

**INSTITUTO FEDERAL DE EDUCAÇÃO, CIÊNCIAS E TECNOLOGIA DE
RONDÔNIA – CAMPUS JI-PARANÁ
CURSO SUPERIOR DE TECNOLOGIA EM ANÁLISE E DESENVOLVIMENTO DE
SISTEMAS**

**SOFTWARE MOBILE PARA RECONHECIMENTO DE ESTRUTURAS
MOLECULARES: UMA FERRAMENTA EDUCACIONAL PARA
CIÊNCIAS DA NATUREZA**

KAUANY MIRANDA DANTAS

Ji-Paraná – RO

2026

KAUANY MIRANDA DANTAS

**SOFTWARE MOBILE PARA RECONHECIMENTO DE ESTRUTURAS
MOLECULARES: UMA FERRAMENTA EDUCACIONAL PARA
CIÊNCIAS DA NATUREZA**

Monografia apresentada ao Instituto Federal de Rondônia - Campus Ji-Paraná, como requisito para obtenção do título de Tecnólogo em Análise e Desenvolvimento de Sistemas.

Área de Concentração: Ciências Exatas e da Terra.

Orientador (a): Prof. Dr. Jackson Henrique da Silva Bezerra.

Ji-Paraná – RO

2026

FICHA CATALOGRÁFICA

Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema Gerador de Ficha Catalográfica do IFRO.

Dantas, Kauany Miranda.

Software mobile para reconhecimento de estruturas moleculares: uma ferramenta educacional para ciências da natureza / Kauany Miranda Dantas. - Ji-Paraná, 2026.

78 f. : il.

Orientador(a): Prof. Dr. Jackson Henrique da Silva Bezerra.

Trabalho de Conclusão de Curso (Superior de Tecnologia em Análise e Desenvolvimento de Sistemas) – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Rondônia - IFRO, Ji-Paraná, 2026.

1. Aplicativo mobile. 2. Estruturas moleculares. 3. Visão computacional. I. Bezerra, Jackson Henrique da Silva (orient.). II. Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Rondônia - IFRO. III. Título.

Bibliotecário(a) Responsável: Cleuza Diogo Antunes, CRB-11/864

BANCA EXAMINADORA

Prof. Me. Reinaldo Lima Pereira

Avaliador nº 1

Prof. Me. João Eujácio Teixeira Junior

Avaliador nº 2

Prof. Dr. Jackson Henrique da Silva Bezerra.

Presidente da Banca Examinadora

DEDICATÓRIA

Dedico este trabalho a todos que enfrentam batalhas silenciosas e que, mesmo quando a esperança parece distante e a motivação se esgota, encontram forças para seguir em frente, agarrando-se ao que lhes dá sentido, um dia de cada vez.

AGRADECIMENTOS

Aos meus pais, que sempre estiveram ao meu lado, me apoiando e acreditando em mim, mesmo nos momentos em que eu mesma duvidei. Obrigada por todo o amor, incentivo e por nunca medirem esforços para que eu pudesse alcançar meus objetivos; À minha irmã, que sempre me incentivou, apoiou meus sonhos e esteve presente nos momentos mais difíceis, oferecendo carinho, acolhimento e palavras de motivação quando eu mais precisava; Ao meu amigo de infância, que esteve comigo durante toda essa caminhada, me apoiando desde o início, me incentivando a continuar e compartilhando as alegrias e desafios dessa trajetória; Aos meus amigos e colegas de curso, por tornarem essa jornada mais leve, pelos momentos compartilhados e pelo companheirismo ao longo desses anos; Aos professores do IFRO, pelos ensinamentos, dedicação e contribuição para minha formação acadêmica e pessoal; Ao meu orientador, por acreditar neste trabalho, pela orientação e apoio durante seu desenvolvimento; O incentivo, a motivação e o apoio de cada um fizeram toda a diferença para a conclusão deste trabalho, e guardarei com carinho tudo o que vivi e aprendi ao longo dessa jornada.

*“Nada na vida deve ser temido, apenas compreendido. Agora é hora de compreender mais
para temer menos”
– Marie Curie.*

RESUMO

A compreensão de estruturas moleculares constitui um dos principais desafios no processo de ensino-aprendizagem de Química, uma vez que envolve a interpretação de representações abstratas e a associação entre diferentes conceitos químicos. Diante desse cenário, este trabalho propõe o desenvolvimento de uma aplicação mobile destinada ao reconhecimento de estruturas moleculares, visando auxiliar estudantes na identificação de moléculas e no acesso a informações químicas relacionadas. A pesquisa caracteriza-se como aplicada, de abordagem qualitativa e caráter exploratório, baseando-se em levantamento bibliográfico, análise de materiais didáticos e investigação de soluções tecnológicas voltadas ao ensino de Química. Para tanto, desenvolveu-se uma solução fundamentada na utilização de modelos de linguagem de grande escala (LLMs), cujas respostas são validadas por meio da base de dados PubChem e processadas por uma arquitetura baseada em APIs RESTful. Essa abordagem resultou em uma ferramenta capaz de reconhecer estruturas moleculares por meio de pesquisas textuais e de imagens, integrando as respostas provenientes dos diferentes modelos empregados e disponibilizando, em uma interface unificada, dados como nomenclatura, fórmula molecular, propriedades físico-químicas e aplicações. Com isso, a solução amplia o acesso a informações químicas confiáveis, constituindo um recurso tecnológico de apoio ao processo de ensino-aprendizagem de Química.

Palavras-chave: Aplicativo Mobile; Estruturas Moleculares; Visão Computacional.

ABSTRACT

Understanding molecular structures is one of the main challenges in the teaching and learning of Chemistry, as it requires the interpretation of abstract representations and the association of different chemical concepts. In this context, this study proposes the development of a mobile application for molecular structure recognition, aiming to assist students in identifying molecules and accessing related chemical information. The research is characterized as applied, with a qualitative and exploratory approach, based on a literature review, the analysis of educational materials, and the investigation of technological solutions for Chemistry education. To achieve this objective, a solution was developed based on the use of Large Language Models (LLMs), whose responses are validated through the PubChem database and processed using a RESTful API-based architecture. This approach resulted in a tool capable of recognizing molecular structures from both text-based queries and images, integrating responses from different language models and providing, through a unified interface, information such as nomenclature, molecular formula, physicochemical properties, and applications. Consequently, the proposed solution expands access to reliable chemical information, constituting a technological resource to support the teaching and learning of Chemistry.

Keywords: Mobile Application; Molecular Structures; Computer Vision.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Camadas CNNs	21
Figura 2 - Telas do App Quimify	24
Figura 3 - Telas do App WebMO	25
Figura 4 - Telas do App Molecular Constructor	26
Figura 5 - Telas do Sistema MolView	27
Figura 6 - Tela Login	36
Figura 7 - Tela Cadastro de Usuário	37
Figura 8 - Tela Confirmação de Cadastro	38
Figura 9 - Tela Recuperação de credenciais	39
Figura 10 - Tela Redefinição de Senha	40
Figura 11 - Tela Inicial	40
Figura 12 - Tela Ajuda	42
Figura 13 - Tela Tabela Periódica	43
Figura 14 - Modal Feedback de Pesquisa Textual	44
Figura 15 - Modal Solicitação de Acesso	44
Figura 16 - Tela Captura e Pré-Visualização de Imagem	45
Figura 17 - Tela Possíveis Moléculas	46
Figura 18 - Tela Resultado da Pesquisa (1/2)	46
Figura 19 - Tela Resultado da Pesquisa (2/2)	47
Figura 20 - Tela Minhas Moléculas	48
Figura 21 - Tela Histórico de Pesquisa	49
Figura 22 - Tela Perfil	50
Figura 23 - Modais Editar Perfil e Alterar Senha	50
Figura 24 - Modais Sair e Excluir conta	51

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

API – *Application Programming Interface*

CID – *Compound Identifier*

CNNs – *Convolutional Neural Networks*

CSS – *Cascading Styles Sheets*

ER – Entidade-Relacionamento

HTML – *HyperText Markup Language*

IA – Inteligência Artificial

IFRO – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Rondônia

iOS – *iPhone Operating System*

IUPAC – *International Union of Pure and Applied Chemistry*

JPEG – *Joint Photographic Experts Group*

JSON – *JavaScript Object Notation*

LLMs – *Large Language Models*

SGBD – Database Management System

SMILES – *Simplified Molecular Input Line Entry System*

UML – *Unified Modeling Language*

URL – *Uniform Resource Locator*

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	14
1.1. Problemática.....	14
1.2. Justificativa.....	15
1.3. Objetivos	17
1.3.1. Objetivo Geral	17
1.3.2. Objetivos Específicos	17
1.4. Estrutura do Trabalho	17
2. REFERENCIAL TEÓRICO	19
2.1. Tecnologia como Superação do Ensino Tradicional.....	19
2.2. Aprendizado de Máquina Aplicado ao Reconhecimento de Imagens.....	20
2.3. Modelos de Linguagem de Grande Escala	22
2.4. Aplicativos Móveis Educacionais	23
2.4.1. Quimify.....	24
2.4.2. WebMO	25
2.4.3. Molecular Constructor	25
2.4.4. MolView	26
2.5. Tecnologias de desenvolvimento.....	28
2.5.1. HTML	28
2.5.2. CSS	28
2.5.3. JavaScript	29
2.5.4. React Native	29
2.5.5. React Navigation	29
2.5.6. APIs RESTful	30
2.5.7. Expo.....	30
2.5.8. MySQL	30
2.6. Ferramenta de Prototipação	31
2.6.1. Figma.....	31
3. MEDODOLOGIA	32

3.1.	Metodologia de Pesquisa	32
3.2.	Metodologia de Desenvolvimento de Software.....	32
4.	RESULTADOS E DISCUSSÕES	34
5.	CONCLUSÃO	52
	REFERÊNCIAS	54
	APÊNDICE A: Projeto do Software	58

1. INTRODUÇÃO

Embora o uso de tecnologias no ambiente educacional seja um tema amplo, esta pesquisa concentra-se no desenvolvimento de um aplicativo que utiliza reconhecimento de imagens para a identificação de estruturas moleculares, sendo direcionado a estudantes do Ensino Médio. A escolha por esse recorte deve-se à constatação de dificuldades recorrentes no aprendizado de conteúdos de Química, especialmente pela limitação na visualização de fórmulas estruturais das moléculas. Dessa forma, a proposta delimita-se na aplicação da tecnologia como apoio à educação, por meio de um recurso digital acessível e de fácil utilização.

1.1. Problemática

De acordo com as autoras Rocha e Vasconcelos (2016, p. 3):

Ensinar não é tarefa fácil, principalmente se tratando das disciplinas de exatas como química, física e matemática devido à própria representação social que as circunda. A maioria dos alunos tem uma visão errada em relação às matérias de exatas devida muitas vezes serem complexas e exigir um grau maior de concentração do aluno em sua resolução. O professor precisa, então, abordar em sala de aula as informações químicas fundamentais que forneçam uma base para o aluno participar nas decisões da sociedade, cientes dos efeitos de suas decisões.

Nesse contexto, o estudo da Química no Ensino Médio é notavelmente desafiador. Pesquisas indicam que a estrutura do ensino frequentemente prioriza a memorização de informações e fórmulas, o que limita o aprendizado e contribui para a desmotivação dos estudantes em relação à disciplina (SANTOS et al., 2013). De acordo com Santos et al. (2013), “essas limitações estão diretamente relacionadas às dificuldades de abstração de conceitos e à elaboração e compreensão de modelos científicos. Ademais, a não observância dessas dificuldades contribui para que os alunos apresentem baixos níveis de aprendizagem, algo constatado tanto em avaliações internas quanto nas externas (MEC)”.

Segundo Johnstone (1991, p. 78), “grande parte do ensino ocorre dentro do triângulo onde os três níveis interagem em proporções variáveis”. No entanto, existe um desafio pedagógico notável nesse processo. Conforme apontam Melo e Silva (2019, p. 303), “apesar de a abordagem dos três níveis do conhecimento químico ser amplamente difundida no ensino de Química, existem muitas lacunas sobre como promover estratégias que auxiliem os estudantes na transição entre cada um deles”.

A disciplina é geralmente abordada por meio de três domínios conceituais:

- I. O Nível Macroscópico: A dimensão observável do fenômeno químico;

- II. O Nível Simbólico: A linguagem formal da Química, tais como fórmulas, equações e representações
- III. O Nível Submicroscópico: A dimensão das estruturas atômicas e moleculares, que é abstrata e invisível.

É justamente no nível submicroscópico que reside uma das maiores dificuldades mencionadas por Santos et al. (2013) se manifestam com maior intensidade.

Assim como afirmam et al. (2006, p.173):

A maneira como a Química é abordada nas escolas pode ter contribuído para a difusão de concepções distorcidas dessa ciência, uma vez que os conceitos são apresentados de forma puramente teórica (e, portanto, entediante para a maioria dos alunos), como algo que se deve memorizar e que não se aplica a diferentes aspectos da vida cotidiana.

Diante disso, a metodologia tradicional, que se apoia em representações estáticas e na exposição teórica, pode não ser abrangente o suficiente para superar a barreira da abstração e de promover a necessária visualização dos modelos moleculares para a compreensão das propriedades das substâncias. Essa limitação tende a complexificar a conexão entre o conhecimento químico e a aplicação prática, o que pode comprometer o letramento científico almejado (ROCHA; VASCONCELOS, 2016).

Para superar essa dificuldade inerente à transição entre os níveis simbólico e submicroscópico, e responder à lacuna apontada por Melo e Silva (2019), a incorporação de tecnologias digitais interativas apresenta-se como um potencial estratégia pedagógica a ser analisada. Nesse sentido, os dispositivos móveis, por estarem integrados ao cotidiano do estudante, podem ser utilizados como um recurso mediador. Ao permitir que o aluno utilize o reconhecimento de imagem para identificar representações estáticas e fornecer de maneira imediata dados estruturais e informações químicas detalhadas correlatas, um software mobile pode atuar como uma ferramenta de apoio e de consulta interativa. Em suma, a ferramenta se configura como um recurso que qualifica o aprendizado, centrado na compreensão aprofundada da estrutura da matéria. Assim, surge a seguinte questão:

De que forma a utilização de um aplicativo mobile com reconhecimento de imagem para identificação de estruturas moleculares pode favorecer o processo dos estudantes na área das Ciências da Natureza?

1.2. Justificativa

Desde muito tempo “as Ciências Básicas (Química, Física e Matemática) soam como carreiras que não despertam interesses nos jovens por diferentes razões.” (ARROIO, 2006, p.

173). Diversos estudos têm identificado que esta disciplina frequentemente apresenta dificuldades para o estudante, as quais podem estar relacionadas à forma como a ciência é abordada. Os autores Melo e Neto (2012) ressaltam que “especificamente no ensino de química, não há uma preocupação com a discussão de como os modelos científicos são construídos e sua importância na compreensão da construção do conhecimento.”

Como consequência, essa abordagem tende a contribuir para a desmotivação, pois “nas escolas, temos o estudo de moléculas, de reações, mas não de modelos de moléculas, modelos de reações, ficando a sensação de que os químicos trabalham com entidades palpáveis e visíveis, quando na verdade são criações humanas” (MELO; NETO, 2012 p. 112 apud PIMENTEL; SPRATLEY, 1971, p. 112). Assim, a metodologia tradicional baseada na memorização pende a ser limitado para auxiliar os alunos na superação da abstração e na correta compreensão do conteúdo.

São nessas circunstâncias que as tecnologias interativas se apresentam como um trajeto promissor para a inovação pedagógica.

Percebe-se que o uso das tecnologias se apresenta como uma ferramenta pedagógica que poderá auxiliar a integração do aluno dentro do mundo digital, através do acesso aos recursos disponíveis, o que possibilitará ao sujeito ter acesso ao conhecimento de forma dinâmica, autônoma e prazerosa” (Silva, P.; Silva, T; Silva, G. (2015, p. 4).

O acesso cada vez mais amplo aos *smartphones* cria um ambiente favorável para o desenvolvimento de soluções educacionais, visto que como apontam Nichele e Schlemmer (2014, p. 1), “elas proporcionam aos professores e estudantes mobilidade e interface fácil de usar, podendo assim, contribuir para implementar diferentes estratégias de ensino e de aprendizagem, ampliando as possibilidades de ação e interação [...]”. Ora, as tecnologias podem ser um alicerce para combater a desmotivação assim como afirma Caetano (2015, p. 300), “a ausência de motivação dos alunos é uma realidade com a qual os professores se deparam [...]”. No entanto, as tecnologias podem contribuir para melhorar os níveis de motivação e a concentração dos alunos.”

Apesar da carência de recursos interativos, existem ferramentas focadas em diferentes aspectos do ensino de Química. Aplicativos como MolView, WebMO e Molecular Constructor entregam funcionalidades de visualização e construção molecular em 3D, mas sem a capacidade de reconhecimento de imagem. Entre as aplicações analisadas, destaca-se o aplicativo Quimify, que utiliza o reconhecimento de imagem para realizar a leitura de moléculas e o balanceamento de equações. Ainda que o app apresente uma proposta de reconhecimento análoga, o presente projeto se diferencia por apresentar uma estrutura de dados segmentada por tópicos conceituais e por adotar um modelo de melhoria baseado na colaboração do usuário.

A relevância deste trabalho, portanto, está na proposta de alinhar as necessidades pedagógicas da Química às possibilidades da tecnologia móvel. O projeto se justifica pela carência de ferramentas que mediem a transição entre o nível simbólico e o conceitual de forma acessível e interativa. O desenvolvimento do aplicativo representa uma contribuição significativa em três eixos: Acadêmico, ao fornecer um novo recurso didático que pode ser validado por pesquisas em Educação Química; Social, ao promover o aumento da motivação, da autonomia e da clareza na compreensão dos conceitos; e Tecnológico, ao apresentar uma solução embasada no reconhecimento de imagem, alinhada com as ferramentas digitais presentes no cotidiano dos jovens. Deste modo, este projeto se estabelece como uma possível resposta concreta e atual aos reveses do ensino de Química, contribuindo para a qualificação do processo de ensino-aprendizagem na área das Ciências da Natureza.

1.3. Objetivos

1.3.1. Objetivo Geral

Desenvolver um *software mobile* que realiza o reconhecimento de imagem para a identificação de estruturas moleculares para os estudantes da área das Ciências da Natureza.

1.3.2. Objetivos Específicos

- I. Implementar um sistema de reconhecimento de imagem capaz de realizar a identificação de moléculas químicas a partir de sua fórmula estrutural.
- II. Integrar modelos de linguagem de grande escala ao processo de análise de compostos químicos
- III. Apresentar as informações sobre as moléculas identificadas, como nome, fórmulas e propriedades.
- IV. Avaliar o desempenho dos modelos de linguagem na identificação de estruturas moleculares por meio da análise dos resultados.

1.4. Estrutura do Trabalho

O presente trabalho encontra-se estruturado em cinco capítulos, nos quais são apresentados os fundamentos teóricos, os procedimentos metodológicos, o desenvolvimento da aplicação e os resultados obtidos ao longo da pesquisa. O Capítulo 1 introduz a temática abordada e os elementos que fundamentam sua realização. Nele, são discutidos o contexto em que o estudo está inserido, a problemática investigada, a justificativa para sua execução, os objetivos estabelecidos e a organização do trabalho. O Capítulo 2 contempla o referencial teórico, reunindo conceitos relacionados à utilização de tecnologias na educação, ao aprendizado de máquina aplicado ao reconhecimento de imagens, aos modelos de linguagem de grande escala, aos aplicativos móveis educacionais e às tecnologias empregadas na construção da solução proposta. O Capítulo 3 descreve os procedimentos metodológicos adotados durante a realização do estudo e o desenvolvimento da aplicação. Nesse capítulo, são apresentados a caracterização da pesquisa, a metodologia empregada, as etapas de desenvolvimento e os recursos tecnológicos utilizados. O Capítulo 4 reúne os resultados obtidos com o desenvolvimento do sistema e as discussões deles decorrentes. São abordados a arquitetura da solução, o fluxo de funcionamento da aplicação, as funcionalidades implementadas, as interfaces desenvolvidas e a análise dos resultados gerados pelos modelos de linguagem integrados ao processo de reconhecimento molecular. O capítulo 5 apresenta as considerações finais da pesquisa, sintetizando os resultados alcançados, as contribuições do trabalho e as limitações observadas durante seu desenvolvimento.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1. Tecnologia como Superação do Ensino Tradicional

No Ensino Tradicional, observa-se a utilização limitada de recursos didáticos no processo de ensino-aprendizagem. No contexto brasileiro, essa dependência é intensificada por fatores estruturais, levando professores a elegerem o livro didático como o recurso principal de apoio. Essa realidade é retratada por Silva (2012, p. 806), apontando que “grande parte dos professores brasileiros o transformaram no principal ou, até mesmo, o único instrumento a auxiliar o trabalho nas salas de aula”. Embora o livro didático contribua para a formação educacional, sua utilização como único instrumento pedagógico limita a diversidade metodológica e pode restringir a experiência de aprendizagem. Frison et al. (2000, p.3) complementam essa visão ao descreverem que:

[...] a realidade da maioria das escolas mostra que o livro didático tem sido praticamente o único instrumento de apoio do professor e que se constitui numa importante fonte de estudo e pesquisa para os estudantes. Assim, faz-se necessário que os professores estejam preparados para escolher adequadamente o livro didático a ser utilizado em suas aulas, pois ele será auxiliador na aprendizagem dos estudantes.

A rigidez e a centralidade do livro didático, características inerentes ao modelo tradicional, encontram um ponto de inflexão na emergência das tecnologias digitais. Tais tecnologias podem ser vistas não apenas como substitutos de materiais impressos, mas sim como ferramentas catalisadoras da autonomia e da inovação pedagógica. O caráter transformador, nesse contexto, manifesta-se na possibilidade de deslocar o processo de aprendizagem da centralidade do professor para o estudante. Nesse sentido, é importante reconhecer, na visão de Prensky (2010, p. 202), que “a tecnologia atual, no entanto, oferece aos alunos todos os tipos de ferramentas novas e altamente eficientes para que possam aprender sozinhos”. Essa nova realidade possibilita o docente a reconsiderar sua metodologia, integrando recursos antes vetados, como os dispositivos móveis. Medeiros, Filho e Matos (2018, p. 39) sugerem que “uma das novas maneiras do professor inovar no ensino é incluindo os celulares como parte do recurso didático na sala de aula”, o que pode proporcionar o aluno explorar o conhecimento em uma ambientação com mais interatividade.

Apesar disso, se faz necessário que a tecnologia seja assimilada como um instrumento de apoio, e não como o foco central da metodologia de ensino. Conforme a ressalva de Dullius (2012, p. 112), os recursos digitais “serão ineficientes se usados como o ingrediente mais importante do processo educativo”. Nesse cenário, “as atuais discussões e políticas públicas na

área de informática na educação tem considerado o professor como um componente fundamental” (DULLIUS, 2012, p. 111). A função do educador é redefinida, deixando de ser apenas operacional para assumir uma influência mais estratégica. Prensky (2010, p. 203) argumenta que “o papel do professor não é tecnológico, mas intelectual, fornecendo aos alunos contexto, assegurando qualidade e ajuda individualizada”. Se a tecnologia possibilita que os alunos desenvolvam o aprendizado de forma mais autônoma, o professor passa a ser o guia do conhecimento, o tutor e o mediador. Esta mediação é que possibilita o êxito dos novos recursos, conduzindo a um processo educativo mais íntegro.

2.2. Aprendizado de Máquina Aplicado ao Reconhecimento de Imagens

No cenário atual de desenvolvimento tecnológico, discute-se que a “aprendizagem de máquina, ou aprendizado de máquina, é um subcampo da ciência da computação que estuda a construção de algoritmos que extraem padrões a partir de grandes volumes de dados de exemplos de determinado fenômeno” (RUBACK; AVILA; CANTERO. 2021, p. 03). Esta área da Inteligência Artificial, conforme os autores Faceli et al. (2025, p. 05), baseia-se na ideia de que:

no aprendizado preditivo, dispositivos computacionais são programados para aprender a partir de experiências passadas. Para tal, frequentemente empregam um princípio de inferência denominado indução, que permite extrair conclusões genéricas a partir de um conjunto particular de instâncias.

Nesse âmbito, os sistemas são estruturados em diferentes categorias, sendo elas o aprendizado supervisionado, o não supervisionado e o por reforço, variando conforme a natureza dos dados e o objetivo da inferência.

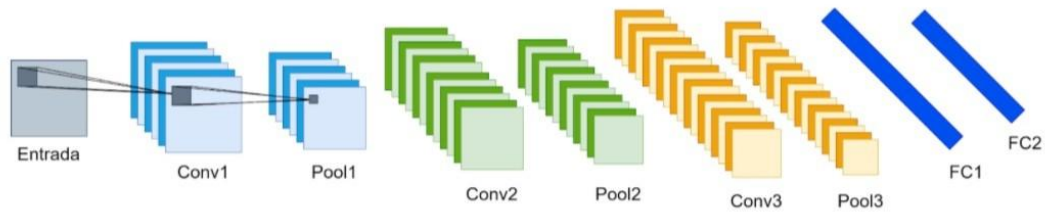
A aplicação desses conceitos em dados visuais é tratada pela visão computacional, que “se preocupa com a extração de informações e o entendimento do conteúdo visual de imagens ou vídeos” (RIBEIRO et al., 2024, p. 12). Dentro desse campo, o reconhecimento de imagens envolve a identificação de padrões específicos, sendo que a segmentação é apresentada como uma “técnica que consiste em atribuir rótulos a cada pixel da imagem com base em seu significado semântico, com o objetivo de identificar as regiões que correspondem a objetos específicos” (FERREIRA, 2023, p. 18).

Para a execução de tarefas complexas de reconhecimento, as Redes Neurais Convolucionais (CNNs) são regularmente utilizadas, visto que:

uma CNN possui no mínimo três camadas, as camadas principais, que são responsáveis pela extração das características das imagens [...] e uma camada

responsável por reunir as informações extraídas e realizar operações de escolha e, ou, decisão (Ferreira, 2023, p. 17).

Figura 1 - Camadas CNNs



Fonte: ALURA, 2020.

Essas camadas, divididas em convolução, *pooling* e totalmente conectadas, operam de forma hierárquica, de modo que “cada camada é responsável por extrair características dos dados de entrada e, assim, passar para a camada seguinte. Camadas posteriores extraem características mais complexas quando comparadas com camadas iniciais” (MAGIRE; FRANÇA, 2023, p. 2). No entanto, a eficácia desse processamento para a distinção de padrões científicos detalhados depende de um ajuste preciso, pois:

a criação de um modelo de aprendizagem baseado em redes neurais deve levar em consideração muitos fatores, tais como número de camadas, número de neurônios em cada camada, funções de ativações, taxa de aprendizagem, tamanho dos lotes, número de épocas etc. (Homem, 2020, p. 39).

As exigências inerentes ao treinamento de modelos de reconhecimento de imagens impulsionaram o desenvolvimento de arquiteturas previamente treinadas, cuja capacidade de generalização decorre do pré-treinamento e pode ser reutilizada em diferentes tarefas, reduzindo a dependência de conjuntos de dados específicos para cada contexto. Radford et al. (2021, p. 1) observam que sistemas como o GPT-3 “são agora competitivos em relação a modelos desenvolvidos especificamente para cada tarefa, exigindo pouco ou nenhum dado de treinamento específico para o conjunto de dados em questão”. Esse desempenho decorre do conhecimento incorporado pelo modelo ao longo dessa etapa, posteriormente estendido ao processamento de informações visuais. Nessa perspectiva, o estudo de Zheng et al. (2023, p. 1) assinala que os Modelos de Linguagem de Grande Escala (LLMs) “demonstraram seu conhecimento enciclopédico e, portanto, podem fornecer descrições visuais linguísticas para objetos”, característica que possibilitou sua incorporação às aplicações de aprendizado de máquina destinadas à interpretação e classificação de informações visuais, uma vez que esses modelos se baseiam no aprendizado obtido para o processamento de diferentes modalidades de dados.

2.3. Modelos de Linguagem de Grande Escala

Os Modelos de Linguagem de Grande Escala (Large Language Models – LLMs) são definidos por Kalyan (2024, p. 1) como “uma classe especial de modelos de linguagem pré-treinados (PLMs) obtidos através do escalonamento do tamanho do modelo, do *corpus* de pré-treinamento e da computação”. Sob essa perspectiva, o desenvolvimento dessas estruturas envolve a ampliação simultânea do número de parâmetros, do volume de dados textuais e dos recursos computacionais empregados em seu treinamento.

Evidências empíricas indicam que a ampliação dessa escala está associada ao aprimoramento do desempenho desses sistemas, uma vez que o incremento do tamanho do modelo e da quantidade de dados de treinamento impacta consistentemente sua capacidade de generalização, em conformidade com uma lei de escala (KUMAR, 2024). Esse comportamento, descrito pelas *scaling laws*, sugere uma relação previsível entre a expansão da complexidade estrutural e o desempenho observado, estabelecendo uma correspondência entre recursos computacionais e evolução das competências. Nesse contexto, Wei et al. (2022, p. 2) definem as capacidades emergentes como “habilidades que não estão presentes em modelos de menor escala, mas estão presentes em modelos de grande escala”. Tais manifestações não podem ser inferidas por extrapolação linear de resultados obtidos em configurações reduzidas, sendo observadas apenas após determinados limiares de escala. Desse modo, a ampliação desses sistemas associa-se ao surgimento de propriedades que não se manifestam em arquiteturas de menor porte.

O desenvolvimento desses sistemas está vinculado ao *Transformer*, reconhecido como um dos principais fundamentos estruturais dos modelos de linguagem contemporâneos. Conforme Zhao et al. (2022), essa arquitetura possibilita a modelagem explícita das relações entre os elementos de uma sequência, ampliando sua capacidade de representação. Tal característica decorre do mecanismo de atenção, componente responsável por identificar e ponderar as relações entre os diferentes tokens, favorecendo uma compreensão mais precisa do contexto e da semântica da sequência.

Ao *Transformer* são atribuídas propriedades estruturais relacionadas ao processamento paralelo e à escalabilidade para bilhões de parâmetros. Esses elementos são apresentados por Zhao et al. (2022, p. 3) como decorrentes do próprio desenho da arquitetura, que:

proporciona dois benefícios essenciais: (1) paralelização inerente que aproveita a infraestrutura moderna de computação paralela e (2) escalabilidade excepcional para bilhões de parâmetros — ambos indispensáveis para o desenvolvimento de modelos de linguagem de ponta.

A ampliação dessas capacidades refletiu-se na incorporação de capacidades multimodais aos Modelos de Linguagem de Grande Escala, permitindo o processamento integrado de diferentes modalidades de dados. Han et al. (2025, p. 2) observam que “os modelos atuais frequentemente aceitam tipos de dados mistos como entrada”, indicando que esses modelos passaram a processar informações provenientes de diferentes modalidades, ultrapassando o escopo predominantemente textual. Essa propriedade manifesta-se em modelos como o GPT-4V, cuja contribuição demonstra a aptidão de modelos comerciais de larga escala para realizar “raciocínio visual sofisticado”, contemplando tarefas de OCR e interpretação contextual de imagens (SILVA et al., 2025 apud OPENAI, 2023b). A família Gemini foi “projetada desde o início para processar texto, imagem, áudio e vídeo de forma integrada” (SILVA et al., 2025 apud TEAM et al., 2023, p. 11). O modelo Kimi, por sua vez, foi treinado sobre um corpus multimodal diversificado, composto por dados textuais e visuais (KIMI TEAM, 2025). Em conjunto, esses recursos atestam a consolidação da multimodalidade como um dos principais avanços dos LLMs contemporâneos.

2.4. Aplicativos Móveis Educacionais

Na era digital, as tecnologias têm impactado todas as áreas do conhecimento, simplificando, automatizando e otimizando processos que antes exigiam maior esforço e estrutura física. Essa evolução tecnológica tem ocorrido de forma gradativa, impulsionada por pesquisas constantes e pela miniaturização dos dispositivos. Inicialmente, utilizavam-se grandes máquinas para realizar operações herméticas; com o tempo, essas tecnologias foram sendo compactadas até chegarem aos computadores pessoais e, posteriormente, aos dispositivos móveis, como os smartphones, hoje presentes no cotidiano da maioria das pessoas.

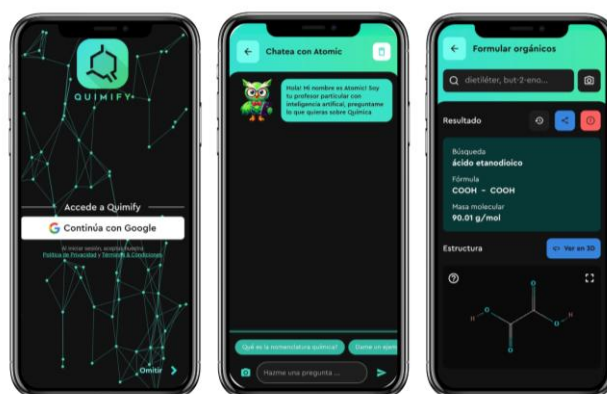
Muitas das tarefas antes restritas ao uso de computadores agora podem ser realizadas com facilidade por meio de celulares, o que amplia o acesso à informação e ao aprendizado, especialmente entre os jovens, que já nasceram inseridos em um contexto digital. Nesse cenário, a adoção de aplicativos móveis no contexto educacional tem se expandido, favorecendo o *mobile learning*, que envolve a utilização de dispositivos móveis de forma isolada ou integrada a outras tecnologias para promover a aprendizagem. Para que essas ferramentas cumpram seus objetivos pedagógicos, devem ser observados critérios de usabilidade, considerando os diferentes perfis de usuários (D’CARLO; BARBOSA; OLIVEIRA. 2016, apud KRAUT. 2013; KNOLL. 2014).

2.4.1. Quimify

O Quimify é um aplicativo móvel desenvolvido para estudantes do ensino médio, com o objetivo de oferecer suporte à nomenclatura e à formulação de compostos químicos. Criado em 2021 por uma equipe multidisciplinar de desenvolvedores, o aplicativo propõe soluções inovadoras para o ensino de Química. A plataforma conta com diversas funcionalidades que auxiliam no processo de aprendizagem, como tabela periódica interativa, calculadora de massas moleculares, leitura de fórmulas orgânicas e um sistema de inteligência artificial para responder dúvidas relacionadas ao conteúdo químico.

A figura a seguir apresentam algumas das telas disponíveis no aplicativo:

Figura 2 - Telas do App Quimify



Disponível em: <<https://play.google.com/store/apps/details?id=com.quimify>>

Fonte: QUIMIFY, 2025.

A imagem a esquerda apresenta a tela de login mostrada ao iniciar o aplicativo. Nessa interface, há uma opção para que o usuário realize o acesso por meio de sua conta do Google. Após a autenticação, o usuário é redirecionado para a tela ilustrada na imagem do centro, referente ao módulo de fórmulas orgânicas. Nessa etapa, é possível realizar a busca por moléculas, seja por meio de sua nomenclatura ou por reconhecimento de imagem, utilizando o campo disponibilizado na aplicação.

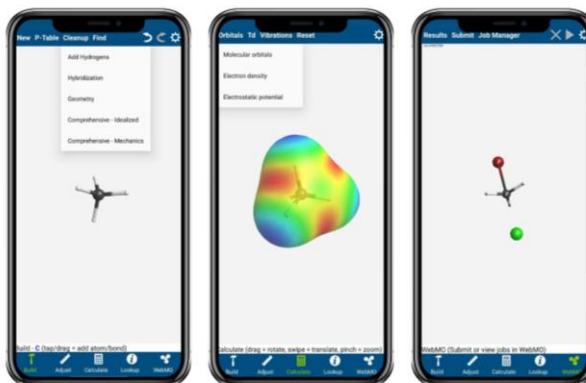
A imagem a direita exibe a interface de um chat com a assistente virtual baseada em inteligência artificial, denominada Atomic, que auxilia o usuário na resolução de dúvidas e em diversas outras funcionalidades. Todo o fluxo é realizado de forma prática e intuitiva, tornando uma a experiência agradável ao usuário.

2.4.2. WebMO

O WebMO é um app desenvolvido para que alunos executem programas de química computacional e construam modelos tridimensionais de moléculas para visualização. Além de permitir a criação, o aplicativo permite a edição moléculas, realização de cálculos de orbitais e gerar mapas de potenciais eletrostáticos. O *software* está disponível para as plataformas Android, iOS e via servidor Web, no qual é possível implementar os programas de química computacional de um modo funcional.

A figura a seguir apresenta algumas telas disponíveis no aplicativo:

Figura 3 -Telas do App WebMO



Disponível em: < <https://play.google.com/store/apps/details?id=net.webmo.android.moleedit>>

Fonte:WEBMO, 2025.

A primeira imagem ilustra a função de construção molecular. Nela, há a opção de criar novas estruturas e um campo onde o usuário pode adicionar hidrogênios, definir hibridizações e verificar a geometria, entre outras ferramentas. A imagem do centro demonstra a função de calcular energias de orbitais. Por meio da opção “Orbitais”, o usuário pode selecionar a exibição das orbitais, da densidade eletrônica e do seu potencial eletrostático.

A terceira imagem detalha o campo WebMO, onde o usuário pode enviar suas criações para o sistema ou, através da opção “*Job Manager*”, selecionar e visualizar moléculas já processadas por outros usuários. A partir dessas funções, o aplicativo estabelece como sua principal finalidade o aprendizado por meio da criação e visualização interativa, assegurando a fácil compreensão para estudantes e não especialistas.

2.4.3. Molecular Constructor

O Molecular Constructor é um aplicativo de modelagem e edição em 3D desenvolvido para construir moléculas e otimizar suas geometrias simultaneamente. O *software* foi criado por Alexander Teplukhin Jr., arquiteto de soluções de computação visual na Intel. Trata-se de uma ferramenta multiplataforma, disponível para dispositivos Android e iOS, ademais de versões desktop para Windows, Linux e macOS.

A figura a seguir apresenta algumas telas disponíveis no aplicativo:

Figura 4 - Telas do App Molecular Constructor



Disponível em: <<https://play.google.com/store/apps/details?id=com.alextepl.molconstr>>

Fonte: MOLECULAR CONSTRUCTOR, 2025.

A imagem à esquerda mostra a tela inicial do aplicativo, na qual o usuário pode criar um novo arquivo e, por meio da opção “*Tools*”, adicionar hidrogênios à estrutura. Ao selecionar a opção “*Add*”, o usuário é direcionado à tela exibida na segunda imagem, que apresenta os elementos disponíveis para a construção da molécula. Quando um elemento é selecionado e os hidrogênios são incluídos, o aplicativo realiza automaticamente a ligação entre eles. Como exemplificado na imagem à direita, ao adicionar o oxigênio seguido de dois átomos de hidrogênio, o sistema processa a junção e identifica a estrutura resultante, que neste caso é a molécula de H₂O.

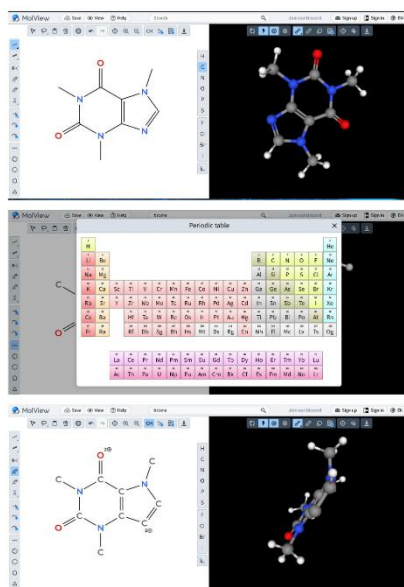
A forma como o sistema realiza a otimização da geometria molecular simultaneamente à criação simplifica o processo para o usuário, eliminando a necessidade de realizar as ligações de forma manual. Com apenas um conhecimento básico sobre química molecular, o usuário consegue visualizar melhor cada elemento e estrutura, desta forma, auxiliando na compreensão do conteúdo apresentado.

2.4.4. MolView

O MolView é um sistema web de visualização e edição de estruturas químicas, voltado para estudantes, professores e desenvolvedores. Para o público técnico, a plataforma disponibiliza uma API que permite sua integração em outras aplicações que utilizem esboços químicos. O *software* foi fundado em 2014 pelo programador e biotecnólogo Herman Bergwerf, que visava tornar o ensino de ciências mais atrativo por meio desta ferramenta. O sistema permite que o usuário pesquise moléculas em 2D e 3D e, a partir da busca, realize edições, monte combinações e crie novos modelos. A plataforma pode ser acessada diretamente pelo navegador e também possui uma versão mobile.

A figura a seguir apresenta algumas telas disponíveis no aplicativo:

Figura 5 - Telas do Sistema MolView



Disponível em: <<https://molview.org/>>

Fonte: MOLVIEW, 2025.

A primeira imagem ilustra a tela principal do sistema, onde todas as funções estão disponíveis. Por meio do campo de busca, o usuário pode localizar uma molécula por sua nomenclatura e selecioná-la para a visualização. A interface é dividida entre a fórmula estrutural em 2D e a representação em 3D, a qual pode ser rotacionada e movimentada livremente. Entre os modelos 2D e 3D, existem opções para adicionar elementos, que ao clicar no ícone de opções, a tabela periódica é exibida, como demonstrado na imagem ao meio, permitindo a seleção dos elementos

A terceira imagem mostra a função de manipulação de elétrons, permitindo que o usuário adicione ou remova elétrons de um elemento específico. Por conta de sua interface intuitiva, mesmo com limitações como a ausência de uma versão em português, o usuário consegue realizar as funções sem dificuldades, e por consequência tornando o aprendizado mais dinâmico.

2.5.Tecnologias de desenvolvimento

2.5.1. HTML

HTML (*HyperText Markup Language*) é uma linguagem de marcação aplicada para a estruturação e organização do conteúdo de páginas web. Por meio dessa linguagem, define-se quais elementos serão exibidos em cada parte da página, como títulos, parágrafos, imagens, links e botões. O HTML permite anotar e descrever os diferentes componentes visuais e informacionais de um site, funcionando como o esqueleto da página web, sobre o qual outras tecnologias, como CSS e JavaScript, são aplicadas para aperfeiçoar sua apresentação e interatividade.

Sua estrutura fundamenta-se no uso de marcadores denominados *tags*, que informam ao navegador como interpretar cada conteúdo. Cada elemento possui, em regra, uma abertura e um fechamento, cuja aplicação correta contribui para a exibição da página e na semântica do código. Além da marcação textual, o HTML age como articulador na composição de uma interface, conforme apontam Kurose e Ross (2013, p. 72) “se uma página contiver um texto HTML e cinco imagens JPEG, então ela terá seis objetos: o arquivo-base HTML e mais as cinco imagens. O arquivo-base HTML referencia os outros objetos na página com os URLs dos objetos”.

2.5.2. CSS

O CSS (*Cascading Style Sheets*) é definido como uma linguagem de folhas de estilo em cascata utilizada para estabelecer a apresentação visual de documentos estruturados em HTML. Essa tecnologia permite a separação entre o conteúdo e a forma de exibição, de modo que, “as folhas de estilo possibilitam criar estilos personalizados para títulos, listas, imagens, etc., além de permitirem a definição de cores, fontes, bordas, alinhamentos, entre outras características vinculadas à aparência das páginas” (MILETTO; BERTAGNOLLI, 2014, p.80).

2.5.3. JavaScript

JavaScript é uma linguagem amplamente utilizada no desenvolvimento para tornar as páginas mais dinâmicas e interativas. Por meio dessa linguagem, é possível implementar toda a lógica de funcionamento da interface, controlando o comportamento dos elementos em tempo real. Sobre as características dessa tecnologia, Flanagan (2026, p. 1) esclarece:

JavaScript é uma linguagem de alto nível, dinâmica e interpretada, conveniente para estilos de programação orientados a objetos e funcionais. As variáveis de JavaScript são não tipadas. Sua sintaxe é vagamente baseada na linguagem Java, mas, fora isso, não há outra relação entre as duas.

A capacidade do JavaScript de incorporar conceitos de diversos paradigmas resulta em uma notação sintática acessível, estabelecendo-a como uma tecnologia basilar no domínio de interfaces dinâmicas.

2.5.4. React Native

O React Native é um framework de código aberto fundamentado na linguagem de programação JavaScript, amplamente utilizado para o desenvolvimento de interfaces de software, possibilitando a criação de aplicações para Android e iOS. Segundo a documentação oficial do React Native (META, 2024), “a arquitetura do framework utiliza uma ponte para comunicação entre JavaScript e os componentes nativos, o que possibilita o desenvolvimento de aplicações móveis com desempenho próximo ao nativo”.

Por ser de código aberto, o React Native apresenta-se como uma solução benéfica em contextos acadêmicos nos quais os recursos são mais limitados, pois elimina a necessidade de desenvolver separadamente para diferentes sistemas operacionais. Além disso, permite a reutilização de componentes, o que auxilia na manutenção e a atualização dos aplicativos. Todavia, em alguns casos, ainda pode ser necessário implementar trechos de código específicos para cada plataforma quando são exigidas funcionalidades nativas exclusivas.

2.5.5. React Navigation

O React Navigation é uma biblioteca do JavaScript muito utilizada em conjunto com o React Native para implementar abas de navegação em aplicações. Trata-se de uma ferramenta flexível para controlar as navegações entre telas, simplificando a criação de estruturas que

tenham sistemas de navegação. De acordo com a documentação oficial da biblioteca, o React Navigation permite a criação de fluxos de navegação completos, com suporte a gestos, animações e personalizações específicas da plataforma (REACT NAVIGATION, 2024).

2.5.6. APIs RESTful

Segundo Ehsan et al. (2022, p. 2):

APIs RESTful, amplamente conhecidas como APIs web, consistem em *endpoints*. Cada *endpoint* representa uma funcionalidade concreta implementada de um processo de negócio. Essas APIs são geralmente acessíveis via HTTP (*Hypertext Transfer Protocol*) por meio de verbos padrão definidos, como GET, POST, PUT e DELETE. As APIs RESTful são invocadas com a ajuda de um endereço conhecido como URI (*Uniform Resource Identifier*).

Em sua proposição da arquitetura REST, Fielding (2000, p. 17) ressalta a “escalabilidade das interações entre componentes, a generalidade das interfaces, a implantação independente dos componentes e o uso de componentes intermediários para reduzir a latência das interações, reforçar a segurança e encapsular sistemas legados”. Evidencia-se, assim, que as APIs RESTful traduzem os conceitos teóricos de Fielding em soluções práticas, viabilizadas pela padronização de contratos de comunicação e pelo isolamento estrutural dos componentes da rede.

2.5.7. Expo

O Expo é um framework de código aberto direcionado ao desenvolvimento multiplataforma, amplamente empregado na construção de aplicações móveis e web. De acordo com a documentação oficial, trata-se de uma solução que integra o ecossistema Android, iOS e web em um único ambiente de desenvolvimento, disponibilizando recursos que reduzem o esforço técnico necessário para a criação e a escalabilidade de aplicações (EXPO, 2026.). O framework atua como uma camada de abstração sobre as APIs nativas, de modo que alterações no código possam ser aplicadas às diferentes plataformas suportadas.

2.5.8. MySQL

De acordo com Rodrigues (2015, p.22), o MySQL é:

um servidor e gerenciador de banco de dados (SGBD) relacional, de licença dupla (sendo uma delas de *software* livre), projetado inicialmente para trabalhar com

aplicações de pequeno e médio portes, mas hoje atendendo a aplicações de grande porte e com mais vantagens do que seus concorrentes.

O MySQL implementa o modelo relacional, no qual os dados são estruturados em tabelas definidas por colunas e linhas. Cada tabela representa a uma entidade do sistema, enquanto as colunas correspondem aos atributos e as linhas armazenam os registros gerenciados pelo SGBD, definindo assim, a estrutura lógica das informações em bancos de dados relacionais.

2.6.Ferramenta de Prototipação

2.6.1. Figma

O Figma é uma ferramenta de design direcionada à criação de interfaces de usuário, protótipos e colaboração em projetos compartilhados. Por operar em ambiente de nuvem, a plataforma permite o acesso via navegador e viabiliza o envolvimento ativo do cliente na prototipagem, criando um ambiente para visualização e para a proposta de ajustes à estrutura da aplicação antes de sua implementação.

Dentro da metodologia de desenvolvimento de interfaces, a escolha por ferramentas baseadas em interação ágil favorece no refinamento progressivo das soluções visuais. Conforme descrevem Leite et al. (2024, p. 7):

O Figma facilita a transição entre *wireframes* de baixa e alta fidelidade, permitindo iterações ágeis e integração de *feedback* contínuo ao longo do desenvolvimento. Essa flexibilidade contribui para a criação de interfaces mais eficazes e centradas no usuário, otimizando o processo de design e desenvolvimento.

A viabilização dessas etapas de design ocorre por meio da disponibilização de recursos nativos da plataforma, tais como a manipulação de formas geométricas, o tratamento de imagens e a estruturação de componentes textuais, os quais são aplicados na composição das telas que compõem a arquitetura do sistema.

3. MEDODOLOGIA

3.1. Metodologia de Pesquisa

A presente pesquisa possui natureza aplicada, com o objetivo de desenvolver um aplicativo móvel voltado ao ensino de Química, com o intuito de identificar estruturas moleculares por meio de reconhecimento de imagem. O trabalho foi conduzido com uma abordagem qualitativa, por meio da análise de fundamentações teóricas, técnicas e observações indiretas sobre as dificuldades enfrentadas por estudantes na aprendizagem de conteúdos relacionados a Química.

Trata-se de uma pesquisa exploratória, visto que buscou investigar e propor soluções tecnológicas no contexto educacional. O software foi idealizado com cerne em estudantes do ensino médio, grupo que constantemente apresenta dificuldades na assimilação de conceitos abstratos da disciplina de Química, sendo este um dos principais motivadores deste projeto.

A coleta de dados ocorreu de forma indireta, por meio do levantamento de informações em fontes bibliográficas, análise de materiais didáticos e estudo de aplicativos educacionais já existentes. Não foram realizadas entrevistas, questionários ou testes com usuários externos durante esta etapa do trabalho. A interpretação dos dados ocorreu por meio da análise de conteúdo técnico, orientando o processo de desenvolvimento quanto às funcionalidades, à interface, à estrutura da aplicação e à seleção das tecnologias utilizadas.

3.2. Metodologia de Desenvolvimento de Software

O desenvolvimento do aplicativo seguiu a metodologia ágil Scrum, adaptada às características do projeto em razão da composição reduzida da equipe, mantendo sua estrutura iterativa e incremental. O processo foi estruturado em 12 *sprints*, com duração de duas semanas cada. A aplicação prática teve início com a estruturação do *Product Backlog*, no qual todas as funcionalidades e requisitos químicos do aplicativo foram listados e definidos.

No início de cada *sprint*, foi realizado o planejamento do ciclo para selecionar as tarefas prioritárias que compuseram o trabalho imediato. Durante a execução de cada quinzena, o foco recaiu na implementação das funcionalidades, resultando na adição de um incremento funcional em cada etapa. Ao final de cada *sprint*, os resultados foram revisados para validar o progresso e ajustar o planejamento do ciclo subsequente.

Para garantir que o aplicativo atendesse às demandas dos usuários, foi realizado um levantamento detalhado dos requisitos, seguido da criação de protótipos de baixa e média fidelidade utilizando a ferramenta Figma, que facilitou a visualização da interface e o planejamento da experiência do usuário, assegurando que as informações sobre as moléculas reconhecidas fossem apresentadas de forma coerente.

Aditivamente, foram elaborados diagramas UML, como casos de uso, diagramas de classes e de sequência, para representar a estrutura e o comportamento do sistema. Além do mais, foi desenvolvido o diagrama entidade-relacionamento (ER) para modelar o banco de dados, o que garantiu a organização das descrições, propriedades químicas, funcionais, físico-químicas e aplicações das moléculas reconhecidas.

Para a implementação da funcionalidade de reconhecimento, foram utilizados LLMs, representados pelos modelos OpenAI, Gemini e Kimi, os quais efetuavam a análise e retornavam respostas relacionadas à estrutura molecular. A validação dos dados foi realizada por meio da base de dados PubChem, a fim de verificar a conformidade das informações fornecidas pelas LLMs. A integração entre o módulo de reconhecimento e a interface ocorre por meio do consumo de APIs RESTful, estabelecendo comunicação com serviços externos durante o processamento das requisições.

O *front-end* foi desenvolvido com React Native e Expo, possibilitando a criação de interfaces responsivas para Android e iOS. Para a navegação entre telas, foram empregadas as bibliotecas React Navigation e Expo Router, assegurando uma experiência fluida e intuitiva para o usuário. O armazenamento e o gerenciamento das informações foram realizados por meio de um banco de dados relacional MySQL, integrado ao *back-end*.

4. RESULTADOS E DISCUSSÕES

O *software* destina-se à identificação de estruturas moleculares e à consulta de compostos químicos por diferentes métodos de pesquisa. Para isso, o sistema aceita entradas textuais e imagens contendo representações estruturais de moléculas. O aplicativo reúne recursos como tabela periódica interativa, histórico de pesquisas e sistema de favoritação. As informações químicas obtidas são organizadas e apresentadas de forma sistematizada para consulta durante a navegação.

As funcionalidades estão distribuídas em diferentes telas que compõem o fluxo de utilização da aplicação. O conjunto de interfaces integra as telas de pesquisa textual, identificação por imagem, visualização dos resultados, histórico de consultas, favoritos e tabela periódica interativa. Cada tela corresponde a uma etapa específica da interação do usuário com o sistema.

A arquitetura foi segmentada em uma camada de *front-end* destinada à interação com o usuário e uma camada de *back-end* encarregada do processamento das requisições. Para a construção da interface, foram utilizadas as tecnologias React Native e Expo, com emprego do Expo Router no gerenciamento de rotas e do React Navigation em funcionalidades complementares de navegação. A comunicação com o servidor ocorre por meio do consumo de APIs RESTful desenvolvidas com Node.js e Express, nas quais são realizados o tratamento e a validação das informações antes de seu envio à camada de apresentação.

O desenvolvimento das interfaces considerou aspectos de usabilidade e acessibilidade ao longo do processo de definição visual da aplicação. A definição das cores, da tipografia e da disposição dos elementos seguiu os protótipos elaborados no Figma, mantendo consistência visual entre as diferentes telas. A utilização do React Native permitiu a adaptação do layout a diferentes dispositivos móveis, mantendo a disposição dos componentes e o comportamento da interface em distintas resoluções de tela.

O processamento das pesquisas foi dividido em etapas, com o objetivo de organizar o fluxo de execução e reduzir o tempo de resposta ao usuário. A submissão da consulta dá início a um fluxo de processamento composto por etapas de identificação molecular, validação e integração de informações químicas. Embora cada método de pesquisa possua etapas iniciais distintas, ambas convergem para um processo comum de validação, integração de informações e apresentação dos resultados ao usuário.

No fluxo de pesquisa textual, o nome inserido é enviado simultaneamente para as APIs de três LLMs: Kimi, Gemini e OpenAI. Cada modelo recebe um *prompt* estruturado que orienta

a geração de uma resposta padronizada em formato JSON, na qual são fornecidos o nome da molécula, sua representação estrutural no formato SMILES (*Simplified Molecular Input Line Entry System*), o tipo de composto químico e um índice de confiança. A confiança associada ao resultado é representada por um valor entre 0 e 1, correspondente à estimativa atribuída pela LLM quanto à probabilidade de a molécula ter sido corretamente reconhecida. A quantidade de resultados retornados varia de acordo com a especificidade do termo pesquisado. Consultas mais precisas tendem a gerar uma única identificação, enquanto termos genéricos, ambíguos ou incompletos podem resultar em até cinco possibilidades distintas por modelo.

No fluxo de identificação por imagem, o arquivo é enviado em paralelo aos mesmos três modelos, utilizando uma variação do prompt empregado na pesquisa textual, adequada ao reconhecimento de estruturas moleculares em imagens. Nessa abordagem, cada LLM fornece apenas uma possibilidade de identificação para a estrutura analisada, diferentemente da pesquisa textual, que pode retornar múltiplas hipóteses.

Com o recebimento das respostas das LLMs, o sistema inicia uma etapa de validação das informações. Para isso, são realizadas requisições à API do PubChem utilizando as representações SMILES retornadas pelos modelos, a fim de verificar a existência das moléculas identificadas. Concluída essa etapa, são retornadas informações adicionais sobre as moléculas identificadas. Entre elas estão a fórmula molecular, a massa molar, a nomenclatura oficial segundo a IUPAC (*International Union of Pure and Applied Chemistry*) e o identificador CID (*Compound Identifier*), a partir do qual é gerada a URL da imagem estrutural da molécula. Em seguida, as identificações obtidas são reunidas em uma única lista e organizadas em ordem decrescente de confiança. Dessa forma, as hipóteses mais confiáveis são apresentadas nas primeiras posições. Ao final do processamento, as possíveis moléculas são apresentadas na tela de resultados, acompanhadas das respectivas informações químicas associadas. Quando uma das opções é selecionada pelo usuário, o sistema identifica o modelo responsável pela resposta correspondente e realiza uma nova requisição à respectiva LLM para obtenção das informações detalhadas da molécula, posteriormente exibidas na tela de resultados.

No que se refere aos modelos empregados, foram observadas diferenças relevantes entre as APIs integradas. A API do Gemini apresentou, de modo geral, elevada precisão nas respostas fornecidas. Entretanto, em determinadas situações ocorreram falhas de requisição decorrentes de instabilidades ou sobrecarga dos servidores, ocasionando a ausência de retorno. Para evitar a interrupção do processamento, foi implementado um mecanismo de tolerância a falhas. Nesses casos, o sistema desconsidera apenas a resposta não obtida e prossegue com o processamento dos resultados retornados pelos demais modelos.

Durante os testes de reconhecimento por imagem, a API do Kimi demonstrou maior dificuldade na identificação de estruturas moleculares mais complexas ou compostos contendo elementos químicos menos frequentes. Em parte dos resultados analisados, os índices de confiança retornados pelo modelo permaneceram elevados mesmo quando a identificação fornecida não correspondia à molécula representada na imagem.

A API da OpenAI obteve os resultados mais consistentes no reconhecimento de estruturas moleculares. Embora os valores de confiança retornados fossem, na maioria dos casos, inferiores aos observados nos demais modelos, as identificações obtidas apresentaram maior correspondência com as estruturas analisadas durante os testes realizados.

As informações obtidas a partir dos modelos de linguagem e da base de dados química utilizada na validação são consolidadas, organizadas e apresentadas ao usuário nas diferentes telas da aplicação, juntamente com os respectivos dados químicos associados a cada molécula identificada.

Figura 6 - Tela Login



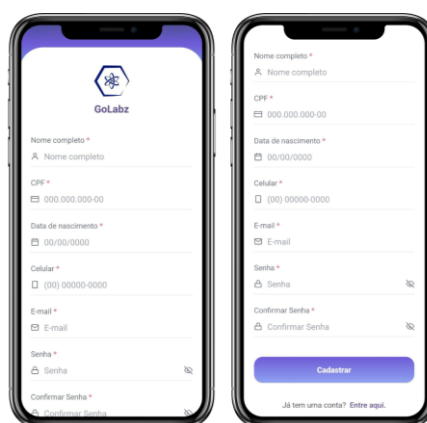
Fonte: Próprio autor, 2025.

A interface de Login do GoLabz, foi desenvolvida para proporcionar uma experiência visual fluida e intuitiva. Na parte superior da tela, estão dispostos o logotipo e o nome da plataforma. Na região central, encontra-se o formulário de autenticação, composto pelos campos de e-mail e senha. O campo de e-mail é identificado por um rótulo descritivo e acompanhado por um ícone de envelope à esquerda da área de digitação. Logo abaixo, está o campo de senha, identificado por seu respectivo rótulo e por um ícone de cadeado. À direita do campo, há um ícone que permite controlar a visibilidade da senha informada pelo usuário. Quando acionado, o recurso possibilita a visualização dos caracteres digitados; quando desativado, o conteúdo permanece oculto. Os ícones são apresentados em tons de cinza,

mantendo a consistência visual da interface. Abaixo do formulário, à direita, há a opção “Esqueci a senha”, que direciona o usuário para a tela de recuperação de credenciais.

A principal ação da tela é realizada por meio do botão “Entrar”, caracterizado por bordas arredondadas e preenchimento em gradiente nas tonalidades roxa e azul. Ao ser acionado, o sistema realiza a validação das credenciais informadas e, caso estejam corretas, permite o acesso à plataforma. Na parte inferior da interface, é apresentada a mensagem “Não tem uma conta?”, seguida da opção “Cadastre-se”, destacada em negrito e na cor roxa. Esse elemento funciona como um link de navegação para a tela de cadastro de novos usuários.

Figura 7 - Tela Cadastro de Usuário

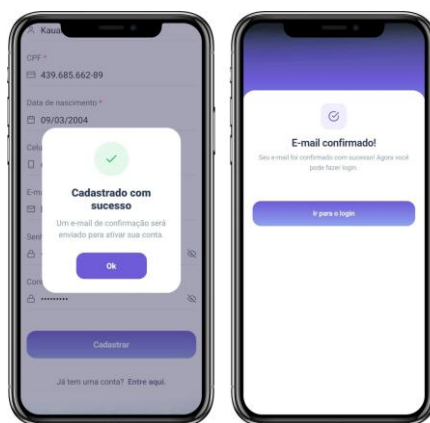


Fonte: Próprio autor, 2025.

A interface de Cadastro de Usuário adota um layout objetivo, projetado para o fluxo de criação de contas. A área superior exibe a identidade visual da plataforma, integrando logotipo e nome, mantendo a padronização visual do sistema. Abaixo, o formulário de cadastro é composto por sete campos de entrada. Todos possuem rótulos descritivos com um asterisco (*) vermelho, indicando preenchimento obrigatório. A interface associa cada entrada a um símbolo visual específico alinhado à esquerda: o campo Nome Completo exibe a silhueta de uma pessoa; o CPF traz um documento; a Data de Nascimento, um calendário; o Celular conta com um smartphone; o E-mail apresenta um envelope; e a Senha, um cadeado. Por sua vez, o campo Confirmar Senha destina-se à validação da senha informada anteriormente. Alinhado à direita de ambos os campos de senha, há um ícone de controle de visibilidade. Esse recurso possibilita ao usuário a alternância entre exibir ou ocultar os caracteres. Cada campo dispõe de mecanismos de validação atrelados às suas respectivas regras de preenchimento. Portanto, visando à integridade das informações, o sistema valida a consistência, a formatação e a obrigatoriedade dos dados antes de homologar o cadastro.

Abaixo do formulário, posiciona-se o botão principal de ação, caracterizado por bordas arredondadas e preenchimento em gradiente que transita do roxo para o azul. Sua função é submeter as informações preenchidas para validação pelo sistema, que realiza a verificação individual de cada campo antes da conclusão do cadastro. Se houver informações incorretas, incompletas ou ausentes, gera uma mensagem de feedback em vermelho abaixo do campo correspondente, detalhando a inconsistência para orientar o usuário. Aplica-se, ainda, uma validação de unicidade para CPF e E-mail, bloqueando duplicidades; caso o dado já exista no banco, uma notificação de erro detalha o conflito logo abaixo da entrada em questão.

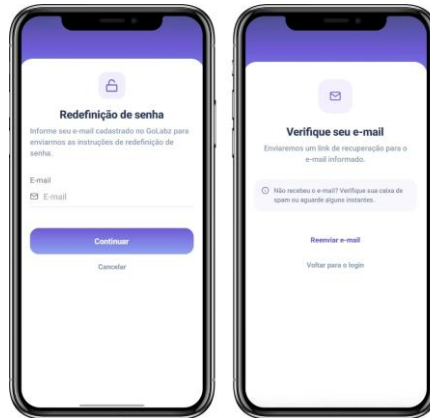
Figura 8 - Tela Confirmação de Cadastro



Fonte: Próprio autor, 2025.

Quando as informações cumprem todos os requisitos do sistema, um modal de confirmação exibe a mensagem “Cadastro realizado com sucesso”. Abaixo desse título, uma descrição informa que um e-mail foi enviado ao endereço eletrônico fornecido, sendo necessária a sua confirmação para a efetivação da conta. Enquanto a ativação não for realizada, o cadastro permanecerá com o status pendente. O link de confirmação enviado por e-mail é válido por 24 horas, prazo limite para o usuário finalizar a abertura da conta. Para concluir a interação, o modal exibe um botão roxo com o texto “OK”; ao clicar nele, o usuário segue para a tela de login para acessar sua conta pós-validação. Enquanto a confirmação não for realizada, o cadastro permanecerá com status pendente. O link de ativação encaminhado por e-mail possui validade de 24 horas, período durante o qual o usuário poderá concluir o processo de confirmação da conta.

Figura 9 - Tela Recuperação de credenciais



Fonte: Próprio autor, 2025.

A redefinição de senha é estruturada em um fluxo intuitivo dentro da interface. No topo da tela, é apresentado um ícone ilustrativo alinhado ao título “Redefinição de senha”. Abaixo desses elementos, um breve texto descritivo contextualiza a ação, orientando o usuário sobre o procedimento necessário para reaver seu acesso ao sistema.

Sequencialmente, disponibiliza-se um campo texturizado para a inserção do e-mail associado à conta. O fluxo é iniciado por meio do botão “Continuar”, que segue a identidade visual da aplicação, caracterizado por bordas arredondadas e preenchimento gradiente em tons de roxo e azul. Como alternativa de escape, a opção “Cancelar” é exibida em tom cinza, permitindo o retorno à tela de login. Após o envio dos dados, o sistema direciona o usuário para uma tela de confirmação.

Havendo uma conta vinculada ao e-mail inserido, uma mensagem eletrônica é encaminhada com as instruções de recuperação. Esta interface exibe um ícone representativo de envio de e-mail acompanhado por um texto que instrui o usuário a verificar sua caixa de entrada. Adicionalmente, destaca-se um bloco de alerta em tom lilás translúcido que sugere a verificação da caixa de spam ou lixo eletrônico, caso a mensagem não seja localizada de imediato. Na parte inferior dessa tela, encontra-se um link destacado na cor roxa para reenviar o e-mail de recuperação. Como regra de negócio e medida de segurança contra ataques de negação de serviço ou solicitações excessivas, esse recurso torna-se disponível apenas após 60 segundos. Logo abaixo, exibe-se a opção de retorno à tela de login. Vale ressaltar que o link enviado possui tempo de vida útil limitado a 15 minutos; decorrido esse prazo, o acesso expira automaticamente, exigindo uma nova solicitação por parte do usuário.

Figura 10 - Tela Redefinição de Senha



Fonte: Próprio autor, 2025.

O acesso ao link válido direciona o usuário à tela definitiva de alteração de credenciais no aplicativo. A parte superior da tela traz um ícone de segurança centralizado e o título “Redefinir Senha”. A estrutura do formulário consiste nos campos “Nova Senha” e “Confirmar Nova Senha”, que replicam o padrão visual, as regras de negócio e as validações da tela de cadastro da plataforma. O acionamento do botão “Salvar” dispara a verificação desses critérios. Divergências entre os campos ou o não cumprimento dos requisitos mínimos de segurança geram mensagens de erro na cor vermelha, posicionadas imediatamente abaixo do respectivo campo afetado. Havendo sucesso nas validações, o sistema exibe um modal de feedback positivo com o título “Senha Redefinida”. Se houver falha sistêmica na operação, exibe-se um alerta de erro com a mesma identidade visual, solicitando uma nova tentativa posterior. Em ambos os cenários, o fechamento da mensagem ocorre por meio do botão “OK”, que redireciona o usuário à tela de login para a realização da autenticação.

Figura 11 - Tela Inicial



Fonte: Próprio autor, 2025

No primeiro acesso ao aplicativo, o usuário visualiza um pop-up de boas-vindas com uma mensagem receptiva. Na parte inferior, há um botão de confirmação que segue a identidade visual e a estrutura padrão do sistema. O componente traz o texto “Vamos lá!” e, ao ser clicado, encerra a tela sobreposta, liberando o acesso à página inicial.

A região superior da interface apresenta a identidade visual da aplicação à esquerda, acompanhada do subtítulo “Identifique moléculas químicas”. À direita, posiciona-se o avatar do usuário autenticado.

A área principal inicia-se com uma barra de pesquisa com um ícone de lupa na lateral esquerda, voltada para buscas textuais de moléculas. Ao lado desse campo, localiza-se um botão que adota o mesmo padrão de bordas e traz um preenchimento em gradiente roxo e azul, contendo um ícone de câmera, que permite ao usuário a pesquisar através da captura de imagens das estruturas moleculares. Abaixo da área de pesquisa, a interface segmenta-se em duas seções principais: “Pesquisas Recentes” e “Moléculas Favoritas”.

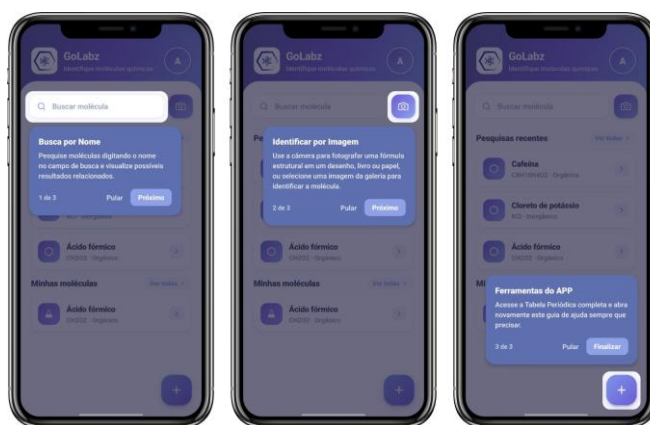
A seção “Pesquisas Recentes” exibe em seu cabeçalho o título da funcionalidade e, à direita, o recurso “Ver Todas”, responsável por direcionar o usuário à tela de histórico de pesquisas. O conteúdo é apresentado por meio de cards informativos, limitados à exibição simultânea de até quatro registros dispostos em ordem cronológica decrescente, priorizando as consultas mais recentes. Em cada card, há um elemento visual à esquerda na tonalidade roxa com um símbolo hexagonal interno que remete a uma estrutura química. Ao centro, são apresentados o nome da molécula, sua fórmula molecular e a respectiva classificação do composto químico. À direita, um indicador visual de navegação orienta o usuário sobre a possibilidade de acessar informações detalhadas do registro. Sempre que uma consulta molecular é efetuada, o sistema armazena a interação no banco de dados para atualizar esta seção. Caso o aplicativo seja acessado pela primeira vez e não existam dados armazenados, a interface mostra um layout padrão de primeiro acesso, composto por um ícone hexagonal sob fundo lilás, acompanhado do título “Nenhuma pesquisa recente” e de uma instrução textual direcionando o usuário a realizar buscas por digitação ou captura de imagem.

De forma homóloga, a seção “Moléculas Favoritas” replica a estrutura visual de cabeçalho e a paginação limitada a quatro registros simultâneos com ordenação decrescente de inserção. A distinção visual desta funcionalidade reside no uso de um ícone em formato de frasco Erlenmeyer, simbolizando os compostos salvos pelo usuário a partir da tela de informações detalhadas. Na ausência de registros de favoritos no banco de dados, a interface exibe a tela de estado vazio: um ícone de coração com fundo lilás, o título “Nenhuma molécula

adicionada” e um texto orientando o usuário a favoritar compostos para otimizar suas buscas futuras.

No canto inferior direito da interface, foi implementado um botão flutuante (FAB) circular com gradiente em roxo e azul. Inicialmente, ele exibe o ícone de adição (“+”). Ao ser acionado, o componente se expande verticalmente em uma microinteração, abrindo duas opções superiores. Ambas trazem *tooltips* descritivos sobre fundo escuro à esquerda: “Ajuda”, representada por uma interrogação (“?”), e “Tabela Periódica”, indicada por um átomo. Durante essa expansão, o ícone do botão principal muda para um “X”, sinalizando visualmente que o menu pode ser fechado.

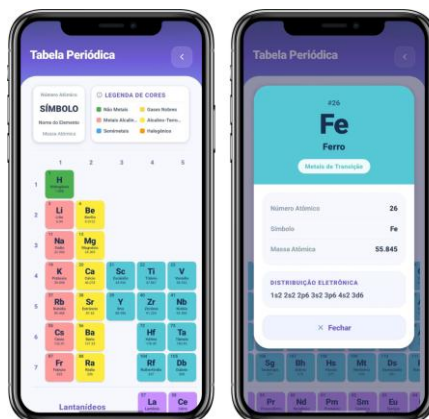
Figura 12 - Tela Ajuda



Fonte: Próprio autor, 2025

A opção “Ajuda” inicia um fluxo sequencial de *onboarding* para apresentar as funcionalidades do sistema. A fim de direcionar o foco e a atenção do usuário, o fundo da interface é obscurecido por uma camada translúcida, destacando apenas o elemento inspecionado junto a um balão explicativo azul. Paralelamente, a opção “Tabela Periódica” redireciona o usuário para o ambiente de consulta aos elementos químicos.

Figura 13 - Tela Tabela Periódica

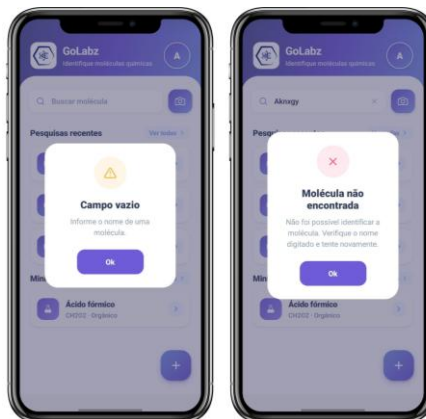


Fonte: Próprio autor, 2025

A interface “Tabela Periódica” apresenta os elementos químicos distribuídos em uma tabela interativa. Essa seção foi desenvolvida para permitir a consulta das principais informações de cada elemento químico. Na parte superior da tela, são exibidos o título da funcionalidade e o botão de retorno, que direciona o usuário para a tela inicial da aplicação. Para auxiliar na compreensão das informações disponíveis, a tela inclui um modelo ilustrativo que demonstra a organização dos dados presentes em cada elemento da tabela. Ao lado desse modelo, é apresentada uma legenda de cores correspondente aos grupos elementares, facilitando a identificação dos grupos aos quais os elementos pertencem.

Abaixo desses recursos, é apresentada a tabela periódica completa, organizada conforme a disposição tradicional dos elementos. Cada elemento é representado por uma célula colorida de acordo com seu grupo elementar, permitindo distinguir visualmente as diferentes classificações presentes na tabela. A tabela possui comportamento interativo, possibilitando a seleção de qualquer elemento químico. Ao selecionar um elemento, é aberto um modal informativo sobreposto à tela principal. Nesse modal, são disponibilizados dados como número atômico, símbolo químico, nome do elemento, massa atômica e distribuição eletrônica, organizados de forma clara para consulta pelo usuário.

Figura 14 - Modal Feedback de Pesquisa Textual



Fonte: Próprio autor, 2025

A funcionalidade de pesquisa de moléculas permite a interação por meio de dois métodos distintos: a busca textual e a busca por imagem. Na modalidade textual, o usuário seleciona o campo de entrada na tela inicial, insere o nome da molécula desejada e realiza a consulta pelo teclado nativo do dispositivo. Para prevenir buscas vazias, caso o campo esteja em branco, o sistema intercepta a ação e exibe um modal de feedback instrutivo, orientando o usuário a preencher o campo. Da mesma forma, se o termo pesquisado não retornar nenhum resultado, um modal de notificação, alinhado à identidade visual da aplicação, é apresentado para informar a ausência de correspondências.

Figura 15 - Modal Solicitação de Acesso



Fonte: Próprio autor, 2025

Para a pesquisa por imagem, o usuário aciona o botão de câmera localizado ao lado da barra de pesquisa, o que abre um *bottom sheet* com o título “Selecionar Imagem”. O modal apresenta uma mensagem de orientação e disponibiliza duas opções principais por meio de

botões com gradiente roxo e azul: “Tirar Foto” e “Galeria”. Ao selecionar a opção “Tirar Foto”, o aplicativo solicita a permissão de acesso à câmera do dispositivo. Após a autorização ser concedida, a câmera é exibida ao usuário.

Figura 16 - Tela Captura e Pré-Visualização de Imagem

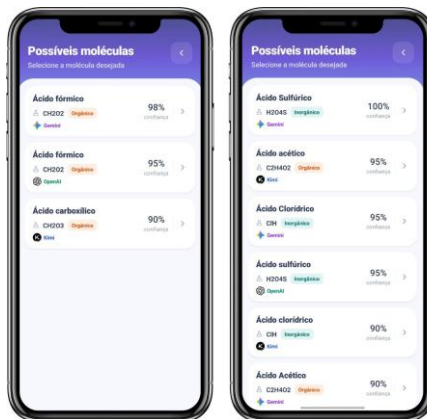


Fonte: Próprio autor, 2025

Nessa tela, a visualização em tempo real da câmera ocupa a área central, enquanto um botão de retorno é exibido na parte superior. Sobre essa área, é apresentada uma guia visual com cantos arredondados, acompanhada da instrução “Posicione a molécula”, auxiliando o usuário no enquadramento da estrutura. Na parte inferior da tela, encontram-se os controles operacionais, compostos pelo botão central de captura da imagem e pelo botão lateral para ativar ou desativar o flash. Alternativamente, a escolha pela opção “Galeria” solicita acesso ao armazenamento de mídias do dispositivo. Após a autorização do usuário, o aplicativo abre a interface nativa do sistema operacional para a seleção de imagens. Em ambos os casos, seja por captura direta da câmera ou por importação de uma imagem da galeria, o usuário é direcionado para a tela de pré-visualização, onde a imagem selecionada pode ser visualizada antes de ser processada pelo aplicativo.

A interface de Pré-Visualização exibe a imagem selecionada na região central da tela e um cabeçalho com botão de retorno. Na parte inferior, abaixo do título “Pré-visualização”, é apresentada uma mensagem orientando o usuário a verificar o enquadramento e a nitidez da estrutura molecular. Ademais, são exibidos os botões “Nova Foto”, que permite descartar a imagem atual e reiniciar o processo de captura ou seleção de uma nova imagem, e “Analisar”, que realiza o envio da imagem para processamento. Após a conclusão da análise, o usuário é direcionado para a tela Possíveis Moléculas, onde são apresentados os resultados obtidos.

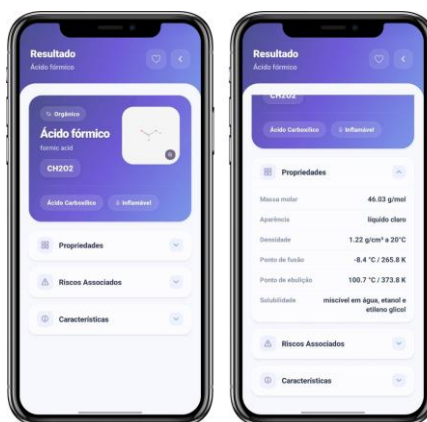
Figura 17 - Tela Possíveis Moléculas



Fonte: Próprio autor, 2025

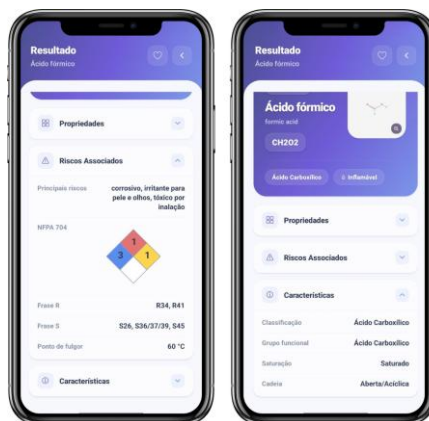
A interface de “Possíveis Moléculas” apresenta o título da funcionalidade e um botão de retorno para navegação à tela anterior. As moléculas são organizadas em cards conforme o índice de confiança, de modo que as hipóteses com maior probabilidade ocupam as primeiras posições da listagem. Em cada componente constam o nome da molécula, um ícone de Erlenmeyer, a fórmula estrutural e uma etiqueta indicativa do tipo de composto químico. Na parte inferior, é exibido um rótulo com a identificação da LLM associada ao resultado, enquanto, no lado direito, apresenta-se a porcentagem de confiança correspondente. A interação com um card possibilita a consulta das informações detalhadas de uma molécula específica. Ao seleccionar um dos resultados, o usuário é direcionado para a tela “Resultado da Pesquisa”, na qual são exibidos os dados completos da molécula escolhida.

Figura 18 - Tela Resultado da Pesquisa (1/2)



Fonte: Próprio autor, 2025

Figura 19 - Tela Resultado da Pesquisa (2/2)



Fonte: Próprio autor, 2025

A interface de Resultados da pesquisa molecular exibe de forma organizada, informações detalhadas sobre a molécula selecionada. Na parte superior da tela, encontram-se o título da seção e o nome da molécula consultada. À direita, encontra-se o recurso de favoritação, representado por um ícone de coração. Ao ser acionado, a molécula é adicionada à lista de favoritos e o ícone passa a ser apresentado na cor vermelha, indicando que o item foi salvo. Esse mesmo botão permite remover a molécula dos favoritos, retornando o ícone ao estado original. Em ambas as ações, uma mensagem de confirmação é apresentada ao usuário. Ao lado desse recurso, é disponibilizado o botão de retorno, que permite voltar para a tela de listagem de possíveis moléculas.

A organização da tela é composta por quatro seções principais: Informações Principais, Propriedades, Riscos Associados e Características. A seção de Informações Principais é apresentada em um card na cor roxa. Nela, são exibidos o tipo de composto, o nome comum, a nomenclatura e a fórmula molecular. Ao lado dessas informações, posiciona-se a imagem da estrutura molecular, que pode ser ampliada por meio do ícone de lupa com o símbolo “+”. Complementando o card, são mostradas etiquetas com o grupo funcional da molécula e a indicação de inflamabilidade.

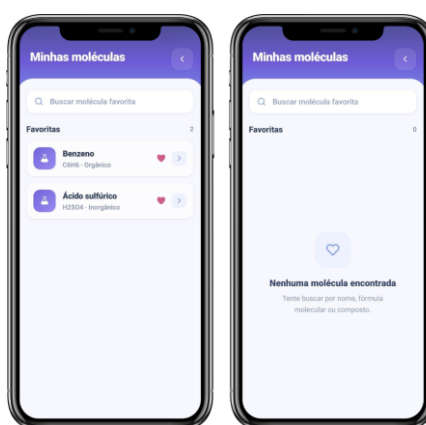
Abaixo da seção de Informações Principais, encontra-se a seção de Propriedades, organizada em um card expansível que pode ser aberto ou fechado pelo usuário. Quando expandida, a seção exibe as informações físico-químicas da molécula, entre elas massa molar, aparência, densidade, ponto de fusão, ponto de ebulição e solubilidade.

Na sequência, encontra-se a seção de Riscos Associados, apresentada em um card expansível. Nela, são descritas as informações relacionadas à segurança da substância, entre as quais está o Diagrama de Hommel (NFPA 704). O diagrama é composto por quatro campos

coloridos que representam os riscos à saúde, inflamabilidade, reatividade e riscos específicos. Adicionalmente, são informados o ponto de fulgor, as Frases de Risco (Frases R) e as Frases de Segurança (Frases S).

A última seção corresponde às Características e segue o mesmo padrão expansível das seções anteriores. O conteúdo exibido varia de acordo com a classificação da molécula analisada. Para compostos orgânicos, são descritas informações como classificação, grupo funcional, saturação e tipo de cadeia carbônica. Para compostos inorgânicos, as informações diferem conforme a classificação da molécula. Nos ácidos, são informados a quantidade de hidrogênios e a presença de oxigênio. Nas bases, é apresentada a quantidade de hidroxilas. Nos sais, são descritas informações relacionadas à sua formação química. Já nos óxidos, são informados aspectos referentes à formação e ao comportamento químico da substância. Dessa forma, a seção adapta as informações exibidas às características específicas de cada molécula.

Figura 20 - Tela Minhas Moléculas



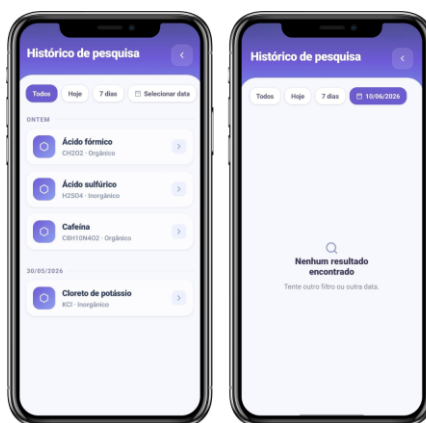
Fonte: Próprio autor, 2025

A interface “Minhas Moléculas” concentra os compostos que foram adicionados à lista de favoritos pelo usuário. Essa seção permite reunir e consultar as moléculas selecionadas ao longo da utilização da aplicação. Na parte superior da tela, são apresentados o título da funcionalidade e o botão de retorno, que direciona o usuário para a tela inicial da aplicação. Para a consulta das moléculas salvas, a tela dispõe de um campo de busca que permite a pesquisa pelo nome comum, pela nomenclatura química ou pela fórmula molecular. À medida que os termos são inseridos, a listagem é atualizada automaticamente. O título “Favoritas” é acompanhado por um contador que indica o número de moléculas presentes na lista.

As moléculas favoritas são organizadas em cards que seguem a identidade visual da aplicação. Cada item reúne informações da molécula, como nome comum, fórmula molecular

e classificação química. Um ícone de frasco Erlenmeyer acompanha as informações exibidas no card, contribuindo para a identidade visual da interface. À direita, é disponibilizado um ícone de coração preenchido que permite remover a molécula da lista de favoritos. Após a remoção, uma mensagem de feedback informa ao usuário que a operação foi realizada com sucesso.

Figura 21 - Tela Histórico de Pesquisa

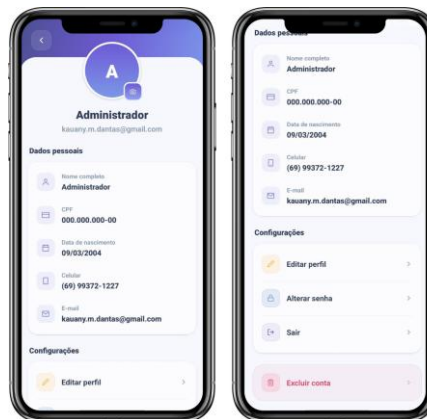


Fonte: Próprio autor, 2025

A interface de Histórico de Pesquisa reúne as moléculas cujas informações já foram consultadas pelo usuário na aplicação. Por meio dessa seção, é possível acompanhar e acessar consultas realizadas anteriormente. Na parte superior da tela, estão dispostos o título “Histórico de Pesquisa” e o botão de retorno, que conduz o usuário de volta à tela inicial da aplicação. Logo abaixo do título, são disponibilizados filtros para a organização dos registros armazenados. Para essa finalidade, a interface integra as opções “Todos”, “Hoje” e “7 Dias”, bem como o recurso “Selecionar Data”. Ao ser acionado, esse recurso abre um calendário que permite ao usuário selecionar uma data específica para a visualização dos registros correspondentes.

Os registros salvos no histórico são exibidos em cards listados em ordem cronológica, tendo como referência o acesso mais recente. Cada card contém informações básicas da molécula, como nome, fórmula molecular e tipo de composto químico. As pesquisas são organizadas por períodos, facilitando a localização de consultas realizadas em diferentes datas. Quando não há resultados para o filtro selecionado, a interface apresenta uma mensagem informativa indicando a ausência de informações para o período consultado.

Figura 22 - Tela Perfil

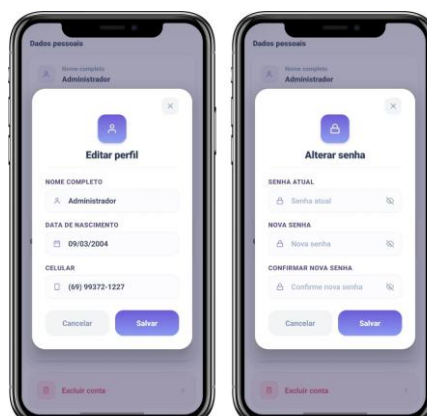


Fonte: Próprio autor, 2025

A interface de “Perfil” centraliza as funcionalidades relacionadas à conta do usuário. Na parte superior, localiza-se a área do avatar, composta inicialmente pela letra inicial do nome do usuário, gerada automaticamente. Esse campo proporciona a personalização da imagem de perfil por meio de um botão com ícone de câmera, que realiza a abertura da galeria do dispositivo móvel para seleção e importação de uma imagem. Concluída a atualização, o sistema exibe um modal de feedback confirmando a alteração da foto de perfil. Nos casos em que já exista uma imagem, a interação com o avatar permite sua visualização em tela cheia, acompanhada das opções “Nova foto” e “Remover foto”, responsáveis, respectivamente, pela substituição ou remoção do arquivo de imagem associado ao perfil do usuário.

Abaixo do avatar, constam o nome e o e-mail do usuário, seguidos da organização da interface em dois blocos principais: “Dados pessoais” e “Configurações”. O bloco de dados pessoais reúne as informações cadastrais do usuário, compostas por nome completo, CPF, data de nascimento, telefone celular e e-mail.

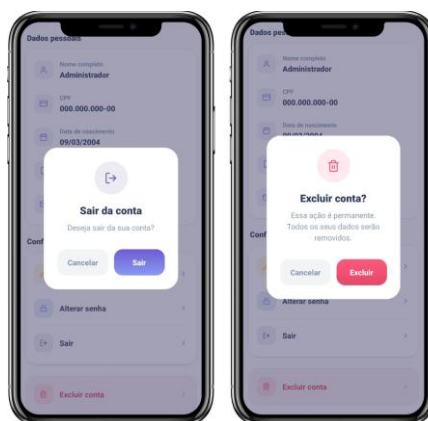
Figura 23 - Modais Editar Perfil e Alterar Senha



Fonte: Próprio autor, 2025

O bloco de configurações dispõe as opções “Editar perfil”, “Alterar senha” e “Sair”. A escolha de edição de perfil abre uma interface modal contendo os campos nome, data de nascimento e celular, todos estruturados com máscaras de entrada e validações conforme as regras de negócio. Com a confirmação da ação pelo usuário, o sistema processa os dados e atualiza o cadastro, retornando mensagens de erro abaixo dos respectivos campos em caso de inconsistências ou um modal de confirmação na ocorrência de sucesso.

Figura 24 - Modais Sair e Excluir conta



Fonte: Próprio autor, 2025

O recurso de alteração de senha segue estrutura semelhante, contendo os campos senha atual, nova senha e confirmação da nova senha. Finalizada a verificação e validação dos dados, a nova credencial é atualizada no banco de dados e o sistema exibe um modal de confirmação indicando o sucesso da operação. A opção “Sair” realiza o logout da aplicação, por meio de confirmação em um modal. Ao confirmar a ação, o usuário é desconectado do sistema e redirecionado para a tela de login.

A funcionalidade “Excluir conta”, destacada na cor vermelha por se tratar de uma ação crítica de remoção do perfil do usuário, exibe um modal de alerta informando o caráter irreversível da operação. Mediante confirmação do usuário, a conta é removida do banco de dados, sendo exibido um modal de feedback e realizado o redirecionamento para a tela de login.

5. CONCLUSÃO

Esta pesquisa resultou no desenvolvimento de uma aplicação mobile destinada ao reconhecimento de estruturas moleculares, abrangendo a implementação de um sistema de identificação por imagem, a integração de LLMs ao processo de análise de compostos químicos, a disponibilização de informações sobre as moléculas identificadas e a avaliação do desempenho desses modelos na execução da tarefa. Os resultados obtidos atestam que os objetivos estabelecidos para a pesquisa foram alcançados, demonstrando a viabilidade técnica e funcional da aplicação desenvolvida como ferramenta de apoio ao processo de ensino-aprendizagem nas Ciências da Natureza. A solução foi concebida a partir das dificuldades identificadas no ensino de Química, relacionadas sobretudo à compreensão de conceitos abstratos e à interpretação de representações químicas, o que frequentemente compromete a assimilação dos conteúdos por parte dos estudantes e dificulta a construção de uma aprendizagem efetiva. Assim, a proposta propicia a redução do grau de abstração dos conteúdos químicos, ao viabilizar uma abordagem mais interativa e acessível para a compreensão de estruturas moleculares.

No que se refere às tecnologias empregadas, foram utilizadas ferramentas como React Native com Expo para o desenvolvimento da aplicação mobile e MySQL como banco de dados relacional, responsável pela persistência e organização das informações. O desenvolvimento do sistema foi conduzido por meio da metodologia ágil Scrum, o que possibilitou um processo iterativo e incremental, com entregas contínuas ao longo do projeto.

A modelagem do banco de dados seguiu o paradigma relacional, assegurando consistência, integridade e adequada estruturação das informações relacionadas às moléculas. A comunicação entre os componentes do sistema foi realizada por meio de uma API RESTful, atuando como camada intermediária entre os módulos da aplicação e permitindo a integração com LLMs, utilizados no suporte ao processamento e à análise das informações químicas. A aplicação desenvolvida consolida as informações químicas em uma interface unificada, estruturando sua consulta de forma organizada e coerente, favorecendo a compreensão das informações apresentadas.

Em síntese, o sistema consolida-se como uma solução tecnológica baseada na integração entre visão computacional e modelos de linguagem para o processamento e organização de informações químicas, demonstrando viabilidade técnica e aplicabilidade no contexto educacional.

Como desdobramento desta pesquisa, propõe-se o desenvolvimento de um modelo

próprio para o reconhecimento de estruturas moleculares, utilizando técnicas de aprendizado de máquina e *deep learning*, possibilitando que a identificação seja realizada diretamente no dispositivo e reduzindo a dependência de serviços externos e de conexão com a internet. A partir dessa proposta, pretende-se aperfeiçoar o desempenho do processo de reconhecimento, ampliar o conjunto de estruturas moleculares suportadas e realizar avaliações em ambientes educacionais, a fim de analisar a contribuição da solução para o processo de ensino-aprendizagem da Química.

REFERÊNCIAS

- ARROIO, A. et. al. **O Show da Química: motivando o interesse científico**. Química Nova, São Paulo, v. 29, n. 1, p. 173 – 178, 2006. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0100-40422006000100031>. Acesso em: 20 de novembro de 2025.
- CAETANO, L. **Tecnologia e Educação: Quais os desafios?** Educação, v. 40, n. 2, p. 295–309, 2015. Disponível em: <https://doi.org/10.5902/1984644417446>. Acesso em: 21 de novembro de 2025.
- D'CARLO, D.; BARBOSA, G.; OLIVEIRA, E. **Usabilidade em Aplicativos Móveis Educacionais: Um Conjunto de Heurísticas para Avaliação**. In: V Congresso Brasileiro de Informática na Educação, CBIE, p. 777 – 786, 2016. Anais do XXVII Simpósio Brasileiro de Informática na Educação, SBIE, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.5753/cbie.sbie.2016.777>. Acesso em: 21 de novembro de 2025.
- DULLIUS, M. **Tecnologias no Ensino: por que e como?** Caderno Pedagógico, v. 9, n. 1, p. 111 – 118, 2012. Disponível em: <https://ojs.studiespublicacoes.com.br/ojs/index.php/cadped/article/view/1176>. Acesso em: 19 de novembro de 2025.
- EHSAN, A.; ABUHALIQA, M.; CATA, C.; MISHRA, D. **RESTful API Testing Methodologies: Rationale, Challenges, and Solution Directions**. Applied Sciences, v. 12, n. 9, art. 4369, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/app12094369>. Acesso em: 03 de junho de 2026.
- EXPO. **Expo Documentation**. Disponível em: <https://docs.expo.dev/>. Acesso em 08 de junho de 2026.
- FLANAGAN, D. **JavaScript: O Guia definitivo**. 7. ed. Porto Alegre: Bookman, 2026.
- FERREIRA, Y. **Reconhecimento de Caracteres em Imagens de Anúncios de Produtos**. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Ciência da Computação) – Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão/SE, 2023. Disponível em: <https://ri.ufs.br/handle/riufs/18593>. Acesso em: 20 de novembro de 2025.
- FIELDING, R. **Architectural styles and the design of network-based software architectures**. Tese (Doutorado em Ciência da Computação) – University of California, Irvine, 2000. Disponível em: https://roy.gbiv.com/pubs/dissertation/fielding_dissertation.pdf. Acesso em: 03 de junho de 2026.
- FRISON, M.; VIANNA, J.; CHAVES, J.; BERNADI, F. **Livro didático como instrumento de apoio para construção de propostas de ensino de Ciências Naturais**. In: Encontro Nacional de Pesquisa em Educação em Ciências (ENPEC), Florianópolis, 7., 2009. Disponível em: <http://www.fep.if.usp.br/~profis/arquivos/viiienpec/VII%20ENPEC%20-%202009/www.foco.fae.ufmg.br/cd/pdfs/425.pdf>. Acesso em: 16 de maio de 2025.
- HOMEM, W. **Apostila de Machine Learning**. Vitória: Universidade Federal do Espírito Santo, Programa de Educação Tutorial Engenharia Mecânica, 2020. Disponível em:

https://petengenhariamecanica.ufes.br/sites/petengenhariamecanica.ufes.br/files/field/anexo/a/postila_do_minicurso_de_machine_learning.pdf. Acesso em: 21 de novembro de 2025.

JOHNSTONE, A. **Why is science difficult to learn? Things are seldom what they seem.** Journal of Computer Assisted Learning, v. 7, n. 2, p. 75 – 83, 1991. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2729.1991.tb00230.x>. Acesso em: 11 de dezembro de 2025.

KALYAN, K. **A survey of GPT-3 family large language models including ChatGPT and GPT-4.** Natural Language Processing Journal, v. 6, 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.nlp.2023.100048>. Acesso em: 03 de junho de 2026

KUMAR, P. **Large language models (LLMs): survey, technical frameworks, and future challenges.** Artificial Intelligence Review, v. 57. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s10462-024-10888-y>. Acesso em: 03 de junho de 2026

KUROSE, J.; ROSS, K. **Redes de Computadores e a Internet: uma abordagem top-down.** 6. ed. São Paulo: Pearson Universidades, 2013.

LEITE, T et. al. **Design de UX e Prototipagem: Moldando as Escolhas do Usuário.** In: Escola Regional de Informática de Mato Grosso, Alto Araguaia, MT, 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.5753/eri-mt.2024.245930>. Acesso em: 21 de dezembro de 2025.

MAGIRI, D.; FRANÇA, C. **Classificação de imagens de satélite com redes neurais convolucionais.** Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Engenharia Elétrica) – Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, 2023. Disponível em: <https://repositorio.ufscar.br/handle/20.500.14289/17726>. Acesso em: 11 de dezembro de 2025.

MEDEIROS, J.; FILHO, H.; MATOS, R. **Uso de celular no ensino de ciências exatas: um estudo de caso.** Science and Knowledge in Focus, v. 1, n. 2, p. 37 – 47, 2018. Disponível em: <https://periodicos.unifap.br/scienceinfocus/article/view/604>. Acesso em 21 de novembro de 2025.

MELO, M.; NETO, E. **Dificuldades de Ensino e Aprendizagem dos Modelos Atômicos em Química.** Química Nova na Escola, v. 35, n. 2, p. 112 – 122, 2013. Disponível em: https://qnesc.sbq.org.br/online/qnesc35_2/08-PE-81-10.pdf. Acesso em: 19 de novembro de 2025.

MELO, M.; SILVA, R. **Os Três Níveis do Conhecimento Químico: dificuldades dos alunos na transição entre o macro, o submicro e o representacional.** Revista Exitus, Santarém/PA, v. 9, n. 5, p. 301 – 330, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.24065/2237-9460.2019v9n5id1109>. Acesso em: 11 de dezembro de 2025.

META. **React Native Documentation.** 2024. Disponível em: <https://reactnative.dev>. Acesso em: 24 junho de 2025.

META. **React Navigation Documentation.** 2025. Disponível em: <https://reactnavigation.org>. Acesso em: 24 junho de 2025.

MILETTO, E.; BERTAGNOLLI, S. **Desenvolvimento de software II: introdução ao desenvolvimento Web com HTML, CSS, JavaScript e PHP**. Porto Alegre: Bookman, 2014.

NICHELE, A.; SCHLEMMER, E. **Aplicativos para o ensino e aprendizagem de Química**. Renote, Porto Alegre, v. 12, n. 2, 2014. Disponível em: <https://doi.org/10.22456/1679-1916.53497>. Acesso em: 19 de novembro de 2025.

PRENSKY, M. **O papel da Tecnologia no Ensino e na Sala de Aula**. Conjectura, v. 15, n. 2, p. 201 – 204, 2010. Disponível em: <https://sou.ucs.br/etc/revistas/index.php/conjectura/article/download/335/289>. Acesso em: 20 de novembro de 2025.

RADFORD, A. et. al. **Learning Transferable Visual Models From Natural Language Supervision**. Proceedings of the 38th International Conference on Machine Learning, v. 139, p. 8748–8763, 2021. Disponível em: <https://proceedings.mlr.press/v139/radford21a.html>. Acesso em: 29 de junho de 2026.

RIBEIRO, H. et al. **Aplicação do OpenCV utilizando técnicas de visão computacional e segmentação de imagens para reconhecimento de colônias bacterianas em análises microbiológicas de qualidade de água**. Revista Caderno Pedagógico, Curitiba, v.21, n. 6, p. 01 – 24, 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.54033/cadpedv21n6-040>. Acesso em: 24 junho de 2025.

ROCHA, J.; VASCONCELOS, T. **Dificuldades de aprendizagem no ensino de química: algumas reflexões**. In: Encontro Nacional de Ensino de Química, 18., 2016, Florianópolis. Anais do XVIII Encontro Nacional de Ensino de Química. Florianópolis: Eneq, 2016. Disponível em: <https://eneq2016.ufsc.br/anais/resumos/R0145-2.pdf>. Acesso em: 19 de novembro de 2025.

RODRIGUES, R. **Construindo uma Api para Exibir Horários de Transporte Público**. Especialização Em Desenvolvimento Web – Universidade Tecnológica Federal Do Paraná, Londrina, 2025. Disponível em: https://riut.utfpr.edu.br/jspui/bitstream/1/20154/3/LD_WEB_III_2016_09.pdf. Acesso em: 20 de novembro de 2025.

RUBACK, L.; AVILA, S.; CANTERO, L. **Vieses no Aprendizado de Máquina e suas Implicações Sociais: Um Estudo de Caso no Reconhecimento Facial**. Porto Alegre: Sociedade Brasileira de Computação, p. 90 – 101, 2012. Disponível em: <https://doi.org/10.5753/wics.2021.15967>. Acesso em: 11 de dezembro em 2025.

SANTOS, A. et. al. **Dificuldades e motivações de aprendizagem em Química de alunos do ensino médio investigadas em ações do (IBID/UFS/Química)**. Scientia Plena, São Cristóvão/SE, v. 9, n. 7, 2013. Disponível em: <https://scientiaplena.org.br/sp/article/view/1517>. Acesso em: 11 de dezembro de 2025.

SILVA, M. **A Fetichização do Livro Didático no Brasil**. Educ. Real., Porto Alegre, v. 37, n. 3, p. 803 – 821, 2012. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/edreal/a/wNQB9SzJFYhbLVr6pqvp4wg/?format=html&lang=pt>. Acesso em: 19 de novembro de 2025.

SILVA, P.; SILVA, T; SILVA, G. StudyLab: **Construção e Avaliação de um aplicativo para auxiliar o Ensino de Química por professores da Educação Básica**. Revista Tecnologias na Educação, v. 7, n. 13, 2015. Disponível em: <https://tecedu.pro.br/wp-content/uploads/2015/12/Art25-vol13-dez2015.pdf>. Acesso em: 19 de novembro de 2025.

WEI, J. et al. **Emergent Abilities of Large Language Models**. Transactions on Machine Learning Research, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.48550/arXiv.2206.07682>. Acesso em: 03 de junho de 2026.

ZHAO, W. et al. **A Survey of Large Language Models**. Frontiers of Computer Science, v. 20, p. 2012627-1 – 2012627-40, 2026. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s11704-026-60308-3>. Acesso em: 03 de junho de 2026.

ZHENG, Z. et al. **Large Language Models are Good Prompt Learners for Low-Shot Image Classification**. arXiv, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.48550/arXiv.2312.04076>. Acesso em: 29 de junho de 2026.

APÊNDICE A: Projeto do Software

**INSTITUTO FEDERAL DE EDUCAÇÃO, CIÊNCIA E TECNOLOGIA DE
RONDÔNIA – IFRO CAMPUS JI-PARANÁ
CURSO SUPERIOR DE TECNOLOGIA EM ANÁLISE E DESENVOLVIMENTO DE
SISTEMAS**

KAUANY MIRANDA DANTAS

PROJETO DO SISTEMA GOLABZ

Ji-Paraná, 2025

SUMÁRIO

1. DOCUMENTO DE ESPECIFICAÇÃO DO PROJETO	3
1.1. Sobre o Produto de Software	3
1.2. Aspectos Técnicos do Produto	4
1.3. Equipe de Desenvolvimento	5
1.4. Metodologia de Desenvolvimento.....	5
1.4.1. Product Backlog.....	6
1.4.2. Sprints Backlog.....	6
2. DOCUMENTO DE REQUISITOS	9
2.1. Cadastrar Usuário	9
2.2. Logar.....	9
2.3. Pesquisar Molécula.....	10
2.4. Visualizar Informações	10
2.5. Gerenciar Moléculas Favoritas	11
2.6. Visualizar Histórico de Pesquisas	12
2.7. Visualizar Tabela Periódica.....	12
3. PROTÓTIPO DO SISTEMA.....	13
3.1. RF 1 – Cadastrar Usuário.....	13
3.2. RF 2 – Logar	13
3.3. RF 3 – Pesquisar Molécula	14
3.4. RF 4 – Visualizar Informações	14
3.5. RF 5 – Gerenciar Moléculas Favoritas	14
3.6. Visualizar Histórico de Pesquisa	15
3.7. Visualizar Tabela Periódica.....	15
4. MODELO DE CASO DE USO	16
4.1. Diagrama de Caso de Uso	16
4.2. Caso de Uso Expandido.....	16

4.2.1. Caso de Uso – Cadastrar Usuário	16
4.2.2. Caso de Uso – Logar	17
4.2.3. Caso de Uso – Pesquisar Molécula	17
4.2.4. Caso de Uso – Visualizar Molécula	18
4.2.5. Caso de Uso – Gerenciar Moléculas Favoritas	18
4.2.6. Caso de Uso – Visualizar Histórico de Pesquisas	18
4.2.7. Caso de Uso – Visualizar Tabela Periódica.....	18
5. DIAGRAMA DE ENTIDADE-RELACIONAMENTO	20

1. DOCUMENTO DE ESPECIFICAÇÃO DO PROJETO

1.1. Sobre o Produto de Software

Será desenvolvido um aplicativo mobile para o contexto educacional da disciplina de Química no Ensino Médio, com foco na identificação de estruturas moleculares a partir de imagens. O sistema empregará técnicas de visão computacional e reconhecimento de imagem para o processamento de representações estruturais fornecidas pelo usuário, realizando a análise visual das imagens e a identificação da estrutura molecular apresentada.

Quanto ao funcionamento da aplicação, será disponibilizada a captura de imagens por meio da câmera do dispositivo móvel, as quais serão submetidas aos modelos de linguagem OpenAI, Gemini e Kimi para a identificação da estrutura molecular presente. Em seguida, os resultados obtidos serão comparados com os dados disponíveis na base de dados PubChem, por meio de requisições realizadas pela aplicação, a fim de validar as informações fornecidas pelos modelos. Com base nessa validação, o sistema apresentará as moléculas com maior probabilidade de correspondência à estrutura identificada. Posteriormente, serão realizadas consultas aos modelos de linguagem para a obtenção de informações químicas relacionadas às moléculas selecionadas, viabilizando o acesso a dados complementares sobre suas propriedades, características e aplicações.

Além do reconhecimento por imagem, o sistema disponibilizará mecanismos para a pesquisa de estruturas moleculares por meio de entradas textuais, possibilitando a identificação e recuperação de informações químicas associadas às moléculas consultadas. O software também contemplará o registro das interações realizadas pelos usuários, viabilizando o armazenamento e o acompanhamento das consultas efetuadas ao longo da utilização do sistema. Adicionalmente, será disponibilizado um recurso para o gerenciamento de moléculas favoritas, possibilitando o acesso facilitado às estruturas previamente selecionadas e às respectivas informações químicas. Como funcionalidade complementar, será implementada uma tabela periódica interativa integrada ao sistema, por meio da qual será possível consultar os elementos químicos e visualizar informações relacionadas às suas propriedades físicas e químicas.

No que se refere ao controle de acesso, a aplicação terá a funcionalidade de gerenciamento de usuários, assegurando a integridade das informações persistidas e a organização dos dados processados. De forma integrada, o conjunto de funcionalidades é estruturado para garantir a consistência dos dados e o adequado funcionamento do sistema.

1.2.Aspectos Técnicos do Produto

1.2.1. Tecnologias Front End

A interface do sistema será projetada através da ferramenta Figma, utilizada para a elaboração de protótipos. A plataforma permite a modelagem visual das telas e a simulação dos fluxos de navegação, servindo como um guia para a organização das informações e para a definição do layout antes da implementação.

A implementação da interface do software utilizará o framework React Native como principal tecnologia para o desenvolvimento da aplicação móvel. Complementarmente, será empregada a plataforma Expo, a qual oferece suporte às etapas de desenvolvimento, testes, execução e distribuição da aplicação em diferentes dispositivos. Essa combinação possibilita a construção de aplicações multiplataforma a partir de uma única base de código, por meio de uma arquitetura que conecta o código JavaScript aos componentes nativos do sistema operacional.

A lógica da aplicação será desenvolvida utilizando TypeScript, linguagem empregada no gerenciamento dos estados da interface, no tratamento de eventos, na comunicação entre componentes e na execução das regras de negócio do sistema. Para a gestão do fluxo de telas e organização da arquitetura de navegação, serão integradas as bibliotecas React Navigation e Expo Router, que fornecem suporte à navegação baseada em pilhas, abas e gestos, além de recursos para transições entre telas e gerenciamento de rotas.

1.2.2. Tecnologias Back End

O desenvolvimento do back-end do sistema será realizado utilizando a plataforma Node.js e a linguagem JavaScript, tecnologias empregadas na implementação da API RESTful destinada ao gerenciamento das requisições e à comunicação entre a aplicação móvel e os serviços externos integrados. Essa API atuará como camada intermediária da arquitetura proposta, concentrando o processamento das consultas e coordenando o fluxo de informações entre os diferentes componentes do sistema.

Para o reconhecimento e análise das estruturas moleculares, serão utilizadas as APIs das LLMs OpenAI, Gemini e Kimi. As LLMs constituem modelos capazes de processar informações textuais e multimodais, sendo empregadas na interpretação de estruturas moleculares e na obtenção de informações relacionadas aos compostos analisados. A utilização

desses modelos no sistema ocorrerá por meio das APIs disponibilizadas por cada plataforma. A validação das informações moleculares será realizada com o suporte da API da base de dados PubChem, uma plataforma destinada ao armazenamento e à disponibilização de dados químicos. A base reúne informações referentes a compostos, substâncias e propriedades moleculares, constituindo o repositório de dados químicos utilizado pelo sistema.

A camada de persistência das informações será gerenciada pelo MySQL, um Sistema Gerenciador de Banco de Dados (SGBD) relacional. Os dados são organizados em tabelas compostas por colunas e linhas, representando as entidades e seus respectivos atributos dentro do modelo relacional. O conjunto dessas tecnologias garante o processamento das imagens e a organização estruturadas dos dados.

1.3. Equipe de Desenvolvimento

A equipe de desenvolvimento será composta pelos seguintes papéis e atribuições, de acordo com a metodologia ágil Scrum estabelecida para este projeto:

ID	Nome	Função	Atribuições
01	Kauany Miranda	Scrum Master	Gerenciar o andamento do projeto.
02	Kauany Miranda	Desenvolvedor	Desenvolver o projeto de software.
03	Kauany Miranda	Product Owner	Gerenciar requisitos e direcionar funcionalidades.
04	Prof. Jackson Henrique	Especialista	Usuário especializado no domínio da informação que ajuda no entendimento do negócio.

1.4. Metodologia de Desenvolvimento

O desenvolvimento do sistema será regido pela metodologia ágil Scrum, adotando um ciclo de vida iterativo e incremental estruturado em 12 sprints quinzenais. O projeto inicia-se através da composição do Product Backlog, onde os requisitos funcionais e não funcionais são catalogados, refinados e priorizados conforme o valor de negócio. O fluxo operacional subsequente é disciplinado por ciclos recorrentes de planejamento e execução, voltados à definição das metas da integração e à implementação técnica das funcionalidades prioritárias.

Em paralelo, a engenharia do produto é sustentada por uma etapa de modelagem e design que preserva a integridade da arquitetura de software. Este processo abrange a prototipagem de interfaces à modelagem formal via na Linguagem de Modelagem Unificada

(UML). A arquitetura é documentada por Diagramas de Casos de Uso para o mapeamento das interações, ao passo que o Diagrama Entidade – Relacionamento define a estrutura lógica dos dados. A integração entre o planejamento e a modelagem viabilizam o desenvolvimento das funcionalidades, que são incorporadas de forma incremental ao longo das integrações.

1.4.1. Product Backlog

A equipe de desenvolvimento será composta pelos seguintes papéis e atribuições, de acordo com a metodologia ágil Scrum estabelecida para este projeto.

Item	Descrição	Estimativa de Esforço	Prioridade
1	Desenvolver o módulo de identificação de moléculas por reconhecimento de imagens.	110 dias	1º
2	Implementar o mecanismo de pesquisa de moléculas por meio de entrada textual.	20 dias	2º
3	Integrar as APIs das LLMs à base de dados PubChem para validação das informações moleculares.	20 dias	3º
4	Gerir usuários do sistema, com cadastro, autenticação e autorização.	15 dias	4º
5	Implementar o recurso de tabela periódica interativa	15 dias	5º

1.4.2. Sprints Backlog

Neste tópico serão documentados todos os itens das Sprints Backlog criados ao longo do desenvolvimento do projeto. Todas as tarefas do projeto foram gerenciadas com a ferramenta Trello.

Item do Product Backlog	Nº Sprint e Período	Descrição da Tarefa	Responsável	Esforço
-	<i>Sprint 1:</i>	<i>Análise dos resultados obtidos na etapa da pesquisa</i>	<i>Kauany</i>	<i>8h</i>
	<i>19/12/2025</i>	<i>Especificação e detalhamento dos requisitos funcionais</i>	<i>Kauany</i>	<i>12h</i>
	<i>a</i>	<i>Especificação e detalhamento dos requisitos não funcionais</i>	<i>Kauany</i>	<i>10h</i>
	<i>03/01/2026</i>			

		<i>Definição dos critérios de aceitação associados aos requisitos levantados</i>	<i>Kauany</i>	<i>6h</i>
		<i>Elaboração do diagrama Entidade – Relacionamento</i>	<i>Kauany</i>	<i>10h</i>
		<i>Elaboração do diagrama de Caso de Uso</i>	<i>Kauany</i>	<i>8h</i>
<i>1</i>	<i>Sprint 2: 01/02/2026 a 15/02/2026</i>	<i>Desenvolvimento da captura de imagens por câmera do dispositivo</i>	<i>Kauany</i>	<i>14h</i>
		<i>Desenvolvimento da seleção de imagens a partir da galeria</i>	<i>Kauany</i>	<i>12h</i>
		<i>Padronização de formato, resolução e orientação das imagens</i>	<i>Kauany</i>	<i>14h</i>
		<i>Validação dos arquivos de imagem recebidos pela aplicação</i>	<i>Kauany</i>	<i>10h</i>
		<i>Configuração do envio de imagens ao back-end</i>	<i>Kauany</i>	<i>10h</i>
<i>3</i>	<i>Sprint 3: 16/02/2026 a 02/03/2026</i>	<i>Estruturação das rotas para processamento de imagens</i>	<i>Kauany</i>	<i>16h</i>
		<i>Integração com APIs das LLMs (OpenAI, Gemini e Kimi)</i>	<i>Kauany</i>	<i>16h</i>
		<i>Padronização dos dados retornados pelas LLMs</i>	<i>Kauany</i>	<i>14h</i>
		<i>Integração com a API do PubChem para validação molecular</i>	<i>Kauany</i>	<i>12h</i>
		<i>Consolidação das informações das LLMs e PubChem</i>	<i>Kauany</i>	<i>12h</i>
<i>1</i>	<i>Sprint 4: 03/03/2026 a 18/03/2026</i>	<i>Desenvolvimento da exibição de moléculas identificadas com níveis de confiança</i>	<i>Kauany</i>	<i>16h</i>
		<i>Implementação da seleção de moléculas pelo usuário</i>	<i>Kauany</i>	<i>12h</i>
		<i>Desenvolvimento da requisição de detalhamento da molécula selecionada</i>	<i>Kauany</i>	<i>14h</i>
		<i>Integração dos dados ao front-end da aplicação</i>	<i>Kauany</i>	<i>12h</i>
		<i>Tratamento de falhas em serviços externos</i>	<i>Kauany</i>	<i>10h</i>
<i>3</i>	<i>Sprint 5: 19/03/2026 a 02/04/2026</i>	<i>Desenvolvimento da consulta detalhada da molécula selecionada</i>	<i>Kauany</i>	<i>16h</i>
		<i>Integração de dados provenientes das LLMs no sistema</i>	<i>Kauany</i>	<i>14h</i>
		<i>Estruturação e organização dos dados no front-end</i>	<i>Kauany</i>	<i>12h</i>
		<i>Monitoramento de tempo de resposta das requisições externas</i>	<i>Kauany</i>	<i>10h</i>
		<i>Testes de integração entre LLMs e PubChem</i>	<i>Kauany</i>	<i>10h</i>
<i>1</i>	<i>Sprint 6: 03/04/2026 a 17/04/2026</i>	<i>Testes do fluxo de reconhecimento molecular</i>	<i>Kauany</i>	<i>16h</i>
		<i>Refinamento da comunicação com APIs externas</i>	<i>Kauany</i>	<i>14h</i>
		<i>Otimização das requisições</i>	<i>Kauany</i>	<i>12h</i>
		<i>Resolução de inconsistências funcionais.</i>	<i>Kauany</i>	<i>12h</i>
<i>2</i>		<i>Definição de regras de pesquisa e filtros de consulta</i>	<i>Kauany</i>	<i>12h</i>

	Sprint 7: 18/04/2026 a 03/05/2026	Desenvolvimento do mecanismo de pesquisa por entrada textual	Kauany	20h
		Integração com serviços de consulta molecular	Kauany	14h
		Desenvolvimento da exibição de resultados da busca	Kauany	12h
		Validação de entradas inválidas	Kauany	10h
4	Sprint 8: 04/05/2026 a 19/05/2026	Desenvolvimento do cadastro de usuários	Kauany	12h
		Implementação da autenticação de usuários	Kauany	14h
		Configuração do controle de autorização de acesso	Kauany	12h
		Integração com banco de dados	Kauany	05h
		Validação de credenciais e senhas	Kauany	05h
4	Sprint 9: 20/05/2026 a 04/06/2026	Desenvolvimento do armazenamento de consultas realizadas	Kauany	14h
		Desenvolvimento da visualização do histórico de buscas	Kauany	12h
		Gerenciamento de moléculas favoritas	Kauany	14h
		Associação de favoritos e a conta do usuário ativo.	Kauany	10h
		Validação da persistência dos dados.	Kauany	10h
5	Sprint 10: 05/06/2026 a 20/06/2026	Estruturação das propriedades dos elementos químicos	Kauany	14h
		Desenvolvimento da interface da tabela periódica interativa	Kauany	16h
		Implementação da interação com elementos químicos	Kauany	12h
		Desenvolvimento da exibição de propriedades dos elementos	Kauany	12h
		Testes funcionais do módulo	Kauany	10h
5	Sprint 11: 21/06/2026 a 06/07/2026	Integração da tabela periódica ao sistema	Kauany	14h
		Refinamento de interface e usabilidade	Kauany	12h
		Correção de inconsistências visuais e funcionais	Kauany	12h
		Otimização de desempenho e navegação	Kauany	12h
		Validação do módulo integrado	Kauany	12h
-	Sprint 12: 07/07/2026 a 22/07/2026	Execução de testes integrados da aplicação	Kauany	14h
		Ajustes de desempenho entre aplicação, LLMs e PubChem	Kauany	14h
		Correção de falhas em requisições assíncronas	Kauany	14h
		Refinamento do fluxo geral do sistema	Kauany	12h
		Validação final e estabilização do sistema	Kauany	12h

2. DOCUMENTO DE REQUISITOS

Após a fase de levantamento de requisitos, foram identificados e coletados os seguintes requisitos para o software.

2.1. Cadastrar Usuário

Requisito Funcional		
Nome: Cadastrar Usuário		Código: RF1
Descrição: Realizar o cadastro do usuário no sistema		
Estimativa de Esforço: 7 dias		Prioridade: Baixa
Requisitos Não funcionais		
ID NF	Descrição	Categoria
1.1	A tela de cadastro é composta por três campos de entrada de dados, destinados à inserção do nome completo, data de nascimento, CPF, celular, endereço de e-mail e a senha.	Interface
1.2	Todos os campos são obrigatórios.	Especificação
1.3	A interface possui um botão “Cadastrar” para realizar o registro da conta no aplicativo.	Interface

2.2. Logar

Requisito Funcional		
Nome: Logar		Código: RF2
Descrição: Realizar a autenticação e o login do aluno no sistema		
Estimativa de Esforço: 8 dias		Prioridade: Baixa
Requisitos Não funcionais		
ID NF	Descrição	Categoria
2.1	A tela de login é composta por dois campos de entrada de dados, destinados à inserção do endereço de e-mail e a senha do usuário.	Especificação
2.2	A interface possui um botão “Entrar” para iniciar o processo de autenticação no aplicativo.	Interface
2.3	Abaixo do campo da senha, contém a opção “Esqueci a senha”	Interface
2.4	A funcionalidade “Esqueci a senha” disponibiliza as orientações necessárias para a recuperação da senha.	Especificação

2.3. Pesquisar Molécula

Requisito Funcional		
Nome:	Pesquisar Molécula	Código: RF3
Descrição:	Realizar a pesquisa de moléculas por meio de entrada de texto ou envio de imagem.	
Estimativa de Esforço:	110 dias	Prioridade: Alta
Requisitos Não funcionais		
ID NF	Descrição	Categoria
3.1	A interface de pesquisa disponibilizará um campo para inserção do nome da molécula química.	Interface
3.2	A interface de pesquisa apresentará um botão com ícone de câmera na cor roxa para realização da pesquisa por imagem.	Interface
3.3	A pesquisa por texto deverá considerar apenas nomes de moléculas existentes, permitindo correspondência parcial.	Especificação
3.4	A pesquisa será executada por meio do ícone de lupa presente no teclado do dispositivo.	Interface
3.5	A pesquisa por imagem poderá ser realizada por captura da câmera do dispositivo ou por seleção de imagens da galeria.	Especificação
3.6	O dispositivo deverá permitir o uso da câmera para captura de imagens.	Especificação
3.7	O dispositivo deverá permitir o acesso à galeria para seleção de imagens.	Especificação
3.8	A pesquisa por imagem será realizada por meio do botão “Analisar”.	Interface

2.4. Visualizar Informações

Requisito Funcional		
Nome:	Visualizar Informações	Código: RF4
Descrição:	Visualizar as informações detalhadas da molécula resultante da pesquisa realizada no sistema.	
Estimativa de Esforço:	15 dias	Prioridade: Média
Requisitos Não funcionais		
ID NF	Descrição	Categoria
4.1	A interface deve permitir a leitura clara das informações apresentadas ao usuário.	Usabilidade
4.2	A visualização do resultado será realizada em uma única tela, organizada por seções informativas.	Interface
4.3	As seções informativas serão organizadas de forma expansível ou em formato de tabela, facilitando a navegação e a visualização das informações.	Interface
4.4	A interface deve apresentar os dados identificadores da molécula, incluindo nomenclatura científica, nome comum, fórmula estrutural e equação molecular	Interface

4.5	A interface exibirá uma representação visual da estrutura molecular associada ao composto químico.	Interface
4.6	As seções Propriedades e Riscos Associados serão apresentadas em formato de card expansível	Interface
4.7	A seção Propriedades deve conter informações físico-químicas, incluindo massa molar, aparência, densidade, solubilidade, ponto de fusão e ponto de ebulição.	Especificação
4.8	A seção Riscos Associados deve apresentar informações sobre os principais riscos, incluindo frases R, frases S e ponto de fulgor, quando disponíveis.	Especificação
4.9	A interface exibirá uma representação visual do Diagrama de Hommel (NFPA 704) na seção de Riscos Associados, quando aplicável.	Interface
4.10	A seção Características deve exibir informações relacionadas às funções, grupos funcionais e classificações.	Especificação
4.11	Cada informação da seção Características será apresentada em formato de card expansível, facilitando a organização do conteúdo.	Interface
4.12	A interface disponibilizará um botão representado por um ícone de coração, permitindo ao usuário adicionar a molécula à lista de favoritos.	Interface
4.13	A interface disponibilizará um botão de navegação, identificado por um ícone de seta, que permita o retorno à tela inicial do aplicativo.	Interface

2.5.Gerenciar Moléculas Favoritas

Requisito Funcional		
Nome: Gerenciar Moléculas Favoritas		Código: RF5
Descrição: Gerenciar a lista de moléculas favoritas do usuário.		
Estimativa de Esforço: 15 dias		Prioridade: Baixa
Requisitos Não funcionais		
ID NF	Descrição	Categoria
5.1	A tela inicial apresentará um card de acesso à funcionalidade de visualização de moléculas favoritas.	Interface
5.2	A interface dessa funcionalidade possuirá um campo de pesquisa destinado à inserção da nomenclatura ou fórmula estrutural das moléculas.	Interface
5.3	A interface apresentará cards com as moléculas marcadas como favoritas pelo usuário.	Interface
5.4	Os cards deverão exibir informações como nome da molécula, fórmula estrutural e tipo de composto químico.	Especificação
5.5	A ação de remoção de uma molécula dos favoritos será representada por um ícone de coração preenchido.	Interface

2.6. Visualizar Histórico de Pesquisas

Requisito Funcional		
Nome: Visualizar Histórico de Pesquisas		Código: RF6
Descrição: Visualizar o histórico de Pesquisas realizadas pelo usuário durante a utilização do sistema.		
Estimativa de Esforço: 15 dias		Prioridade: Baixa
Requisitos Não funcionais		
ID NF	Descrição	Categoria
6.1	A tela inicial apresentará um card de acesso à funcionalidade de histórico de pesquisas.	Interface
6.2	A interface dessa funcionalidade possuirá filtros para organização do histórico de pesquisas por períodos.	Interface
6.3	Os filtros de período incluirão as opções “Hoje”, “Ontem”, “Últimos 7 dias” e um campo de seleção de data para filtragem personalizada.	Especificação
6.4	A interface apresentará cards correspondentes a cada molécula pesquisada pelo usuário.	Interface
6.5	Os cards deverão apresentar informações como nome da molécula, fórmula estrutural e tipo de composto químico.	Especificação

2.7. Visualizar Tabela Periódica

Requisito Funcional		
Nome: Visualizar Tabela Periódica		Código: RF7
Descrição: Visualizar a tabela periódica contendo os elementos químicos.		
Estimativa de Esforço: 15 dias		Prioridade: Baixa
Requisitos Não funcionais		
ID NF	Descrição	Categoria
7.1	A tela apresentará uma legenda para orientação na leitura da tabela periódica.	Interface
7.2	A interface dessa funcionalidade conterà um modelo que representa a disposição dos elementos químicos na tabela periódica.	Interface
7.3	A tela apresentará uma legenda para orientação na leitura da tabela periódica.	Interface
7.4	Os elementos da tabela serão representados por cores conforme a legenda estabelecida.	Interface
7.5	A tabela permitirá interação com cada elemento químico.	Interface
7.6	A seleção de um elemento químico deverá retornar suas informações e propriedades associadas.	Especificação

3. PROTÓTIPO DO SISTEMA

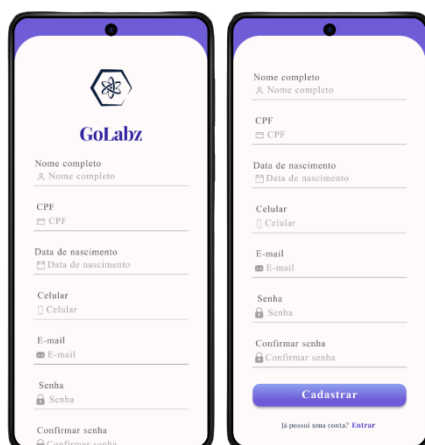
O protótipo foi elaborado com a ferramenta **Figma** e está disponível para acesso nos links:

Projeto: <https://www.figma.com/design/CAHh0b0fPIP4pXfrK4M5cI/GoLabz---Projeto?node-id=0-1&t=l3ACP6pRPe12g7I8-1>

Navegação: <https://www.figma.com/proto/CAHh0b0fPIP4pXfrK4M5cI/GoLabz---Projeto?node-id=2056-89&p=f&t=6tI4nsQAaR55Tlje-1&scaling=scale-down&content-scaling=fixed&page-id=0%3A1&starting-point-node-id=2056%3A89&show-prot-sidebar=1>

A seguir estão listados a imagem do protótipo já validado e aprovado de cada requisito funcional na mesma ordem do Documento de Requisito para documentação no projeto.

3.1. RF 1 – Cadastrar Usuário



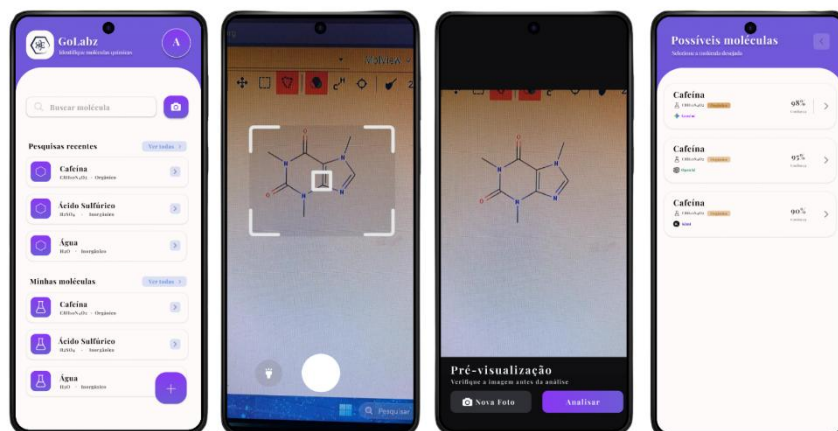
The image displays two mobile app screens for user registration. The left screen shows the GoLabz logo and a form with fields for Name, CPF, Date of Birth, Cell Number, Email, Password, and Confirm Password. The right screen shows the same form with a 'Cadastrar' button at the bottom.

3.2. RF 2 – Logar

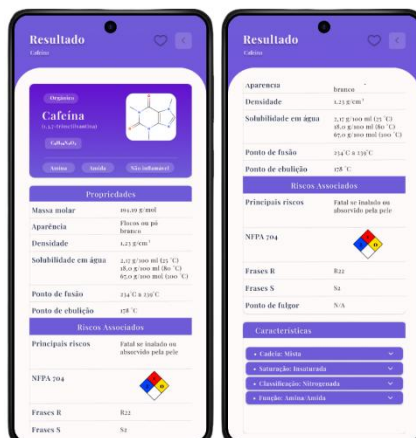


The image displays a mobile app screen for user login. It features the GoLabz logo and a form with fields for Email and Password. Below the fields is an 'Entrar' button and a link for 'Não tem uma conta? Cadastre-se'.

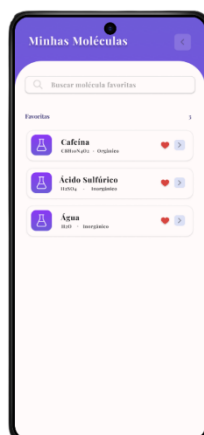
3.3. RF 3 – Pesquisar Molécula



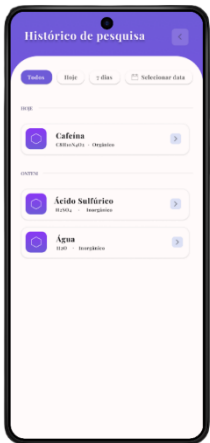
3.4. RF 4 – Visualizar Informações



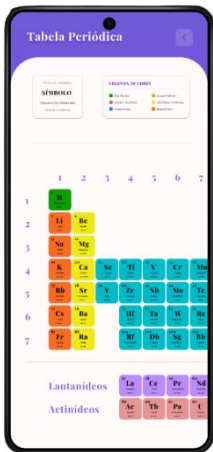
3.5. RF 5 – Gerenciar Moléculas Favoritas



3.6.Visualizar Histórico de Pesquisa

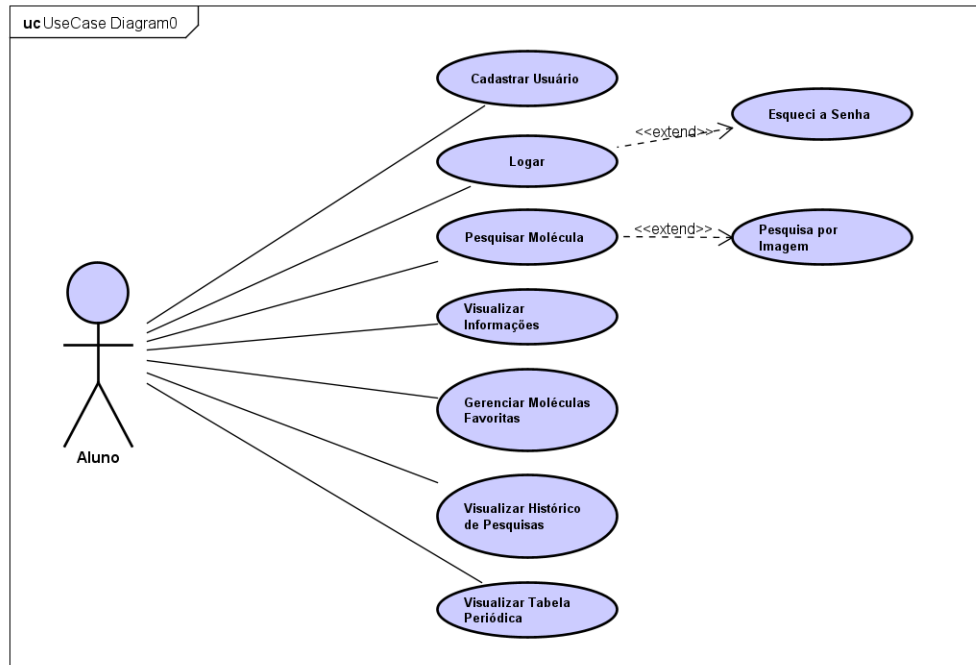


3.7.Visualizar Tabela Periódica



4. MODELO DE CASO DE USO

4.1. Diagrama de Caso de Uso



4.2. Caso de Uso Expandido

4.2.1. Caso de Uso – Cadastrar Usuário

Caso de Uso: Cadastrar Usuário (CSU01)

Descrição: Realizar o cadastro do aluno no sistema.

Ator Primário: Aluno

Fluxo Principal

1. O aluno acessa a interface de Login.
2. O aluno clica no botão “Cadastrar”.
3. O sistema exibe a interface de cadastro.
4. O aluno informa o nome completo, CPF, data de nascimento, celular, e-mail e senha.
5. O aluno clica no botão “Cadastrar”.
6. O sistema envia um e-mail de confirmação de cadastro.
7. O aluno clica no link de confirmar cadastro.
8. O sistema realiza o registro da conta.
9. O aluno é redirecionado à tela de Login do aplicativo.

Fluxo Alternativo 1: Esqueci a Senha

1. O aluno seleciona a opção de recuperação de senha.
2. O aluno informa o endereço de e-mail cadastrado.

3. O sistema envia instruções para redefinição de senha.
4. O aluno informa a nova senha.
5. O aluno confirma a redefinição de senha.
6. O sistema atualiza as credenciais do usuário.
7. O sistema redireciona o aluno para a tela de Login.

4.2.2. Caso de Uso – Logar

Caso de Uso: Logar (CSU02)

Descrição: Realizar a autenticação do aluno no sistema

Ator Primário: Aluno.

Fluxo Principal

1. O aluno acessa a interface de Login.
2. O aluno informa o e-mail e senha.
3. O aluno clica no botão “Entrar”.
4. O sistema realiza a autenticação da conta.
5. O aluno é direcionado para a tela inicial do aplicativo.

4.2.3. Caso de Uso – Pesquisar Molécula

Caso de Uso: Pesquisar Molécula (CSU03)

Descrição: Realizar a consulta de uma molécula na base de dados.

Ator Primário: Aluno.

Fluxo Principal

1. O aluno informa o nome ou a nomenclatura da molécula no campo de pesquisa.
2. O sistema executa a consulta.
3. O sistema retorna as possíveis moléculas.

Fluxo Alternativo 1: Pesquisa por Imagem

1. O aluno seleciona a opção de pesquisa por imagem.
2. O sistema solicita a origem da imagem.

Extensão A: Tirar Foto

- 2A.O aluno opta por tirar uma foto.
- 2A.O sistema ativa a câmera do dispositivo.
- 2A.O aluno realiza a captura da imagem.
- 2A.O sistema recebe o arquivo e prossegue para o processamento.

Extensão B: Selecionar da Galeria

- 2B.O aluno opta por selecionar uma imagem da galeria.
- 2B.O sistema abre a galeria do dispositivo.
- 2B.O aluno seleciona a imagem desejada.
- 2B.O sistema recebe o arquivo e prossegue para o processamento.
3. O sistema exibe a imagem selecionada.
4. O aluno clica no botão “Analisar”.
5. O sistema realiza a identificação da molécula.

6. O sistema retorna as possíveis moléculas identificadas.

4.2.4. Caso de Uso – Visualizar Molécula

Caso de Uso: Visualizar Molécula (CSU04)

Descrição: Visualizar as informações da molécula química pesquisada.

Ator Primário: Aluno.

Precondições: O aluno deve ter realizado previamente a pesquisa de uma molécula.

Fluxo Principal

1. O sistema apresenta a lista das possíveis moléculas.
2. O aluno seleciona a molécula desejada.
3. O sistema exibe as informações detalhadas da molécula química.
4. O aluno visualiza o resultado apresentado.

4.2.5. Caso de Uso – Gerenciar Moléculas Favoritas

Caso de Uso: Gerenciar Moléculas Favoritas (CSU05)

Descrição: Visualizar e remover moléculas da lista de favoritos.

Ator Primário: Aluno

Fluxo Principal

1. O aluno seleciona a opção “Ver Todas” no card “Minhas Moléculas”.
2. O sistema exibe a interface das moléculas favoritas.
3. O aluno visualiza a lista de moléculas.

Fluxo Alternativo 1: Remover dos Favoritos

1. O aluno seleciona a opção de remoção da molécula.
2. O sistema remove a molécula da lista de favoritos.
3. O sistema atualiza a listagem.

4.2.6. Caso de Uso – Visualizar Histórico de Pesquisas

Caso de Uso: Visualizar Histórico de Pesquisas (CSU06)

Descrição: Visualizar o histórico de pesquisas de moléculas realizadas.

Ator Primário: Aluno

Fluxo Principal

4. O aluno seleciona a opção “Ver Todas” no card “Histórico de Pesquisa”.
5. O sistema exibe a lista de moléculas pesquisadas anteriormente.
6. O aluno visualiza a lista o histórico organizado em formato de cards.

Fluxo Alternativo 1: Filtrar Histórico

4. O aluno seleciona um filtro de período.
5. O sistema aplica o filtro selecionado.
6. O sistema atualiza a lista de resultados conforme o período definido.

4.2.7. Caso de Uso – Visualizar Tabela Periódica

Caso de Uso: Visualizar Tabela Periódica (CSU07)

Descrição: Visualizar e interagir com a tabela periódica dos elementos químicos.

Ator Primário: Aluno.

Fluxo Principal

1. O aluno acessa a funcionalidade de tabela periódica.
2. O sistema exibe a tabela periódica.
3. O aluno visualiza os elementos organizados conforme suas propriedades.
4. O aluno seleciona um elemento químico.
5. O sistema exibe as informações do elemento selecionado.

5. DIAGRAMA DE ENTIDADE-RELACIONAMENTO

