

Sistema de información de Genética de Yuca

(Pasantia)

Luis Ovidio González Alzate
cód 201154010

Universidad del Valle
Facultad de Ingeniería
Escuela de Ingeniería de Sistemas y Computación
Programa Académico de Ingeniería de Sistemas
Tuluá, Octubre de 2016

Sistema de información de Genética de Yuca

(Pasantía)

Luis Ovidio González Alzate
cód 201154010

Trabajo de grado como requisito para optar el título de:
Ingeniero de sistemas

Director:
Jhoan Manuel Muñoz Serrano, Ing.

Co-Director:
Carolina García, Ing.

Universidad del Valle
Facultad de Ingeniería
Escuela de Ingeniería de Sistemas y Computación
Programa Académico de Ingeniería de Sistemas
Tuluá, Octubre de 2016

Nota de aceptación

Firma del Evaluador

Firma del Director

Tuluá, __/__/__

Dedicatoria

El presente trabajo de grado está dedicado a mi familia que con su apoyo, acompañamiento, cariño y tolerancia fue fundamental para culminar mi pregrado.

A la memoria de mi hermana que con su tenacidad, empuje y ganas de perseverar siempre fue y seguirá siendo un aliciente para conseguir mis metas.

Agradecimientos

Quiero agradecer al director de trabajo de grado por la disposición que mostro para orientarme y ayudarme con los inconvenientes que se me presentaron para la realizacion de este trabajo de grado.

A los integrantes del grupo de datos e informacion y compañeros de trabajo que con sus aportes contribuyeron para la realizacion del proyecto.

A los profesores, amigos, compañeros y demás personas que de una u otra forma aportaron para que mis esfuerzos se materializaran.

Resumen

El CIAT busca contribuir a un auge, potencialmente global, de la yuca a través de un mejoramiento en rendimiento y calidad de producto, mejor agronomía y esfuerzos concertados para combatir plagas y enfermedades emergentes.

Es por ello que el área de Genética de Yuca es un motor muy importante en el cumplimiento de la estrategia del CIAT y en particular el laboratorio de Cultivo de Tejido porque es el responsable de conservar los materiales que están en análisis y luego distribuir estos materiales a la misma comunidad CIAT y sus socios para continuar con la investigación en este cultivo.

Las operaciones que se realizan en el área de Genética de Yuca y en especial en el laboratorio, en el invernadero y en el campo generan cierta cantidad de datos que para el área es importante almacenar ya que se convertirán en información crítica para tomar decisiones en las investigaciones. Adicionalmente, estas operaciones acarrea ciertos costos que también son de interés para el líder del área. Por otro lado, las plantas que conserva el laboratorio son afectadas por diversos movimientos o procedimientos durante todo su ciclo de vida, y para el área de Genética de Yuca es útil hacer el seguimiento de cada uno de los movimientos o procedimientos que se le efectúan a los genotipos para conocer de manera detallada el proceso de evolución de los mismos.

Con base en lo anterior es necesario un sistema para estructurar y configurar los procesos, gestionar los recursos y llevar el registro de los genotipos conservados junto con los procedimientos que se le aplican, que permita llevar la trazabilidad de determinado genotipo y conocer los costos asociados y que además sirva como una herramienta de administración y gerenciamiento.

Palabras clave: trazabilidad, costos, genotipo, sistema de información

Abstract

CIAT seeks to contribute to a potentially global, cassava boom through improved performance and product quality, better agronomy and concerted efforts to combat pests and emerging diseases.

That is why the Cassava's Genetic area is very important for the implementation of CIAT's strategy, specifically the Tissue's Crop Laboratory which is responsible for preserving the materials used for analysis and then distribute those materials to the CIAT's community and its partners to continue research in this crop.

The operations performed in the Cassava's Genetics Area, especially in the laboratory, greenhouse and field generate a certain amount of data that is important for the area to store as it's essential to make decisions in the research. In addition, these operations entail certain costs that are also of the interest to the leader of the area. On the other hand, plants that are preserved in the laboratory are affected by different movements or procedures throughout their life cycle, and it's useful for the area of Cassava's Genetics to keep track of each of the movements or procedures to be made to genotypes in order to know in detail the process of their evolution.

Based on the above, it's necessary to create a system that allows to structure and configure the processes, manage resources and keep track of genotypes preserved along with the procedures that are applied to them, allows tracing of incoming for a particular genotype and know the associated costs and that also serves as an administration and management tool.

key words: tracking, costs, genotype, information system.

Índice general

Resumen	6
Abstract	7
Lista de tablas	10
Lista de figuras	11
1. Introducción	12
1.1. Descripción general	12
1.2. Problema	13
1.2.1. Descripción del problema	13
1.2.2. Formulación del problema	14
1.3. Objetivos	14
1.3.1. Objetivo general	14
1.3.2. Objetivos específicos	14
1.4. Justificación	14
1.5. Alcance	15
1.6. Estructura del documento	15
2. Marco referencial	17
2.1. Marco conceptual	17
2.2. Marco teórico	17
2.2.1. Conservación de plantas de Yuca en el laboratorio[3]	17
2.2.2. Distribución de Genotipos [3]	20
2.2.3. Tecnologías de desarrollo	21
2.3. Antecedentes	26
3. Sistema de información de genética de yuca	27
3.1. Descripción general	28
3.2. Recursos	30
3.3. Procesos y tareas	30
3.4. Inventario de materiales	31
3.5. Ordenes de trabajo	32
3.5.1. Cálculo estimado de tiempo y costo	32
3.5.2. Programación de tareas	33
3.6. Reportes y consultas	35
4. Desarrollo del Software	38
4.1. Inicio y planificación	38
4.2. Elaboración y construcción	38
4.2.1. Análisis	38

4.2.2. Diseño	41
4.2.3. Codificación	44
4.2.4. Pruebas	45
4.3. Implementación	46
4.4. Cierre	47
5. Conclusiones y Trabajos futuros	48
5.1. Conclusiones	48
5.2. Trabajos futuros	50
Referencias	51
Anexos	52
Anexo A	53
Anexo B	65

Índice de tablas

4.1. Especificación de requerimientos módulo de órdenes de trabajo. . . .	39
4.2. (continuación) Especificacion de requerimientos módulo de ordenes de trabajo.	40
5.1. Especificación de requerimientos Usuarios y perfiles.	65
5.2. Especificación de requerimientos de acceso al sistema.	65
5.3. Especificación de requerimientos módulo de notificaciones.	65
5.4. Especificación de requerimientos módulo de recursos.	66
5.5. Especificación de requerimientos módulo de procesos.	66
5.6. Especificación de requerimientos módulo de órdenes de trabajo. . . .	67
5.7. Especificación de requerimientos módulo de inventario de materiales. .	68
5.8. Especificación de requerimientos módulo de reportes y consultas. . .	68

Índice de figuras

2.1. Rescate de embriones. <i>Elaborado por Adriana alzate</i>	18
2.2. proceso de conservación de materiales provenientes del invernadero. (<i>Elaborado por Adriana Alzate.</i>)	20
2.3. Proceso de distribución de genotipos. (<i>Elaborado por Adriana Alzate</i>)	21
2.4. Arquitectura Hibernate (tutorialspoint.com [6])	22
2.5. Respuesta a una solicitud de cliente para una página JavaServer Faces. (Oracle [8])	23
2.6. Modelo clasico de una aplicación web vs modelo de una aplicación web usando ajax. (Kris Hadlock [10])	24
3.1. Estructura general, interfaz sistema de Genética de Yuca.	27
3.2. Menú dashboard, pantalla de inicio.	28
3.3. formularios para la creacion de ordenes de trabajo y equipos	29
3.4. tabla de insumos	29
3.5. Procesos y tareas despues de ser registrados	31
3.6. ordenes de trabajo	33
3.7. Detalle de una orden de trabajo	34
3.8. Tabla de programación de tareas para una orden de trabajo.	35
3.9. Interfaz reportes por ordennes de trabajo.	36
3.10. Interfaz reportes por responsables.	36
3.11. Interfaz reportes por disponibilidad de instalaciones.	37
4.1. Diagrama de estructura del sistema de información de Genética de Yuca.	41
4.2. Arquitectura del sistema.	41
4.3. Modelo relacional sistema de informaición de Genética de Yuca	43
4.4. Diagrama de navegación sistema de informaición de Genética de Yuca.	44
4.5. I nterfaz herramienta Mantis Bug Trackin.	46

Capítulo 1

Introducción

1.1. Descripción general

El Grupo de Datos, Información y Conocimiento del CIAT¹, tiene entre sus funciones facilitar los procesos internos del área de investigación, la preservación de los datos e información, y compartir los datos abiertos con la comunidad, entre otras. Teniendo en cuenta lo anterior, este grupo acompaña a las diferentes áreas de investigación en la búsqueda de alternativas a desafíos en sus procesos internos, las cuales puede implicar el uso de diferentes tecnologías.

Es por ello que después de un análisis previo, nace la necesidad de diseñar una herramienta que facilite la administración de los procesos en el área de Genética de Yuca, inicialmente en lo relacionado al laboratorio de Cultivo de Tejido.

Dentro de este laboratorio se llevan a cabo principalmente dos macro-procesos: la conservación in vitro de yuca y la distribución de genotipos. Estos procesos y otros que son subyacentes, generan cierta cantidad de datos que para el área de Genética de Yuca es importante almacenar ya que se convertirán en información crítica para tomar decisiones en las investigaciones. Adicionalmente, las operaciones que se realizan en el laboratorio y en las demás instalaciones utilizadas por el área de Genética de Yuca acarrea ciertos costos que también son de interés para el líder del área. Por otro lado, las plantas que conserva el laboratorio son afectadas por diversos movimientos o procedimientos durante todo su ciclo de vida, y para el área de Genética de Yuca es útil hacer el seguimiento de cada uno de los movimientos o procedimientos que se le efectúan a los genotipos para conocer de manera detallada el proceso de evolución de los mismos.

Teniendo en cuenta los puntos descritos anteriormente, se ha desarrollado un sistema que permite el registro de los datos generados en los macroprocesos y subprocesos desarrollados por el área de genética de yuca, así como para hacer la gestión de los recursos que son requeridos en cada una de las tareas realizadas por el área de genética de yuca para calcular los costos derivados de las operaciones realizadas. El sistema permitirá al líder del proyecto gerenciar de manera más efectiva los procesos y recursos que son realizados en el área de genética de yuca.

¹CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical) <https://ciat.cgiar.org/es/>

1.2. Problema

1.2.1. Descripción del problema

La yuca es el tercer cultivo alimenticio más importante en los trópicos y sirve además como alimento para el ganado y materia prima industrial, casi 500 millones de personas en África al igual que en América Latina y el Caribe dependen de ella para la alimentación; además, millones de pequeños agricultores en Asia la cultivan para mercados industriales. La yuca puede soportar condiciones hostiles, lo que la convierte en un cultivo clave para proteger la agricultura de pequeña escala contra el cambio climático. Partiendo de este punto, el CIAT busca contribuir a un auge, potencialmente global, de la yuca a través de un mejoramiento en rendimiento y calidad de producto, mejor agronomía y esfuerzos concertados para combatir plagas y enfermedades emergentes [1].

Es por ello que el área de Genética de Yuca es un motor muy importante en el cumplimiento de la estrategia del CIAT y en particular el laboratorio de Cultivo de Tejido porque es el responsable de conservar los materiales que están en análisis y luego distribuir estos materiales a la misma comunidad CIAT y sus socios para continuar con la investigación en este cultivo. El proceso de conservación consiste en preservar los materiales de yuca de manera in-vitro, los cuales llegan al laboratorio de diferentes fuentes, y aplicando diversas técnicas preestablecidas permiten resguardar un número de plantas en los respectivos cuartos de conservación y crecimiento. Por otro lado, el proceso de distribución de estas plantas in vitro consiste básicamente en la entrega o envío de estos materiales a diferentes programas dentro del mismo centro y a otras entidades socias que las requieran. Igualmente estas plantas in-vitro pueden ser enviadas a los invernaderos y/o lotes de campo del área Genética de Yuca para establecer diferentes ensayos de investigación.

Todos estos procesos generan mucha información, la cual se debe registrar y almacenar porque sirven de base para los ensayos actuales y futuros. Entre esta información se puede enumerar algunos ejemplos como el origen, las evaluaciones de laboratorio, invernadero y campo, e inventarios de los distintos materiales conservados. Adicionalmente, estos procesos consumen recursos los cuales el área de Genética de Yuca debe presupuestar. Actualmente el laboratorio de Cultivo de Tejidos cuenta con un sistema de información que les permite registrar el ingreso de familias, genotipos, movimientos y un subsistema de alarmas [2]. Sin embargo este sistema no permite generar los costos, ni determinar la trazabilidad de un material, y está enfocado solamente al laboratorio, sin tener en cuenta los invernaderos y las evaluaciones en campo.

Teniendo en cuenta el contexto descrito anteriormente, se creó un sistema que ayuda a la solución de esta problemática y permite hacer seguimiento a la historia de los materiales conservados en el laboratorio de Cultivo de Tejidos y además genera un valor estimado en tiempo y costo de los procesos que se le desea aplicar a un material tanto en el laboratorio, invernadero y campo.

1.2.2. Formulación del problema

¿Cómo determinar la trazabilidad de un material del área de Genética de Yuca y los costos asociados a la misma?

1.3. Objetivos

1.3.1. Objetivo general

Desarrollar una aplicación WEB que permita determinar la trazabilidad de un material del área de Genética de Yuca y los costos asociados.

1.3.2. Objetivos específicos

1. Implementar el módulo de recursos que permita llevar el control del inventario de los insumos, equipos, instalaciones y roles que son necesarios para la ejecución de los procesos en el laboratorio de Cultivo de Tejidos, Invernadero y Campo.
2. Implementar el módulo de procesos que permita configurar las actividades y tareas que se realizan en el laboratorio de Cultivo de Tejidos, Invernadero y Campo.
3. Implementar el módulo de inventario de materiales de yuca que son conservados por en el laboratorio de Cultivo de Tejidos, y los que se encuentran en el Invernadero y/o Campo.
4. Implementar el módulo de Órdenes de Trabajo para la ejecución de los procesos diarios.
5. Implementar el módulo de reportes para consultar la trazabilidad de los materiales de yuca que son conservados y los costos de los procesos asociados a estos.

1.4. Justificación

Desarrollar una aplicación web que permita determinar la trazabilidad de un material del área de Genética de Yuca y los costos asociados a esta, le permitirá al líder del área planear y controlar sus actividades de manera más eficiente. También servirá en un momento determinado para la toma de decisiones gerenciales.

Por otro lado, la herramienta permitirá centralizar muchos datos que se generan en el área de genética de yuca, producto de los procesos que se realizan, ya que en la actualidad se maneja mucha información en hojas electrónicas, lo que produce que la información se encuentre dispersa y se dificulte la consulta y actualización de dicha información. La centralización de esta información facilitará la consulta o

actualización, además de esto, poder consultar sobre los procesos que se le aplican a los genotipos y sus resultados, es un punto clave para los investigadores del proyecto ya que les permitirá tomar determinadas decisiones para sus investigaciones.

Por último, este proyecto contribuirá con el afianzamiento de los conocimientos adquiridos durante el transcurso de la carrera como el diseño y construcción de aplicaciones, diseño y construcción de bases de datos, metodologías de desarrollo de software entre otros. Además permitirá la adquisición de nuevos saberes ya que se conocerán y aprenderán nuevas tecnologías que se utilizan en el proceso de elaboración de soluciones informáticas.

1.5. Alcance

El sistema que se pretende desarrollar será una aplicación en ambiente web, la cual permitirá tener la información centralizada y actualizada de los datos que se producen con los procesos que lleva a cabo Genética de Yuca, con la cual se buscar determinar la trazabilidad de los materiales y los costos asociados. Para ello se desarrollarán 5 módulos: Recursos, Procesos, Inventario de materiales, Ordenes de Trabajo y Reportes.

En el módulo de Recursos se llevará el inventario de todos los recursos que son necesarios en Genética de Yuca para su operación diaria. En el módulo de Procesos se van a configurar todas las tareas que se llevan a cabo en el laboratorio de Cultivo de Tejidos, en el invernadero y en el campo. Estos dos módulos son esenciales para el cálculo de los costos que se generan en Genética de Yuca.

El módulo de Inventario de Materiales será desarrollado para la gestión de la información relacionada con el inventario de las plantas, así como de los procedimientos que se le aplican a las mismas. Estos módulos son de gran importancia para determinar la trazabilidad de los materiales.

El módulo de Órdenes de Trabajo permitirá establecer los procesos que se le realizarán a los materiales del laboratorio de Cultivo de Tejidos.

Por último, el módulo de reportes será donde se muestre el compendio de toda la información. Permitirá la consulta de la trazabilidad para consultar la trazabilidad de los materiales de yuca y los costos de los procesos asociados a estos.

Los módulos se implementarán de tal manera que permiten la creación, lectura, modificación y eliminación de información en los módulos que así lo requieran. Dichos módulos serán desarrollados en las fases: análisis, diseño, desarrollo o codificación y pruebas.

1.6. Estructura del documento

En el Capítulo 2, se presenta el marco teórico, las tecnologías para el desarrollo web y los antecedentes sobre el sistema utilizado anteriormente por el laboratorio de

cultivo de tejidos. El Capítulo 3, muestra las características de la aplicación:sistema de gestión de genética de yuca, desarrollada en este proyecto. El Capítulo 4, presenta los procesos de ingeniería del software seguidos en la implementación del sistema. Finalmente el Capítulo 5 muestra las conclusiones y trabajos futuros.

Capítulo 2

Marco referencial

2.1. Marco conceptual

- Genotipo: Se refiere a cada una de las plantas completamente formadas que corresponden a una familia con un número de serie único con las que trabajan en el proyecto de genética de yuca.
- Menú dashboard: menús que se despliegan en forma de cuadrícula.
- Singleton: es un patrón de diseño diseñado para restringir la creación de objetos pertenecientes a una clase o el valor de un tipo a un único objeto. Su intención consiste en garantizar que una clase sólo tenga una instancia y proporcionar un punto de acceso global a ella.
- Trazabilidad: seguimiento de los movimientos o procedimientos que afectan a los genotipos durante todo su ciclo de vida.

2.2. Marco teórico

2.2.1. Conservación de plantas de Yuca en el laboratorio[3]

El proceso de conservación se desarrolla teniendo en cuenta la procedencia o fuente de origen de los genotipos. A continuación se describen las etapas o subprocesos que se realizan para conservar un genotipo de acuerdo a cada fuente.

Fuente 1: Obtención de plantas in vitro a partir de la semilla de yuca (materiales propios del laboratorio de genética de yuca).

1. Inicialmente se reciben las semillas y se hace una preselección mediante una prueba de agua para determinar cuáles semillas son aptas para germinar y cuáles se deben desechar. La prueba consiste en depositar las semillas en un beaker con agua corriente, y se seleccionan las semillas que se precipitan descartando las que flotan.

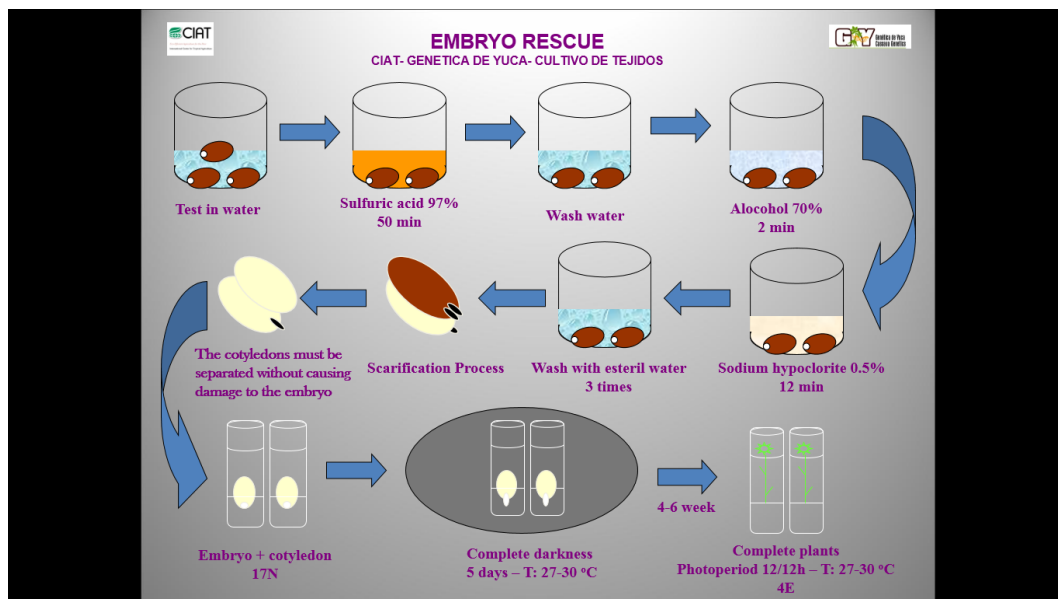


Figura 2.1: Rescate de embriones.
Elaborado por Adriana alzate

2. El siguiente paso se ablanda la testa (cáscara) de la semilla. El proceso de ablandamiento consiste en depositar las semillas seleccionadas en la tarea anterior en un recipiente el cual contiene ácido sulfúrico durante un periodo de tiempo.
3. Después de ablandar la testa de la semilla se hace una desinfección. Para el proceso de desinfección se necesita: alcohol, hipoclorito y agua estéril.
4. Una vez se tiene la semilla desinfectada, se le retira la testa o cáscara a la semilla y se siembra en un tubo de ensayo, el cual contiene el medio de cultivo. Posteriormente los tubos con las semillas sembradas, se tapan con una tela oscura por un periodo de 5 días y se colocan en el cuarto de crecimiento a una temperatura entre 27 y 30 grados centígrados. Pasados los 5 días, se retira la tela y a las 6 semanas se obtiene una planta desarrollada.
5. Después de las 6 semanas la planta completamente desarrollada (con raíz, tallo y hojas) puede ser multiplicada para obtener 3 plantas nuevas. El proceso de multiplicación consiste en tomar la planta y dividirla en 3 secciones o explantes (ápice y nudos), cada explante es sembrado en un tubo de ensayo. De manera similar se debe esperar que pase un periodo de 6 semanas para que las plantas se desarrollen y continuar con el proceso de multiplicación. Cada planta producirá 3 explantes lo que significa que después de las 6 semanas se tendrán 3 plantas con 9 explantes que se seguirán multiplicando cada 6 semanas hasta obtener 27 plantas que serán distribuidas así: 9 plantas para invernadero, 10 plantas para envíos y 8 plantas para conservación. La Figura 2.1 ilustra el proceso de rescate de embriones.

Fuente 2: Materiales Provenientes del Programa de Mejoramiento

Los genotipos que produce el Programa de Mejoramiento son obtenidos mediante cruzamientos en campo. Posteriormente definen que materiales se llevarán a conservación in vitro. Cuando se tienen seleccionados los genotipos para conservar, se envía

a invernadero semilla de estaca. Cuando se tienen las estacas en el invernadero se realiza la siembra en bolsas, con el objetivo de que dichas estacas broten y desarrollen una rama. El invernadero facilita un ambiente libre de plagas y enfermedades que permite el crecimiento sano de las plantas. La rama se lleva al laboratorio de cultivo de tejidos para comenzar el proceso de conservación in vitro.

El proceso de conservación in vitro consta de las siguientes etapas:

1. De la rama que llega al laboratorio, se obtienen 3 explantes a los que se les realiza un proceso de desinfección, el cual comienza con pasar los explantes por un fungicida sistémico durante 20 a 30 minutos.
2. Posteriormente, se continúa la desinfección pasando los explantes por alcohol, hipoclorito de sodio y enjuague con agua estéril.
3. Los explantes desinfectados se siembran en tubos de ensayo con medio de cultivo, y se colocan en cuarto de crecimiento.
4. Transcurrida una semana, se procede a realizar evaluaciones visuales para determinar si el material está contaminado por hongos y/o bacterias. Si se obtienen resultados negativos para la prueba de hongos y bacterias se espera por un periodo de 3 semanas para que las plántulas hayan crecido lo suficiente para realizar la multiplicación.
5. Pasadas las 3 semanas, las plantas desarrolladas se multiplican. Este proceso se realiza cortando los ápices y el 2do nudo de cada plántula, y se siembran en los frascos con medio de cultivo. El proceso continúa de igual forma hasta completar un stock por genotipo de 3 frascos con 5 plantas cada uno.

En general, los genotipos provenientes de campo, incluyendo los procedentes del Programa de Mejoramiento, pueden tener enfermedades producidas por virus, las cuales solo se detectan a partir de pruebas de laboratorio o pruebas de indexación. Esta prueba se realiza usando las hojas de las plantas de los genotipos in vitro. Si el resultado de la prueba es positivo para virus, el genotipo se somete al proceso de termoterapia, el cual consiste en sembrar los ápices de las plantas enfermas en tubos de ensayo con medio y se ubican en una incubadora bajo las siguientes condiciones: 40°C de día y 35°C de noche, 12 horas fotoperiodo, por un periodo de 12 días. El proceso se repite 3 veces, es decir, 36 días. Cumplidas 3 semanas se realiza nuevamente la prueba de indexación.

Cuando la prueba de indexación es negativa (material está libre de virus), se realiza el procedimiento de conservación normal.

6. En todos los casos de genotipos provenientes de campo, el material es multiplicado y se espera una semana para revisar si hay contaminación por hongos o bacterias, si la planta está limpia, se procede a conservarla (almacenarla) en el cuarto de conservación. Por otro lado si la planta está contaminada se realiza un proceso de desinfección y se espera nuevamente una semana para volver a revisar.

Fuente 3: Materiales provenientes del Banco de Germoplasma.

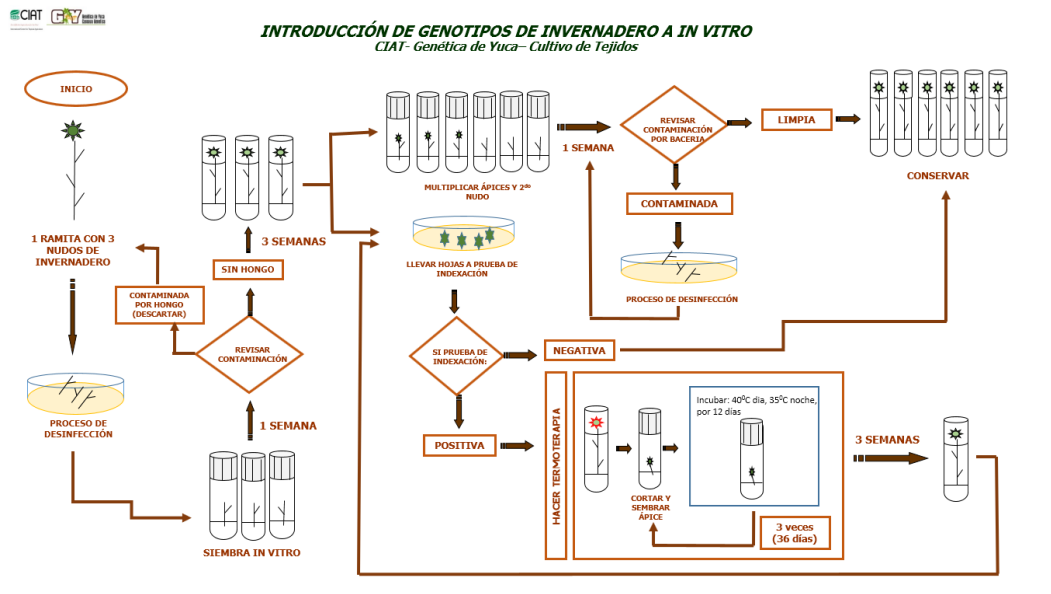


Figura 2.2: proceso de conservación de materiales provenientes del invernadero. (Elaborado por Adriana Alzate.)

El proceso de conservación de los materiales provenientes del Banco de Germoplasma inicia con la llegada de 5 plántulas de las cuales se pueden obtener 15 explantes. Inmediatamente llegan las 5 plántulas del Banco se procede a realizar la multiplicación. Después de que multiplican las 5 plántulas y se siembran en los respectivos tubos con medio de cultivo (4E), se espera que pase un periodo de 6 semanas para obtener 15 plántulas nuevas con 45 explantes (15 ápices y 30 nudos), después de tener las 15 plantas se multiplican nuevamente, realizando el mismo proceso de multiplicación ya descrito. Pasadas las semanas de rigor se obtendrán 45 plántulas nuevas que se podrán destinar así: 15 plantas de ápices para invernadero, 10 plantas para envío, 20 plantas para conservación.

Fuente 4: Materiales procedentes de otros países

El proceso de conservación de los materiales que llegan provenientes de otros países es igual al que se realiza con los materiales que provienen del Banco de Germoplasma. Estos genotipos llegan en forma in vitro y con certificados que garantizan su sanidad, es decir, libres de enfermedades o cualquier agente contaminante. Por tanto, después de recibir el material se multiplica para conservarlo y no se le realizan tratamientos especiales.

2.2.2. Distribución de Genotipos [3]

El material que se tiene en el cuarto de conservación puede tener cuatro destinos:

1. Envío para socios (otros países).
2. Usuarios CIAT
3. Laboratorio de Genética Molecular de Yuca.

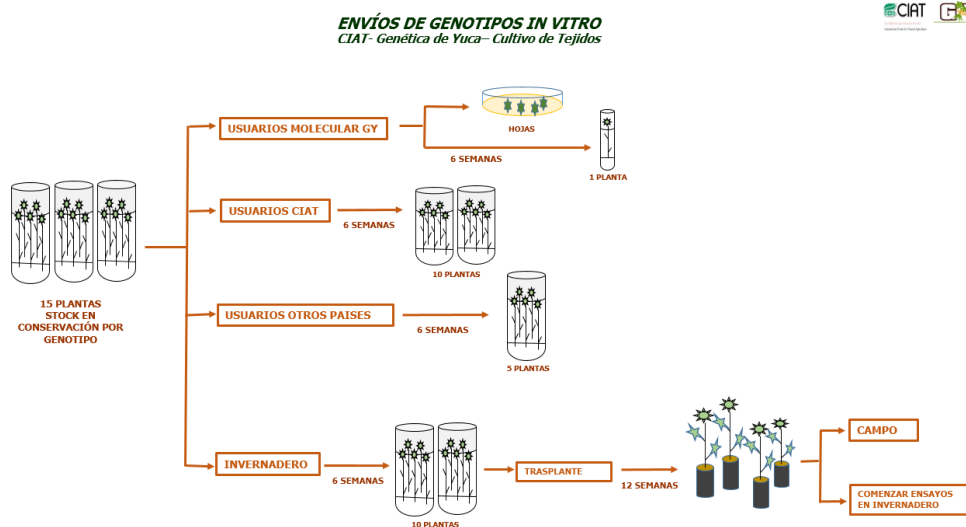


Figura 2.3: Proceso de distribución de genotipos.
(Elaborado por Adriana Alzate)

4. Invernaderos, que posteriormente pueden ser enviados a campo

El inicio del proceso de distribución de un material se da con la solicitud de los genotipos al laboratorio de Cultivo de Tejidos de Genética de Yuca, después de que la solicitud es atendida se debe esperar por un periodo de 6 semanas o más dependiendo del tamaño del pedido, mientras el laboratorio puede producir la cantidad de material solicitado. Transcurrido este periodo, se entregan los recipientes (frascos o tubos de ensayo) que contienen las plantas in vitro.

Cuando los materiales son solicitados por usuarios de otros países o por usuarios CIAT, después de recibida la solicitud, se propaga el material in vitro y se espera que las plantas crezcan durante 6 semanas, posteriormente son enviadas a otro país o entregadas al usuario CIAT entre 5 y 10 plantas. Por otro lado, los usuarios del área Molecular del mismo Programa de Genética de Yuca (GY), solicitan y se les entregan hojas in vitro que son almacenadas temporalmente en nitrógeno líquido y se despachan el mismo día.

Cuando un genotipo se entrega para ser sembrado en campo o cuando son genotipos que se utilizarán para ensayos del Programa de GY, deben pasar por un periodo de aclimatación en invernadero. Es decir, un periodo intermedio entre laboratorio y campo donde se prepara la planta in vitro para que se adapte y sobreviva a las nuevas condiciones ambientales del campo.

2.2.3. Tecnologías de desarrollo

Para abarcar el problema presentado en este trabajo, se hará uso de las siguientes tecnologías para el desarrollo web.

ORM: Object-Relational mapping, o lo que es lo mismo, mapeo objeto-relacional,



Figura 2.4: Arquitectura Hibernate (tutorialspoint.com [6])

es un modelo de programación que consiste en la transformación de las tablas de una base de datos, en una serie de entidades que simplifiquen las tareas básicas de acceso a los datos para el programador.[4]

La ventaja principal de estos sistemas es que reducen la cantidad de código necesario para lograr lo que se conoce como una persistencia de objetos. Esto permite además, lograr una integración con otros patrones como el Modelo-Vista-Controlador.[5]

En otras palabras el mapeo objeto-relacional es básicamente la abstracción de la base de datos en clases del modelo orientado a objetos que le permiten al programador centrarse en el desarrollo de la aplicación, ya que le ahorra mucho tiempo en lo relacionado al acceso a los datos de la base de datos.

Casi todos los lenguajes de alto nivel actualmente disponen de alguna solución de este tipo, una de las más conocidas es Hibernate para JAVA, sin embargo existen muchos más.

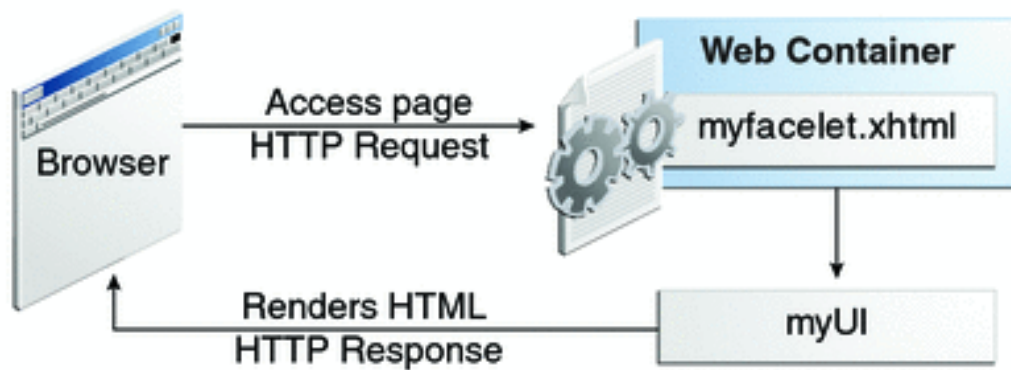
Hibernate:[6] Hibernate es una solución de mapeo objeto-relacional (ORM) para JAVA y se creó como un framework de persistencia de código abierto. Se trata de un servicio de consulta y persistencia Objeto-Relacional de alto rendimiento para cualquier aplicación Java.

Hibernate mapea las tablas de la base de datos a clases de Java y de tipo de datos SQL a tipos de datos de Java y libera al desarrolladores del 95 % de tareas de programación relacionados con la persistencia de datos comunes [7].

Hibernate se encuentra entre los objetos de Java tradicionales y servidor de base de datos para manejar todo el trabajo en la persistencia de esos objetos en función de los mecanismos y patrones apropiados O/R.

Entre las ventajas que ofrece Hibernate se encuentran:

1. Hibernate cuida de mapear las tablas de base de datos a clases Java usando archivos XML sin escribir ninguna línea de código.
2. Proporciona APIs sencillas para el almacenamiento y recuperación de Objetos Java directamente a la base de datos.
3. Abstraer los tipos de SQL desconocidas y nos permite trabajar alrededor de objetos familiares Java.



Notes:

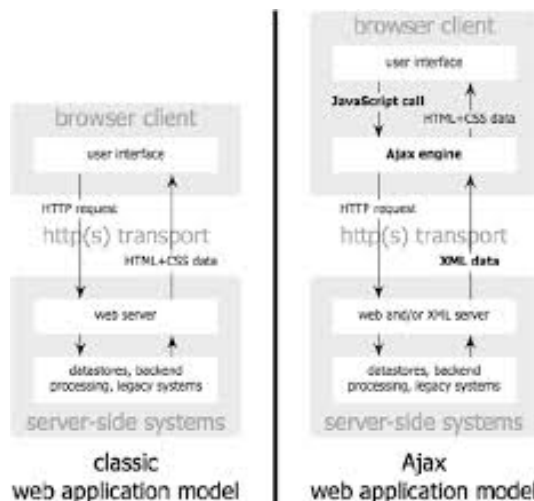
Figura 2.5: Respuesta a una solicitud de cliente para una página JavaServer Faces. (Oracle [8])

Java Server Faces:[8] La funcionalidad proporcionada por una aplicación como JavaServer Faces es similar a la de cualquier otra aplicación Web Java. Una típica aplicación de JavaServer Faces incluye las siguientes partes:

1. Un conjunto de páginas Web en las que los componentes se presentan, un conjunto de etiquetas para agregar componentes a la página Web y un conjunto de beans gestionados, que son objetos contenedores gestionados ligeros (POJO) con requisitos mínimos. Apoyan un pequeño conjunto de servicios básicos, como la inyección de recursos, las devoluciones de llamada de ciclo de vida y los interceptores.
2. Un descriptor de despliegue Web (archivo web.xml) y uno o más archivos de recursos de configuración de la aplicación, como por ejemplo un archivo faces-config.xml, que se puede utilizar para definir reglas de navegación de páginas y configurar los beans y otros objetos personalizados, tales como los componentes personalizados
3. Un conjunto de objetos personalizados, que pueden incluir componentes personalizados, validadores, convertidores o listeners, creado por el desarrollador de aplicaciones. También un conjunto de etiquetas personalizadas para la representación de objetos personalizados en la página.

AJAX: *AJAX* es el acrónimo para *Asynchronous JavaScript And XML*. *AJAX* permite que las páginas web sean actualizadas asincrónicamente mediante el intercambio de información con el servidor. Lo que quiere decir que es posible actualizar partes de la página o componentes sin necesidad de recargar la página entera. Esta tecnología busca principalmente mejorar la interacción del usuario con las aplicaciones ya que evita que el usuario se encuentre con pantallas vacías en espera a la respuesta del servidor.[10]

la Figura 2.6 ilustra el modelo clásico de las aplicaciones web, y el modelo usando ajax. En las aplicaciones que usan el modelo clásico los usuarios debe esperar a que se cargue la página con los cambios solicitados ya que la aplicación debe realizar peticiones continuas al servidor generando una sensación de demora en el usuario. *AJAX* busca eliminar esta recarga constante de las páginas y por ende mejorar la experiencia del usuario, mediante la creación de un elemento intermedio entre el



Notes:

Figura 2.6: Modelo clasico de una aplicación web vs modelo de una aplicación web usando ajax. (Kris Hadlock [10])

usuario y el servidor ya que hace que el intercambio de información se realicen en un segundo plano logrando así que se mejore la respuesta de la aplicación para las solicitudes del cliente.

PrimeFaces:[9] es un framework de desarrollo web para JSF de código abierto utilizada para el desarrollo de interfaces gráficas de usuario (GUI) gracias a que cuenta con un conjunto de componentes enriquecidos (RIA) que Mejora la eficiencia del desarrollador mientras reduce el tiempo de comercialización y los costos de operación. Primefaces posee características muy especiales que lo convierten en una de las tecnologías más utilizadas en el mercado del desarrollo de aplicaciones web y móviles ya que también ofrece componentes para dispositivos móviles. Además del amplio conjunto de componentes que posee, también se caracteriza por ser fácil de utilizar y configurar, ya que solo necesita un archivo y no requiere de otras dependencias para funcionar, sin embargo una de las características más importantes es el soporte para *AJAX*, lo cual es una gran ventaja ya que le evita al desarrollador hacer métodos complejos utilizando javascript para comunicarse con el servidor debido a que las implementaciones de la técnica *AJAX* son transparentes para a él, pero permitiéndole utilizar todo el poder que ofrece esta tecnología.

jQuery:[11] Para ayudar en la construcción de sitios web interactivos, existen librerías de JavaScript, como jQuery para automatizar tareas comunes y simplificar procesos. Esta librería proporciona una capa de abstracción de propósito general para la programación web común, cubriendo las siguientes necesidades:

- Acceso a los elementos de un documento. Ahorrando una gran cantidad de líneas de código necesario para recorrer el árbol DOM (Document Object Model), y para localizar partes específicas de la estructura de un documento HTML. Ofreciendo un robusto y eficiente mecanismo de selección para recuperar la pieza exacta del documento que se va a inspeccionar o manipular.
- Modificar la apariencia de una página web. Brindando un estándar para todos los navegadores que no ha podido ofrecer CSS; además, permite cambiar las

propiedades de estilo aplicadas a una parte del documento, aunque la página ya haya sido cargada.

- Alterar el contenido de un documento. Permitiendo modificar el contenido (texto, imágenes, listas, estructura HTML, etc.) interactuando con el mismo.
- Responder a la interacción del usuario. Permitiendo interactuar con una variedad de controladores de eventos, sin necesidad de recargar todo el código HTML.
- Animar cambios hechos a un documento. Para aplicar comportamientos interactivos, proporcionando información visual al usuario.
- Recuperar información de un servidor sin actualizar la página. Por medio de Asynchronous JavaScript And XML (AJAX), ayudando en la elaboración de un sitio sensible, rico en funciones. La librería jQuery elimina la complejidad específica de este proceso, lo que permite a los desarrolladores centrarse en la funcionalidad del servidor.
- Simplifica las tareas comunes de JavaScript.

JSON: Es un formato para el intercambio de datos, esta basado en texto, es ligero y presenta un formato legible para las personas que permite el intercambio de datos entre clientes y servidores. JSON se deriva del lenguaje JavaScript y tiene un gran parecido a los objetos de JavaScript, pero no depende del mismo. JSON es independiente del lenguaje y es soportado por todos los lenguajes mas populares, entre los que estan C#, C++, Java, PHP, Python y Ruby.

JSON esta construido sobre dos estructuras:

- Una coleccion de pares nombre-valor. In varios lenguajes esto es realizado como un objeto, un registro, una estructura, un diccionario y tabla hash, una lista con elementos clave-valor o un arreglo asociativo.
- Una lista de valores ordenados. En la mayoria de lenguajes de programacion, esto es realizado como un arreglo, un vector, una lista, o una secuencia.

Estas estructuras de datos son universales. Todos los lenguajes de programacion modernos las soportan. En JSON estas toman las siguientes formas:

Un *objeto* es un conjunto del par no ordenador nombre/valor. un objeto inicio con { (llave izquierda) y termina con } (llave derecha). Cada nombre es seguido por :(dos puntos) y los pares nombre/valor son separados por , (coma).

Un arreglo is una coleccion ordenada de valores. Un arreglo inicia con [(corchete izquierdo) y termina con] (corchete derecho). Los valores son separados por , (coma).

Un valor puede ser una cadena de texto, o un número, un valor booleano o un null. Estas estructuras pueden ser anidadas.

Una cadena de texto es una secuencia de cero o mas caracteres, encerrados en comillas dobles. Un caracter es representado como una cadena de texto como un simple caracter.

Un número es como un numero en C o Java, excepto que no son usados los formatos octal o hexadecimal.

PL/SQL:[\[12\]](#) Es un lenguaje de procesamiento procedimental implementado por Oracle. Dispone de estructuras de programación similares a las de la mayoría de los lenguajes de programación y su principal objetivo es el de interactuar con la base de datos

2.3. Antecedentes

Actualmente el Laboratorio de cultivo de tejidos de genética de yuca cuenta con una herramienta de software, para el registro de la información de los genotipos que allí se conservan, el sistema de información de genética de yuca (SIGY).[\[2\]](#)

SIGY, está compuesto de dos módulos: el módulo de Cultivo de Tejidos y el módulo de Gestión. Esta herramienta cubre todo lo relacionado con el ingreso de familias (ingreso de semillas sexuales que posteriormente generará genotipos), genotipos (plantas completamente formadas que corresponden a una familia con un número de serie único y un estado que revela las acciones que se debe tomar con el mismo), movimientos, y por último un subsistema de alarmas que indica al usuario las tareas que debe ejecutar con su debida prioridad. Es importante destacar que este sistema tiene 2 componentes tecnológicos definidos, como primer componente una aplicación Web, con la cual se hace la gestión de los puntos anteriormente descritos, y un componente móvil (PDA) con el cual se hace la toma de datos mediante un estándar de código de barras que es definido y generado por la aplicación Web, este es usado en sitios donde es difícil ingresar un computador.

Capítulo 3

Sistema de información de genética de yuca

El sistema de información de genética de yuca es una herramienta web que permite hacer seguimiento a la historia de los materiales conservados por el área de Genética de Yuca y además genera un valor estimado en tiempo y costo de los procesos. El sistema permite la gestión de los recursos que son necesarios para la realización de los procesos, la configuración de los procesos y/o tareas que se le aplican a los materiales, la gestión del inventario de los materiales que son almacenados, calcular un estimado de tiempo y costo de ejecutar los procesos y adicionalmente almacenar información para llevar la trazabilidad de determinado material.

La Figura 3.1 ilustra la estructura general de las interfaces gráficas de la aplicación, las cuales están constituidas por 3 partes: 1) la superior que contiene el logotipo del CIAT; 2) la siguiente contiene la barra de navegación con los menus y submenus de cada módulo, que le dan al usuario una navegabilidad completa por todo el módulo, además tiene las opciones de ir al inicio y cerrar sesión; y por último 3) la sección central o área de trabajo que le indica al usuario en que módulo se encuentra y es donde se muestran toda la información registrada y las opciones para hacer la gestión de la misma.

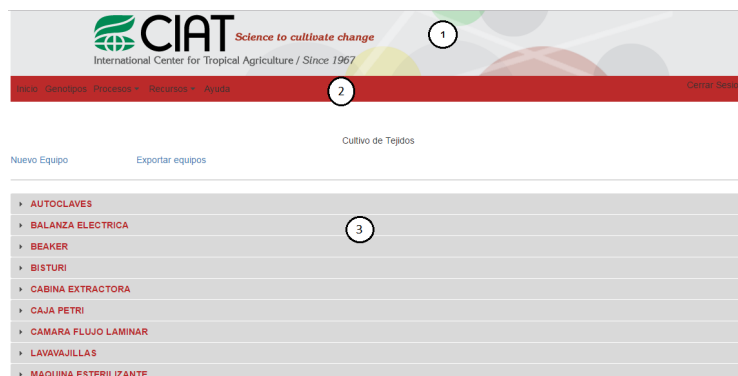


Figura 3.1: Estructura general, interfaz sistema de Genética de Yuca.

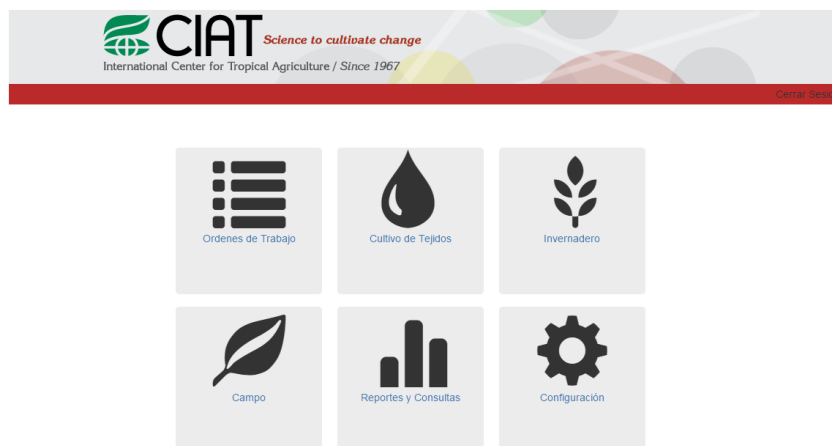


Figura 3.2: Menú dashboard, pantalla de inicio.

3.1. Descripción general

El sistema de información de Genética de Yuca cuenta con un conjunto de módulos que facilitan la interacción del usuario con el sistema. Las interfaces gráficas están constituidas por una serie de componentes visuales como tablas o listas desplegables tipo acordeón que le facilitan al usuario la consulta de los datos registrados en el sistema. Adicionalmente ofrece las opciones para la manipulación de los datos como la edición, eliminación, habilitación o deshabilitación de estados.

La Figura 3.2 muestra la página principal del aplicativo, la cual está compuesta por un menú tipo *dashboard* en la que se listan cada uno de los módulos que componen el sistema facilitando así el acceso a cada uno.

Para el ingreso manual de datos, la aplicación ofrece formularios, que cuentan con diversos tipos de campos buscando facilitar el ingreso de la información, por ejemplo, para el ingreso de las fechas se ofrecen campos que despliegan pequeños calendarios donde el usuario podrá seleccionar la fecha deseada, sin tener que preocuparse por digitar el formato de la fecha correctamente. Adicionalmente existe la opción para hacer la carga de archivos con extensión .xls para aquellos formularios donde el usuario deba hacer la relación de una gran cantidad de datos. La Figura 3.3a y la Figura 3.3b muestran el formulario de creación de una orden de una orden de trabajo y un equipo respectivamente.

La Figura 3.4 muestra la tabla con los insumos creados para el módulo de cultivo de tejidos, de forma similar serán mostrados los equipos, roles y ubicaciones para cada uno de los módulos.

Dentro de cada tabla existe una sección que contiene las opciones de manipulación de los datos que le permite al usuario realizar las operaciones de edición, borrado, descarte o cambio de estado, según sea el caso.

Uno de los elementos de utilidad dentro del sistema son las opciones para exportar información en formato excel, estas opciones permite que se obtenga un archivo con extensión .xls de la información detallada y actualizada de algún elemento que

Nueva orden de trabajo

Nombre *

Descripción *

Genotipos Browse...

Exportar template Exportar template

Número de semillas

Aceptar Cancelar

Adicionar Equipo - AUTOCLAVES

Placa *

Nombre equipo *

Fecha de compra *

Precio compra (USD)

Responsable

Vida útil (años) *

Periodo de mantenimiento (meses) *

Capacidad máxima *

Unidad de medida *

Estado * Activo

Comentario

Aceptar Cancelar

(a) creación de una orden de trabajo

(b) creación de un equipo

Figura 3.3: formularios para la creacion de ordenes de trabajo y equipos

Cultivo de leijidos

Nuevo insumo

Exportar excel

ACIDO SULFURICO

Editar

Adicionar insumo

Nombre	Precio compra (USD)	Precio unitario (USD)	Cantidad (Litros)	Fecha compra/preparación	Fecha vencimiento	Comentario	Opciones
acido sulfurico 97%	USD 4654.0	54.0	690.0	21-Jul-16			
acido sulfurico al 90%	USD 2000.0	20.0	1690.0	06-Jul-16			

(1 of 1)

Cantidad Total de ACIDO SULFURICO: 2380.0 (Litros)

AGUA ESTERIL

ALCOHOL DE 96 GRADOS

ALGODON

Figura 3.4: tabla de insumos

se encuentre registrado en el sistema, por ejemplo se puede descargar un informe en formato excel de los insumos registrados en el sistema, de igual manera se hizo extensiva esta opción para cada uno de los elementos que componen el módulo de recursos.

Otro elemento dentro de la aplicación de gran utilidad para visualizar la información de las tablas son los paginadores ubicados en parte inferior de cada una, los cuales dividen la información de cada tabla en diferentes páginas para no perder de vista el encabezado de la tabla y no llenar la interfaz de elementos desplegados hacia abajo. Cada paginador indica el número de página en que se encuentra la tabla, y el número de ítems que la componen, a medida que se navega con el paginador este indica cuántos elementos ha paginado.

3.2. Recursos

Al igual que para la elaboración de un producto o la prestación de un servicio se hace indispensable el uso de recursos, para la ejecución de los procesos dentro del área de Genética de Yuca se hace necesario la utilización de ciertos recursos que van desde los insumos pasando por los equipos hasta el recurso humano. Para gestionar esta información el sistema de información de Genética de Yuca cuenta con un módulo de recursos donde se registran y administran cada uno de los elementos, es decir, equipos, insumos y personas que son requeridos para la realización de las tareas.

Este módulo le permite al usuario la creación y edición de cada uno de estos elementos tanto para el laboratorio de cultivo de tejido, como para el invernadero y el campo. Adicionalmente el usuario puede realizar el descarte y cambio de estado de los insumos y equipos respectivamente. Por otro lado, en la opción para la gestión de los equipos, el usuario también puede registrar equipos que no son utilizados en ninguna tarea, pero que se quieren tener inventariados, de esta misma manera se pueden registrar insumos o implementos que no necesariamente son requeridos en las tareas.

Para la gestión del talento humano, se debe registrar los roles y posteriormente registrar la información de los empleados que pertenecen a cada uno de esos roles.

Por último, este módulo también permite hacer el registro y manipulación de la información de las instalaciones con las que cuenta el área de Genética de Yuca.

3.3. Procesos y tareas

La base operativa del quehacer diario del área de genética de yuca son las tareas que allí se llevan a cabo con los materiales que pertenecen al programa o que llegan al mismo provenientes de las diferentes fuentes. dichas tareas son definidas de acuerdo al lugar donde se deban aplicar, es así como cada subdivisión del área de genética de yuca tiene establecidas sus propias tareas.

Las tareas son una parte fundamental para hacer el cálculo estimado de los costos generados por las operaciones del área y del tiempo invertido en las mismas. Estas, representan las unidades mínimas de trabajo. Cuando varias tareas están relacionadas entre sí se pueden agrupar en un Proceso el cual es un conjunto de tareas con determinado vínculo y que se realizan de manera secuencial. La diferencia principal entre ambos elementos es que las tareas son los elementos configurables, mientras que los procesos sólo sirven como contenedores de tareas, encargados principalmente de agruparlas, para así evitarle al usuario tener que ingresar una por una las tareas al momento de crear una orden de trabajo.

Teniendo en cuenta lo anterior, el sistema de información de Genética de Yuca cuenta con un módulo que permite hacer la configuración y gestión de las tareas que son requeridas tanto en laboratorio de cultivo de tejidos, en el invernadero y en el campo. Este módulo ofrece una vista en la cual se puede crear una tarea y asignar los insumos, los equipos y la persona que son requeridos para la consecución de la misma.

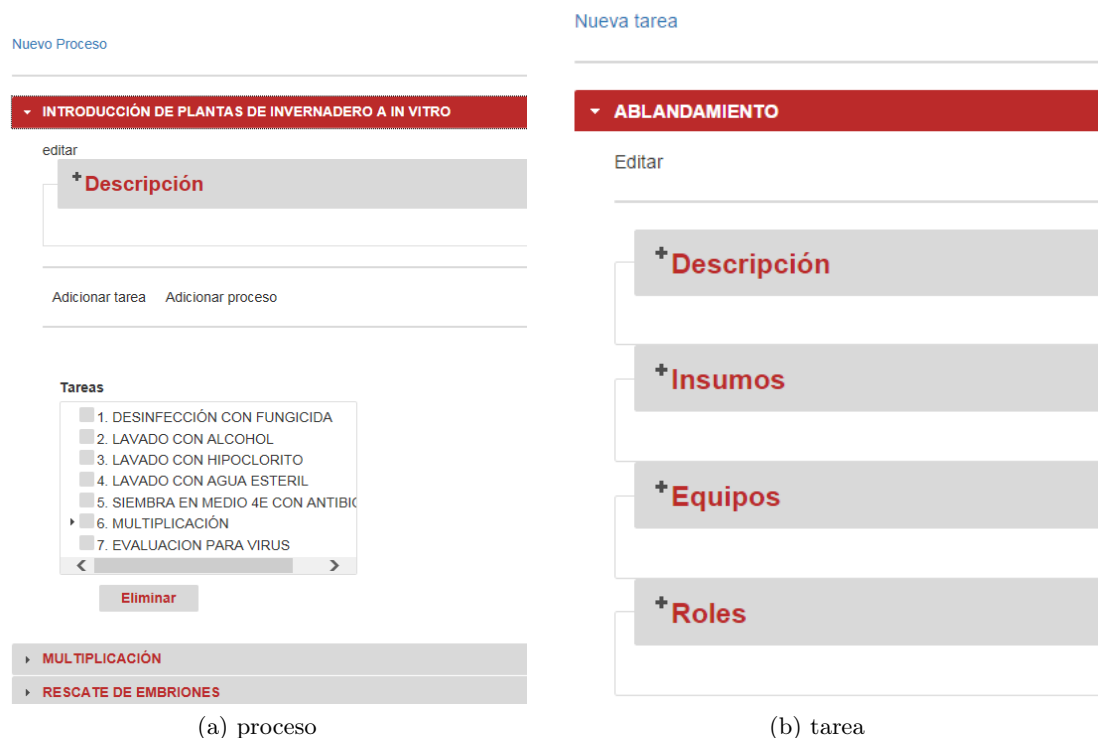


Figura 3.5: Procesos y tareas despues de ser registrados

Adicionalmente la configuración de las tareas permite no solo el cálculo del tiempo y el costo, sino también la realización de otros movimientos dentro del sistema como los relacionados con el inventario de insumos, brindando la posibilidad de configurar qué tarea genera un nuevo insumo, que posteriormente será registrado en el inventario.

Las tareas también pueden ser configuradas para determinar si afectan o no el inventario de los materiales, qué inventario afecta y si es un movimiento de entrada o de salida.

Por último, también se presenta la opción para la creación y gestión de los procesos. La Figura 3.5a y la Figura 3.5b muestran un proceso y una tarea respectivamente.

En la Figura 3.5a se observa un proceso con la lista de tareas que le fueron asignadas. mientras que en la Figura 3.5b se observa una tarea con los recursos que le fueron asignados.

3.4. Inventario de materiales

Uno de los principales intereses del área de genética de yuca es conocer el inventario de los materiales que han pasado o están almacenados en el laboratorio de cultivo de tejidos, en el invernadero y en el campo. esta información es de gran utilidad ya que permite tener el conocimiento de todas los genotipos que existen en conservación in vitro en el Programa Genética de Yuca, su procedencia, características y proyectos en los cuales han sido usadas. se puede llevar un control de pérdidas de genotipos y

dejar registro de la existencia de éstos. Los registros permiten tener un soporte en publicaciones y artículos de los materiales usados en ensayos en caso de ser requerido. Adicionalmente, Conociendo lo que existe, el área de Genética de Yuca puede programarse para dar cumplimiento a las solicitudes de envíos de plantas a otros países, establecimiento de ensayos en campo y material vegetal para trabajos moleculares.

El sistema utilizado actualmente por área solo permite llevar el inventario de los materiales que se tiene en el laboratorio de cultivo de tejidos. En pro de brindar una solución a esta situación el sistema de información de Genética de Yuca permite hacer el registro y la consulta de los materiales que son llevados al invernadero y/o el campo. El sistema ofrece al usuario vistas para la visualización de los materiales y de toda su información permitiendo que pueda hacer consultas filtradas sobre estos y obtener solo la información que sea del interés del usuario. Adicionalmente el módulo de inventario de materiales ofrece la opción para realizar movimientos de salida que sean determinados por el usuario, para esto solo es necesario seleccionar los genotipos que desea retirar del sistema e indicar la cantidad de frascos y plantas que se van a retirar en el caso del laboratorio de cultivo de tejidos y el número de plantas para el caso del invernadero o el campo.

3.5. Ordenes de trabajo

El módulo de órdenes de trabajo es el que permite establecer las operaciones diarias del área de Genética de Yuca. Este módulo permite determinar qué procesos o tareas se van a realizar a determinados genotipos de yuca.

Adicionalmente, permite crear una programación para la ejecución de dichas tareas. Esta programación es generada de manera automática por el sistema tomando como base la disponibilidad de los recursos que se requieran para las tareas. El sistema ofrece la opción de hacer modificaciones a la programación según los considere el usuario.

Este módulo también permite conocer el cálculo estimado del costo y el tiempo que se generan para una orden de trabajo en particular. Por ultimo, permite configurar el responsable de ejecutar un procesos o tareas.

La Figura 3.6 ilustra como son listadas las ordenes de trabajo. Estas son listadas en diferentes pestañas segun su estado: Por iniciar, En progreso, Terminada o Cancelada.

3.5.1. Cálculo estimado de tiempo y costo

La mayoría de las empresas u organizaciones ven la necesidad de conocer un cálculo estimado del costo que se genera con sus operaciones y por otro lado también les interesa saber cuanto tiempo se llevan en culminar dichas operaciones. Esta información es posteriormente utilizada para llevar un seguimiento a los costos relacionados a un proceso con el fin de tomar decisiones que lleven al mejoramiento de los mismos. Teniendo en mente lo anterior, el aplicativo permite conocer un estimado de tiempo y costo de los procesos del área de Genética de Yuca.



Figura 3.6: ordenes de trabajo

La clave principal para realizar la estimación de los costos y el tiempo de las operaciones del área de genética de yuca es la configuración acertada de cada una de las tareas que se realiza dentro de cada subdivisión, es por ellos que para obtener unos cálculos que se asemejen en la medida de lo posible a la realidad, es esencial que la información suministrada durante la configuración de las tareas sea lo más exacta posible determinando las cantidades o unidades de tiempo que se requieren de los insumos, los equipos y las personas respectivamente.

Con toda esa información cargada previamente se procede con el cálculo del costos y el tiempo, para cada una de las tareas. Para el cálculo del costo se tienen en cuenta los recursos requeridos por la tarea, tomando así, la cantidades de insumos requeridos, las horas que se requiere un equipo y una persona para la ejecución de dicha tarea y multiplicando estos valores por la cantidades de genotipos o semillas de yuca que serán afectados por dicha tarea.

La Figura 3.7 ilustra el detalle de una orden de trabajo creada, en esta vista se puede observar los procesos y tareas que son adicionados a la orden de trabajo, tambien se muestra los genotipos que son adjuntados a la orden. Además el tiempo que se estima se tomara para ejecutar la orden de trabajo como el costo que tiene la misma.

Por otro lado esta vista le ofrece al usuario la opcion para generar la programación de las ordenes de trabajo, ademas las opciones para termninar y cancelar la ejecucion de las mismas.

3.5.2. Programación de tareas

Los cronogramas de trabajo son una herramienta muy útil a la hora de hacer una gestión eficiente del tiempo. Teniendo en cuenta esto, el sistema de información de genética de yuca genera la programación de las tareas que son adicionadas a una orden de trabajo de manera automática tomando como entrada los recursos que estas tareas requieren para su ejecución, y a partir de estas entradas se calculan las fechas de inicio y finalización de dichas tareas de acuerdo a la disponibilidad de los recursos. Adicionalmente el sistema toma en consideración el tiempo de las

CIAT *Science to cultivate change*
International Center for Tropical Agriculture / Since 1967

Dashboard Ayuda Cerrar Sesión

prueba3

Terminar Cancelar

En progreso Terminada Cancelada

Tiempo: 1 días, 7 horas Costo: 503470.0 USD
[Adicionar proceso](#) [Adicionar tarea](#) [Eliminar](#)

1. ☐ INTRODUCCIÓN DE PLANTAS DE INVERNADERO A IN VITRO
2. ☐ MULTIPLICACIÓN
3. ☐ ALMACENAR TUBOS
4. ☐ OBTENCIÓN DE EXPLANTES
5. ☐ LAVADO CON ALCOHOL

[Ver programación](#)

Descripción	Genotipos	Ensayo
prueba		

Figura 3.7: Detalle de una orden de trabajo

jornadas laborales como una restricción para los cálculos descritos, al igual que los días feriados (sábados y domingos) y los periodos de mantenimientos de los equipos, información que es configurada en el módulo de recursos en la opción equipos.

Sin embargo, la generación de esta programación de manera automática no es definitiva, es decir, el sistema ofrece la opción para que el usuario pueda hacer las modificaciones de esta programación, según sea más conveniente, modificando así la fechas de inicio o finalización de una tarea. Cada vez que el usuario modifique una propuesta de programación, el sistema recalculara las fechas de acuerdo a la nueva información.

Para Generar de manera automática la fecha de inicio y finalización de una tarea, el sistema inicialmente verifica la disponibilidad de los insumos que son requeridos para cada tarea, es decir, se valida que la cantidad de insumo que está en el inventario sea mayor o igual a la cantidad que es requerida por la tarea. Esta validación se realiza para cada uno de los insumos que son necesarios para la ejecución de una tarea.

Después de hacer esa primera validación, el sistema prosigue con la verificación de la disponibilidad de los equipos. Para ello, se consulta por la disponibilidad de cada equipo involucrado en la tarea, buscando por la fecha más próxima en la que cada equipo esté disponible, de esta manera se respeta la asignación de equipos para las tareas anteriores. Una vez se tiene la posible fecha de inicio y finalización de la tarea se procede a consultar por la disponibilidad de la persona que debe ejecutar la tarea. Este paso consiste en consultar si la persona está disponible para esas fechas, de lo contrario se obtiene la siguiente fecha disponible y se asigna, modificando así las fechas calculadas inicialmente y obteniendo finalmente unas fechas en las cuales se tiene en consideración la disponibilidad de los equipos y personas.

Una vez se tiene las posibles fechas de inicio y finalización se procede a verificar si cumplen con las restricciones de fechas de mantenimientos programados, tiempo de jornada laboral y días no feriados. Inicialmente se evalúa que la fecha de inicio y la de



atras Ayuda

Guardar Descartar

Adicionar proceso Adicionar tarea Eliminar

	Nombre	Duración	Inicio	Finalización	Progreso	
Finalizar	ABLANDAMIENTO	1 (horas)	06/10/2016 08:28	06/10/2016 09:28	0%	
Finalizar	LIMPIEZA DE SEMILLAS	1 (horas)	06/10/2016 09:28	06/10/2016 10:28	0%	
Finalizar	SEPARACION DE COTILEDÓN	1 (horas)	06/10/2016 10:28	06/10/2016 11:28	0%	
Finalizar	SIEMBRA EN MEDIO DE CULTIVO 17N	2 (horas)	06/10/2016 11:28	06/10/2016 13:28	0%	

Figura 3.8: Tabla de programación de tareas para una orden de trabajo.

finalización no correspondan con alguna fecha de mantenimiento programado para algún equipo, para lograr esto se obtiene la fecha del ultimo mantenimiento realizado al equipo y se calcula el siguiente mantenimiento de acuerdo a la periodicidad que tenga configurado el equipo, si las fechas coinciden se desplazan las fechas de inicio y finalización de la tarea un día en el calendario. Para cumplir la siguiente restricción se valida que dentro del intervalo de inicio y finalización no hayan días no hábiles, es decir sábados o domingos, de ser así, se recalcula la fecha de finalización de la tarea, tomando en cuenta la cantidad de días no hábiles. Por último se valida que la hora de inicio y finalización se encuentren dentro del intervalo [7:30, 16:30] para cumplir con la tercera restricción.

La Figura 3.8 muestra la programación generada para una orden de trabajo. En esta vista, el usuario tiene opciones para adicionar procesos y tareas, finalizar las tareas y editar las fechas de inicio y finalización de cada una de las tareas listadas. Adicionalmente se puede visualizar el progreso de cada tarea.

3.6. Reportes y consultas

Los informes o reportes son uno de los mecanismos de gerenciamiento más utilizados en una organización, ya que brindan información sintetizada pero muy relevante sobre el estado de los procesos o sobre las actividades diarias que en una empresa u organización se realicen.

Para el área de genética de yuca es muy importante realizar un seguimiento sobre el funcionamiento de cada una de sus subdivisiones donde se pueda discriminar de una manera más resumida los costos y tiempo en los que se incurre con cada una de sus operaciones así como también en nivel de ocupación de sus empleados, de manera que esta información le sirva al líder del programa como una herramienta de gerenciamiento. Teniendo en cuenta lo anteriormente descrito, el sistema de información de

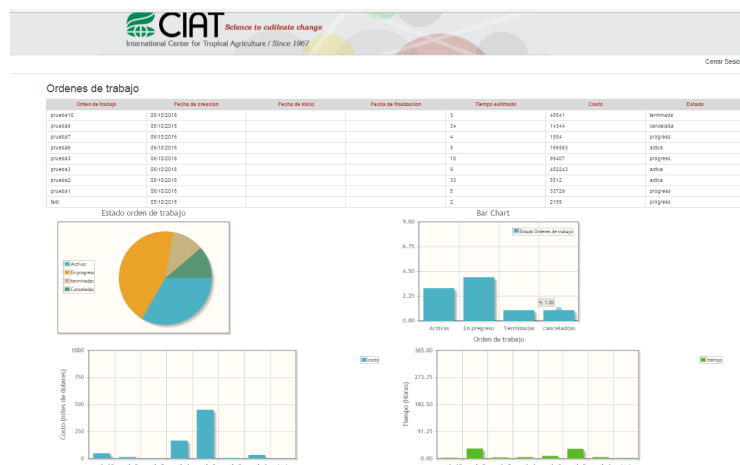


Figura 3.9: Interfaz reportes por ordenes de trabajo.

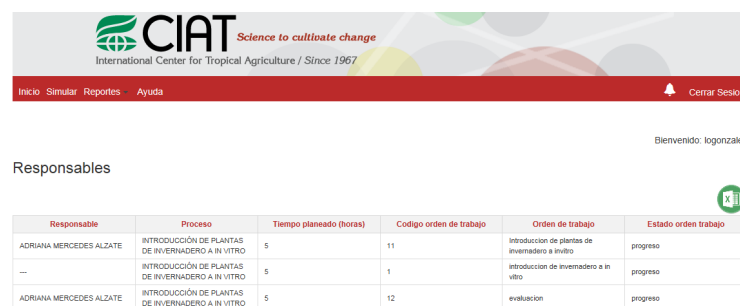


Figura 3.10: Interfaz reportes por responsables.

genética de yuca cuenta con el módulo de reportes que le permite al usuario obtener informes de manera mas practica sobre el estado actual de las actividades o labores programadas en el cualquiera de las subdivisiones del programa de genética de yuca, dicho módulo ofrece varias vistas en las cuales se muestran los diferentes reportes. Los reportes contienen esquemas y gráficos que muestran de manera resumida la información registrada en el sistema. Los informes son:

- Informe de estado de las órdenes de trabajo.
- Informe de ocupación de los empleados.
- Informe de ocupación de las ubicaciones.

En el informe de estado de las órdenes de trabajo se muestra de forma muy sintetizada la información de las órdenes de trabajo: la fecha de creación, fecha de inicio, fecha de finalización, costo, tiempo y estado actual de la misma.

Las Figuras 3.9, 3.10 y 3.11, ilustran la manera cómo son generados los reportes. en ellos se presenta inicialmente una tabla que muestra toda la información y posteriormente se generan los gráficos de acuerdo a esta información.

Por otro lado el informe de ocupación de los empleados relaciona los empleados frente a los procesos que se están realizando o los que ya fueron culminados, de tal manera que se muestra la información de qué empleado es o fue el responsable de un proceso en particular.

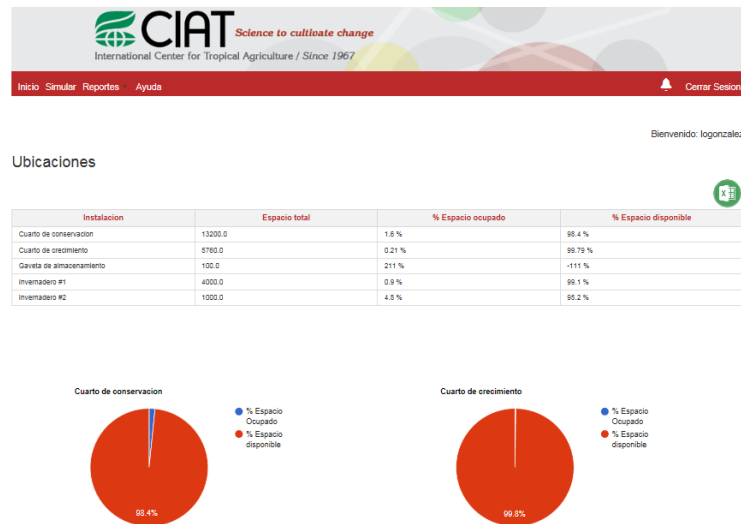


Figura 3.11: Interfaz reportes por disponibilidad de instalaciones.

Por último el informe de ocupación de las ubicaciones resume de buena forma la ocupación de cada una de las instalaciones que estén registradas en el sistema, relacionando el porcentaje de espacio ocupado y el porcentaje de espacio disponible con respecto al espacio total de cada una de las instalaciones, de manera que le permitan al usuario conocer qué espacio está disponible para tenerlo en consideración a la hora de programar una orden de trabajo.

Para la generación de las gráficas para los reportes fue utilizada la aplicación *google charts* ¹ en conjunto con las utilidades del mismo framework primefaces. Esta aplicación ofrece un amplio conjunto de gráficos los cuales pueden ser personalizados y ajustados a las necesidades del sistema que los implemente, además puede ser usada en diferentes formatos tales como Json, javascript y plugins que se pueden integrar con diferentes lenguajes de programación.

Por otro lado el módulo de reportes y consultas permite la realización de simulaciones de órdenes de trabajo, donde el usuario puede ingresar información como si estuviera creando una orden de trabajo y de esta manera simular el comportamiento de la orden de trabajo conociendo los costos y el tiempo, además de el schedule o programación para las tareas adicionadas a la simulación.

¹ <https://developers.google.com/chart>

Capítulo 4

Desarrollo del Software

Para el desarrollo del presente trabajo de grado se siguieron los lineamientos establecidos en la metodología de desarrollo de proyectos de software utilizada por la Unidad de Servicios de Tecnologías de la Información del CIAT denominada Software methodology IT Unit. Esta metodología se caracteriza por ser ágil y presenta un enfoque incremental, que la hace muy apropiada para el desarrollo de los proyectos informáticos del centro ya que permite que los proyectos avancen de manera progresiva y se vaya mejorando el producto final. La ejecución de los proyectos de software del centro se hace siguiendo 4 fases: Inicio y Planificación, Elaboración y Construcción, Implantación y Cierre.[13]

4.1. Inicio y planificación

En esta primera fase se realizan una serie de reuniones o entrevistas con los involucrados en el proyecto con el ánimo de entender el problema y recolectar la mayor cantidad de información para entenderlo y conocer los requerimientos del sistema.

Adicionalmente en esta fase se planifica el flujo de trabajo que se llevaría durante la realización del proyecto, se estableció la forma en que se trabajaría, así como también las herramientas y/o tecnologías a usar.

4.2. Elaboración y construcción

En esta fase se realizan las actividades de análisis, diseño, codificación y pruebas.

4.2.1. Análisis

Para esta etapa, la metodología ofrece la especificación de requerimientos como artefacto para definición y delimitación del alcance del proyecto. Sin embargo para este

proyecto tambien se definió hacer uso de otro artefacto como las historias de usuario para ayudar a la comprensión de las necesidades del proyecto.

Historias de usuario

Las historias de usuario permiten que el problema sea descrito de manera detallada y plasmado de la manera como fue entendido por el analista. Para el sistema de información de genética de yuca el documento de historias de usuario describe de manera minuciosa cada uno de los procesos que se llevan a cabo en las instalaciones del programa de genética de yuca, allí se tienen en cuenta cada uno de los aspectos que se involucran en cada proceso, como las tareas que se realizan para cada uno, así como también los recursos (equipos, insumos, personas) que son necesarios para llevarlos a cabo, esto con el fin de que sea entendido de la manera más clara y sencilla el quehacer diario del programa y así mismo entender las necesidades del programa con respecto al sistema que requerían.

Requerimientos funcionales

El segundo artefacto que es utilizado en la etapa de análisis es el documento de requerimientos funcionales. la especificación de los requerimientos se desarrolla de forma modular y de manera general las funcionalidades que debe tener el sistema para delimitar su alcance y cumplir con los objetivos propuestos. En esta fase se decidió dividir el proyecto en 5 módulos: Cultivo de tejidos, Invernadero, campo, los cuales están constituidos por los submódulos: recursos, procesos, inventario de materiales; órdenes de trabajo, consultas y reportes. En la tabla 4.2 se muestra la especificación de los requerimientos funcionales del módulo de órdenes de trabajo.

Especificación de requerimientos	
Sistema de informacion de Genética de Yuca	
Módulo de ordenes de trabajo	
No.	Requerimiento
1	Se requiere que el usuario pueda crear órdenes de trabajo
2	el sistema permitirá al usuario ingresar un valor numérico para el número de semillas o cargar un archivo en formato excel para relacionar los genotipos que serán afectados por la orden de trabajo
3	El sistema deberá listar las órdenes de trabajo existentes.
4	El sistema debe permitir al usuario editar una orden de trabajo.
5	Se requiere que el sistema le permite al usuario adicionar procesos y/o tareas a una orden de trabajo.
6	Se requiere que en la orden de trabajo se muestra el estimado del costo y tiempo para la ejecución de la orden de trabajo después de que se adicione un proceso y/o tarea.
7	Se requiere que el sistema le permite al usuario eliminar una tarea o proceso agregado a la orden de trabajo

Tabla 4.1: Especificación de requerimientos módulo de órdenes de trabajo.

Especificación de requerimientos	
Sistema de informacion de Genética de Yuca	
Módulo de órdenes de trabajo	
No.	Requerimiento
8	Se requiere que el sistema consulte la disponibilidad de los insumos cuando se le asignen procesos a las órdenes de trabajo, para determinar si se puede cumplir la orden de trabajo o no.
9	Se requiere que el usuario pueda cambiar de estado (iniciada, terminada, cancelada) a una orden de trabajo.
10	Se requiere que el sistema genere automáticamente la programación de las tareas, mostrando la fecha de inicio y finalización de las mismas.
11	Se requiere que el sistema le permite modificar las fechas de inicio y finalización de la programación generada.
12	Se requiere que el sistema recalcule las fechas de inicio y finalización de las tareas cada vez que el usuario efectúe una modificación
13	se requiere que el sistema le permite al usuario marcar las tareas como finalizadas.
14	El sistema en el módulo de órdenes de trabajo deberá verificar que una tarea no se termine si no se ha marcado como terminada la tarea inmediatamente anterior.
15	se requiere que el sistema actualice el inventario de insumos cuando se marque una tarea como finalizada.
16	se requiere que el sistema verifique que todas las tareas se han marcado como finalizadas para poder terminar una orden de trabajo.

Tabla 4.2: (continuación) Especificacion de requerimientos módulo de ordenes de trabajo.

La Figura 4.1 representa el diagrama de estructura[14] del sistema de gestión de genética de yuca, los recuadros superiores representan los módulos principales de cultivo de tejidos, invernadero y campo respectivamente, los recuadros en su interior representan los submódulos de recursos, procesos e inventarios de materiales. El recuadro de la izquierda representa otra aplicación llamada FieldBook desarrolla por el grupo de datos e información, la cual se utiliza para crear y administrar información de ensayos experimentales y cargar libros de campo que los investigadores le realizan a los materiales de yuca con los cuales ellos trabajan, sin embargo dicha funcionalidad no hace parte del alcance de esta trabajo. El recuadro que aparece en el centro de la imagen representa el módulo de ordenes de trabajo y por ultimo el recuadro inferior es la representación del módulo de reportes y consultas.

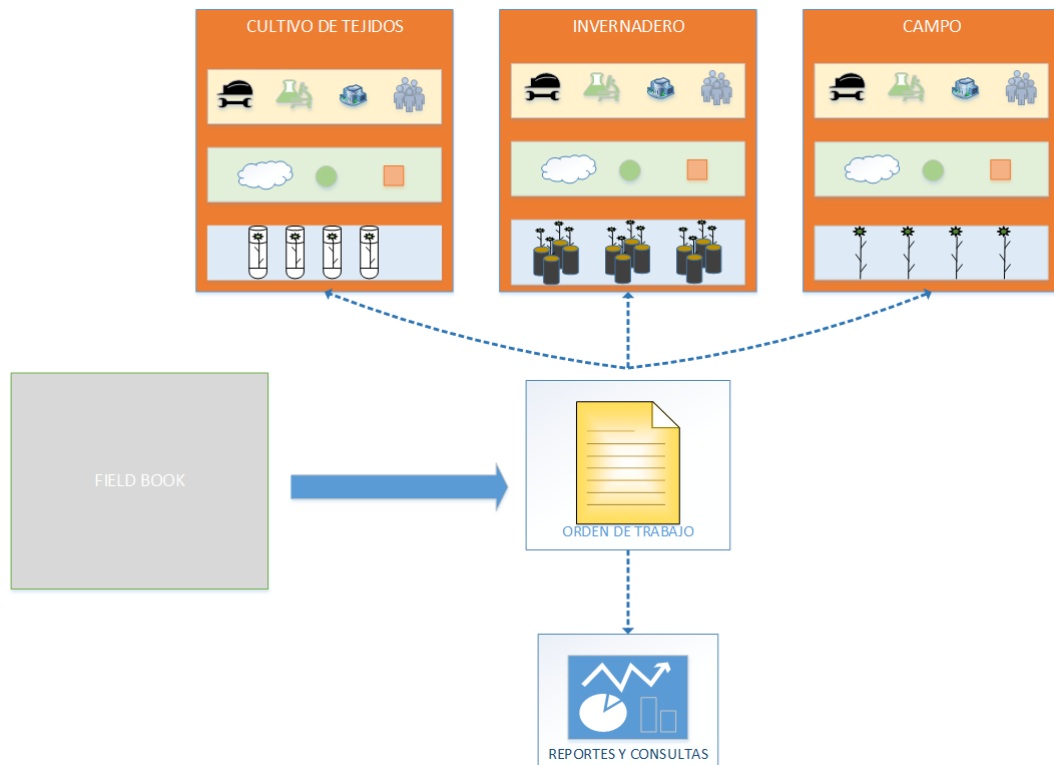


Figura 4.1: Diagrama de estructura del sistema de información de Genética de Yuca.

4.2.2. Diseño

Arquitectura

El sistema de información de Genética de Yuca es una aplicación interactiva construida usando el patrón de arquitectura MVC (modelo-vista-controlador) ya que este patrón ofrece muchas ventajas en relación a la organización del sistema debido a que se hace una división del mismo en 3 capas que contiene las funcionalidades propias de cada una y que se pueden comunicar entre sí, permitiendo así tener un sistema

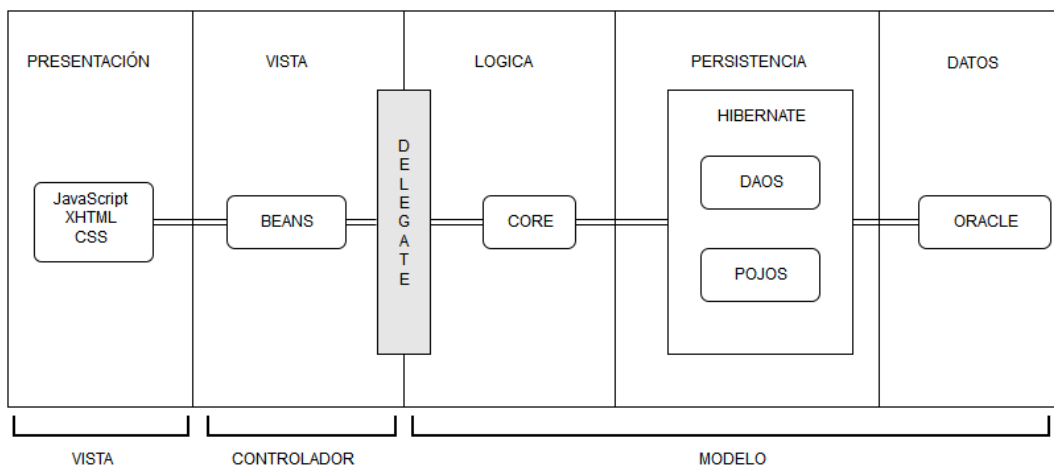


Figura 4.2: Arquitectura del sistema.

con una estructura más fácil de entender y de modificar. Adicionalmente, en busca de conseguir un sistema con mayor facilidad de mantenimiento, reutilización del código y la separación de conceptos se hizo una subdivisión de la capa de modelo en 3 subcapas: Lógica, Persistencia, Datos. La Figura 4.2 muestra la arquitectura del sistema de información de Genética de Yuca.

La capa de presentación es la encargada de comunicar al usuario con la aplicación, ha sido construida usando el framework Primefaces, el cual integra tecnologías como html, javaScript, css y AJAX para comunicarse con la capa de vista.

La capa de vista está encargada de recolectar la información ingresada por el usuario mediante la tecnología de jsf, para pasarla a la siguiente capa. Esta capa tiene el rol de controlador, ya que es la encargada de recibir las peticiones o eventos del usuario, manejarlos o redireccionarlos a la siguiente capa para posteriormente mandar una respuesta al usuario.

La capa de lógica es la encargada de realizar toda la lógica funcional del sistema o lógica de negocio (*business logic*), está envía y recibe información mediante la capa de persistencia hacia la base de datos y devuelve respuestas de eventos a la capa de vista o controlador. La siguiente capa es la de persistencia la cual encapsula el comportamiento necesario para mantener los objetos, es decir: leer, escribir, borrar o actualizar objetos en el almacenamiento persistente (base de datos) o lo que se ha llamado procesos CRUD (Create, Retrieve, Update, Delete). Entre la capa de vista y la de persistencia se encuentra una pequeña capa denominada delegante la cual hace de intermediaria entre estas dos capas, y en ella se implementa el patrón de diseño Singleton.

En la última capa se encuentra el motor de base de datos ORACLE la cual interactúa con la capa de persistencia para la gestión persistente de los datos.

Modelo relacional

Para representar la entidades y sus interrelaciones se propone un esquema de base de datos por medio de un modelo relacional, el cual está ilustrado en la Figura 4.3.

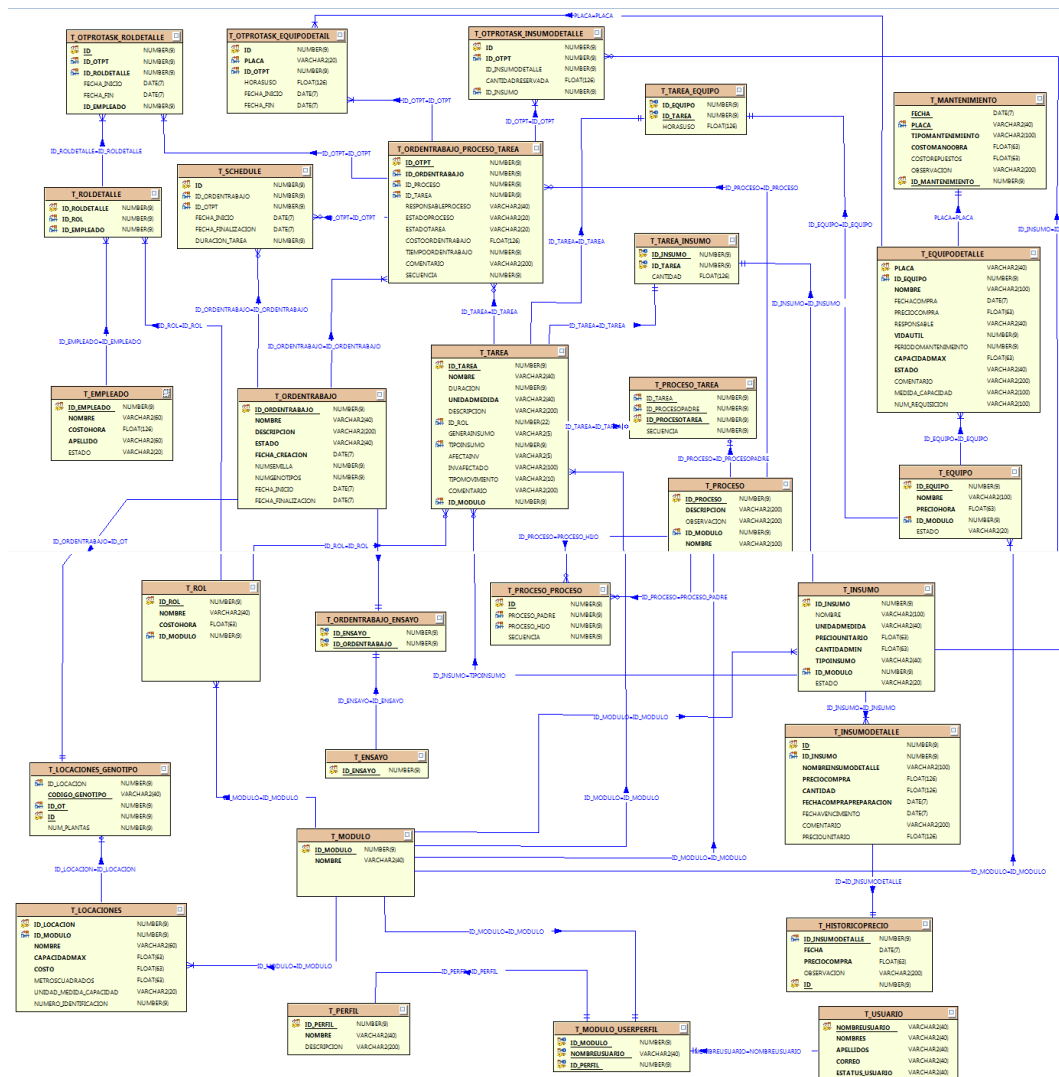


Figura 4.3: Modelo relacional sistema de informaiación de Genética de Yuca

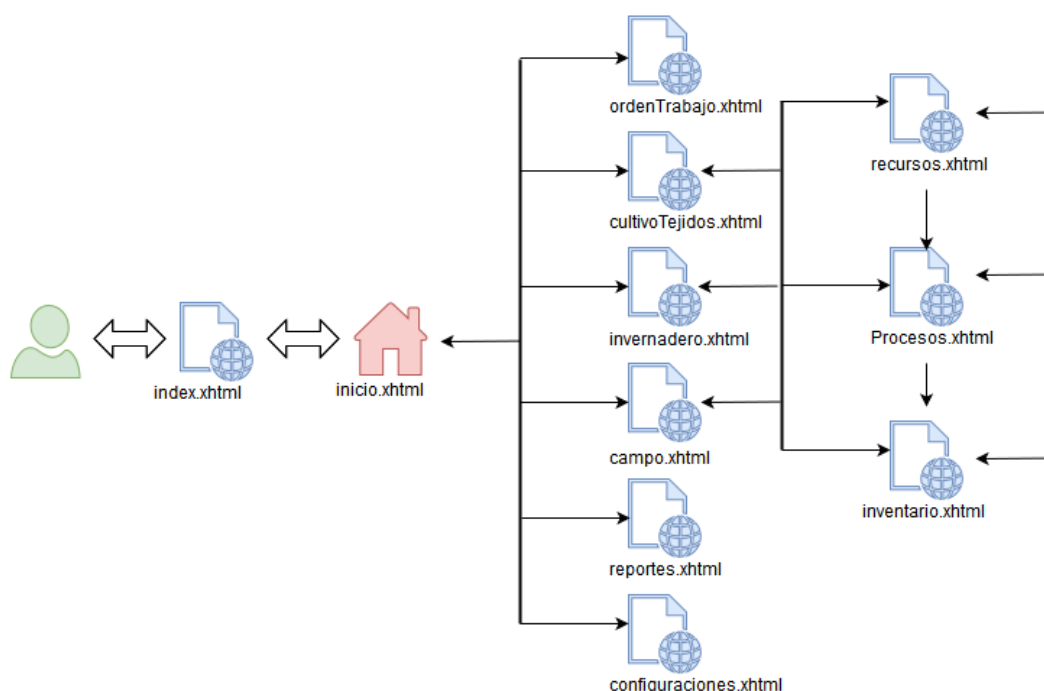


Figura 4.4: Diagrama de navegación sistema de información de Genética de Yuca.

Modelo de navegación

La Figura 4.4 muestra la disposición cada una de las ventanas principales del sistema de información de genética de yuca. Este diagrama de navegación describe la manera en cómo el usuario se puede desplazar por la aplicación, a continuación se describe de manera general las principales componentes del sistema.

El usuario inicia en la página principal donde ingresa su usuario y contraseña para poder ingresar al sistema. Una vez se autentica el usuario es direccionado a la página principal de la aplicación desde donde puede crear una orden de trabajo, puede ingresar a cualquiera de los módulos (Cultivo de tejidos, Invernadero o campo) una vez dentro puede gestionar los recursos (Equipos, Insumos, Personas o Ubicaciones), puede configurar los procesos o puede consultar los inventarios de materiales; También puede consultar los reportes o si lo desea dirigirse a las configuraciones.

4.2.3. Codificación

Para la codificación del sistema de información de genética de yuca se usó el entorno de desarrollo *MyEclipse*¹ *Enterprise Workbench* en la version 10.5, este entorno de desarrollo permite la utilización de contenedores de *servlets* como apache *tomcat* que permitió realizar el despliegue de aplicación para probar sus funcionalidades. Para la fabricación del Back-End (lado del servidor) se utilizó el lenguajes de programación java para manejar toda la parte de la lógica del sistema, adicionalmente, para realizar lo relacionado a la persistencia de los datos se utilizó el framework para el mapeo objeto relacional (ORM por sus siglas en inglés) Hibernate en su versión 3.3, el cual permite hacer la comunicación entre el sistema y el motor de bases de datos oracle

¹<https://www.genuitec.com/products/myeclipse/>

de una manera más sencilla gracias a que maneja su propio lenguaje de consulta denominado HQL, que es una de sus características principales.

Para la comunicación web con el Front-End (lado del cliente) se usó la tecnología jsf *Java Server Faces* la cual se encarga de procesar las solicitudes del cliente por medio de los *Managed Bean* y traducirlas a variables en java y devolver las respuestas del servidor al cliente; para el desarrollo de la interfaz gráfica de usuario (GUI por sus siglas en inglés) se utilizó el framework *Primefaces* en su versión 5.3 que está basado en la especificaciones jsf, y que además integra la técnica ajax y la librería jQuery.

Cabe mencionar que este framework no había sido utilizado antes para ninguna de las aplicaciones desarrolladas por el grupo de datos, información y conocimiento, de manera que este trabajo representó, en cierta medida, una prueba piloto para la utilización de esta tecnología para el CIAT, que a la final obtuvo unos resultados satisfactorios en cuanto a la integración con las demás tecnologías existentes ya que no generó ningún inconveniente a la hora de hacer el despliegue en el servidor utilizado por el ciat para almacenar sus aplicaciones demostrando así que esta tecnología puede coexistir sin problemas con las demás.

4.2.4. Pruebas

El grupo de datos, información y conocimiento del CIAT, en busca del aseguramiento de la calidad para cada uno de los proyectos de desarrollo de software que allí se ejecutan, tiene establecido un procedimiento para la aplicación de las pruebas que le garantice que dichos proyectos cumplen en un gran porcentaje con los requerimientos del cliente.

La fase de pruebas es clave y muy importante para el grupo de datos, información y conocimiento ya que es donde se determina si el sistema cumple o no con las especificaciones que se establecieron en la primera fase de la etapa de elaboración y construcción. En el desarrollo de esta proyecto se aplicaron pruebas unitarias, pruebas funcionales y de sistema, y pruebas de aceptación.

Para las pruebas unitarias, las cuales fueron ejecutadas durante todo el proceso de desarrollo para garantizar la correcta funcionalidad de cada módulo, se utilizó la herramienta JSFUnit².

El plan de pruebas funcionales y de sistema fue establecido por módulos, lo que permitió que cada vez que se terminara la codificación de un módulo se pasara para que fuera probado y de esta manera obtener un feedback y realizar los correspondientes ajustes. Las pruebas fueron conducidas por el equipo encargado de estas. El equipo estuvo encargado de la planificación, diseño y ejecución de estas pruebas. Para esto se diseñó una matriz de requerimientos de prueba (MRP), la cual consiste en un documento donde se registra el proceso o funcionalidad a probar, el requerimiento al que corresponde, el elemento del sistema que se desea probar, el resultado que se espera y el tipo de prueba (positiva o negativa), adicionalmente se registra el número de iteración de prueba. esta matriz es de suma utilidad ya que permite hacer una planificación acertada de las pruebas y llevar un seguimiento sobre la alteración

²<http://jsfunit.jboss.org/>

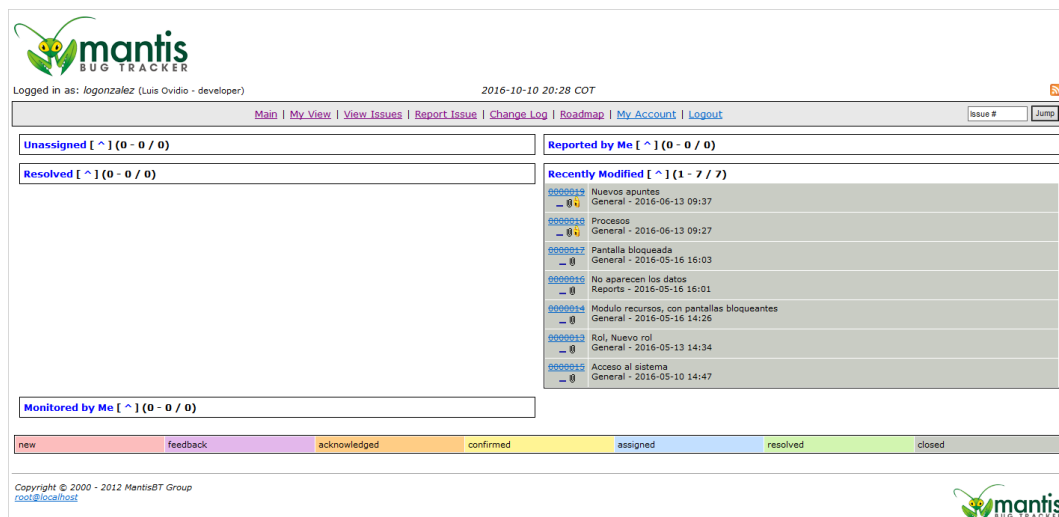


Figura 4.5: Interfaz herramienta Mantis Bug Tracking.

de la ejecución de las mismas. Adicionalmente se utilizó la herramienta *mantis*³ la cual permitió hacer el registro, comunicación y seguimiento de las no conformidades que resultaron después de la ejecución de las pruebas. El proceso de pruebas se inició con el módulo de recursos para el que se estableció su matriz de requerimientos de prueba.

Una vez se obtuvieron los resultados de las no conformidades, se procedió a realizar los ajuste requeridos para dar solución a las mismas. En la Figura 4.5 se puede observar los resultados obtenidos después de aplicar las pruebas para el módulo de recursos y los ajustes requeridos. En esta iteración de pruebas, para el módulo de recursos se generaron 5 no conformidades (sección derecha) que finalmente fueron resueltas y marcadas como cerradas. Esta misma dinámica se siguió para los módulos restantes.

4.3. Implementación

La implantación o despliegue del sistema se realiza siguiendo los parámetros establecidos en las guías para el despliegue de aplicaciones en el centro de cómputo del CIAT, las cuales establecen que primero se debe hacer un despliegue en una máquina de prueba para la cual se requiere realizar una parametrización determinada en las guías y posteriormente montarla en una máquina de producción. Dichos despliegue fueron realizados por la líder de desarrollo del grupo de datos, información y conocimiento.

Características de las máquinas:

Máquina de pruebas:

- Servidor: PowerEdge 2900

³<https://www.mantisbt.org/>

- SO: Red Hat Enterprise Linux Server release 6.8
- Tomcat: 6.0.24
- Java: 1.6.0_115
- Procesador: Intel Xeon E5440 @ 2.83GHz
- RAM: 32Gb
- Disco: 146Gb (RAID1)

Máquina de producción:

- Servidor: PowerEdge M610
- SO: Red Hat Enterprise Linux Server release 6.8
- Tomcat: 6.0.24
- Java: 1.6.0_115
- Procesador: Intel Xeon E5620 @ 2.40GHz
- RAM: 32Gb
- Disco: 146Gb (RAID1)

4.4. Cierre

En este punto se firma el acta de cierre/entrega de la solución a satisfacción del solicitante. Esta etapa incluye el periodo de estabilización de la aplicación que debe ser acordado de acuerdo a los requerimientos particulares tanto funcionales como no funcionales. Deberá ser acordado en la etapa de planificación y comprenderá el tiempo en el cual la aplicación de software normaliza su funcionamiento.

Capítulo 5

Conclusiones y Trabajos futuros

5.1. Conclusiones

A continuación se presentan las conclusiones del trabajo de grado, correspondientes a los objetivos planteados y alcanzados en el desarrollo del sistema de información de genética de yuca del Centro Internacional para la Agricultura Tropical CIAT. Posteriormente se presentan algunos trabajos futuros.

En este trabajo de grado se desarrolló una aplicación WEB que permite determinar la trazabilidad de un material de yuca del área de Genética de Yuca y los costos asociados a los procedimientos que afectan a dicho material. la aplicación proporciona información que permite hacer un seguimiento de un determinado material y conocer los procesos que se les han realizado y los costos en los que se incurre con cada uno de ellos.

Dentro del alcance de este trabajo de grado se consideró solo el cálculo de la estimación de tiempo y costo de los procesos y/o tareas del área de genética de yuca, específicamente el laboratorio de cultivo de tejidos, invernadero y campo sin embargo la aplicación está en la capacidad de realizar esta estimación para cualquier otra área del programa, sin embargo esto depende exclusivamente de que se definan de manera clara cuáles son los procesos y/o tareas por cada área y que se configuren adecuadamente dentro del sistema.

El sistema de información de genética de yuca permite llevar el control del inventario de los insumos, equipos, instalaciones y roles que son requeridos para la ejecución de cualquier proceso dentro del área de genética de yuca.

La configuración de los procesos y tareas es la clave para el éxito del sistema en lo relacionada con el cálculo estimado de tiempo y costo en los que se incurre con la operaciones del área de genética de yuca, aunque esta puede resultar a la larga una tarea dispendiosa para el usuario por el número de proceso y/o tareas que debe registrar y configurar. Por lo que se halló la manera de elaborar un módulo que permitiera la creación y configuración de las tareas y procesos una sola vez y que posteriormente funcionaran como una especie de plantillas las cuales pueden ser invocadas en cuantas veces se requiera y sin necesidad de tener que configurarlas

cada vez.

Para conocer la trazabilidad de un material en el área de genética de yuca es necesario conocer que instalaciones lo han albergado y en donde se encuentra actualmente para ellos se implementó el módulo de inventario de materiales de yuca que a diferencia del sistema de información utilizado por el área, también lleva el inventario de las plantas que se encuentran en el invernadero y las que son llevadas a campo.

La relación entre los procesos y/o tareas que se realizan diariamente con los recursos que son requeridos para su ejecución son los que determinan los costos que se generan y el tiempo que se requiere. Las órdenes de trabajo hacen uso de esta relación para generar una programación de tiempos, la planeación de estos tiempos está restringida por 3 variables principales: la disponibilidad de los recursos, los horarios laborales (8 horas) y por fechas preprogramadas para los mantenimientos de equipos. Esto representó un reto a la hora de la generación automática de las fechas de inicio y terminación de las tareas, sin embargo se logró desarrollar un algoritmo que permitió cumplir con cada una de estas restricciones y cumplir así con el cuarto objetivo específico.

Los reportes generados por la aplicación permiten al líder del programa tener una visión global del comportamiento del área de genética de yuca en cuanto a los costos incurridos en determinadas órdenes de trabajo y los tiempos de ejecución de los procesos, del nivel de ocupación de los empleados y del estado de disponibilidad de las instalaciones donde se almacenan los materiales, de tal manera que le permita hacer proyecciones y tomar decisiones gerenciales con respecto al quehacer del área.

Por otro lado, uno de los puntos de mayor relevancia dentro del desarrollo de aplicaciones web es sin duda la parte visual, todo lo relacionado con las interfaces gráficas con las que interactúa el usuario, este tema es clave ya que la consecución de una interfaz gráfica de usuario agradable complementa las funcionalidades del sistema y genera una experiencia de usuario favorable. Considerando este factor se determinó utilizar una tecnología para web que permitiera crear interfaces gráficas ricas visualmente, por lo que se decidió utilizar primefaces. Se logró implementar satisfactoriamente esta tecnología sin ningún inconveniente y obteniendo los resultados esperados, consiguiendo así establecer un precedente de la utilización de la misma. Hay que resaltar que para tomar la decisión de utilizar tecnologías diferentes a las que son utilizadas por los desarrolladores en CIAT es fundamental tener en cuenta dos factores principales, que la tecnología que se va a implementar no cause conflictos con las demás y que ofrezca un desempeño igual o superior a la que se utilizó dentro del centro.

En general la metodología de desarrollo de software que tienen establecida es buena puesto que permite estructurar un proyecto organizado en las cuatro fases principales del desarrollo de software. Esta metodología implementa artefactos muy útiles como las historias de usuario y los prototipos no funcionales que son recursos de gran ayuda porque permite reducir el tiempo de validación de los requerimientos, sin embargo se debe hacer una revisión más meticulosa a la especificación de los requerimientos para así evitar que se obvie alguno. Por otro lado es de gran ayuda para el desarrollador contar con test o casos de prueba antes de iniciar con su labor ya que contar con esto le da un punto de partida para empezar a codificar además esto puede ayudar a minimizar la aparición de no conformidades.

5.2. Trabajos futuros

1. Analizar y estructurar los procesos del laboratorio de genética molecular para que los integremos al sistema.
2. Desarrollar un módulo que permita la creación y visualización de mapas de campo para los ensayos que se desean realizar o para los materiales que están establecidos en el campo.
3. Implementar un módulo para realizar el registro de los resultados de las evaluaciones que se le realizan a los genotipos directamente desde el laboratorio de indexación.

Bibliografía

- [1] Leslie Lamport, *L^AT_EX: a document preparation system*, Addison Wesley, Massachusetts, 2nd edition, 1994.
- [2] Sistema de información de Genética de yuca (SIGY). Documento Interno. Manual de usuario. Noviembre 15 del 2007.
- [3] ENTREVISTA con Adriana Alzate, asistente de investigación del laboratorio de Cultivo de Tejidos de Genética de Yuca, Palmira, 16 de Diciembre del 2015.
- [4] tuprogramacion.com. (Febrero de 2016). ¿Qué es un ORM? [En línea]. Disponible: <http://www.tuprogramacion.com/glosario/que-es-un-orm/>
- [5] rlbisbe.net. (Febrero de 2016). ¿Qué es un ORM y por qué nos interesa? [En línea]. Disponible: <http://rlbisbe.net/2011/12/13/que-es-un-orm-y-por-que-nos-interesa>
- [6] tutorialspoint.com. (Febrero de 2016). Hibernate-Overview. [En línea]. Disponible: <http://www.tutorialspoint.com/hibernate/hibernate-overview.html>
- [7] C. Bauer, G. King, G.Gregory, *Java Persistence with Hibernate*. New Delhi: Dreamtech Press, 2006, pp (18)
- [8] Oracle. a. (Enero de 2016) .Oracle docs. [En línea]. Disponible: <https://docs.oracle.com/javaee/6/tutorial/doc/bnapk.html>
- [9] primefaces.org.(Octubre 14 de 2016).Guia de usuario.[En línea].Disponible: <http://www.primefaces.org/>
- [10] Kris Hadlock. Ajax for Web Application Developers. Developers Library, 2006
- [11] Jonathan Chaffer, and Karl Swedberg. Learning jQuery 1.3: Better Interaction Design and Web Development with Simple JavaScript Techniques. Packt Publishing Ltd, 2009.
- [12] Exes. (Enero de 2016). Mundo Oracle. [En línea]. Disponible: <http://www.mundoracle.com/pl-sql.html?Pg=sql-plsql-11.htm>
- [13] unidad de Servicios de Tecnología de la Información, CIAT. Estatuto interno. Metodología de desarrollo de proyectos informáticos. Octubre del 2013.
- [14] S.R Gomez Palomo, E. Moraleda Gil, *Aproximación a la ingeniería de software*. España: Centro de estudios Ramón Araces S.A, 2014, pp. 135-137.

Lista de anexos

Anexo A

Historias de usuario

HISTORIAS DE USUARIO LABORATORIO DE GENÉTICA DE YUCA

Fecha: 16/10/2015

1. **Nombre del proyecto:** Sistema de información de Genética de Yuca

2. **Tipo de historia:**

- Nueva: X
- Mejorada:
- Error:

3. **Descripción del proyecto:**

Las reuniones se han llevado a cabo con el fin de definir los parámetros para la implementación de un sistema de control de inventario para el laboratorio de Cultivo de Tejidos de Genética de yuca, así mismo el sistema debe permitir llevar la trazabilidad o seguimiento del material de yuca y también determinar los costos de los procesos generados en la producción de un determinado material.

En el Laboratorio de Cultivo de Tejidos de Genética de Yuca se realizan los procesos de recepción y conservación de genotipos, distribución y descarte de genotipos. A continuación se describen estos procesos.

RECEPCIÓN Y CONSERVACIÓN DE GENOTIPOS EN EL LABORATORIO:

El proceso de Recepción y Conservación de genotipos se desarrolla teniendo en cuenta la procedencia o fuente de origen de los genotipos. A continuación se describen las etapas o subprocesos que se realizan al Recibir y Conservar un genotipo de acuerdo a cada fuente.

Fuente 1: Obtención de plantas in vitro a partir de la semilla de yuca (materiales propios del laboratorio de genética de yuca).

1. Inicialmente se reciben las semillas y se hace una preselección mediante una prueba de agua para determinar cuáles semillas son aptas para germinar y cuáles se deben descartar. La prueba consiste en depositar las

semillas en un beaker con agua corriente, y seleccionar las semillas que se precipitan descartando las que flotan.

2. El siguiente paso consiste en ablandar la testa (cáscara) de la semilla. Para este procedimiento se usa ácido sulfúrico. El proceso de ablandamiento consiste en depositar las semillas seleccionadas en la tarea anterior en un recipiente el cual contiene ácido sulfúrico durante un periodo de tiempo. Este periodo está determinado por el tipo de semilla, si es una semilla comercial el tiempo que se debe emplear es 30 a 40 minutos, mientras que para una semilla silvestre puede ser de 50 a 60 minutos.
3. Después de ablandar la testa de la semilla se hace una desinfección, la cual se lleva a cabo en la cámara de flujo laminar. Para el proceso de desinfección se necesita: alcohol, hipoclorito y agua estéril.
4. Una vez se tiene la semilla desinfectada, se le retira la testa o cáscara a la semilla y se siembra en un tubo de ensayo, el cual contiene el medio de cultivo 17N preparado con anterioridad. Posteriormente los tubos con las semillas sembradas, se tapan con una tela oscura por un periodo de 5 días y se colocan en el cuarto de crecimiento a una temperatura entre 27 y 30 grados centígrados. Pasados los 5 días, se retira la tela y a las 6 semanas se obtiene una planta desarrollada.
5. Después de las 6 semanas la planta completamente desarrollada (con raíz, tallo y hojas) puede ser multiplicada para obtener 3 plantas nuevas. El proceso de multiplicación consiste en tomar la planta y dividirla en 3 secciones o explantes (ápice y nudos), cada explante es sembrado en un tubo de ensayo con medio de cultivo 4E. De manera similar se debe esperar que pase un periodo de 6 semanas para que las plantas se desarrollen y continuar con el proceso de multiplicación. Cada planta producirá 3 explantes lo que significa que después de las 6 semanas se tendrán 3 plantas con 9 explantes que se seguirán multiplicando cada 6 semanas hasta obtener 27 plantas que serán distribuidas así: 9 plantas en 17N para invernadero, 10 plantas en 4E para envíos y 8 plantas en 4E para conservación.

Fuente 2: Materiales Provenientes del Programa de Mejoramiento

Los genotipos que produce el Programa de Mejoramiento son obtenidos mediante cruzamientos en campo. Posteriormente definen que materiales se llevarán a conservación in vitro. Cuando se tienen seleccionados los genotipos para conservar, se envía a invernadero semilla de estaca. Cuando se tienen las estacas en el invernadero se realiza la siembra en bolsas, con el objetivo de que dichas estacas broten y desarrollen una rama. El invernadero facilita un ambiente controlado de plagas y enfermedades que permite el crecimiento sano de las plantas. La rama se lleva al laboratorio de cultivo de tejidos para comenzar el proceso de conservación in vitro.

El proceso de conservación in vitro consta de las siguientes etapas:

1. De la rama que llega al laboratorio, se obtienen 3 explantes a los que

se les realiza un proceso de desinfección, el cual comienza con pasar los explantes por un fungicida sistémico durante 20 a 30 minutos.

2. Posteriormente, en cámara de flujo laminar, se continúa la desinfección pasando los explantes por alcohol, hipoclorito de sodio y enjuague con agua estéril.
3. Los explantes desinfectados se siembran en tubos de ensayo con medio de cultivo 4E con antibiótico, y se colocan en cuarto de crecimiento.
4. Transcurrida una semana, se procede a realizar evaluaciones visuales para determinar si el material está contaminado por hongos y/o bacterias. Si se obtienen resultados negativos para la prueba de hongos y bacterias se espera por un periodo de 3 semanas durante el cual las plantas han crecido lo suficiente para realizar la multiplicación.
5. Pasadas las 3 semanas, las plantas desarrolladas se multiplican. Este proceso se realiza cortando los ápices y el 2do nudo de cada plántula, y se siembran en los frascos con medio de cultivo 4E. El proceso continúa de igual forma hasta completar un stock por genotipo de 3 frascos con 5 plantas cada uno.

En general, los genotipos provenientes de campo, incluyendo los procedentes del Programa de Mejoramiento, pueden tener enfermedades producidas por virus, las cuales solo se detectan a partir de pruebas de laboratorio o pruebas de indexación. Esta prueba se realiza usando las hojas de las plantas de los genotipos in vitro. Si el resultado de la prueba es positivo para virus, el genotipo se somete al proceso de termoterapia, el cual consiste en sembrar los ápices de las plantas enfermas en tubos de ensayo con medio 17N y se ubican en una incubadora bajo las siguientes condiciones: 40°C de día y 35°C de noche, 12 horas fotoperiodo, por un periodo de 12 días. El proceso se repite 3 veces, es decir, 36 días. Cumplidas 3 semanas se realiza nuevamente la prueba de indexación.

Cuando la prueba de indexación es negativa (material está libre de virus), se realiza el procedimiento de conservación normal.

6. En todos los casos de genotipos provenientes de campo, el material es multiplicado y se espera una semana para revisar si hay contaminación por hongos o bacterias, si la planta está limpia, se procesa a conservarla (almacenarla) en el cuarto de conservación. Por otro lado si la planta está contaminada se realiza un proceso de desinfección y se espera nuevamente una semana para volver a revisarla.

Fuente 3: Materiales provenientes del Banco de Germoplasma.

El proceso de conservación de los materiales provenientes del Banco de Germoplasma inicia con la llegada de 5 plántulas de las cuales se pueden obtener 15 explantes. Inmediatamente llegan las 5 plántulas del Banco se procede a realizar la multiplicación. Después de que multiplican las 5 plántulas y se siembran en los respectivos tubos con medio de cultivo (4E), se espera que pase un periodo de 6 semanas para obtener 15 plántulas nuevas con 45 explantes (15 ápices y 30 nudos), después de tener las 15 plantas se multiplican nuevamente,

realizando el mismo proceso de multiplicación ya descrito. Pasadas las semanas de rigor se obtendrán 45 plántulas nuevas que se podrán destinar así: 15 plantas de ápices para invernadero, 10 plantas para envío, 20 plantas para conservación.

Fuente 4: Materiales procedentes de otros países. El proceso de conservación de los materiales que llegan provenientes de otros países es igual al que se realiza con los materiales que provienen del Banco de Germoplasma. Estos genotipos llegan en forma in vitro y con certificados que garantizan su sanidad, es decir, libres de enfermedades o cualquier agente contaminante. Por tanto, después de recibir el material se multiplica para conservarlo y no se le realizan tratamientos especiales.

DESCARTE DE GENOTIPOS

Los materiales que son afectados por hongos o por bacterias son descartados. El proceso que se lleva a cabo para descartar un material contaminado se resume así: Se extrae del cuarto de crecimiento o conservación el frasco que contiene el material contaminado, se esteriliza dicho frasco (en la autoclave), se descarta el residuo, se lava el frasco y nuevamente se esteriliza el frasco vacío y limpio para reusarlo en la preparación del medio de cultivo que servirá para la multiplicación de otro genotipo.

DISTRIBUCIÓN DE UN MATERIAL

El material que se tiene en el cuarto de conservación puede tener cuatro destinos:

1. Envío para socios (otros países).
2. Usuarios CIAT
3. Laboratorio de Genética Molecular de Yuca.
4. Invernaderos, que posteriormente pueden ser enviados a campo

El inicio del proceso de distribución de un material se da con la solicitud de los genotipos al laboratorio de Cultivo de Tejidos de Genética de Yuca, después de que la solicitud es atendida se debe esperar por un periodo de 6 semanas o más dependiendo del tamaño del pedido, mientras el laboratorio puede producir la cantidad de material solicitado. Transcurrido este periodo, se entregan los recipientes (frascos o tubos de ensayo) que contienen las plantas in vitro.

Cuando los materiales son solicitados por usuarios de otros países o por usuarios CIAT, después de recibida la solicitud, se propaga el material in vitro y se espera que las plantas crezca durante 6 semanas, posteriormente son enviadas a otro país o entregadas al usuario CIAT entre 5 y 10 plantas. Por otro lado, los usuarios del área Molecular del mismo Programa de GY, solicitan y se

les entregan hojas in vitro que son almacenadas temporalmente en nitrógeno líquido y se despachan el mismo día.

Cuando un genotipo se entrega para ser sembrado en campo o cuando son genotipos que se utilizarán para ensayos del Programa de GY, deben pasar por un periodo de aclimatación en invernadero. Es decir, un periodo intermedio entre laboratorio y campo donde se prepara la planta in vitro para que se adapte y sobreviva a las nuevas condiciones ambientales del campo.

Llevar un material al invernadero involucra la realización de tareas como:

- Preparación del sustrato.
- Proceso de adaptación en cámara húmeda.
- Etiquetado.

El sustrato en el cual se trasplantan las plantas de yuca in vitro, está compuesto de arena, suelo y una solución de fertilizante y fungicida. Este proceso inicia con cernir, lavar y secar la arena; posteriormente se debe moler el suelo que será utilizado. Luego de tener la arena cernida, lavada y seca, y el suelo molido, se mezclan, en proporciones de 1-3, 1 cantidad de suelo por 3 de arena. Posteriormente se pasa por una máquina de vapor para esterilizar el sustrato. Después de que se tiene el sustrato listo, se llenan las bolsas con aproximadamente 400 gr de suelo y se procede a la siembra del material.

Para el proceso de siembra, primero se procede a retirar el gel de las plantas in vitro que consiste en, sacar las plantas del frasco y retirarle el gel lavando las raíces con agua común sobre una bandeja. Después de lavar las raíces, se procede a sembrar la plántula en la bolsa con el sustrato previamente preparado y adicionando o humedeciéndola con una solución de fungicida y fertilizante, luego de sembrar la plántula se inicia el proceso de cámara de humedad.

El proceso de cámara de húmeda consiste en tapar las plántulas sembradas con un vaso plástico transparente durante un periodo de 8 días. Después de que se cumple este periodo, se retiran los vasos y se hace un conteo de las plantas sobrevivientes que pasaran a un plan de fertilización. Después de esto se pasa a la siguiente tarea que es el marcado para identificación.

El marcado se realiza pegando a cada bolsa con planta una etiqueta que contiene el nombre del genotipo. Se utilizan pajuelas para identificar un grupo de familia la cual se coloca o introduce en la primera bolsa con planta de cada grupo.

Las plantas sembradas permanecen en invernadero de 6 a 8 semanas antes de ser llevadas a campo o para hacer ensayos experimentales dentro del mismo invernadero.

Algunas veces para los ensayos experimentales en invernadero, se requiere incrementar el número de plantas por genotipo. En ese caso, el proceso consiste

en cortar las ramas de las plantas y ponerlas a enraizar en agua común por dos semanas, posteriormente sembrarlas en una bolsa con sustrato.

Cuando el material es llevado a sembrar en campo, primero se establecen en un sistema lineal de surcos, buscando que la planta se vaya adaptando al medio ambiente. En este proceso se realizan diversas tareas como, preparación del suelo, aplicación de fertilizantes, realización de los hoyos donde se sembraran las plantas, entre otras.

La siembra de los materiales se hace teniendo en cuenta un orden, dicho orden se establece alfabéticamente por ejemplo, por países, es decir, se empiezan por los materiales de Argentina, Brasil y así sucesivamente hasta llegar a los de Venezuela. Una vez se siembran las plantas en campo, y dependiendo de la presencia de plagas o enfermedades se aplican agro-químicos para controlar dichos factores.

Después de que las plantas ya están establecidas en campo y se encuentren en condiciones de extraer semilla por estaca (aproximadamente 6-7 meses dependiendo de la variedad), se hace la multiplicación por estaca de los genotipos para ser establecerlos en un “sistema de parcelas” el cual consiste en agrupar genotipos diferentes que tienen características genéticamente similares. Las parcelas por lo general se siembran en grupos de 16 plantas, sin embargo esta cantidad puede variar dependiendo de lo establecido por el investigador en los ensayos experimentales que este realice. Estas plantas sirven para realizar diferentes estudios entre ellos de calidad.

4. Historias de usuario.

HU 001: USUARIOS.

El sistema debe contar con tres tipos de usuarios o roles el administrador, líder del proyecto y operario. El usuario administrador será aquel que tiene el acceso total sobre el sistema, es decir, que contara con las opciones de crear, leer, modificar o eliminar información del sistema y podrá crear los demás usuarios con sus respectivos permisos. El usuario con rol líder del proyecto será aquel que puede visualizar toda la información del sistema, además tendrá permisos de lectura y escritura sobre el módulo de órdenes de trabajo y reportes. El usuario con rol operario será aquel que tendrá opciones de lectura y escritura solo en los módulos a los que tenga acceso.

HU 002: CONTROL DE INVENTARIO DE MATERIALES

Los usuarios podrán conocer el inventario de materiales que se encuentran en el laboratorio de cultivo de tejidos, en el invernadero y en campo. También podrán consultar toda la información del material relacionada con la fuente de procedencia, la persona responsable de dicho material, la cantidad de material disponible, entre otra información.

HU 003: ORIGEN DE UN MATERIAL

El sistema debe permitir almacenar la procedencia de un material. Los materiales que llegan al laboratorio de Cultivo de Tejidos de Genética de Yuca

proviene de 4 fuentes diferentes: genotipos propios del laboratorio, el banco de Germoplasma, genotipos del Programa de Mejoramiento o genotipos que llegan del exterior.

HU 004: TRAZABILIDAD DE UN MATERIAL.

Los usuarios podrán realizar el seguimiento de un genotipo específico. Con esto, se busca que el usuario, mientras tenga autorización por el administrador, pueda conocer información como las etapas y procesos por los que ha pasado un genotipo. También permitirá conocer la procedencia de los genotipos, las características o descriptores de ese material; determinar quién es el responsable de la multiplicación in vitro y en caso de pérdida del genotipo, establecer en qué etapa ocurrió y quién era el responsable. De igual forma, el usuario podrá relacionar los materiales cuando se encuentren tanto en campo, invernadero o laboratorio.

HU 005: COSTOS DE PRODUCCIÓN Y/O CONSERVACIÓN DE UN MATERIAL.

Los usuarios podrán conocer el costo que genera la tarea de producir y/o conservar un material en el laboratorio desde el momento en que se recibe un material o las semillas hasta que está listo para ser distribuido; también los costos que se generan en el mismo proceso de distribución y los costos generados por los diferentes procesos realizados a los materiales en cada una de las instalaciones (laboratorio de Cultivo de Tejidos, invernadero y campo). Se busca determinar cuánto cuesta producir cierto material teniendo en cuenta los insumos usados en: preparar el medio de cultivo, la mano de obra, los equipos, el mantenimiento de los equipos, la depreciación, gastos de instalaciones y edificio, el tiempo que se toma producir un material, entre otros.

HU 006: CONTROL DE INVENTARIO DE RECURSOS.

Para la ejecución de las tareas que se llevan a cabo en el laboratorio de cultivo de tejidos, en el invernadero y en el campo, son necesarios recursos como: insumos, equipos y personas o roles, se requiere que el usuario pueda determinar qué insumos, equipos y roles son necesarios en determinada tarea y de esta manera asignarlos a la misma. Además se requiere que los usuarios puedan conocer el inventario detallado y actualizado de dichos recursos. Para ello es necesario que se guarden dichos recursos con toda la información necesaria.

Para los insumos se requiere almacenar el nombre, precio, cantidad, unidad de medida, fecha de compra y/o preparación, fecha vencimiento, ubicación. Adicionalmente se requiere que se muestre la cantidad actual de cada insumo registrado cada vez que sea utilizado en la realización de una tarea. Así como también determinar cuáles de los insumos son reutilizables o desechables; y un campo para agregar comentarios. También se debe permitir determinar la cantidad mínima de cada uno de los insumos. Se requiere que se pueda exportar un archivo en formato Excel donde se listen los insumos registrados en el sistema.

Para los equipos es necesario guardar el nombre, la fecha de compra, vida útil, fecha de la última calibración, fecha del último mantenimiento, periodo de calibración, periodo de mantenimiento, costo por hora, número de placa o

identificación CIAT, responsable, ubicación, tipo de mantenimiento, costo de mantenimiento, numero de mantenimientos. Además de almacenar un historial de los mantenimientos realizados. Se requiere que se pueda generar una búsqueda filtrando los equipos registrados y que posteriormente se pueda generar un archivo en formato Excel donde se listen los equipos y toda su información, sin embargo solo se mostrara información sobre el ultimo mantenimiento realizado y no el historial de los mantenimientos.

Para los roles se requiere el nombre del rol, y el costo por hora. Además de insumos, equipos y roles, se necesita guardar las instalaciones, para estas se solicita el tipo de instalación, el nombre, los m² que tiene y el precio por m², adicionalmente se desea conocer cuál es la capacidad máxima que tiene cada instalación con respecto al número de plantas que se pueden mantener en ellas. Por otro lado, También se desea llevar un registro histórico de los precios de los recursos. Se requiere que se pueda exportar un archivo en formato Excel donde se listen los roles o las instalaciones.

HU 007: DAR DE BAJA UN RECURSO.

En ocasiones es necesario sacar recursos del inventario por diversas causas entre ellas porque han caducado, por mal estado, porque se han dañado entre otras, para esto se requiere que los usuarios puedan registrar el movimiento de salida de un recurso indicando la causa de salida, así mismo el sistema deberá realizar las modificaciones correspondientes en el inventario de los recursos. Además se debe guardar registro de estos movimientos para futuras consultas.

HU 008: PROCESOS, ACTIVIDADES, TAREAS.

Los procesos son las unidades que componen las órdenes de trabajo, estos a su vez están compuestos de actividades. Las actividades son la asociación de tareas. Las tareas son las unidades mínimas de trabajo. Se requiere que el sistema permita crear procesos, actividades y tareas, adicionalmente que se pueda asignar a las tareas los recursos que son necesarios para su ejecución así como el tiempo de duración. Para crear un proceso o actividad se debe registrar un nombre, un tipo (si es para campo, invernadero o laboratorio), un responsable y una descripción. Para las tareas se consigna el nombre, un tipo (si es para campo, invernadero o laboratorio), la duración y una descripción.

El sistema debe además brindarle la opción al usuario de marcar si las tareas generan como resultado otro insumo. Si se produce otro insumo después de terminado el proceso, actividad o tarea el sistema deberá mostrar al usuario el formulario necesario para crear o actualizar dicho insumo.

HU 009: ORDEN DE TRABAJO (OT).

El usuario deberá determinar que procesos, actividades o tareas se le deben realizar a uno o varios genotipos, para ello es necesario crear una orden de trabajo, la cual consiste en un documento donde se describen los procesos, actividades o tareas, y los genotipos a los que se les realizaran dichos procesos, actividades o tareas. Las órdenes de trabajo pueden tener varios procesos asociados. Las órdenes de trabajo permitirán al usuario con rol líder de proyecto hacer un presupuesto del costo que se generaría y el tiempo que se necesita para ejecutar dichos procesos, actividades o tareas a los genotipos involucrados

en la OT.

Cuando se asigne un proceso a una OT, se debe relacionar las actividades y/o tareas de ese proceso en particular, que deben haber sido creadas previamente y deben tener asociados los recursos necesarios para su ejecución, así como el tiempo que tarda realizar cada tarea. Esto permitirá determinar el costo de ejecutar un proceso y el tiempo de duración de dicho proceso, la suma de los costos y tiempos que se invierten en terminar cada proceso servirá para calcular el estimado de los costos y tiempo para ejecutar una orden de trabajo.

Una vez creada la OT con sus procesos, el usuario debe establecer la ejecución de esta. El ciclo de vida de la orden de trabajo comienza con el primer proceso, este genera una entrada, para este caso los genotipos que serán afectados por dicho proceso, esta entrada deberá ser registrada por el usuario en el sistema. Después de registrada la entrada, el sistema empieza a contabilizar el tiempo que se estableció para terminar el proceso; este tiempo es calculado de acuerdo a la duración de cada una de las tareas que se le asignaron a dicho proceso. Una vez se termine el proceso, el usuario deberá marcarlo como finalizado, para iniciar con el siguiente proceso descrito en la orden de trabajo, para que un proceso se pueda marcar como finalizado se deben marcar cada una de las tareas que lo constituyan como finalizadas. Cuando un proceso termina, el usuario deberá generar el movimiento de salida del material afectado, dicha salida puede ser un movimiento de entrada para otro proceso o instalación, que el usuario deberá registrar con la causa u origen del movimiento y el destino. El sistema también deberá registrar estos movimientos de entrada de manera automática dependiendo de dónde se generen. Por ejemplo, cuando se crea una orden de trabajo que inicialmente involucre procesos en el laboratorio, el sistema primero debería registrar una entrada de genotipos al laboratorio, posteriormente cuando se termine el proceso del laboratorio, este proceso generará una salida para invernadero, el sistema deberá permitir al usuario registrar la salida del laboratorio con el destino determinado por el usuario, en este caso invernadero, y el sistema automáticamente deberá registrar el movimiento de entrada al invernadero, de la misma manera cuando se genere un movimiento de salida en el invernadero, el sistema deberá registrar el movimiento de entrada al campo automáticamente. Esta misma dinámica se realiza para todos los procesos que se asignen a la OT hasta llegar al último. Cada vez que se termine un proceso el sistema debe brindar al usuario la opción de registrar comentarios u observaciones, así como también permitirle que asigne el responsable para el siguiente proceso descrito en la orden de trabajo. El ciclo de vida de una orden de trabajo termina cuando todos los procesos han sido terminados.

Además de asignar procesos en las OT se puede relacionar ensayos experimentales en los cuales estarán descritas las evaluaciones asociadas a dichos ensayo. Para relacionar los ensayos experimentales se hará uso de la aplicación Field-Book, la cual está encargada de gestionar todos los ensayos experimentales, libros de campo, unidades experimentales, evaluaciones, variables, entre otras.

Por otro lado, también se le podrán asignar procesos, actividades o tareas en cualquier momento que el usuario considere que debe aplicar bien sea un proceso, actividad o tarea adicional y que no fueron considerados en el momento

de crear la orden de trabajo o que se produzcan por alguna eventualidad. Así mismo el sistema deberá recalcular el costo y el tiempo que son necesarios para terminar la ejecución de la OT.

HU 010: CAMPO, INVERNADERO, LABORATORIO DE CULTIVO DE TEJIDOS.

Se requiere que el usuario pueda realizar las siguientes funciones en cualquiera de las instalaciones.

1. Ingreso de un material: el ingreso de material se puede realizar de dos formas, individual o en bloque. Individual cuando se registra genotipo por genotipo, y en bloque cuando se desea cargar varios genotipos al tiempo, para ello es necesario cargar un archivo en formato Excel que contiene toda la información necesaria para registrar los materiales.

Para ingresar genotipos a campo se requiere guardar la siguiente información: código de familia, código de genotipo, responsable, cantidad de plantas ingresadas, fecha de ingreso, ubicación, número lote, fecha de siembra, último movimiento. La ubicación y el número de lote permitirán asociarse a información meteorológica o información histórica del suelo.

Cuando se va a ingresar genotipos al invernadero se requiere la siguiente información: código de genotipo, responsable, cantidad de plantas ingresadas, fecha de ingreso, último movimiento.

Cuando se van a ingresar materiales al laboratorio de Cultivo de Tejidos se requiere la siguiente información: Código de genotipo, medio en el cual está sembrado, numero de frascos, cantidad de plantas, responsable, ubicación (cuarto, estante, nivel).

2. Listar/consultar material: Para los materiales que se encuentran registrados en campo se listaran los genotipos y la siguiente información: Código de genotipo, responsable, cantidad de plantas ingresadas, fecha de ingreso, lote, fecha de siembra, último movimiento y las evaluaciones correspondientes, así como también poder consultar los resultados de las evaluaciones que se le han aplicado a los genotipos.

Para los materiales del invernadero se listara Código de genotipo, responsable, cantidad de plantas ingresadas, fecha de ingreso, invernadero, fecha de siembra y las evaluaciones correspondientes.

Para los materiales que se encuentran en el laboratorio de Cultivo de Tejidos se listara código de genotipo, medio, usuario, responsable, saldo de frascos, cantidad de plantas, ubicación (cuarto, estante, nivel), Además se tendrá un link en el que se podrá consultar todo el historial de un genotipo como por ejemplo, las evaluaciones que se le han realizado, los ensayos experimentales, etc.

3. Salida de material: Al igual que el ingreso de material, la salida se puede realizar de dos formas, individual o en bloque. En ambos casos y para los materiales a ser retirados del campo, del invernadero o del laboratorio, se requiere registrar la siguiente información: código de genotipo, respon-

sable, cantidad de plantas retiradas, causa de la salida, fecha de salida, último movimiento.

4. Evaluaciones: se requiere cargar las evaluaciones que se le realizan a los materiales, así como también cargar los ensayos experimentales que se le aplique a los genotipos.

HU 011: REPORTE Y CONSULTAS.

Se requiere que se generen reportes por órdenes de trabajo donde se muestre toda la información detallada de una orden de trabajo: los responsables, la fecha de inicio, la fecha de finalización, el tiempo planeado para terminar esa orden de trabajo, el estado y el costo de esa orden de trabajo.

También se requiere que se generen reportes por responsables, para conocer quién es el responsable de la ejecución de cierto proceso y el tiempo que estará ocupado en el mismo, así como también la orden u órdenes de trabajo en las que está involucrado.

Por otro lado se requiere llevar un reporte de la ocupación de las instalaciones con las que cuenta Genética de Yuca. Para esto se requiere listar el nombre de la instalación su espacio total, el porcentaje de espacio ocupado y el porcentaje de espacio disponible.

Por último se requiere que se generen reportes por materiales o genotipos, donde se describa toda la información histórica correspondiente a los procesos, evaluaciones, ensayos experimentales, etc. que esté ligada a un determinado material.

HU 012: NOTIFICACIONES.

El sistema debe contar con un mecanismo de notificaciones donde se le indique al usuario administrador, por ejemplo, cuando un insumo llegue a la cantidad mínima establecida, los materiales que están cumpliendo su fecha de propagación, los insumos que están prontos a cumplir la fecha de vencimiento, las fechas de mantenimiento y/o calibración para los equipos.

En cualquier caso, el parámetro de tiempo en que se debe mostrar una notificación se podrá configurar de acuerdo a las necesidades.

Glosario

- Instalaciones: Se refiere a las ubicaciones físicas donde se almacena, conserva o mantiene material.
- Orden de trabajo: documento donde se describe la secuencia de procesos que deben ser realizados a ciertos genotipos para un objetivo en particular.
- Proceso: Conjunto de actividades.
- Recurso: Se refiere a los insumos, equipos o roles que son utilizados para llevar a cabo una tarea.

- Rol: Se refiere al personal que se asigna para desempeñar una tarea.
- Tarea: Unidad mínima de trabajo.

Anexo B

Especificación de requerimientos

Especificación de requerimientos	
Sistema de información de Genética de Yuca	
Usuarios y perfiles	
No.	Requerimiento
1	Se requiere que el sistema cuente con 3 perfiles definidos: administrador, líder del proyecto, operario.
2	Se requiere que el sistema permita crear nuevos usuario, a los cuales se les podrá asociar solo uno de los perfiles. Además se le podrá asignar los módulos sobre los que tendrá acceso.

Tabla 5.1: Especificación de requerimientos Usuarios y perfiles.

Especificación de requerimientos	
Sistema de información de Genética de Yuca	
Acceso al sistema	
No.	Requerimiento
1	El sistema deberá garantizar que solo accedan los usuarios registrados.
2	Se requiere que cuando un usuario registrado ingrese al sistema solo se le muestren los módulos a los que tiene acceso de acuerdo a su perfil.

Tabla 5.2: Especificación de requerimientos de acceso al sistema.

Especificación de requerimientos	
Sistema de información de Genética de Yuca	
Módulo de notificaciones	
No.	Requerimiento
1	Se requiere que el sistema notifique al usuario sobre situaciones como: fecha de propagación de materiales, fecha de caducidad de insumos, cantidad mínimas de insumos, etc.
2	Se requiere que el usuario pueda eliminar las notificaciones.

Tabla 5.3: Especificación de requerimientos módulo de notificaciones.

Especificación de requerimientos	
Sistema de información de Genética de Yuca	
Módulo de recursos	
No.	Requerimiento
1	Se requiere que el usuario pueda crear equipos, insumos, instalaciones y roles.
2	Se requiere llevar un historial de los precios de compra de un insumo.
3	Se requiere que se listen los equipos, insumos, instalaciones y roles mostrando toda su información.
4	Se requiere que el usuario pueda dar de baja un recurso.
5	El sistema debe permitir al usuario descargar un archivo en formato Excel donde se listen los recursos que están actualmente en el inventario

Tabla 5.4: Especificación de requerimientos módulo de recursos.

Especificación de requerimientos	
Sistema de información de Genética de Yuca	
Módulo de procesos	
No.	Requerimiento
1	Se requiere que el usuario pueda crear procesos
2	Se requiere que el usuario pueda crear tareas
3	El usuario podrá asignarle tareas a los procesos
4	El sistema debe permitir que se les puedan asignar recursos a las tareas
5	Se requiere que el sistema permita configurar las tareas que generen como resultado un nuevo insumo o que afectan el inventario de materiales en alguna instalación.

Tabla 5.5: Especificación de requerimientos módulo de procesos.

Especificación de requerimientos	
Sistema de informacion de Genética de Yuca	
Módulo de ordenes de trabajo	
No.	Requerimiento
1	Se requiere que el usuario pueda crear órdenes de trabajo
2	el sistema permitirá al usuario ingresar un valor numérico para el número de semillas o cargar un archivo en formato excel para relacionar los genotipos que serán afectados por la orden de trabajo
3	El sistema deberá listar las órdenes de trabajo existentes.
4	El sistema debe permitir al usuario editar una orden de trabajo.
5	Se requiere que el sistema le permite al usuario adicionar procesos y/o tareas a una orden de trabajo.
6	Se requiere que en la orden de trabajo se muestra el estimado del costo y tiempo para la ejecución de la orden de trabajo después de que se adicione un proceso y/o tarea.
7	Se requiere que el sistema le permite al usuario eliminar una tarea o proceso agregado a la orden de trabajo
8	Se requiere que el sistema consulte la disponibilidad de los insumos cuando se le asignen procesos a las órdenes de trabajo, para determinar si se puede cumplir la orden de trabajo o no.
9	Se requiere que el usuario pueda cambiar de estado (iniciada, terminada, cancelada) a una orden de trabajo.
10	Se requiere que el sistema genere automáticamente la programación de las tareas, mostrando la fecha de inicio y finalización de las mismas.
11	Se requiere que el sistema le permite modificar las fechas de inicio y finalización de la programación generada.
12	Se requiere que el sistema recalcule las fechas de inicio y finalización de las tareas cada vez que el usuario efectúe una modificación
13	se requiere que el sistema le permite al usuario marcar las tareas como finalizadas.
14	El sistema en el módulo de órdenes de trabajo deberá verificar que una tarea no se termine si no se ha marcado como terminada la tarea inmediatamente anterior.
15	se requiere que el sistema actualice el inventario de insumos cuando se marque una tarea como finalizada.
16	se requiere que el sistema verifique que todas las tareas se han marcado como finalizadas para poder terminar una orden de trabajo.

Tabla 5.6: Especificación de requerimientos módulo de órdenes de trabajo.

Especificación de requerimientos	
Sistema de información de Genética de Yuca	
Módulo de inventario de marateriales	
No.	Requerimiento
1	Se requiere que el sistema permita llevar el registro de los genotipos que se conservan en el laboratorio de Cultivo de Tejidos, los que se llevan al invernadero y los que se plantan en el campo.
2	Se requiere que el usuario pueda registrar un ingreso de materiales de manera individual o en bloque a cualquiera de las tres instalaciones (laboratorio de cultivo de tejidos, invernadero, campo).
3	Se requiere que el usuario pueda registrar salida de los genotipos de manera individual o en bloque en cualquiera de las instalaciones.
4	Se requiere que el usuario pueda consultar toda la información de un genotipo además del historial de procedimientos, evaluaciones, experimentos, etc. por los que ha pasado.

Tabla 5.7: Especificación de requerimientos módulo de inventario de materiales.

Especificación de requerimientos	
Sistema de información de Genética de Yuca	
Módulo de reportes y consultas	
No.	Requerimiento
1	Se requiere que el sistema muestre reportes por órdenes de trabajo, listando todas las ordenes de trabajo que se han creado y su información correspondiente, como el costo, el tiempo estimado, el estado de la orden de trabajo, etc.
2	Se requiere que el usuario pueda consultar el reporte de los procesos que se están ejecutando y los responsables de dichos procesos.
3	El sistema debe permitir al usuario consultar el reporte de la ocupación de las instalaciones donde se conservan materiales.
4	Se requiere que el usuario pueda consultar el reporte de los genotipos de los procesos, evaluaciones, ensayos experimentales, etc., que se le hayan realizado a un genotipo o familia.
5	Se requiere que el usuario pueda simular una orden de trabajo para realizar una estimación de los costos y tiempo que se requieren en la ejecución de la orden de trabajo.

Tabla 5.8: Especificación de requerimientos módulo de reportes y consultas.