



**UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARÁ  
FACULDADE DE COMPUTAÇÃO  
BACHARELADO EM SISTEMAS DE INFORMAÇÃO**

**BIG BAG: TECNOLOGIA A SERVIÇO DA  
PROTEÇÃO DO PATRIMÔNIO GENÉTICO DO  
BRASIL.**

**SEBASTIÃO RODRIGUES DA COSTA NETO**

**CASTANHAL-PA**

**2018**

**SEBASTIÃO RODRIGUES DA COSTA NETO**

**BIG BAG: TECNOLOGIA A SERVIÇO DA PROTEÇÃO DO  
PATRIMÔNIO GENÉTICO DO BRASIL.**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado no curso de Sistemas de Informação da Universidade Federal do Pará, como requisito parcial para obtenção do bacharel em Sistemas de Informação.

Orientador: Dr. Tássio Costa de Carvalho

Coorientador: Me. Daniel da Silva Souza

**CASTANHAL-PA**

**2018**

**SEBASTIÃO RODRIGUES DA COSTA NETO**

**BIG BAG: TECNOLOGIA A SERVIÇO DA  
PROTEÇÃO DO PATRIMÔNIO GENÉTICO DO  
BRASIL.**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado no curso de Sistemas de Informação da Universidade Federal do Pará, como requisito parcial para obtenção do bacharel em Sistemas de Informação.

Aprovada em: 30/10/2018

**BANCA EXAMINADORA**

---

Prof. Dr. Tássio Costa de Carvalho  
Orientador  
Universidade Federal do Pará

---

Me. Daniel da Silva Souza  
Coorientador  
Universidade Federal do Pará

---

Prof. Dr. José Jailton Henrique Ferreira  
Júnior  
Universidade Federal do Pará

---

Prof. Me. Igor Ruiz Gomes  
Universidade Federal do Pará

*Dedico este trabalho à minha querida Vó Domingas, Eternas Saudades.*

---

# Agradecimentos

Primeiramente agradeço ao cosmos, ele sendo Deus e detentor de toda diversidade de vida e de todos os recursos que tornaram possível a minha própria existência.

Aos meus pais Noêmia e Antônio, minhas fontes inesgotáveis de exemplos e que sem dúvida foram os principais incentivadores dessa importante etapa para mim, onde nunca me deram a opção de desistir, muito Obrigado. Aos meus irmãos de sangue por toda a diversão e parceria, e a meu Amor por toda força, carinho e companheirismo. E também aos meus primos Joel e Ramila que sempre que precisei estiveram dispostos a me ajudar em várias situações; e ao meu amigo Railan Ferreira idealizador desta ideia, sendo substancial para a finalização da pesquisa, me ajudando em várias etapas do trabalho.

Quero agradecer também a todos os amigos que fiz durante o curso na UFPA, estes me proporcionaram momentos não só construtivos para a minha vida como também momentos de pura diversão, e sem dúvida os levarei para a toda a vida.

Ao Professor Dr. Tássio Carvalho sendo meu orientador, pelo apoio e acreditar no projeto, dispondo de seu tempo para me orientar e me aconselhar; e ao Mestre Daniel da Silva sendo meu coorientador, que me ajudou muito com bastante disposição e atenção, muito obrigado. E a todos os professores e colaboradores da UFPA que me acrescentaram conhecimento e me prestaram serviços, sendo também responsáveis pelo desenvolvimento deste projeto.

Quero agradecer também a todos os pesquisadores da área de TI e de Melhoria Genética de Plantas que dispuseram de tempo para ajudar a avaliar e melhorar o trabalho. Ao fugir alguns nomes peço desculpas, mas nunca me esquecerei, muito obrigado.

---

## Resumo

Resumo do Trabalho de Conclusão de Curso apresentado à UFPA como parte dos requisitos necessários para obtenção do grau de Bacharel em Sistemas de Informação.

# **BIG BAG: TECNOLOGIA A SERVIÇO DA PROTEÇÃO DO PATRIMÔNIO GENÉTICO DO BRASIL.**

Este trabalho relata o desenvolvimento de um sistema de informação computacional gerenciador de BAG's (Bancos Ativos de Germoplasmas) que auxilie os melhoristas de plantas em programas de melhoramento genético vegetal, visando facilitar o manejo das informações. O sistema foi inspirado nas necessidades e apoiado nas técnicas de manejo da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro do estado do Rio de Janeiro com intuito de tornar o processo manual de gerenciamento da informação mais ágil e eficaz por meio de recursos computacionais e tecnologias da informação. O processo de documentação e gerenciamento das informações dos bancos ativos de germoplasma é muito importante, já que nos BAGs o código genético têm valor resultante de sua documentação e facilidade de acesso à suas informações. Por muitas vezes essas informações são gerenciadas de forma ineficaz, por meio de planilhas eletrônicas ou mesmo à punho, gerando dificuldade nos processos de consulta, análise e manejo das informações. O resultado final do estudo e desenvolvimento da aplicação propõe principalmente melhorias substanciais no procedimento de documentação dos recursos genéticos assim como no processo de tomada de decisão à respeito da conservação desses recursos, atribuindo então valor qualitativo aos próprios BAG's, gerando documentação apropriada e controle de manejo superior.

---

# Abstract

Abstract of bachelor monograph presented to UFPA as a partial fulfillment of the requirements to obtain a Bachelor's Degree in Information Systems.

Advisor: Dr. Tássio Costa de Carvalho  
Co-advisor: Me. Daniel da Silva Souza

This work reports the development of a computational information system for the management of BAGs (active germplasm banks) that helps breeders of plants in plant breeding programs, in order to facilitate the management of the information. The system was inspired by the needs and supported in the management techniques of the State University of the Northern Fluminense Darcy Ribeiro of the state of Rio de Janeiro in order to make the manual process of information management more agile and efficient through computational resources and information technologies. The process of documenting and managing the information of active germplasm banks is so important, since in the BAGs, the genetic code has value resulting from its documentation and easy access to its information. Often times, this information is managed inefficiently, through spreadsheets or even in writing, generating difficulties in the processes of consultation, analysis and information management. The final result of the study and development of the application mainly proposes substantial improvements in the documentation procedure of genetic resources as well as in the decision-making process regarding the conservation of these resources, thus assigning qualitative value to the BAGs themselves, generating appropriate documentation and management control higher.

---

# Conteúdo

<b>1</b>	<b>Introdução</b>	p. 1
1.1	Contextualização	p. 1
1.2	Problemas e Motivação	p. 2
1.3	Objetivo Geral	p. 3
1.4	Objetivos Específicos	p. 3
1.5	Metodologia de Pesquisa	p. 4
1.6	Organização da Monografia	p. 5
<b>2</b>	<b>Estado da Arte</b>	p. 6
2.1	Estado da Arte Agrônoma	p. 6
2.1.1	Biodiversidade e Recursos Genéticos Vegetais	p. 6
2.1.2	Germoplasma	p. 7
2.1.3	Bancos de Germoplasmas In Situ e Ex Situ	p. 7
2.1.4	Etapas de Conservação do Germoplasma	p. 8
2.1.4.1	Aquisição de Germoplasma	p. 8
2.1.4.2	Caracterização e Avaliação	p. 9
2.1.4.3	Conservação e Documentação	p. 9
2.1.4.4	Regeneração	p. 10
2.1.5	Implicações e Aplicações do Melhoramento Genético de Plantas	p. 10
2.2	Estado da Arte em TI	p. 12

2.2.1	O Uso da Tecnologia e sua Contribuição para Avanço das Ciências no Passado e no Presente .....	p. 12
2.2.2	Surgimento e Evolução da Internet .....	p. 13
2.2.3	Interação Humano-Computador (IHC) .....	p. 13
<b>3</b>	<b>Trabalhos Correlatos .....</b>	<b>p. 15</b>
3.1	BAG Sistema de Gerenciamento .....	p. 15
3.2	Modelo de Sistema de Gerenciamento de Produção para PMI's .....	p. 16
3.3	Sistema de Gerenciamento e Otimização de Recursos (SGOR) .....	p. 17
3.4	Sistema de Gerenciamento de Informações Agrícolas (Agro WEB) .....	p. 17
3.5	Software Bonanza Gold .....	p. 18
3.6	Sistema de Informação Gerencial de Vendas para uma Software House .....	p. 19
3.7	Aplicativos Móveis para Consulta de Informações de Gerência Ágil de Processos Utilizando LPS .....	p. 19
3.8	Comparativo e Benefícios .....	p. 20
<b>4</b>	<b>Sistema Gerencial Big Bag .....</b>	<b>p. 21</b>
4.1	Metodologia de Desenvolvimento .....	p. 22
4.2	Requisitos .....	p. 24
4.2.1	Elicitação de Requisitos .....	p. 24
4.2.2	Requisitos Funcionais .....	p. 24
4.2.3	Requisitos não Funcionais .....	p. 27
4.3	UML .....	p. 28
4.3.1	Diagrama de Caso de Uso .....	p. 28
4.3.2	Diagrama de Classes .....	p. 30
4.3.3	Diagrama de Atividades .....	p. 32
4.4	Tecnologias Utilizadas .....	p. 44
4.4.1	Desenvolvimento WEB Responsivo com HTML, CSS e JAVASCRIPT ...	p. 44
4.4.2	Barcodereader .....	p. 45
4.4.3	Bootstrap e Materialize .....	p. 45
4.4.4	jQuery .....	p. 45
4.4.5	Ajax .....	p. 46

4.4.6	SQL .....	p. 46
4.4.7	PHP E PDO .....	p. 46
<b>5</b>	<b>Avaliação dos Resultados .....</b>	<b>p. 47</b>
5.1	Telas do sistema .....	p. 47
5.2	Teste e <i>Feedback</i> .....	p. 53
5.3	Perfis de Usuários .....	p. 54
5.4	Resultados de Usabilidade .....	p. 55
5.5	Resultados de Funcionalidade .....	p. 59
5.5.1	Melhorias Implementadas .....	p. 61
5.5.2	Melhorias Futuras .....	p. 63
<b>6</b>	<b>Considerações Finais.....</b>	<b>p. 65</b>
6.1	Dificuldades Encontradas .....	p. 66
6.2	Trabalhos Futuros .....	p. 67
	<b>Apêndice A – Formulário de usabilidade .....</b>	<b>p. 76</b>
	<b>Anexo A – Documentação de genótipo.....</b>	<b>p. 80</b>

---

## Lista de Siglas e Abreviaturas

SI - Sistema de Informação

SIG - Sistema de Informação Gerencial

BAG - Banco Ativo de Germoplasma

TI - Tecnologia da Informação

IBM - *International Business Machines*

IHC - Interação Humano-Computador

PHP - *Personal Home Page*

PMI'S - Pequenas e Médias Indústrias

SGOR - Sistema de Gerenciamento e Otimização de Recursos

HIAE - Hospital Israelita Albert Einstein

SQL - *Structured Query Language*

PIB - Produto Interno Bruto

XP - *Extreme Programming*

UML - *Unified Modeling Language*

PDF - *Portable Document Format*

XML - *Extensible Markup Language*

XPS - *XML Paper Specification*

HTML - *HyperText Markup Language*

CSS - *Cascading Style Sheets*

AJAX - *Asynchronous Javascript and XML*

ANSI - *American National Standards Institute*

PDO - *PHP Data Objects*

UENF - Universidade Estadual do Norte Fluminense

UFPI - Universidade Federal do Piauí

UFV - Universidade Federal de Viçosa

UFES - Universidade Federal do Espírito Santo

---

# Lista de Figuras

Figura 1	Exemplos de recursos genéticos .....	7
Figura 2	Banco ativo de sementes .....	8
Figura 3	Produtividade de grãos de milho (Toneladas por hectare) de 1860 a 2008 nos Estados Unidos .....	11
Figura 4	Dados do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE, 2009) da Evolução da produção da soja no Brasil .....	11
Figura 5	Funcionamento de metodologia XP .....	23
Figura 6	Diagrama de caso de uso do Big Bag .....	30
Figura 7	Diagrama de classe - estrutura do sistema .....	32
Figura 8	Diagrama de atividade - cadastrar o acesso .....	33
Figura 9	Diagrama de atividade - abrir acesso .....	34
Figura 10	Diagrama de atividade - gerar relatório simplificado de acessos .....	35
Figura 11	Diagrama de atividade - excluir acesso .....	36

Figura 12	Diagrama de atividade - adicionar sementes .....	37
Figura 13	Diagrama de atividade - remover sementes .....	38
Figura 14	Diagrama de atividade - gerar lista de entrada e saída de sementes de um acesso .....	39
Figura 15	Diagrama de atividade - gerar lista completa de entrada e saída de sementes .....	39
Figura 16	Diagrama de atividade - listar genótipos em estado de escassez .....	40
Figura 17	Diagrama de atividade - verificar genótipos fora do tempo de conservação .....	42
Figura 18	Diagrama de atividade - produção de etiquetas .....	43
Figura 19	Diagrama atividade - gerar relatório detalhado de acesso .....	44
Figura 20	Telas iniciais do Big Bag .....	47
Figura 21	Tela de cadastro de acesso .....	48
Figura 22	Formulário de cadastro de acesso .....	49
Figura 23	Tela de exclusão de acesso .....	49
Figura 24	Tela de função - gerar etiqueta de acesso "BEIJAFLOR123" .....	50
Figura 25	Etiqueta de acesso "BEIJAFLOR123" .....	50
Figura 26	Tela de seletor de informações para relatório simplificado .....	51
Figura 27	Tela de função - adicionar sementes .....	51
Figura 28	Tela de função - verificar genótipos fora do tempo de conservação .....	52

Figura 29	Tela de função - listar genótipos em estado de escassez	53
Figura 30	Tela de função - escolher modo de leitura	53
Figura 31	Tela de acesso ao questionário através do sistema	54
Figura 32	Gráfico de utilizadores em dispositivos distintos	55
Figura 33	Gráfico de avaliadores de interface do Big Bag	56
Figura 34	Gráfico de clareza da interface	56
Figura 35	Gráfico de utilidade de interface	57
Figura 36	Gráfico de satisfação de experiência de usuários	57
Figura 37	Gráfico de memorização de interface	58
Figura 38	Gráfico de facilidade de aprendizado	58
Figura 39	Gráfico de intuitividade	59
Figura 40	Gráfico de otimização de atividades	60
Figura 41	Gráfico de atendimento de expectativas	60
Figura 42	Gráfico de clareza de informações que alimentam o sistema	60
Figura 43	Painel de descritores morfoagronômicos	61
Figura 44	Inserindo novo descritor	62
Figura 45	Inserindo valor de descritor	62

Figura 46	Painel de adicionar novo acesso .....	63
-----------	---------------------------------------	----

---

## Lista de Tabelas

Tabela 1	Requisitos funcionais .....	25
Tabela 2	Requisitos não funcionais .....	28
Tabela 3	Relatório simplificado das informações dos acessos .....	34
Tabela 4	Lista de controle de entrada e saída de sementes de um acesso .....	38
Tabela 5	Lista de entrada e saída de sementes de todos os acessos .....	40
Tabela 6	Lista de genótipos em estado de escassez .....	41
Tabela 7	Lista de controle de conservação de sementes .....	41

---

---

# CAPÍTULO 1

---

## Introdução

Este capítulo irá expor uma introdução no que se refere a programas de melhoramento genético vegetal, citando a importância os benefícios e dificuldades de se conservar o material genético, para as próximas gerações. Como também a importância da utilização da Tecnologia para este fim.

### 1.1 Contextualização

Há cerca de 10 mil anos, por ocasião da revolução agrícola, o homem deu início ao processo de melhoramento das plantas cultivadas. Neste momento o melhoramento era praticado de forma inconsciente, no entanto, alguns resultados promissores foram obtidos, a saber: melhor retenção de sementes, crescimento vegetal mais determinado e o aumento no tamanho e número das flores o que resultou em aumento da produção (Machado et al, 2014).

Com isso, atualmente a gestão de bancos de germoplasmas vegetais constitui atividade indispensável no avanço da pesquisa agrícola mundial vez que, cada banco, contém uma porção da biodiversidade imprescindível para a obtenção de plantas geneticamente melhoradas, as quais são desenvolvidas com a finalidade de atender, entre outras necessidades da humanidade como: O suprimento de alimentos de forma a garantir a segurança alimentar (Machado, 2014; Pereira et al., 2017).

E também a produção de biocombustíveis para redução de consumo de combustíveis fósseis (Parrella et al., 2010; Schenberg, 2010; Sousa et al., 2017) e na produção de fármacos para controle e/ou cura de enfermidades (Scheffer et al., 1999; Fenalti et al., 2016; Carvalho et al., 2017). Além de atributos agronomicamente desejáveis, a variabilidade genética contida em bancos de germoplasma também é útil para selecionar materiais

vegetais resistentes às intempéries do ambiente como os fatores climáticos que limitam o potencial produtivo das plantas (Silva et al., 2017). Estudam-se os recursos genéticos em várias etapas: coleta, multiplicação, preservação/conservação, avaliação/caracterização e uso (Hawkes, 1982).

## 1.2 Problemas e Motivação

A conservação de recursos genéticos vegetais através de bancos in-situ (áreas naturais ou reservas protegidas como habitat natural do material genético), e ex-situ (áreas que conservam o material fora do ambiente natural) ainda é dependente de inúmeras ações no sentido de aperfeiçoar a eficiência na obtenção de plantas superiores, plantas essas que são mais produtivas, e resistentes a estresses bióticos como pragas e doenças, bem como a estresses de natureza abiótica como condições desfavoráveis do clima e do solo. Em geral, mesmo os bancos de germoplasmas já consolidados não possuem a valorização condizente com a sua real importância devido especialmente, ao desconhecimento da variabilidade genética ali depositada.

Muitas vezes, o responsável pelo germoplasma depara-se com problemas que, aparentemente, são simples, no entanto impossibilitam o seu uso. O primeiro deles é básico e refere-se aos dados de passaporte. Informações como origem, procedência, nomenclatura, etc, são essenciais a qualquer programa de melhoramento e logo sua ausência inviabiliza o seu uso (Costa, A. M., Spehar, C. R., Sereno, J. R. B. 2012).

A falta de documentação apropriada, a qual inclui a caracterização e recuperação de informações dos recursos genéticos disponíveis, a ausência de estrutura e expertise dos responsáveis pelos bancos são causas dessa problemática (Scheffer et al., 1999). Neste contexto, entende-se por documentação todo o processo de organizar e analisar as informações vinculadas à conservação das espécies do banco. Faz-se necessário ressaltar, que o valor do germoplasma é proporcional à sua documentação e que segundo (Morales et al., 1994; Jaramillo e Baena 2001) esta deve ser acessada de forma rápida, consistente e integral.

Problemas estes relacionados à dificuldade de acesso e análise das informações documentadas, que os sistemas computacionais podem solucionar com certa facilidade, gerando menos esforços por parte dos profissionais no processo de manejo das informações e elaboração de relatórios de análise. Essa facilidade logo traz satisfação para os mesmos, além de contribuir para o programa de melhoramento genético vegetal e incentivando os pesquisadores da área de software à pesquisa e desenvolvimento em áreas distintas.

É evidente a importância da tecnologia e dos sistemas de informação no controle e gestão da informação. As organizações do mundo inteiro utilizam softwares de computador para os mais variados fins, os quais buscam proporcionar agilidade e confiabilidade nos processos da organização (Sommerville, 2011).

Indubitavelmente, ao longo dos anos, a tecnologia tem permitido não apenas o

gerenciamento eficiente da informação, mas também a sua obtenção. É neste sentido que a tecnologia da informação se define, ao desdobrar-se em recursos tecnológicos e computacionais aplicados à geração e uso da informação (Rezende e Abreu, 2001).

Para Alter (1998) um sistema de informação (SI) é um sistema que se utiliza da tecnologia da informação para capturar, transmitir, armazenar, recuperar, manipular ou expor informações usadas em um ou mais processos. De fato, um sistema de informação objetiva a aquisição e interpretação de dados para um agente que toma e executa decisões (Campbell, 1997).

Por conseguinte, diante da carência tecnológica no gerenciamento de bancos ativos de germoplasmas que afeta, sobretudo, as instituições públicas do Brasil no tocante ao manejo de recursos genéticos, percebe-se a possibilidade de aplicar sobre a situação/problema os atributos do sistema da informação, neste caso, através de um sistema gerencial (SIG) que visa contribuir na construção do conhecimento científico dos recursos genéticos vegetais aplicados à ciência do melhoramento de plantas.

## 1.3 **Objetivo Geral**

Diante dos desafios que os pesquisadores precisam encarar para ter as informações organizadas e os esforços discutidos acima, observou-se que a escolha do estudo e desenvolvimento de um sistema gerenciador é, não apenas proeminente, mas também um tópico importante a ser abordado. Sendo assim, desenvolver um sistema gerenciador de BAG's (Bancos Ativos de Germoplasmas) que auxilie os melhoristas de plantas em programas de melhoramento genético vegetal buscando facilitar o manejo das informações, tornou-se o principal objetivo da elaboração deste trabalho.

## 1.4 **Objetivos Específicos**

- Possibilitar a documentação de acessos em BAG's e a recuperação eficiente e integral das informações;
- Contribuir para que as informações registradas maximizem a percepção da variabilidade genética existente em bancos de germoplasmas;
- Permitir otimizar o manejo e a manutenção dos recursos genéticos contidos nos BAG's;
- Prover maior segurança das informações dos BAG's mediante a documentação impressa ou salva em mídia digital;
- Promover mobilidade e acesso rápido e eficiente das informações dos BAGs em diferentes ambientes de trabalho através dos navegadores de Internet;

- Facilitar o gerenciamento das informações consideradas vitais para o funcionamento de um banco ativo de germoplasma;
- Facilitar a rastreabilidade das sementes dos acessos nos processos de manejo;
- Gerar relatórios que facilitem a tomada de decisão no processo de manejo ou melhoramento genético;
- Promover ferramentas computacionais alternativas de gerenciamento de informações à instituições com baixa à alta infraestrutura tecnológica;
- Incentivar o desenvolvimento de soluções relacionadas a outras áreas de pesquisa;
- Contribuir na construção do conhecimento científico dos recursos genéticos vegetais aplicados à ciência do melhoramento de plantas;
- Analisar os resultados obtidos através da utilização do software no intuito de aperfeiçoá-lo e torná-lo utilizável como auxiliar em qualquer programa de melhoramento genético vegetal;

## 1.5 Metodologia de Pesquisa

O objetivo dessa pesquisa é apresentar uma solução para um problema muito comum encontrado em diversas áreas e atividades que inclui a gestão da informação, que é o armazenamento das informações em papel confeccionadas à punho ou mesmo armazenados em planilhas eletrônicas, não oferecendo o suporte adequado para o gerenciamento e tratamento correto dessas informações dificultando uma análise ágil e eficaz.

Com isso foi utilizado a metodologia de estudo aplicado onde se procura não só contribuir com o conhecimento existente na gestão de BAGs, mas também torna-se importante aplicar na prática e intervir no mundo real. Ao término da pesquisa é proposto um software que busca eliminar essa dificuldade, assim como aperfeiçoar o processo de documentação, gerando mais agilidade e segurança nas informações por meio dos recursos computacionais.

Durante o processo de desenvolvimento do sistema, foi elaborado um questionário disponibilizado para acesso na ferramenta *Google Forms* para os usuários acessarem após a utilização do sistema, no sentido de adquirir informações relacionadas à utilização do sistema nos quesitos funcionalidade e usabilidade.

Os *feedbacks* relacionados à funcionalidade foram importantes para entender as necessidades primordiais dos profissionais gerenciadores de bancos ativos de germoplasma com a finalidade de desenvolver uma ferramenta que viesse a suprir as necessidades básicas.

Os *feedbacks* relacionados à usabilidade foram importantes para melhorar a experiência e interação do usuário com o sistema, onde se trabalha os critérios de usabilidade como aprendizagem, eficiência, memorização, erros e satisfação.

## 1.6 Organização da Monografia

O restante do trabalho está dividido em 5 capítulos, respeitando as diretrizes de desenvolvimento ordenadas abaixo:

- Capítulo 2: Este capítulo apresenta o embasamento teórico do estudo das áreas de melhoramento genético de plantas e do estudo de tecnologia da informação, mostrando os principais termos considerados importantes para o entendimento do trabalho desenvolvido.
- Capítulo 3: Este capítulo é apresentado alguns trabalhos, ferramentas ou tecnologias semelhantes ao proposto neste trabalho, são diferentes tipos de sistema que buscam administrar informações e apoiar à tomada de decisão.
- Capítulo 4: Este capítulo apresenta o trabalho proposto, e mostra como foi desenvolvido, relatando as ferramentas, tecnologias e técnicas utilizadas para a elaboração.
- Capítulo 5: Este capítulo apresenta as telas do sistema, juntamente com a fase de testes, que foi elaborada durante o processo de desenvolvimento do projeto. Também cita os perfis dos usuários que testaram o sistema, assim como os resultados obtidos da fase de testes de usabilidade, funcionalidade e aceitabilidade realizados durante todo o processo de desenvolvimento do trabalho. Também menciona as melhorias implementadas e possíveis melhorias deixadas para implementação futura.
- Capítulo 6: Este capítulo apresenta o trabalho de forma geral, discutindo os objetivos citados nos capítulos anteriores e argumentando se esses objetivos foram alcançados. E de que forma se obteve estes resultados. Também menciona as dificuldades encontradas e os trabalhos futuros que possam ser desenvolvidos a partir dessa pesquisa.

---

---

# CAPÍTULO 2

---

## Estado da Arte

Neste capítulo será compartilhado o embasamento teórico do estudo que engloba o melhoramento genético de plantas, esclarecendo termos técnicos agrônômicos que ajudarão ao leitor durante a leitura do material. Como também o apoio teórico do estudo das Tecnologias da Informação, mostrando a sua importância na atualidade.

### 2.1 Estado da Arte Agrônoma

O estado da arte agrônoma exhibe o conteúdo base para contextualizar os aspectos que defendem a realização deste trabalho nesta área, onde também é citada informações importantes para entender mais sobre o processo de melhoramento genético vegetal e a importância que esse processo tem na atualidade.

#### 2.1.1 Biodiversidade e Recursos Genéticos Vegetais

A legislação brasileira mediante a Lei 9.985 de 18 de julho de 2000 ao tratar sobre o Sistema Nacional de Unidades de Conservação, precisamente no art. 2º, caracteriza como biodiversidade todo o contingente da diversidade de organismos vivos de quaisquer origens, abrangendo, portanto, os ecossistemas terrestres, marinhos e os demais ecossistemas aquáticos bem como os complexos ecológicos que compreende a diversidade dentro de espécies - diversidade intraespecífica - e a diversidade entre espécies - diversidade interespecífica - (Brasil, 2017; MMA, 2017).

Tal qual ocorre com os recursos minerais e energéticos, os benefícios da biodiversidade tanto podem ser observados quanto manejados e isso é possível através dos recursos genéticos em que, o valor desse patrimônio natural encontra-se nos genes, isto

é, na variabilidade de genes, ou ainda, na variabilidade genética (Querol, 1993). No tocante aos recursos genéticos vegetais, estes representam importantes fontes de energia e matérias-primas aplicadas ao desenvolvimento industrial com implicações na produção de alimentos, químicos, fármacos e cosmético (Ribeiro et al., 2016).

### 2.1.2 Germoplasma

Germoplasma é o termo do qual se deriva as formas ‘plasma’ designado por material primordial dos seres vivos e ‘germinal’, referente às células germinativas potenciais para gerar outras células por simples divisão ou mesmo através da união de células gaméticas (Pereira 1989).

A fim de representar a variabilidade genética de uma determinada população de indivíduos, são estabelecidos os chamados ‘Acessos’ os quais são os próprios recursos genéticos ou genótipos e, portanto, representam um conjunto de materiais diferentes entre si denominados germoplasma (Cruz et al., 2011), a figura 1 demonstra alguns exemplos do que podem ser considerados recursos genéticos.

Figura 1: Exemplos de recursos genéticos



Fonte: O autor

### 2.1.3 Bancos de Germoplasmas In Situ e Ex Situ

Diante da exploração indiscriminada dos recursos naturais e, por conseguinte, da degradação do meio ambiente que se acentuaram a partir do século XX em todo o planeta, a conservação da biodiversidade passou a ser pauta de conferências internacionais importantes. De fato, foi na cidade do Rio de Janeiro em 1992, durante a convenção sobre Diversidade Biológica que ocorria por ocasião da Conferência das Nações Unidas sobre o meio ambiente que a conservação in situ e ex situ tornaram-se notórias (Moura et al., 2010).

O estabelecimento de unidades de conservação figura como instrumento importante para a manutenção da biodiversidade. Destarte, o poder público é responsável pela definição dos espaços territoriais como aqueles caracterizados como áreas protegidas como preconiza a Constituição Federal (Artigo 225, §1º, Inciso III). Neste sentido são exemplos de conservação in situ: As áreas protegidas, as unidades de conservação, os parques nacionais, jardins botânicos e reservas extrativistas (Moura et al., 2010).

A conservação de germoplasmas visando à manutenção da diversidade biológica através de bancos *in situ* refere-se, portanto, à preservação de espécies em seus ambientes naturais, isto é, nos meios em que tenham desenvolvido suas propriedades características.

Por outro lado, a conservação da variabilidade genética por intermédio de coleções de germoplasmas *ex situ* é definida como meio pelo qual se conserva através de amostras os componentes da biodiversidade visando resguardar o seu patrimônio genético fora do seu habitat natural, definição esta que se encontra na legislação brasileira mediante o Artigo 7º da Medida Provisória nº. 2.186-16, de 23 de agosto de 2001, (Nick et al., 2010).

Como fora antes mencionado, os bancos de germoplasma são constituídos de coleções de acessos que fazem jus a variabilidade genética de uma população de indivíduos, visando resguardar o patrimônio genético existente. Em bancos de germoplasmas *ex situ*, especialmente tratando-se de programas de melhoramento genético de plantas, cada unidade de germoplasma, deve constituir-se de uma cópia única do material genético e ser representativa do organismo vivo de interesse (Cruz et al., 2011), a figura 2 demonstra uma dessas unidades que conservam o material genético em ambiente *ex situ*.

Figura 2: Banco ativo de sementes



Fonte: <https://www.flickr.com/photos/cimmyt/5888053714>

## 2.1.4 Etapas de Conservação do Germoplasma

Este capítulo trata dos processos e etapas relacionadas à conservação do material genético em um ambiente de conservação, desde o processo de aquisição do material até o processo de utilização para os devidos fins.

### 2.1.4.1 Aquisição de Germoplasma

Constitui a primeira etapa no processo, porém não se restringe unicamente à fase de implantação do banco de germoplasma. A aquisição de germoplasma pode ocorrer

via coleta ou introdução, sendo a introdução de germoplasma os casos de doação ou intercâmbio entre instituições.

Um exemplo de aquisição observado no trabalho de Andrade Júnior et al, (2006). Ele adquiriu 83 clones de batata-doce, entre os quais, 35 provieram de coletas na mesorregião do Vale de Jequitinhonha-MG sendo os demais acessos introduzidos de outras regiões, doados por instituições como Embrapa-hortaliças e da Universidade Federal de Tocantins.

#### 2.1.4.2 Caracterização e Avaliação

A fase de caracterização e avaliação de germoplasmas diz respeito à coleta de informações fenotípicas, isto é, das características inerentes à aparência dos acessos de um banco convenientemente denominadas de descritores. As características qualitativas tais como cor e formato entre outras, são mais facilmente observáveis e manipuladas no melhoramento de plantas, pois são, geralmente, controladas por um ou poucos genes. Por outro lado, as características quantitativas como, tamanho, espessura e peso são controladas por muitos genes, sendo o processo de determinação e manipulação destas, mais dificultado.

Entretanto, deve-se considerar que a melhor avaliação é aquela que atende os interesses dos melhoristas, seja por intermédio de características qualitativas ou quantitativas desde que os acessos sejam descritos e avaliados adequadamente Ramos et al., (2007). Neste sentido, Alves et al., (2003) realizaram seleção de descritores botânico-agronômicos para caracterização de germoplasma de cupuaçuzeiro. Semelhantemente, Oliveira et al., (2006) selecionaram descritores morfoagronômicos quantitativos para caracterização de acessos em banco de germoplasma de açaizeiro.

#### 2.1.4.3 Conservação e Documentação

Como relatado anteriormente, a conservação de germoplasmas pode ser realizada in situ ou ex situ, isto posto, a fase de documentação se aplica a ambos os casos. A documentação de germoplasmas implica em armazenar e recuperar informações inerentes às amostras (acessos) do banco de germoplasma. Em face disto, o resgate rápido de informações é importante para otimizar a utilização dos acessos catalogados (Ramos et al, 2007).

Uma vez que o valor do germoplasma está relacionado diretamente à sua documentação e que esta deve ser acessada rápida, consistente e integralmente. (Morales et al., 1994; Jaramillo e Baena 2001), o estabelecimento de padrões que norteiem a documentação em bancos de germoplasma é útil para assegurar a troca de informações a conexão integral entre suas fontes mantenedoras (Bioversity Internacional, 2008).

Habitualmente, a documentação de germoplasma se dá via catálogo e fichas de informações unicamente confeccionadas a punho, dificultando a recuperação eficiente dos

dados pelo contingente de informações a serem registradas (Scheffer et al., 1999; França et al., 2017). E por conta disso a atividade de documentar se torna ineficiente, pois, informações como Descritores morfoagronômicos não são inseridos na documentação, pois leva um tempo considerável para escrever a punho, às vezes sendo muitos Descritores. Neste sentido, tem-se buscado alternativas para suprir a necessidade de gerenciar mais eficientemente os bancos de germoplasma como o que foi proposto por França et al, (2017). Entretanto, o uso do sistema da informação mediante o desenvolvimento de recursos computacionais proporcionaria melhores desempenhos nas atividades inerentes ao registro das informações.

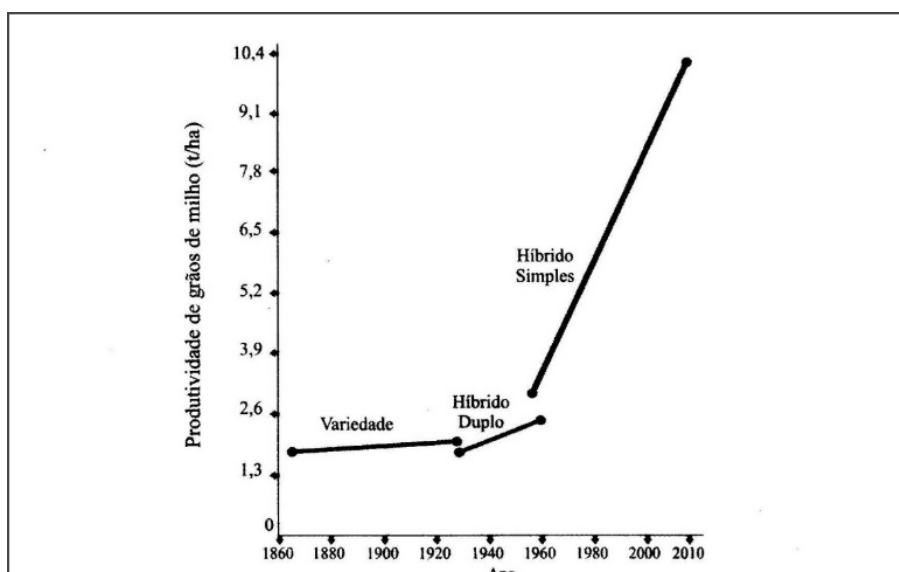
#### **2.1.4.4 Regeneração**

A fase de regeneração do banco de germoplasma se aplica ao rejuvenescimento e/ou multiplicação dos acessos, mantidos em bancos ex situ, quase sempre, na forma de sementes, destinadas à manutenção do patrimônio genético e ao uso em experimentos científicos. Assim, a regeneração de germoplasma obedece a dois critérios básicos, o tempo de viabilidade e a quantidade de material representativa disponível de cada acesso (Ramos et al, 2007).

#### **2.1.5 Implicações e Aplicações do Melhoramento Genético de Plantas**

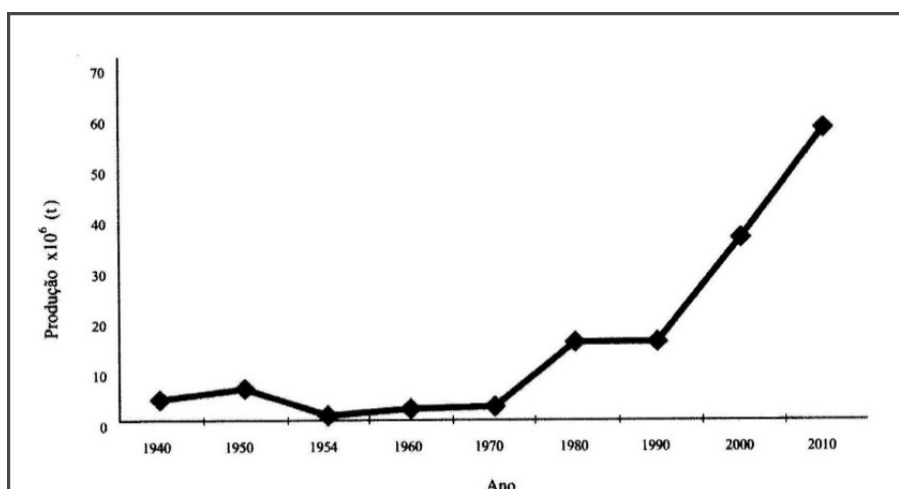
É a partir da variabilidade genética contida na biodiversidade e mantida em bancos de germoplasmas que o melhoramento de plantas pode desenvolver cultivares superiores. Por isso muitas pesquisas se destinam a estudar a diversidade genética das plantas, cita-se, por exemplo, os trabalhos de Almeida et al, (2011) com soja, Lucena et al, (2015) trabalhando com mamão e Nardino et al, (2017) com milho. Ramalho et al, (2012) em seu livro intitulado “Genética na Agropecuária”, elenca os ganhos em produção em decorrência da aplicação do melhoramento genético de duas commodities importantes na agricultura internacional, a cultura do milho (Figura 3) e a cultura da soja (Figura 4).

Figura 3: Produtividade de grãos de milho (Toneladas por hectare) de 1860 a 2008 nos Estados Unidos



Fonte: Ramalho et al., 2012

Figura 4: Dados do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE, 2009) da Evolução da produção da soja no Brasil



Fonte: Ramalho et al., 2012

O emprego do melhoramento genético de plantas não se resume, entretanto, apenas à obtenção de alimentos com quantidade e qualidade superiores. Neste contexto, vê-se que a sua aplicação é bastante extensiva: As potencialidades da cultura do algodão, por exemplo, permitem melhorias de atributos destinados à produção da fibra para a indústria têxtil, por outro lado, também permite a produção de óleo comestível, bem como destinado à produção de biocombustível (Carvalho et al, 2017). Silva et al, (2017) avaliou 96 progênies de meios-irmãos de batata-doce com potencial para produção de etanol. Adicionalmente o melhoramento de plantas também é visa às espécies florestais como o Eucalipto (Moraes et al., 2016).

## 2.2 Estado da Arte em TI

O estado da arte em TI trata de um assunto geral relacionado à tecnologia da informação, trazendo história e explicando termos que servem de base para compreender a importância do desenvolvimento de tecnologias em diversas áreas.

### 2.2.1 O Uso da Tecnologia e sua Contribuição para Avanço das Ciências no Passado e no Presente

A primeira revolução industrial ocorreu no início do século XVIII, e teve como ponto central a invenção do motor a vapor, que possibilitou o surgimento das primeiras indústrias, onde as máquinas passaram a substituir atividades humanas com mais velocidade e eficiência. A segunda revolução é marcada pela eletricidade, inovação que afeta os meios de produção e comunicação, permitindo comunicação à distância. Desfrutando dos avanços tecnológicos surge a terceira revolução que abre caminho para o surgimento da sociedade da informação, que se sustenta à base da tecnologia e da ciência (Santos e Carvalho, 2009).

Carvalho (1997) comenta que, a partir da primeira revolução industrial os conhecimentos tecnológicos e a estrutura social foram modificados de forma acelerada. Porém, foi a partir da segunda metade do século XX que a humanidade mais acumulou conhecimentos e mais acelerou o processo de transformações sociais. Francis Bacon (1561-1626) é considerado fundador da ciência moderna e seu pensamento influenciou fortemente no desenvolvimento do conhecimento científico pela proposta de estudos da metodologia científica.

Segundo Mokyr (2010), Bacon acreditava que a ciência poderia servir para a criação de conhecimentos a serem utilizados para o progresso e bem-estar social, dando origem ao pensamento racional e ao desenvolvimento do empirismo. Para Marsden (1991), entretanto, não está claramente definido o limite entre ciência e tecnologia, pois não se poderia imaginar a ciência sem a sua técnica; porém há uma limitação no que se diz respeito ao tratamento de questões e valores; a ciência, nos diz o que pode ser feito, mas não como ser feito para obter o resultado esperado.

Contudo, a necessidade tecnológica no mundo tornou-se perceptível, a exemplo, no âmbito da medicina com o desenvolvimento de equipamentos tecnológicos para realização de exames ou mesmo a utilização de sistemas computacionais para gerir informações e auxiliar no processo de tomadas de decisão como descrito por Sugahara e Viseli (2009).

Segundo Yamaguchi (2002) novas tecnologias estabelecem grandes mudanças nas organizações rurais, causando um forte impacto nas infraestruturas mais conservadoras, já que suas regras de gerenciamento são alteradas gradativamente, sobretudo porque foram feitas e organizadas para atender um mercado estável. Por esse ângulo a tecnologia é o maior causador dessas mudanças, aliados à facilidade da coleta, armazenamento,

processamento e disseminação dos dados.

Especialmente no agronegócio Schiefer e Zazueta (2003) descrevem que a TI tem a capacidade de gerar suporte ao setor agroalimentar, no sentido de lidar com os desafios, facilitando futuros desenvolvimentos. Para Batalha et al. (2005) a tecnologia de gestão, ou seja, a TI que automatiza e orienta os processos, deve formar um tripé fundamental ao lado da tecnologia de processo e de produto, e que a privação dela impacta diretamente na falta de competitividade dos agricultores familiares brasileiros.

### 2.2.2 Surgimento e Evolução da Internet

Partindo inicialmente da evolução dos computadores, os gigantescos computadores pós segunda guerra, chamados de *mainframes*; para os computadores de médio porte que permitiram às organizações a obtenção de seus próprios sistemas de processamento de dados, em virtude de apresentarem custo inferior e serem operativos em menores instalações em relação as primeiras máquinas comerciais. No entanto em 1981, a IBM deu um grande passo com a introdução dos microcomputadores lançando o Personal Computer, que permitia a descentralização do processamento, podendo ser utilizado em departamentos empresariais e residências (Bax e Leal 2001).

Mas para o surgimento da web que temos hoje, foi necessário outra grande evolução, o avanço das redes de computadores; Tanenbaum (2003) defini a rede de computadores como um conjunto de computadores autônomos interconectados por uma única tecnologia.

A partir dos anos 1970 a rede de computadores têm se tornado essencial na comunicação global; e o crescimento da Internet global é um dos acontecimentos mais importantes em redes, recurso que, na época, ainda era concentrado no meio acadêmico e militar; em 1980 a Internet era um projeto de pesquisa que envolvia algumas dezenas de sites, hoje se tornou um sistema que concentra milhões de utilizadores em todo o mundo, promovendo acesso através de diferentes tecnologias de cabos de conexão e tecnologias sem fio (Comer, D. E. 2016).

### 2.2.3 Interação Humano-Computador (IHC)

A Interação entre o homem e um programa de computador se dá através do UI (*User Interface*, em português Interface de Usuário). É determinante a qualidade da interface através dos conceitos de usabilidade, unindo os seguintes fatores: facilidade de aprendizado, baixa taxa de erros de uso, satisfação subjetiva do usuário e retenção da forma de uso com o tempo, e alta velocidade para a execução de tarefas (Shneiderman 1992).

O estudo de IHC envolve várias áreas como engenharia de software, linguística, ergonomia, ciência comportamental, etc. E os seus resultados são de grande importância para o avanço da web, pois irão expor as regras a serem seguidas para garantir melhor

eficiência na interação com a web (Nielsen 1999).

Com o aprofundamento no estudo em IHC e a utilização de ferramentas como Bootstrap e Javascript, que facilitam o desenvolvimento front-end de um sistema, é possível conseguir usabilidade aceitável e maior interação com a interface de usuário como proposto no sistema Big Bag. Essas tecnologias facilitam a implementação das funcionalidades juntamente com os componentes visuais, promovendo maior interatividade e tornando a aplicação adaptável e funcional não só em desktops ou notebooks como também em dispositivos móveis.

Pressman (1995) considera que a necessidade de interfaces bem projetadas vai se tornando cada vez maior, na medida em que o uso dos computadores vai aumentando. As interfaces são as “embalagens” dos softwares. Se o aprendizado for fácil e a utilização for simples, o usuário fará um bom uso de seu conteúdo.

Um dos critérios mais importantes de ser estudado para a construção de interfaces bem elaboradas é o conceito de usabilidade, a NBR 9241-11 defini o termo como:

*“A medida no qual um produto pode ser usado por usuários específicos para alcançar objetivos específicos com eficiência, eficácia e satisfação em um contexto específico de uso.”* (ISO 9241, 1998, apud NBR 3241-11, 2002)

Os critérios avaliados serão os aspectos de usabilidade definidos por Nielsen (1993) como: aprendizagem, eficiência, memorização, erros e satisfação.

- **Aprendizagem:** O autor defini aprendizagem como, a facilidade que o sistema têm de ser compreendido de modo que o usuário possa rapidamente obter os resultados desejados.
- **Eficiência:** O sistema deve ser eficiente de modo que, após o aprendizado do usuário em utilizar o sistema, um alto grau de produtividade seja possível.
- **Memorização:** O sistema deve ser fácil de memorizar, de tal forma que após um período de tempo sem utilizá-lo, ele possa recordar as funcionalidades sem ter que aprender novamente.
- **Erros e satisfação:** O uso do sistema deve apresentar baixa taxa de erros de modo que o usuário seja conduzido a cometer poucos erros ao usá-lo, e caso cometam erros, sua correção ou tratamento sejam simples; o sistema deve ser agradável de modo que os usuários se sintam subjetivamente satisfeitos em utilizá-lo.

---

---

# CAPÍTULO 3

---

## Trabalhos Correlatos

Neste capítulo vamos apresentar alguns trabalhos similares ao que foi desenvolvido neste trabalho, estes são basicamente sistemas computacionais gerenciais (SIGs) que auxiliam na tomada de decisão como o Big Bag, e que possuem a finalidade de administrar e gerenciar a informação, no entanto, em diferentes contextos de aplicação.

### 3.1 BAG Sistema de Gerenciamento

O software é destinado ao gerenciamento das atividades nos bancos ativos de germoplasma (BAGs), localizado na Embrapa Trigo, possuindo interfaces para os utilizados do sistema. O sistema é dividido em dois módulos de utilização, sistema de gerenciamento e o módulo de pesquisa e solicitação de acessos.

O módulo de gerenciamento e pesquisa permite o cadastro dos dados dos acessos (genótipos) destinados ao gerenciamento do recurso genético como saldo, origem, porcentagem de germinação inicial entre outros. O módulo permite também a pesquisa avançada dos acessos, selecionando critérios (filtros) de pesquisa como procedência, cruzamento, país de origem entre outros.

O módulo de pesquisa e solicitação de acessos destina-se aos usuários externos ao BAG e internos da Embrapa Trigo, nessa interface o usuário poderá pesquisar o acesso via nome do genótipo, mas também permite pesquisa avançada definindo parâmetros de pesquisa como cruzamento, origem, filtros nos dados de passaporte entre outros. No mesmo módulo também é permitido fazer a solicitação online de germoplasmas, bastando selecionar os acessos e quantidade desejada que esteja dentro dos limites adequados para o fornecimento do BAG.

O sistema foi desenvolvido utilizando linguagens que permitissem a utilização

em navegadores web. As principais ferramentas utilizadas foram PHP, em conjunto com HTML e Javascript e Banco de Dados Mysql (Bonow et al., 2008).

Fazendo um comparativo entre o sistema da BAG Embrapa e o sistema proposto nesse trabalho (Big Bag), podemos citar sobre o BAG Embrapa a principal diferença, que são, os módulos que funcionam para usuários externos à organização, como dito anteriormente esses módulos permitem a solicitação e a pesquisa online de genótipos. Também promove maior organização no gerenciamento dos germoplasmas podendo cadastrar produtos (trigo, centeio, cevada, etc), novos gêneros dentro do produto e novas espécies dentro dos gêneros, enquanto que no Big Bag os genótipos ficam organizados sem separação por espécies; e também não possui acesso à usuários externos à organização.

Deve-se considerar que o Big Bag foi inspirado nas técnicas de manejo da universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro do estado do Rio de Janeiro, e que essas técnicas podem ser diferentes de organização para outra.

## **3.2 Modelo de Sistema de Gerenciamento de Produção para PMI's**

As pequenas e médias indústrias (PMI's) necessitam de um sistema flexível, enxuto e simples para integrar seus processos de produção. O estudo da adaptabilidade e integração de técnicas de gestão da produção, revela um grande ganho em automação, e um declínio em complexidade, decorrente principalmente da utilização de técnicas ultrapassadas ou incompatíveis.

Percebendo a necessidade o autor define o trabalho tendo os principais objetivos: utilizar técnicas integradas de gestão de produção, em vista de unificar as variáveis do sistema e facilitar sua implantação e operacionalização; e também a integração em uma rede eficiente de informações, utilizando tecnologia da informação; gerando como resultado o desenvolvimento de um sistema distribuído de gestão da produção para PMI's multiprodutoras, com produção sobre pedido ou encomenda.

O sistema possui uma gama de funcionalidades para gestão e controle; funcionalidades relacionados ao estoque e produção, gerenciamento de materiais e também de custos. É notável os benefícios trazidos junto com a implantação de um sistema gerencial, nesse caso: O gerenciamento de estoques utilizando métodos específicos possibilitou um maior controle dos artigos armazenados e também gerou economia nos custos de armazenamento; e também o fator de apoio à decisão relacionados ao controle de produção a partir de gráficos gerados no próprio sistema Teixeira Júnior, R. F. (1998).

O trabalho proposto é um exemplo da importância da utilização de sistemas gerenciais (SIGs) nas organizações onde são responsáveis não só para gerenciar informações, mas também se mostram importantes no apoio à decisões.

### 3.3 Sistema de Gerenciamento e Otimização de Recursos (SGOR)

A enfermagem, dentro de um hospital, por atuar 24 horas por dia durante a semana inteira, trabalha em sistemas de escalas. Assim a escala mensal, os dias de folga de cada profissional, deve ser planejados e distribuídos de forma racional no sentido de manter a assistência aos pacientes sem interrupções. Neste contexto, a liderança da enfermagem do hospital Albert Einstein (HIAE), sentiu a necessidade de desenvolver um sistema eletrônico que pudesse auxiliar na confecção das escalas de trabalho dos profissionais.

O sistema deve planejar, gerenciar e otimizar os processos relacionados à confecção e administração diárias das escalas mensais dos profissionais. Até 2005 o hospital fazia o gerenciamento por meio de planilhas do Excel e disponibilizada em papel, gerava grandes transtornos pelo grande esforço manual e difícil análise. O sistema foi desenvolvido com as tecnologias ASP.NET e utilizando a plataforma da Microsoft dot.Net, e SQL Server 2000 como linguagem de banco de dados.

O SGOR é dividido em dois módulos: o de escala eletrônica que substitui a escala mensal realizada em Excel e o de gerenciamento, para realizar cálculos de otimização. O módulo de escala eletrônica permite a realização das escalas mensais por área e por categoria profissional e visualização online para todos os profissionais. E o módulo de gerenciamento realiza o controle diário das escalas planejadas calculando a relação real de paciente-enfermeiro e paciente-técnico, indicando as unidades em que há falta ou sobra de profissionais.

A implantação do SGOR resultou também no armazenamento eletrônico dos dados, permitindo de forma segura e rápida, a mensuração e a análise dos dados. A tecnologia também trouxe mais transparência em alguns processos como: o remanejamento dos profissionais entre as unidades; e trouxe a visualização online tanto das escalas das unidades quanto das respectivas demandas de pacientes (ROSSETTI, A. C., Carqui, L. M. 2009).

### 3.4 Sistema de Gerenciamento de Informações Agrícolas (Agro WEB)

O agronegócio é responsável por 33% do Produto Interno Bruto (PIB), sendo 42% das exportações e 37% dos empregos no Brasil. Com a globalização do mercado, o sucesso de uma empresa, principalmente no agronegócio, depende cada vez mais de fornecedores, produtores de matéria-prima, processadores e distribuidores (GALVÃO, Wiliam Carlos 2010).

Neste trabalho foi desenvolvido um sistema web para gerenciamento de informações agrícolas, que auxilia o produtor rural no gerenciamento de informações e na tomada de

decisão na compra, armazenagem e utilização de insumos no intuito de ganhar velocidade nos processos de gerenciamento, e garantir consistência, disponibilidade e segurança nos dados. O sistema foi desenvolvido em linguagem PHP e banco de dados Firebird.

No projeto do sistema, serão tratados: controle de estoque e aplicação de insumos (sementes, adubação, calagem, defensivos); controle de uso e manejo do solo; controle de produção; controle de uso e manutenção de maquinário agrícola; controle de armazenagem de produto final e, finalmente, venda de produto. O sistema promete ser de fácil manuseio, interpretação e também auxiliar no processo de tomada de decisão do produtor agrícola.

O sistema possui várias funcionalidades que visa atender o produtor rural, com módulos de operações que possibilitam cadastro de clientes, fornecedores e funcionários, gerenciamento de compras, vendas, financeiro, relatórios, solo, insumo e implementos. Também permite administrar o sistema, fazendo backup, auditoria, e alterando permissões de acesso.

Diante das possibilidades do gerenciamento de informações e auxílio à decisão na gestão, destaca-se: a elaboração de relatórios em tempo real, independentemente de localização geográfica, relatórios analíticos e gráficos com consistência e confiabilidade das informações, oferecendo ainda nível aceitável de segurança dos dados e informações (GALVÃO, Wiliam Carlos 2010).

Como observado o sistema Agro Web é mais voltado ao agronegócio, com funções que cadastram e controlam clientes e gerenciam a produção, diferente do sistema Big Bag que foi desenvolvido como ferramenta para auxiliar na gestão de um banco ativo de germoplasma no processo de melhoramento genético vegetal.

## 3.5 Software Bonanza Gold

O Bonanza Gold é um software que roda em plataforma Windows desenvolvido em parceria com o departamento de economia rural da Universidade Federal de Viçosa destinado ao controle completo de todas as atividades agrícolas e/ou animais de uma propriedade rural. O sistema foi desenvolvido para atender as necessidades de controle financeiro, administrativo, gerencial e manejo (Bonanza, 2018).

O Bonanza Gold permite ao usuário controlar todas as vendas, produções e despesas da propriedade. Além disso, também permite controlar os animais (individuais ou por lotes), plantios (gerais ou por talhão), estoques, funcionários, movimentações bancárias, contas a pagar, contas a receber, etc (Bonanza, 2018).

O software possui mais de 80 tipos de relatórios, que auxiliam o pequeno, médio e grande proprietário do setor rural a ter uma visão detalhada do seu empreendimento. As áreas e profissionais que o sistema abrange são: agricultores, criadores de animais, administradores rurais, agrônomos, zootecnistas, veterinários, economistas, consultores e qualquer pessoa que possua um terreno em área rural. (fazendas, granjas, cooperativas, sítios, chácaras e outros) (Bonanza, 2018).

Além disso, o sistema pode controlar diversas culturas de plantas como café, milho, soja, algodão, cana-de-açúcar, eucalipto, feijão, trigo, arroz, batata, mandioca, cebola, cenoura, tomate, cogumelos, pimenta, hortaliças, cacau, laranja, frutas em geral entre outras. Se o usuário desejar, os controles agrícolas poderão ser realizados por talhão ou áreas de plantio.

Como também pode controlar diversas espécies de animais como bovinos de corte, bovinos de leite, frangos de corte, aves poedeiras, suínos, caprinos de corte, caprinos de leite, ovinos, peixes, rãs, equinos e outros. O controle poderá ser realizado individualmente (animal por animal) ou por lotes (Bonanza, 2018).

O sistema Bonanza Gold possui funcionalidades semelhantes ao Agro Web visto acima, tornando-o um sistema comercial voltado ao agronegócio. Porém possui suas especificidades, possuindo funcionalidades que gerenciam diversas culturas de plantas como também animais, mostrando ser uma aplicação bem completa.

### **3.6 Sistema de Informação Gerencial de Vendas para uma Software House**

Este trabalho apresenta o desenvolvimento de um sistema de informação gerencial aplicado à área de vendas de uma software house e tem como objetivo principal gerar informações que auxiliem na melhoria dos processos operacionais, de controle, de gerenciamento e de tomada de decisões deste tipo de negócio. Uma software house é uma empresa ou organização que se dedica a construir software geralmente com fins comerciais.

Sua elaboração pode ser vista como um passo inicial para a padronização dos processos de vendas internas e externas da empresa, objetivando estruturar uma cultura de busca, registro e utilização da informação a fim de obter bases concretas para a tomada de decisão. Isso inclui funções que ajudam nessa gestão como: gestão de clientes e gestão comercial como também gerenciamento de vendas e de equipe de vendas. Os objetivos específicos se resumem em proporcionar informações quanto ao trabalho realizado pela força de vendas visando à eficácia do processo e fornecer informações gerenciais sobre vendas e os projetos.

O sistema foi desenvolvido em linguagem PHP, onde promove a utilização em plataforma web, visando facilitar o seu acesso de qualquer lugar com acesso à Internet (TIERGARTEN, B. 2004).

### **3.7 Aplicativos Móveis para Consulta de Informações de Gerência Ágil de Processos Utilizando LPS**

Uma Linha de Produtos de Software (LPS) é um conjunto de softwares que compartilham entre si uma série de características que satisfazem as necessidades específicas

de um determinado segmento de mercado (KRUEGER, 2006).

Nesse trabalho é apresentada uma série de três aplicativos para Android, desenvolvidos a partir de uma Linha de Produtos de Software. Esses aplicativos tem a função de apresentar as informações geradas por três ferramentas web para gerência de projetos ágeis, cada aplicativo faz a comunicação com cada uma das ferramentas (SANTOS, 2013).

Juntamente com a popularização dos smartphones mais a necessidade de disponibilizar as informações geradas pelas ferramentas de gerência de métodos ágeis para todos os envolvidos no projeto, surge a ideia de desenvolver aplicações que não necessitem de navegadores para carregar informações, com isso os aplicativos para dispositivos móveis possuem essa característica.

Esse trabalho resultou no desenvolvimento de uma LPS composta de três aplicativos para Android, onde cada aplicativo é responsável por acessar os dados gerados por três diferentes ferramentas web para gerência de equipes ágeis selecionadas. As ferramentas web selecionadas foram *Pronto*, *tinyPM* e *Agilefant*, por serem ferramentas de código aberto ou por possuírem uma versão gratuita que pudesse ser baixada e instalada em um servidor próprio (SANTOS, 2013).

A comunicação entre os aplicativos e as ferramentas web ocorreram com sucesso, permitindo que as informações geradas pelas ferramentas fossem apresentadas nos aplicativos desenvolvidos (SANTOS, 2013).

### 3.8 Comparativo e Benefícios

Com o passar do tempo a tecnologia vem sendo um grande aliado no tratamento da informação, pois conseguiu inovar no processo de armazenamento e processamento de dados, transformando esses dados em informações precisas e com um significado a mais.

Mas para isso os sistemas computacionais devem se alinhar à forma de trabalhar das organizações onde serão implantadas, exibindo a informação coerente à realidade e com a finalidade de auxiliar no processo de decisão de um gestor.

O Big Bag não foge dessa ideia, sendo um sistema de objetivo semelhante aos dos sistemas citados acima, no entanto, possui suas particularidades que se ajustam com o processo de tratamento das informações nos ambientes de conservação de sementes. Assim como, os sistemas que gerenciam a produção de uma pequena ou média indústria, ou àqueles que gerenciam as vendas de uma organização desenvolvedora de software, portanto, cada um possui suas especificidades e buscam um objetivo, que é tratar as informações e torná-las úteis para a organização.

---

---

## CAPÍTULO 4

---

### Sistema Gerencial Big Bag

O Big Bag se encaixa como um sistema de informação gerencial (SIG), onde dispõe de funcionalidades que facilitam o gerenciamento da informação, e gera relatórios que sirvam de apoio ao planejamento. O sistema surgiu mediante interações com pesquisadores da área de melhoramento genético de plantas, reconhecendo a importância de promover organização e consistência dos dados alimentados a partir dos bancos ativos de germoplasma, com o objetivo de trazer mais facilidade e agilidade na gestão das informações, através de sistemas computacionais.

A área de melhoramento genético de plantas é o principal alvo do sistema, e que abrange áreas como agronomia, biologia, engenharia florestal e fitotecnia. Os curadores dos BAGs serão os principais utilizadores e administradores do sistema os quais possuem formação em genética e melhoramento de plantas ou áreas afins.

Para entender mais claramente a demanda, bem como aperfeiçoar o sistema mediante a diversidade de espécies vegetais estudadas, foi elaborado um questionário com perguntas para diferentes profissionais da área, e utilizado durante todo o processo de testes de protótipo obtendo *feedbacks* constantes dos usuários. Estes seriam possíveis utilizadores do sistema. Gil (1999) define um questionário como a técnica de investigação composta por um número mais ou menos elevado de questões, tendo por objetivo o conhecimento de opiniões, crenças, sentimentos, interesses, expectativas, situações vivenciadas etc.

Neste sentido, para coleta das informações pertinentes a este trabalho, foi utilizada a plataforma web da Google, *Google Forms* que facilita a obtenção e análise dos dados obtidos. O formulário tem por objetivo também, coletar informações inerentes à usabilidade do sistema, a fim de melhorá-lo em futuras implementações (Apêndice A).

Nesta seção são apresentados detalhes da implementação do sistema que foi cons-

truído no decorrer do desenvolvimento deste trabalho. As próximas subseções apresentam as metodologias relacionadas ao desenvolvimento e pesquisa, juntamente com a análise de requisitos e tecnologias utilizadas no processo de elaboração do sistema, esta seção também apresenta os diagramas de atividade de acordo com as funções do sistema, no intuito de facilitar a compreensão das funcionalidades juntamente com a usabilidade do sistema.

## 4.1 Metodologia de Desenvolvimento

Paula Filho (2009) mostra a importância de se definir uma metodologia de desenvolvimento na engenharia de software, ela argumenta que processos podem ser definidos para atividades como desenvolvimento, manutenção, aquisição e contratação de software. Para cada um desses processos podem-se definir subprocessos. O processo de desenvolvimento, por exemplo, abrange subprocessos de determinação dos requisitos, análise, desenho, implementação e testes.

O sistema foi desenvolvido usando os processos de software baseados em metodologias ágeis. A metodologia ágil surgiu em 2001 quando dezessete especialistas em processos de desenvolvimento de software se uniram e compartilharam conhecimento dos princípios comuns de cada metodologia existente até aquela época. Daí foi criada a Aliança Ágil surgindo então o Manifesto Ágil (Agile Manifesto, 2018).

Segundo Agile Manifesto (2018) os conceitos do “Manifesto Ágil” são:

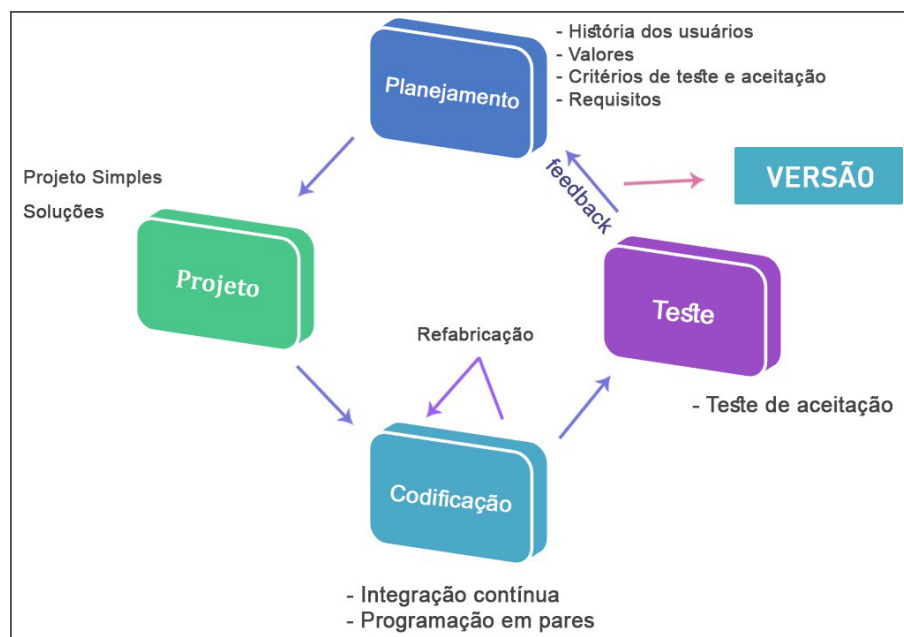
- **Indivíduos e interações** mais que processos e ferramentas.
- **Software e funcionamento** mais que documentação abrangente.
- **Colaboração com o cliente** mais que negociação de contratos.
- **Responder a mudanças** mais que seguir um plano.

Essas metodologias são utilizadas em projetos em que há muitas mudanças, geralmente apresentando requisitos vagos e que se modificam rapidamente como foi no caso do Big Bag. Obtendo *feedbacks* constantes dos envolvidos, faz-se necessário refazer partes do código, porém nessa metodologia essa atividade não deve representar uma atividade de alto custo, as datas de entrega do software são curtas e o desenvolvimento rápido é essencial.

Dentre as diversas metodologias ágeis existentes, foi utilizada neste projeto a metodologia XP também chamada de *Extreme Programming*, por conta da necessidade de *feedbacks* constantes, desenvolvimento iterativo e mudanças rápidas nos requisitos do software; enfatizando o desenvolvimento rápido do projeto garantindo o objetivo final. A XP é conduzido por quatro valores segundo Beck (2004), são eles: Comunicação, simplicidade, *feedback* e coragem.

- **Comunicação:** A comunicação vem no sentido de manter a melhor relação possível entre os clientes e desenvolvedores.
- **Simplicidade:** A simplicidade permite a criação de códigos simples que não devem possuir funções desnecessárias, ou seja, procura-se implementar o sistema com o número mínimo possível de classes e funções, e implementando apenas requisitos atuais, evitando adicionar funcionalidades que só serão talvez importantes no futuro.
- **Feedback:** O *feedback* constante por parte do cliente está relacionado a utilização de uma parte funcional do sistema, podendo sugerir ao desenvolvedor novas características para o sistema.
- **Coragem:** E a coragem se relaciona aos outros três valores anteriores, ou seja, é necessário ter coragem para manter-se comunicativo, ou para trabalhar com códigos que precisam ser reestruturados sempre que necessário, ou coragem para obter *feedbacks* constantes de usuários e está apto a mudanças drásticas (Soares, M. 2004).

Figura 5: Funcionamento de metodologia XP



Fonte: O autor

Como é mostrado na figura 5, o processo se inicia na fase de planejamento, onde é necessário ter contato com os possíveis usuários do sistema, no intuito de ter conhecimento dos principais requisitos e características que serão importantes para a versão final do sistema, assim como verificar os critérios para teste de aceitação, que será usado pelo usuário durante a avaliação do primeiro protótipo do sistema. Após a fase de planejamento, segue a fase de projeto que define soluções para o início da fase de codificação do projeto, como linguagens de programação e ferramentas que ajudarão no processo de desenvolvimento.

O sistema começa a sair do papel na fase de codificação, aproveitando os artefatos gerados nas fases anteriores, como diagramas e requisitos, no intuito de gerar o primeiro protótipo do sistema, onde deverá possuir funcionalidades básicas que ainda não atendem as necessidades finais dos usuários que utilizarão o sistema, no entanto, ajuda a equipe de desenvolvimento na implementação das próximas versões, junto aos *feedbacks* deixados na fase de teste de aceitação.

## 4.2 Requisitos

A documentação de requisitos pode ser definida como principal artefato para elaboração de um software. É dele que se extraem as funcionalidades, os objetivos, as propriedades, e as restrições que o sistema deve possuir. Documento analisado com o objetivo de obter a ideia exata que a aplicação se trata. Os requisitos se dividem em dois tipos, requisitos não funcionais e requisitos funcionais que serão detalhados adiante.

### 4.2.1 Elicitação de Requisitos

A metodologia de desenvolvimento utilizada, como dito anteriormente permite constante mudança nos requisitos do sistema, todavia, há uma necessidade de obtenção de requisitos na etapa inicial da elaboração do projeto para colher informações apropriadas para a etapa de planejamento e primeira prototipagem.

Essas informações foram colhidas através de pesquisa, inicialmente com pesquisadores, mestres e doutores da Universidade Estadual do Norte Fluminense no estado do Rio de Janeiro. Pesquisa que basicamente teve o objetivo de trazer um entendimento essencial da abrangência do sistema e suas funcionalidades iniciais.

Nessa fase foram obtidos alguns dos requisitos necessários para elaboração do projeto, da tabela (Tabela 1) de requisitos funcionais, são eles: 1, 4, 5, 6, 7, 8, 11, 12, 13, 14, 15, 16. E da tabela (Tabela 2) de requisitos não funcionais, são eles: 1, 2, 5, 6, 7, 8, 9, 10.

Para a obtenção de todos os requisitos mostrados nas tabelas de requisitos, tabela 1 e tabela 2, foram necessários várias iterações nos processos de pesquisa, análise de requisitos, desenvolvimento, prototipagem, teste com usuário e *feedback* constante através do questionário de pesquisa (Apêndice A).

### 4.2.2 Requisitos Funcionais

Um requisito funcional define uma função de um sistema de software ou seu componente. Ele representa o que o software faz, em termos de tarefas e serviços. Abaixo lista os requisitos funcionais e a prioridade de implementação para funcionamento do sistema.

Tabela 1: Requisitos funcionais

Nº	REQUISITO	PRIORIDADE
01	O sistema deve cadastrar os genótipos (Acessos) com as seguintes informações: Espécie / Tipo, Nome Batismo, Estrutura Genética, Altura Média, Dias para Florescimento, Endogamia, Instituição de Hospedagem, Ano de Obtenção, Quantidade, Procedência de Aquisição, Origem Genealógica, Instituição / Cidade de Origem Genealógica, Observação e Foto	ALTA
02	O sistema deve permitir ao usuário cadastrar no Acesso quantos Descritores morfoagronômicos quiser	ALTA
03	O sistema deve gerar relatório individual das informações do acesso	ALTA
04	O sistema deve permitir Gerenciamento desse acesso, podendo ser alterado ou excluído	ALTA
05	O sistema deve gerar relatório personalizado simplificado de todos os acessos. Com as seguintes informações, Nome de Batismo, Espécie/Tipo, Estrutura Genética, Endogamia, Altura Media, Dias Florescimento, Origem Genealógica, Cidade de Origem	MÉDIA
06	O sistema deve permitir a inserção de novas sementes no acesso, selecionando antes a data de obtenção referente	ALTA
07	O sistema deve permitir a remoção de sementes do acesso, selecionando antes o Ano de obtenção referente	ALTA
08	O sistema deve gerar relatório de controle individual de Entrada e Saída de sementes do acesso. Com as Informações: Quantidade (Inserida ou Removida), Controle (Entrada ou Saída), Procedência de Transação e Data de Transação	ALTA
09	O sistema deve gerar relatório geral de controle de Entrada e Saída de sementes dos Acessos	ALTA
10	O sistema deve permitir filtrar as informações do relatório geral de Entrada e Saída de sementes, por Nome de Batismo, Ano de Obtenção, Quantidade Inserida ou Removida, Controle (Entrada ou Saída), Procedência de Transação e Data de Transação	MÉDIA

11	Para adicionar sementes o sistema deve permitir a opção de inserir um novo ano de obtenção do Acesso	ALTA
12	O sistema deve permitir a opção de descartar sementes de um ano de obtenção específico	ALTA
13	O sistema deve permitir ao usuário, informar o tempo máximo de conservação de sementes	ALTA
14	O sistema deve permitir gerar relatório de Acessos fora do tempo de conservação informado pelo usuário	ALTA
15	O sistema deve permitir ao usuário, informar a quantidade mínima de sementes para estado de escassez	ALTA
16	O sistema deve permitir gerar relatório de Acessos com sementes em nível de escassez	ALTA
17	O sistema deve oferecer nos processos de Abrir Acesso, Adicionar Sementes e Retirar Sementes, tanto a opção de entrada manual, ou Leitura de Código de Barras, para identificar o Acesso	BAIXA
18	O sistema deve permitir a impressão de quaisquer relatórios gerados no sistema	ALTA
19	O sistema deve permitir gerar e imprimir etiquetas com as informações: Nome de Batismo, Código de Barras, Procedência de aquisição e Ano de Obtenção	MÉDIA

Os requisitos funcionais apresentam todas as funcionalidades que o sistema deve ter para garantir o objetivo da aplicação. Na tabela 1 é mostrado os requisitos de cadastro e consulta de informações como o requisito 1, que informa quais atributos devem ser salvos no cadastro do acesso(genótipo). Além disso o requisito 2 sugere uma funcionalidade muito importante para o sistema, pois oferece ao usuário a opção de documentar todas as características de um genótipo.

O processo de gerenciamento de entrada e saída de sementes é citado nos requisitos 6, 7, 11 e 12, esse processo é importante para que o administrador do BAG futuramente tenha controle sobre a procedência do uso das sementes, e possa mais tarde tomar decisões para a manutenção do BAG.

As funcionalidades a respeito dos relatórios que podem ser gerados no Big Bag são citados nos requisitos 3, 8, 9, 10, 14, 16 e 18. Para que um sistema gerencial possa auxiliar o usuário é importante a produção de relatórios, eles serão significativos no processo de gestão para a tomada de decisão.

O requisito 19 cita uma funcionalidade interessante para auxiliar na identificação

visual do acesso no banco físico de sementes, pois após o acesso ser salvo no sistema, o usuário poderá gerar uma etiqueta para impressão com as informações que identificam o genótipo no BAG, podendo ser usado também para identificação no sistema através do leitor de código de barras.

### 4.2.3 Requisitos não Funcionais

Requisitos não funcionais são os requisitos relacionados ao uso da aplicação em termos de desempenho, usabilidade, confiabilidade, segurança, disponibilidade, manutenção e tecnologias envolvidas. Segue a tabela 2 a listagem desses requisitos.

Os requisitos da tabela 2 exibem as características do sistema, tais como tecnologias que devem ser utilizadas (requisito 4) ou restrições que visam evitar erros no gerenciamento da informação como mostra os requisitos 6, 7, 11 e 12.

Os requisitos 1, 2 e 3 exibem a importância de obter *feedback* do sistema, para o usuário ter conhecimento do que está acontecendo naquele momento com o sistema e as informações ali depositadas.

Os requisitos 8, 9 e 10 citam sobre a usabilidade e acessibilidade do sistema, sugerindo que deve ser fácil e simples de utilizar.

Tabela 2: Requisitos não funcionais

Nº	REQUISITO	PRIORIDADE
01	O sistema deve alertar visualmente o usuário caso exista Acesso com Sementes em Níveis de Escassez	ALTA
02	O sistema deve alertar visualmente o usuário caso haja Acesso com Sementes fora do tempo de conservação	ALTA
03	O sistema deve informar o usuário por alerta visual, quando estiver sem conexão com a internet	BAIXA
04	O sistema deve funcionar na web, oferecendo suporte à dispositivos mobile, laptops ou desktops	ALTA
05	O sistema só pode ser acessado após fazer login e senha	ALTA
06	O usuário não poderá salvar o acesso sem as seguintes informações: Nome de Batismo, Nome Completo, Espécie / Tipo, Ano de Obtenção, Quantidade de Sementes (em gramas) e Procedência de Depósito	ALTA
07	O usuário não poderá salvar Acessos com Nomes de Batismo Iguais	ALTA
08	O sistema deve apresentar fácil acessibilidade (O menu pode ser integralmente acessado pelo teclado, usando a tecla Tab, Shift, Esc e Enter)	MÉDIA
09	O sistema deve apresentar boa interatividade e usabilidade	MÉDIA
10	O sistema deve ser intuitivo	MÉDIA
11	O sistema não deve permitir acentos e caracteres especiais a não ser traço ou underline, no campo Nome de Batismo no momento do cadastro de Acesso	ALTA
12	O sistema deve limitar em 15 caracteres no total, para o Nome de Batismo no cadastro de Acesso	ALTA

## 4.3 UML

A Linguagem de Modelagem Unificada ou *Unified Modeling Language* (UML) foi utilizada para estruturar a ideia, para o desenvolvimento do projeto proposto; esta ferramenta consiste numa linguagem-padrão para a elaboração da estrutura de projetos de *software*. Além disso, pode ser utilizada para estabelecer uma linguagem visual comum no âmbito do desenvolvimento de software.

### 4.3.1 Diagrama de Caso de Uso

Os diagramas de casos de uso são utilizados para capturar os requisitos funcionais do sistema, referem-se a serviços, tarefas ou funcionalidades identificadas como necessárias para o *software* e que podem ser utilizados de alguma maneira pelos utilizadores do sistema (Guedes, G. T. 2018).

Para acessar o sistema o usuário deverá obrigatoriamente fazer login. No menu

principal o sistema é dividido em duas partes principais, “Genótipos” e “Sementes”.

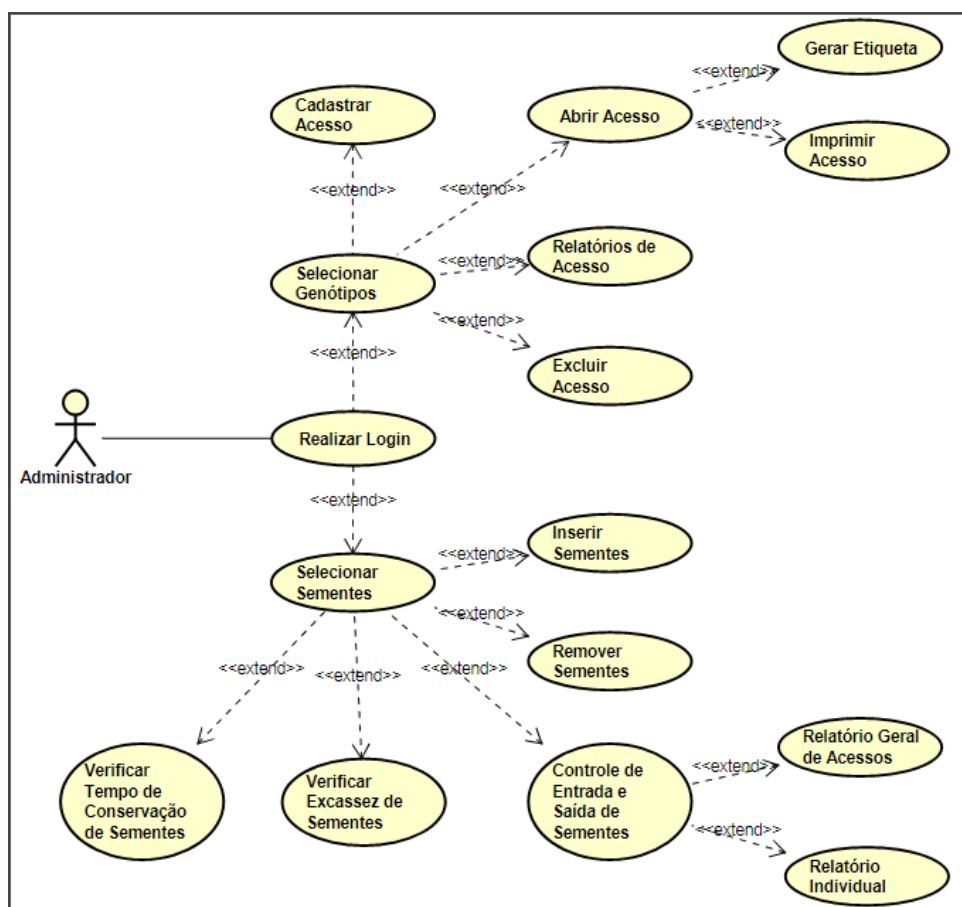
Para detalhar melhor graficamente as funcionalidades do sistema foi desenvolvido o diagrama de caso de uso da utilização do menu principal para nortear a execução do projeto (figura 6).

No módulo “Genótipo” o usuário poderá gerenciar os acessos (genótipos) podendo inserir um acesso ou excluí-lo, abrir um acesso existente, gerar etiquetas de identificação para uso nos bancos físicos de germoplasma, atualizar as informações do acesso, obter relatórios simplificados de todos os acessos ou relatórios detalhados de um acesso específico.

No módulo “Sementes”, o usuário poderá gerenciar a entrada e saída de sementes, podendo inserir ou remover sementes de determinado acesso, e gerar relatórios dessas entradas e saídas, facilitando a rastreabilidade das sementes. Além de verificar acessos em nível de escassez, ou fora do tempo de conservação. Variáveis de tempo de conservação e nível de escassez são definidas pelo próprio administrador do sistema, por exemplo, o administrador define em escassez um limite de ‘100 gramas’, o sistema verifica se existe algum acesso com quantidade de sementes abaixo de 100 gramas, e a defini em estado de escassez.

Semelhante para o tempo de conservação, se o administrador definir ‘3 anos’ o limite máximo para tempo de conservação sendo este ano 2018, o sistema defini os acessos com anos de obtenção abaixo de 2016 como sementes fora do tempo de conservação, podendo ser descartado pelo administrador do BAG; e caso o valor de algum acesso esteja abaixo do permitido tanto para o nível de escassez quanto para o tempo de conservação, o sistema notifica por meio de um alerta visual.

Figura 6: Diagrama de caso de uso do Big Bag



Fonte: O autor

### 4.3.2 Diagrama de Classes

O diagrama de classes é um dos mais importantes e utilizados da UML segundo Guedes, G. T. (2018), seu principal foco é permitir a visualização das classes que compõem o sistema, acompanhados de seus atributos e métodos, também demonstram como as classes se relacionam e se comunicam entre si. Como pode ser visto na figura 7.

Este diagrama (figura 7) demonstra a relação entre as tabelas, onde temos a tabela “acesso” que armazena as informações imprescindíveis para a documentação do genótipo, ela se relaciona com “repositoSementes” armazenando informações da quantidade total de sementes disponível no Acesso para os anos de obtenção cadastrados; Por exemplo, o acesso “kurosaw123” pode obter sementes de vários anos diferentes: 2010, 2011 e 2011/2012, cada ano de obtenção será um repositório de sementes gerenciado individualmente para aquele acesso.

A tabela “caracteristicaAcesso” armazena as informações correspondentes às características referentes àquele acesso específico, sendo que a tabela “caracteristica” armazena todas as características inseridas no sistema. Ou seja, ao inserir o descritor/característica ‘Diâmetro de folha’ em algum acesso, é armazenado esse descritor na tabela “caracteristica” e na tabela “caracteristicaAcesso” a relação do acesso com o descritor.

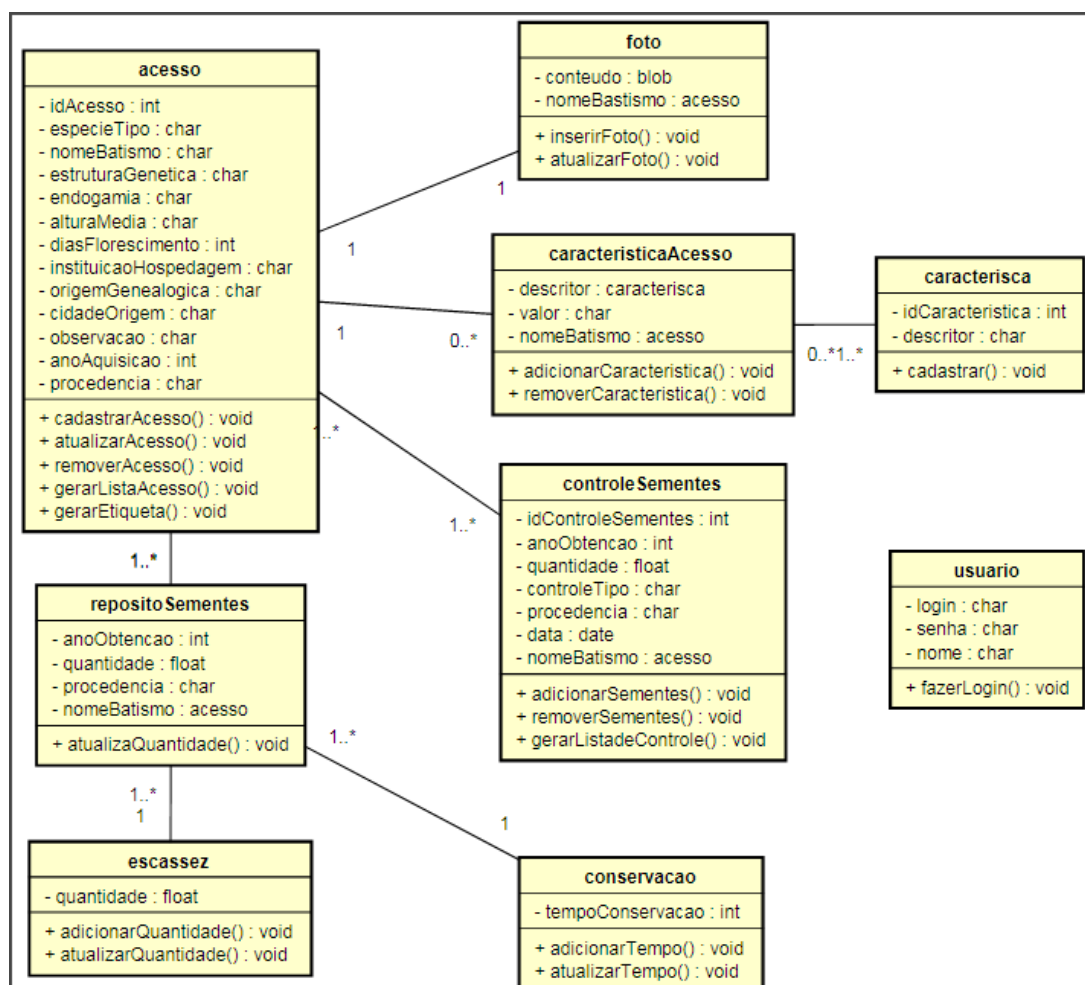
A tabela “controleSementes”, é responsável por armazenar as informações de transação de entrada e saída de sementes, facilitando a rastreabilidade das sementes. Por exemplo, ao inserir ou retirar sementes do sistema, o sistema possibilita armazenar quantos gramas foram, o porquê foi inserida ou retirada essas sementes preenchendo o campo ‘Procedência’ e quando esse processo foi feito.

A tabela “conservacao” gerencia o tempo em anos, que se pretende armazenar essas sementes dos acessos, no entanto, só o administrador quem pode decidir a exclusão dessas sementes. Então, se o administrador considerar o tempo de conservação de ‘5’ anos como adequada, o sistema deve armazenar o valor ‘5’ nesta tabela, valor importante pra definir as sementes que estão fora do tempo de conservação.

A tabela “escassez” permite administrar o valor mínimo em gramas, considerado saudável para a manutenção dessas sementes no banco de Germoplasma. Então se o administrador definir o valor de ‘100’ gramas como saudável para a manutenção do BAG, o sistema deverá salvar o valor ‘100’ nesta tabela podendo agora definir as sementes que estão abaixo do limite definindo-as em estado de escassez.

A tabela “usuario” salva as informações de login dos administradores do banco, para consulta no momento de entrar no sistema.

Figura 7: Diagrama de classe - estrutura do sistema



Fonte: O autor

### 4.3.3 Diagrama de Atividades

O diagrama de atividade se preocupa em descrever os passos a serem seguidos para a conclusão de uma determinada atividade, em outras palavras, concentra-se na representação do fluxo de controle e de objetos de uma atividade Guedes (2018), neste projeto tem-se que:

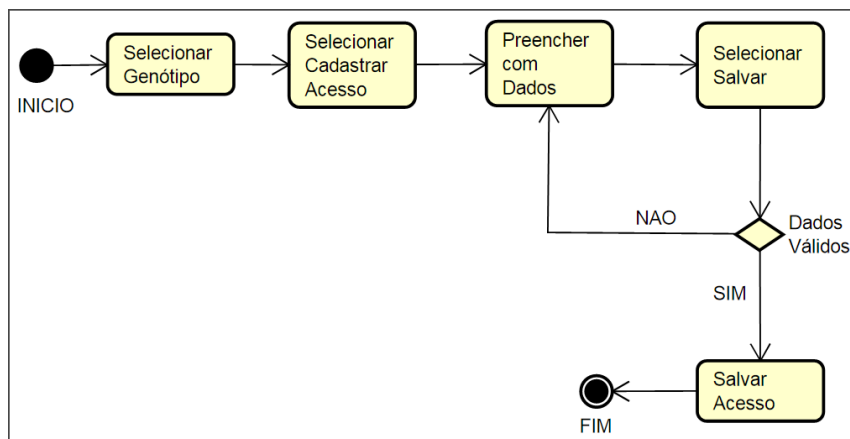
I ) Para cadastrar acesso;

Essa função pode ser acessada através do menu genótipo. Esse diagrama (figura 8) mostra o processo de salvar um novo acesso (genótipo), onde o usuário insere as informações específicas no formulário de cadastro, e após validação e verificação do preenchimento das informações dos campos obrigatórios, os dados são salvos, logo após podendo ser gerenciadas.

Estas informações obrigatórias são espécie/tipo, nome de batismo, ano de obtenção, quantidade de sementes e procedência. No entanto o usuário pode inserir a

estrutura genética, altura média, dias para florescimento, endogamia, instituição de hospedagem, origem genealógica, instituição ou cidade de origem, observação e descritores morfoagronômicos estas que podem ser várias. Após salvar o acesso, o sistema exibe ao usuário opção de inserir a foto deste acesso ou inserir um novo acesso.

Figura 8: Diagrama de atividade - cadastrar o acesso



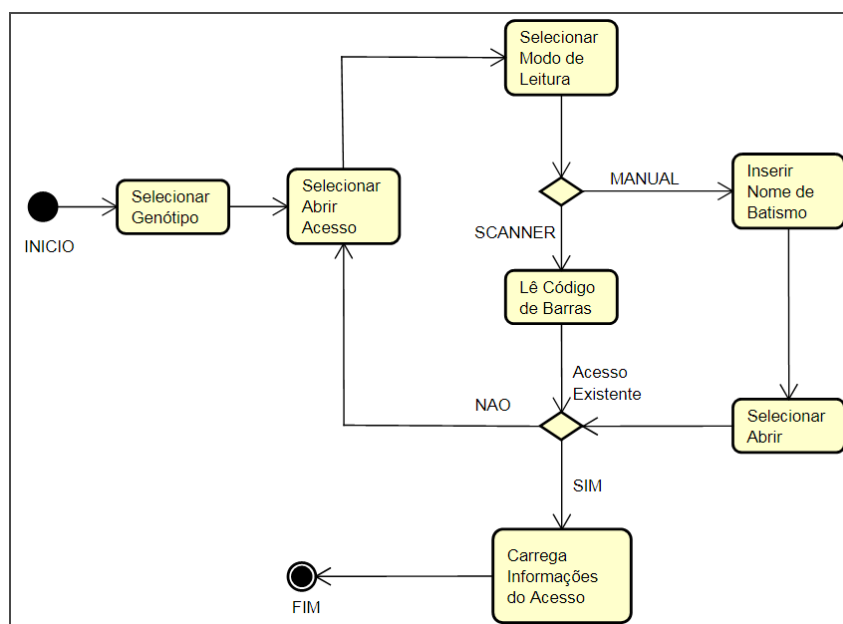
Fonte: O autor

II ) Para abrir acesso;

Essa função pode ser acessada pelo menu genótipo.

Este diagrama (figura 9) representa o processo de abrir o acesso (genótipo) cadastrado anteriormente, onde o usuário deve entrar com o nome de batismo através de seleção manual ou leitura de código de barras via webcam; após a leitura caso exista o acesso, o sistema carrega as informações. Nesta tela o usuário também poderá editar as informações do acesso com exceção do nome de batismo, e adicionar ou remover descritores morfoagronômicos.

Figura 9: Diagrama de atividade - abrir acesso



Fonte: O autor

Tabela 3: Relatório simplificado das informações dos acessos

<b>Nome de batismo</b>	Uenf19	Unl_dwarf	Ufpi-278	Golden
<b>Espécie/tipo</b>	Zea mays	Zea mays	Phaseolus lunatus	Mamão
<b>Estrutura genética</b>	População	Inbred line	Autogama	Linhagem
<b>Endogamia</b>	0	1	0	1
<b>Altura media</b>	1.8		1.3	1
<b>D/ florescimento</b>	40	20	63	89
<b>Origem genealógica</b>	Unb2u	Restricted	Cajazeiras-pb	Brasil
<b>Cidade de origem</b>	Ufv	Unl - lincoln	Cajazeiras-pb	

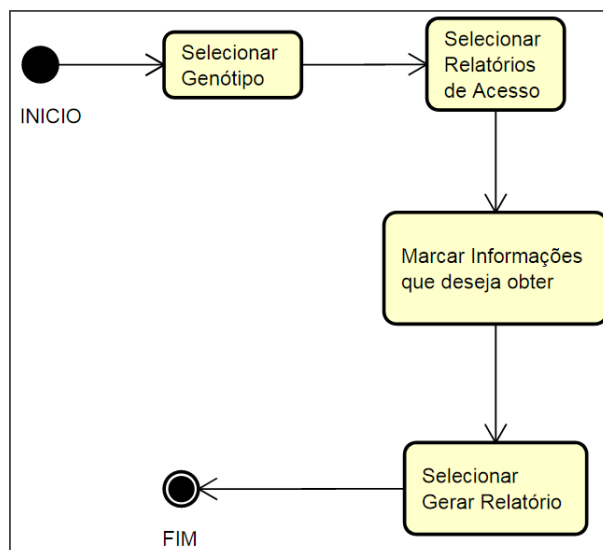
III ) Para obter relatório de acessos;

Essa função deve ser acessada a partir do menu genótipo.

Este diagrama (figura 10) caracteriza o processo pelo qual o usuário pode gerar um relatório simplificado das informações dos acessos, podendo selecionar quais informações deseja obter no relatório, o relatório simplificado não fornece informações como foto e descritores morfoagronômicos. No entanto exibe o restante das informações de todos os acessos em um só relatório.

O relatório fornece uma documentação dos genótipos no banco ativo de germoplasma (BAG). Constitui, portanto uma das etapas mais importantes do manejo de germoplasmas. Esta atividade por final gera uma lista semelhante à tabela 3.

Figura 10: Diagrama de atividade - gerar relatório simplificado de acessos



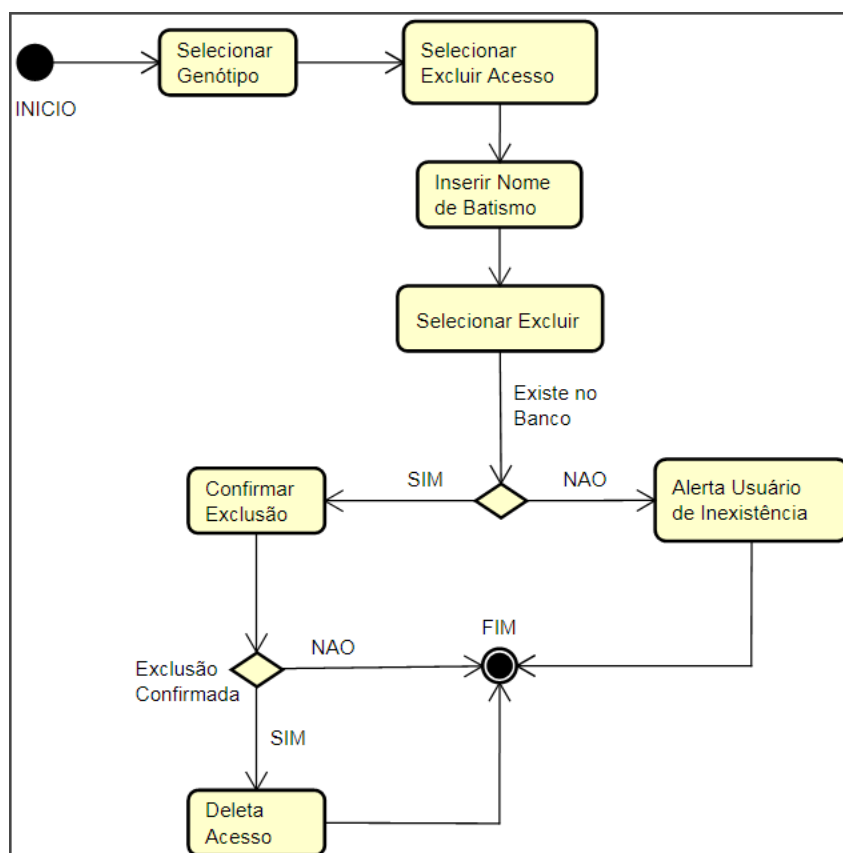
Fonte: O autor

IV ) Para excluir acesso;

Esta função deve ser acessada no menu genótipo.

Esse diagrama (figura 11) representa o processo de excluir um genótipo (acesso) do sistema, é importante que a função não seja de tão fácil acesso, a fim de evitar exclusão indesejada. Essa medida se deu por meio de elaborar um painel exclusivo para a função, fazendo com que o usuário primeiro queira excluir um acesso e somente depois entre com a identificação do acesso que deseja excluir.

Figura 11: Diagrama de atividade - excluir acesso



Fonte: O autor

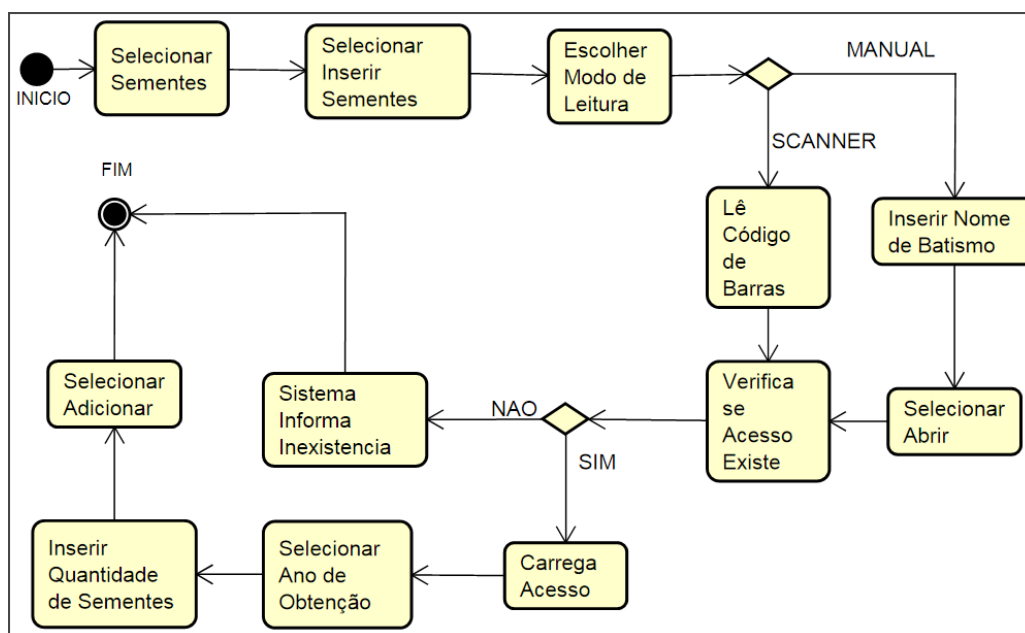
V ) Para depositar sementes;

Essa função deve ser acessada a partir do menu sementes e em seguida “Inserir sementes”.

Nessa interface o sistema também permite ao usuário inserir novos anos de obtenção para sementes novas ainda não cadastradas naquele acesso, selecionando a lista de anos de obtenção e a opção ‘Novo’. Por exemplo, o usuário deseja inserir sementes no acesso ‘KUROSAWA’ cadastrado anteriormente onde ele inseriu o ano de obtenção das sementes sendo ‘2018’, o usuário somente irá selecionar este ano, descrever a procedência de depósito, a quantidade de sementes, e realizar o depósito. No entanto se as sementes que deseja adicionar são referentes ao ano de obtenção ‘2018/2019’ que até então não existe no sistema, o usuário deve inserir este novo ano no painel, mais a quantidade de sementes e a procedência do depósito para poder realizar o depósito.

Esse diagrama (figura 12) demonstra o processo de depositar sementes de um acesso já cadastrado em um ano de obtenção existente, esta operação visa a manutenção dos acessos no banco de germoplasma.

Figura 12: Diagrama de atividade - adicionar sementes



Fonte: O autor

VI ) Para sacar sementes;

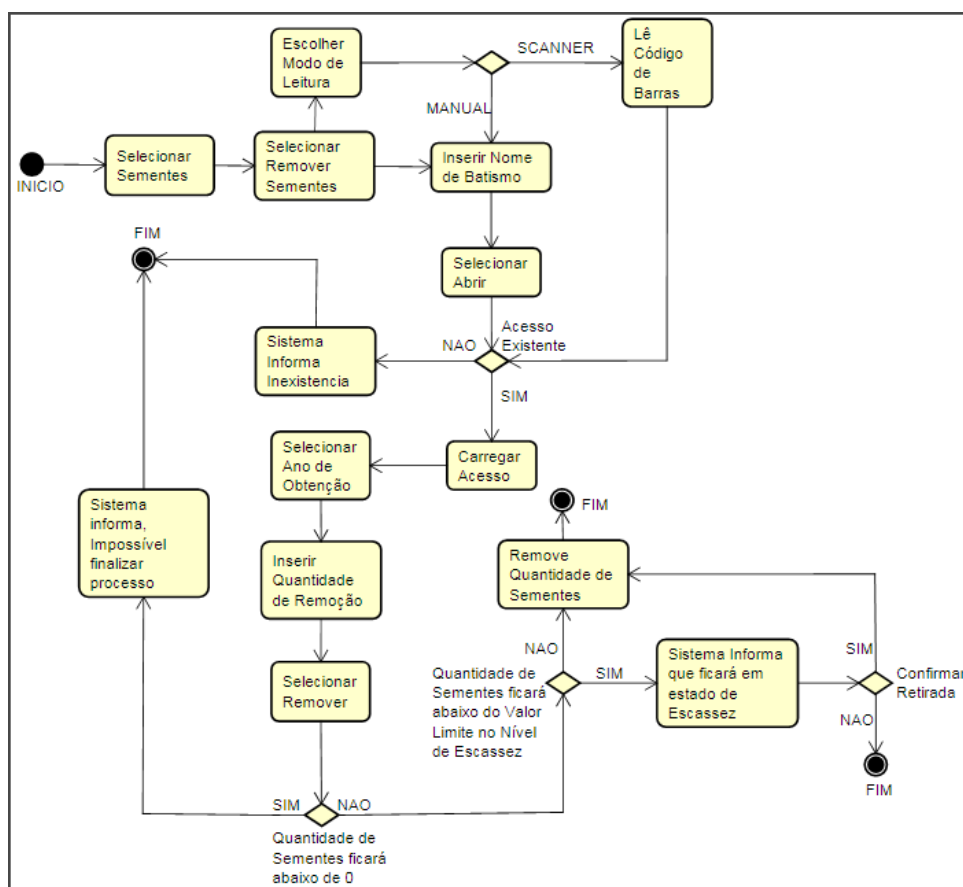
Essa função deve ser acessada a partir do menu sementes e em seguida “Remover Sementes”.

Nesse painel o sistema também permite ao usuário descartar as sementes do ano de obtenção desejado, selecionando o ano e clicando no ícone de descarte.

Esse diagrama (figura 13) demonstra o processo de remoção/saque de sementes de um Acesso (genótipo), passando por validações referentes ao valor de nível de escassez definida pelo administrador.

Essa validação deve verificar se após a retirada das sementes, a quantidade fica abaixo do nível de escassez, se sim o usuário deve confirmar a retirada, e o sistema deve informar a urgência do processo de multiplicação de sementes para que não chegue à perda daquele genótipo. Rotineiramente os acessos de um banco de germoplasma são utilizados em estudos científicos, sendo necessário maior controle de estoque a fim de se evitar a extinção das sementes daquele acesso no banco de germoplasma.

Figura 13: Diagrama de atividade - remover sementes



Fonte: O autor

Tabela 4: Lista de controle de entrada e saída de sementes de um acesso

QUANTIDADE	CONTROLE	PROCEDÊNCIA	DATA
876 gramas	Entrada	Aquisição de Germoplasma	05/05/2018
50 gramas	Saída	Processo de regeneração	20/05/2018
200 gramas	Entrada	Manutenção de banco	10/06/2018

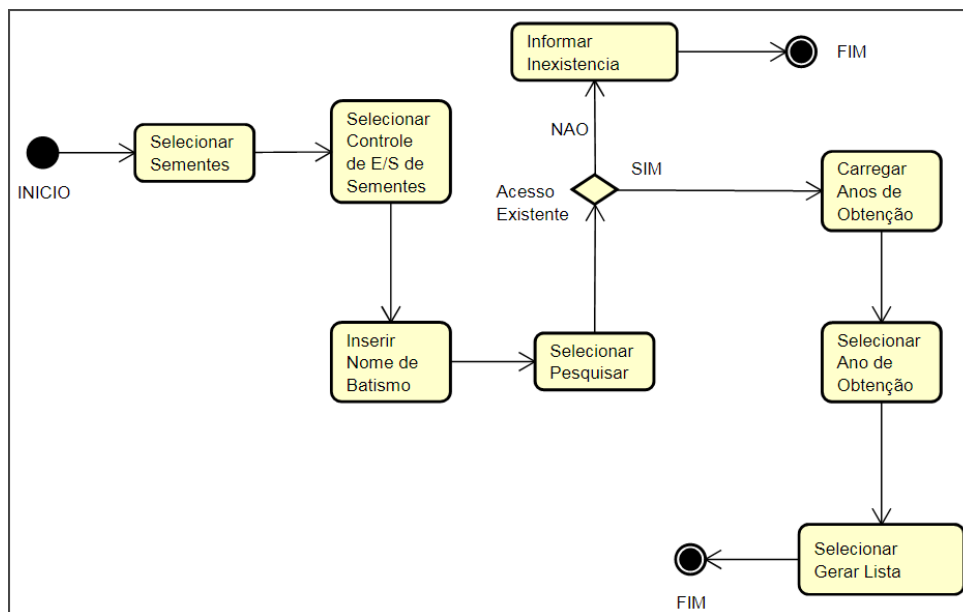
VII ) Para controle de E/S de sementes de um acesso;

Essa função deve ser acessada a partir do menu sementes.

Esse diagrama (figura 14) demonstra o processo de gerar a lista de controle de entrada e saída de sementes de um específico acesso, necessitando entrar com o nome do acesso e selecionando um ano de obtenção. Ao final gera como resultado uma lista como da tabela 4.

Esse relatório é importante para analisar a movimentação de depósito e saque a cerca do germoplasma, com informações que ajudam a rastrear os motivos e as datas dessas transações, facilitando o gerenciamento do acesso no banco ativo de germoplasma.

Figura 14: Diagrama de atividade - gerar lista de entrada e saída de sementes de um acesso



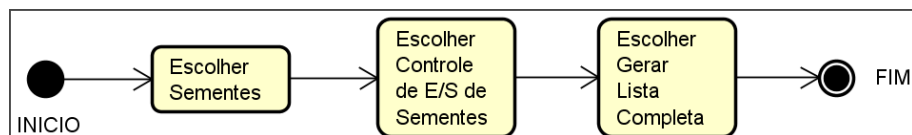
Fonte: O autor

VIII ) Para controle de E/S de todos os acessos;

Essa função deve ser acessada a partir do menu “sementes” e depois “controle de E/S de sementes”, por fim deve selecionar “Gerar Lista Completa”.

Esse diagrama (figura 15) demonstra o processo de gerar a lista completa de controle de entrada e saída (depósito e saque) de todos os acessos. Relatório importante para visualizar as transações de entrada e saída e para rastreá-las através dos requisitos ‘Procedência’ que informa o motivo da transação, e ‘Data’ que informa a data dessa transação, facilitando no processo de gerenciamento do manejo das sementes. Gerando como resultado uma lista como da tabela 5.

Figura 15: Diagrama de atividade - gerar lista completa de entrada e saída de sementes



Fonte: O autor

Tabela 5: Lista de entrada e saída de sementes de todos os acessos

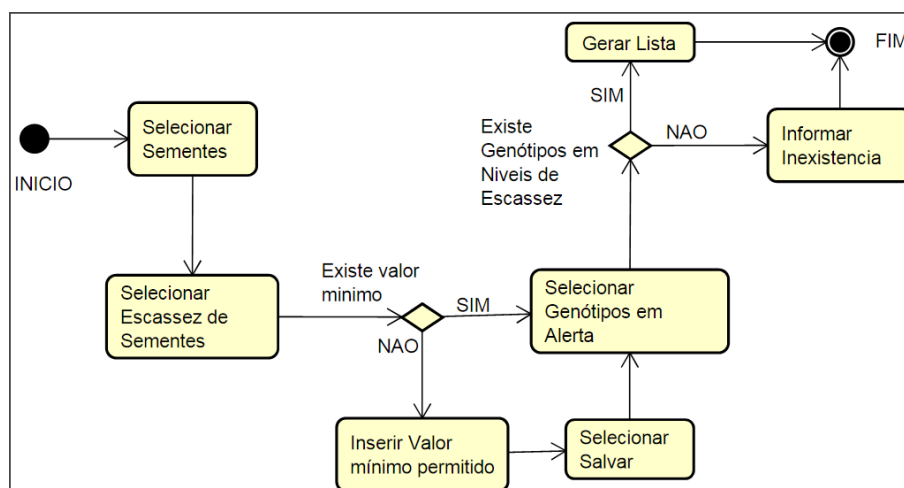
NOME DE BATISMO	ANO OBTENÇÃO	QUANT.	CONTROLE	PROCED.	DATA
A1	2017	800 gramas	Entrada	L399-455	02/03/2018
A1	2017	50 gramas	Saída	L 144-200	05/05/2018
A1	2018	30 gramas	Entrada	L 244-255	06/05/2018
BEIJA-FLOR	2017	1500 gramas	Entrada	exp. Valter	01/04/2018
BEIJA-FLOR	2017	200 gramas	Saída	1255-3366	05/05/2018
GOLDEN	2017	300 gramas	Entrada	Polinização	23/04/2018
GOLDEN	2018	150 gramas	Entrada	Multiplicação	25/04/2018
GOLDEN	2018	20 gramas	Saída	L 244-255	03/05/2018

IX ) Para escassez de sementes;

Esta função deve ser acessada a partir do menu “Sementes” e depois “Escassez de Sementes”.

Neste caso o diagrama (figura 16) demonstra passo-a-passo o processo de gerar relatório de verificação de genótipos em estado de escassez. Nível definido pelo administrador do sistema. Exemplo, caso o administrador defina ‘10 gramas’ o nível de escassez, ao gerar a lista o sistema verifica quais acessos possuem sementes com quantidade abaixo de 10 gramas. Este procedimento gera uma lista semelhante à tabela 6. Esta função é importante, pois mantém o administrador ciente de quais sementes necessitam ser multiplicadas para a manutenção do acesso no banco de germoplasma.

Figura 16: Diagrama de atividade - listar genótipos em estado de escassez



Fonte: O autor

Tabela 6: Lista de genótipos em estado de escassez

NOME DE BATISMO	ANO OBTENÇÃO	PROCEDÊNCIA	QUANTIDADE
BEIJA-FLOR	2017	Conservação de material genético	9 gramas
Golden	2018	Regeneração	2 gramas
STS Garrucha	2018	Manutenção de material	7 gramas
KUROSAWA	2017	Melhoramento Genético	5 gramas

Tabela 7: Lista de controle de conservação de sementes

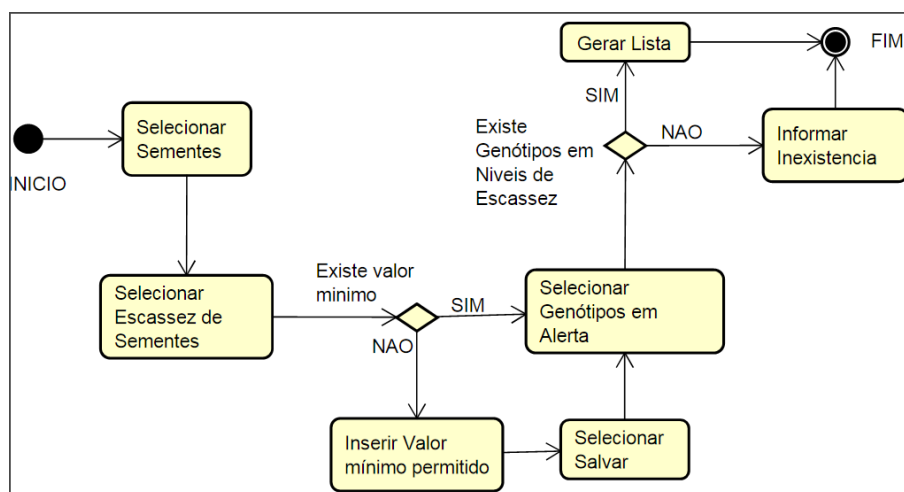
NOME DE BATISMO	ANO OBTENÇÃO	PROCEDÊNCIA	QUANTIDADE
BEIJA-FLOR	2016	Melhoramento genético	200 gramas
Golden	2015	Conservação de material genético	950 gramas
STS Garrucha	2005	Conservação de material genético	500 gramas
KUROSAWA	2005	Multiplicação de código genético	1005 gramas

X ) Para conservação de sementes;

Essa função deve ser acessada a partir do menu “Sementes” e depois “Conservação de Sementes”.

Esse diagrama (figura 17) demonstra o processo de gerar relatório de verificação de genótipos fora do tempo de conservação. O tempo sugerido de conservação é definido pelo administrador do sistema, por exemplo, se o administrador definir o tempo para ‘2 anos’ sendo este ano 2018, a lista deve fornecer acessos com anos de obtenção abaixo de 2017; por fim o usuário tem acesso a uma lista de sementes obsoletas no intuito de verificar quais poderiam ser descartadas do banco de germoplasma, como mostra a tabela 7.

Figura 17: Diagrama de atividade - verificar genótipos fora do tempo de conservação



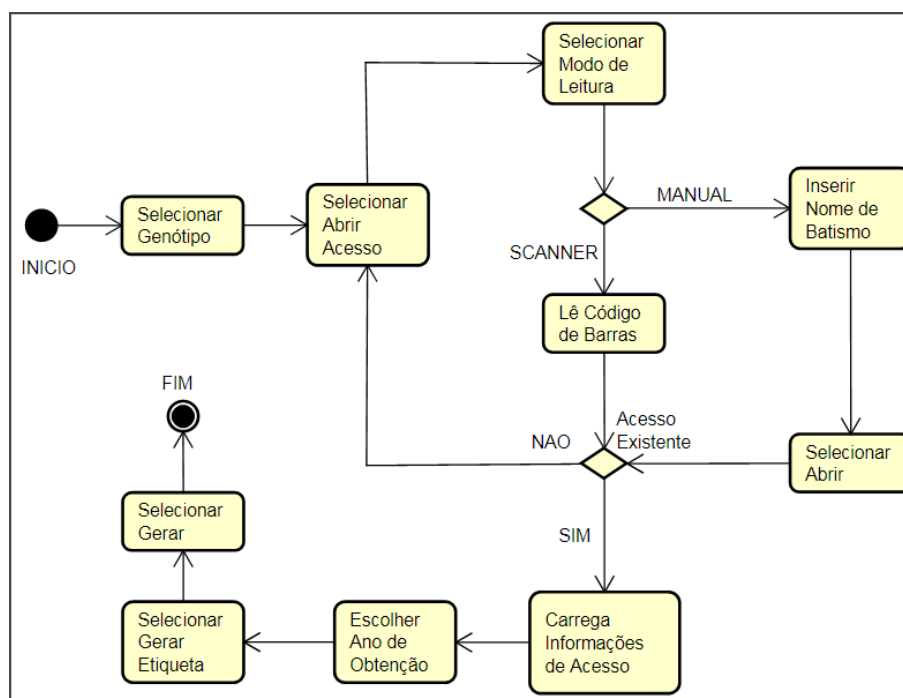
Fonte: O autor

XI ) Para produção de etiquetas;

Esta função deve ser acessada pelo painel de genótipo, primeiramente abrindo o genótipo que deseja e depois na função “gerar etiqueta”.

Esse diagrama (figura 18) demonstra o processo de gerar etiquetas de um determinado acesso, com as seguintes informações: Nome de batismo do acesso, código de barras, procedência e ano de obtenção; essas etiquetas são importantes para a identificação física dos materiais genéticos nos BAGs, e também para identificação no sistema através da leitura via webcam no modo “SCANNER”.

Figura 18: Diagrama de atividade - produção de etiquetas



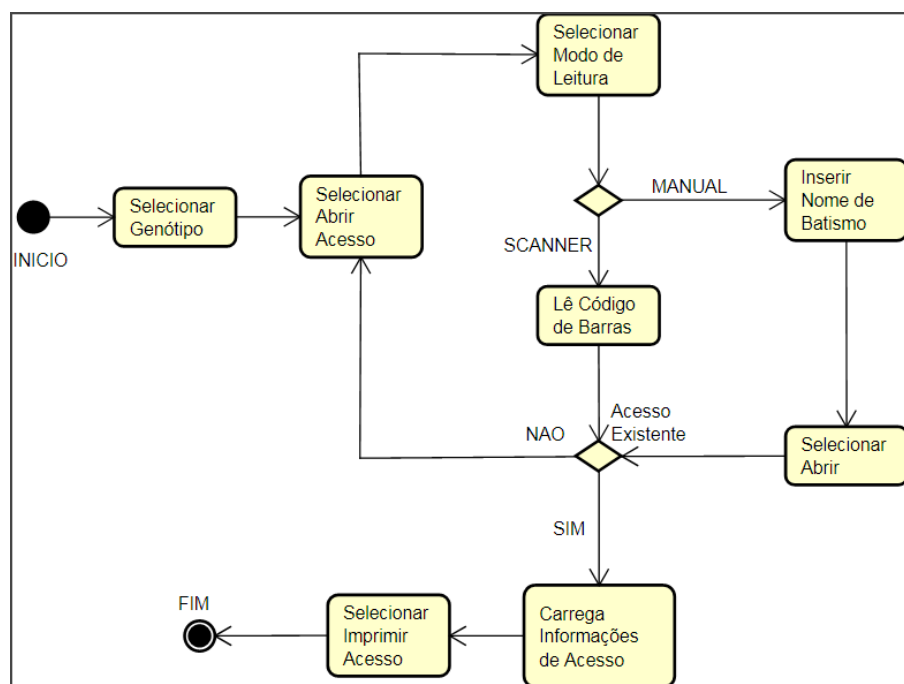
Fonte: O autor

XII ) Para gerar relatório detalhado de acesso;

Essa função deve ser acessada pelo painel de genótipo, e depois de abrir o genótipo desejado, deve acessar a função “imprimir acesso”.

Esse diagrama (figura 19) mostra como gerar o relatório individual e detalhado de acesso; este relatório especifica todas as informações importantes para produção da documentação do acesso (genótipo), incluindo descritores morfoagronômicos e informações genealógicas do material genético, podendo ser salvo em formato digital como PDF ou XPS facilitando a impressão do documento. O anexo A mostra um exemplo desse documento gerado no sistema.

Figura 19: Diagrama atividade - gerar relatório detalhado de acesso



Fonte: O autor

## 4.4 Tecnologias Utilizadas

Para o desenvolvimento desse sistema foi utilizado a linguagem de marcação HTML para estruturar a página web do sistema; linguagem de programação PHP para a comunicação do lado do servidor; os *frameworks* Bootstrap e Materialize para ajudar na padronização web, deixando-o mais amigável; linguagem CSS para estilização da página HTML, linguagem Javascript e biblioteca JQuery para interagir mais facilmente com os componentes HTML; AJAX para comunicação assíncrona, comunicação que permite atualizar partes da página sem atualização absoluta e linguagem SQL para comunicação com o banco de dados.

### 4.4.1 Desenvolvimento WEB Responsivo com HTML, CSS e JAVASCRIPT

O desenvolvimento de sistemas que rodam em plataforma web pode ser desenvolvido com diversas tecnologias e linguagens existentes hoje, porém foram escolhidas essas linguagens, pois facilitam na integração com os *frameworks* Bootstrap e Materialize que promovem o design responsivo, ou seja, design que se ajusta automaticamente aos diversos tamanhos de tela, requisito importante para sistemas que rodam em navegadores já que podem ser utilizados por diferentes tipos de dispositivos como *desktops* e *smartphones*.

HTML (*HyperText Markup Language*) que significa linguagem de marcação de hipertexto. É a base para criar uma página exibida em um navegador web. Junto com o

HTML pode ser utilizado o CSS ou *Cascading Style Sheets*, em português folhas de estilo em cascata, é um simples mecanismo que permite diferentes tipos de formatações, como bordas, cores, fundo, elementos textuais e layouts diferenciados (Miletto 2014). O Javascript é uma linguagem de programação dinâmica e multi-paradigma (script, orientada a objetos, imperativa e funcional), conhecida por ser utilizada para interagir com o lado do cliente “*client-side*” (através da plataforma *Document Object Model*) (Flanagan 2011).

#### 4.4.2 Barcodereader

BarcodeReader é um leitor de código de barras para códigos de barras Code128, Code93, Code39, Standard / Industrial 2 de 5, Interleaved 2 de 5, Codabar e EAN-13 escrito em javascript e desenvolvido por Eddie Larsson. Suporta vários códigos de barras em uma imagem e detecta que tipo de códigos de barras existem (Eddie Larsson, 2018).

O BarcodeReader foi utilizado no BigBag para facilitar a leitura de código de barras via webcam, ele faz a leitura do código e identifica o nome do Acesso.

#### 4.4.3 Bootstrap e Materialize

Primeiramente faz-se necessário entender o que é um *framework*. Um *framework* em desenvolvimento de software, é uma abstração que une códigos comuns entre vários projetos de *software* provendo uma funcionalidade genérica. Um *framework* pode atingir uma funcionalidade específica, por configuração, durante a programação de uma aplicação (Silva, L. A. D. 2014).

Bootstrap é um *framework* desenvolvido por Jacob Thornton e Mark Otto, colaboradores do twitter. O Bootstrap se tornou um dos *frameworks* front-end mais populares e projetos de código aberto no mundo. Sua aplicação no Big Bag é essencial para que haja responsividade, ou seja, layout que se ajusta ao tamanho da tela, podendo ser acessado tanto em *desktops*, *notebooks* ou dispositivos *mobile* sem perder o controle dos elementos na interface (Bootstrap, 2018).

Materialize é um *framework front-end*, assim como o Bootstrap. Onde seu foco é no desenvolvimento de interfaces para web, trazendo elementos que facilitam essa construção. No caso do Big Bag, foi utilizado apenas para facilitar a implementação de *Toasts*, que são os alertas visuais utilizados para notificar o usuário (MATERIALIZE, 2018).

#### 4.4.4 jQuery

jQuery é um *framework*, que visa facilitar a utilização do Javascript puro. Basicamente ele utiliza o Javascript para interagir com o conteúdo HTML com mais facilidade, seguindo as regras da linguagem.

### 4.4.5 Ajax

AJAX significa *Asynchronous JavaScript e XML*. Ajax não é uma linguagem, mas um conjunto de tecnologias que permitem criar requisições assíncronas (segundo plano), ou seja, você pode enviar e receber dados de um servidor sem alterar ou atualizar a página por completo, com base em eventos do usuário. O Ajax mudou a forma de interação dos usuários com os sistemas na web. Antes dele, os sistemas eram baseados somente em formulários simples para entrada de dados (Miletto, 2014).

### 4.4.6 SQL

SQL ou Linguagem de consulta estruturada, é uma linguagem de pesquisa para banco de dados, criado pela IBM nos anos 1970, se tornou um grande padrão, por conta de sua simplicidade e facilidade de uso, foi padronizada para utilização em banco de dados em 1986 pela *American National Standards Institute* (ANSI) e é amplamente utilizada por diferentes sistemas gerenciadores de bancos de dados (Miletto, 2014).

### 4.4.7 PHP E PDO

PHP (*Hypertext Preprocessor*) é uma linguagem de script muito utilizada, e especialmente adequada para o desenvolvimento web. Foi desenvolvida por Rasmus Lerdorf em 1995, que explora a criação de scripts que são normalmente interpretados em um servidor. Um servidor web pode interpretar o PHP caso esteja devidamente configurado, porém podem ser interpretados localmente mediante a presença de um interpretador. Um dos destaques do PHP está na sua exibição em conjunto com as marcações de linguagem HTML, o que possibilita a adição de dinamicidade às páginas desenvolvidas nessa linguagem (Miletto, 2014).

Juntamente com o PHP, no Big Bag foi utilizada a extensão do PHP chamada PDO. A extensão PDO define uma interface leve e consistente para acessar bancos de dados no PHP. Além de prover acesso a bancos como MySQL, o PDO pode trabalhar com outros também, necessitando um *software* (driver) específico para cada tipo de banco (INTRO, 2018).

---

---

# CAPÍTULO 5

---

## Avaliação dos Resultados

Neste capítulo será exibido as interfaces das principais funções existentes no sistema; também será apresentado todo o processo de teste com usuários. Vamos ver as ferramentas e técnicas que foram utilizadas para desenvolvê-lo. Também vamos expor o perfil dos usuários que ajudaram com os *feedbacks*, e será citado os resultados obtidos em relação à usabilidade do sistema e a satisfação em relação às funcionalidades.

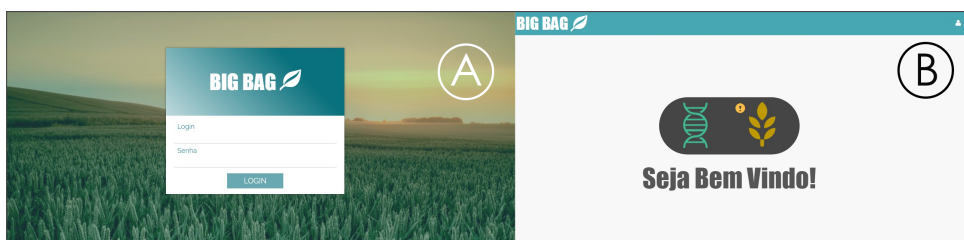
Além disso será citado as melhorias implementadas durante a fase de desenvolvimento e outras que ainda se vêm necessárias para uma versão melhorada do sistema.

### 5.1 Telas do sistema

I ) Fazer login e acessar tela inicial;

Para acessar o sistema obrigatoriamente o usuário deve fazer login como é exibido na figura 20A, após fazer login o sistema o leva para a tela principal do sistema (figura 20B), onde o usuário têm acesso aos módulos do sistema, o módulo de ‘Genótipo’ e o módulo de ‘Sementes’.

Figura 20: Telas iniciais do Big Bag

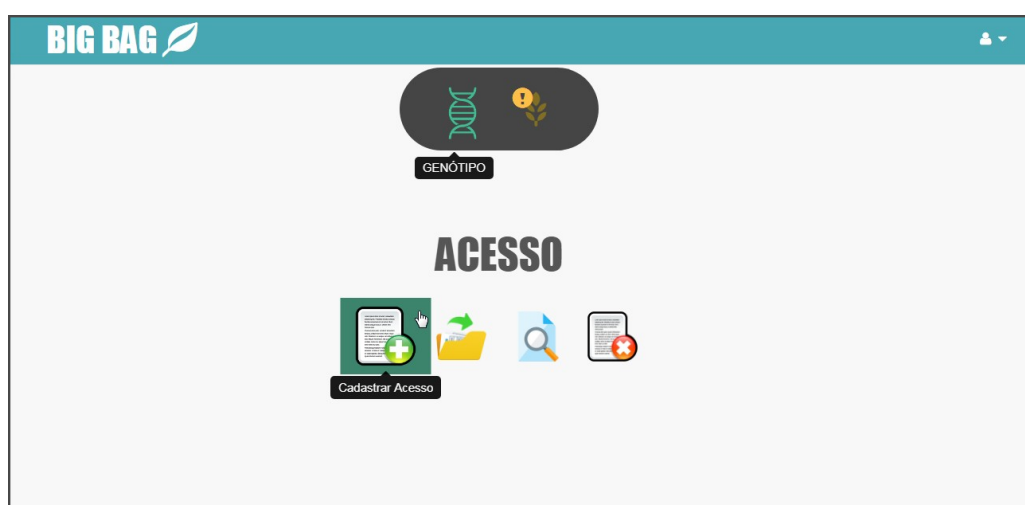


Fonte: O autor

II ) Cadastrar acesso (Genótipo) no sistema;

O módulo de ‘Genótipos’ será o primeiro a ser utilizado pelo usuário do sistema. Pois é nele que se encontra funções que serão utilizadas para gerenciamento do recurso genético. Com a aquisição de um recurso ainda não cadastrado no banco de germoplasma, o usuário necessita cadastrá-lo no sistema (figura 21), inserindo todas as suas informações incluindo as características fenotípicas através do formulário de cadastro de genótipo (figura 22). Esse processo visa criar a documentação do genótipo e que será utilizada mais tarde nos processos de melhoramento genético vegetal.

Figura 21: Tela de cadastro de acesso



Fonte: O autor

Figura 22: Formulário de cadastro de acesso

O formulário de cadastro de acesso, intitulado "CADASTRO DE GENÓTIPOS", é dividido em várias seções:

- Informações Básicas:** Campos para "Espécie / Tipo \*" e "Nome Batismo \*".
- INFORMAÇÕES DO ACESSO:**
  - Estrutura Genética:** Campo de texto.
  - Altura Média:** Campo de texto com exemplo "Ex: 1.89".
  - Dias para Florescimento:** Campo de texto.
  - Endogamia:** Campo de texto.
  - Inst. de Hospedagem:** Campo de texto com sugestão "Instituição de Hospedager".
  - Ano Obtenção \*:** Campo de texto.
  - Quantidade \*:** Campo de texto com valor "gramas".
  - Procedência \*:** Campo de texto.
- DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS:** Botão "Novo Descritor" com ícone de lupa.
- INFORMAÇÕES GENEALÓGICAS:**
  - Origem Genealógica do Acesso:** Campo de texto.
  - Instituição / Cidade de Origem Genealógica:** Campo de texto.
  - Observação:** Área de texto grande.
- FOTO:** Área reservada para upload de imagens.

Na base do formulário, há um link "home" com uma seta para trás, e dois botões: "Salvar" (verde) e "Cancelar" (laranja).

Fonte: O autor

## III ) Excluir acesso;

O usuário também pode excluir essas informações, acessando o painel de 'Genótipo' e depois "Excluir Acesso" como demonstra a figura 23.

Figura 23: Tela de exclusão de acesso

A tela de exclusão de acesso, intitulada "EXCLUIR ACESSO", apresenta:

- Um campo de texto com o valor "UFNE 200" e o rótulo "Nome Batismo" à esquerda.
- Um botão laranja com o texto "EXCLUIR" e um cursor de mouse sobre ele.

Fonte: O autor

## IV ) Gerar etiqueta de identificação de acesso;

Quando o genótipo é cadastrado no sistema, o usuário pode gerar uma etiqueta que identifica o genótipo no ambiente físico de conservação, como é exibido na figura 24), a etiqueta possui as informações: Nome de batismo, ano de aquisição, procedência e código de barras (figura 25). Essa etiqueta deve ser impressa e fixada no local exato que está contido o recurso genético. Após isso a etiqueta também pode ser utilizada para identificação no sistema, através de leitura de código de barras via webcam.

Figura 24: Tela de função - gerar etiqueta de acesso “BEIJAFLOR123”



Fonte: O autor

Figura 25: Etiqueta de acesso “BEIJAFLOR123”

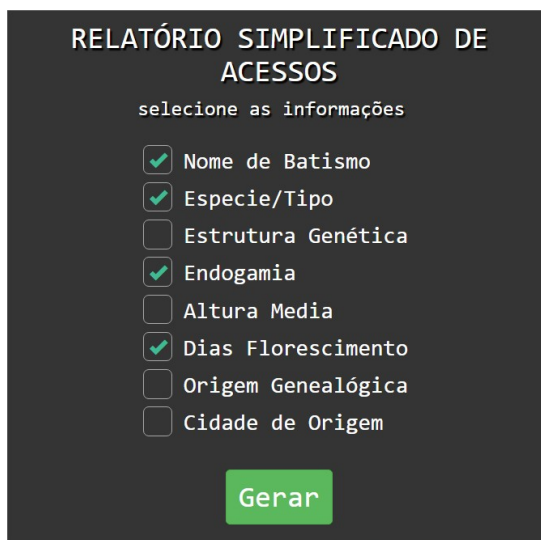


Fonte: O autor

## V ) Gerar relatório simplificado de acessos;

Para obter visão superficial da variabilidade genética contida no banco de germoplasma, o usuário pode gerar um relatório simplificado de informações de todos os genótipos do BAG, através da função “Relatório de Acessos” no painel de ‘Genótipo’. Como demonstra a figura 26, o usuário pode escolher quais informações deseja obter no relatório, dentre elas são: Nome de batismo, espécie/tipo, estrutura genética, endogamia, altura média, dias para florescimento, origem genealógica e cidade de origem.

Figura 26: Tela de seletor de informações para relatório simplificado



RELATÓRIO SIMPLIFICADO DE ACESSOS

selecione as informações

- Nome de Batismo
- Espécie/Tipo
- Estrutura Genética
- Endogamia
- Altura Media
- Dias Florescimento
- Origem Genealógica
- Cidade de Origem

Gerar

Fonte: O autor

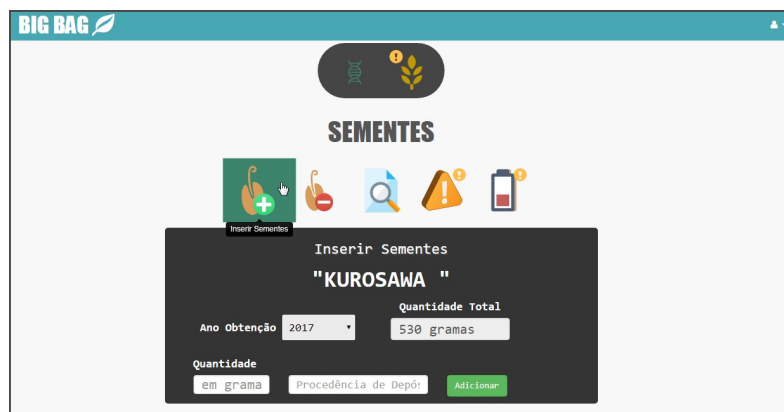
VI ) Depositar sementes;

O módulo de ‘Sementes’ do Big Bag será utilizado para controlar o manejo das sementes, gerando informações que o auxilie à manter a existência dos recursos no BAG.

É através desse módulo que o usuário poderá depositar ou sacar sementes do banco de germoplasma, sem perder as informações dessa transação.

Para depositar sementes em um genótipo já cadastrado no sistema, o usuário deve acessar a função “Inserir Sementes” e selecionar o genótipo que receberá as sementes, após isso deve informar o ano de aquisição das sementes, e o motivo dessa aquisição no campo procedência, como também a quantidade em gramas que está sendo inserida, a figura 27 demonstra essa atividade. Esse procedimento é semelhante para o processo de retirar/sacar sementes. As informações geradas serão importantes para controlar as entradas e saídas de sementes do banco de germoplasma.

Figura 27: Tela de função - adicionar sementes



BIG BAG

SEMENTES

Inserir Sementes

"KUROSAWA "

Ano Obtenção: 2017      Quantidade Total: 530 gramas

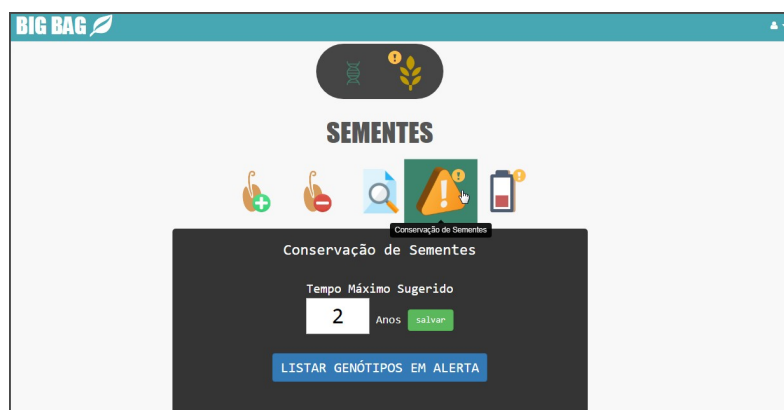
Quantidade: em grama      Procedência de Depo:      Adicionar

Fonte: O autor

## VII ) Verificar acessos fora do tempo de conservação;

O sistema oferece suporte no controle de sementes fora do prazo de validade para conservação. No painel “Conservação de Sementes” o gestor deverá inserir o período em anos que considera a semente saudável para conservação. Como demonstra a figura 28, caso o usuário insira o valor de 2 anos, apenas os anos de 2018 e 2017 serão consideradas úteis para o banco de germoplasma, abaixo disso, as sementes estão fora do prazo de validade. A partir daí o gestor pode renová-las, descartando as sementes velhas e adquirindo sementes novas. O alerta visual informa ao usuário se possui genótipos com sementes fora do prazo de validade.

Figura 28: Tela de função - verificar genótipos fora do tempo de conservação



Fonte: O autor

## VIII ) Verificar acessos em estado de escassez;

O sistema também possui função semelhante para verificar sementes com baixa quantidade no BAG, ou melhor, em estado de escassez. Como exibe a figura 29, o usuário precisa informar a quantidade mínima considerada saudável para a manutenção do recurso no BAG, caso seja informado a quantidade de “10 gramas” todas as sementes abaixo dessa quantidade serão consideradas em estado de escassez, sendo notificado um alerta visual ao usuário dessa condição. A partir daí o gestor do BAG deve tomar providências que aumente essa quantidade para que o genótipo não venha a ser perdido no banco de germoplasma.

## IX ) Escolher modo de identificar acessos;

Para facilitar a identificação de um genótipo nas funções: Abrir acesso, inserir sementes e retirar sementes, o usuário têm duas opções: Uma é identificá-la através do nome de batismo informado no cadastro do genótipo, ou deixar que o sistema identifique através da etiqueta, através da leitura de código de barras via webcam, como demonstra a figura 30.

Figura 29: Tela de função - listar genótipos em estado de escassez



Fonte: O autor

Figura 30: Tela de função - escolher modo de leitura



Fonte: O autor

## 5.2 Teste e Feedback

O teste de utilização do sistema foi possível graças à hospedagem do sistema na web, onde permitiu que os usuários pudessem testá-lo em diferentes dispositivos como *desktop*, *laptop* ou *smartphone* em diferentes localidades com acesso à Internet. E após a utilização o usuário poderia acessar o questionário através de um link no próprio sistema, que o levava à plataforma *Google Forms* com o questionário a ser respondido, como é demonstrado na figura 31.

Para avaliar as respostas deixadas no questionário, foi utilizado a escala *Likert* que é um método que qualifica um determinado aspecto por meio de valores dentro de uma escala. Uma escala seria um instrumento de medição (Maynt, R; Holm, K; Hübner, P. 1983) em que se deve fazer uma disposição de coisas diferentes, mas com um aspecto comum (Sierra Bravo, R. 2003).

Um exemplo de utilização desse método é desenvolvido no trabalho de Barros, M. V., Nahas, M. V. (2001), onde os autores investigam o nível de estresse causados

Figura 31: Tela de acesso ao questionário através do sistema



Fonte: O autor

nos trabalhadores da indústria, a exposição foi avaliada pela percepção relatada pelos trabalhadores considerando uma escala de Likert de 4 níveis (1 = Raramente estressado; 2 = às vezes estressado; 3 quase sempre estressado; 4 = excessivamente estressado).

### 5.3 Perfis de Usuários

Os *feedbacks* foram obtidos de forma constante no intuito de melhorar o sistema durante toda a fase de desenvolvimento, sendo imprescindíveis para o resultado final do software. A pesquisa foi possível através de contato profissional com os pesquisadores da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), que fazem parte do grupo de curadores do banco ativo de germoplasma da instituição, e a partir daí disseminou o interesse por outros pesquisadores de diferentes instituições que concordaram em ajudar na pesquisa.

Foram avaliados vinte usuários sendo eles, profissionais da área de genética e melhoramento de plantas, de diferentes instituições de pesquisa e que trabalham com diferentes espécies de plantas.

Dividem-se os profissionais sendo um Doutor em genética e melhoramento de plantas; três Doutorandos; seis Pós-Doutores; oito estudantes de Pós Graduação; um Auxiliar de Curador de banco ativo de Germoplasma; e um Engenheiro Agrônomo.

As instituições onde os profissionais desenvolvem seu trabalho são diversas, sendo a maior parte da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), dezesseis no total; dois da Universidade Federal do Piauí (UFPI); um da Universidade Federal de Viçosa (UFV); e um da Universidade Federal do Espírito Santo (UFES).

Os profissionais da área trabalham com diferentes espécies de plantas, nove trabalham com diversas espécies de Milho; dois com espécies de Feijão; três com Goiaba; e os demais com Morango, Mamão, Passiflora (espécie de Maracujá), Cana de Açúcar,

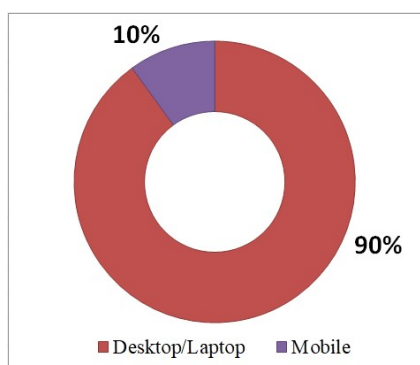
Pimenta e Pimentão.

## 5.4 Resultados de Usabilidade

Os usuários responderam algumas questões voltadas à usabilidade do sistema, questões que ajudam a medir o nível de satisfação do usuário, tratando critérios de facilidade de memorização, reconhecimento de funções e qualidade da interface no sentido de ser amigável, acessível, legível e navegável.

Dentre os dispositivos utilizados dividem-se em *Notebooks* ou *Desktops*, e dispositivos *Mobile*. Dos 20 entrevistados (90%) 18 usuários, utilizaram o sistema via *Notebooks* ou *Desktops*; e (10%) 2 usuários utilizaram via dispositivo *Mobile*, como é mostrado na figura 32.

Figura 32: Gráfico de utilizadores em dispositivos distintos



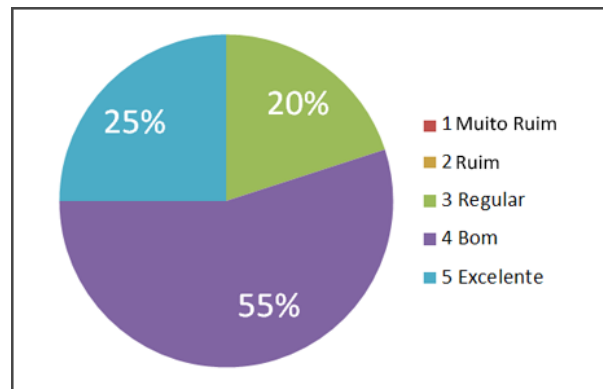
Fonte: O autor

Para avaliar os aspectos de design e interface do sistema, foi utilizado o método de escala *Likert* como citado anteriormente.

No nosso caso o usuário pode opinar nos valores dentro da escala de 1 a 5, sendo o valor 1 considerado um fator negativo e o valor 5 um fator positivo, considerando um bom nível de aceitação a partir do valor 4, para os diversos critérios trabalhados abaixo.

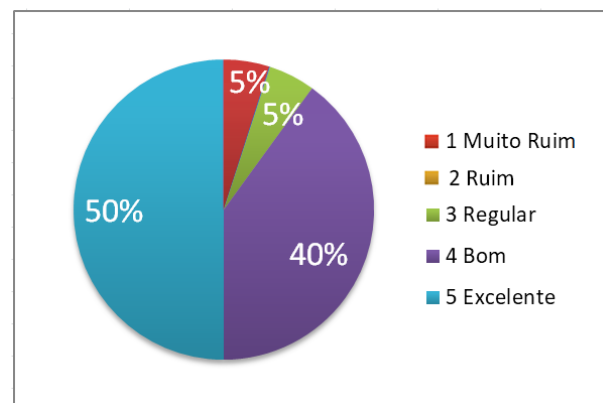
- Ao perguntar o que o usuário achava da interface, desagradável (valor 1) ou atraente (valor 5), dentre as 20 respostas, (20%) 4 usuários responderam com valor 3; (55%) 11 usuários com valor 4; e (25%) 5 usuários responderam com valor 5 (figura 33).
- Ao questionar se o usuário achava a interface confusa (valor 1) ou clara (valor 5), dentre as 20 respostas, (5%) 1 usuário respondeu com valor 1, não justificando o porquê da insatisfação; (5%) 1 usuário definiu o valor 3; (40%) 8 usuários definiram valor 4; e (50%) 10 usuários responderam com valor 5 (figura 34).

Figura 33: Gráfico de avaliadores de interface do Big Bag



Fonte: O autor

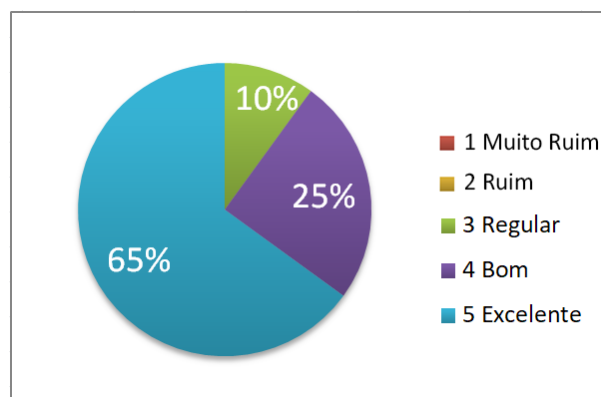
Figura 34: Gráfico de clareza da interface



Fonte: O autor

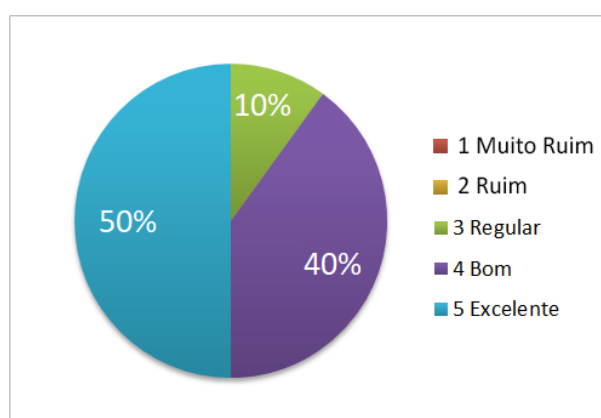
- Ao indagar se o usuário acha a interface inútil (valor 1) ou útil (valor 5), no sentido de haver necessidade de reconstrução da interface se os resultados forem negativos (obtenção do valor 1). Dentre as 20 respostas, (10%) 2 usuários definiram com valor 3; (25%) 5 usuários responderam com valor 4; e (65%) 13 usuários responderam com valor 5 (figura 35), onde se obteve resultados positivos deixando claro que a interface pode ser utilizada e que apresenta boa ou ótima usabilidade.
- Ao questionar se o usuário considera uma boa experiência a utilização do sistema na escala de 1 a 5, sendo o valor 1 considerada péssima, e o valor 5 considerada uma excelente experiência. Obteve-se os resultados, (10%) 2 usuários definiram o valor 3; (40%) 8 usuários definiram o valor 4; e (50%) 10 usuários definiram com valor 5 (figura 36), observando que 90% dos usuários consideraram uma boa ou ótima experiência.
- Nem todas as questões eram obrigatórias, nesse caso dos 20 usuários entrevistados 16 responderam a essa questão, e 100% deles afirmaram que obtiveram *feedbacks* claros do sistema.

Figura 35: Gráfico de utilidade de interface



Fonte: O autor

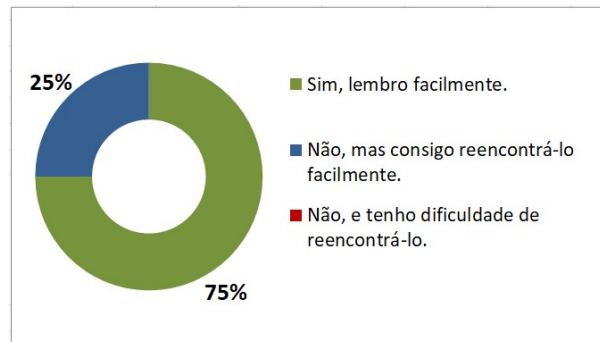
Figura 36: Gráfico de satisfação de experiência de usuários



Fonte: O autor

- Com relação à inserção e consulta de dados no sistema, foi avaliado se os usuários tiveram dificuldades em executar alguma dessas duas atividades e dos 16 usuários que responderam, 100% afirmaram que não.
- Em relação a erros, 17 usuários responderam se encontraram alguma falha durante a utilização do sistema, 15 usuários responderam que não; no entanto 1 usuário relatou que ao inserir uma imagem no acesso, a imagem ficou virada; e outro usuário utilizou o sistema em dispositivo *mobile* e citou que o menu de sementes não ficou totalmente visível na tela, impossibilitando acessar algumas funcionalidades.
- Com relação ao critério memorização, todos os entrevistados responderam, perguntou-se se eles lembravam facilmente de algum recurso já utilizado anteriormente, (25%) 5 usuários responderam que não, no entanto, conseguiria reencontrá-lo facilmente; enquanto que (75%) 15 usuários afirmaram que sim, lembravam facilmente (figura 37).

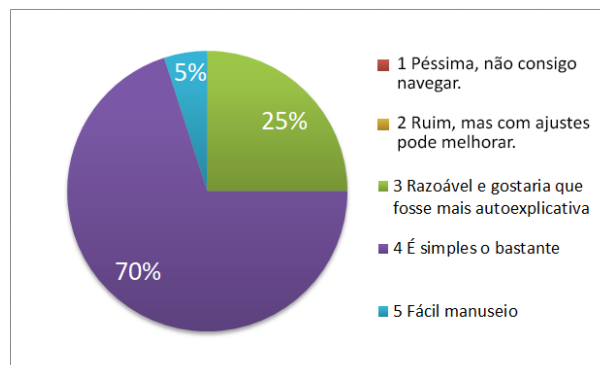
Figura 37: Gráfico de memorização de interface



Fonte: O autor

- Sobre a facilidade de utilização da interface do sistema, (5%) 1 usuário respondeu que a interface é bem elaborada, específica e de fácil manuseio; (25%) 5 usuários responderam que é razoável e gostaria que fosse mais autoexplicativa; e (70%) 14 usuários afirmaram que é simples o bastante (figura 38), como nenhum usuário respondeu com valor '1', podemos considerar que a interface não possui muitas dificuldades de interação.

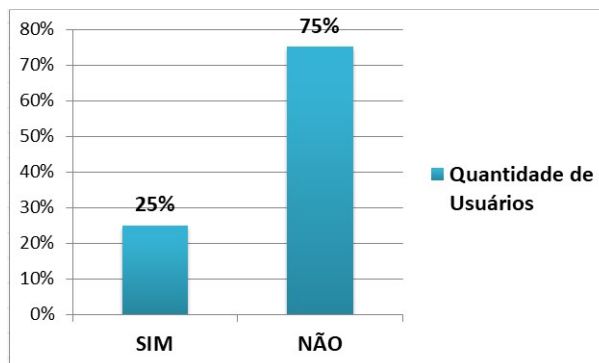
Figura 38: Gráfico de facilidade de aprendizado



Fonte: O autor

- Relacionado à intuitividade do sistema, foi questionado se os usuários tiveram dificuldades em reconhecer funções do sistema. Dos 16 que responderam à questão, (25%) 4 usuários responderam que ‘sim’; enquanto que (75%) 12 usuários responderam que ‘não’ (figura 39).

Figura 39: Gráfico de intuitividade



Fonte: O autor

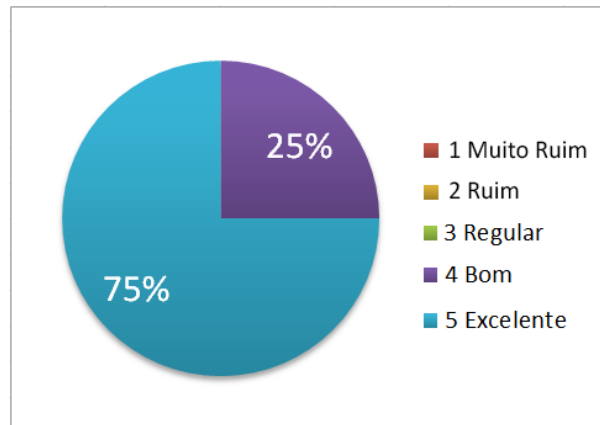
- Por fim quando questionado se o usuário utilizaria o sistema novamente, dos 20 entrevistados, 100% afirmaram que sim.

## 5.5 Resultados de Funcionalidade

Os usuários responderam algumas questões que ajudaram a medir o nível de satisfação do software em vista de suas funcionalidades baseadas nas necessidades dos profissionais da área de melhoramento genético de plantas. 20 usuários responderam a essas questões, seguindo o mesmo padrão eles atribuíram um valor na escala de 1 a 5, sendo o valor 1 *feedback* negativo, e o valor 5 *feedback* positivo.

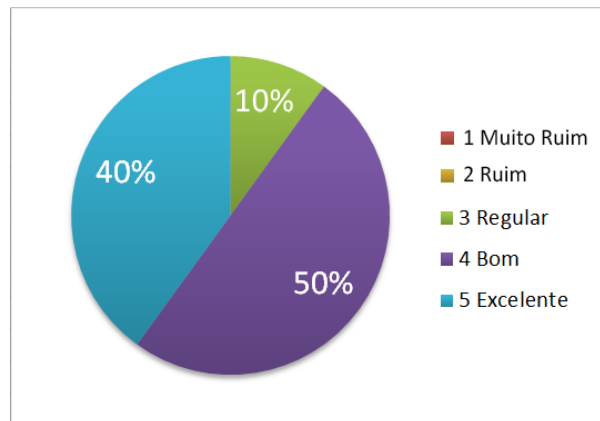
- Foi questionado ao usuário, que valor ele atribuiria ao sistema, no fator otimização de suas atividades gerindo um banco ativo de germoplasma, sendo valor 1 correspondente a com certeza ‘não’, e valor 5 correspondente a com certeza ‘sim’. Os resultados foram bem expressivos, dos 20 entrevistados (25%) 5 usuários atribuíram o valor 4; e (75%) atribuíram 5, afirmando que com certeza sim, otimizaria suas atividades (figura 40).
- Quando questionado sobre as funcionalidades atenderem as expectativas básicas do sistema. (10%) 2 usuários atribuíram valor 3; (50%) 10 usuários atribuíram valor 4; e (40%) 8 usuários atribuíram valor 5 (Figura 41), sendo um *feedback* positivo em relação à realização dos objetivos principais do sistema.
- Avaliando a clareza das informações que alimentam o sistema, (15%) 3 usuários atribuíram nota 3; (45%) 9 usuários atribuíram valor 4; e (40%) 8 usuários atribuíram o valor 5 (figura 42).

Figura 40: Gráfico de otimização de atividades



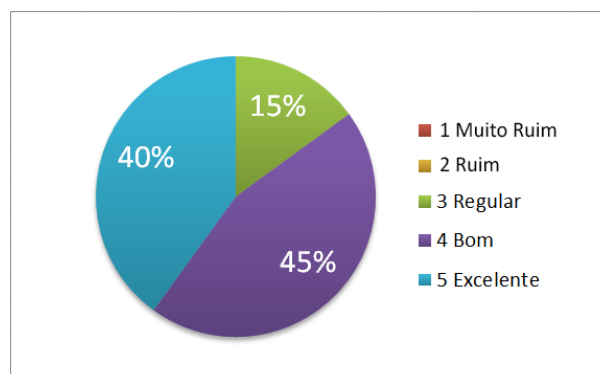
Fonte: O autor

Figura 41: Gráfico de atendimento de expectativas



Fonte: O autor

Figura 42: Gráfico de clareza de informações que alimentam o sistema



Fonte: O autor

Como dito anteriormente os *feedbacks* foram extremamente importantes para a elaboração e resultado final do software, nesta seção também vamos abordar as sugestões de melhorias deixadas pelos usuários no formulário de pesquisa, a fim de corrigir falhas e melhorar a usabilidade junto com a análise de implementação de funcionalidades úteis e que estejam de acordo com o objetivo do sistema.

Algumas melhorias foram atendidas, pois possuíam um maior grau de importância para o sistema; outras sem dúvida possuem um alto grau de importância, pois fazem parte das necessidades dos usuários, por isso, serão vistas como melhorias futuras.

### 5.5.1 Melhorias Implementadas

**Sugestão 1:** “Acredito que o sistema seria ainda melhor se no momento da inclusão de um novo genótipo tivesse a opção para adicionar caracteres de seu interesse, pois assim vocês atenderiam todas as culturas. Deixe os que vocês já colocaram e adicione (tipo um botão) para ser cadastradas mais características, deste modo, o usuário poderá adicionar as características de seu interesse, tipo: Cor, Textura, Grau brix, Esfericidade, Comprimento, Peso do Fruto, Cor da flor, etc.”.

A solução foi criar um painel de “Descritores morfoagronômicos” junto ao cadastro do genótipo, como é mostrado na figura 43.

Figura 43: Painel de descritores morfoagronômicos

A imagem mostra a interface de usuário para o "CADASTRO DE GENÓTIPOS". O formulário contém campos para "Espécie / Tipo \*", "Nome Batismo \*", "Estrutura Genética", "Altura Média" (com exemplo "Ex: 1.89"), "Dias para Florescimento", "Endogamia", "Inst. de Hospedagem" (com sugestão "Instituição de Hospedagem"), "Ano Obtenção \*", "Quantidade \*" (com sugestão "gramas") e "Procedência \*". Na base do formulário, há um painel de "DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS" que inclui um campo de texto, um botão "Novo Descritor" e um botão de busca (ícone de lupa). Uma caixa tracejada vermelha envolve este painel, com uma seta tracejada vermelha apontando para ele.

Fonte: O autor

Este painel permite adicionar descritores de duas formas: Inserindo um novo Descritor, pelo botão “Novo Descritor”; ou pelo botão “Buscar” inserindo um Descritor que foi inserido anteriormente em algum outro genótipo (figura 44).

Após inserir um novo descritor (figura 44), o usuário deve inserir o valor que esse descritor possui como é mostrado na figura 45.

Esta solução foi imprescindível para o objetivo de gerenciamento de bancos de germoplasma, já que os BAGs geralmente gerenciam várias espécies de plantas com diversas características diferentes.

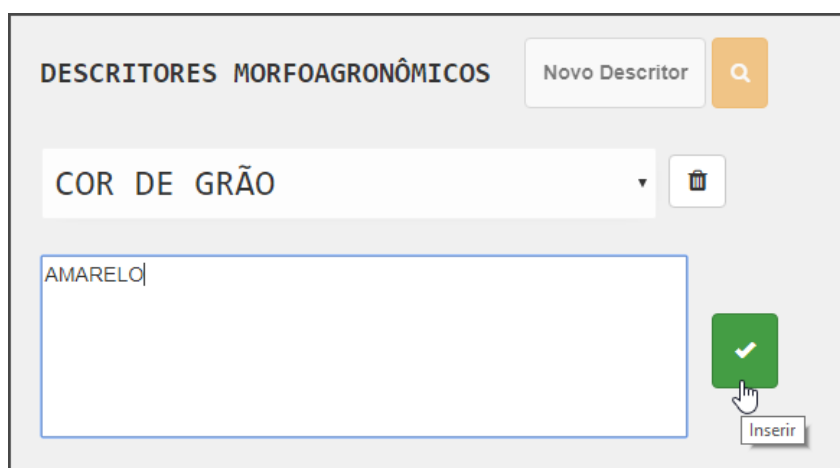
Figura 44: Inserindo novo descritor



A dialog box titled "BigBag diz:" with the instruction "Insira um Descritor". It contains a text input field with the text "COR DE GRÃO". At the bottom right, there are two buttons: "OK" (blue) and "Cancelar" (white).

Fonte: O autor

Figura 45: Inserindo valor de descritor



The main interface shows a section titled "DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS". It includes a "Novo Descritor" button with a magnifying glass icon. Below this, a dropdown menu displays "COR DE GRÃO" with a trash icon to its right. A large text input field contains the text "AMARELO". To the right of the input field is a green button with a white checkmark and a tooltip that says "Inserir".

Fonte: O autor

**Sugestão 2:** “Ao sair do cadastro colocar a opção novo cadastro, porque geralmente são muitos genótipos para cadastrar; ou criar a opção de inserir vários genótipos de uma espécie em uma única vez”.

O usuário sugeriu duas formas de resolver um problema de otimização, sendo que escolhemos a primeira por se adaptar mais facilmente ao que o sistema já propusera e por causar o efeito esperado.

Caso ao finalizar o cadastro de um genótipo, usuário necessite cadastrar outro em seguida; ao invés de ter que sair do cadastro do anterior e abrir um novo cadastro, como era o processo padrão do sistema, sendo necessários dois cliques; agora é possível apenas com um clique, pois após salvar o genótipo o sistema abre um painel com a opção de inserir um novo genótipo/acesso, economizando um atalho até a função, como é mostrado na Figura 46; o painel também permite adicionar uma foto no genótipo cadastrado anteriormente.

**Sugestão 3:** “Não exigir ao usuário saber o Nome de Batismo do Acesso, uma Combobox poderia ser útil neste caso.”.

Nas primeiras versões do sistema, para o usuário poder realizar as atividades:

Figura 46: Painel de adicionar novo acesso



Fonte: O autor

abrir acesso, excluir acesso, adicionar sementes, remover sementes e gerar relatório de controle individual de entrada e saída de sementes, era necessário inserir o nome de batismo do acesso/genótipo pelo método manual em um campo de texto, necessitando às vezes um grande esforço de memória.

Como o usuário sugeriu poderia substituir o campo de texto por um Combo box (Elemento de interface gráfica que apresenta uma lista de itens), no intuito de carregar todos os Nomes dos Acessos na lista do Combo box, facilitando o processo de seleção da informação desejada. No entanto essa medida foi implementada somente para os processos: abrir acesso, remover sementes e adicionar sementes.

## 5.5.2 Melhorias Futuras

As melhorias sugeridas pelos usuários necessitaram de uma análise de grau de importância para o funcionamento do sistema, e parte delas foram avaliadas como importantes, porém que poderiam ser implementadas na próxima versão do sistema, essas sugestões são principalmente no intuito de melhorar a navegabilidade e as funcionalidades do sistema.

**Sugestão 4:** “Gostaria de poder solicitar o relatório de uma lista de genótipos selecionados simultaneamente, pelo que constatei as opções se recaem em solicitar as informações de um ou de todos os genótipos”.

Atualmente o sistema permite gerar relatórios dos Acessos de dois tipos: uma o usuário gera um relatório simplificado de todos os Acessos como foi mostrado na tabela 3; Já o outro tipo, é um relatório individual do acesso, com informações detalhadas do genótipo como é mostrado no anexo 2.

No entanto, segundo a sugestão 4 há a necessidade de gerar relatórios detalhados de vários acessos em uma única atividade, estes acessos serão especificados pelo usuário no momento de gerar o relatório, ao invés de fazer repetidamente o processo de abrir o acesso desejado e depois gerar o seu relatório, gerando mais tempo para completar a atividade.

A solução para a problemática é criar um painel que possibilite ao usuário escolher quais acessos deseja gerar o relatório detalhado, otimizando a atividade.

**Sugestão 5:** “Padronizar o separador de decimais. Eu recomendaria o sistema americano, separando os decimais por ponto.”

Ao inserir informações no sistema Big Bag elas podem preencher os campos de atributos estáticos ou o campo de descritores morfoagronômicos; nos atributos estáticos o sistema sabe qual tipo de dado será permitido preencher aquele campo, ou o dado será literal (letras, números ou caracteres especiais) ou numérico, exemplo, no atributo quantidade não é permitido adicionar Letras; no entanto no painel de descritores morfoagronômicos o usuário terá liberdade pra adicionar qualquer tipo de informações.

Atualmente o painel de descritores do Big Bag não sabe diferenciar quando o usuário está inserindo um dado numérico ou literal, a importância de saber se dá pelo fato da necessidade de se empregar um padrão nas informações, exemplo, ao inserir o descritor “Diâmetro de folha” o valor poderia ser informado como “22.75 milímetros” ou “22,75 milímetros”. O usuário sugeriu que fosse aplicado o padrão numérico americano para números decimais ficando parecido como a primeira forma de descrever o valor, “22.75 milímetros”.

Entretanto o sistema não pode somente impossibilitar a adição do caractere vírgula, pois impediria do usuário inserir informações personalizadas como “22.75 milímetros, 35.75 milímetros” no mesmo descritor.

A solução para o problema seria criar um algoritmo que identifique números decimais no meio das informações literais, separando-as das informações literais, ou seja, caso fosse dado numérico decimal, o sistema impossibilita o usuário de inserir o dado com o caractere vírgula.

---

---

## CAPÍTULO 6

---

### Considerações Finais

Neste trabalho foi desenvolvido um sistema computacional gerencial baseado nas técnicas da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, em vista de auxiliar o gerenciamento de bancos ativos de germoplasma, facilitando o processo de manejo das informações e auxiliando no processo de melhoramento genético de plantas.

Também se buscou mostrar a importância dos sistemas gerenciais para as organizações, no que se diz respeito à maior organização, armazenamento, processamento e análise das informações, tornando o processo de gestão mais eficaz por meio do sistema que auxilia na tomada de decisões.

O sistema Big Bag, propõe que ao ser utilizado, poderá gerenciar um BAG (Banco ativo de germoplasma) com as seguintes atividades: gerenciar acesso (genótipo), que inclui cadastrar, atualizar ou remover acessos; e gerenciar sementes, que inclui inserir ou remover novas sementes dos acessos cadastrados, além de registrar as transações de entradas e saídas de sementes, como também alertar ao usuário caso haja sementes em estado de escassez ou fora do tempo de conservação.

O sistema também permite a emissão de vários tipos de relatórios que facilitarão a tomada de decisão do administrador do BAG, como relatórios que servem de documentação do acesso, acompanhados de todas as informações a cerca do genótipo; como também relatórios que ajudam a rastrear as sementes, no processo de melhoramento genético de plantas. Os relatórios foram imprescindíveis para manter a credibilidade e a segurança dos dados, em vista que se oferece mais opções de armazenamento como, em mídia impressa ou digital.

O processo de desenvolvimento do software foi baseado nas metodologias ágeis, mais precisamente na metodologia XP (*Extreme programming*), que permite à equipe desenvolver mais rapidamente protótipos utilizáveis, sendo testados pelos usuários a fim

de obter *feedbacks* claros do sistema, para implementações de melhorias até sua versão final.

Ao final deste trabalho o objetivo foi alcançado, objetivo este que era desenvolver um sistema gerencial que rodasse em plataforma web e que pudesse oferecer suporte aos pesquisadores e profissionais da área de melhoramento genético vegetal na atividade em gerir um banco ativo de germoplasma de diferentes localidades com acesso à Internet.

O sistema Big Bag desde o início da etapa de desenvolvimento foi testado por vários pesquisadores da área, onde deixaram *feedbacks* importantes para que fosse possível tornar o sistema utilizável e que viesse suprir as necessidades básicas dos pesquisadores.

Os resultados obtidos foram positivos, tanto em relação à usabilidade e navegabilidade do sistema, como em relação às funcionalidades, onde demonstraram um bom grau de aceitabilidade. No entanto, há necessidade de mais testes em diferentes organizações, para entender mais amplamente às necessidades gerais dos pesquisadores nessa atividade, a fim de tornar o sistema mais abrangente e que possa se adequar a diferentes técnicas de manejo de germoplasma em BAGs.

É importante também salientar como objetivo à importância da pesquisa e desenvolvimento de soluções para áreas distintas à tecnologia da informação, no intuito de contribuir para estas áreas unindo ao conhecimento tecnológico, e como nesse caso contribuindo para uma melhor gestão das informações a cerca do programa de melhoramento genético de plantas.

## 6.1 Dificuldades Encontradas

No decorrer do desenvolvimento deste trabalho, foram encontradas algumas dificuldades, estas principalmente relacionadas ao processo de pesquisa, pois para a construção do sistema seria necessário ter noção da metodologia de trabalho de um administrador de BAG, e essa atividade requer conhecimento técnico e científico da área de melhoramento genético de plantas, assim sendo, bastante específico e desconhecido para um estudante da área de sistema de informação. No entanto, com o contato obtido durante esse processo com especialistas da área, as dúvidas foram sendo sanadas e a direção se tornou mais clara.

A falta de conhecimento na área de melhoramento genético e gestão de BAGs, dificultou a fase de desenvolvimento do Big Bag pois os requisitos não eram totalmente claros e concretos, era importante obter *feedbacks* constantes por parte dos usuários que utilizavam o protótipo do sistema, para obter os requisitos relevantes para a sua proposta, com isso a metodologia ágil utilizada durante esse processo se encaixou no projeto e organizou as etapas permitindo iterações na etapa de desenvolvimento e no processo de teste de aceitação, no intuito de corrigir falhas e implementar as funcionalidades necessárias para o cumprimento do objetivo final, que é gerenciar informações de um BAG com eficiência, agilidade e segurança.

## 6.2 **Trabalhos Futuros**

O Big Bag possui suas limitações, e como já foi citado foi desenvolvido em cima das práticas de gestão de um banco ativo específico, limitando suas funcionalidades. A idéia é expandir o seu uso para que possa ser utilizado em qualquer banco ativo de germoplasma, para isso é necessário aumentar seu nicho em informações de tipos de material genético a ser armazenado. Atualmente o Big Bag foi desenvolvido para armazenar informações de BAGs de sementes, sendo assim, suas variáveis de controle de quantidade é medido em gramas, limitando a utilização em outros BAGs.

---

## Reconhecimento

O Big Bag foi uma proposta que iniciou através do diálogo entre duas partes, eu como estudante da área de tecnologia da informação no intuito de produzir algo para uma área carente de tecnologia, e o Me. Railan Ferreira Kurosawa, pesquisador doutorando da área de melhoramento genético de plantas, como detentor do conhecimento científico desta área.

Railan é agrônomo, titulado em 2013 pela Universidade Federal Rural da Amazônia. Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas em 2015 pela Universidade Estadual do Norte Fluminense onde atuou fortemente no melhoramento genético clássico do milho-pipoca, e também ganhou experiência com gerência de bancos ativos de germoplasmas, condução de Seleção Recorrente, dialelos, desenvolvimento de linhagens entre outros.

Atualmente realiza seu doutorado em genética e melhoramento de plantas pela Universidade Estadual do Norte Fluminense onde persiste no desenvolvimento de cultivares de milho-pipoca que agreguem excelência em produtividade, capacidade de expansão e resistência genética a estresses bióticos e abióticos, tendo, anteriormente, participação na co-autoria de dois híbridos simples de milho-pipoca registrados junto ao Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento - MAPA. Tem formação técnica em informática com ênfase no desenvolvimento de softwares.

Sua contribuição foi essencial para a obtenção dos requisitos pertinentes para a elaboração do sistema. Assim como também se responsabilizou por apresentar os profissionais da área de melhoramento genético durante o processo de teste e aceitação do software.

Sem todas essas contribuições nada seria possível. Então de forma devida, muito obrigado Me. Railan do Nascimento Ferreira Kurosawa.

---

## Referências

- AGILE MANIFESTO (2018) Disponível em <http://agilemanifesto.org/>, acessado em 05 de abril de 2018.
- ALBERTIN, A. L., & Albertin, R. M. D. M. (2008). Benefícios do uso de tecnologia de informação para o desempenho empresarial. *Revista de Administração Pública-RAP*, 42(2).
- ALMEIDA, R.D., Mucci Peluzio, J., & Sérgio Afférri, F. (2011). Divergência genética entre cultivares de soja, sob condições de várzea irrigada, no sul do Estado Tocantins. *Revista Ciência Agronômica*, 42(1).
- ALVES, R. M., Garcia, A. A. F., Cruz, E. D., & Figueira, A. (2003). Seleção de descritores botânico-agronômicos para caracterização de germoplasma de cupuaçuzeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 38(7), 807-818.
- ALTER, S. *Information Systems: a Management perspective*. Menlo Park. Califórnia: Benjamin Cummings. 2. ed., 1998.
- ANDRADE JÚNIOR, V. C., Viana, D. J. S., Figueiredo, J. A., Neiva, I. P., & Massadi, M. D. (2006). Coleta de clones e formação de banco de germoplasma de batata-doce no Vale do Jequitinhonha-MG. In *Congresso Brasileiro de Olericultura (Vol. 46)*.
- AUDY, J. L. N. et al. Modelo de planejamento estratégico de sistemas de informação: a visão do processo decisório e o papel da aprendizagem organizacional. In: *ENCONTRO NACIONAL DA ASSOCIAÇÃO NACIONAL DOS PROGRAMAS DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ADMINISTRAÇÃO*, 24., 2000, Florianópolis. Anais. Florianópolis: ANPAD, 2000.
- BATALHA, M. O., Buainain, A. M., & SOUZA FILHO, H. D. (2005). Tecnologia de gestão e agricultura familiar. BATALHA, M. O e FILHO, HM de S (org). *Gestão Integrada da Agricultura Familiar*. São Carlos. EdUFSCar.
- BAX, M. P., & LEAL, G. J. (2001). Serviços Web e a evolução dos serviços em TI.

DataGramZero: Revista de Ciência da Informação. Rio de Janeiro, 2(2).

BECK, K. (2004). Programação Extrema (XP) explicada: acolha as mudanças. bookman.

BIOVERSITY INTERNATIONAL (2008) Germplasm collection. Disponível em <https://www.bioversityinternational.org/>

BIREME. Pierre Lévy faz conferência sobre Web Semântica em evento da Rede Unida. Newsletter Bvs, n. 053, 21 jul. 2006. Disponível em: <http://espacio.bvsalud.org/boletim.php?newsletter=20060721&newsLang=pt&newsName=Newsletter%20BVS%20053%2021/julho/2006&articleId=07141609200607>

BONANZA. Disponível em: <https://www.agropecuaria.inf.br/produtos/bonanza-gold> . Acesso em: 08 de Junho. 2018.

BONOW, S., ALBUQUERQUE, A., IORCZESKI, E., SIGNORI, A., SCARIOT, E., & MULLER, E. (2008). Sistema de gerenciamento dos Bancos Ativos de Germoplasma da Embrapa Trigo. Embrapa Trigo. Comunicado Técnico Online.

BRASIL. Lei 9.985 de 18 de julho 2000. Regulamenta o art. 225, § 1º, incisos I, II, III e VII da Constituição Federal, institui o Sistema Nacional de Unidades de Conservação da Natureza e dá outras providências. Disponível em: [http://www.planalto.gov.br/ccivil\\_03/Leis/L9985.htm](http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/Leis/L9985.htm). Acesso em: 08 dez. 2017

BOOTSTRAP. Disponível em: <https://getbootstrap.com/docs/3.3/about> . Acesso em: 03 abr. 2018.

CAMPBELL, B. J. Understadind information system: foundations of control. Massachussetts: Wintrop Publishers, 1997.

CARVALHO, L. P., da Silva Rodrigues, J. I., & Farias, F. J. C. (2017). Seleção de linhagens de algodão para alto teor de óleo. Pesquisa Agropecuária Brasileira, 52(7), 530-538.

CARVALHO, Marília G. Tecnologia, desenvolvimento social e educação tecnológica. Revista educação & tecnologia. Curitiba: Centro Federal de Educação Tecnológica do Paraná, semestral, p. 70-87, jul. 1997.

CARVALHO, I. C. L., & Kaniski, A. L. (2000). A sociedade do conhecimento e o acesso à informação: para que e para quem. Ciência da informação, 29(3), 33-39.

COMER, D. E. (2016). Redes de Computadores e Internet-6. Bookman Editora.

COSTA, A. M., Spehar, C. R., & Sereno, J. R. B. (2012). Conservação de recursos genéticos no Brasil. Embrapa Cerrados-Livro científico (ALICE).

COSTA, J. G. C., de Oliveira, J. P., & de Abreu, A. G. (2013). Expedição de coleta de variedades tradicionais de feijão comum (*Phaseolus vulgaris*) no Estado da Bahia. Embrapa Arroz e Feijão-Documentos (INFOTECA-E).

COSTA, J. G. C., de Oliveira, J. P., & de Abreu, A. G. (2014). Coleta de variedades

tradicionais de feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) no Estado de Goiás. Embrapa Arroz e Feijão-Documentos (INFOTECA-E).

Cruz, C. D., Ferreira, F. M., & Pessoni, L. A. (2011). *Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética*. Visconde do Rio Branco: Suprema.

DAVENPORT, Thomas H. *Ecologia da Informação*. São Paulo: Futura, 2001.

DA SILVA FILHO, A. M. (2003). Os três pilares da inclusão digital. *Revista Espaço Acadêmico*, 3(24), 5.

DE BARROS, M. V., & Nahas, M. V. (2001). Comportamentos de risco, auto-avaliação do nível de saúde e percepção de estresse entre trabalhadores da indústria. *Revista de saúde pública*, 35(6), 554-563.

DE AQUINO, Bernadete Aparecida (2010) *Ferramentas de Busca Semântica na Web*. (Trabalho de conclusão de curso bacharel em - Ciência da Computação) Disponível em, <http://monografias.nrc.ice.ufjf.br/tcc-web/downloadPdf?id=34>

DEMO, P. (2005). Inclusão digital-cada vez mais no centro da inclusão social. *Inclusão social*, 1(1).

DIAS, D. *Motivação e resistência ao uso da tecnologia da informação: um estudo entre gerentes*. In: ENCONTRO NACIONAL DA ASSOCIAÇÃO NACIONAL DOS PROGRAMAS DE PÓSGRADUAÇÃO EM ADMINISTRAÇÃO, 22., 1998, Foz do Iguaçu. Anais. Foz do Iguaçu: ANPAD, 2000.

DOS SANTOS SOARES, M. (2004). Comparação entre metodologias Ágeis e tradicionais para o desenvolvimento de software. *INFOCOMP*, 3(2), 8-13.

EDDIE LARSSON. Disponível em: <https://github.com/EddieLa/JOB> . Acesso em: 04 de Junho. 2018.

FENALTI, J. M., Santos, T. M., Santos, P. C., Baccega, B. B., & Scaini, C. J. (2016). Diversidade das plantas brasileiras com potencial anti-helmíntico. *VITTALLE-Revista de Ciências da Saúde*, 28(1), 38-49.

DA FRANÇA, V. C. (2017). *IMPLANTAÇÃO E DOCUMENTAÇÃO DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE LIPPIA ORIGANOIDES HBK (VERBENACEAE) E EPLINGIELLA FRUTICOSA (SALZAM EX. BENTH) HARLEY E JFB PASTORE (LAMIACEAE)*. Seminário de Iniciação Científica, (21).

FLANAGAN, David. *JavaScript: The Definitive Guide*. Sebastopol, CA: O'Reilly Media, 2011.

FREITAS, Lídia Silva de. *A memória polêmica da noção de sociedade da informação e sua relação com a área de informação*. *Informação & Sociedade*, 2002.

FILHO-BRASIL, A. V. C., & Cabral-Brasil, E. D. T. (2013). Mapeamento da inclusão digital no Brasil. *Revista Eptic*, 15(1), 4-19.

GALVÃO, Wiliam Carlos. *Sistema WEB para gerenciamento de informações agrícolas*.

2010. vi, 42 f. Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrônômicas, 2010. Disponível em: <<http://hdl.handle.net/11449/90664>>.

GIL, Antônio Carlos. Métodos e técnicas de pesquisa social. 5. ed. São Paulo: Atlas, 1999

GIL, H. (2014). A passagem da Web 1.0 para a Web 2.0 e? Web 3.0: potenciais consequências para uma «humanização» em contexto educativo. *Educatic: boletim informativo*, 1-2.

GUEDES, G. T. (2018). UML 2-Uma abordagem prática. Novatec Editora.

HAWKES, J. G. Germplasm collection, preservation, and use. In: FREY, K. J., ed. *Plant Breeding II*. Ludhiana: Kaliaany Publishers, 1982. p. 57-83.

INTRO. Disponível em: [http://php.net/manual/pt\\_BR/intro.pdo.php](http://php.net/manual/pt_BR/intro.pdo.php) . Acesso em: 03 abr. 2018.

JARAMILLO, S e Baena M. (2001) Manual de apoio à formação e treino em conservação ex situ de recursos fitogenéticos. Roma: IPGRI, 209p.

KRUEGER, (2006) Introduction to the Emerging Practice of Software Product Line Development. Disponível em:

<http://www.methodsandtools.com/archive/archive.php?id=45>.

KUROSE, James F.; ROSS, Keith W. Redes de Computadores e a Internet: uma abordagem top-down. 3. ed. São Paulo: Person Addison Wesley, Brasil, 2006.

LAUDON, K. C.; LAUDON, J. P. Sistemas de informação gerenciais: administrando a empresa digital. 5. ed. São Paulo: Prentice Hall, 2004.

LUCENA, R. S., & Dantas, J. L. L. (2017). Divergência genética por meio de caracteres morfoagronômicos e de qualidade de frutos de linhagens e híbridos de mamoeiro. *Magistra*, 27(1), 101-109.

MACHADO, A. T. (2014). Construção histórica do melhoramento genético de plantas: do convencional ao participativo. *Revista Brasileira de Agroecologia*, 9(1), 35-50.

MACKENZIE, A. P. COMPUTAÇÃO PARALELA EM JAVASCRIPT. (2015)

MAYNTZ, R; HOLM, K; HÜBER, P. (1983), *Introducción a los métodos de la sociología empírica*. Alianza Universidad. Madrid.

MYGDIO, B., PARRELLA, R. D. C., FACHINELLO, P., BARROS, L., & de OLIVEIRA, L. N. (2014). Desempenho de cultivares de sorgo sacarino em solos hidromórficos, visando a produção de etanol-safra 2011/12. *Embrapa Clima Temperado-Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento (INFOTECA-E)*.

MARSDEN, C. Technology assessment in critical care. *Hert & Lung*. v.20, n.1, p.93-94, 1991.

MATERIALIZE. Disponível em:

<http://www.um.es/docencia/barzana/materializecss/about.html> . Acesso em: 03 abr. 2018.

MILETTO, E. M., & de Castro Bertagnolli, S. (2014). *Desenvolvimento de Software II: Introdução ao Desenvolvimento Web com HTML, CSS, JavaScript e PHP-Eixo: Informação e Comunicação-Série Tekne*. Bookman Editora.

MINISTÉRIO DO MEIO AMBIENTE (MMA). A Convenção sobre a diversidade biológica. 2000. Disponível em: <[http://www.mma.gov.br/estruturas/sbf\\_dpg/\\_arquivos/cdbport.pdf](http://www.mma.gov.br/estruturas/sbf_dpg/_arquivos/cdbport.pdf)>. Acesso em: 08 dez. 2017.

MIRANDA, A. L. Da natureza da tecnologia: uma análise filosófica sobre as dimensões ontológica, epistemológica e axiológica da tecnologia moderna. 2002. 161f. Dissertação (Mestrado em Tecnologia) - Programa de Pós-graduação em Tecnologia, Centro Federal de Educação Tecnológica do Paraná, Curitiba, 2002.

MOKYR, J. The contribution of economics history to the study of innovation and technical change: 1759 - 1914. In: HALL, H. Bronwyn; ROSENBERG, N. (Eds.). *Handbooks of the economics of innovation*. Amsterdam: Elsevier, s.d. v. 1. cap. 2.

MORALES, E. V., Monteiro, J. S., MENDES, R. A., FONSECA, J. N. L., & GODOY, R. (1994). *Princípios de documentação para recursos genético vegetais*. Embrapa Pecuária Sudeste-Capítulo em livro técnico-científico (ALICE).

MOURA, M.C.C.L., Valois, A.C.C., Veiga, R.F.A., Brito, A.C. (2010) *Conservação in situ: cenário nacional e manejo*. Em : *GERMOPLASMA: Conservação, Manejo e Uso no Melhoramento de Plantas*. Viçosa, MG: Arca, 2010. 250p.

NARDINO, M., Baretta, D., Carvalho, I. R., Follmann, D. N., Ferrari, M., Pelegrin, A. J. D., ... & Souza, V. Q. D. (2017). *Divergência genética entre genótipos de milho (Zea mays L.) em ambientes distintos*. *Revista de Ciências Agrárias*, 40(1), 164-174.

NICK, C., Silva, D.J.H., Mattedi, A.P., Pedrosa, D.A. (2010) *Conservação ex situ dos recursos fitogenéticos* Em : *GERMOPLASMA: Conservação, Manejo e Uso no Melhoramento de Plantas*. Viçosa, MG: Arca, 2010. 250p.

NIELSEN, J. *User Interface Directions for the Web*. *Comm. of the ACM*, 42(1): 65-72. Jan. 1999.

NIELSEN, J. *Usability engineering*. Boston: Academic Press Professional, 1993

OLIVEIRA, Djalma de Pinho Rebouças de. *Sistemas, organização e métodos: uma abordagem gerencial*. 19ª ed. São Paulo: Atlas, 2010.

OLIVEIRA, M. D. S. P., Ferreira, D. F., & dos Santos, J. B. (2006). *Seleção de descritores para caracterização de germoplasma de açaizeiro para produção de frutos*. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 41(7), 1133-1140.

PAULA FILHO, Wilson de Pádua. *Engenharia de Software: fundamentos, métodos e padrões*. 3 ed. Rio de Janeiro: LTC, 2009.

- PEREIRA, A. V. (1989). Utilização de análise multivariada na caracterização de germoplasma de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz). Piracicaba, SP: ESALQ, 1989. 180p (Doctoral dissertation, Tese (Doutorado em Melhoramento e Genética)-Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/Universidade de São Paulo).
- PEREIRA, V. C., López, P. A., & Dal Soglio, F. K. (2017). A conservação das variedades crioulas para a soberania alimentar de agricultores: análise preliminar de contextos e casos no Brasil e no México. *Holos*, 4, 37-55.
- PRESSMAN, R. S. (1995). "Engenharia de Software". São Paulo, Makron Books, ISBN 85-346-0237-9.
- QUEROL, D. (1993) Recursos genéticos, nosso tesouro esquecido: abordagem técnica e sócio-econômica. Rio de Janeiro: AS-PTA, 206p.
- RAMALHO, M.A., Santos, J.B., Pinto, C.A.B.P., Souza, E.A., Gonçalves, F.M.A., Souza, J.C. (2012). *Genética na Agropecuária*. 5.ed., rev. - Lavras: UFLA, 566p.
- RAMOS, S. R. R., QUEIROZ, M. D., & Pereira, T. N. S. (2007). Recursos genéticos vegetais: manejo e uso. *Magistra*, 19, 265-273.
- REBÊLO, P. (2005). Inclusão digital: o que é e a quem se destina. *Webinsider*, [SI], maio.
- REZENDE, Denis Alcides; ABREU, Aline França. *Tecnologia da Informação - Aplicada a Sistemas de Informação Empresarias*. São Paulo: Atlas 2001.
- RIBEIRO, N. P., Sanches, C. C., Oliveira, M. Â. C., & Costa, R. B. (2016). Biodiversidade e conservação de recursos genéticos de espécies arbóreas. *Multitemas*, 21(50).
- ROSSETTI, A. C., & Carqui, L. M. (2009). Implantação de sistema informatizado para planejamento, gerenciamento e otimização das escalas de enfermagem. *Acta Paulista de Enfermagem*, 22(1), 83-88.
- SANTOS, P. L. V. A. D., & Carvalho, A. M. G. D. (2009). Sociedade da informação: avanços e retrocessos no acesso e no uso da informação. *Informação & Sociedade: Estudos*, 45-55.
- SANTOS, B. F. D. (2013). *Aplicativos Móveis para Consulta de Informações da Gerência Ágil de Processos utilizando LPS*.
- SCHEFFER, M. C., Ming, L. C., & Araujo, A. D. (1999). Conservação de recursos genéticos de plantas medicinais. QUEIRÓZ, MA de; GOEDERT, CO; RAMOS, S. RR, ed. *Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas para o Nordeste brasileiro*.(on line). Versão, 1.
- SCHIEFER, G. W., & Zazueta, F. S. (2003). Information technology for food security in a global environment. *Universität Bonn-ILB*.
- SCHENBERG, A. C. G. (2010). *Biotecnologia e desenvolvimento sustentável. estudos*

avanzados, 24(70), 07-17.

SHNEIDERMAN, B. *Designing the User Interface: Strategies for Effective Human-Computer Interaction*. 2nd Ed., Addison-Wesley, 1992.

SIERRA BRAVO, R. (2003). *Técnicas de investigación social: teoría y ejercicios*.

SILVA, J. C., TAVARES, A. T., ALVES, F. Q. G., VAZ, J. C., MOMENTÉ, V. G., & NASCIMENTO, I. R. (2017). SIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE PROGÊNIES DE MEIO-IRMÃOS DE BATATA-DOCE COM BASE EM CARACTERES AGRONÔMICOS. *DESAFIOS*, 4(4), 70-83.

SILVA, L. A. D. (2014). *iFrame: framework para o desenvolvimento de aplicações Web*.

SLACK, N.; CHAMBERS, S.; JOHNSTON, R. *Operations management*. 3. ed. New York: Prentice Hall, 2000.

SOMMERVILLE, I. *Engenharia de software*. 9a Edição, 2011.

SOUZA, Y. P., DAHER, R. F., VANDER PEREIRA, A., DA SILVA, V. B., FREITAS, R. S., & DE AMARAL GRAVINA, G. (2017). Repetibilidade e número mínimo de avaliações para caracteres morfoagronômicos de capim-elefante para fins energéticos-DOI: 10.5039/agraria. v12i3a5456. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias (Agrária)*, 12(3), 391-397.

STAIR, Rlph M. *Princípios de sistemas de informação ? uma abordagem gerencial*. LTC Editora. Rio de Janeiro, 1998.

STAIR, Ralph M. *Princípios de Sistemas de Informação*. 2. ed. São Paulo: LTC, 1998.

SUGAHARA, C. R., SOUZA, J. H., & VISELI, J. (2009). A informação dos sistemas de informação gerenciais como elemento determinante no apoio à tomada de decisão em hospitais. *Transinformação*, 21(2).

TAKAHASHI, T. (org.). *Livro verde da Sociedade da Informação no Brasil*. Brasília: Ministério da Ciência e Tecnologia, 2000.

TANENBAUM, Andrew S. *Redes de Computadores*. Tradução da 4rd. Ed. em inglês. Editora Campus. 2003.

TEIXEIRA JÚNIOR, R. F. (1998). *Modelagem e projeto de um sistema distribuído de gestão da produção*.

TIERGARTEN, B. *SISTEMA DE INFORMAÇÃO GERENCIAL DE VENDAS PARA UMA SOFTWARE HOUSE* (2004). Disponível em, <http://dsc.inf.furb.br/arquivos/tccs/monografias/TCC2004-2-01-VF-BRUNOTIERGARTEN.pdf>

YAMAGUCHI, L. (2002). *Gestão informatizada de fazendas e cooperativas agropecuárias*. In *WORKSHOP O AGRONEGÓCIO NA SOCIEDADE DA INFORMAÇÃO-AGROSOFT*.

## **APÊNDICE A – Formulário de usabilidade**

Formulário criado para obter feedbacks dos usuários na fase de desenvolvimento do sistema.

# Formulário de Usabilidade

Em cima da experiência obtida na utilização do sistema, responda. Agradeço desde já sua Colaboração.

\* Required

1. Qual sua função e Área de atuação?

---

2. Qual instituição você desenvolve seu trabalho?

---

3. Com qual espécie trabalha?

---

4. Acredita que o sistema possa ajudar a otimizar sua atividade gerindo um Banco Ativo de Germoplasma? \*

Mark only one oval.

1      2      3      4      5

Acredito que Não      Com certeza Sim

5. As funcionalidades atendem as expectativas básicas de funcionamento do sistema? \*

Mark only one oval.

1      2      3      4      5

Não Atende      Atende Perfeitamente

6. As informações que alimentam o sistema são claras e objetivas para a documentação de um Germoplasma? \*

Mark only one oval.

1      2      3      4      5

7. Encontrou dificuldades em conhecer funções do sistema? se sim, Quais?

---

**8. Lembra com facilidade a localização de um recurso já utilizado anteriormente? \****Mark only one oval.*

- Sim, lembro facilmente
- Não, mas consigo reencontrá-lo facilmente
- Não, e tenho dificuldade de reencontrá-lo
- Other: \_\_\_\_\_

**9. Defina valores para interface do sistema \****Mark only one oval.*

	1	2	3	4	5	
Feio	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	Atraente

**10. \****Mark only one oval.*

	1	2	3	4	5	
Confusa	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	Clara

**11. \****Mark only one oval.*

	1	2	3	4	5	
Inutil	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	Util

**12. Pra você a interface é fácil de usar ou poderia ser mais simples e auto-explicativa? \****Mark only one oval.*

- É Simples o bastante
- Razoável, Gostaria que fosse mais auto-explicativa
- Não é nada fácil
- Other: \_\_\_\_\_

**13. Encontrou falhas na utilização? se sim, Quais?**


---



---



---



---



---

**14. Utilizou o sistema em que dispositivo? \****Mark only one oval.*

- Mobile
- Notebook ou Desktop
- Other: \_\_\_\_\_

15. Conseguiu consultar com facilidade a informação desejada? se não, Porque?

---

---

---

---

---

16. Conseguiu inserir dados com facilidade? se não, Porque?

---

---

---

---

---

17. Obteve feedbacks claros do sistema? senão, em que função não obteve?

---

---

---

---

---

18. Considera uma boa Experiência utilizando o sistema? \*

*Mark only one oval.*

	1	2	3	4	5	
Não	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	Sim

19. Utilizaria o sistema novamente? \*

*Mark only one oval.*

Sim

Não

Other: \_\_\_\_\_

20. Caso possua alguma observação, Descreva.

---

---

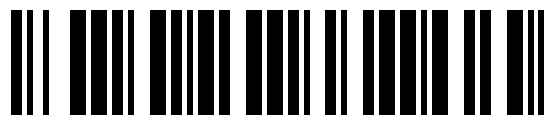
---

---

---

## **ANEXO A – Documentação de genótipo**

Anexo de documentação do Acesso gerado no sistema BigBag.



NOME DO ACESSO	POMPEU
ESPÉCIE/TIPO	Ax
ESTRUTURA GENÉTICA	AS
INSTITUIÇÃO HOSPEDAGEM	UENF
ANO DE OBTENÇÃO	2017/2018
PROCEDÊNCIA	LINHAS 153 - 225
<b>- DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS -</b>	
GRAU ZIG ZAG	RETO
CAPACIDADE DE EXPANSÃO	40
RENDIMENTO DE GRÃOS	3000 KG/ha
ALTURA DA PRIMEIRA ESPIGA	1.2
ALTURA TOTAL	2,00 metros
NÚMERO DE ESPIGA POR PLANTA	2
TAMANHO DO HANDROGINÓFORO	0.002
N ESPIGA	10
<b>- INFORMAÇÕES GENEALÓGICAS -</b>	
- Origem Genealógica:	
não sei	
- Cidade Origem:	
também não sei	
- OBSERVAÇÃO	
nenhuma	