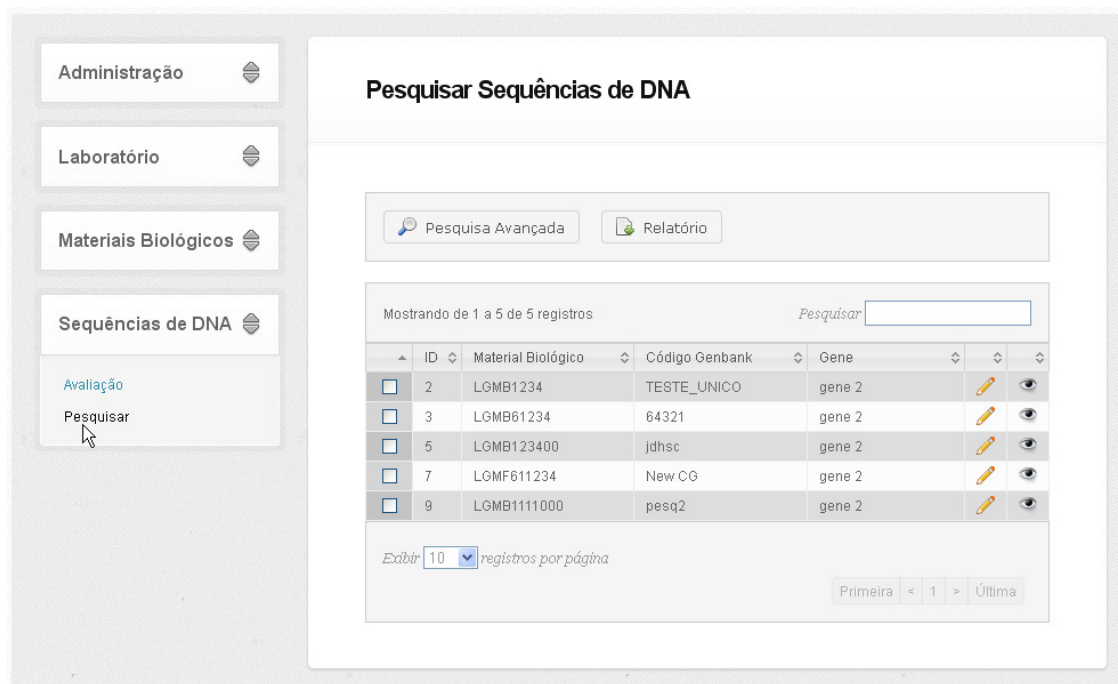


Figura 41 - Tela Pesquisar Sequências de DNA

Ao clicar em Busca Avançada o sistema exibe nova tela com campos sobre a Sequência de DNA (Figura 42), permitindo ao usuário digitar os dados que possui e clicar no botão Pesquisar. O botão Relatório gera um arquivo de extensão fasta, que permite realizar o download, com o DNA sequenciado e sua identificação.

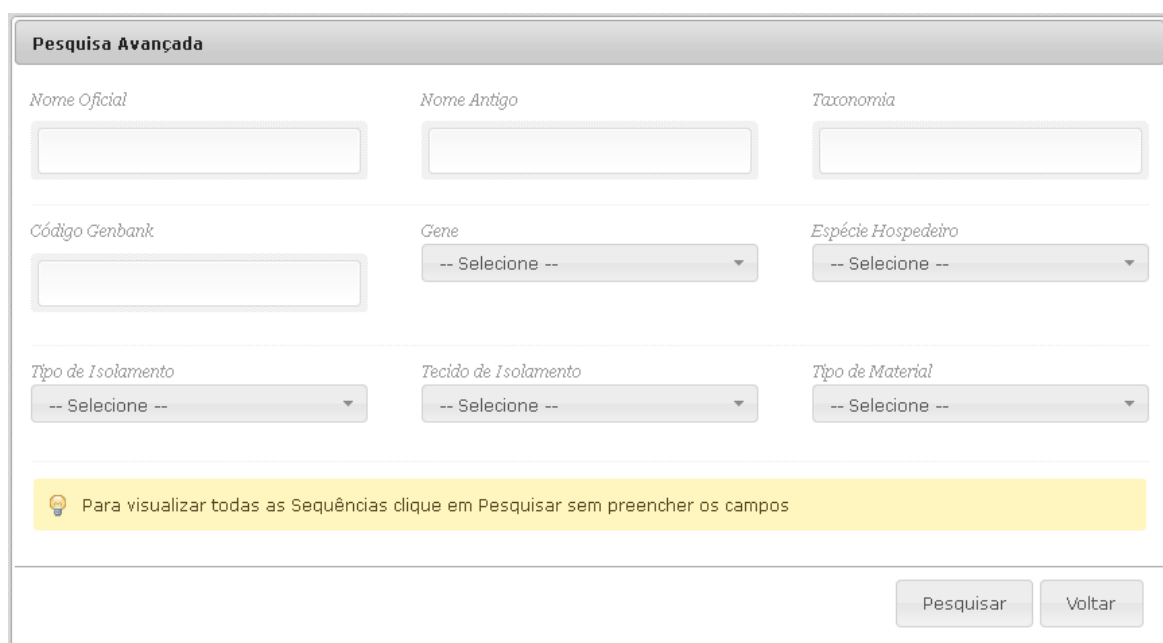


Figura 42 - Tela Pesquisa Avançada Sequências de DNA
(exibindo os campos da sequência que podem ser preenchidos para filtrar os resultados)

O resultado é uma tabela com os registros encontrados (Figura 41). A partir dela pode-se visualizar ou editar os dados da sequência, conforme mostra a Figura 43. Esta tela também permite realizar pesquisas simples, ao digitar o termo de busca na caixa de texto Pesquisar, o sistema filtra e exibe os resultados encontrados. No rodapé da tela é possível definir a quantidade de registros por tela e/ou escolher a página de navegação (primeira/última).

Mostrando de 1 a 5 de 5 registros

Pesquisar

	ID	Material Biológico	Código Genbank	Gene		
☐	2	LGMB1234	TESTE_UNICO	gene 2		
☐	3	LGMB61234	64321	gene 2		
☐	5	LGMB123400	jdhs	gene 2		
☐	7	LGMB611234	New CG	gene 2		
☐	9	LGMB1111000	pesq2	gene 2		

Exibir registros por página

Figura 43 - Tela Pesquisar Sequência de DNA
(exibindo lista de resultados encontrados)

Ao clicar no ícone da tela Pesquisar Sequência de DNA (Figura 43), o sistema exibe a tela Editar Sequência, como mostrada na Figura 44. O usuário realiza as alterações e clica no botão Salvar.

Editar Sequência

Material Biológico

LGMB61234

Código Genbank

64321

Gene

gene 2

Primer Forward

GCTAGCTAGCTAGCTAGCTAGCTAGC

Primer Reverse

GCTAGCTAGCTAGCTAGCTAGCTAGC

Sequência Consenso

teste permissão pesq 1

Observações Gerais

teste permissão pesq 1

Cromatogramas

Selecionar arquivo...

Mostrando de 1 a 1 de 1 registros

Pesquisar

ID	Arquivo
2	cromatograma.txt

Exibir 10 registros por página

Primeira < 1 > Última

Salvar

Voltar

Figura 44 - Tela Editar Sequência
(exibindo os campos habilitados para edição)

Ao clicar em  tela Pesquisar Sequência de DNA (Figura 43), o sistema exibe a tela de visualização, com os dados da Sequência de DNA. Acessando o link  o usuário é redirecionado para a página do NCBI (Centro Nacional de Informações sobre Biotecnologia) onde está o banco de dados público e nacional de sequências genéticas GenBank. Além disso é possível realizar pesquisas ou download do cromatograma clicando em , vide abaixo Figura 45.

Visualizar Sequência

<i>Material Biológico</i> LGMB1111000	<i>Código Genbank</i>  pesq2	<i>Situação</i> Aprovado
<i>Gene</i> gene 2	<i>Primer Forward</i> GCTAGCTAGCTAGCTAGCTAGCTA GCTAGCTAGCTAGCTA	<i>Primer Reverse</i> GCTAGCTAGCTAGCTAGCTAGCTA GCTAGCTAGCTAGCTA
<i>Sequência Consenso</i> pesq2 > pesq1		
<i>Observações Gerais</i> pesq2 > pesq1 Editado p pes3		
<i>Cromatogramas</i>		
Mostrando de 1 a 1 de 1 registros		Pesquisar
ID	Arquivo	
13	explicação_termos.txt	
Exibir 10 registros por página		Primeira < 1 > Última

OK

Figura 45 - Tela Visualizar Sequência
(exibindo os dados de uma sequência de DNA)

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

A oportunidade de desenvolver um projeto deste porte para um cliente proporcionou grandes experiências, possibilitou manter contato com um problema real e desta forma, propor uma solução que satisfizesse as necessidades. Com isso permitiu-se aplicar os conhecimentos adquiridos ao longo da graduação.

O objetivo do projeto foi alcançado, a equipe conseguiu se organizar de maneira que pudesse realizar o que foi planejado. A ideia de dividir as funções conforme perfil e interesses de cada um, fez com que se aprofundasse mais em alguma área de Tecnologia da Informação, as pesquisas realizadas em partes específicas contribuiu para o crescimento profissional, e despertou interesse para futuras especializações.

Todo projeto enfrenta dificuldades e imprevistos, e com este não foi diferente. Houve momentos em que foi necessário rever os requisitos, alterar itens do escopo e redividir tarefas. A colaboração dos membros foi imprescindível para a resolução desses problemas. Um ponto positivo que contribuiu para o sucesso do projeto foi a participação ativa do cliente em todas as fases do desenvolvimento. Com isso, só se enfatiza o quanto o sucesso de um projeto está intimamente ligado à cooperação entre equipe e cliente.

O sistema cumpriu com a promessa de iniciar a informatização do laboratório LabGeM e supriu a deficiência encontrada no processo manual, até então utilizado.

Os benefícios gerados contribuem indiretamente em assuntos de caráter social, ecológico e econômico, pois o estudo da interação entre os micro-organismos evita a utilização de fungicidas diminuindo a contaminação do solo e da água com produtos químicos, e aumenta a produtividade e qualidade dos produtos exportados.

Visando uma possível segunda versão para o μ SequenceBase, foram identificadas algumas funcionalidades que somariam nesse processo evolutivo de informatização do LabGeM:

- Integração com dispositivos Android, para permitir ao pesquisador registrar um material biológico no momento da coleta.
- Upload de fotos dos fungos.

- Upload em arquivo PDF dos artigos publicados e associá-los a determinados materiais biológicos, com a citação nas normas da ABNT e link para download.
- Possibilidade de divulgar parte do banco de dados para consulta pública (usuários sem conta).

5.1 PARECER DO CLIENTE

O cliente, após ter testado e homologado os requisitos e regras do sistema, passou por e-mail um feedback para a equipe, relatando qual seria a importância do sistema para o laboratório.

“O sistema propiciará uma organização dos dados de sequenciamento e informação sobre o material biológico sem precedentes. Será possível obter informações básicas sobre as linhagens presentes na coleção do laboratório de forma ágil e prática.

Com o sistema, os dados não serão só disponibilizados de forma prática, como estarão organizados e disponíveis para futuras análises. A possibilidade de associar os diversos sequenciamentos de um mesmo organismo, também, gerará uma redução nos custos de realização das análises, já que o problema da repetição de um mesmo sequenciamento não ocorrerá. Igualmente, a análise filogenética multigênica (estimativa das relações históricas entre espécies utilizando várias porções do genoma) fica facilitada, pela reunião dos dados em um único local”.

(Douglas Adamoski)

REFERÊNCIAS

ALMEIDA, A.; DAROLT, R. **Pesquisa e desenvolvimento em UML**. Disponível em: <<http://pt.scribd.com/doc/53079417/158/Teste-de-Validacao>> Data de acesso: 13/08/2012.

FAVERETTO, J. A.; MERCADANTE, C. Material Genético o Comando da Vida. In _____. **Biologia**. 1.ed. São Paulo: Moderna, 1999.

GABARDO, M. **Micetoteca ou Micoteca**. Disponível em: <<http://aulasdebotanica.blogspot.com.br/2012/01/micetoteca-ou-micoteca.html>> Data de acesso: 02/06/2012.

GARDNER, E. J.; SNUSTAD, D. P. Glossário. In: _____. **Genética**. Tradução de: ARENA, J. F. P. (Org.) 7. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 1986. Original em inglês.

GRIFFITHS, A. J. F. *et al* Introdução à Genética. In _____. **Genética e o Organismo**. 8. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2006.

KOSCIANSKI, A.; SOARES, M. S. **Qualidade de Software: aprenda as metodologias e técnicas mais modernas para o desenvolvimento de software**. 2. ed. São Paulo: Novatec Editora, 2007.

MARTINS, J. C. C. **Gerenciando projetos de desenvolvimento de software com PMI, RUP e UML**. 4ª. ed. Rio de Janeiro: Brassport, 2007.

MAZZARIOL, G. C. Q. *et al*. **Manual Gantt Project 2.0.5** Disponível em <http://www.gilbertexbom.com/app/gerTempo/ganttproject_2.0.5.pdf> Data de acesso: 19/03/2012.

MICKLOS, A. D. *et al*. Métodos Modernos de Análise de Genomas Completos. In _____. **A Ciência do DNA**. 2. ed. Porto Alegre: Artmed, 2005. p. 195.

National Center for Biotechnology Information. Disponível em <<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank>>. Data de Acesso 02/06/12.

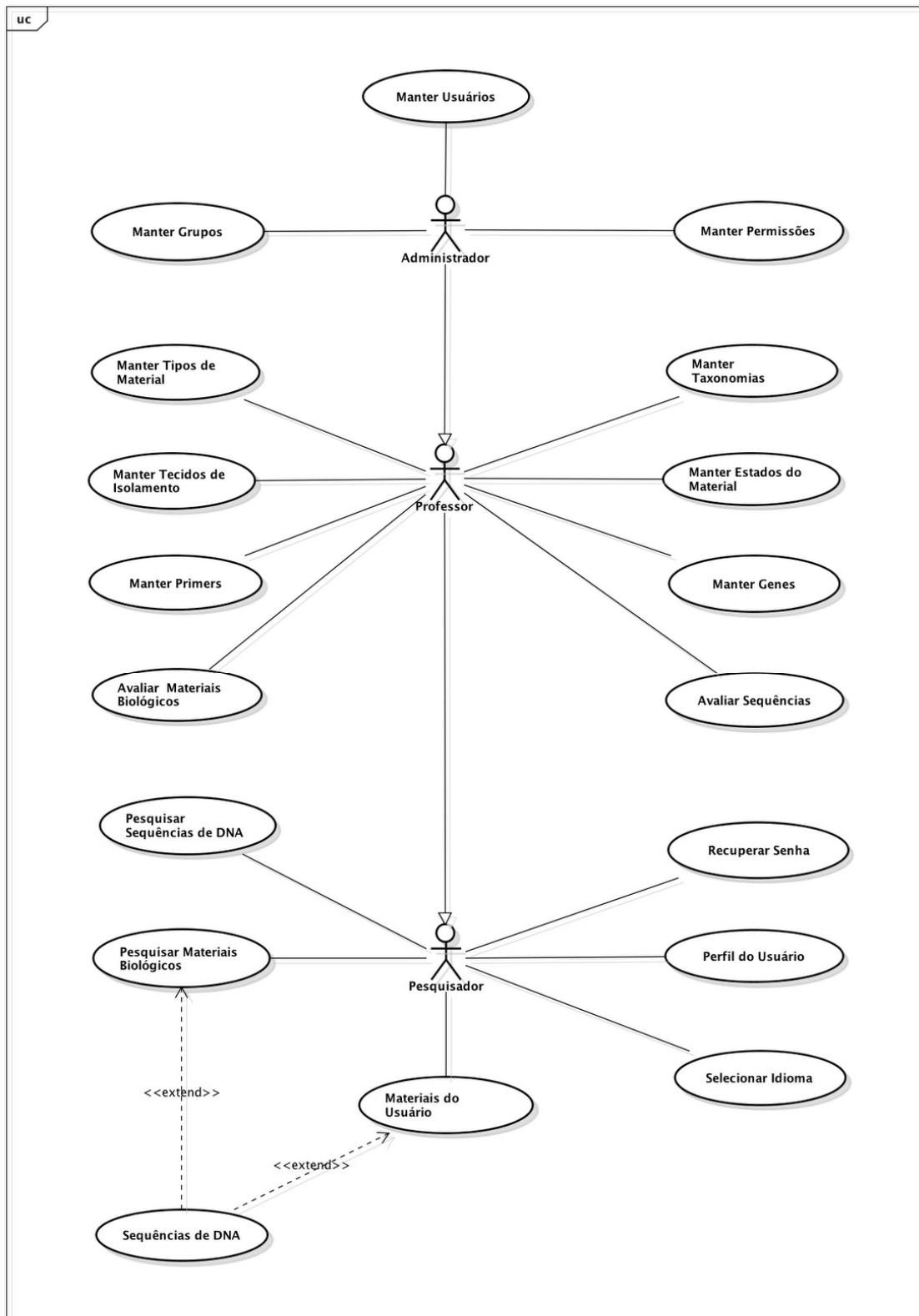
PELCZAR JR, M. J.; CHAN, E. C. S. KRIEG, N. R. Estruturas das Células Procarióticas e Eucarióticas. In _____. **Microbiologia – Conceitos e Aplicações**. 2.ed. V.1., São Paulo: Makron Books do Brasil, 1996 p. 100-144.

Rational Unified Process. Disponível em: <<http://www.wthreex.com/rup/portugues/index.htm>> Data de acesso: 20/06/2012.

WBS Tool. Disponível em: <<http://www.wbstool.com/>> Data de acesso: 20/06/2012.

ZEMEL, T. **CodeIgniter: framework PHP, ágil, robusto e de alta performance**
Disponível em: <<http://codeigniterbrasil.com/passos-iniciais/codeigniter-framework-php-agil-robusto-e-de-alta-performance/>> Data de acesso: 15/06/2012.

APÊNDICE A – DIAGRAMA DE CASOS DE USO



APÊNDICE B – ESPECIFICAÇÃO CASOS DE USO

B.1. MANTER GRUPOS

Descrição

Caso de uso responsável por pesquisar, registrar, editar e excluir grupos de usuário.

Pré-condições

1. Autenticar no sistema como Administrador.
2. Acessar o item de menu: Administração > Grupos.

Pós-condições

1. Pesquisar: o sistema deve filtrar os registros de acordo com o termo digitado.
2. Registrar: o sistema deve inserir um novo registro.
3. Editar: o sistema deve salvar os dados alterados.
4. Excluir: o sistema deve excluir o registro.

Ator Primário

Administrador

Fluxo de Eventos Principal

1. O ator clica sobre a opção de menu Administração > Grupos.
2. O sistema exibe a tela **DV1 - Grupos**.
3. O ator clica no botão *Registrar Grupo*.
4. O sistema abre a tela **DV2 - Registrar Grupo**.
 - A1 – Pesquisar**
 - A2 – Editar**
 - A3 – Excluir**
5. O ator preenche o campo da tela.
 - A4 – Voltar**
6. O ator clica no botão *Salvar*.
 - E1 – Campo obrigatório não preenchido**
 - E2 – Dados Inválidos**
7. O sistema salva as informações e exibe a mensagem: “Registro realizado com sucesso!”
8. O caso de uso é finalizado.

Fluxos Alternativos

A1 – Pesquisar

1. O ator digita um termo de busca no campo de pesquisa.
2. O sistema filtra os resultados de acordo com o termo digitado e exibe os resultados.

A2 – Editar

1. O ator escolhe um registro na lista e clica no ícone *Editar Grupo*.
2. O sistema abre a tela **DV3 - Editar Grupo**.

3. O ator realiza as alterações.

A4 – Voltar

4. O ator clica no botão *Salvar*.

E1 – Campo obrigatório não preenchido

E2 – Dados Inválidos

5. O sistema salva as alterações e exibe a mensagem, “Registro atualizado com sucesso!”
6. O sistema retorna para tela **DV1 - Grupos**.

A3 – Excluir

1. O ator escolhe um registro na lista e clica no ícone *Excluir Grupo*.
2. O sistema abre a tela **DV54 - Excluir Grupo**.
3. O ator clica no botão *Sim*.

A5 – O ator clica no botão Não.

E3 – Registro em uso.

4. O sistema salva as alterações e exibe a mensagem, “Registro excluído com sucesso!”
5. O sistema retorna para tela **DV1 - Grupos**.

A4 – Voltar

1. O sistema retorna para a tela **DV1 - Grupos**.

Fluxos de Exceção

E1 – Campo obrigatório não preenchido

1. O sistema consiste os campos. **(R1)**
2. O sistema exibe uma mensagem informando qual campo obrigatório não foi preenchido.
3. O caso de uso é reiniciado.

E2 – Dados Inválidos

1. O sistema valida o campo. **(R2)**
2. O sistema retorna uma mensagem informando qual campo deve ser alterado
3. O usuário clica no botão *OK*
4. O caso de uso é reiniciado.

E3 – Registro em uso

1. O sistema exibe a mensagem: “O registro está em uso e não pode ser excluído”.
2. O caso de uso é reiniciado.

Regras de Negócio

R1 – Verificar Consistência.

1. O campo nome deve ser preenchido obrigatoriamente.

R2 – Validar Nome

1. O nome do grupo deverá ser único, ou seja, não pode estar cadastrado em outro grupo.

Data Views

DV1 - Grupos

Grupos

 Registrar Grupo

Mostrando de 1 a 5 de 5 registros

Pesquisar

ID ▲	Nome		
1	Administrador		
2	Professor		
3	Pesquisador I		
4	Pesquisador II		
5	Pesquisador III		

Exibir registros por página

Primeira < 1 > Última

DV2 - Registrar Grupo

Registrar Grupo

×

Nome *

Salvar

Voltar

DV3 - Editar Grupo

Editar Grupo

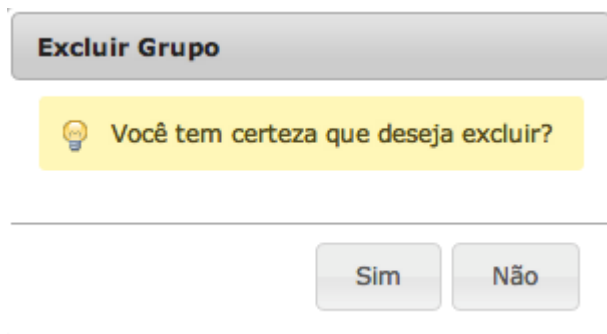
×

Nome *

Salvar

Voltar

DV54 - Excluir Grupo



Excluir Grupo

💡 Você tem certeza que deseja excluir?

Sim Não

B.2. MANTER PERMISSÕES

Descrição

Caso de uso responsável por editar as permissões dos grupos de usuário.

Pré-condições

1. Autenticar no sistema como Administrador.
2. Acessar o item de menu: Administração > Permissões.

Pós-condições

1. Salvar as alterações das permissões do grupo.

Ator Primário

Administrador

Fluxo de Eventos Principal

1. O ator clica sobre a opção de menu Administração > Permissões
2. O sistema exibe a tela **DV7 - Permissões**
3. O ator seleciona um grupo no combobox.
4. O sistema lista as permissões do grupo selecionado.
5. O ator marca as ações que o grupo terá permissão.
6. O ator clica no botão *Salvar*.
7. O sistema salva as alterações e exibe a mensagem: "Permissões alteradas com sucesso!"
8. O caso de uso é finalizado.

Data View

DV7 – Permissões

Permissões

Grupo

Administrador ▼

	Módulo	Ação
☐		
☒	Administração	Manter Grupos
☒	Administração	Manter Permissões
☒	Administração	Manter Usuários
☒	Laboratório	Avaliar Materiais Biológicos
☒	Laboratório	Manter Estados do Material
☒	Laboratório	Manter Genes
☒	Laboratório	Manter Primers
☒	Laboratório	Manter Taxonomias
☒	Laboratório	Manter Tecidos de Isolamento
☒	Laboratório	Manter Tipos de Material
☒	Laboratório	Materiais do Usuário
☒	Laboratório	Pesquisar Materiais Biológicos

Salvar

B.3. MANTER USUÁRIOS

Descrição

Caso de uso responsável tanto por pesquisar, registrar, editar, excluir usuários quanto para redefinir a senha de usuários.

Pré-condições

1. Autenticar no sistema como Administrador.
2. Acessar o item de menu: Administração > Usuários.

Pós-condições

1. Pesquisar: o sistema deve filtrar os registros de acordo com o termo digitado.
2. Registrar: o sistema deve inserir um novo registro.
3. Editar: o sistema deve salvar os dados alterados.
4. Excluir: o sistema deve excluir o registro.

Ator Primário

Administrador

Fluxo de Eventos Principal

1. O ator clica sobre a opção de menu Administração > Usuários
2. O sistema exibe a tela **DV4 – Usuários**
3. O ator clica no botão *Registrar Usuário*
 - A1 – Pesquisar**
 - A2 – Editar**
 - A3 – Excluir**
 - A4 – Redefinir Senha**
4. O sistema abre a tela **DV5 - Registrar Usuário**
5. O ator preenche os campos da tela
 - A5 – Voltar**
6. O ator clica no botão *Salvar*
 - E1 – Campo obrigatório não preenchido**
 - E2 – Dados inválidos**
7. O sistema salva as informações e exibe a mensagem: “Registro realizado com sucesso!”
8. O caso de uso é finalizado.

Fluxos Alternativos

A1 – Pesquisar

1. O ator digita um termo de busca no campo de pesquisa
2. O sistema filtra os resultados de acordo com o termo digitado e exibe os resultados.

A2 – Editar

1. O ator escolhe um registro na lista e clica no ícone *Editar Usuário*
2. O sistema abre a tela **DV6 - Editar Usuário**
3. O ator realiza as alterações
 - A5 – Voltar**
3. O ator clica no botão *Salvar*
 - E1 – Campo obrigatório não preenchido**
 - E2 – Dados inválidos**
4. O sistema salva as alterações e exibe a mensagem: “Registro atualizado com sucesso!”
5. O sistema retorna para tela **DV4 - Usuários**.

A4 – Redefinir Senha

1. Na lista de Usuários, o ator seleciona um ou vários checkbox
2. O ator clica no botão *Redefinir Senha*
3. O sistema envia uma nova senha, uma chave de ativação e um link de ativação para o email do(s) usuário(s) selecionado(s)
4. O sistema exibe a mensagem, “Nova senha enviada com sucesso. Para concluir o processo de redefinição de senha é necessário seguir as instruções enviadas por email.”

E3 - Pedido para redefinir já enviado.

A5 – Voltar

1. O sistema retorna para a tela **DV4 - Usuários.**

A6 – O ator clica no botão Não

1. O sistema retorna para a tela **DV4 - Usuários.**

Fluxos de Exceção**E1 – Campo obrigatório não preenchido**

1. O sistema consiste os campos. **(R1)**
2. O sistema exibe uma mensagem informando qual campo obrigatório não foi preenchido
3. O caso de uso é reiniciado.

E2 – Dados Inválidos

1. O sistema valida os campos **(R2) (R3) (R4)**
2. O sistema retorna uma mensagem informando qual campo deve ser corrigido
3. O usuário clica no botão *OK*
4. O caso de uso é reiniciado.

Regras de Negócio**R1 – Verificar Consistência**

1. Todos os campos são de preenchimento obrigatório.

R2 – Validar Usuário

1. O nome de usuário deve possuir no mínimo 4 caracteres e no máximo 20 caracteres
2. O campo Usuário pode conter somente caracteres alfa-numéricos, sublinhados, e traços
3. O sistema verifica se o nome de usuário escolhido não está em uso por outro Usuário.

R3 – Validar Senha

1. A senha deve conter no mínimo 4 caracteres e no máximo 20 caracteres.

2. O sistema verifica se a senha digitada é igual ao campo Confirmação da Senha.

R4 – Validar Email

1. O sistema verifica se o campo Email é um endereço eletrônico válido
2. O endereço de email cadastrado não poderá estar sendo utilizado por outro usuário.

R5 – Email de redefinição já enviado

1. O sistema permite que o pedido para redefinir a senha seja enviado somente uma vez.

Data Views

DV4 – Usuários

Usuários

 Registrar Usuário

 Redefinir Senha

Mostrando de 1 a 3 de 3 registros

Pesquisar

	ID	Nome	Usuário	Grupo	Ativo		
☐	1	Administrador	admin	Administrador			
☐	7	Pesquisador 2	pes2	Pesquisador II			
☐	8	Pesquisador 3	pes3	Pesquisador III			

Exibir

registros por página

Primeira

<

1

>

Última

DV5 - Registrar Usuário

Registrar Usuário ✕

Grupo

-- Seleccione --

Nome

Usuário

Senha

Confirmação da Senha

Email

Nº Documento

Salvar

Voltar

DV6 - Editar Usuário

Editar Usuário

Grupo

Pesquisador II

Ativo

Sim

Nome

Pesquisador 2

Usuário

pes2

Email

pes2@pes.com

Nº Documento

pes2

Salvar

Voltar

DV55 - Excluir Usuário

Excluir Usuário


 Você tem certeza que deseja excluir?

Sim

Não

B.4. SELECIONAR IDIOMA

Descrição

Caso de uso responsável por selecionar em qual idioma o sistema será utilizado.

Pré-condições

1. Acessar o sistema.

Pós-condições

1. Alterar a linguagem utilizada do sistema conforme o idioma selecionado.

Ator Primário

Todos usuários.

Fluxo de Eventos Principal

1. Na barra superior são exibidas as opções de idiomas disponíveis. **DV31 – Barra Superior.**
2. O ator clica sobre a bandeira do país correspondente ao idioma de sua preferência.
3. A linguagem do sistema é alterada conforme o idioma selecionado.
4. O caso de uso é finalizado.

Data View

DV31 – Barra Superior



B.5. PERFIL DO USUÁRIO

Descrição

Caso de uso responsável por visualizar o perfil e alterar a senha do usuário.

Pré-condições

1. Autenticar com qualquer tipo de usuário no sistema.

Pós-condições

1. Visualizar Perfil: exibir os dados do usuário.
2. Alterar Senha: salvar a nova senha do usuário.

Ator Primário

Todos os usuários.

Fluxo de Eventos Principal

1. O ator clica sobre o ícone com o nome do seu usuário **DV31 – Barra Superior**
2. O sistema exibe a tela **DV29 – Perfil do Usuário**
3. As informações do usuário são exibidas
- A1 – Alterar Senha**
4. O caso de uso é finalizado.

Fluxos Alternativos

A1 – Alterar Senha

1. O ator clica sobre o link *Alterar Senha*.
2. O sistema exibe a tela **DV30 – Alterar Senha**
3. O ator preenche os campos da tela
- A2 – Voltar**
4. O ator clica no botão *Salvar*
- E1 – Campo obrigatório não preenchido**
- E2 – Dados inválidos**
5. O sistema salva as alterações e exibe a mensagem, “Senha alterada com sucesso!”
6. O caso de uso é finalizado.

A2 – Voltar

1. O sistema retorna para a tela **DV29 – Perfil do Usuário**.

Fluxos de Exceção

E1 – Campo obrigatório não preenchido

1. O sistema consiste os campos (**R1**)
2. O sistema exibe uma mensagem informando qual campo obrigatório não foi preenchido
3. O caso de uso é reiniciado.

E2 – Dados Inválidos

1. O sistema valida os campos (**R2**)
2. O sistema retorna uma mensagem informando qual campo deve ser alterado
3. O caso de uso é reiniciado.

Regras de Negócio**R1 – Verificar Consistência**

1. Todos os campos são de preenchimento obrigatório.

R2 – Validar Senha

1. A senha deve conter no mínimo 4 caracteres e no máximo 20 caracteres
2. As senhas digitadas nos campos Nova Senha e Confirmação da Nova Senha devem ser iguais

Data Views**DV29 - Perfil do Usuário****Perfil do Usuário**

Nome: prof

Usuário: prof

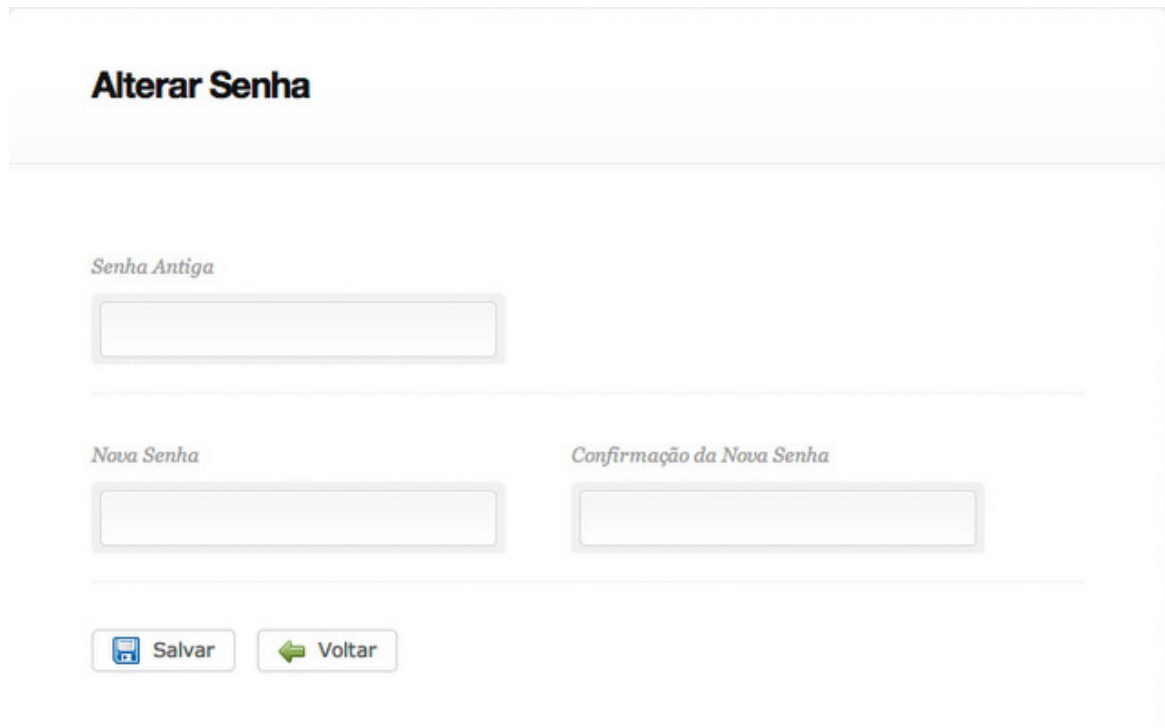
Senha: ***** [Alterar Senha](#)

Grupo: Professor

Email: prof@prof.com

Nº Documento: prof

Registrado em: 08/05/2012

DV30 - Alterar Senha

Alterar Senha

Senha Antiga

Nova Senha

Confirmação da Nova Senha

Salvar Voltar

DV31 - Barra Superior**B.6. RECUPERAR SENHA****Descrição**

Caso de uso responsável por recuperar a senha do usuário.

Pré-condições

1. Acessar a tela de autenticação do sistema.

Pós-condições

1. Enviar uma nova senha para o usuário.

Ator Primário

Todos os usuários.

Fluxo de Eventos Principal

1. O sistema exibe a tela **DV27 – Login**
2. O ator clica sobre o link *Esqueceu a Senha?*
3. O sistema exibe a tela **DV28 – Recuperar Senha**
4. O ator preenche o campo da tela
A1 – Login
5. O ator clica no botão Enviar
E1 – Campo obrigatório não preenchido
E2 – Dados inválidos
6. O sistema exibe a mensagem, “Você receberá um email com instruções para ativar sua nova senha.”
7. O sistema envia para o email do usuário a nova senha, a chave de ativação e o link de ativação
8. O ator acessa o link de ativação
E3 – O ator não acessa o link de ativação
9. O sistema ativa a nova senha
10. O ator é redirecionado para a tela **DV27 – Login**
11. O sistema exibe a mensagem, “Senha ativada com sucesso. Digite seu Usuário e sua nova Senha.”
12. O caso de uso é finalizado.

Fluxos Alternativos

A1 – Login

1. O sistema retorna para a tela **DV27 – Realizar Login**.

Fluxos de Exceção

E1 – Campo obrigatório não preenchido

1. O sistema consiste os campos **(R1)**
2. O sistema exibe uma mensagem informando qual campo obrigatório não foi preenchido
3. O caso de uso é reiniciado.

E2 – Dados Inválidos

1. O sistema valida o campo. **(R2)**
2. O sistema retorna a mensagem “Usuário ou Email inexistente.”
3. O caso de uso é reiniciado.

E3 – O ator não acessa o link de ativação

1. O sistema mantém a senha antiga inalterada
2. O caso de uso é finalizado.

Regras de Negócio

R1 – Verificar Consistência

1. O campo Usuário / Email deve ser preenchido obrigatoriamente.

R2 – Validar Usuário / Email

1. O usuário ou email digitado deverá estar cadastrado no sistema.

Data Views

DV27 – Login

Login

Usuário

Senha



[Esqueceu a Senha?](#)

DV28 – Recuperar Senha

Esqueceu a Senha?

Usuário / Email

 **Enviar**

[Login](#)

B.7. MANTER ESTADOS DO MATERIAL

Descrição

Caso de uso responsável por pesquisar, registrar, editar e excluir estados do material.

Pré-condições

1. Autenticar no sistema como Administrador ou Professor.
2. Acessar o item de menu: Administração > Estados do Material.

Pós-condições

1. Pesquisar: o sistema deve filtrar os registros de acordo com o termo digitado.
2. Registrar: o sistema deve inserir um novo registro.
3. Editar: o sistema deve salvar os dados alterados.
4. Excluir: o sistema deve excluir o registro.

Ator Primário

Administrador ou Professor

Fluxo de Eventos Principal

1. O ator clica sobre a opção de menu Laboratório > Estados do Material.
2. O sistema exibe a tela **DV8 – Estados do Material**
3. O ator clica no botão *Registrar Estado*

A1 – Pesquisar**A2 – Editar****A3 – Excluir**

4. O sistema abre a tela **DV9 – Registrar Estado**

5. O ator preenche o campo da tela

A4 – Voltar

6. O ator clica no botão *Salvar*

E1 – Campo obrigatório não preenchido**E2 – Dados Inválidos**

7. O sistema salva as informações e exibe a mensagem, “Registro realizado com sucesso!”

8. O caso de uso é finalizado.

Fluxos Alternativos**A1 – Pesquisar**

1. O ator digita um termo de busca no campo de pesquisa

2. O sistema filtra os resultados de acordo com o termo digitado e exibe os resultados.

A2 – Editar

1. O ator escolhe um registro na lista e clica no ícone *Editar Estado*

2. O sistema abre a tela **DV10 – Editar Estado**

3. O ator realiza as alterações

A3 – Voltar

4. O ator clica no botão *Salvar*

E1 – Campo obrigatório não preenchido**E2 – Dados Inválidos**

5. O sistema salva as alterações e exibe a mensagem, “Registro atualizado com sucesso!”

6. O sistema retorna para tela **DV8 – Estados do Material**.

A3 – Excluir

1. O ator escolhe um registro na lista e clica no ícone *Excluir Estado*

2. O sistema abre a tela **DV53 – Excluir Estado**

3. O ator clica no botão Sim

A5 – O ator clica no botão Não**E3 – Registro em uso**

4. O sistema salva as alterações e exibe a mensagem: “Registro excluído com sucesso!”

5. O sistema retorna para tela **DV8 – Estados do Material**.

A4 – Voltar

1. O sistema retorna para a tela **DV8 – Estados do Material**.

A5 – O ator clica no botão Não

1. O sistema retorna para a tela **DV8 – Estados do Material**.

Fluxos de Exceção

E1 – Campo obrigatório não preenchido

1. O sistema consiste os campos (**R1**)
2. O sistema exibe uma mensagem informando qual campo obrigatório não foi preenchido
3. O caso de uso é reiniciado.

E2 – Dados Inválidos

1. O sistema valida o campo (**R2**)
2. O sistema retorna uma mensagem informando qual campo deve ser alterado
3. O usuário clica no botão *OK*
4. O caso de uso é reiniciado.

E3 – Registro em uso

1. O sistema exibe a mensagem, “O registro está em uso e não pode ser excluído.”
2. O caso de uso é reiniciado.

Regras de Negócio

R1 – Verificar Consistência

1. O campo descrição deve ser preenchido obrigatoriamente.

R2 – Validar Descrição

1. A descrição do estado deverá ser único, ou seja, não pode estar cadastrada em outro estado.

Data Views

DV8 – Estados do Material

Estados do Material

+
Registrar Estado

Mostrando de 1 a 2 de 2 registros
Pesquisar

ID	Descrição		
2	DNA		
6	estado1		

Exibir 10 registros por página

Primeira
<
1
>
Última

DV9 – Registrar Estado
DV10 – Editar Estado
DV53 – Excluir Estado
B.8. MANTER GENES**Descrição**

Caso de uso responsável por pesquisar, registrar, editar e excluir genes.

Pré-condições

1. Autenticar no sistema como Administrador ou Professor.
2. Acessar o item de menu: Laboratório > Genes.

Pós-condições

1. Pesquisar: o sistema deve filtrar os registros de acordo com o termo digitado.
2. Registrar: o sistema deve inserir um novo registro.
3. Editar: o sistema deve salvar os dados alterados.
4. Excluir: o sistema deve excluir o registro.

Ator Primário

Administrador ou Professor.

Fluxo de Eventos Principal

1. O ator clica sobre a opção de menu Laboratório > Genes
2. O sistema exibe a tela **DV11 – Genes**
3. O ator clica no botão *Registrar Gene*
 - A1 – Pesquisar**
 - A2 – Editar**
 - A3 – Excluir**
4. O sistema abre a tela **DV12 – Registrar Gene**
5. O ator preenche o campo da tela
 - A4 – Voltar**
6. O ator clica no botão *Salvar*
 - E1 – Campo obrigatório não preenchido**
 - E2 – Dados Inválidos**
7. O sistema salva as informações e exibe a mensagem, “Registro realizado com sucesso!”
8. O caso de uso é finalizado.

Fluxos Alternativos

A1 – Pesquisar

1. O ator digita um termo de busca no campo de pesquisa
2. O sistema filtra os resultados de acordo com o termo digitado e exibe os resultados.

A2 – Editar

1. O ator escolhe um registro na lista e clica no ícone *Editar Gene*
2. O sistema abre a tela **DV13 – Editar Gene**
3. O ator realiza as alterações
 - A4 – Voltar**
4. O ator clica no botão *Salvar*.
 - E1 – Campo obrigatório não preenchido**
 - E2 – Dados Inválidos**
5. O sistema salva as alterações e exibe a mensagem, “Registro atualizado com sucesso!”
6. O sistema retorna para tela **DV11 – Genes**.

A3 – Excluir

1. O ator escolhe um registro na lista e clica no ícone *Excluir Gene*
2. O sistema abre a tela **DV47 – Excluir Gene**
3. O ator clica no botão *Sim*.
 - A5 – O ator clica no botão Não**
 - E3 – Registro em uso**
4. O sistema salva as alterações e exibe a mensagem, “Registro excluído com sucesso!”

5. O sistema retorna para tela **DV11 – Genes**.

A4 – Voltar

1. O sistema retorna para a tela **DV11 – Genes**.

A5 – O ator clica no botão Não

1. O sistema retorna para a tela **DV11 – Genes**.

Fluxos de Exceção**E1 – Campo obrigatório não preenchido**

1. O sistema consiste os campos **(R1)**
2. O sistema exibe uma mensagem informando qual campo obrigatório não foi preenchido
3. O caso de uso é reiniciado.

E2 – Dados Inválidos

1. O sistema valida o campo **(R2)**
2. O sistema retorna uma mensagem informando qual campo deve ser alterado
3. O usuário clica no botão *OK*
4. O caso de uso é reiniciado.

E3 – Registro em uso

1. O sistema exibe a mensagem, “O registro está em uso e não pode ser excluído.”
2. O caso de uso é reiniciado.

Regras de Negócio**R1 – Verificar Consistência**

1. O campo descrição deve ser preenchido obrigatoriamente.

R2 – Validar Descrição

1. A descrição do gene deverá ser única, ou seja, não pode estar cadastrada em outro gene.

Data Views

DV11 – Genes

Genes

 Registrar Gene

Mostrando de 1 a 2 de 2 registros
Pesquisar

ID ▲	Descrição			
1	gene 1			
2	gene 2			

Exibir registros por página

Primeira
<
1
>
Última

DV12 – Registrar Gene

Registrar Gene
✕

*Descrição **

Salvar

Voltar

DV13 – Editar Gene

Editar Gene
✕

*Descrição **

ITS - Internal Transcriber Spacer

Salvar

Voltar

DV47 – Excluir Gene

Excluir Gene

 **Você tem certeza que deseja excluir?**

Sim

Não

B.9. MANTER PRIMERS

Descrição

Caso de uso responsável por pesquisar, registrar, editar e excluir primers.

Pré-condições

1. Autenticar no sistema como Administrador ou Professor.
2. Acessar o item de menu: Laboratório > Primers.

Pós-condições

1. Pesquisar: o sistema deve filtrar os registros de acordo com o termo digitado.
2. Registrar: o sistema deve inserir um novo registro.
3. Editar: o sistema deve salvar os dados alterados.
4. Excluir: o sistema deve excluir o registro.

Ator Primário

Administrador ou Professor

Fluxo de Eventos Principal

1. O ator clica sobre a opção de menu Laboratório > Primers
2. O sistema exibe a tela **DV14 – Primers**
3. O ator clica no botão *Registrar Primer*
 - A1 – Pesquisar**
 - A2 – Editar**
 - A3 – Excluir**
4. O sistema abre a tela **DV15 – Registrar Primer**
5. O ator preenche os campos da tela
 - A4 – Voltar**
6. O ator clica no botão *Salvar*
 - E1 – Campo obrigatório não preenchido**
 - E2 – Dados Inválidos**
7. O sistema salva as informações e exibe a mensagem, “Registro realizado com sucesso!”
8. O caso de uso é finalizado.

Fluxos Alternativos

A1 – Pesquisar

1. O ator digita um termo de busca no campo de pesquisa
2. O sistema filtra os resultados de acordo com o termo digitado e exibe os resultados.

A2 – Editar

1. O ator escolhe um registro na lista e clica no ícone *Editar Primer*
2. O sistema abre a tela **DV16 – Editar Primer**
3. O ator realiza as alterações
 - A4 – Voltar**
4. O ator clica no botão *Salvar*

E1 – Campo obrigatório não preenchido**E2 – Dados Inválidos**

5. O sistema salva as alterações e exibe a mensagem, “Registro atualizado com sucesso!”
6. O sistema retorna para tela **DV14 – Primers.**

A3 – Excluir

1. O ator escolhe um registro na lista e clica no ícone *Excluir Primer*
2. O sistema abre a tela **DV49 – Excluir Primer**
3. O ator clica no botão *Sim*

A5 – O ator clica no botão Não**E3 – Registro em uso**

4. O sistema salva as alterações e exibe a mensagem, “Registro excluído com sucesso!”
5. O sistema retorna para tela **DV14 – Primers.**

A4 – Voltar

1. O sistema retorna para a tela **DV14 – Primers.**

A5 – O ator clica no botão Não

1. O sistema retorna para a tela **DV14 – Primers.**

Fluxos de Exceção**E1 – Campo obrigatório não preenchido**

1. O sistema consiste os campos (**R1**)
2. O sistema exibe uma mensagem informando qual campo obrigatório não foi preenchido
3. O caso de uso é reiniciado.

E2 – Dados Inválidos

1. O sistema valida o campo (**R2**)
2. O sistema retorna uma mensagem informando qual campo deve ser alterado
3. O usuário clica no botão *OK*
4. O caso de uso é reiniciado.

E3 – Registro em uso

1. O sistema exibe a mensagem, “O registro está em uso e não pode ser excluído.”
2. O caso de uso é reiniciado.

Regras de Negócio**R1 – Verificar Consistência**

1. Todos os campos são de preenchimento obrigatório.

R2 – Validar Descrição

1. A descrição do primer deverá ser única, ou seja, não pode estar cadastrada em outro primer.

Data Views

DV14 – Primers

Primers

 Registrar Primer

Mostrando de 1 a 2 de 2 registros

Pesquisar

ID ▲	Descrição ▾	Tipo ▾		
1	ATCGATCGATCGATCGATCGATCGATCGATCGATCG	Forward		
2	GCTAGCTAGCTAGCTAGCTAGCTAGCTAGCTAGCTAGCTA	Reverse		

Exibir registros por página

Primeira < 1 > Última

DV15 – Registrar Primer

Registrar Primer

×

Descrição

Tipo

-- Selecione --

Salvar

Voltar

DV16 – Editar Primer

Editar Primer

×

Descrição

ATCG

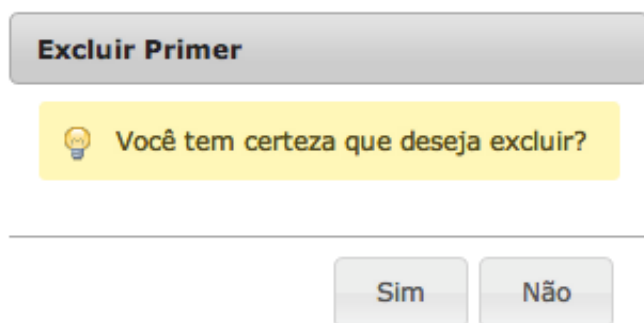
Tipo

Forward

Salvar

Voltar

DV49 – Excluir Primer



Excluir Primer

 Você tem certeza que deseja excluir?

Sim Não

B.10. MANTER TAXONOMIAS

Descrição

Caso de uso responsável por registrar, editar e excluir taxonomias.

Pré-condições

1. Autenticar no sistema como Administrador ou Professor.
2. Acessar o item de menu: Laboratório > Taxonomias.

Pós-condições

1. Registrar: o sistema deve inserir um novo registro.
2. Editar: o sistema deve salvar os dados alterados.
3. Excluir: o sistema deve excluir o registro.

Ator Primário

Administrador ou Professor.

Fluxo de Eventos Principal

1. O ator clica sobre a opção de menu Laboratório > Taxonomias
2. O sistema exibe a tela **DV24 – Taxonomias**
3. O ator clica no botão *Registrar Taxonomia*
 - A1 – Editar**
 - A2 – Excluir**
4. O sistema abre a tela **DV25 – Registrar Taxonomia**
5. O ator seleciona a Categoria
 - A3 – Voltar**
6. O campo Taxonomia Pai é carregado conforme a Categoria selecionada
7. O ator preenche o campo Nome
8. O ator clica no botão *Salvar*
 - E1 – Campo obrigatório não preenchido**
 - E2 – Não existe Taxonomia Pai para a Categoria selecionada**
 - E3 – Dados Inválidos**
9. O sistema salva as informações e exibe a mensagem, “Registro realizado com sucesso!”

10. O caso de uso é finalizado.

Fluxos Alternativos

A1 – Editar

1. O ator escolhe um registro na lista e clica no ícone *Editar Taxonomia*
2. O sistema abre a tela **DV26 – Editar Taxonomia**
3. O ator realiza as alterações **(R4)**
- A3 – Voltar**
4. O ator clica no botão *Salvar*.
- E1 – Campo obrigatório não preenchido**
5. O sistema salva as alterações e exibe a mensagem, “Registro atualizado com sucesso!”
6. O sistema retorna para tela **DV24 - Taxonomias**.

A2 – Excluir

1. O ator seleciona um registro na lista e clica no ícone *Excluir Taxonomia*
2. O sistema abre a tela **DV48 - Excluir Taxonomia**.
3. O ator clica no botão *Sim*
- A4 – O ator clica no botão Não**
- E4 – Registro em uso.**
4. O sistema salva as alterações e exibe a mensagem, “Registro excluído com sucesso!”
5. O sistema retorna para tela **DV24 - Taxonomias**.

A3 – Voltar

1. O sistema retorna para a tela **DV24 - Taxonomias**.

A4 – O ator clica no botão Não

1. O sistema retorna para a tela **DV24 - Taxonomias**.

Fluxos de Exceção

E1 – Campo obrigatório não preenchido

1. O sistema consiste os campos **(R1)**
2. O sistema exibe uma mensagem informando qual campo obrigatório não foi preenchido.
3. O caso de uso é reiniciado.

E2 – Não existe Taxonomia Pai para a Categoria selecionada

1. O sistema valida o campo Taxonomia Pai **(R2)**
2. O sistema retorna a mensagem, “O campo Taxonomia Pai é obrigatório.”
3. O caso de uso é reiniciado.

E3 – Dados Inválidos

1. O sistema valida os campos **(R3)**
2. O sistema retorna uma mensagem informando qual campo deve ser alterado
3. O usuário clica no botão *OK*
4. O caso de uso é reiniciado.

E4 – Registro em uso

1. O sistema exibe a mensagem, “O registro está em uso e não pode ser excluído.”
2. O caso de uso é reiniciado.

Regras de Negócio**R1 – Verificar Consistência**

1. Todos os campos são de preenchimento obrigatório.

R2 – Validar Taxonomia Pai

1. O campo Taxonomia Pai não se aplica quando a Categoria selecionada for "Filo", por ser a primeira categoria da hierarquia (Filo, Classe, Ordem, Família, Gênero, Espécie). Para todas as outras Categorias, o campo Taxonomia Pai é obrigatório.

R3 – Validar Nome

1. O nome da taxonomia deverá ser único, ou seja, não pode estar cadastrado em outra taxonomia.

R4 – Campos permitidos para edição

1. O ator só poderá editar o campo Taxonomia Pai e Nome, o sistema não permitirá a edição do campo Categoria.

Data Views**DV24 – Taxonomias****Taxonomias**

ID	Nome		
30	Filo 1		

ID	Nome		
31	Classe 1		

ID	Nome		
33	Ordem 1		

ID	Nome		
34	Família 1		

ID	Nome		
35	Gênero 1		

ID	Nome		
36	Espécie 1		

DV25 – Registrar Taxonomia

Registrar Taxonomia ✕

Categoria

-- Selecione --

Taxonomia Pai

-- Selecione uma Categoria --

Nome

Salvar

Voltar

DV26 – Editar Taxonomia

Editar Taxonomia ✕

Categoria

Gênero

Taxonomia Pai

FAMILIA

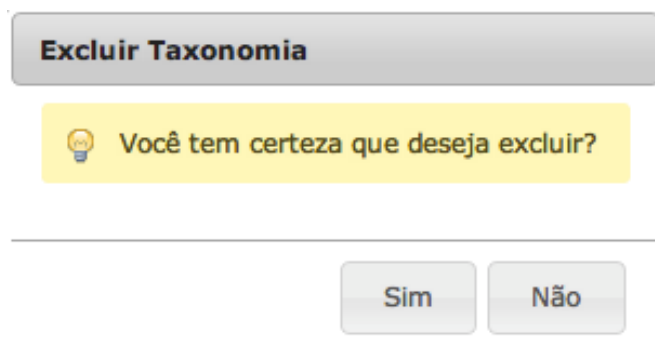
Nome

GENERO 1

Salvar

Voltar

DV48 – Excluir Taxonomia



Excluir Taxonomia

 Você tem certeza que deseja excluir?

Sim **Não**

B.11. MANTER TECIDOS DE ISOLAMENTO

Descrição

Caso de uso responsável por pesquisar, registrar, editar e excluir tecidos de isolamento.

Pré-condições

1. Autenticar no sistema como Administrador ou Professor.
2. Acessar o item de menu: Laboratório > Tecidos de Isolamento.

Pós-condições

1. Pesquisar: o sistema deve filtrar os registros de acordo com o termo digitado.
2. Registrar: o sistema deve inserir um novo registro.
3. Editar: o sistema deve salvar os dados alterados.
4. Excluir: o sistema deve excluir o registro.

Ator Primário

Administrador ou Professor

Fluxo de Eventos Principal

1. O ator clica sobre a opção de menu Laboratório > Tecidos de Isolamento
2. O sistema exibe a tela **DV17 – Tecidos de Isolamento**
3. O ator clica no botão *Registrar Tecido*
 - A1 – Pesquisar**
 - A2 – Editar**
 - A3 – Excluir**
4. O sistema abre a tela **DV18 - Registrar Tecido**
5. O ator preenche o campo da tela
 - A4 – Voltar**
6. O ator clica no botão *Salvar*
 - E1 – Campo obrigatório não preenchido**
 - E2 – Dados Inválidos**
7. O sistema salva as informações e exibe a mensagem, “Registro realizado com sucesso!”
8. O caso de uso é finalizado.

Fluxos Alternativos

A1 – Pesquisar

1. O ator digita um termo de busca no campo de pesquisa.
2. O sistema filtra os resultados de acordo com o termo digitado e exibe os resultados.

A2 – Editar

1. O ator escolhe um registro na lista e clica no ícone *Editar Tecido*
2. O sistema abre a tela **DV19 – Editar Tecido**
3. O ator realiza as alterações

A3 – Voltar

4. O ator clica no botão *Salvar*

E1 – Campo obrigatório não preenchido

E2 – Dados Inválidos

5. O sistema salva as alterações e exibe a mensagem, “Registro atualizado com sucesso!”
6. O sistema retorna para tela **DV17 – Tecidos de Isolamento**.

A3 – Excluir

1. O ator escolhe um registro na lista e clica no ícone *Excluir Tecido*
2. O sistema abre a tela **DV52 – Excluir Tecido**
3. O ator clica no botão *Sim*

A5 – O ator clica no botão Não

E3 – Registro em uso

4. O sistema salva as alterações e exibe a mensagem, “Registro excluído com sucesso!”
5. O sistema retorna para tela **DV17 – Tecidos de Isolamento**.

A4 – Voltar

1. O sistema retorna para a tela **DV17 – Tecidos de Isolamento**.

A5 – O ator clica no botão Não

1. O sistema retorna para a tela **DV17 – Tecidos de Isolamento**.

Fluxos de Exceção

E1 – Campo obrigatório não preenchido

1. O sistema consiste os campos (R1)
2. O sistema exibe uma mensagem informando qual campo obrigatório não foi preenchido
3. O caso de uso é reiniciado.

E2 – Dados Inválidos

1. O sistema valida o campo (R2)
2. O sistema retorna uma mensagem informando qual campo deve ser alterado
3. O usuário clica no botão *OK*
4. O caso de uso é reiniciado.

E3 – Registro em uso

1. O sistema exibe a mensagem, “O registro está em uso e não pode ser excluído.”
2. O caso de uso é reiniciado.

Regras de Negócio**R1 – Verificar Consistência**

1. O campo descrição deve ser preenchido obrigatoriamente.

R2 – Validar Descrição

2. A descrição do tecido deverá ser única, ou seja, não pode estar cadastrada em outro tecido.

Data Views**DV17 - Tecidos de Isolamento****Tecidos de Isolamento**

Registrar Tecido

Mostrando de 1 a 2 de 2 registros
Pesquisar

ID	Descrição			
3	Raíz			
5	asdasd			

Exibir registros por página

Primeira
<
1
>
Última

DV18 - Registrar Tecido

Registrar Tecido
✕

*Descrição **

Salvar

Voltar

DV19 - Editar Tecido

Editar Tecido
✕

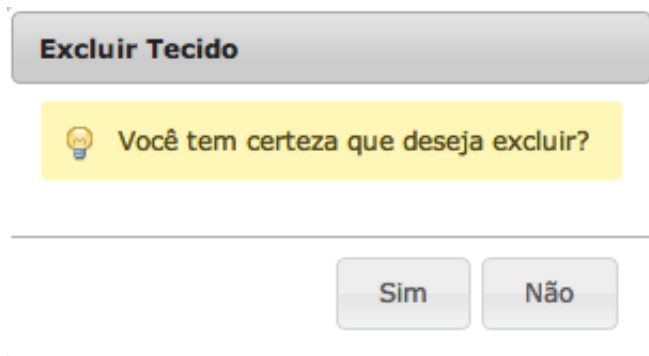
*Descrição **

Caule

Salvar

Voltar

DV52 - Excluir Tecido



Excluir Tecido

 Você tem certeza que deseja excluir?

Sim **Não**

B.12. MANTER TIPOS DE MATERIAL

Descrição

Caso de uso responsável por pesquisar, registrar, editar e excluir tipos de material.

Pré-condições

1. Autenticar no sistema como Administrador ou Professor.
2. Acessar o item de menu: Laboratório > Tipos de Material.

Pós-condições

1. Pesquisar: o sistema deve filtrar os registros de acordo com o termo digitado.
2. Registrar: o sistema deve inserir um novo registro.
3. Editar: o sistema deve salvar os dados alterados.
4. Excluir: o sistema deve excluir o registro.

Ator Primário

Administrador ou Professor

Fluxo de Eventos Principal

1. O ator clica sobre a opção de menu Laboratório > Tipos de Material
2. O sistema exibe a tela **DV21 – Tipos de Material**
3. O ator clica no botão *Registrar Tipo*
 - A1 – Pesquisar**
 - A2 – Editar**
 - A3 – Excluir**
4. O sistema abre a tela **DV22 – Registrar Tipo**
5. O ator preenche o campo da tela
 - A4 – Voltar**
6. O ator clica no botão *Salvar*
 - E1 – Campo obrigatório não preenchido**
 - E2 – Dados Inválidos**
7. O sistema salva as informações e exibe a mensagem, “Registro realizado com sucesso!”
8. O caso de uso é finalizado.

Fluxos Alternativos

A1 – Pesquisar

1. O ator digita um termo de busca no campo de pesquisa.
2. O sistema filtra os resultados de acordo com o termo digitado e exibe os resultados.

A2 – Editar

1. O ator escolhe um registro na lista e clica no ícone *Editar Tipo*
2. O sistema abre a tela **DV23 – Editar Tipo**
3. O ator realiza as alterações

A3 – Voltar

4. O ator clica no botão *Salvar*

E1 – Campo obrigatório não preenchido

E2 – Dados Inválidos

5. O sistema salva as alterações e exibe a mensagem, “Registro atualizado com sucesso!”
6. O sistema retorna para tela **DV21 – Tipos de Material**.

A3 – Excluir

1. O ator escolhe um registro na lista e clica no ícone *Excluir Tipo*
2. O sistema abre a tela **DV46 – Confirmação de Exclusão**
3. O ator clica no botão *Sim*

A5 – O ator clica no botão *Não*

E3 – Registro em uso.

4. O sistema salva as alterações e exibe a mensagem, “Registro excluído com sucesso!”
5. O sistema retorna para tela **DV21 – Tipos de Material**.

A4 – Voltar

1. O sistema retorna para a tela **DV21 – Tipos de Material**.

Fluxos de Exceção

E1 – Campo obrigatório não preenchido

1. O sistema consiste os campos **(R1)**
2. O sistema exibe uma mensagem informando qual campo obrigatório não foi preenchido
3. O caso de uso é reiniciado.

E2 – Dados Inválidos

1. O sistema valida o campo **(R2)**
2. O sistema retorna uma mensagem informando qual campo deve ser alterado
3. O usuário clica no botão *OK*
4. O caso de uso é reiniciado.

E3 – Registro em uso

1. O sistema exibe a mensagem, “O registro está em uso e não pode ser excluído.”
2. O caso de uso é reiniciado.

Regras de Negócio

R1 – Verificar Consistência

1. O campo descrição deve ser preenchido obrigatoriamente.

R2 – Validar Descrição

1. A descrição do tipo deverá ser única, ou seja, não pode estar cadastrada em outro tipo.

Data Views

DV21 – Tipos de Material

Tipos de Material

 Registrar Tipo

Mostrando de 1 a 4 de 4 registros
Pesquisar

ID ▲	Descrição		
1	Ar		
2	Agua		
3	Solo		
4	Terra		

Exibir registros por página

Primeira
<
1
>
Última

DV22 – Registrar Tipo

Registrar Tipo
✕

*Descrição **

Salvar

Voltar

DV23 – Editar Tipo

Editar Tipo
✕

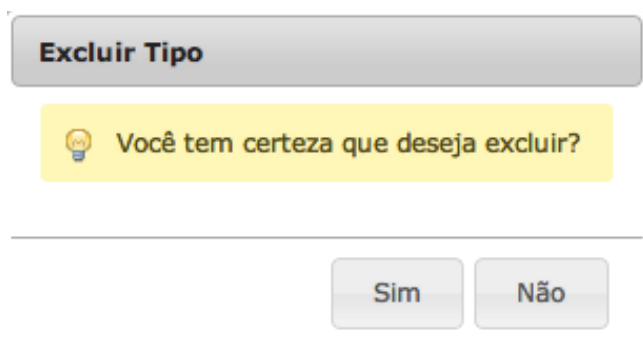
*Descrição **

Ar

Salvar

Voltar

DV46 – Excluir Tipo



Excluir Tipo

💡 Você tem certeza que deseja excluir?

Sim Não

B.13. AVALIAR MATERIAIS BIOLÓGICOS

Descrição

Caso de uso responsável por avaliar materiais biológicos, reprovando ou aprovando.

Pré-condições

1. Autenticar no sistema como Administrador ou Professor.
2. Acessar o item de menu: Materiais Biológicos > Avaliação.

Pós-condições

1. Visualizar: Exibir todas as informações cadastradas do Material.
2. Aprovar: Alterar a situação do Material Biológico para aprovado e um email de aviso é enviado para o Usuário responsável pelo registro do Material.
3. Reprovar: Alterar a situação do Material Biológico para reprovado e um email de aviso é enviado para o Usuário responsável pelo registro do Material.
4. Pesquisar: filtrar os registros de acordo com o termo digitado.

Ator Primário

Administrador ou Professor.

Fluxo de Eventos Principal

1. O ator clica sobre a opção de menu Materiais Biológicos > Avaliação
2. O sistema exibe a tela **DV38 – Avaliar Materiais Biológicos**
3. O ator clica no ícone *Visualizar Material* no material de sua escolha
4. O sistema abre a tela **DV35 – Visualizar Material**
A1 – Pesquisar
5. O ator visualiza as informações do material
6. O ator clica no botão *OK*
7. O sistema retorna para a tela **DV38 – Avaliar Materiais Biológicos**
8. O ator clica no ícone *Aprovar* e a situação do material biológico é alterada para aprovado
A2 – Reprovar
9. O sistema exibe a mensagem, “Avaliação realizada com sucesso! “
10. O caso de uso é encerrado.

Fluxos Alternativos

A1 – Pesquisar

1. O ator digita um termo de busca no campo de pesquisa.
2. O sistema filtra os resultados de acordo com o termo digitado e exibe os resultados.

A2 – Reprovar

1. O ator clica no ícone *Reprovar* e a situação do material biológico é alterada para reprovado.

Fluxos de Exceção

Não se aplica.

Data Views

DV38 – Avaliar Materiais Biológicos

Avaliar Materiais Biológicos

Mostrando de 1 a 2 de 2 registros

Pesquisar

ID ▲	Nome Oficial ⇅	Espécie ⇅	Estado do Material ⇅	⇅	⇅	⇅
2	LGMF1234	ESPECIE 1	DNA			
3	hfj	ESPECIE 1	estado			

Exibir registros por página

Primeira
<
1
>
Última

DV35 – Visualizar Material

Visualizar Material		
<i>Registrado por</i> Felipe	<i>Data de Registro</i> 09/06/2012 19:21:30	<i>Data da Última Alteração</i> 30/06/2012 20:13:47
<i>Espécie</i> ESPECIE 1	<i>Estado do Material</i> estado	<i>Nome Coletor</i> nome
<i>Nome Oficial</i> LGMB12345	<i>Nome Antigo</i> Nome Antigo	<i>Cidade Origem</i> Indefinido
<i>Estado Origem</i> pr	<i>País Origem</i> br	<i>Descrição Origem</i> teste
<i>Latitude Origem</i> 1.3246547	<i>Longitude Origem</i> -8.43425	<i>Localização Geográfica</i> 
<i>Data de Isolamento</i> 03/06/2012	<i>Tipo de Isolamento</i> Organismo	
<i>Nome Popular Hospedeiro</i> de	<i>Espécie Hospedeiro</i> ESPECIE 1	<i>Tecido de Isolamento</i> Raiz
<i>Tipo de Material</i> Indefinido		
<i>Observações Gerais</i> aaa		
<i>Situação</i> Aprovado		

B.14. AVALIAR SEQUÊNCIAS

Descrição

Caso de uso responsável por avaliar sequências de DNA, reprovando ou aprovando.

Pré-condições

1. Autenticar no sistema como Administrador ou Professor.
2. Acessar o item de menu: Sequências de DNA > Avaliação.

Pós-condições

1. Visualizar: Exibir todas as informações cadastradas da Sequência de DNA.
2. Aprovar: Alterar a situação da Sequência para aprovada e um email de aviso é enviado para o Usuário responsável pelo registro da Sequência.
3. Reprovar: Alterar a situação da Sequência para reprovada e um email de aviso é enviado para o Usuário responsável pelo registro da Sequência.
4. Pesquisar: filtrar os registros de acordo com o termo digitado.

Ator Primário

Administrador ou Professor.

Fluxo de Eventos Principal

1. O ator clica sobre a opção de menu Sequências de DNA > Avaliação
2. O sistema exibe a tela **DV43 – Avaliar Sequências de DNA**
3. O ator clica no ícone *Visualizar Sequência* na sequência de sua escolha
4. O sistema abre a tela **DV42 – Visualizar Sequência.**
A1 – Pesquisar
 5. O ator visualiza as informações da sequência
 6. O ator clica no botão OK
 7. O sistema retorna para a tela **DV43 – Avaliar Sequências de DNA**
 8. O ator clica no ícone *Aprovar* e a situação do Sequência de DNA é alterada para aprovada**A2 – Reprovar**
 9. O sistema exibe a mensagem, “Avaliação realizada com sucesso! “
 10. O caso de uso é encerrado.

Fluxos Alternativos

A1 – Pesquisar

1. O ator digita um termo de busca no campo de pesquisa.
2. O sistema filtra os resultados de acordo com o termo digitado e exibe os resultados..

A2 – Reprovar

1. O ator clica no ícone *Reprovar* e a situação da Sequências de DNA é alterada para reprovada.

Fluxos de Exceção

Não se aplica.

Data Views

DV43 – Avaliar Sequências de DNA

Avaliar Sequências de DNA

Mostrando de 1 a 4 de 4 registros				Pesquisar		
ID ▲	Material Biológico ⇅	Código Genbank ⇅	Gene ⇅	👁	✅	❌
1	LGMB12345	2222ssad	gene 1	👁	✅	❌
2	LGMB12345	3223	gene 1	👁	✅	❌
4	LGMB12345	123123	gene 1	👁	✅	❌
7	LGMB12345	dsfsdf	gene 2	👁	✅	❌

Exibir registros por página

Primeira < 1 > Última

B.15. MATERIAIS DO USUÁRIO

Descrição

Caso de uso responsável por pesquisar, registrar, editar, excluir e visualizar materiais biológicos do usuário.

Pré-condições

1. Autenticar no sistema e possuir permissão para tal funcionalidade.
2. Acessar o item de menu: Materiais Biológicos > Materiais do Usuário.

Pós-condições

1. Pesquisar: o sistema deve filtrar os registros de acordo com o termo digitado.
2. Registrar: o sistema deve inserir um novo registro.
3. Editar: o sistema deve salvar os dados alterados.
4. Excluir: o sistema deve excluir o material biológico.

Ator Primário

Todos os usuários.

Fluxo de Eventos Principal

1. O ator clica sobre a opção de menu Materiais Biológicos > Materiais do Usuário
2. O sistema exibe a tela **DV32 – Materiais do Usuário**
3. O ator clica no botão *Registrar Material*
 - A1 – Pesquisar**
 - A2 – Editar**
 - A4 – Visualizar**
 - A3 – Excluir**
 - A5 – Sequências de DNA**
4. O sistema abre a tela **DV33 – Registrar Material**
5. O ator preenche os campos da tela
 - A6 – Voltar**
6. O ator clica no botão *Salvar*
 - E1 – Campo obrigatório não preenchido**
 - E2 – Dados inválidos**
7. O sistema salva as informações e exibe a mensagem, “O Material foi atualizado e enviado para Avaliação.”
8. O caso de uso é finalizado.

Fluxos Alternativos

A1 – Pesquisar

1. O ator digita um termo de busca no campo de pesquisa
2. O sistema filtra os resultados de acordo com o termo digitado e exibe os resultados.

A2 – Editar

1. O ator escolhe um registro na lista e clica no ícone *Editar Material*

2. O sistema abre a tela **DV34 – Editar Material**
3. O ator realiza as alterações
A5 – Voltar
4. O ator clica no botão *Salvar*
E1 – Campo obrigatório não preenchido
E2 – Dados inválidos
5. O sistema salva as alterações e exibe a mensagem, “O Material foi atualizado e enviado para Avaliação.”
6. O sistema retorna para tela **DV32 – Materiais do Usuário.**

A3 – Excluir

1. O ator escolhe um registro na lista e clica no ícone *Excluir Material*
2. O sistema abre a tela **DV51 – Excluir Material**
3. O ator clica no botão *Sim*
A7 – O ator clica no botão Não
E3 – Registro em uso
4. O sistema salva as alterações e exibe a mensagem, “Registro excluído com sucesso!”
5. O sistema retorna para tela **DV32 – Materiais do Usuário.**

A4 – Visualizar

1. O ator escolhe um registro na lista e clica no ícone *Visualizar Material*
2. O sistema abre a tela **DV35 – Visualizar Material**
3. O ator visualiza os dados do material biológico
4. O ator clica no botão *OK*
5. O sistema retorna para a tela **DV32 – Materiais do Usuário.**

A5 – Sequências de DNA

1. O Caso de Uso **B.15 Sequências de DNA** é iniciado.

A6 – Voltar

1. O sistema retorna para a tela **DV32 - Materiais do Usuário.**

A7 – O ator clica no botão Não

1. O sistema retorna para a tela **DV32 – Materiais do Usuário.**

Fluxos de Exceção**E1 – Campo obrigatório não preenchido**

1. O sistema consiste os campos (**R1**)
2. O sistema exibe uma mensagem informando qual campo obrigatório não foi preenchido
3. O caso de uso é reiniciado.

E2 – Dados Inválidos

1. O sistema valida os campos (**R2**)
2. O sistema retorna uma mensagem informando qual campo deve ser corrigido
3. O usuário clica no botão *OK*
4. O caso de uso é reiniciado.

E3 – Registro em uso

1. O sistema exibe a mensagem, “O registro está em uso e não pode ser excluído.”
2. O caso de uso é reiniciado.

Regras de Negócio**R1 – Verificar Consistência**

1. Os campos Taxonomia, Nome Antigo, País Origem, Nome Coletor, Data de Isolamento e Tipo de Isolamento são de preenchimento obrigatório.

R2 – Validar Nome Oficial

1. O nome oficial do material deverá ser único, ou seja, não pode estar cadastrado em outro material biológico.

Data Views**DV32 – Materiais do Usuário****Materiais do Usuário**

Registrar Material

Mostrando de 1 a 1 de 1 registros
Pesquisar

ID ▲	Nome Oficial ⇅	Espécie ⇅	Estado do Material ⇅	Situação ⇅	⇅	⇅	⇅	⇅
1	ads	Espec	DNA	Aguardando Avaliação				

Exibir registros por página

Primeira
<
1
>
Última

DV33 – Registrar Material

Registrar Material ✕

<i>Espécie</i> -- Selecione --	<i>Estado do Material</i> -- Selecione --	<i>Nome Coletor</i>
<i>Nome Oficial</i> ☒ LGMB ☐ LGMF 	<i>Nome Antigo</i> 	<i>Cidade Origem</i>
<i>Estado Origem</i> 	<i>País Origem</i> 	<i>Descrição Origem</i>
<i>Latitude Origem</i> 	<i>Longitude Origem</i> 	<i>Data de Isolamento</i>
<i>Tipo de Isolamento</i> ☒ Organismo ☐ Ambiente		
<i>Observações Gerais</i> 		
Salvar Voltar		

DV34 – Editar Material

Editar Material

<i>Espécie</i> ESPECIE 1	<i>Estado do Material</i> estado	<i>Nome Coletor</i> nome
<i>Nome Oficial</i> ☒ LGMB ☐ LGMF 12345	<i>Nome Antigo</i> Nome Antigo	<i>Data de Isolamento</i> 03/06/2012
<i>Cidade Origem</i> 	<i>Estado Origem</i> pr	<i>País Origem</i> br
<i>Latitude Origem</i> 1.3246547	<i>Longitude Origem</i> -8.43425	<i>Descrição Origem</i> teste
<i>Tipo de Isolamento</i> ☒ Organismo ☐ Ambiente		
<i>Nome Popular Hospedeiro</i> de	<i>Espécie Hospedeiro</i> ESPECIE 1	<i>Tecido de Isolamento</i> Raiz
<i>Observações Gerais</i> aaa		
Salvar Voltar		

DV35 – Visualizar Material

Visualizar Material		
<i>Registrado por</i> Felipe	<i>Data de Registro</i> 09/06/2012 19:21:30	<i>Data da Última Alteração</i> 30/06/2012 20:13:47
<i>Espécie</i> ESPECIE 1	<i>Estado do Material</i> estado	<i>Nome Coletor</i> nome
<i>Nome Oficial</i> LGMB12345	<i>Nome Antigo</i> Nome Antigo	<i>Cidade Origem</i> Indefinido
<i>Estado Origem</i> pr	<i>País Origem</i> br	<i>Descrição Origem</i> teste
<i>Latitude Origem</i> 1.3246547	<i>Longitude Origem</i> -8.43425	<i>Localização Geográfica</i> 
<i>Data de Isolamento</i> 03/06/2012	<i>Tipo de Isolamento</i> Organismo	
<i>Nome Popular Hospedeiro</i> de	<i>Espécie Hospedeiro</i> ESPECIE 1	<i>Tecido de Isolamento</i> Raiz
<i>Tipo de Material</i> Indefinido		
<i>Observações Gerais</i> aaa		
<i>Situação</i> Aprovado		

DV51 - Excluir Material

Excluir Material

 **Você tem certeza que deseja excluir?**

B.16. SEQUÊNCIAS DE DNA

Descrição

Caso de uso responsável por pesquisar, registrar, editar, excluir e visualizar sequências de DNA de um material biológico.

Pré-condições

1. Autenticar no sistema e possuir permissão para tal funcionalidade.
2. Acessar a tela principal do Caso de Uso Materiais do Usuário e clicar no ícone *Sequências de DNA*.

Pós-condições

1. Pesquisar: o sistema deve filtrar os registros de acordo com o termo digitado.
2. Registrar: o sistema deve inserir um novo registro, enviar para avaliação e alterar a situação para Aguardando Avaliação.
3. Editar: o sistema deve salvar os dados alterados, enviar para avaliação e alterar a situação para Aguardando Avaliação
4. Excluir: o sistema deve excluir a sequência de DNA.

Ator Primário

Todos os usuários.

Fluxo de Eventos Principal

1. O sistema exibe a tela **DV39 – Sequências do Material**
2. O ator clica no botão *Registrar Sequência*
 - A1 – Voltar**
 - A2 – Pesquisar**
 - A3 – Editar**
 - A4 – Excluir**
 - A5 – Visualizar**
3. O sistema abre a tela **DV40 – Registrar Sequência**
4. O ator preenche os campos da tela
 - A6 – Voltar**
5. O ator clica no botão *Salvar*.
 - E1 – Campo obrigatório não preenchido**
 - E2 – Dados inválidos**
6. O sistema salva as informações e exibe a mensagem, “A Sequência foi registrada e enviada para Avaliação.”
7. O caso de uso é finalizado.

Fluxos Alternativos

A1 – Voltar

1. O sistema retorna ao Caso de Uso: Materiais do Usuário

A2 – Pesquisar

1. O ator digita um termo de busca no campo de pesquisa
2. O sistema filtra os resultados de acordo com o termo digitado e exibe os resultados.

A3 – Editar

1. O ator escolhe um registro na lista e clica no ícone *Editar Sequência*
2. O sistema abre a tela **DV41 - Editar Sequência**
3. O ator realiza as alterações
 - A6 – Voltar**
4. O ator clica no botão *Salvar*
 - E1 – Campo obrigatório não preenchido**
 - E2 – Dados inválidos**

5. O sistema salva as alterações e exibe a mensagem, “A Sequência foi atualizada e enviada para Avaliação.”
6. O sistema retorna para tela **DV39 – Sequências do Material**.

A4 – Excluir

1. O ator seleciona um registro na lista e clica no ícone *Excluir Sequência*
2. O sistema abre a tela **DV50 – Excluir Sequência**
3. O ator clica no botão *Sim*
A7 – O ator clica no botão Não
E4 – Registro em uso
4. O sistema salva as alterações e exibe a mensagem, “Registro excluído com sucesso!”
5. O sistema retorna para tela **DV39 – Sequências do Material**.

A5 – Visualizar

1. O ator escolhe um registro na lista e clica no ícone *Visualizar Sequência*
2. O sistema abre a tela **DV42 – Visualizar Sequência**
3. O ator visualiza os dados da Sequência de DNA
4. O ator clica no botão *OK*
5. O sistema retorna para a tela **DV39 – Sequências do Material**.

A6 – Voltar

1. O sistema retorna para a tela **DV39 – Sequências do Material**.

A7 – O ator clica no botão Não

1. O sistema retorna para a tela **DV39 – Sequências do Material**.

Fluxos de Exceção

E1 – Campo obrigatório não preenchido

1. O sistema consiste os campos **(R1)**
2. O sistema exibe uma mensagem informando qual campo obrigatório não foi preenchido
3. O caso de uso é reiniciado.

E2 – Dados Inválidos

1. O sistema valida os campos **(R2)**
2. O sistema retorna uma mensagem informando qual campo deve ser corrigido
3. O usuário clica no botão *OK*
4. O caso de uso é reiniciado.

E3 - Limite de cromatogramas excedidos

1. O sistema valida quantos cromatogramas a sequência possui **(R3)**
2. O botão *Escolher Arquivo* é desabilitado.

E4 – Registro em uso

1. O sistema exibe a mensagem, “O registro está em uso e não pode ser excluído.”
2. O caso de uso é reiniciado.

Regras de Negócio

R1 – Verificar Consistência

- Os campos Gene , Primer Forward, Primer Reverse e Sequência Consenso são de preenchimento obrigatório.

R2 – Validar Código Genbank

- O código Genbank da sequência deverá ser único, ou seja, não pode estar cadastrado em outra sequência de DNA.

R3 – Validar número de Cromatogramas

- Cada sequência de DNA poderá ter somente dez cromatogramas cadastrados.

Data Views

DV39 – Sequências do Material

LGMB12345 - Sequências de DNA

 Registrar Sequência
 Voltar

Mostrando de 1 a 6 de 6 registros
Pesquisar

ID ▲	Material Biológico ▾	Código Genbank ▾	Gene ▾	Situação ▾		
1	LGMB12345	2222ssad	gene 1	Aguardando Avaliação		
2	LGMB12345	3223	gene 1	Aguardando Avaliação		
4	LGMB12345	123123	gene 1	Aguardando Avaliação		
5	LGMB12345	dddd	gene 2	Aprovado		
6	LGMB12345	ssddsffsd	gene 2	Aprovado		
7	LGMB12345	dsfsdf	gene 2	Aguardando Avaliação		

Exibir registros por página

Primeira
<
1
>
Última

DV40 – Registrar Sequência

Registrar Sequência

Material Biológico
LGMB12345

Código Genbank

Gene
-- Selecione --

Primer Forward
-- Selecione --

Primer Reverse
-- Selecione --

Sequência Consenso

Observações Gerais

Cromatogramas

[Selecionar arquivo...](#)

É possível enviar até 10 arquivos por vez.

Salvar

Voltar

DV41 – Editar Sequência

Editar Sequência

Material Biológico
LGMB12345

Código Genbank

Gene
gene 2

Primer Forward
GTCA

Primer Reverse
Teste

Sequência Consenso

Observações Gerais

Cromatogramas

[Selecionar arquivo...](#)

Mostrando de 0 a 0 de 0 registros

Pesquisar

ID	Arquivo
Não foram localizados registros	

Exibir registros por página

Primeira

<

>

Última

Salvar

Voltar

Pré-condições

1. Autenticar no sistema e possuir permissão para tal funcionalidade.
2. Acessar o item de menu: Materiais Biológicos > Pesquisar

Pós-condições

1. Pesquisa Avançada: o sistema deve filtrar os registros de acordo com os filtros preenchidos.
2. Pesquisar: o sistema deve filtrar os registros de acordo com o termo digitado.
3. Editar: o sistema deve salvar os dados alterados.
4. Visualizar: o sistema deve exibir os dados do material biológico.
5. Sequências de DNA: o Caso de Uso Sequências de DNA é iniciado.

Ator Primário

Administrador, Professor, Pesquisador II e Pesquisador III.

Fluxo de Eventos Principal

1. O ator clica sobre a opção de menu Materiais Biológicos > Pesquisar
2. O sistema exibe a tela **DV36 – Pesquisar Materiais Biológicos**
3. O ator clica no botão *Pesquisa Avançada*
 - A1 – Pesquisar**
 - A2 – Editar**
 - A3 – Visualizar**
 - A4 – Sequências de DNA**
4. O sistema abre a tela **DV37 – Pesquisa Avançada**
5. O ator preenche os campos da tela
 - A5 – Voltar**
6. O ator clica no botão *Pesquisar*
 - A6 – Campos não preenchidos**
7. O sistema volta para a tela **DV36 – Pesquisar Materiais Biológicos**, sendo listados somente os Materiais Biológicos resultantes da pesquisa.

Fluxos Alternativos

A1 – Pesquisar

O ator digita um termo de busca no campo de pesquisa

O sistema filtra os resultados de acordo com o termo digitado e exibe os resultados.

A2 – Editar

1. O ator escolhe um registro na lista e clica no ícone *Editar Material*
2. O sistema abre a tela **DV34 – Editar Material**
3. O ator realiza as alterações
 - A5 – Voltar**
4. O ator clica no botão *Salvar*
 - E1 – Campo obrigatório não preenchido**
 - E2 – Dados inválidos**
5. O sistema salva as alterações e exibe a mensagem, “O Material foi atualizado e enviado para Avaliação.”
6. O sistema retorna para tela **DV36 – Pesquisar Materiais Biológicos**.

A3 – Visualizar

1. O ator escolhe um registro na lista e clica no ícone *Visualizar Material*
2. O sistema abre a tela **DV35 – Visualizar Material**
3. O ator visualiza os dados do material biológico
4. O ator clica no botão *OK*.
5. O sistema retorna para a tela **DV36 – Pesquisar Materiais Biológicos**.

A4 – Sequências de DNA

1. O Caso de Uso **B.15 Sequências de DNA** é iniciado.

A5 – Voltar

1. O sistema retorna para a tela **DV36 – Pesquisar Materiais Biológicos**.

A6 – Campos não preenchidos

1. O sistema retorna para a tela **DV36 – Pesquisar Materiais Biológicos**, listando todos os materiais biológicos cadastrados.

Fluxos de Exceção**E1 – Campo obrigatório não preenchido**

1. O sistema consiste os campos (**R1**)
2. O sistema exibe uma mensagem informando qual campo obrigatório não foi preenchido
3. O caso de uso é reiniciado.

E2 – Dados Inválidos

1. O sistema valida os campos (**R2**)
2. O sistema retorna uma mensagem informando qual campo deve ser corrigido
3. O usuário clica no botão *OK*
4. O caso de uso é reiniciado.

Regras de Negócio**R1 – Verificar Consistência**

1. Os campos Taxonomia, Nome Antigo, País Origem, Nome Coletor, Data de Isolamento e Tipo de Isolamento são de preenchimento obrigatório.

R2 – Validar Nome Oficial

1. O nome oficial do material deverá ser único, ou seja, não pode estar cadastrado em outro material biológico.

Data Views

DV32 – Materiais do Usuário

Materiais do Usuário

 Registrar Material

Mostrando de 1 a 1 de 1 registros Pesquisar

ID ▲	Nome Oficial ▼	Espécie ▼	Estado do Material ▼	Situação ▼				
1	ads	Espec	DNA	Aguardando Avaliação				

Exibir 10 registros por página

Primeira < 1 > Última

DV33 – Registrar Material

Registrar Material

Espécie

-- Selecione --

Estado do Material

-- Selecione --

Nome Coletor

Nome Oficial ☐ LGMB ☐ LGMF

Nome Antigo

Data de Isolamento

* Se não souber dia ou mês informe 01/Jan

Cidade Origem

Estado Origem

País Origem

Latitude Origem

Longitude Origem

Descrição Origem

Tipo de Isolamento

☒ Organismo ☐ Ambiente

Observações Gerais

Salvar

Voltar

DV34 – Editar Material

Editar Material

<i>Espécie</i> ESPECIE 1	<i>Estado do Material</i> estado	<i>Nome Coletor</i> nome
<i>Nome Oficial</i> ☒ LGMB ☐ LGMF 12345	<i>Nome Antigo</i> Nome Antigo	<i>Data de Isolamento</i> 03/06/2012
<i>Cidade Origem</i> 	<i>Estado Origem</i> pr	<i>País Origem</i> br
<i>Latitude Origem</i> 1.3246547	<i>Longitude Origem</i> -8.43425	<i>Descrição Origem</i> teste
<i>Tipo de Isolamento</i> ☒ Organismo ☐ Ambiente		
<i>Nome Popular Hospedeiro</i> de	<i>Espécie Hospedeiro</i> ESPECIE 1	<i>Tecido de Isolamento</i> Raiz
<i>Observações Gerais</i> aaa		

Salvar

Voltar

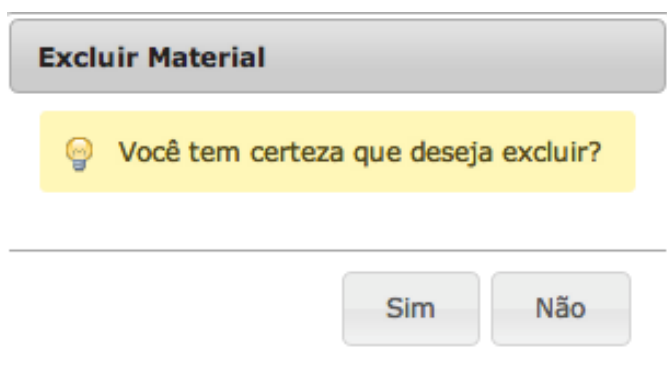
DV35 – Visualizar Material

Visualizar Material

<i>Registrado por</i> Felipe	<i>Data de Registro</i> 09/06/2012 19:21:30	<i>Data da Última Alteração</i> 30/06/2012 20:13:47
<i>Espécie</i> ESPECIE 1	<i>Estado do Material</i> estado	<i>Nome Coletor</i> nome
<i>Nome Oficial</i> LGMB12345	<i>Nome Antigo</i> Nome Antigo	<i>Cidade Origem</i> Indefinido
<i>Estado Origem</i> pr	<i>País Origem</i> br	<i>Descrição Origem</i> teste
<i>Latitude Origem</i> 1.3246547	<i>Longitude Origem</i> -8.43425	<i>Localização Geográfica</i> Google maps
<i>Data de Isolamento</i> 03/06/2012	<i>Tipo de Isolamento</i> Organismo	
<i>Nome Popular Hospedeiro</i> de	<i>Espécie Hospedeiro</i> ESPECIE 1	<i>Tecido de Isolamento</i> Raiz
<i>Tipo de Material</i> Indefinido		
<i>Observações Gerais</i> aaa		
<i>Situação</i> Aprovado		

OK

DV51 - Excluir Material



Excluir Material

💡 Você tem certeza que deseja excluir?

Sim Não

B.18. PESQUISAR SEQUÊNCIAS DE DNA

Descrição

Caso de uso responsável por exibir todas as sequências de DNA aprovadas de todos usuários do sistema de acordo com o filtro selecionado.

Pré-condições

1. Autenticar no sistema e possuir permissão para tal funcionalidade.
2. Acessar o item de menu: Sequências de DNA > Pesquisar

Pós-condições

1. Pesquisa Avançada: o sistema deve filtrar os registros de acordo com os filtros preenchidos.
2. Pesquisar: o sistema deve filtrar os registros de acordo com o termo digitado.
3. Editar: o sistema deve salvar os dados alterados.
4. Visualizar: o sistema deve exibir os dados do material biológico.
5. Relatório: o sistema deve gerar um arquivo .fasta com as informações da(s) sequência(s) selecionada(s).

Ator Primário

Administrador, Professor, Pesquisador II e Pesquisador III.

Fluxo de Eventos Principal

1. O ator clica sobre a opção de menu Sequências de DNA > Pesquisar
2. O sistema exibe a tela **DV44 – Pesquisar Sequências de DNA**
3. O ator clica no botão *Pesquisa Avançada*
 - A1 – Pesquisar**
 - A2 – Editar**
 - A3 – Visualizar**
 - A4 – Relatório**
4. O sistema abre a tela **DV45 – Pesquisa Avançada**
5. O ator preenche os campos da tela
 - A5 – Voltar**

6. O ator clica no botão *Pesquisar*
A6 – Campos não preenchidos
7. O sistema volta para a tela **DV44 – Pesquisar Sequências de DNA**, sendo listados somente as Sequências de DNA resultantes da pesquisa.

Fluxos Alternativos

A1 – Pesquisar

1. O ator digita um termo de busca no campo de pesquisa
2. O sistema filtra os resultados de acordo com o termo digitado e exibe os resultados.

A3 – Editar

1. O ator escolhe um registro na lista e clica no ícone *Editar Sequência*
2. O sistema abre a tela **DV41 - Editar Sequência**
3. O ator realiza as alterações
A5 – Voltar
A7 – Registrar Cromatograma
A8 – Download Cromatograma
A9 – Excluir Cromatograma
4. O ator clica no botão *Salvar*
E1 – Campo obrigatório não preenchido
E2 – Dados inválidos
5. O sistema salva as alterações e exibe a mensagem, “A Sequência foi atualizada e enviada para Avaliação.”
6. O sistema retorna para tela **DV44 – Pesquisar Sequências de DNA**.

A3 – Visualizar

1. O ator escolhe um registro na lista e clica no ícone *Visualizar Sequência*
2. O sistema abre a tela **DV42 – Visualizar Sequência**
3. O ator visualiza os dados da Sequência de DNA
4. O ator clica no botão *OK*
A8 – Download Cromatograma
5. O sistema retorna para a tela **DV44 – Pesquisar Sequências de DNA**

A4 – Relatório

1. O ator seleciona uma ou mais sequências de DNA
E4 – Nenhuma sequência selecionada
2. O ator clica no botão Relatório
3. O ator escolhe o diretório no seu computador para o relatório ser salvo
4. O relatório é salvo no diretório selecionado
5. O caso de uso é finalizado.

A5 – Voltar

1. O sistema retorna para a tela **DV44 – Pesquisar Sequências de DNA**.

A6 – Campos não preenchidos

1. O sistema retorna para a tela **DV44 – Pesquisar Sequências de DNA**, listando todas as sequências de DNA cadastradas.

A7 – Registrar Cromatograma

1. O ator clica no botão *Escolher Arquivo*

E3 – Limite de arquivos excedido

2. O ator escolhe o arquivo do seu computador
3. O ator clica no botão *Salvar*

A5 – Voltar

4. O sistema salva as alterações e exibe a mensagem, “A Sequência foi atualizada e enviada para Avaliação.”
5. O sistema retorna para tela **DV44 – Pesquisar Sequências de DNA.**

A8 – Download Cromatograma

1. O ator escolhe um cromatograma e clica no ícone *Download*
2. O ator escolhe o diretório no seu computador para o cromatograma ser salvo
3. O cromatograma é salvo no diretório selecionado
4. O caso de uso é finalizado.

A9 – Excluir Cromatograma

1. O ator clica no ícone *Excluir Cromatograma*
2. O sistema abre a tela **DV46 – Excluir Cromatograma**
3. O usuário clica no botão *Sim*

A10 - O usuário clica no botão Não

6. O sistema exibe a mensagem “Registro excluído com sucesso!”
7. O caso de uso é finalizado

A10 - O usuário clica no botão Não

1. O sistema retorna para tela **DV44 – Pesquisar Sequências de DNA.**

Fluxos de Exceção**E1 – Campo obrigatório não preenchido**

1. O sistema consiste os campos **(R1)**
2. O sistema exibe uma mensagem informando qual campo obrigatório não foi preenchido
3. O caso de uso é reiniciado.

E2 – Dados Inválidos

1. O sistema valida os campos **(R2)**
2. O sistema retorna uma mensagem informando qual campo deve ser corrigido
3. O usuário clica no botão *OK*
4. O caso de uso é reiniciado.

E3 – Limite de cromatogramas excedidos

3. O sistema valida quantos cromatogramas a sequência possui **(R3)**
4. O botão *Escolher Arquivo* é desabilitado.

E4 – Nenhuma sequência selecionada

1. O sistema verifica que nenhuma sequência foi selecionada **(R4)**
2. O sistema exibe a mensagem “Selecione uma ou mais Sequências de DNA para gerar o Relatório.”

Regras de Negócio

R1 – Verificar Consistência

- Os campos Gene, Primer Forward, Primer Reverse e Sequência Consenso são de preenchimento obrigatório.

R2 – Validar Código Genbank

- O código Genbank da sequência deverá ser único, ou seja, não pode estar cadastrado em outra sequência de DNA.

R3 – Validar número de Cromatogramas

- Cada sequência de DNA poderá ter somente dez cromatogramas cadastrados.

R4 – Validar número de sequências selecionadas

- Para gerar o relatório uma ou mais sequências de DNA deve ter sido selecionada.

Data Views

DV44 – Pesquisar Sequências de DNA

Pesquisar Sequências de DNA

Pesquisa Avançada

Relatório

Mostrando de 1 a 3 de 3 registros
Pesquisar

▲	ID ▼	Material Biológico ▼	Código Genbank ▼	Gene ▼	▼	▼
☐	3	LGMF1234	123	gene 2		
☐	5	LGMB12345	dddd	gene 2		
☐	6	LGMB12345	ssddsffsd	gene 2		

Exibir registros por página

Primeira
<
1
>
Última

DV46 – Excluir Cromatograma

Excluir Cromatograma

 Você tem certeza que deseja excluir?

APÊNDICE C - TABELA DE REFERÊNCIA PARA A CLASSIFICAÇÃO DOS ATORES

Complexidade	Descrição	Peso
Simple	Muito poucas entidades de banco de dados envolvidas, regras de negócio simples e outro sistema acessado por API de programação.	1
Médio	Poucas entidades de banco de dados envolvidas, algumas regras de negócio complexas e outro sistema interagindo por protocolo de comunicação.	2
Complexo	Regras de negócio complexas, muitas entidades de banco de dados presentes e usuário interagindo com interface gráfica.	3

APÊNDICE D - TABELA DE REFERÊNCIA PARA A CLASSIFICAÇÃO DOS CASOS DE USO

Complexidade	Descrição	Peso
Simple	Considerar até 3 transações com menos de 5 classes de análise.	1
Médio	Considerar de 4 a 7 transações com 5 a 10 classes de análise.	2
Complexo	Considerar a partir de 7 transações com pelo menos 10 classes de análise.	3

APÊNDICE E - TABELA DE REFERÊNCIA PARA CALCULAR FATOR DE COMPLEXIDADE TÉCNICA

Requisito	Peso
Sistemas Distribuídos	2,0
Desempenho da Aplicação	1,0
Eficiência do Usuário Final	1,0
Processamento Interno Complexo	1,0
Reusabilidade do Código	1,0
Facilidade de Instalação	0,5
Usabilidade	0,5
Portabilidade	2,0
Manutenabilidade	1,0
Concorrência	1,0
Características Especiais de Segurança	1,0
Acesso Direto Para Terceiros	1,0
Facilidades Especiais de Treinamento	1,0

APÊNDICE F - TABELA DE REFERÊNCIA PARA CALCULAR O FATOR DE COMPLEXIDADE AMBIENTAL

	Descrição	Peso
F1	Familiaridade com o Processo de Desenvolvimento de Software	1,5
F2	Experiência na Aplicação	0,5
F3	Experiência com OO, na Linguagem e na Técnica de Desenvolvimento	1,0
F4	Capacidade do Líder de Análise	0,5
F5	Motivação	1,0
F6	Requisitos Estáveis	2,0
F7	Trabalhadores com Dedicação Parcial	-1,0
F8	Dificuldade na Linguagem de Programação	-1,0

APÊNDICE G - TABELA IMPACTO X PROBABILIDADE DO PLANO DE RISCO

		Impacto				
		Muito baixo	Baixo	Moderado	Alto	Muito alto
Probabilidade	Muito Alto	5	6	7	8	9
	Alto	4	5	6	7	8
	Moderado	3	4	5	6	7
	Baixo	2	3	4	5	6
	Muito baixo	1	2	3	4	5

APÊNDICE H – CASOS DE TESTE

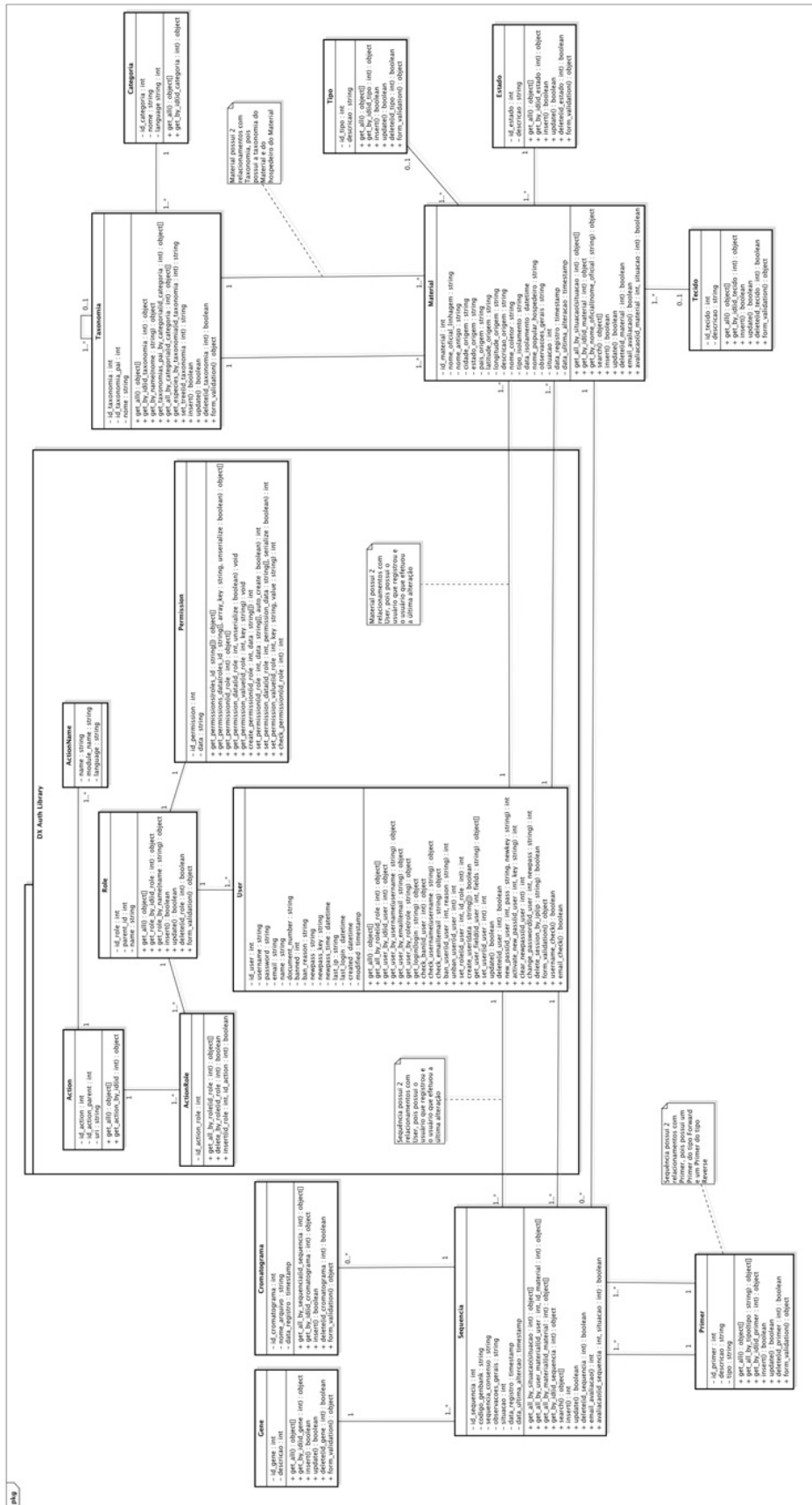
Caso de teste	Pré-condição	Descrição	Procedimento	Resultado esperado	Resultado obtido	Resultado final
CT.1 - Logins (grupos de permissão)	X	Logar com todos os tipos de perfis.	Verificar se as funcionalidades do perfil logado condiz com seu grupo de permissões.	Acessar apenas as funcionalidades permitidas, não exibir os menus que não tem acesso e exibir mensagens quando não puder realizar alguma operação.	O sistema se comportou conforme esperado.	Aprovado.
CT.2 – Permissões	Acessar como administrador do sistema.	Selecionar um grupo e marcar as ações que aquele grupo terá permissão.	Verificar se o grupo terá as permissões dos itens selecionados. Tentar acessar opções que o grupo não possui permissão.	O grupo deve ter acesso apenas às funcionalidades selecionadas. O sistema não poderá exibir menus que o grupo não tenha acesso. Para as funcionalidades restritas, mostrar mensagem informando que o usuário não possui acesso.	O sistema se comportou conforme esperado.	Aprovado.
Caso de teste	Pré-condição	Descrição	Procedimento	Resultado esperado	Resultado obtido	Resultado final
CT.3 – Cadastros	Estar logado.	Realizar um cadastro de cada item do sistema.	Verificar se os dados foram registrados corretamente. Validar o	Os dados devem estar armazenados no banco de dados. Mensagens informando os campos de	O sistema se comportou conforme esperado.	Aprovado.

			preenchimento de campos obrigatórios, verificar comportamento do sistema ao inserir caracteres inválidos.	preenchimento obrigatórios e dados digitados incorretamente.		
CT.4 - Redefinir Senha	Acessar como administrador do sistema.	Em usuários, selecionar o(s) usuário(s) clicar em Redefinir Senha.	Verificar se o sistema emitiu mensagem e enviou e-mail com instruções e nova senha.	O usuário deve receber e-mail com link para ativar chave, com nova senha gerada automaticamente e conseguir se logar realizando o procedimento descrito no e-mail.	O sistema apresentou falha ao logar com a nova senha enviada por e-mail.	Encaminhado para correção.
CT. 4.1 – Re-teste: Redefinir Senha	Acessar como administrador do sistema.	Clicar em redefinir senha.	Seguir instruções enviadas por e-mail.	Logar com a nova senha.	O usuário acessou com nova senha.	Corrigido.

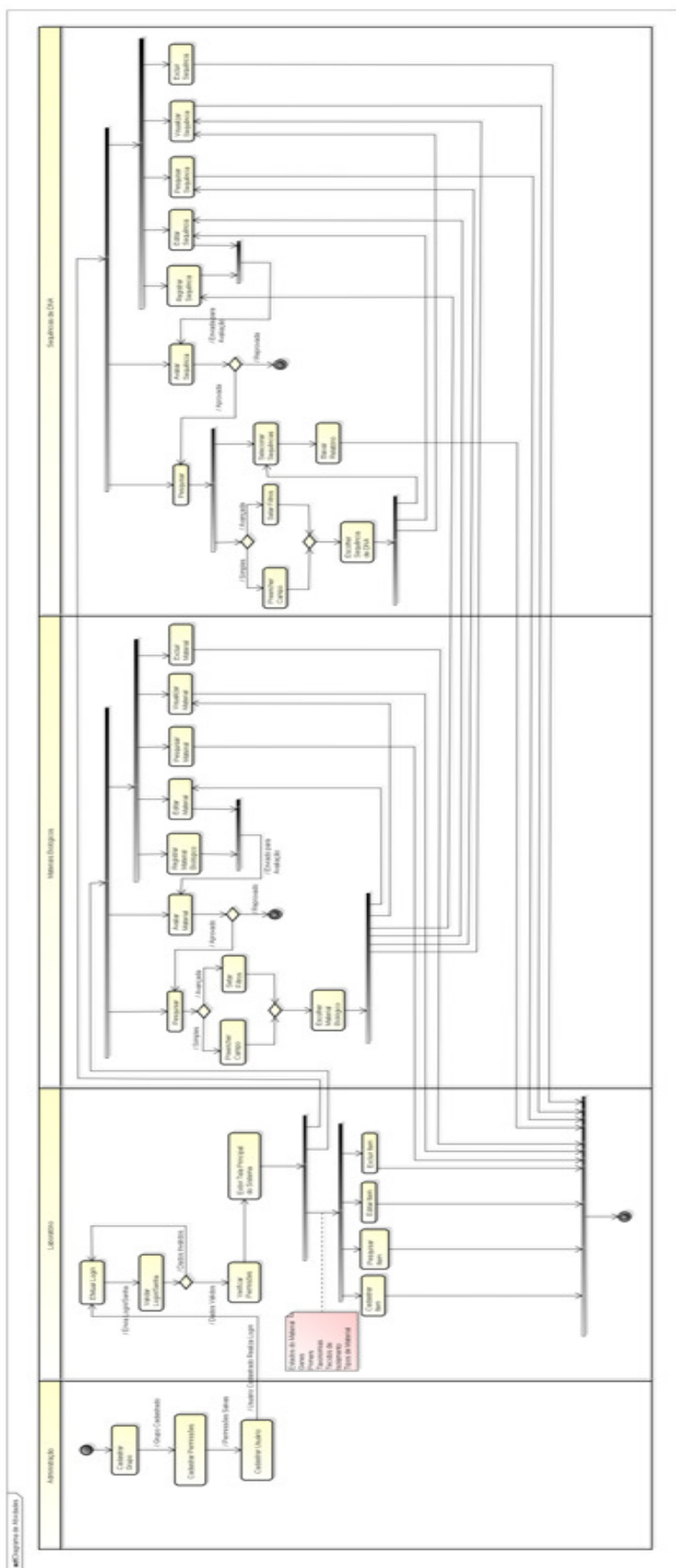
Caso de teste	Pré-condição	Descrição	Procedimento	Resultado esperado	Resultado obtido	Resultado final
CT. 5 - Edição	Ter realizado um cadastro de cada item do sistema.	Alterar os dados dos cadastros.	Verificar se os dados foram registrados corretamente.	Os dados devem estar atualizados no banco de dados.	O sistema se comportou conforme esperado.	Aprovado.
CT. 6 - Pesquisa Avançada	Possuir dados cadastrados.	Pesquisar dados de acordo com os dados preenchidos.	Verificar se os resultados exibidos conferem com o filtro.	O sistema deve exibir apenas os resultados que respeite as condições.	O sistema se comportou conforme esperado.	Aprovado.
CT. 7 - Pesquisa Simples	Possuir dados cadastrados.	O termo de busca no campo Pesquisar.	Verificar se o sistema lista resultados, conforme o que é digitado.	O sistema deve exibir os resultados de acordo com o termo digitado.	O sistema se comportou conforme esperado.	Aprovado.
CT. 8 - Registrar Sequência de DNA	Cadastrar uma de Sequência de DNA.	Ter material biológico cadastrado.	Em materiais do usuário, inserir os dados da sequência.	O sistema deve exibir a sequência de DNA com o status inicial Aguardando Avaliação.	O sistema se comportou conforme esperado.	Aprovado.

Caso de teste	Pré-condição	Descrição	Procedimento	Resultado esperado	Resultado obtido	Resultado final
CT. 9 - Avaliar Sequências de DNA	Logar com perfil de administrador, professor ou pesquisador III. Ter cadastrado uma sequência de DNA.	Em avaliação de sequência de DNA, clicar no ícone Aprovar ou Reprovar.	Verificar se o sistema exibe mensagem se foi ou não realizada a operação, a sequência não deverá aparecer na listagem com status aguardando avaliação.	O sistema deve exibir a mensagem de avaliado com sucesso, se for aprovada a sequência deverá aparecer em Pesquisar Sequências, se for reprovada aparecerá em Sequências do Usuário com status reprovado, o status deverá ser alterado conforme operação escolhida.	O sistema se comportou conforme esperado.	Aprovado.
CT. 10 - Inserir Cromatograma	Ter cadastrado uma sequência de DNA.	Em registrar sequência, inserir arquivo Cromatograma.	Verificar se o sistema aceita qualquer extensão de arquivo e se permite excluí-lo.	O sistema deve armazenar ou excluir o arquivo.	O sistema se comportou conforme esperado.	Aprovado.
CT. 11 - Avaliar Materiais Biológicos	Logar com perfil de administrador, professor ou pesquisador III. Ter Materiais cadastrados aguardando avaliação.	Em avaliação de Materiais Biológicos, clicar no ícone Aprovar ou Reprovar.	Verificar se o sistema exibe mensagem se foi ou não realizada a operação, o material não poderá aparecer na listagem com status aguardando avaliação.	O sistema deve exibir a mensagem de avaliado com sucesso, se for aprovado, o material deverá aparecer em Pesquisar Materiais Biológicos, se for reprovado aparecerá em Materiais do Usuário com status reprovado, o status deverá ser alterado conforme operação escolhida.	O sistema se comportou conforme esperado.	Aprovado.

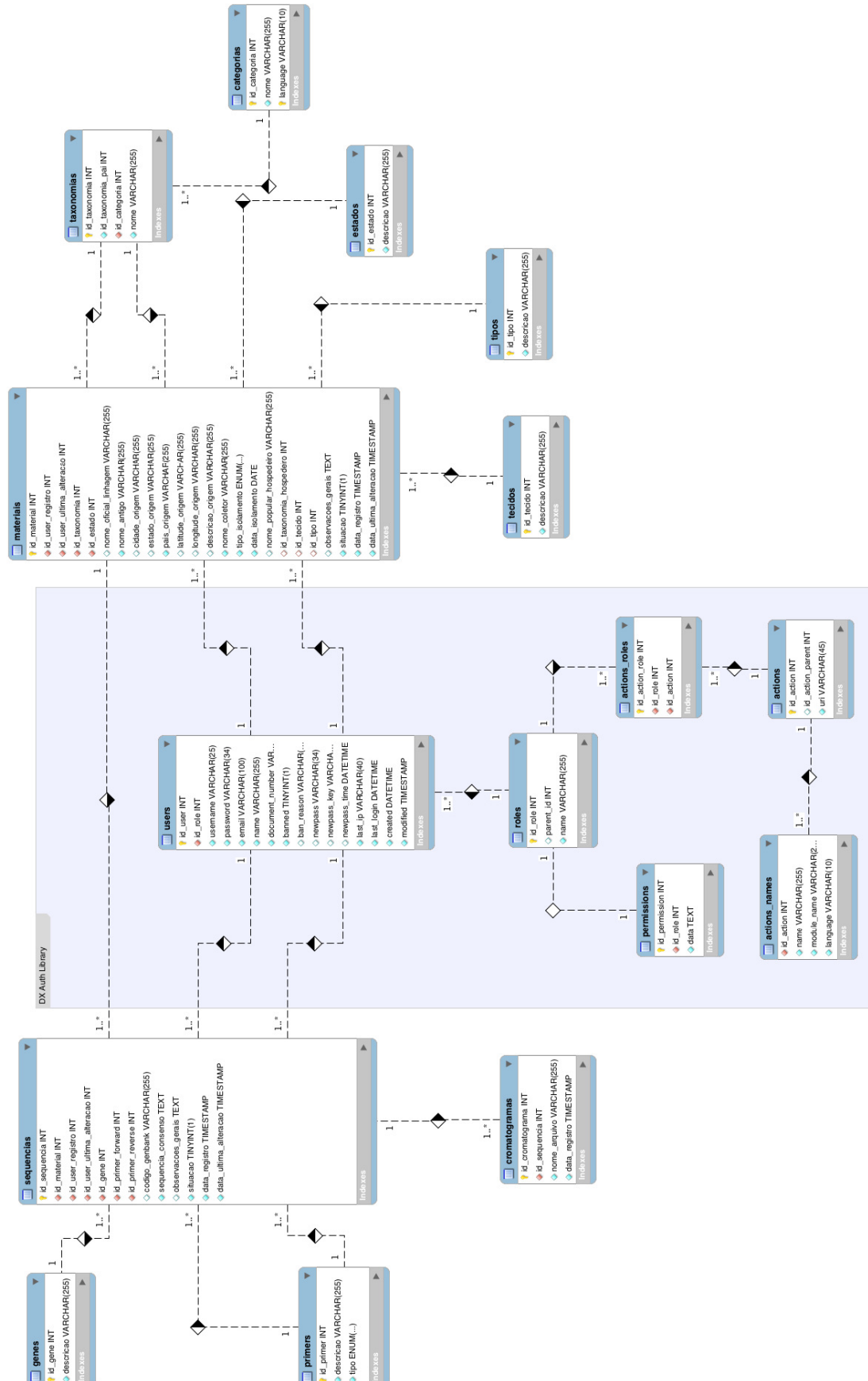
APÊNDICE I – DIAGRAMA DE CLASSES



APÊNDICE J – DIAGRAMA DE ATIVIDADES

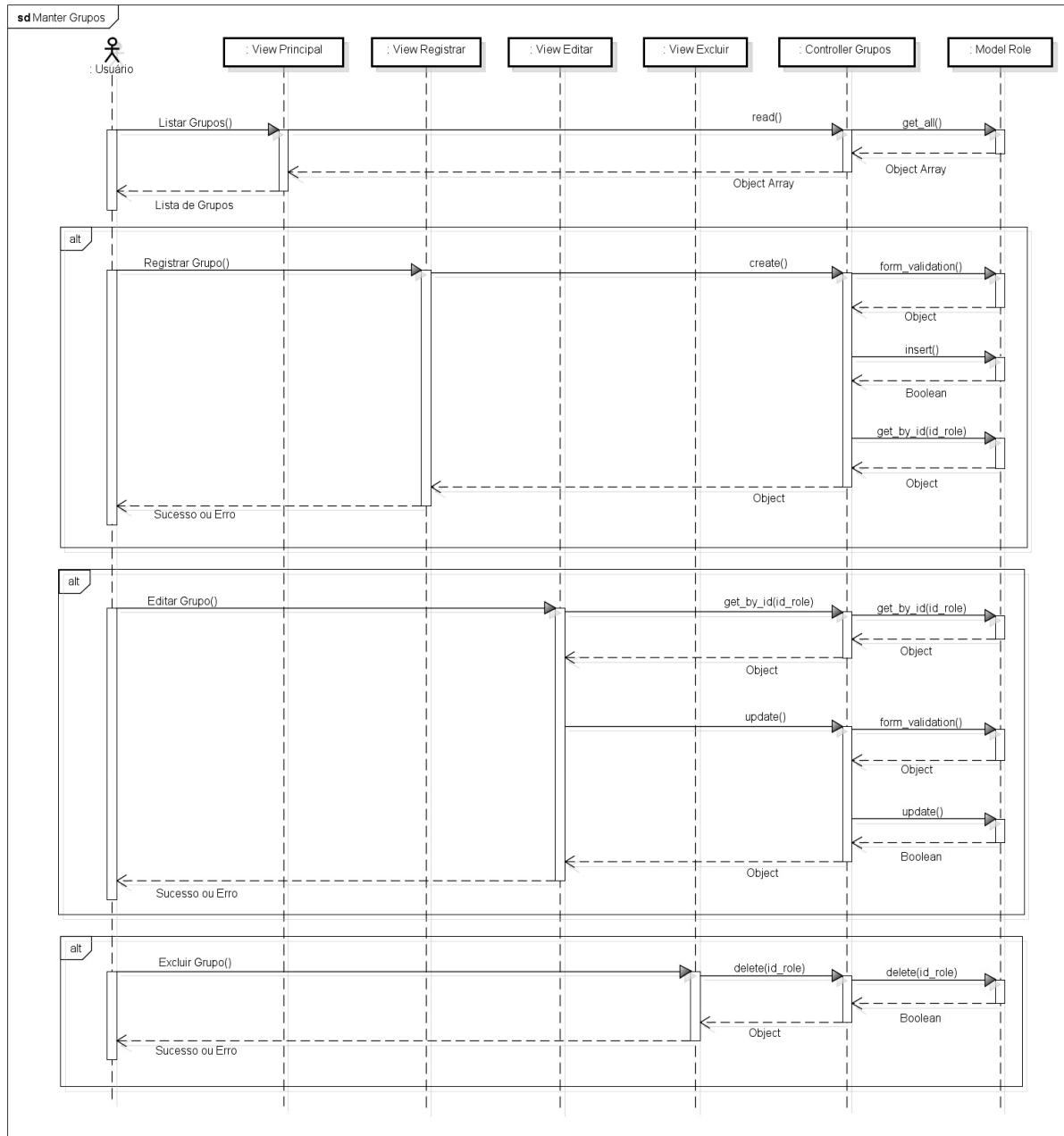


APÊNDICE K – DIAGRAMA DE ENTIDADE E RELACIONAMENTO

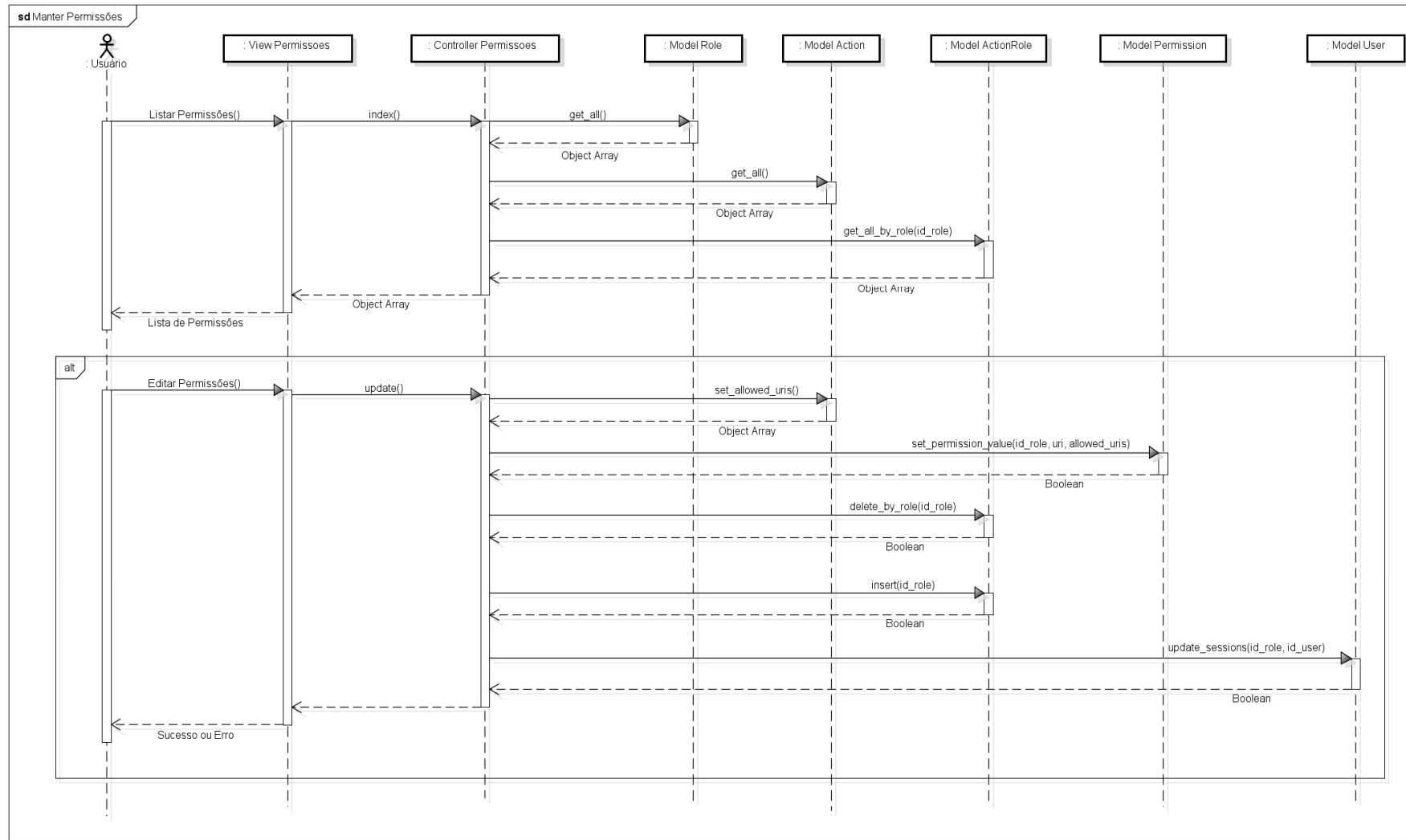


APÊNDICE L – DIAGRAMA DE SEQUÊNCIA

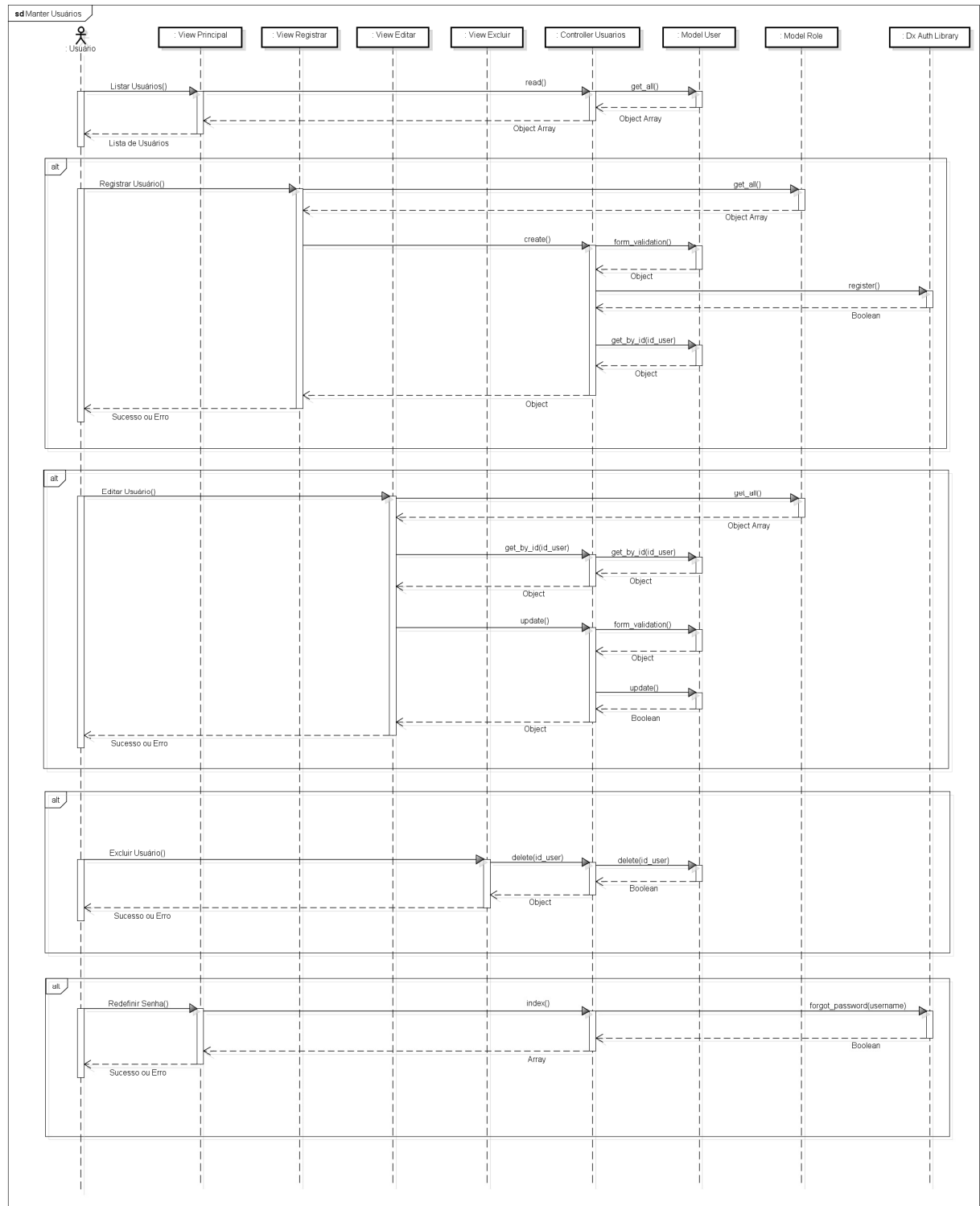
L.1. MANTER GRUPOS



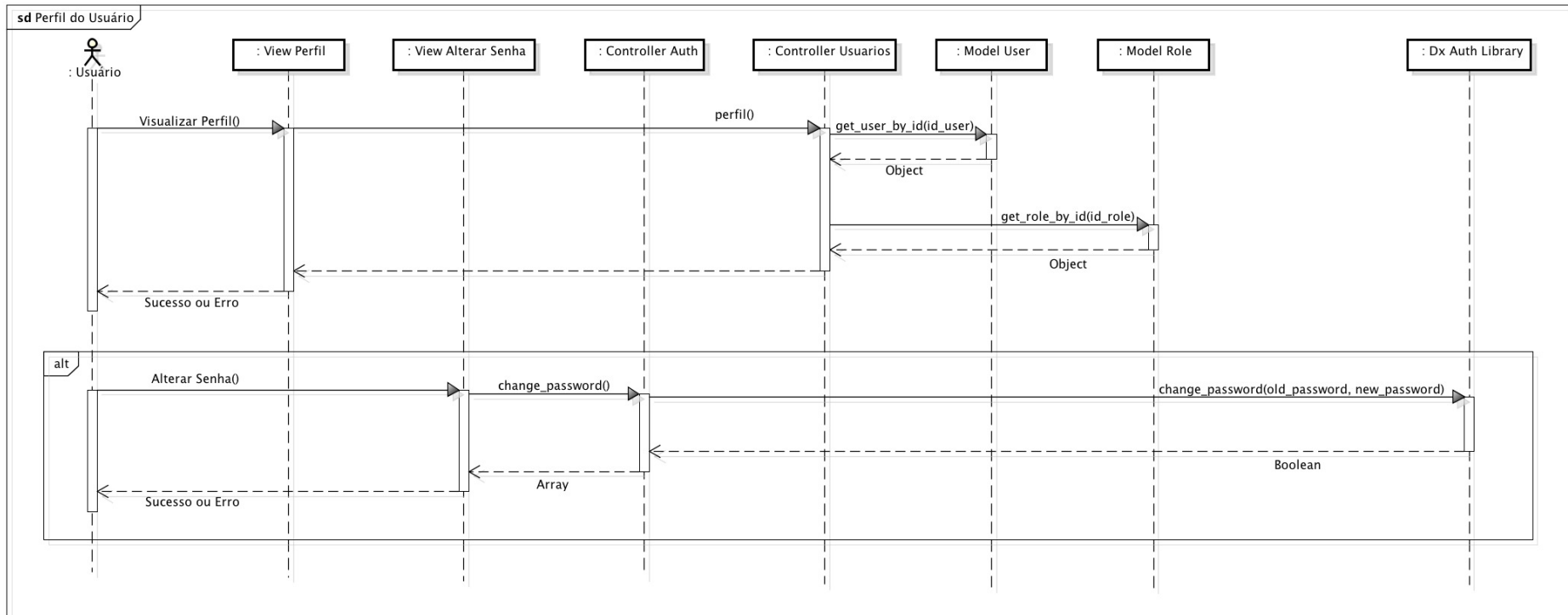
L.2. MANTER PERMISSÕES



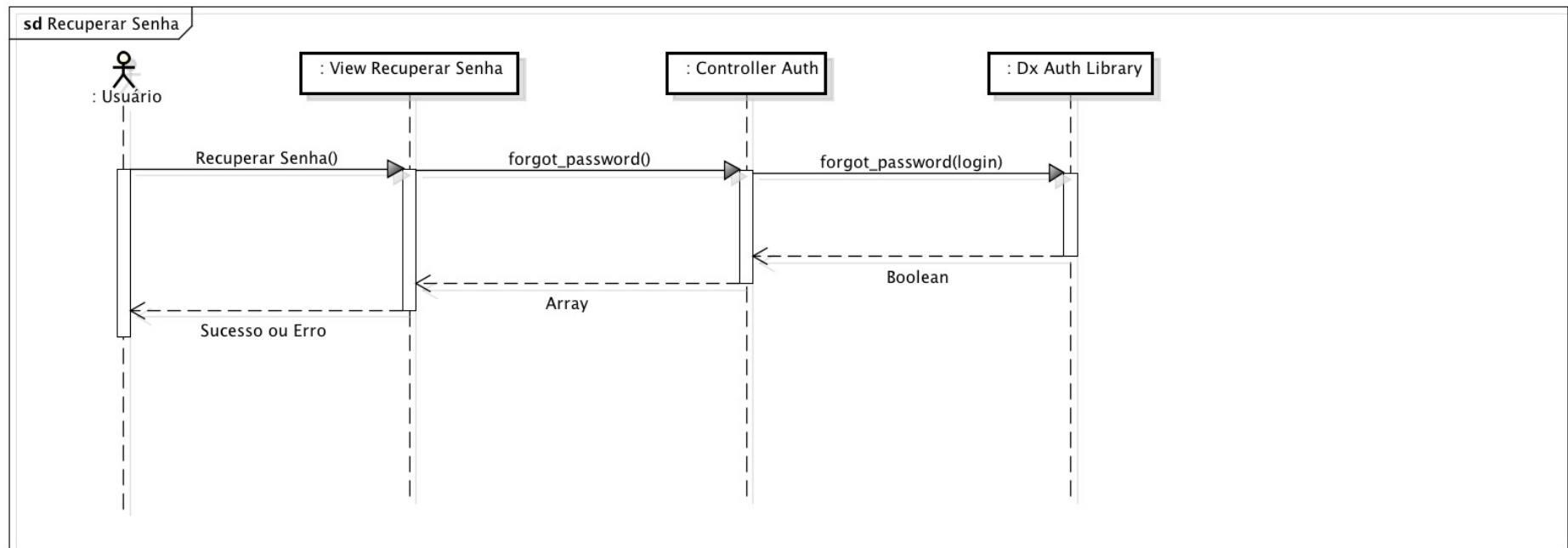
L.3. MANTER USUÁRIOS



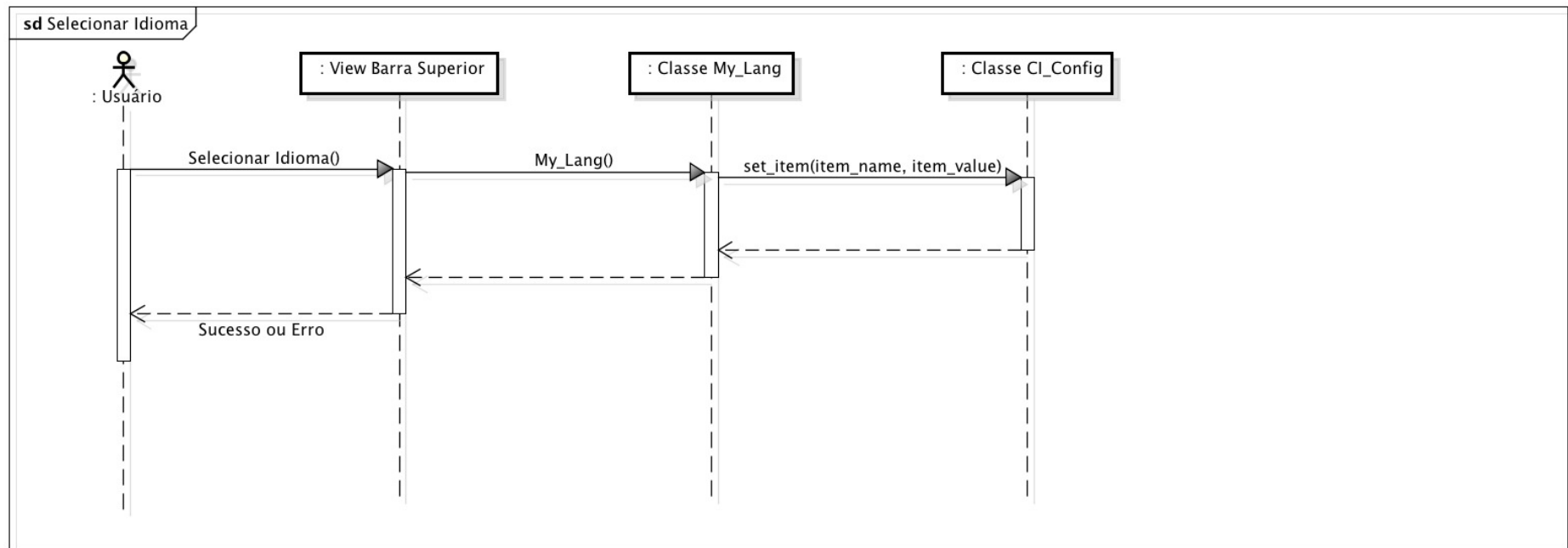
L.4. PERFIL DO USUÁRIO



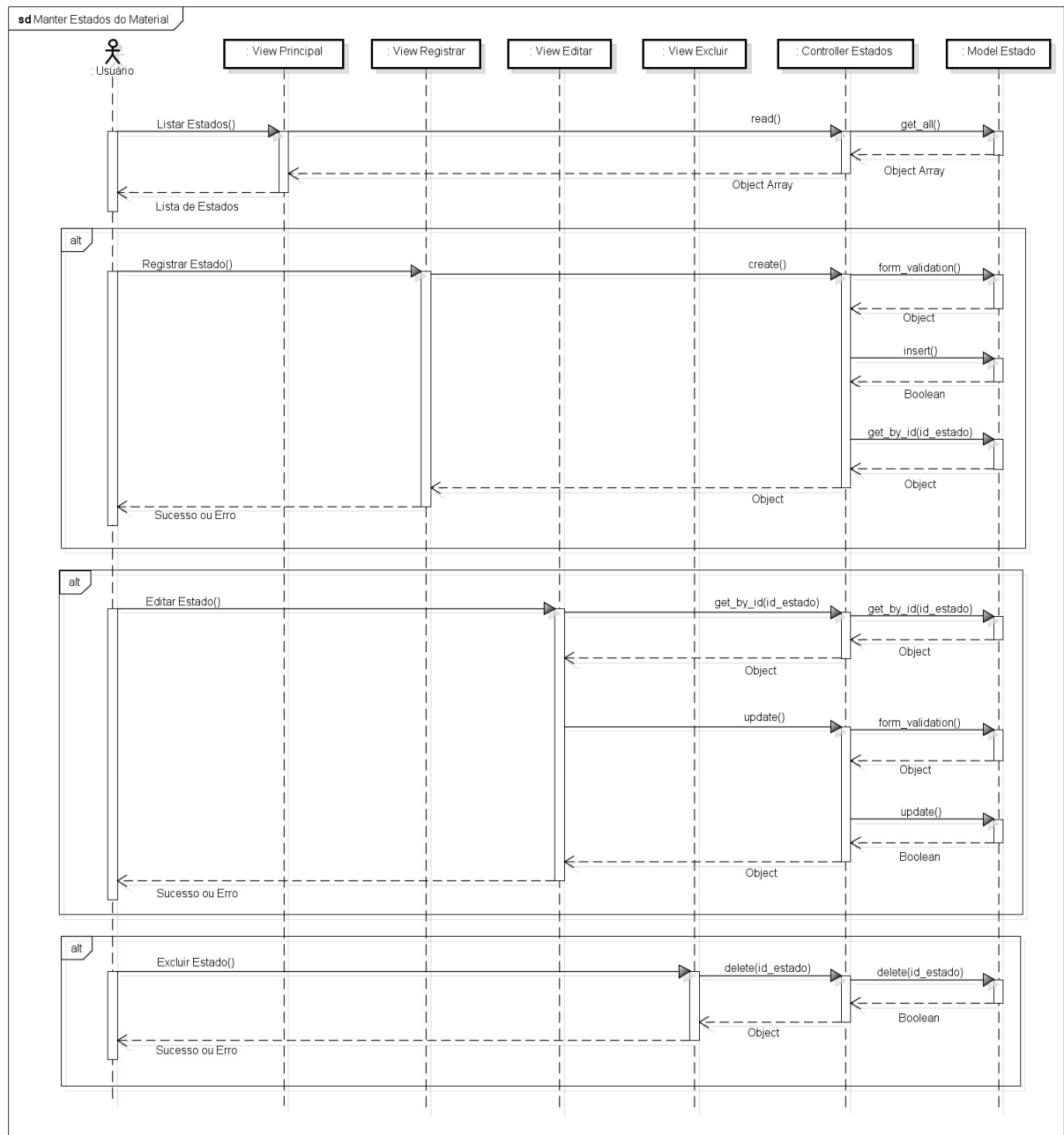
L.5. RECUPERAR SENHA



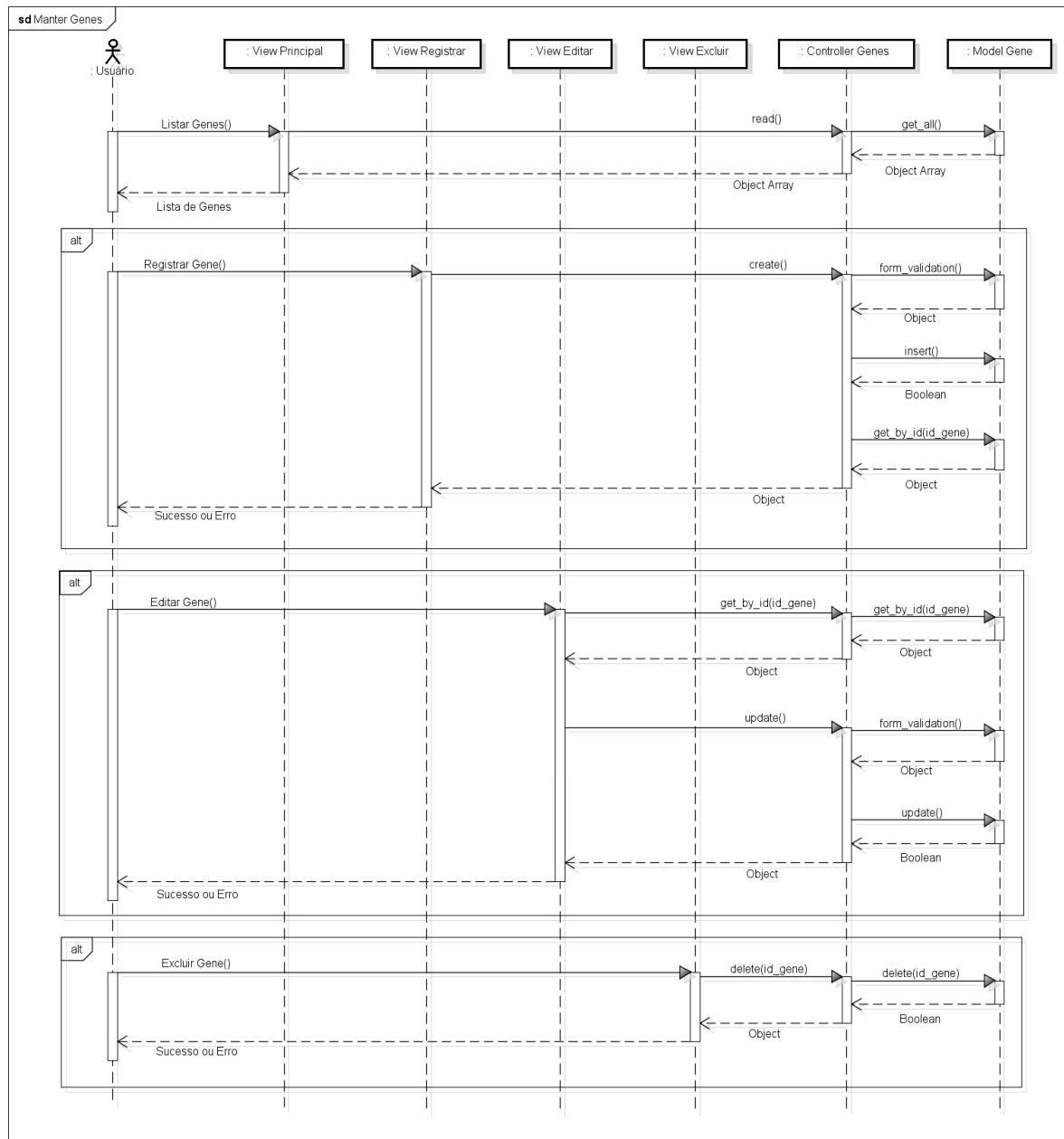
L.6. SELECIONAR IDIOMA



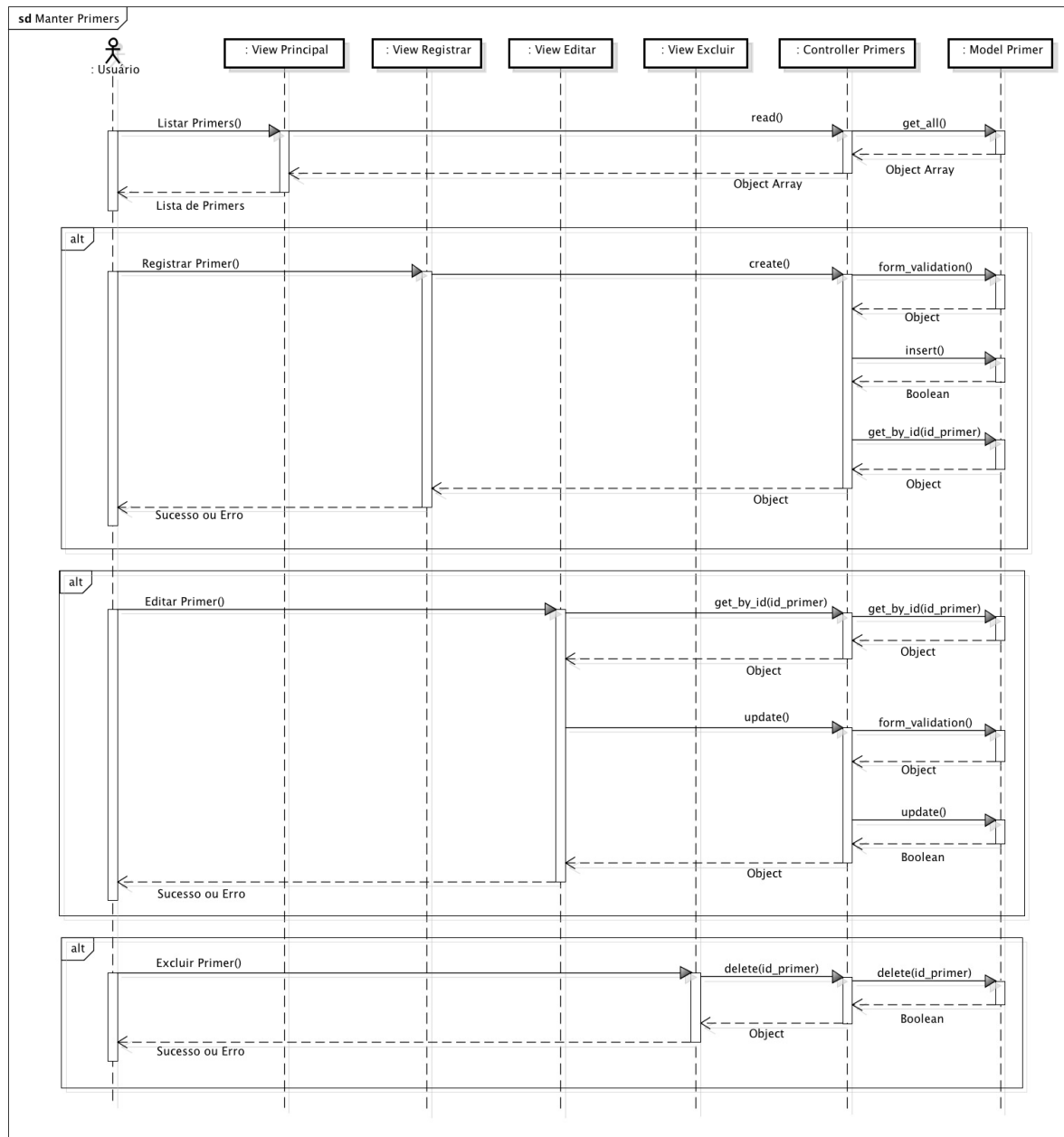
L.7. MANTER ESTADOS DO MATERIAL



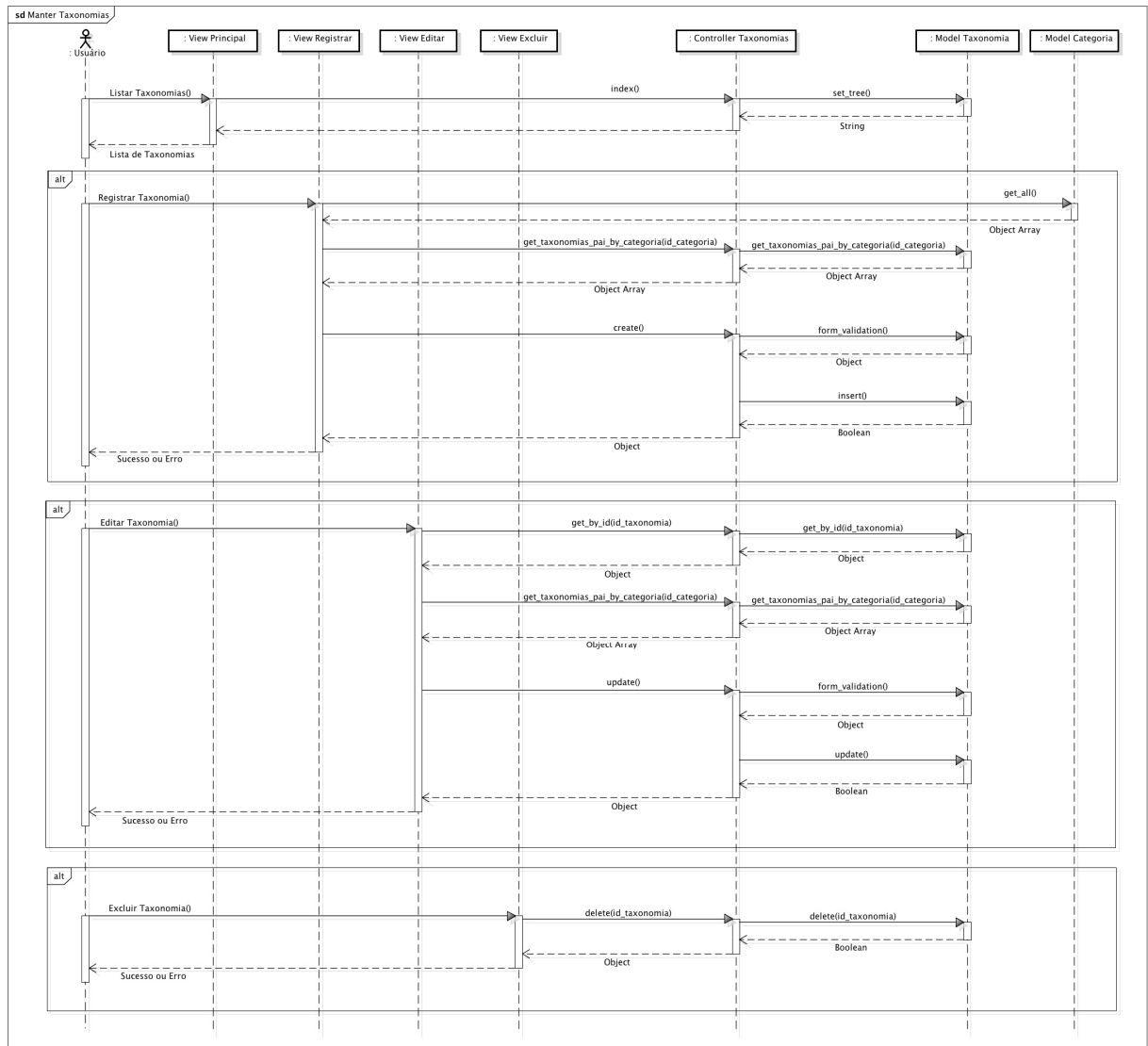
L.8. MANTER GENES



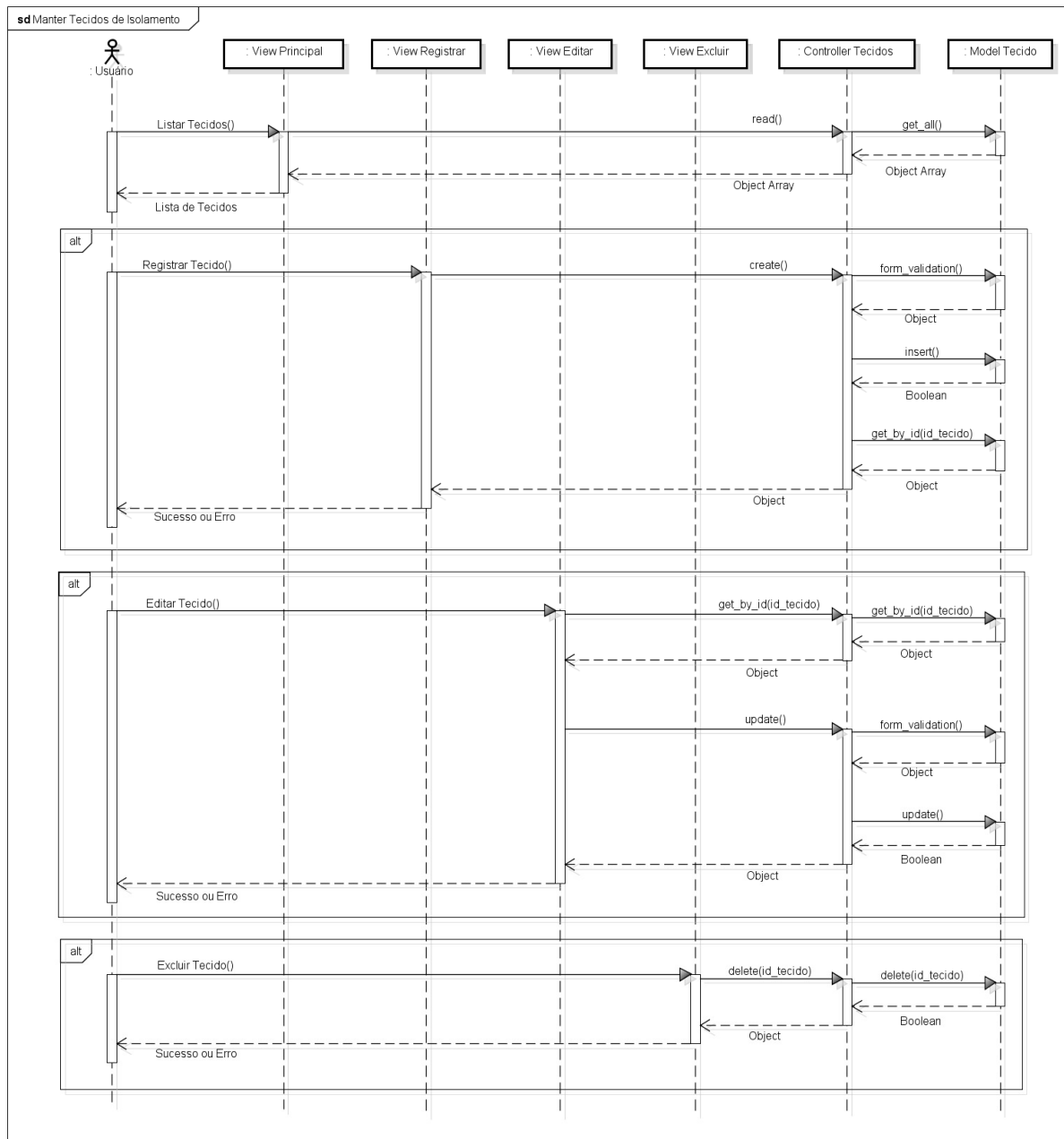
L.9. MANTER PRIMERS



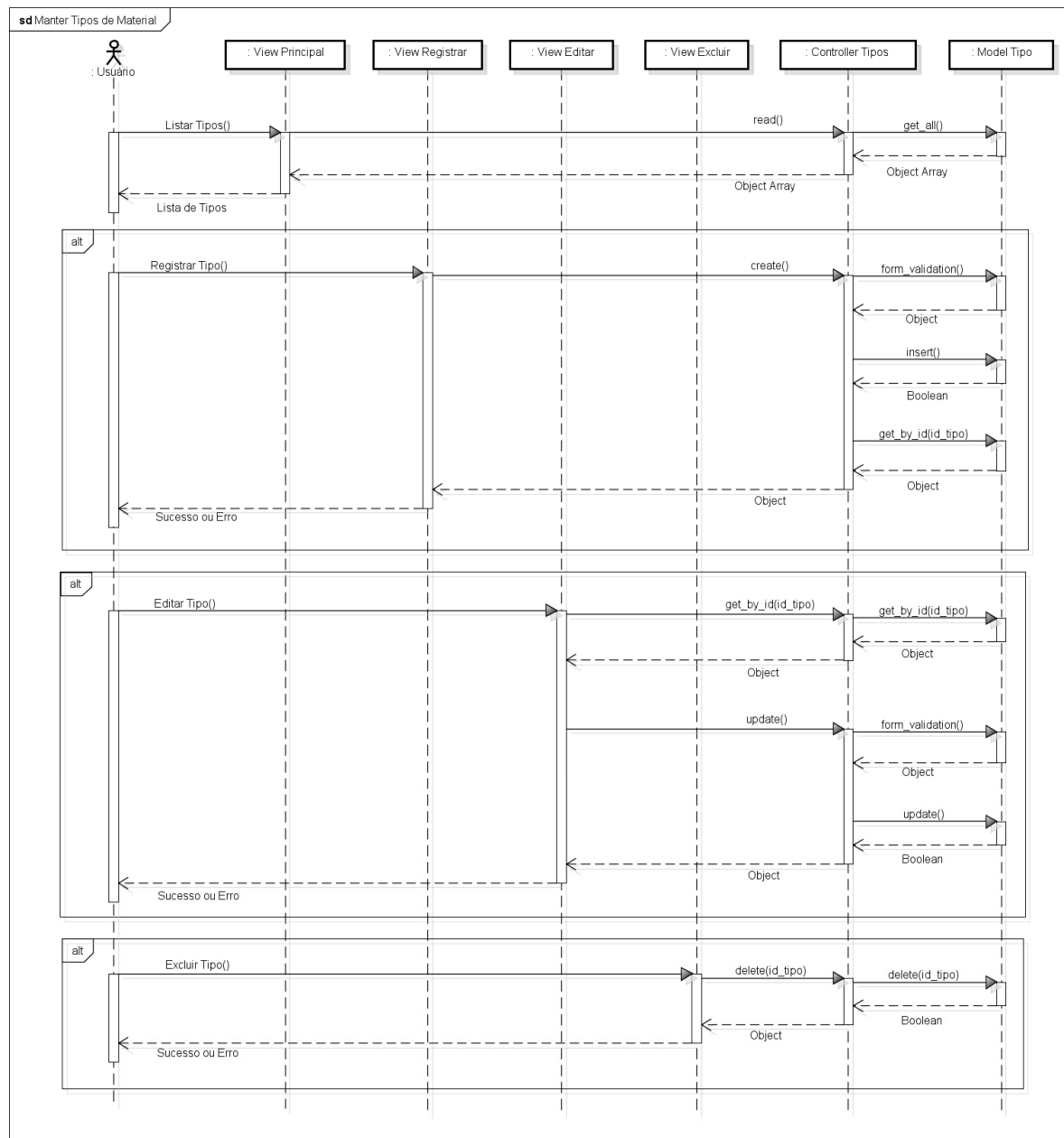
L.10. MANTER TAXONOMIAS



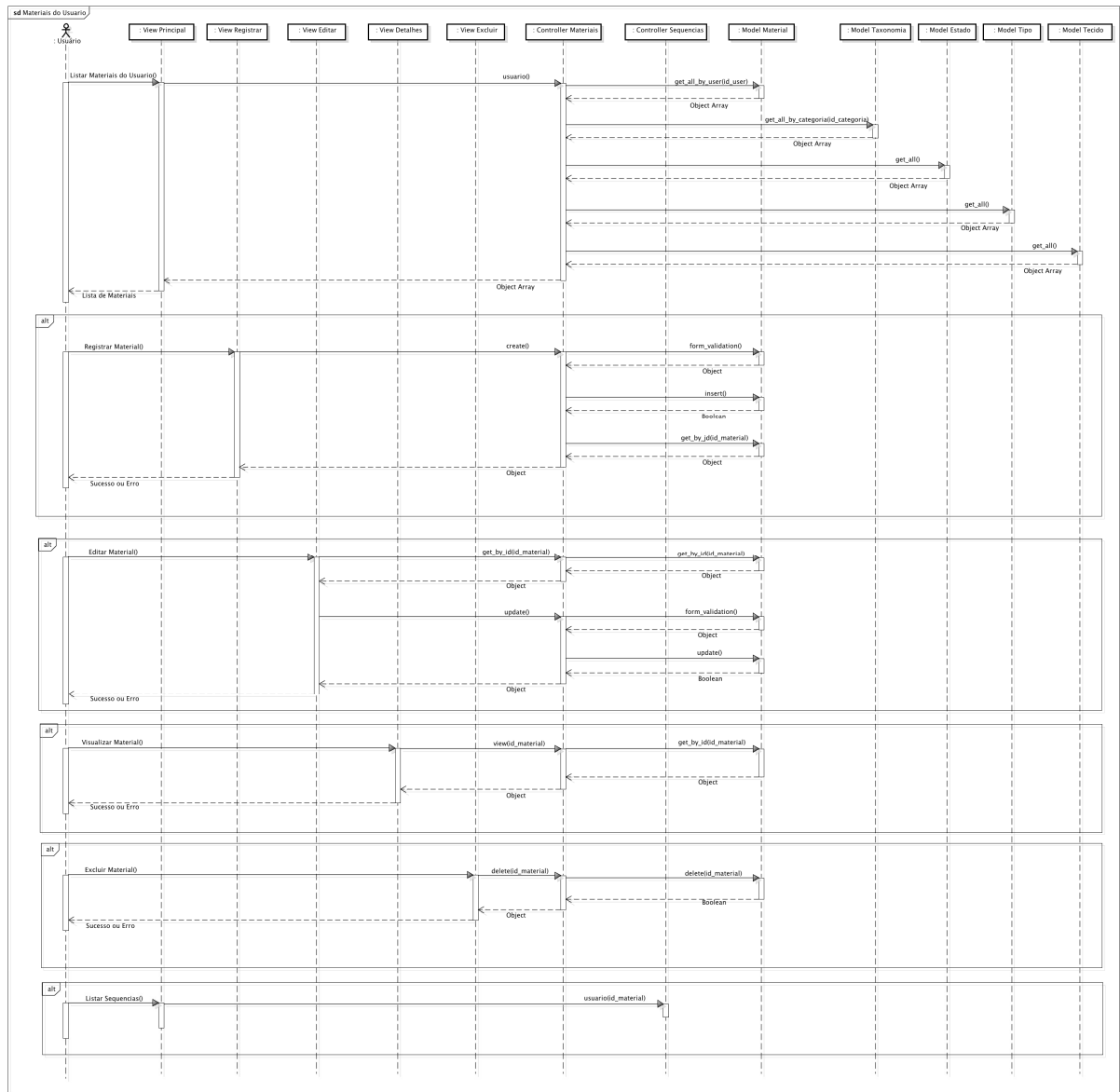
L.11. MANTER TECIDOS DE ISOLAMENTO



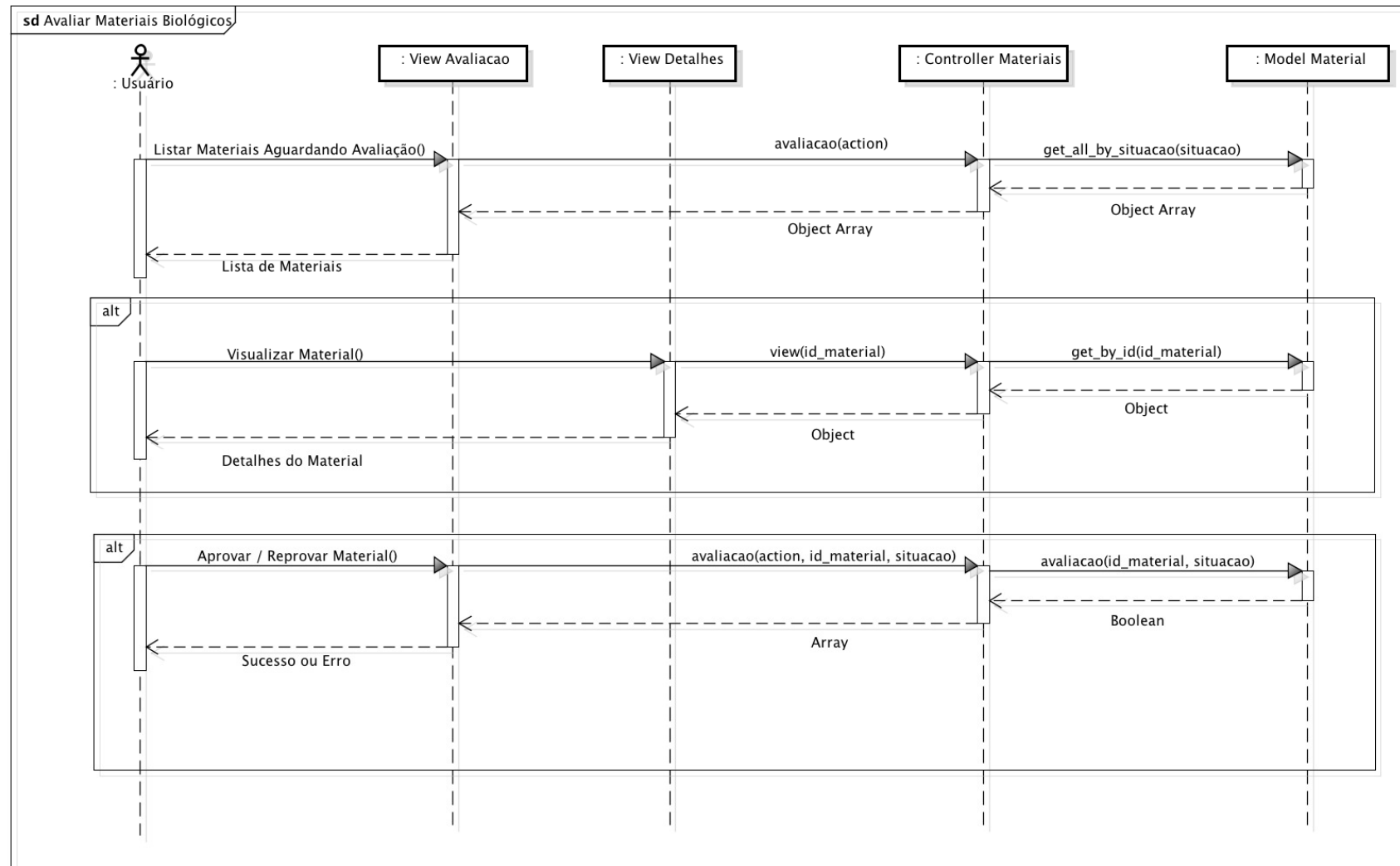
L.12. MANTER TIPOS DE MATERIAL



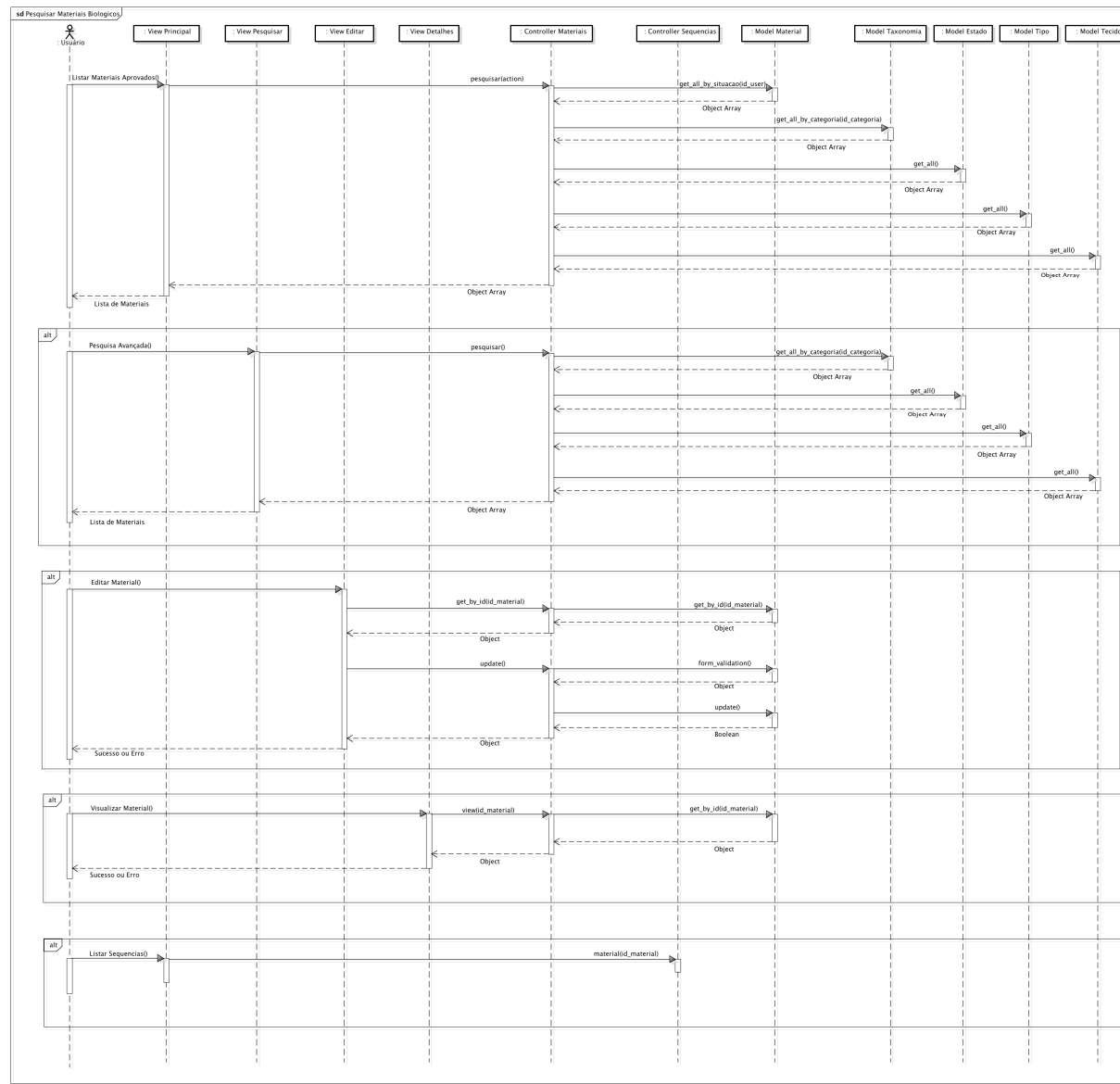
L.13. MATERIAIS DO USUÁRIO



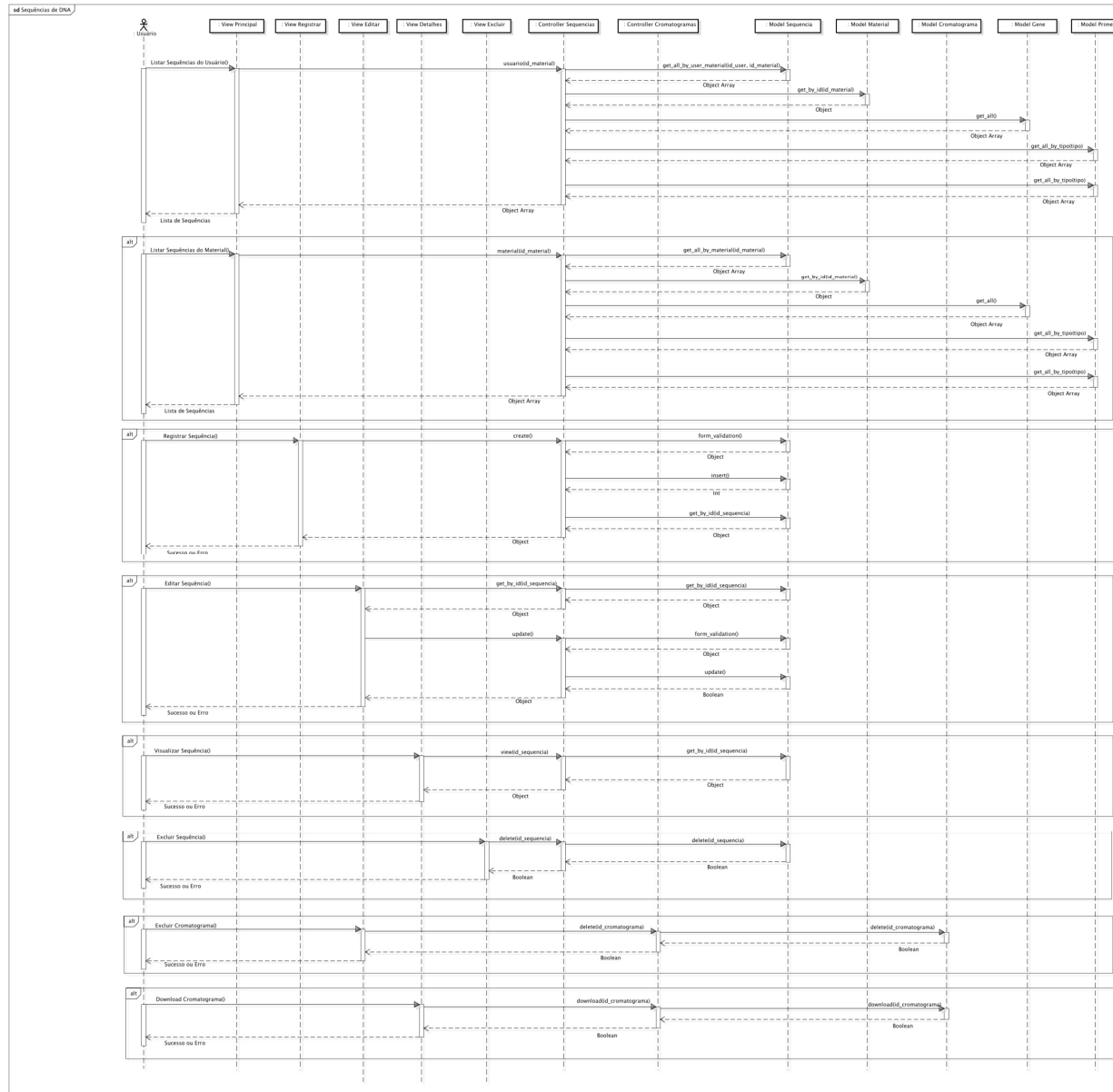
L.14 AVALIAR MATERIAIS BIOLÓGICOS



L.15. PESQUISAR MATERIAIS BIOLÓGICOS



L.16. SEQUÊNCIAS DE DNA



L.17. AVALIAR SEQUÊNCIAS DE DNA

