

# Termos de Biologia e Áreas Afins Úteis na Catalogação de *Datasets* Ômicos no Repositório de Dados de Pesquisa da Embrapa: uma Compilação de Definições



***Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária  
Embrapa Agricultura Digital  
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento***

## **DOCUMENTOS 178**

# Termos de Biologia e Áreas Afins Úteis na Catalogação de *Datasets* Ômicos no Repositório de Dados de Pesquisa da Embrapa: uma Compilação de Definições

*Márcia Izabel Fugisawa Souza  
Poliana Fernanda Giachetto  
Carla Cristiane Osawa  
Marcos Cezar Visoli  
Paula Regina Kuser Falcão  
Tércia Zavaglia Torres  
Alessandra Rodrigues da Silva*

**Embrapa Agricultura Digital** Comitê Local de Publicações  
Presidente  
Av. Dr. André Tosello, 209 - Cidade Universitária Stanley Robson de Medeiros Oliveira  
Campinas, SP, Brasil  
CEP. 13083-886 Secretária-Executiva  
Fone: (19) 3211-5700 Maria Fernanda Moura  
www.embrapa.br  
www.embrapa.br/fale-conosco/sac

Membros  
*Adriana Farah Gonzalez, membro nato, Alexandre de Castro, membro indicado, Carla Cristiane Osawa, membro nato, Debora Pignatari Drucker, membro eleito, Ivan Mazoni, membro eleito, João Camargo Neto, membro indicado, Joao Francisco Goncalves Antunes, membro eleito, Magda Cruciol, membro nato.*

Supervisão editorial  
Stanley Robson de Medeiros Oliveira

Revisão de texto  
Adriana Farah Gonzalez

Normalização bibliográfica  
Carla Cristiane Osawa

Projeto gráfico da coleção  
Carlos Eduardo Felice Barbeiro

Editoração eletrônica  
Magda Cruciol

Imagem da capa  
wordclouds.com

**1ª edição**  
Publicação digital - PDF (2021)

**Todos os direitos reservados.**

A reprodução não autorizada desta publicação, no todo ou em parte, constitui violação dos direitos autorais (Lei nº 9.610).

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)**

Embrapa Agricultura Digital

---

Termos da Biologia e áreas afins úteis na catalogação de *datasets* ômicos no Repositório de Dados de Pesquisa da Embrapa: uma compilação de definições / Márcia Izabel Fugisawa Souza ... [et al.]. – Campinas : Embrapa Agricultura Digital, 2021.

PDF (97 p.) : il. color. - (Documentos / Embrapa Agricultura Digital, ISSN 2764-2488; 178).

1. Representação descritiva. 2. Representação temática. 3. Biologia. 4. Catalogação. 5. *Datasets* ômicos. 6. Termos técnicos. I. Souza, Márcia Izabel Fugisawa. II. Embrapa Agricultura Digital. III. Série.

## Autores

### **Márcia Izabel Fugisawa Souza**

Bacharel em Biblioteconomia, doutora em Educação, analista da Embrapa Agricultura Digital, Campinas, SP

### **Poliana Fernanda Giachetto**

Zootecnista, doutora em Produção Animal, pesquisadora da Embrapa Agricultura Digital, Campinas, SP.

### **Carla Cristiane Osawa**

Bacharel em Química, Química Tecnológica e em Biblioteconomia, mestre em Química, analista da Agricultura Digital, Campinas, SP.

### **Marcos Cezar Visoli**

Cientista da Computação, mestre em Informatique e Systèmes Spécialité Recherche Modèles, Systèmes, Imagerie, Robotique, pesquisador da Embrapa Agricultura Digital, Campinas, SP.

### **Paula Regina Kuser Falcão**

Física, doutora em Cristalografia de Proteínas, pesquisadora da Embrapa Agricultura Digital, Campinas, SP.

### **Tércia Zavaglia Torres**

Bacharel em Administração, doutora em Educação, analista da Embrapa Agricultura Digital, Campinas, SP.

### **Alessandra Rodrigues da Silva**

Bacharel em Biblioteconomia, doutora em Ciência da Informação, analista da Embrapa Sede, Brasília, DF.

## Colaboradores

### **Antonio Nhani Junior**

Biólogo, doutor em Bioquímica, pesquisador da Embrapa Agricultura Digital, Campinas, SP.

### **Felipe Rodrigues da Silva**

Biólogo, doutor em Genética e Biologia Molecular, pesquisador da Embrapa Agricultura Digital, Campinas, SP.

### **Leandro Cintra Carrijo**

Cientista da Computação, doutor em Bioinformática, analista da Embrapa Agricultura Digital, Campinas, SP.

### **Adhemar Zerlotini Neto**

Cientista da Computação, doutor em Bioinformática, pesquisador da Embrapa Agricultura Digital, Campinas, SP.

## Agradecimentos

Os compiladores manifestam reconhecimento e gratidão ao pesquisador Antonio Nhani Júnior e aos analistas Leandro Carrijo Cintra e Luiz Antonio Falaguasta Barbosa, pelas contribuições à elaboração desta compilação de termos para apoiar o processo catalogação de *datasets* ômicos no Repositório de Dados de Pesquisa da Embrapa (Redape). Essas contribuições foram imprescindíveis para que este documento pudesse expressar as especificidades da terminologia inerente à catalogação descritiva de *datasets*, e, dessa forma, contribuir para a melhoria do processo de gestão de dados de pesquisa no Laboratório Multiusuário de Bioinformática da Embrapa (LMB).

## Apresentação

Este trabalho de compilação de termos é fruto de esforços conjuntos realizados no escopo da Ação Gerencial Local (AGL), intitulada “Implantar a gestão de dados de pesquisa na Embrapa Agricultura Digital”, alinhada ao Programa de Governança de Dados de Pesquisa. Desses esforços participaram os membros da equipe do Laboratório Multiusuário de Bioinformática da Embrapa (LMB) e do Grupo de Pesquisa em Computação Científica, Engenharia da Informação e Automação (GCIA), da Embrapa Agricultura Digital.

Trata-se de um documento de natureza terminológica indispensável à ampliação e à popularização do vocabulário técnico associado à Biologia, Bioquímica, Biologia Molecular e Bioinformática, especialmente voltado para catalogação de *datasets* ômicos no Repositório de Dados de Pesquisa da Embrapa (Redape). Neste documento estão reunidos os principais termos biológicos utilizados na linguagem corrente e empregados por catalogadores de *datasets* ômicos.

A publicação tem o propósito de apoiar os catalogadores – autores de *datasets* e bibliotecários, entre outros atores -, na compreensão e apropriação das principais definições, em apoio ao processo de representação descritiva. Além de contribuir para o mapeamento da linguagem corrente praticada pelos catalogadores e demais interessados na catalogação de *datasets* ômicos, a obra beneficiará diretamente a implementação de boas práticas de catalogação.

Ademais, esta compilação de termos é uma contribuição efetiva para a implementação do processo de gestão de dados biológicos na Embrapa,

pois além do seu valor intrínseco, é também uma fonte de informação complementar às orientações para catalogação de *datasets* no Redape, publicadas na série Documentos, pela Embrapa Agricultura Digital.

Destaca-se, ainda, o mérito desta obra que arrola 378 verbetes, acompanhados de definições extraídas da literatura científica, as quais se encontravam dispersas em diferentes fontes bibliográficas e que, a partir de agora, estão reunidas em uma única publicação. O documento traz também uma contribuição para o processo de gestão de dados de pesquisa, visto que oferece à comunidade científica um recurso adicional no apoio a ações de capacitação e divulgação, previstas na Política de Governança de Dados, Informação e Conhecimento da Embrapa (PGDIC).

*Silvia Maria Fonseca Silveira Massruhá*  
Chefe-geral



## Sumário

Introdução.....	9
Como Utilizar a Compilação de Definições .....	12
Termos e Definições .....	13
Índice .....	76
Referências .....	89

## Introdução

Este documento é uma compilação de termos úteis para a catalogação de *datasets*<sup>1</sup> biológicos no Repositório de Dados de Pesquisa da Embrapa (Redape). Nele estão reunidos os vocábulos utilizados na linguagem corrente e empregados nas áreas da Biologia, Bioquímica, Biologia Molecular e Bioinformática, e passíveis de serem utilizados na catalogação de *datasets*.

Trata-se de uma obra de natureza compilatória, cuja finalidade principal é auxiliar os catalogadores (pesquisadores e autores de *datasets*) e os bibliotecários, na tarefa de catalogar *datasets* biológicos no Redape. Precipuamente, esta compilação também oferece a possibilidade de ampliação do vocabulário técnico usual, relacionado ao universo dos dados biológicos, do público-alvo mencionado acima.

Cabe salientar que esta obra não teve a pretensão de normalizar, descrever e representar a terminologia especializada; ou seja, não se tratou e nem se pretendeu apresentar definições terminológicas, mas tão somente contribuir para ampliar e socializar novos entendimentos e conhecimentos voltados para catalogação de dados.

O público-alvo a que se destina este documento é formado por biólogos, bioinformatas, bibliotecários, cientistas da informação, cientistas da computação, cientistas de dados, gestores de dados, produtores de *datasets* e interessados no assunto.

Este documento consolida um trabalho de compilação de termos extraídos de glossários e inúmeras outras fontes especializadas das áreas supracitadas, com vistas a ampliar o conhecimento dos profissionais envolvidos na catalogação de *datasets* ômicos.

A compilação está estruturada de modo a: 1) apresentar os termos selecionados e extraídos de fontes de informação especializadas nas áreas temá-

---

<sup>1</sup> Optou-se pelo uso do termo 'dataset' (no idioma inglês) por considerá-lo apropriado para se referir a coleções de dados estruturados, enquanto conjuntos de dados (a forma traduzida) abarca tanto dados estruturados quanto não estruturados. "Um dataset no Dataverse é um contêiner dos arquivos de dados, da documentação, dos códigos e dos metadados descritivos desse dataset." (Dataverse + file..., 2016, tradução nossa). Ainda no software Dataverse, "Um dataset é composto por metadados, pelos termos de uso (como licenças) e por arquivos." (Rocha et al., 2021, p. 9).

ticas mencionadas; 2) apresentar definições de termos não existentes nos glossários especializados consultados; 3) fornecer referências bibliográficas às citações empregadas na definição de cada termo compilado, de modo a possibilitar a ampliação da compreensão e o conceito deles; 4) proporcionar a exatidão conceitual, indicando a ocorrência de cada termo em diferentes contextos; 5) eliminar ambiguidades e inadequações lógicas da linguagem natural, facilitando a clareza e a interpretação inequívoca.

Dentre as fontes de informação utilizadas nesta compilação, destacam-se: glossários, tesouros, dicionários, taxonomias, livros, artigos de periódicos, teses, dissertações, documentos publicados em sites especializados etc., de origem nacional e internacional. Faz-se oportuno informar que definições e conceitos reunidos nesta compilação foram determinados puramente por razões de conveniência e adequação aos interesses precípuos da catalogação de *datasets*. O critério principal para a inclusão de um termo foi baseado no seu uso corrente pelos profissionais envolvidos com a catalogação de *datasets*.

Termos novos de uso corrente, não localizados nas fontes bibliográficas consultadas, foram criados a partir de definições redigidas com base nas orientações extraídas da leitura das seguintes normas: 1) NBR 13789: terminologia - princípios e métodos - elaboração e apresentação de normas de terminologia (Associação Brasileira de Normas Técnicas, 1997a); 2) NBR 13790: terminologia - princípios e métodos - harmonização de conceitos e termos (Associação Brasileira de Normas Técnicas, 1997b); 3) ABNT: diretiva 2 - regras para estrutura e redação de documentos técnicos ABNT (Associação Brasileira de Normas Técnicas, 2017); 4) ISO 704: *terminology work - principles and methods* (International Organization for Standardization, 2009). As obras consultadas e as obras citadas nesta compilação estão relacionadas no item Referências, ao final deste trabalho.

O trabalho de compilação foi iniciado durante a realização de uma Ação Gerencial Local (AGL), intitulada “Implantar a gestão de dados de pesquisa na Embrapa Agricultura Digital, em alinhamento ao Programa de Governança de Dados de Pesquisa”, conduzida em 2020. Essa AGL teve o objetivo de desenhar e propor melhorias, sob a perspectiva da metodologia de governança de processos da Embrapa, o processo de gestão de dados de pesquisa em curso no Laboratório Multiusuário de Bioinformática da Embrapa (LMB).

Para que se mantenha atualizada, pretende-se que esta compilação seja revisada periodicamente, com a inclusão de novos termos. Acredita-se que o conjunto de termos e definições constantes desta compilação possa servir de subsídios para a Comissão Permanente de Trabalho em Vocabulários Controlados, Agroterminologias e Agrossemântica da Embrapa (GTermos).

## Como Utilizar a Compilação de Definições

Os verbetes estão organizados em ordem alfabética, palavra por palavra, e estruturados da seguinte forma:

**Entrada + Definição** ou » ± **Remissiva da Definição** ± **Citação**.

A **Entrada** representa a unidade linguística que possui conteúdo semântico da expressão terminológica na linguagem de especialidade. É o termo propriamente dito, o termo principal ou, eventualmente, um termo remissivo. (Brasil, 2013).

A **Definição** estabelece o sistema de distinções recíprocas que servem para descrever conceitos pertinentes aos termos (Brasil, 2013). É o conteúdo que descreve os conceitos pertinentes aos termos (Entrada).

A **Remissiva da Definição** ‘Ver’ esclarece sobre a relação de complementaridade entre termos, por exemplo: uma remissiva para um termo sinônimo. “A remissiva ‘Ver’ é feita do termo não definido para o verbete com definição.” (Cunha; Cavalcanti, 2008, p. viii).

A **Citação** fornece a menção, na Definição, de informação extraída de uma fonte, indicando autor(es), ano de publicação e página(s).

## Termos e Definições

### Ácido nucleico

“Os ácidos nucleicos são as principais moléculas portadoras de informação da célula e, ao dirigir o processo de síntese de proteínas, determinam as características herdadas de cada ser vivo. As duas principais classes de ácidos nucleicos são o ácido desoxirribonucleico (DNA) e o ácido ribonucleico (RNA). O DNA constitui o principal material genético em todos os organismos vivos e na maioria dos vírus. O RNA é o material genético de certos vírus, mas também se encontra em todas as células vivas, onde desempenha um papel importante em certos processos, tais como a síntese de proteínas.” (Roberts, 2021, tradução nossa).

Polímero de nucleotídeos.

Ver **DNA (Deoxyribonucleic acid)** e **RNA (Ribonucleic acid)**.

### Ácido ribonucleico

“[...] material que contém informações em alguns vírus; de modo geral, uma molécula derivada do DNA por transcrição que pode levar informações (RNA mensageiro ou mRNA), garantir a estrutura subcelular (RNA ribossômico ou rRNA), transportar aminoácidos (RNA de transferência ou tRNA) ou facilitar a modificação bioquímica própria ou de outras moléculas de RNA.” (Snustad; Simmons, 2017).

“Ácido nucleico unifilamentar similar ao DNA, mas que tem o açúcar ribose em vez de desoxirribose e uracila em vez de timina como uma das bases.” (Griffiths et al., 2013, p. 684).

“Polímero de nucleotídeos conectados por um esqueleto de ribose-fosfato; envolvido na síntese de proteínas ou como material genético de alguns vírus.” (Madigan et al., 2016, p. 943).

Ver **RNA (Ribonucleic acid)** e **DNA (Deoxyribonucleic acid)**.

### Adaptação

“Processo em que um organismo, população ou espécie tornam-se ajustados ao ambiente, podendo envolver mudanças morfológicas, bioquímicas, fisiológicas ou comportamentais no indivíduo, tornando-o capaz de sobreviver e reproduzir, em comparação com outros membros da mesma espécie.” (Torres et al., 2000, p. 11).

### Alelo

“Uma das diferentes formas de um gene que pode existir em um único locus.” (Griffiths et al., 2013, p. 673).

“Variante de um gene polimórfico em determinado locus genético.” (Delves et al., 2013, p. 529).

## **Alelos**

“Alternativas de um gene situadas em um mesmo loco em cromossomos homólogos e responsáveis pelas diferentes manifestações fenotípicas de um caráter.” (Valois et al., 1996, p. 11).

## **Alignment**

Ver **Alinhamento**.

## **Alinhamento**

“Um alinhamento é uma representação da similaridade entre duas sequências de nucleotídeos ou proteínas. No caso de sequências de proteínas, os aminoácidos derivados de sequências ancestrais são levados em consideração no alinhamento para levar em conta a sequência conservada.” (Alignment, 2019, p. 405, tradução nossa).

Um alinhamento consiste em um arranjo entre sequências de nucleotídeos ou aminoácidos (proteínas) e tem por objetivo identificar regiões de similaridade entre as sequências analisadas, as quais podem indicar a existência de alguma relação entre elas. (Mount, 2004).

## **Alinhamento de sequência**

“A inserção de espaçamentos (*gaps*) em um conjunto de sequências moleculares alinhadas, de modo que as posições homólogas são organizadas em colunas verticais. O alinhamento é necessário antes da análise filogenética, uma vez que a eliminação e inserção de mutações provocam variações no comprimento das sequências moleculares.” (Madigan et al., 2016, p. 943).

## **Aminoácidos**

“Moléculas básicas de construção de peptídeos e proteínas. A sequência de aminoácidos em uma proteína é determinada pela sequência do códon do RNA.” (Amino..., 2019, p. 405, tradução nossa).

“Substância orgânica que contém grupamentos carboxila (COOH) e amina (NH<sub>2</sub>) e que são os constituintes das proteínas. Existem vinte aminoácidos diferentes que participam da síntese de proteínas.” (Ramalho et al., 2012, p. 526).

## **Análise de sequência de DNA**

Ver **Sequenciamento de DNA**.

## **Análise de sequência de RNA**

Ver **RNA-Seq**.

### **Anotação**

“Identificação de todos os elementos funcionais de um genoma particular.” (Griffiths et al., 2013, p. 673).

### **Antibiótico**

“Substância química produzida por um microrganismo, que causa a morte ou inibe o crescimento de outros microrganismos.” (Madigan et al., 2016, p. 943.)

### **Anticódon**

“Sequência de três bases presentes no RNA de transferência, que se pareiam com o códon durante a síntese proteica.” (Madigan et al., 2016, p. 943).

“Uma sequência específica de três nucleotídeos em uma molécula de tRNA, que é complementar ao códon de um aminoácido na cadeia de mRNA.” (Cox et al., 2012, p. 832).

### **Anticorpo**

“Proteína (imunoglobulina) produzida pelo sistema imune, que reconhece uma substância particular (antígeno) e se liga a ela.” (Griffiths et al., 2013, p. 673).

“Proteína solúvel produzida por linfócitos B e plasmócitos, que interage especificamente com o antígeno. Também chamada de imunoglobulina.” (Madigan et al., 2016, p. 943).

“Os anticorpos são conhecidos comumente como imunoglobulinas (proteínas imunes). Existem cinco classes de anticorpos ou imunoglobulinas, que são descritas como imunoglobulina G (IgG), IgM, IgA, IgD e IgE. Todas essas classes possuem a estrutura básica de quatro cadeias do anticorpo, mas diferem quanto às suas cadeias pesadas denominadas  $\gamma$ ,  $\mu$ ,  $\alpha$ ,  $\delta$ , e  $\epsilon$ , respectivamente. [...] a IgG e a IgE geralmente são monoméricas, enquanto a IgM é um pentâmero. A IgA é encontrada predominantemente como um monômero no soro e um dímero nas secreções seromucosas.” (Delves et al., 2013, p. 55, 57).

### **Antígeno**

“Molécula capaz de interagir com componentes específicos do sistema imune.” (Madigan et al., 2016, p. 944).

### **Antimicrobiano**

“Nocivo aos microrganismos, seja causando a morte seja inibindo o crescimento.” (Madigan et al., 2016, p. 943).



**Antisséptico (germicida)**

“Agente químico que mata ou inibe o crescimento de microrganismos, sendo suficientemente atóxico para ser aplicado em tecidos vivos.” (Madigan et al., 2016, p. 944).

**Archaea**

“Procariotos filogeneticamente relacionados, distintos de *Bacteria*.” (Madigan et al., 2016, p. 944).

**Arqueobactéria**

“As arqueobactérias consistem em um grupo de microrganismos considerados uma forma de vida ancestral que evoluiu separadamente das bactérias e das algas verdes, sendo às vezes classificadas como um reino.” (Joseph, 2017, p. 209). Os termos Archea e Archaea (Arqueobactéria) são intercambiáveis.

**Assembly**

“Conjunto de cromossomos, sequências não localizadas e não colocadas (aleatórias) e *loci* alternativos usados para representar um genoma do organismo.” (Assembly, 2019, p. 406, tradução nossa).

**Associação ampla do genoma (*Genome Wide Association (GWA)*)**

Mapeamento de associação em que se usam *loci* marcadores por todo o genoma. (Griffiths et al., 2013, p. 674).

**ATP (trifosfato de adenosina)**

O ATP é o intermediário químico compartilhado que conecta os processos celulares consumidores e fornecedores de energia. Seu papel na célula é análogo ao do dinheiro na economia: ele é “produzido/adquirido” nas reações exergônicas e “gasto/consumido” nas endergônicas. (Nelson; Cox, 2014, p. 28).

“Molécula energética da célula sintetizada principalmente nas mitocôndrias e cloroplastos.” (Ramalho et al., 2012, p. 527).

**Autoimunidade**

“Reações imunes de um hospedeiro contra seus próprios antígenos.” (Madigan et al., 2016, p. 944).

### **Autônomo**

“Termo usado para designar toda unidade biológica que tem função independente, ou seja, sem a ajuda de outra unidade. Por exemplo, um elemento transponível que codifica uma enzima para sua própria transposição (cf. **Não autônomo**).” (Snustad; Simmons, 2017).

### **Autotrófico**

“Organismo capaz de crescer utilizando o CO<sub>2</sub> como única fonte de carbono.” (Madigan et al., 2016, p. 944).

Organismo que requer somente moléculas inorgânicas simples (dióxido de carbono) para a síntese de seus constituintes celulares a partir da luz (fototróficos) ou de re-ações químicas inorgânicas (quimitrófico). (Van Aken; Doty, 2009).

### **Bactéria**

“Grupo de organismos procarióticos unicelulares, pertencentes à divisão protista. As bactérias são os menores organismos que possuem uma estrutura celular, apresentando um diâmetro médio de 1 µm com tamanho variando entre 0,1 a 10 µm. São encontradas no solo, água ou como parasitas ou saprófitas de plantas e animais.” (Torres et al., 2000, p. 19).

“Procariotos relacionados filogeneticamente, distintos de *Archaea*.” (Madigan et al., 2016, p. 944).

### **Bacteriófago**

“Partícula viral que infecta as bactérias para sua multiplicação, ocasionando a destruição do seu hospedeiro.” (Ramalho et al., 2012, p. 528).

“Vírus que infecta células procarióticas.” (Madigan et al., 2016, p. 944).

### **Banco de dados biológicos**

“Coleções de informação de ciências biológicas sobre investigações científicas, experimentos de alto rendimento, literatura disponível e análise computacional [...]”. (Bhatt et al., 2018, p. 3, tradução nossa).

“Conjunto grande e organizado de dados persistentes, geralmente associados a um software projetado para atualizar, consultar e recuperar componentes dos dados armazenados no sistema. Banco de dados simples pode ser um único arquivo contendo muitos registros, cada um dos quais incluindo o mesmo conjunto de informações. Exemplo: banco de dados de sequência de nucleotídeos, que geralmente contém informações como: nome de contato; sequência de entrada com uma descrição do tipo de molécula; nome científico do organismo de origem do qual foi isolado; e, frequentemente, citações da literatura associada à sequência.” (What..., 2002, tradução nossa).

### **Banco de germoplasma**

“Local onde são mantidas coleções de indivíduos visando a preservar a variabilidade genética existente em uma ou mais espécies. No banco de germoplasma, a manutenção da variabilidade pode ser feita utilizando sementes, propágulos ou o próprio indivíduo.” (Ramalho et al., 2012, p. 528).

### **Biblioteca de DNA**

“Uma coleção de fragmentos de DNA clonados.” (Cox et al., 2012, p. 832).

“População de fragmentos de DNA prontos para o sequenciamento. Dependendo da aplicação, os fragmentos são obtidos por métodos de fragmentação de DNA, como nebulização, digestão com enzimas de restrição ou sonicação [...], ou gerados por amplificação por PCR (sequenciamento de amplicons).” (Herzyk, 2014, p. 126, tradução nossa).

### **Biblioteca genômica**

“Uma biblioteca de DNA que contém segmentos representativos de todas (ou quase todas) as sequências presentes no genoma de um organismo.” (Cox et al., 2012, p. 832).

### **Bioensaio**

“Método de medição dos efeitos de uma substância biologicamente ativa usando um organismo vivo ou tecidos *in vitro* ou modelo de célula sob condições controladas.” (Bioassays, 2021, tradução nossa).

### **Biogeoquímica**

“Estudo de transformações químicas de interesse geoquímico, mediadas por microrganismos, por exemplo, o ciclo do nitrogênio ou do enxofre.” (Madigan et al., 2016, p. 945).

### **Bioinformata**

“Profissional com conhecimentos sobre os problemas biológicos, capaz de analisá-los e a partir dos resultados encontrados criar métodos para explicá-los. [...] o bioinformata precisa ter familiaridade com os princípios e técnicas laboratoriais da Biologia Molecular, além de domínio da Ciência da Computação.” (Alves, 2013, p. 4-5).

### **Bioinformática**

“[...] campo interdisciplinar que aplica abordagens computacionais para a coleta, armazenamento, manipulação e análise de dados biológicos, incluindo grandes conjuntos de dados, para fazer descobertas biológicas ou previsões. No mínimo, abrange ciência da computação, biologia, genética, genômica, estatística, matemática e engenharia para interpretar dados biológicos. Está intimamente relacionada à biologia computacional.” (Bioinformatics, 2019, p. 407, tradução nossa).

### **Biologia computacional**

“[...] envolve o desenvolvimento e a aplicação de métodos analíticos e teóricos de dados, algoritmos, modelagem matemática e técnicas de simulação computacional para a compreensão de sistemas biológicos e para previsões e descobertas de dados biológicos, incluindo grandes conjuntos de dados. O campo tem suas origens na ciência da computação, matemática aplicada, estatística, biofísica, genômica, biologia molecular e muitas áreas da biologia. Está intimamente relacionado à bioinformática.” (Computational..., 2019, p. 410, tradução nossa).

“[...] qualquer técnica computacional aplicada que busca solucionar problemas da Biologia. [...] Dentre as áreas de abrangência da Biologia Computacional, tais como bioinformática que abriga bancos de dados sobre sequências de DNA, RNA e proteínas; biomodelagem computacional, um campo da biocibernética para a construção de modelos computacionais de sistemas biológicos; simulação molecular, que lida com métodos teóricos e técnicas computacionais para modelar o comportamento de biomoléculas; biologia sistêmica, que modela redes de interação biológica, destaca-se a área que trata especificamente do planejamento e desenho de novas drogas, fármacos e agroquímicos ou agro defensivos in silico.” (Jardine et al., 2014, p. 101).

### **Biologia de sistemas**

“Em bioquímica ou biologia molecular, o estudo de sistemas complexos, integrando funções das macromoléculas em uma célula (RNA, DNA, proteínas).” (Cox et al., 2012, p. 833).

### **Biologia molecular**

“O estudo das macromoléculas celulares essenciais, incluindo DNA, RNA e proteínas, e das vias biológicas entre elas.” (Cox et al., 2012, p. 833).

### **Biopolímeros**

“Polímeros constituídos de substâncias produzidas por microrganismos (e assim, biodegradáveis), tais como poli-hidroxialcanoatos.” (Madigan et al., 2016, p. 945).

Macromoléculas que ocorrem naturalmente, produzidas geralmente a partir de sistemas vivos, incluindo plantas, animais e microorganismos. (Yadav et al., 2015, p. 21).

### **Biossegurança**

“Termo genérico que envolve estudos e normas para o controle e a minimização de riscos biológicos advindos da prática de diferentes tecnologias. Por exemplo, os laboratórios são classificados de acordo com o risco que oferecem para os seres humanos e o ambiente. Para cada classe de laboratório, existe uma série de normas específicas, desde infraestrutura básica até procedimentos laboratoriais que devem ser realizados, de maneira que todo o tipo de risco advindo das atividades praticadas no laboratório seja minimizado. Quando se introduz um organismo geneticamente modificado no ambiente, devem ser realizados estudos para tentar prever as alterações ambientais que esse organismo possa causar, como modificações de cadeias alimentares, transferência de transgenes para outras espécies, toxidez e alergenicidade para animais que se utilizam dessa planta como alimento etc. No Brasil, existe uma legislação de biossegurança específica para a manipulação de organismos geneticamente modificados.” (Torres et al., 2000, p. 21).

### **Biossíntese**

“Produção de constituintes celulares necessários, a partir de outras moléculas (geralmente mais simples).” (Madigan et al., 2016, p. 945).

### **Biotecnologia**

“Conjunto de técnicas que utiliza seres vivos, ou parte desses, para produzir ou modificar produtos, aumentar a produtividade de plantas e animais de maneira eficiente ou, ainda, produzir microrganismos para usos específicos. A biotecnologia inclui as tecnologias de engenharia genética, DNA recombinante, manipulação de células e embriões.” (Torres et al., 2000, p. 22-23).

“[...] conceitualmente, a união de biologia com tecnologia – é um conjunto de técnicas que utiliza os seres vivos, ou parte desses, no desenvolvimento de processos e produtos que tenham uma função econômica e (ou) social. A biotecnologia envolve várias áreas do conhecimento e, em consequência, vários profissionais, sendo uma ciência de natureza multidisciplinar.” (Faleiro et al., 2011, p. 13).

“Utilização de organismos, geralmente modificados geneticamente, com finalidades industriais, médicas ou agrícolas.” (Madigan et al., 2016, p. 945).

### **BLAST**

Acrônimo de *Basic Local Alignment Search Tool*. Algoritmo de comparação de sequências biológicas (nucleotídeos e aminoácidos), usado para realizar buscas em bancos de dados de sequências e executar alinhamentos locais contra uma sequência analisada. (Blast, 2019, p. 407).

## **Câncer**

Classe de doença que se caracteriza pela proliferação rápida e descontrolada de células em um tecido de um eucarioto com múltiplos tecidos. Acredita-se que os cânceres em geral sejam doenças genéticas de células somáticas, que surgem em decorrência de mutações sequenciais que criam oncogenes e inativam genes supressores de tumor. (Griffiths et al., 2013, p. 674).

## **Carcinogênico**

“Uma substância que promove a iniciação da formação de um tumor. Frequentemente é um agente mutagênico.” (Madigan et al., 2016, p. 945).

## **Carga viral**

“Número de cópias de um genoma viral presente no tecido de um hospedeiro infectado, que permite uma avaliação quantitativa do número de vírus presentes em um hospedeiro.” (Madigan et al., 2016, p. 945).

## **Carrapato-do-boi**

Nome comum atribuído ao carrapato *Rhipicephalus (B.) microplus*. Parasita que tem “[...] os bovinos como principal hospedeiro, podendo ser encontrado parasitando outros animais como, equinos, ovinos e até mesmo cervídeos que compartilhem o ambiente dos bovinos. [...] os animais de raças taurina (*Bos taurus*) e seus cruzamentos são os mais afetados por essa espécie de carrapato.” (Garcia et al., 2019, p. 18).

## **cdNA (DNA complementar)**

“Molécula de DNA sintetizada in vitro a partir de um molde de RNA.” (Snustad; Simmons, 2017).

“É o DNA transcrito a partir de um RNA usando a enzima transcriptase reversa.” (Ramalho et al., 2012, p. 529).

“Cópia do DNA a partir de uma molécula de RNA mensageiro (RNAm), produzida pela transcriptase reversa, uma DNA polimerase que pode usar DNA ou RNA como template.” (Hastings, 2001, p. 433, tradução nossa).

## **Célula B**

“Linfócito que possui imunoglobulinas receptoras na superfície, pode diferenciar-se em um plasmócito que produz imunoglobulina e pode apresentar antígenos às células T.” (Madigan et al., 2016, p. 945).

População de células (também chamadas de linfócitos B) que expressam receptores de superfície (as imunoglobulinas ou anticorpos), os quais reconhecem epítomos antigênicos. São também responsáveis pela apresentação de antígenos durante a resposta imune humoral. (LeBien; Tedder, 2008).

**Célula B de memória**

“Célula B de vida longa, responsiva a um antígeno individual.” (Madigan et al., 2016, p. 945).

**Célula T**

“Linfócito que interage com os antígenos por meio de um receptor de célula T específico; as células T podem ser divididas em subconjuntos funcionais incluindo as células T do tipo Tc (citotóxicas) e Th (auxiliares). As células Th são ainda subdivididas em Th1 (inflamatórias) e Th2, que auxiliam as células B na formação dos anticorpos.” (Madigan et al., 2016, p. 945).

**Células-tronco**

“As células em organismos multicelulares que preservam a capacidade de se dividirem e se diferenciarem em outros tipos celulares.” (Cox et al., 2012, p. 833).

“Células capazes de desenvolver-se em inúmeros tipos celulares finais.” (Madigan et al., 2016, p. 945).

**Cístron**

“Sequência de DNA que codifica uma cadeia polipeptídica - unidade de função genética.” (Ramalho et al., 2012, p. 529).

**Citocromo**

“Porfirina contendo ferro, complexada a proteínas, que atua como carreador de elétrons no sistema de transporte de elétrons.” (Madigan et al., 2016, p. 945).

Proteína que contém heme como grupo prostético e cuja principal função biológica nas células de animais, plantas e microrganismos é o transporte de elétrons. (Tuppy; Kreil, 2013).

Proteína com absorção caracteristicamente forte de luz visível, devido aos seus grupos prostéticos heme contendo ferro (Nelson; Cox, 2014, p. 735).

**Citogenética**

“O estudo dos cromossomos e seu papel na hereditariedade.” (Cox et al., 2012, p. 834).

**Citologia**

“O estudo das células e das estruturas celulares.” (Cox et al., 2012, p. 834).

### **Clonagem de DNA**

“Processo de amplificação de uma sequência de DNA específica.” (Snustad; Simmons, 2017).

### **Clonagem gênica**

“Incorporação de um gene de interesse em uma molécula de DNA autorreplicante e amplificação da molécula de DNA recombinante resultante em uma célula hospedeira apropriada.” (Snustad; Simmons, 2017).

### **Clonagem molecular**

“Isolamento e incorporação de um fragmento de DNA em um vetor, onde este possa ser replicado.” (Madigan et al., 2016, p. 945).

### **Clonagem (gene)**

“Produção de muitas cópias de um gene ou de uma sequência específica de DNA.” (Snustad; Simmons, 2017).

### **Clone**

“Todos os indivíduos originados de propagação vegetativa de um único indivíduo original. Em biologia molecular, uma população de moléculas de DNA idênticas que apresentam uma sequência de DNA específica de um organismo.” (Snustad; Simmons, 2017).

“Na imunologia, refere-se a uma cópia de um linfócito antígeno-reativo, geralmente produzida em grande número. Também se refere ao número de cópias de um fragmento de DNA, obtido ao permitir-se que um fragmento de DNA inserido seja replicado por um fago ou plasmídeo.” (Madigan et al., 2016, p. 945).

### **Código genético**

“Estabelece a correspondência entre a sequência de bases no ácido nucléico e a sequência de aminoácidos na proteína. Pode ser definido como o conjunto dos 64 códons com os seus correspondentes aminoácidos. O código genético é degenerado; ou seja, a maior parte dos aminoácidos é codificado por mais de um códon distinto. Também é considerado universal, mas existem algumas exceções, por exemplo, UAG codifica para ácido glutâmico em ciliados, ao invés de funcionar como um códon de terminação no código universal.” (Torres et al., 2000, p. 30-31).

“Conjunto de correspondências entre trinças de nucleotídeos no RNA e aminoácidos na proteína.” (Griffiths et al., 2013, p. 674).



“É o processo pelo qual a informação presente no DNA é utilizada para ordenar os diferentes aminoácidos na síntese de uma cadeia polipeptídica, por meio das 64 trincas possíveis arranjadas a partir dos quatro diferentes nucleotídeos do mRNA.” (Ramalho et al., 2012, p. 530).

“O conjunto de trincas de nucleotídeos na cadeia de DNA (ou de mRNA) que codifica os aminoácidos de uma proteína.” (Cox et al., 2012, p. 834).

“Correspondência entre a sequência de ácidos nucleicos e a sequência de aminoácidos de proteínas.” (Madigan et al., 2016, p. 946).

“O conjunto de 64 trinucleotídios que especificam os 20 aminoácidos e o início e o término da cadeia polipeptídica.” (Snustad; Simmons, 2017).

### **Códon**

“Conjunto de três nucleotídeos adjacentes em uma molécula de mRNA que especifica a incorporação de um aminoácido a uma cadeia polipeptídica ou que indica o término da síntese do polipeptídeo.” (Snustad; Simmons, 2017).

“Trecho do RNA (do tamanho de três nucleotídeos) que codifica um único aminoácido.” (Griffiths et al., 2013, p. 674).

### **Coenzima**

“Molécula de pequena massa molecular que participa de uma reação enzimática, recebendo ou doando elétrons ou grupos funcionais. Exemplos: NAD<sup>+</sup>, FAD.” (Madigan et al., 2016, p. 945).

### **Coexpressão**

“O termo ‘coexpressão’ se refere à similaridade de padrões de expressão gênica em uma variedade de condições experimentais. Em análise de coexpressão, a similaridade de perfis de expressão gênica é medida usando coeficientes de correlação ou quaisquer outras medidas de distância. Se a correlação entre dois genes estiver acima de um determinado limiar, os genes podem estar conectados para gerar uma rede. Uma rede de coexpressão ilustra padrões de correlação entre genes, e, assim, representa a complexidade de uma rede celular transcricional.” (Aoki et al., 2007, p. 381-382, tradução nossa).

### **Cofator**

“Um íon inorgânico, ou coenzima, necessário para a atividade enzimática.” (Cox et al., 2012, p. 834).

Íon metálico envolvido na atividade catalítica de uma enzima, como, por exemplo, o íon magnésio. O magnésio é um cofator essencial para algumas enzimas, incluindo a DNA polimerase, onde auxilia na formação das ligações fosfodiéster do esqueleto do DNA. (Cofactors..., 2021).

### **Conformação molecular**

“[...] é a disposição dos átomos no espaço que pode ser mudada por rotação em torno de ligações simples, sem quebrar ligações covalentes.” (Nelson; Cox, 2014, p. 20).

### **Controle biológico**

“Eliminação parcial ou total de uma população de patógenos, pragas e plantas daninhas por outros organismos vivos (insetos, bactérias, fungos e vírus), ou por produtos biológicos, como os hormônios.” (Torres et al., 1999, p. 5; Torres et al., 2000, p. 34).

### **Cromossomo**

“Estrutura nucleoprotéica situada no núcleo e observada durante as divisões celulares. É a base física dos genes nucleares, os quais possuem uma disposição linear ao longo deste. Cada espécie possui um número que lhe é peculiar.” (Valois et al., 1996, p. 22).

### **Crossing over**

“Processo no qual os cromossomos trocam material por meio da quebra e reunião de suas moléculas de DNA.” (Snustad; Simmons, 2017).

Ver **Recombinação**.

### **Cultivar**

“Forma cultivada de alguma espécie. Em agricultura, é normalmente utilizada como sinônimo de variedade.” (Ramalho et al., 2012, p. 532).

### **Cultura**

“Linhagem ou tipo particular de um organismo crescendo em um meio de cultura laboratorial.” (Madigan et al., 2016, p. 947).

### **Dados**

“[...] um conjunto de registros qualitativos ou quantitativos, conhecido, que organizado, agrupado, categorizado e padronizado adequadamente transforma-se em informação.” (Miranda, 1999 citado por Russo, 2010, p. 14).

“Dados são elementos brutos, sem significado, desvinculados da realidade; correspondem a “observações sobre o estado do mundo”, são símbolos e imagens que não dissipam nossas incertezas.” (Davenport, 1998 citado por Russo, 2010, p. 14).

“Os dados podem ser totalmente descritos por meio de representações formais, estruturais. Por serem quantificados ou quantificáveis, eles podem ser armazenados em um computador e processados por ele, o que é feito por meio de programas. [...] dados são sinais que não foram processados, correlacionados, integrados, avaliados ou interpretados de qualquer forma, e, por sua vez, representam a matéria-prima a ser utilizada na produção de informações” (Russo, 2010, p. 15).

“Sequência de símbolos ou valores, produzidos como resultado de um processo natural ou artificial e representados em qualquer meio.” (Embrapa, 2019, p. 7).

No contexto digital, “[...] dados podem ser considerados como todo objeto criado em formato digital (*digital born*) ou convertido para formato digital (digitalizados) que possa ser usado para geração de insights de conhecimento”. (Semeler; Pinto, 2019, p. 118).

### **Dados biológicos**

“Os dados biológicos referem-se a um composto ou informação derivada de organismos vivos e seus produtos. Um composto medicinal feito de organismos vivos, como um soro ou uma vacina, pode ser caracterizado como dados biológicos. Os dados biológicos são altamente complexos quando comparados com outras formas de dados.” (Biological..., 2021, tradução nossa).

### **Dados ômicos**

Dados gerados pelas tecnologias de sequenciamento de alto rendimento, que permitem extrair informações genômicas, transcriptômicas e proteômicas em grande escala de maneira rápida, confiável e barata, sendo também conhecidos como dados multi-ômicos. Alguns tipos de dados ômicos que podem ser extraídos da: - Genômica: 1) polimorfismos de nucleotídeo único; 2) variantes raras; 3) variação no número de cópia); - Epigenômica: 1) metilação de DNA; - Transcriptômica: 1) expressão de RNA mensageiro (mRNA); 2) expressão de micro RNA (miRNA); 3) expressão de RNA longo não codificante (lncRNA); - Proteômica: 1) expressão de proteína. (Antonelli et al., 2019, p. 267-268).

### **Datasets ômicos**

*Datasets* gerados por tecnologias de sequenciamento de alto rendimento, que permitem extrair informações genômicas, transcriptômicas e proteômicas. (Antonelli et al., 2019).

### **DDBJ**

Acrônimo de *DNA Data Bank of Japan*. Fornece serviços de dados públicos, coletando dados de sequência de nucleotídeos de pesquisadores membros do *International Nucleotide Sequence Database Collaboration (INSDC)*, em colaboração com o *National Center for Biotechnology Information (NCBI)* e o *European Bioinformatics Institute (EBI)*. (Mashima et al., 2017).

### **Desnaturação**

“Desenovelamento total ou parcial de uma conformação nativa específica de uma cadeia polipeptídica, proteína, ou ácido nucleico, acarretando a perda da função da molécula.” (Cox et al., 2012, p. 837).

### **Desoxirribose**

“O açúcar pentose na estrutura do DNA.” (Griffiths et al., 2013, p. 675).

### **Desvio padrão**

“Parâmetro estatístico que expressa o desvio médio de um conjunto de dados em torno da média. Corresponde à raiz quadrada da variância.” (Ramalho et al., 2012, p. 529).

### **Dimorfismo**

“Duas formas diferentes em um grupo em relação a características como sexo, tamanho ou coloração.” (Snustad; Simmons, 2017).

### **Diploide**

“Em eucariotos, refere-se a um organismo ou uma célula contendo dois conjuntos de cromossomos, sendo cada um derivado de cada gameta haploide.” (Madigan et al., 2016, p. 947).

### **DNA (*Deoxyribonucleic acid*)**

“Ácido desoxirribonucleico (DNA): Material genético básico da maioria dos organismos. O DNA consiste das sequências de quatro monômeros de nucleotídeos ligados covalentemente, os monofosfatos de desoxiadenosina (dAMP), desoxiguanosina (dGMP), desoxicitidina (dCMP) e desoxitimidina (dTMP). A molécula de DNA é polar, constituída por duas fitas complementares, antiparalelas, possuindo número variável de nucleotídeos. A configuração espacial do DNA é uma dupla hélice. Contém as informações genéticas determinantes dos caracteres hereditários transmitidos à descendência mediante a codificação da sequência de aminoácidos em polipeptídeos e proteínas.” (Torres et al., 2000, p. 9

“Cadeia de nucleotídeos ligados (tendo a desoxirribose como seu açúcar). Duas dessas cadeias em forma de dupla hélice são a substância fundamental que compõe os genes.” (Griffiths et al., 2013, p. 676).

### **Doença**

“Dano a um hospedeiro, provocado por um patógeno ou outro fator, prejudicando suas funções.” (Madigan et al., 2016, p. 948).

**Doença emergente**

“Doença infecciosa cuja incidência aumentou recentemente ou cuja incidência se encontra em vias de aumentar em um futuro próximo.” (Madigan et al., 2016, p. 948).

**Doença endêmica**

“Doença que está constantemente presente, normalmente em baixos números, em uma população. *Comparar com Epidemia.*” (Madigan et al., 2016, p. 948).

**Doença reemergente**

“Doença infecciosa, previamente sob controle, que desencadeia uma nova epidemia.” (Madigan et al., 2016, p. 948).

**Dominante**

“O alelo que determina um fenótipo em um indivíduo heterozigoto.” *Comparar com Recessivo.* (Cox et al., 2012, p. 838).

**EBI**

Acrônimo de *European Bioinformatics Institute*, vinculado ao *European Molecular Biology Laboratory* (EMBL). Disponibiliza gratuitamente dados biológicos públicos para a comunidade científica por meio de uma variedade de serviços e ferramentas. Realiza pesquisas básicas e fornece treinamento para profissionais em bioinformática. (European Molecular Biology Laboratory, 2021b).

**Ectoparasitas**

“Parasitas que vivem na superfície de um animal, tais como carrapatos e ácaros. (Abbas et al., 2015, p. 473).

**Eletroforese**

“Migração de partículas suspensas em um campo elétrico.” (Snustad; Simmons, 2017).

“Técnica para separação de ácidos nucleicos ou proteínas, que diferem em tamanho e carga, com base na sua mobilidade quando submetidos a um campo elétrico. As moléculas que compõem a amostra são então separadas de acordo com sua mobilidade relativa.” (Torres et al., 1999, p. 7).

“[...] como um método analítico, a eletroforese é extremamente importante. Sua vantagem é que as proteínas podem ser visualizadas, bem como separadas, permitindo ao pesquisador estimar rapidamente o número de proteínas diferentes em uma mistura ou o grau de pureza de uma preparação proteica específica. A eletroforese também pode ser utilizada para determinar propriedades cruciais de uma proteína, tal como seu ponto isoelétrico, e estimar sua massa molecular.” (Nelson; Cox, 2014, p. 93).

### **Eletroforese em gel**

“Uma técnica utilizada para a separação de misturas de grandes moléculas com carga elétrica, como proteínas ou ácidos nucleicos, fazendo com que se desloquem através de uma matriz de gel submetida a um campo elétrico.” (Cox et al., 2012, p. 838).

### **ELISA (ensaio imunossorvente ligado à enzima)**

“Ensaio para detecção ou quantificação de um antígeno ou anticorpo usando um ligante (p. ex., uma anti-imunoglobulina) conjugado a uma enzima que altera a cor de um substrato.” (Delves et al., 2013, p. 532).

### **EMBL**

Acrônimo de *European Molecular Biology Laboratory*, uma organização intergovernamental composta por membros de 27 países europeus; tem a missão de promover a pesquisa em biologia molecular na Europa, treinar jovens cientistas e desenvolver tecnologias de ponta para uma ampla gama de serviços científicos e experimentais. Atualmente, emprega 1.800 pessoas distribuídas em 80 grupos de pesquisa independentes, situados em Barcelona, Grenoble, Hamburgo, Heidelberg, Hinxton, UK e Roma. (European Molecular Biology Laboratory, 2021a).

### **Engenharia genética**

“[...] refere-se ao conjunto de técnicas de biologia e genética molecular que resulta na construção de moléculas de DNA quiméricas ou recombinantes.” (Faleiro et al., 2011, p. 438).

### **Enovelamento de proteínas**

“O processo pelo qual uma cadeia polipeptídica alcança sua conformação biológica ativa.” (Cox et al., 2012, p. 839).

### Entrez

“Entrez é o sistema de busca e recuperação baseado em texto usado no *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) para todas as principais bases de dados, incluindo *PubMed*, *Nucleotide and Protein Sequences*, *Protein Structures*, *Complete Genomes*, *Taxonomy* e muitas outras. Entrez é ao mesmo tempo um sistema de indexação e recuperação, uma coleção de dados de muitas fontes e um princípio de organização para informações biomédicas.” (Ostell, 2019, p. 371, tradução nossa).

### Enzima

“Molécula biológica catalisadora de uma reação específica. A maioria das enzimas são proteínas, excetuando-se alguns RNAs, denominados ribozimas, que também possuem atividade catalítica.” (Torres et al., 1999, p. 8).

“Um catalisador, normalmente composto por proteínas, que promove reações ou grupos de reações específicas.” (Madigan et al., 2016, p. 948).

### Epidemia

“Doença que ocorre simultaneamente em um grande número de indivíduos de uma população.” (Madigan et al., 2016, p. 948).

Ver **Doença endêmica**.

### Epidemiologia

“Epidemiologia é o estudo da ocorrência, distribuição e de determinantes de doença e saúde em uma população; ela lida com a **saúde pública**, a saúde da população como um todo.” (Madigan et al., 2016, p. 828).

### Epigenético

“[Relativo a] qualquer processo que altera a atividade gênica sem mudanças na sequência do DNA, levando a modificações que podem ser transmitidas às células filhas.” (Weinhold, 2006, p. A163, tradução nossa).

### Espécie

“[...] população natural, com características fenotípicas semelhantes, transmissíveis hereditariamente, e isolada reprodutivamente de outros grupos semelhantes. A espécie é a unidade básica de classificação dos seres vivos.” (Castro; Egito, 2012, p. 10).

“Intercruzamento, populações naturais que são isoladas reprodutivamente de outros grupos do mesmo tipo.” (Snustad; Simmons, 2017).

### **Especificidade**

“Capacidade da resposta imune interagir com antígenos individuais. Capacidade de um teste diagnóstico ou de pesquisa em identificar um patógeno específico.” (Madigan et al., 2016, p. 948).

“Uma característica cardinal do sistema imune adaptativo, ou seja, as respostas imunes são direcionadas e capazes de distinguir entre antígenos distintos e pequenas partes de antígenos macromoleculares. Esta fina especificidade é atribuída aos receptores de antígenos de linfócitos que podem se ligar a uma molécula, mas não a outra, mesmo intimamente relacionada.” (Abbas et. al., 2015, p. 474).

### **Estrutura primária de proteína**

“[...] descrição de todas as ligações covalentes principalmente ligações peptídicas e ligações dissulfeto) ligando resíduos de aminoácidos em uma cadeia polipeptídica.” (Nelson; Cox, 2014, p. 96-97).

“A sequência de aminoácidos na cadeia polipeptídica.” (Griffiths et al., 2013, p. 677).

### **Estrutura quaternária de proteína**

Quando uma proteína tem duas ou mais subunidades polipeptídicas, seus arranjos no espaço são chamados de estrutura quaternária. (Nelson; Cox, 2014, p. 97).

“Nas proteínas, refere-se ao número e arranjo dos polipeptídeos individuais que compõem a molécula proteica final.” (Madigan et al., 2016, p. 949).

### **Estrutura secundária de proteína**

“Dobramento da cadeia polipeptídica por meio de pontes de hidrogênio entre aminoácidos próximos.” (Ramalho et al., 2012, p. 535).

### **Estrutura terciária de proteína**

“[...] descreve todos os aspectos do enovelamento tridimensional de um polipeptídeo.” (Nelson; Cox, 2014, p. 97).

“A dobra ou o enrolamento em espiral da estrutura secundária para formar uma molécula globular.” (Griffiths et al., 2013, p. 677).

“Dobramento da estrutura secundária da proteína para formar uma molécula funcional.” (Ramalho et al., 2012, p. 535).



### **Estudos de associação genômica ampla (*Genome Wide Association Studies* (GWAS))**

Técnica através da qual as variantes genéticas presentes ao longo dos genomas de vários indivíduos são testadas para se identificar as associações genótipo-fenótipo (associações entre a frequência de um alelo ou genótipo e uma característica). (Tam et al., 2019).

### **Estudos *in silico***

São experimentos biológicos realizados por meio de um computador. O termo *in silico* é relacionado aos termos biológicos mais comumente conhecidos, *in vivo* e *in vitro*. (Ekins et al., 2007).

### **Eucariótico**

“Refere-se a organismos com células que possuem um núcleo verdadeiro delimitado por uma membrana nuclear.” (Eukaryotic, 2019, p. 412, tradução nossa).

### **Eucarioto**

“Membro do grande grupo de organismos que têm núcleos celulares delimitados por membrana (cf. **Procarioto**).” (Snustad; Simmons, 2017).

“Célula ou organismo que apresenta um núcleo envolto por uma unidade de membrana e que geralmente apresenta outras organelas; membro do domínio *Eukarya*.” (Madigan et al., 2016, p. 949).

### **Evolução**

“Descendência com modificação; variação na sequência de DNA e a herança desta variação.” (Madigan et al., 2016, p. 949).

“Um processo pelo qual uma população de uma espécie se diferencia ao longo do tempo. A variação genética ocorre nas populações por mutação; a pressão competitiva do ambiente leva à seleção natural dos indivíduos cuja genética lhes confere vantagens adaptativas. Ao longo do tempo, o componente genético da população que sobrevive muda e, em alguns casos, origina uma nova espécie.” (Cox et al., 2012, p. 840).

### **Exoenzima**

“Uma enzima produzida por microrganismo, sendo em seguida excretada no ambiente.” (Madigan et al., 2016, p. 949).

## Éxons

“[...] segmentos de um gene eucariótico que correspondem às sequências no transcrito de RNA processado final desse gene.” (Snustad; Simmons, 2017).

“Qualquer seção que não um íntron da sequência codificadora de um gene; juntos, os éxons correspondem ao mRNA traduzido em proteína.” (Griffiths et al., 2013, p. 677).

“O segmento de um gene eucariótico que codifica uma região do produto final de um gene; um segmento do RNA que se mantém após o processamento pós-transcricional e é transcrito como uma proteína, ou incorporado na estrutura de um RNA.” *Ver também íntron.* (Cox et al., 2012, p. 840).

## Expressão gênica

“Processo pelo qual um gene é modulado para transcrição em mRNA e tradução em uma proteína. Pode ser medida pelos níveis de mRNA, proteína ou fenótipo observável da célula.” (Gene..., 2019, p. 413, tradução nossa).

“O processo pelo qual genes produzem RNA e proteínas e exercem seus efeitos sobre o fenótipo de um organismo.” (Snustad; Simmons, 2017).

“Transcrição de um gene, seguida pela tradução do RNAm resultante em proteína(s).” (Madigan et al., 2016, p. 949).

## Expressividade

“O quanto um determinado genótipo expressa-se no fenótipo.” (Griffiths et al., 2013, p. 677).

## *Ex situ*

“É uma expressão latina que significa “fora do lugar””. É a manutenção de um organismo ou grupo de organismos fora da área de ocorrência, como, por exemplo, a conservação de animais em fazendas ou em zoológicos. A expressão *ex situ* também é utilizada para se referir à manutenção do germoplasma na forma criopreservada; por exemplo, em botijões de nitrogênio líquido ou em “freezer”. (Castro; Egito, 2012, p. 11).

## *Ex vitro*

“Literalmente, ‘fora do vidro’. Termo normalmente utilizado para contrastar com processos efetuados *in vitro*.” (Torres et al., 1999, p. 8).

**Ex vivo**

Expressão latina que designa “[...] literalmente aquilo que ocorre fora de um organismo. Na ciência, ex vivo refere-se à experimentação ou medições feitas em ou no tecido de um organismo em um ambiente externo com alteração mínima das condições naturais.” (Ex vivo, 2020, tradução nossa).

**Fago**

Ver **Bacteriófago**.

**Fagócito**

“Células, incluindo monócitos/macrófagos e neutrófilos, especializadas em englobar outras células e partículas.” (Delves et al., 2013, p. 533).

**Fagocitose**

“Mecanismo de ingestão de nutrientes particulados, no qual uma porção da membrana citoplasmática envolve a partícula, conduzindo-a ao interior da célula.” (Madigan et al., 2016, p. 949).

“Processo pelo qual certas células do sistema imune inato, incluindo macrófagos e neutrófilos, engolfam grandes partículas ( $> 0,5 \mu\text{m}$  em diâmetro), tais como um microrganismo. A célula circunda a partícula com extensões de sua membrana plasmática mediante um processo dependente de energia do citoesqueleto. Este processo resulta na formação de uma vesícula intracelular denominada fagossoma, que contém a partícula ingerida.” (Abbas et. al., 2015, p. 475).

**Fagossoma**

“Uma vesícula intracelular ligada à membrana e que contém microrganismos ou material particulado do ambiente extracelular. Os fagossomas são formados durante o processo de fagocitose. Eles se fundem com outras estruturas vesiculares, como lisossomas, levando à degradação enzimática do material ingerido.” (Abbas et. al., 2015, p. 475).

**Fenótipo**

“Conjunto de características morfológicas, anatômicas e/ou bioquímicas associadas à determinada célula, planta ou outro organismo, resultante da interação do genótipo-ambiente. Conseqüentemente, pode-se dizer que os genes herdados em interação com o ambiente determinam o fenótipo.” (Torres et al., 1999, p. 8).

Conjunto de características que podem ser observadas em um organismo, como por exemplo altura, cor dos olhos e cor da pele. O fenótipo de um organismo é determinado pelo seu genótipo (conjunto de genes que o organismo carrega) e pela influência do ambiente sobre ele (interação genótipo-ambiente). (Phenotype, 2021).

### **Fertilização**

“União dos núcleos dos gametas masculino e feminino.” (Ramalho et al., 2012, p. 536).

### **Filogenética**

“O estudo das relações evolucionárias entre os organismos.” (Cox et al., 2012, p. 841).

### **Filogenia**

“As relações evolucionárias entre os organismos.” (Cox et al., 2012, p. 841).

### **Fosfolipídeos**

“Lipídeos contendo um grupo fosfato substituído e duas cadeias de ácido graxo ligados a um arcabouço de glicerol.” (Madigan et al., 2016, p. 950).

### **Gameta**

“Célula reprodutiva que normalmente contém metade dos cromossomos característicos da espécie.” (Ramalho et al., 2012, p. 536).

“Uma célula reprodutiva com conteúdo genético haploide; uma célula de espermatozoide ou óvulo.” (Cox et al., 2012, p. 842).

### **GenBank**

Banco de dados abrangente de sequências de nucleotídeos disponíveis publicamente para quase 260.000 espécies formalmente descritas. Vinculado ao *National Institute of Health*, vinculado ao governo dos Estados Unidos. (Benson et al., 2013, p. D36).

### **Gene**

“1) Unidade básica da herança gênica. 2) Sequência ordenada de nucleotídeos que compreende um segmento de DNA cujo produto é um polipeptídeo. 3) Grupo de complementação onde o termo gene é substituído por cistron. Entretanto, alguns genes não codificam necessariamente um polipeptídeo.” (Torres et al., 1999, p. 9).

“Unidade física e funcional fundamental da hereditariedade, que leva informação de uma geração para a seguinte; um segmento de DNA, composto por uma região transcrita e uma sequência reguladora que torna a transcrição possível.” (Griffiths et al., 2013, p. 678).

**Gene marcador**

“Gene que codifica uma característica (cor da flor, resistência a pragas e doenças, hábito de crescimento, dentre outras), que pode ser usada para identificação da progênie proveniente dos cruzamentos artificiais e da autofecundação.” (Torres et al., 1999, p. 9).

**Gene recessivo**

“Alelo que tem a sua expressão fenotípica mascarada por outro alelo (dominante) quando se encontra em heterozigose.” (Torres et al., 2000, p. 58).

**Gene regulatório**

“Qualquer gene envolvido na regulação da expressão de outro gene. Os genes regulatórios codificam proteínas (fatores de transcrição) que se ligam a sequências específicas dos promotores, ou a outras sequências regulatórias dos genes que eles regulam. Como resultado desta ligação, a expressão do gene pode ser induzida, aumentada ou reprimida.” (Torres et al., 2000, p. 58).

**Genes reguladores**

“Genes que estão envolvidos como processo de ligar ou desligar a transcrição de genes estruturais.” (Ramalho et al., 2012, p. 537).

**Genética**

“Estudo dos genes. Estudo da hereditariedade.” (Griffiths et al., 2013, p. 678).

“Hereditariedade e variação dos organismos.” (Madigan et al., 2016, p. 950).

**Genética molecular**

“Estudo dos processos moleculares subjacentes à estrutura e à função gênicas.” (Griffiths et al., 2013, p. 679).

“O estudo da estrutura e função de genes em nível molecular.” (Cox et al., 2012, p. 842).

**Genoma**

“[...] material genético completo de um organismo. Para organismos eucarióticos, é o DNA em todos os cromossomos e nas mitocôndrias ou cloroplastos; para procarionotos, inclui a molécula de DNA circular de fita dupla. Para vírus, compreende DNA ou RNA.” (Genome, 2019, p. 413, tradução nossa).

“[...] é a sequência completa do DNA da célula (ou no caso do RNA viral, o seu RNA).” (Nelson; Cox, 2014, p. 15).

“Conjunto completo da informação genética de uma célula ou um vírus.” (Madigan et al., 2016, p. 950).

### **Genômica**

“Um campo de estudo em genética que aplica ferramentas moleculares, como tecnologia de DNA recombinante e sequenciamento de alto rendimento, e abordagens de bioinformática, como alinhamento e montagem do genoma, para a análise da estrutura e função do genoma.” (Genomics, 2019, p. 414, tradução nossa).

“Ramo da genética que estuda organismos em termos de seus genomas, ou seja, sua sequência completa de DNA.” (Genomics, 2021, tradução nossa).

“[...] é a caracterização da estrutura comparativa, função, evolução e mapeamento dos genomas.” (Nelson; Cox, 2014, p. 15).

### **Genotipagem**

É o processo de determinação do conteúdo alélico de *loci* do genoma, de modo a permitir a detecção de diferenças entre indivíduos. (Abdurakhmonov, 2018).

### **Genótipo**

“Somatório de genes presentes nos cromossomos, determinando a constituição genética de um organismo (procarioto e eucarioto) que, atuando juntamente com fatores ambientais, determina o fenótipo. Constituição genética relativa aos alelos em um ou poucos locus em observação.” (Torres et al., 1999, p. 9).

### **Germoplasma**

“É qualquer ser vivo (planta, animal ou micro-organismo), ou parte deste, com capacidade de se reproduzir e transmitir suas características genéticas. São exemplos de germoplasma animal: embrião, sêmen, ovócito, DNA/RNA, células e tecido.” (Castro; Egito, 2012, p. 11).

### **Glândula salivar**

“Glândulas salivares são órgãos de osmorregulação dos carrapatos e, como tal, são fundamentais para o sucesso biológico dos carrapatos tanto durante o período prolongado fora do hospedeiro quanto durante o período de alimentação no hospedeiro.” (Bowman; Sauer, 2004, p. S67, tradução nossa).

Glândulas que secretam saliva, presentes na cavidade oral. (Salivary..., 2021).

### **Guerra biológica**

“Uso de agentes biológicos para matar ou incapacitar uma população.” (Madigan et al., 2016, p. 950).

**Habitat**

“Um ambiente dentro de um ecossistema no qual uma comunidade microbiana pode residir.” (Madigan et al., 2016, p. 951).

“Habitat é o local ou o tipo de local onde um organismo ou população ocorre naturalmente.” (Convention..., 1992, p. 4, tradução nossa).

**Haploide**

“Qualidade daquele que possui apenas um conjunto de informação genética; adjetivo que descreve uma célula com um cromossomo de cada tipo.” (Cox et al., 2012, p. 842). *Comparar com Gameta e Diploide.*

“Organismo ou célula que contém apenas um único conjunto de cromossomos.” (Madigan et al., 2016, p. 951).

**Hélice**

“Estrutura em forma de uma espiral de uma macromolécula, que apresenta um padrão repetitivo.” (Madigan et al., 2016, p. 951).

**Hélice  $\alpha$** 

“[...] estrutura helicoidal em que o esqueleto polipeptídico é firmemente enrolado em torno de um eixo imaginário desenhado longitudinalmente no centro da hélice, e os grupos R dos resíduos de aminoácidos se projetam para fora do esqueleto helicoidal.” (Nelson; Cox, 2014, p. 120).

**Hemoglobina**

“Proteína sanguínea responsável pelo transporte de oxigênio na maioria dos animais.” (Ramalho et al., 2012, p. 538).

**Herança**

“Semelhança entre indivíduos relacionados por uma linha de ancestrais; hereditariedade.” (Torres et al., 1999, p. 10).

**Herdabilidade**

“Grau de controle de uma característica pela herança.” (Snustad; Simmons, 2017).

**Hereditariedade**

“Semelhança entre indivíduos associada à descendência; transmissão de características dos pais para os filhos.” (Snustad; Simmons, 2017).

### **Heterozigoto**

“Indivíduo que apresenta alelos diferentes de um mesmo gene.” (Ramalho et al., 2012, p. 539). *Comparar com Homozigoto*.

### **Hibridização**

Em biologia molecular, hibridização é a associação entre fitas de DNA e RNA complementares, fundamentada na regra de pareamento entre as bases (bases púricas, guanina (G) e adenina (A) devem parear com bases pirimidinas (citosina (C) e timidina (T), respectivamente). (Stoler; Michael, 1995).

### **Hibridização *in situ***

É um método que utiliza DNA ou RNA de fita simples complementar marcado, para localizar sequências específicas de DNA ou RNA em uma célula intacta ou em uma seção fixa de tecido. (Nozhat; Hedayati, 2015).

### **Híbrido**

“Prole de pais homozigotos que difere em um ou mais genes; em um sentido amplo, a prole de um cruzamento de linhagens sem parentesco.” (Snustad; Simmons, 2017).

“A prole resultante de um cruzamento de dois indivíduos geneticamente distintos.” (Cox et al., 2012, p. 843).

### **Homozigoto**

“Indivíduo que apresenta alelos iguais.” (Ramalho et al., 2012, p. 539).

### **Hormônio**

“Molécula de pequeno tamanho que funciona como mensageiro no controle de processos de desenvolvimento, refletindo o estado fisiológico do organismo e/ou as condições ambientais atuais e induzindo respostas de adaptação ou de manutenção de homeostase.” (Torres et al., 1999, p. 10).

### **Hospedeiro (ou célula hospedeira)**

Organismo ou tipo celular capaz de permitir o crescimento de um vírus ou outro parasita.” (Madigan et al., 2016, p. 951).

### **Hot spots**

“Região da molécula de DNA mais susceptível à mutação ou à recombinação do que outras regiões de tamanho semelhante.” (Torres et al., 1999, p. 10).



### **Idiograma**

“Representação diagramática do cariótipo de um organismo.” (Ramalho et al., 2012, p. 539).

### **Imprinting**

“Um método de regulação epigenética da expressão gênica baseado na origem parental do gene.” (Cox et al., 2012, p. 844).

### **Imprint genômico**

“[...] foi descoberto há cerca de 20 anos em mamíferos. No *imprinting* genômico, alguns genes autossômicos têm padrões incomuns de herança. Por exemplo, um alelo IGF2 é expresso em um camundongo apenas se for herdado do pai do camundongo, um exemplo de **imprinting materno**, porque a cópia do gene derivada da mãe é inativa. Já um alelo H19 de camundongo só é expresso se for herdado da mãe. O H19 é um exemplo de **imprinting paterno** porque a cópia paterna é inativa. A consequência do *imprinting* parental é que os genes imprintados são expressos como se fossem a única cópia do gene presente na célula, muito embora existam duas. É importante lembrar que nenhuma mudança é observada nas sequências de DNA de genes imprintados, isto é, o gene idêntico pode ser ativo ou inativo na prole, conforme tenha sido herdado da mãe ou do pai.” (Griffiths et al., 2013, p. 381).

“Fenômeno em que um gene herdado de um dos genitores não se expressa, mesmo que ambas as cópias do gene sejam funcionais. Os genes imprintados são metilados e inativados durante a formação dos gametas masculinos ou femininos.” (Snustad; Simmons, 2017).

### **Imprint materno**

“Expressão de um gene apenas quando herdado do pai, porque a cópia do gene herdado da mãe é inativa devido à metilação no decorrer da formação do gameta.” (Snustad; Simmons, 2017).

### **Imprint paterno**

“Expressão de um gene apenas quando herdado da mãe, porque o alelo do gene herdado do pai está inativo devido à metilação durante a formação do gameta.” (Snustad; Simmons, 2017).

### **Imune**

“Capaz de resistir a uma doença infecciosa.” (Madigan et al., 2016, p. 951).

### **Imunidade**

“Capacidade de um organismo resistir à infecção.” (Madigan et al., 2016, p. 951).

### **Imunidade adaptativa (imunidade antígeno-específica)**

“Capacidade adquirida de reconhecer e destruir um determinado patógeno ou seus produtos, dependente da exposição prévia a estes.” (Madigan et al., 2016, p. 951).

### **Imunidade ativa**

Refere-se ao processo de expor o organismo a um antígeno para gerar uma resposta imune adaptativa de longa duração. (Baxter, 2007, p. 552).

### **Imunidade coletiva**

“Resistência que um grupo apresenta contra um patógeno, devido a imunidade de uma grande parte desse grupo ao patógeno.” (Madigan et al., 2016, p. 951).

### **Imunidade de rebanho**

“[...] resistência que uma população apresenta contra um patógeno, devido à imunidade de uma grande parte da população.” (Madigan et al., 2016, p. 851).

### **Imunidade humoral**

“Resposta imune envolvendo a participação de anticorpos.” (Madigan et al., 2016, p. 951).

### **Imunidade inata (imunidade inespecífica)**

“A capacidade não induzível de reconhecer e destruir um patógeno individual ou seus produtos, que não depende da exposição prévia a um patógeno ou seus produtos.” (Madigan et al., 2016, p. 951).

### **Imunidade mediada por células**

“Resposta imune gerada pelas interações com células T antígeno específicas.” (Madigan et al., 2016, p. 951).

### **Imunidade passiva**

“[...] refere-se ao processo de fornecimento de anticorpos IgG para proteção do organismo contra infecções, sendo a proteção imediata, mas de curta duração.” (Baxter, 2007, p. 552, tradução nossa).

### **Imunização (vacinação)**

“Inoculação de um hospedeiro com patógenos inativados ou atenuados, ou ainda de produtos de um patógeno, visando estimular uma resposta imune protetora.” (Madigan et al., 2016, p. 951).

**Imunofluorescência**

“Técnica de detecção de antígenos celulares ou teciduais por utilização de um ligante acoplado a um marcador fluorescente (p. ex., uma anti-imunoglobulina conjugada com isotiocianato de fluoresceína).” (Delves et al., 2013, p. 534).

**Imunoglobulinas**

“Glicoproteínas altamente polimórficas que se ligam especificamente aos mais variados antígenos, estando envolvidas na resposta imune contra patógenos. São produzidas pelas células B (linfócitos) do sistema imunológico, podendo se apresentar associadas à membrana plasmática ou em forma de anticorpos secretados pela célula.” (Torres et al., 2000, p. 67).

**Imunoterapia**

“Tratamento de uma doença com agentes terapêuticos que promovem ou inibem as respostas imunes. Imunoterapia do câncer, por exemplo, envolve a promoção das respostas imunes ativas aos antígenos tumorais ou administração de anticorpos antitumorais ou células T para estabelecer a imunidade passiva.” (Abbas et. al., 2015, p. 478).

**Incidência**

“[...] número de novos casos da doença relatados em uma população, em um determinado período de tempo.” (Madigan et al., 2016, p. 851).

**Incubação**

“Manutenção de cultura de bactérias, tecidos ou órgãos de plantas a temperatura controlada favorável ao crescimento, por um determinado período. Em biologia molecular, manutenção de reações químicas a temperatura controlada, por um determinado período de tempo. Período de tempo entre a penetração de um patógeno em um hospedeiro até o aparecimento dos primeiros sintomas.” (Torres et al., 2000, p. 68).

**Indutor**

Molécula responsável por ativar a transcrição de outros genes. (Ramalho et al., 2012, p. 539).

**Infecção crônica**

“Infecção que dura um longo período.” (Madigan et al., 2016, p. 951).

### **Infecção oportunista**

“Uma infecção habitualmente observada somente em um indivíduo apresentando uma disfunção no sistema imune.” (Madigan et al., 2016, p. 951).

### **Inflamação**

“Reação inespecífica desenvolvida em resposta a estímulos danosos, como toxinas e patógenos, caracterizada por vermelhidão (eritema), inchaço (edema), dor e calor, geralmente localizados no sítio de infecção.” (Madigan et al., 2016, p. 951).

“Resposta tecidual ao traumatismo, caracterizada por aumento do fluxo sanguíneo e entrada dos leucócitos nos tecidos, resultando em edema, eritema, elevação da temperatura e dor.” (Delves et al., 2013, p. 535).

### **Inibição**

“Em relação ao crescimento, refere-se à redução do crescimento microbiano devido a um decréscimo do número de microrganismos presentes, ou a alterações no meio ambiente microbiano.” (Madigan et al., 2016, p. 952).

### **Inibidor**

“Toda substância ou objeto que retarda uma reação química; um gene de efeito maior ou modificador que interfere em uma reação.” (Snustad; Simmons, 2017).

### **Iniciador (*primer*)**

“Oligonucleotídeo de DNA ou RNA que hibridiza com uma cadeia de DNA molde (template) e fornece uma extremidade 3'-hidroxila para a iniciação da síntese e amplificação de uma sequência de DNA. Os iniciadores são muito utilizados em biologia molecular para marcação de sondas de DNA e em reações de PCR.” (Torres et al., 1999, p. 11).

“Segmento de RNA curto (10 a 60 nucleotídeos) usado para iniciar a síntese de um novo filamento de DNA; sintetizado pela enzima DNA primase.” (Snustad; Simmons, 2017).

### **Inoculação**

“Introdução de bactéria, fungo, parte da planta ou células animais em um meio nutritivo, para o estabelecimento da cultura. Introdução de microrganismos em animais ou vegetais.” (Torres et al., 1999, p. 11).

### **Inóculo**

“Alíquota de uma suspensão celular, bactérias, esporos etc. usada para subcultura.” (Torres et al., 1999, p. 11).

## **INSDC**

Acronímico de *International Nucleotide Sequence Database Collaboration*, um repositório de sequências de nucleotídeos, resultante da associação de três bancos de dados parceiros: *DNA Data Bank of Japan* (DDBJ), *European Molecular Biology Laboratory* (EMBL) e *GenBank*. (International..., 2021).

## ***In silico***

"[...] é uma expressão usada no âmbito da simulação computacional e áreas correlatas para indicar algo ocorrido "em ou através de uma simulação computacional". A expressão foi cunhada a partir das expressões latinas *in vivo* e *in vitro*, frequentemente usadas na Biologia. *In silico* é, originalmente, usada apenas para denotar simulações computacionais que modelam um processo natural ou de laboratório e não para cálculos computacionais genéricos. Entretanto, *in silico* não significa absolutamente nada em Latim." (In silico, 2016).

## ***In situ***

"[...] expressão latina que significa 'no lugar' (e também, no local, quando se refere à medicina. É utilizada em muitos contextos. [...] na biologia, *in situ* refere-se ao estudo de um determinado fenômeno no exato local onde acontece. Na química, *in situ* refere-se normalmente 'na mistura de reação', como por exemplo, a síntese de moléculas instáveis que somente podem ser processadas em misturas, não podendo ser isoladas." (In situ, 2019).

"Do latim, significa no lugar natural; refere-se a tratamentos experimentais realizados em células ou tecidos, não em extratos deles." (Snustad; Simmons, 2017).

## **Interação hospedeiro-parasita**

Refere-se à relação estabelecida a partir do contato do parasita com seu hospedeiro, regulada por características genéticas de ambas as partes. No caso específico da interação carrapato - bovino, a saliva secretada pelo carrapato contém componentes que modulam a resposta imune do bovino, que por sua vez, utiliza seu complexo sistema imunológico, além de respostas fisiológicas, contra o parasita. O sucesso e duração da interação carrapato-bovino depende de inúmeros fatores, dentre eles o genótipo do hospedeiro e o número de infestações, por exemplo. Bovinos de raças taurinas são mais susceptíveis ao carrapato do que zebuínos e observa-se a ocorrência de imunidade adquirida após exposições sucessivas ao carrapato. (Tabor et al., 2017).

## **Interatômica**

Termo usado por diferentes comunidades para designar "[...] 'interação de proteína' para se referir a qualquer interação física às interações funcionais." (Espíndola et al., 2010, p. 471).

### **Interferência**

“*Crossing over* em um ponto que reduz a chance de outro *crossing over* próximo; detectada por estudo do padrão de *crossing over* com três ou mais genes ligados.” (Snustad; Simmons, 2017).

“Influência de permuta genética em um local sobre a ocorrência de outra nas proximidades e corresponde à proporção de permutas duplas esperadas que não são observadas.” (Ramalho et al., 2012, p. 540).

### **Interferon**

“Grupo de proteínas que aumenta a resistência de células animais a muitos vírus. São sintetizadas e secretadas pelas células após a infecção viral.” (Ramalho et al., 2012, p. 540).

### **Íntron**

“Uma sequência de nucleotídeos, em um gene, que é transcrita, mas é removida antes da tradução do gene; também chamada de sequência interveniente.” *Ver também éxon*. (Cox et al., 2012, p. 845).

**Ver Sequência interveniente.**

### **Íntrons**

“Sequências intercalares de bases de DNA nos genes eucarióticos que não são representadas no transcrito de RNA maduro porque são cortadas do transcrito de RNA primário.” (Snustad; Simmons, 2017).

### **In vitro**

“Expressão latina que designa todos os processos biológicos que têm lugar fora dos sistemas vivos, no ambiente controlado e fechado de um laboratório e que são feitos normalmente em recipientes de vidro.” (In vitro, 2020).

“Do latim, significa “dentro do vidro”; processos biológicos induzidos experimentalmente fora do organismo, em um tubo de ensaio ou outro recipiente.” (Snustad; Simmons, 2017).

### **In vivo**

Expressão latina que designa “[...] o ‘que ocorre ou tem lugar dentro de um organismo ou em tecido vivo’. Em ciência, *in vivo* refere-se à experimentação feita dentro ou no tecido vivo de um organismo vivo, em oposição a um parcialmente ou totalmente morto. Experiências com animais e ensaios clínicos são formas de investigação *in vivo*.” (In vivo, 2020).

“Do latim, significa “dentro de organismo vivo.” (Snustad; Simmons, 2017).

**Isoenzima**

“Enzimas que diferem na sequência de aminoácidos, mas catalisam a mesma reação.” (Berg et al., 2002, p. 421, tradução nossa).

**Isolamento**

“[...] é a separação de pessoas que têm uma doença infecciosa daquelas que estão saudáveis.” (Madigan et al., 2016, p. 838). *Comparar com Quarentena.*

**Leucócito**

“Célula nucleada encontrada no sangue; célula branca do sangue.” (Madigan et al., 2016, p. 952).

“Célula sanguínea da série branca; existem vários tipos, os quais incluem neutrófilos, basófilos, eosinófilos, linfócitos, células NK e monócitos.” (Delves et al., 2013, p. 535).

**Levedura**

“Leveduras são fungos unicelulares que se reproduzem assexuadamente por brotamento ou fissão e sexualmente por meio da formação de esporos.” (Joseph; Bachhawat, 2014, p. 823, tradução nossa).

**Ligação gênica (*linkage*)**

“Associação na herança de certos genes devido a sua localização no mesmo cromossomo ou molécula de ácido nucléico.” (Torres et al., 2000, p. 75).

**Ligação peptídica**

“Um tipo de ligação covalente que une os aminoácidos em um polipeptídeo.” (Madigan et al., 2016, p. 952).

**Ligante**

“Termo geral usado para descrever uma molécula reconhecida por uma estrutura de ligação, por exemplo, um receptor.” (Delves et al., 2013, p. 535).

**Linha**

“Fluido similar ao sangue, desprovido de hemácias, que circula por um sistema circulatório distinto (o sistema linfático) contendo os linfonodos.” (Madigan et al., 2016, p. 952).

### **Linfócito**

“Um subconjunto de leucócitos encontrados no sangue, envolvidos na resposta imune adaptativa.” (Madigan et al., 2016, p. 952).

### **Linfonodos**

“Órgãos que contêm linfócitos e fagócitos, organizados de modo que possam encontrar microrganismos e antígenos, à medida que estes se deslocam por meio da circulação linfática.” (Madigan et al., 2016, p. 952).

### **Linhagem**

Indivíduo ou grupo de indivíduos com um único genótipo homozigótico em todos os *locos*. (Ramalho et al., 2012, p. 541).

“População de células de uma única espécie, em que todos são descendentes de uma única célula; um clone.” (Madigan et al., 2016, p. 952).

### **Lipídeo**

Derivados de hidrocarbonetos e insolúveis em água, que servem como componentes estruturais das membranas, depósitos de combustível de alto conteúdo energético, pigmentos e sinais intracelulares. (Nelson; Cox, 2014, p. 15).

“Molécula orgânica insolúvel em água, importante componente estrutural da membrana citoplasmática e da parede celular (de alguns organismos).” (Madigan et al., 2016, p. 952).

Ver **Fosfolipídeos**.

### **Lisossomo**

“Organela que contém enzimas digestivas para a hidrólise de proteínas, gorduras e polissacarídeos.” (Madigan et al., 2016, p. 952).

### **Lisozima**

“Enzima antibacteriana encontrada nos grânulos das células fagocitárias, nas lágrimas e na saliva; digere os peptidoglicanos das paredes celulares das bactérias” (Delves et al., 2013, p. 536).

### **Locí de característica quantitativa (*Quantitative trait loci* (QTL))**

Regiões do cromossomo associadas a características quantitativas. (Abiola et al., 2003).



**Loco**

“Local no cromossomo onde se localiza um determinado gene.” (Ramalho et al., 2012, p. 541).

**Lócus** (pl. *loci*)

“Posição fixa em um cromossomo ocupada por determinado gene ou um de seus alelos.” (Snustad; Simmons, 2017).

**Macromolécula**

“Molécula grande; termo usado para identificar moléculas de proteínas e ácidos nucleicos.” (Snustad; Simmons, 2017).

“Uma grande molécula (polímero) formada pela união de várias moléculas pequenas (monômeros); as proteínas, os ácidos nucleicos, os lipídeos e os polissacarídeos presentes em uma célula.” (Madigan et al., 2016, p. 952).

**Maligno**

“Referente a um tumor, um crescimento metastático infiltrante, que perde o controle normal do crescimento.” (Madigan et al., 2016, p. 953).

**Mapa genético**

“Idiograma representando a posição relativa dos genes ao longo dos cromossomos. Nestes mapas, as distâncias entre dois genes correspondem à frequência de recombinação entre eles.” (Ramalho et al., 2012, p. 541).

“Corresponde ao arranjo dos genes em um cromossomo.” (Madigan et al., 2016, p. 953).

**Mapa molecular**

“Disposição de fragmentos de DNA ao longo dos cromossomos de uma espécie, de acordo com as frequências de recombinação estimadas entre eles.” (Ramalho et al., 2012, p. 541).

**Marcador AFLP**

“Marcador AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*) ou SFLA (*Selective Fragment Length Amplification*) ou SRLA (*Selective Restriction Fragment Amplification*) são polimorfismos de comprimento de fragmentos amplificados. São fragmentos de DNA (80 a 500 pb) obtidos com a digestão do DNA com enzimas de restrição, seguida da ligação de oligonucleotídeos adaptadores e amplificação seletiva dos fragmentos via PCR. Este tipo de marcador combina os princípios dos marcadores RAPD (ver) e RFLP (ver).” (Faleiro et al., 2011, p. 36).

### **Marcador genético**

“Gene que pode ser facilmente identificado fenotipicamente, permitindo selecionar células ou indivíduos portadores ou não do respectivo gene. Os marcadores genéticos são utilizados para o mapeamento de outros genes.” (Torres et al., 1999, p. 12).

“Alelo usado como sonda experimental para rastrear um organismo, tecido, célula, núcleo, cromossomo ou gene.” (Griffiths et al., 2013, p. 681).

### **Marcador microssatélite**

“Diferença no DNA no mesmo *locus* em dois genomas, devida a repetições de comprimentos diferentes de um microssatélite.” (Griffiths et al., 2013, p. 681).

“Marcadores microssatélites ou SSR (*Simple Sequence Repeats*) ou SLP (*Simple Sequence Length Polymorphisms*) ou STMS (*Sequence Tagged Microsatellites*), são sequências do DNA muito curtas (2 a 5 pb) repetidas em tandem (lado a lado), cuja detecção é feita pela PCR, utilizando *primers* específicos” (Faleiro et al., 2011, p. 36).

### **Marcador minissatélite**

“*Locus* heterozigoto que representa um número variável de repetições em tandem de uma unidade com 15 a 100 nucleotídeos de comprimento.” (Griffiths et al., 2013, p. 681).

“Marcadores minissatélites ou VNTRs (*Variable Number of Tandem Repeats*) são sequências do DNA de 10 a 100 pb repetidas em tandem (lado a lado). O número de repetições de tais sequências em cada região hipervariável pode chegar a 50. As regiões hipervariáveis estão distribuídas por todo genoma, constituindo vários *locos* nos diferentes cromossomos.” (Faleiro et al., 2011, p. 37).

### **Marcador molecular**

“Marcadores genéticos (proteínas ou seqüências de DNA) que são detectados por métodos bioquímicos. Permite identificar o polimorfismo diretamente do DNA e associá-lo a genes de grande efeito (caracteres qualitativos).” (Torres et al., 1999, p. 12).

“Um sítio de heterozigosidade do DNA, não necessariamente associado a variação fenotípica, usado como marcador para um *locus* cromossômico particular.” (Griffiths et al., 2013, p. 681).

“É um fragmento de DNA que pode ser utilizado para detectar diferenças entre dois ou mais indivíduos. Existem diversos tipos de técnicas para identificar marcadores moleculares, geralmente conhecidos pelas iniciais do seu nome em inglês, tais como: RFLP (“*Restriction Fragment Length Polymorphism*”); RAPD (“*Random Amplified Polymorphic ADN*”, ou “*Polimorfismo de DNA Amplificado ao Acesso*”); e STRs (*Short Tandem Repeats* ou “*Sequências Simples Repetidas – SSRs*” ou microssatélites).” (Castro; Egito, 2012, p. 11).

**Marcador RAPD**

“Vem do inglês *Random Amplified Polymorphic DNA*, ou seja, DNA polimórfico amplificado ao acaso. São fragmentos de DNA amplificados pela PCR utilizando *primers* curtos (geralmente dez nucleotídeos) de sequência aleatória. Como o *primer* possui sequência aleatória, a sequência alvo da amplificação é desconhecida” (Faleiro et al., 2011, p. 35).

**Marcador RFLP**

“Vem do inglês *Restriction Fragment Length Polymorphism*, ou seja, polimorfismo do comprimento de fragmentos de restrição. São fragmentos de DNA obtidos com o uso de enzimas de restrição, separados por eletroforese e visualizados por meio de hibridizações com sondas de sequências homólogas marcadas com radioatividade ou fluorescência.” (Faleiro et al., 2011, p. 36).

**Marcador S-SPA**

“Vem do inglês *Sequence-Specific Amplified Polymorphism*. É um tipo de marcador molecular baseado na detecção de variação em fragmentos de DNA que flanqueiam sítios de inserção de *retrotransposons*. Os fragmentos são amplificados via PCR usando um *primer* desenhado a partir das regiões de terminação conservadas (*LTRs - Long Terminal Repeats*) e outro baseado na presença de um sítio de endonucleases de restrição próximo às *LTRs*.” (Faleiro et al., 2011, p. 38).

**Medula óssea**

“Órgão linfóide primário que contém as células pluripotentes precursoras de todas as células sanguíneas e imunes, incluindo as células B.” (Madigan et al., 2016, p. 953).

**Meiose**

“Um tipo de divisão celular em que uma célula diploide origina duas células haploides que formarão gametas.” (Cox et al., 2012, p. 846).

**Melhoramento genético**

“Arte e ciência para alterar geneticamente as plantas e animais de modo a atender às necessidades do homem.” (Ramalho et al., 2012, p. 542).

**Metabolismo**

“Soma de todos os processos químicos em células vivas em que há produção e uso de energia.” (Snustad; Simmons, 2017).

### **Metabólitos**

“[...] produtos intermediários ou finais do metabolismo celular.” (Canuto et al., 2018, p. 75).

### **Metaboloma**

“O conjunto total de pequenas moléculas e intermediários metabólicos de uma célula ou organismo.” (Madigan et al., 2016, p. 953).

### **Metabolômica**

Estudo das alterações dos metabólitos. “[...] análise abrangente e quantitativa do metaboloma de um sistema biológico.” (Canuto et al., 2018, p. 75).

“Ramo da genética que estuda os organismos em termos de seus metabólitos, ou seja, o conjunto completo de metabólitos e pequenas moléculas endógenas envolvidas no metabolismo de células inteiras.” (Metabolomics, 2016, tradução nossa).

“Metabolômica é a ciência que estuda o metaboloma, definido como o conjunto total de metabólitos de um indivíduo em condições específicas.” (Faleiro et al., 2011, p. 163).

### **Metagenoma**

“[...] genoma coletivo representativo da comunidade de organismos, por exemplo, microrganismos, muitos dos quais não podem ser cultivados fora de seu ambiente.” (Metagenome, 2019, p. 415, tradução nossa).

### **Metagenômica**

“Análise estrutural e funcional do genoma coletivo de uma população de microrganismos presentes em um ambiente, e não de uma população pura derivada de uma única cultura celular.” (Cox et al., 2012, p. 842).

### **Metaproteômica**

“A mensuração da expressão proteica de toda uma comunidade, utilizando espectrometria de massa para atribuir peptídeos às sequências de aminoácidos codificados por genes particulares.” (Madigan et al., 2016, p. 953).

### **Metatranscriptômica**

“A mensuração da expressão proteica de toda uma comunidade utilizando sequenciamento de RNA.” (Madigan et al., 2016, p. 953).

Sequenciamento dos transcritos expressos dentro de um microbioma em um determinado momento, sob um determinado conjunto de condições ambientais, fornecendo uma visão detalhada dos membros ativos da comunidade microbiana. (Shakya et al., 2019).

**Metazoários**

“Animais multicelulares.” (Madigan et al., 2016, p. 953).

**Micorriza**

“Associação simbiótica entre um fungo e as raízes de uma planta.” (Madigan et al., 2016, p. 953).

**Microarranjo**

Ver *Microarray*.

**Microarray**

Técnica utilizada para análise transcriptômica, e que se constitui em importante ferramenta para estudos de expressão gênica. (Espindola et al., 2010).

“Análise simultânea, em um microchip, de várias amostras ou alvos dispostos em um formato de matriz.” (Microarray..., 2021, tradução nossa).

**Microrganismo**

“Organismo microscópico, que consiste em uma única célula, ou grupo de células, incluindo também os vírus, os quais não apresentam natureza celular.” (Madigan et al., 2016, p. 953).

**MicroRNAs (miRNAs)**

“[...] uma classe de pequenos RNAs não codificadores de ~22 nucleotídeos de comprimento, que estão envolvidos na regulação da expressão gênica em nível pós-transcricional, degradando os seus mRNAs alvo e/ou inibindo a sua tradução. [...] os miRNAs estão envolvidos na regulação de muitos processos biológicos tais como: proliferação celular, diferenciação, apoptose e a manutenção da fisiologia celular normal.” (Espinoza-Lewis; Wang, 2012, p. 279, tradução nossa).

**Mitocôndria**

“Organela eucariótica responsável pelos processos de respiração e fosforilação por transporte de elétrons.” (Madigan et al., 2016, p. 953).

**Mitose**

“Em células eucarióticas, um processo de múltiplas etapas que resulta na replicação de cromossomos e divisão celular. Na mitose, uma célula diploide dá origem a duas células diploides.” (Cox et al., 2012, p. 846).

### **Molde (template)**

“Termo utilizado para descrever uma cadeia de ácidos nucleicos, que é empregada como modelo para a síntese de outra complementar. Por exemplo, na transcrição, uma cadeia de DNA serve de molde para a síntese de um RNA.” (Torres et al., 2000, p. 80).

“Padrão ou modelo. O DNA armazena informações codificadas e atua como um modelo ou molde a partir do qual as informações são copiadas em filamentos complementares de DNA ou transcritos para o RNA mensageiro.” (Snustad; Simmons, 2017).

“Fita de DNA que serve para determinar a sequência de nucleotídeos de outra fita que está sendo sintetizada ou que será transcrita.” (Ramalho et al., 2012, p. 542).

### **Molécula**

“Associação de dois ou mais átomos quimicamente ligados entre si.” (Madigan et al., 2016, p. 954).

### **Molécula de DNA recombinante**

Molécula de DNA construída *in vitro* por união total ou parcial de duas moléculas diferentes de DNA. (Snustad; Simmons, 2017).

### **Mutação**

“[...] é uma mudança genética súbita num alelo ou cromossomo. Toda a diversidade genética origina-se da mutação. A palavra mutação refere-se tanto ao processo pelo qual surgem novas variantes genéticas (por meio de erros naturais durante a replicação do DNA, elementos genéticos móveis, quebras cromossômicas, etc.) como aos produtos do processo mutacional (por exemplo, mutação de olho branco na mosca da fruta).” (Frankham et al., 2008, p. 33).

“Alteração do DNA em um *locus* específico de um organismo. O termo é usado de modo abrangente e inclui mutações pontuais com alteração envolvendo um único gene, bem como uma alteração cromossômica.” (Snustad; Simmons, 2017).

“Alteração hereditária na sequência de bases do genoma de um organismo.” (Madigan et al., 2016, p. 954).

### **Mutação cromossômica**

“Mutação do tipo aberração cromossômica, que afeta a estrutura e o número de cromossomos ou o número dos genes num cromossomo. Exemplos de mutação cromossômica são a deleção, a duplicação, a inversão, a translocação, a aneuploidia e a euploidia.” (Valois et al., 1996, p. 40).

### **Mutação gênica**

“Processo responsável pela produção de novos alelos através da alteração na sequência de bases do ADN.” (Valois et al., 1996, p. 40).

### **Mutagênese**

“Processo de induzir mutações.” (Snustad; Simmons, 2017).

“Experimento em que organismos experimentais são tratados com um mutágeno e sua progênie é examinada a procura de fenótipos mutantes específicos.” (Griffiths et al., 2013, p. 681).

### **Mutagênico**

“Qualquer agente, químico ou físico, capaz de promover mutações.” (Ramalho et al., 2012, p. 543).

“Agente que induz mutações, como a radiação ou determinados compostos químicos.” (Madigan et al., 2016, p. 954).

### **Mutágeno**

“Agente ambiental, físico ou químico, capaz de induzir mutações.” (Snustad; Simmons, 2017).

### **Mutante**

“Célula ou organismo individual que apresenta uma alteração produzida por mutação; um gene modificado.” (Snustad; Simmons, 2017).

### **Não autônomo**

“Termo designativo das unidades biológicas que não têm ação independente; essas unidades necessitam da assistência de outra unidade ou “auxiliar” (cf. **Autônomo**).” (Snustad; Simmons, 2017).

### **NCBI**

Acronímico de *National Center for Biotechnology Information*, estabelecido em 1988 como uma divisão da *U. S. National Library of Medicine* (NLM) no *U. S. National Institute of Health* (NIH). O NCBI é encarregado de criar sistemas automatizados para armazenar e analisar conhecimentos sobre biologia molecular, bioquímica e genética; facilitar o uso de tais bancos de dados e software pela comunidade médica e de pesquisa; coordenar esforços para reunir informações sobre biotecnologia tanto nacional quanto internacionalmente; e realizar pesquisas em métodos avançados de processamento de informação baseado em computador para analisar a estrutura e função de moléculas biologicamente importantes. (National Center for Biotechnology Information, 2020a).

### **NCBI Taxonomy**

Vocabulário controlado baseado em um sistema de informação que inclui nomes e classificações de organismos de sequências de nucleotídeos e de proteínas. *NCBI Taxonomy* é também o repositório padrão de nomenclatura e classificação para o *International Nucleotide Sequence Database Collaboration* (INSDC). (National Center for Biotechnology Information, 2020b).

### **Nucleosídeo**

“Molécula orgânica constituída de uma base nitrogenada, ligada a uma pentose.” (Ramalho et al., 2012, p. 544).

### **Nucleotídeo**

“Subunidade de moléculas de DNA e RNA contendo um grupo fosfato, um açúcar e uma base nitrogenada orgânica.” (Snustad; Simmons, 2017).

“Monômero dos ácidos nucleicos constituído de uma base nitrogenada, uma pentose e um grupo fosfato.” (Ramalho et al., 2012, p. 544).

“Molécula composta por uma base nitrogenada, um açúcar e um grupo fosfato; elemento estrutural dos ácidos nucleicos.” (Griffiths et al., 2013, p. 682).

### **Ômicas**

Ciências que “buscam o entendimento do funcionamento celular dos organismos e suas alterações biológicas. Fazem parte deste conjunto de ciências, a genômica (estudo da alteração dos genes), a transcriptômica (estudo das alterações dos transcritos), a proteômica (estudo das alterações das proteínas), e a metabolômica (estudo das alterações dos metabólitos.” (Canuto et al., 2018, p. 75).

### **Organela**

“Estrutura envolta por uma bicamada de membrana, como a mitocôndria, encontrada em células eucarióticas.” (Madigan et al., 2016, p. 954).

### **Organelas**

“Estruturas ligadas por membranas, encontradas nas células eucarióticas; contêm enzimas e outros componentes necessários para funções celulares especializadas.” (Cox et al., 2012, p. 848).



**Organismo geneticamente modificado (OGM)**

“Designação popular para um organismo transgênico, aplicada especialmente a produtos agrícolas transgênicos.” (Griffiths et al., 2013, p. 682).

“Organismo cujo genoma foi alterado por meio de engenharia genética. Esta abreviação é também utilizada para composições, como alimentos GM e culturas GM.” (Madigan et al., 2016, p. 954).

**Organismo transgênico**

“Organismo cujo genoma foi modificado pela aplicação externa de novo DNA.” (Griffiths et al., 2013, p. 682).

“Planta ou animal que apresenta DNA exógeno inserido em seu genoma.” (Madigan et al., 2016, p. 954).

**Pandemia**

“Epidemia mundial.” (Madigan et al., 2016, p. 955).

**Parasita**

“Organismo capaz de viver no interior ou sobre um hospedeiro, causando doença.” (Madigan et al., 2016, p. 955).

**Parasitismo**

“Relação simbiótica entre dois organismos, em que o organismo hospedeiro é pre-judicado no processo.” (Madigan et al., 2016, p. 955).

**Parental**

“Relativo às linhagens fundadoras usadas em um cruzamento; que tem as características dessas linhagens.” (Snustad; Simmons, 2017).

**Partenogênese**

“Produção de prole por uma fêmea sem a contribuição genética de um macho.” (Griffiths et al., 2013, p. 682).

“Reprodução pelo crescimento e desenvolvimento de um óvulo não fertilizado.” (Cox et al., 2012, p. 849).

**Patogenicidade**

“Capacidade de um patógeno causar uma doença.” (Madigan et al., 2016, p. 955).

## **Patógeno**

“Organismo causador de doença.” (Snustad; Simmons, 2017).

## **Patógeno oportunista**

“Organismo que provoca uma doença em virtude da ausência da resistência normal do hospedeiro.” (Madigan et al., 2016, p. 955).

## **Peptídeo**

Produto da ligação de vários aminoácidos. Os polipeptídeos que ocorrem biologicamente variam em tamanho de pequenos a muito grandes, consistindo em dois ou três a milhares de resíduos de aminoácidos ligados. (Nelson; Cox, 2014, p. 85-86).

## **Pipeline**

“[...] é um programa que integra e coordena diferentes instruções a serem executadas de maneira automática a fim de atingir um objetivo final.” (Ruy, 2011, p. xvi). “[...] um pipeline computacional de análise de sequências biológicas tem como característica fundamental a rígida padronização na execução de suas etapas. Tal padronização garante que as análises sejam realizadas com os mesmos critérios estabelecidos durante sua concepção, em diferentes contextos e sem erro humano. Essa característica implica na reprodutibilidade das análises e representa uma importante premissa necessária em todo experimento científico.” (Ruy, 2011, p. 26).

## **Pipeline de bioinformática**

“Algoritmos de bioinformática executados através de uma sequência pré-determinada para processar os dados de NGS são coletivamente denominados de *pipeline* de bioinformática. Um *pipeline* de bioinformática orienta e processa progressivamente dados de NGS através de uma série de conversões de dados, utilizando vários componentes de softwares, bancos de dados e ambientes operacionais.”

“[...] um *pipeline* de bioinformática depende tipicamente da disponibilidade de alguns recursos, como capacidade de armazenamento adequada, computadores, conexão à rede, ambiente apropriado para execução dos softwares.” (Varstation, 2021).

\*NGS (*Next-Generation Sequencing*). Ver **Sequenciamento de nova geração**.

### **Plasmídeo**

“[...] é uma molécula de DNA circular que se replica separadamente do cromossomo hospedeiro. A grande variedade de plasmídeos bacterianos que ocorre naturalmente varia de tamanho de 5.000 a 400.000 pb. Muitos dos plasmídeos encontrados em populações bacterianas são um pouco mais do que parasitas moleculares, semelhantes aos vírus, mas com capacidade mais limitada de se transferir de uma célula para outra. Para sobreviver na célula hospedeira, os plasmídeos incorporam várias sequências especializadas que os tornam capazes de utilizar a energia das células para sua própria replicação e expressão gênica.” (Nelson; Cox, 2014, p. 317).

“Uma molécula de DNA pequena e circular, extracromossômica, de replicação independente; em geral empregada na engenharia genética.” (Cox et al., 2012, p. 849).

“Determinante hereditário extracromossômico que existe em estado autônomo e é transferido de maneira independente dos cromossomos.” (Snustad; Simmons, 2017).

### **Polimorfismo**

“A ocorrência em uma população (ou entre populações) de várias formas fenotípicas associadas a alelos de um gene ou homólogos de um cromossomo.” (Griffiths et al., 2013, p. 683).

#### **Polimorfismos de nucleotídeo único (SNP) (snip)**

Polimorfismos que ocorrem quando um nucleotídeo é substituído por outro em uma única posição na sequência de DNA, presentes em uma população a uma frequência > 1%. (Spencer et al., 2015, p. 110).

#### **Polimorfismo do comprimento de sequência simples (*Simple Sequence Length Polymorphisms*) (SSLP)**

“A existência, na população, de indivíduos com diferentes números de cópias de uma sequência curta simples de DNA em um locus cromossômico.” (Griffiths et al., 2013, p. 683).

#### **Polimorfismo do comprimento do fragmento de restrição (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) (RFLP)**

“Uma diferença na sequência de DNA entre indivíduos ou haplótipos que é reconhecida como comprimentos diferentes de fragmentos de restrição. Por exemplo, uma substituição de par de nucleotídeos pode fazer com que um sítio de reconhecimento de enzima de restrição esteja presente em um alelo de um gene e ausente em outro. Em consequência, uma sonda para essa região do DNA irá hibridizar com fragmentos de tamanhos diferentes no DNA digerido por enzima de restrição desses dois alelos.” (Griffiths et al., 2013, p. 683).

### **Polipeptídeo**

“Molécula linear com dois ou mais aminoácidos e um ou mais grupos peptídicos. São denominados dipeptídios, tripeptídios, e assim por diante, de acordo com o número de aminoácidos presentes.” (Snustad; Simmons, 2017).

“Uma cadeia de aminoácidos ligados; uma proteína.” (Griffiths et al., 2013, p. 683).

### **População**

“Grupo de indivíduos que acasala entre si para produzir a próxima geração. Grupo de indivíduos do qual se retira uma amostra.” (Griffiths et al., 2013, p. 683).

“Conjunto de indivíduos da mesma espécie que apresentam continuidade no tempo e possuem a capacidade de se interacasalarem ao acaso e, portanto, de trocarem alelos entre si.” (Ramalho et al., 2012, p. 546).

### **Primer**

Ver **Iniciador**.

### **Prion**

“Proteína mal dobrada no tecido nervoso de mamíferos, que atua como um agente infeccioso, fazendo com que outras proteínas se dobrem mal e se acumulem, levando ao desenvolvimento da encefalopatia espongiforme.” (Cox et al., 2012, p. 850).

### **Procaríoto**

“Membro de um grande grupo de organismos (entre eles bactérias e cianobactérias) que não têm núcleo celular verdadeiro e não sofrem mitose.” (Snustad; Simmons, 2017).

“Célula ou organismo desprovido de um núcleo e outras organelas envoltas por membrana, geralmente apresentando o DNA na forma de uma única molécula circular. Membros dos domínios *Bacteria* e *Archaea*.” (Madigan et al., 2016, p. 955).

“Organismo composto por uma célula procariótica, como uma bactéria ou uma alga cianofíceas.” (Griffiths et al., 2013, p. 683).

### **Progênie**

“O mesmo que descendência.” (Ramalho et al., 2012, p. 546).

“Geração proveniente de um cruzamento em particular.” (Torres et al., 2000, p. 91).

### **Prole**

Ver **Progênie** (Ramalho et al., 2012, p. 546).

### **Proteína**

Proteínas são componentes fundamentais de todas as células vivas e incluem muitas substâncias, como enzimas, hormônios e anticorpos, que são necessárias para o funcionamento adequado de um organismo. Parte de uma grande classe de compostos químicos orgânicos complexos que são essenciais para a vida. As proteínas desempenham um papel central nos processos biológicos e formam a base dos tecidos vivos. (Protein, 2016).

“Macromolécula constituída de um a vários polipeptídios. Cada polipeptídio é constituído de uma cadeia de aminoácidos unidos por ligações peptídicas.” (Snustad; Simmons, 2017).

“Molécula polimérica composta por um ou mais polipeptídeos.” (Madigan et al., 2016, p. 956).

### **Proteoma**

“O complemento proteico completo expresso em uma determinada célula sob determinadas condições, ou o complemento proteico completo que pode ser expresso por um determinado genoma.” (Cox et al., 2012, p. 851).

### **Proteômica**

Estudo das alterações das proteínas. “Análise da expressão, das localizações, das funções e interações das proteínas expressas pelo material genético de um organismo.” (Proteomics, 2016, tradução nossa).

“Ramo da genética que estuda os organismos em termos de seu proteoma, ou seja, pelo conjunto completo das proteínas produzidas a partir do código genético dentro da célula.” (Proteomics, 2021, tradução nossa).

“A proteômica pode ser definida como a varredura, em larga escala, de proteínas provenientes de uma célula, organismo ou fluido biológico.” (Faleiro et al., 2011, p. 157).

“Estudo em larga escala, ou em escala genômica, da estrutura, função e regulação das proteínas de um organismo.” (Madigan et al., 2016, p. 956).

### **Protozoários**

“Microrganismos eucarióticos unicelulares, desprovidos de parede celular.” (Madigan et al., 2016, p. 956).

### **Quarentena**

“[...] é a separação e restrição de pessoas saudáveis que podem ter sido expostas a um agente infeccioso, para verificar se estas pessoas desenvolvem a doença. A extensão do isolamento ou da quarentena de uma determinada doença corresponde ao maior período de transmissibilidade daquela doença. Para que sejam eficientes, estas medidas devem impedir que os indivíduos infectados ou potencialmente infectados estabeleçam contato com indivíduos suscetíveis não expostos.” (Madigan et al., 2016, p. 838).

### **Quimera**

Em biologia molecular, se refere à fusão artificial de duas ou mais sequências diferentes, não relacionadas, resultantes de clones de cDNA concatenados ou erros de leitura durante o sequenciamento. (Zhang; Min, 2005).

### **Raça**

“[...] conjunto de indivíduos de uma espécie, os quais apresentam algumas características semelhantes e definidas, transmitidas hereditariamente, e que os tornam diferentes de outros conjuntos de indivíduos da mesma espécie.” (Castro; Egito, 2012, p. 12).

“Grupo distinguível de organismos de determinada espécie.” (Snustad; Simmons, 2017).

### **Reação em cadeia da polimerase (*Polymerase chain reaction (PCR)*)**

“Procedimento que requer vários ciclos de desnaturação, hibridização em oligonucleotídeos iniciadores e síntese de polinucleotídeos, que amplifica determinada sequência de DNA.” (Snustad; Simmons, 2017).

“Reação em cadeia com polimerase. Essa técnica envolve a síntese enzimática *in vitro* de um DNA alvo. Teoricamente esse DNA alvo é duplicado a cada ciclo da reação criando uma reação em cadeia, pois cada molécula formada pode servir de substrato para o próximo ciclo de reação. A reação de PCR se baseia na desnaturação, no anelamento e extensão enzimática de um par de oligonucleotídeos empregados como iniciadores (*primers*), os quais, delimitam a sequência de DNA fita dupla, alvo da amplificação. A enzima utilizada é uma DNA polimerase termoestável (por exemplo, Taq polimerase).” (Torres et al., 1999, p. 14).

### **Recessivo**

“Adjetivo que descreve um alelo que se manifesta em um indivíduo homocigoto, mas é mascarado pelo alelo dominante nos heterocigotos.” *Comparar com Dominante.* (Cox et al., 2012, p. 852).

## Recombinação

“[...] consiste na troca de trechos de DNA entre cromossomos estruturalmente semelhantes durante a meiose na célula diploide. É um processo pelo qual novas combinações de genes são formadas na progênie.” (Recombination, 2019, p. 418, tradução nossa).

“Reordenamento ou rearranjo de fragmentos de DNA, resultando em uma nova combinação de sequência.” (Madigan et al., 2016, p. 957).

“Produção de combinações gênicas não encontradas nos pais pela distribuição de cromossomos não homólogos e *crossing over* entre cromossomos homólogos durante a meiose. Nos genes ligados, pode-se usar a frequência de recombinação para estimar a distância no mapa genético; no entanto, altas frequências (próximas de 50%) não produzem estimativas precisas.” (Snustad; Simmons, 2017).

“Em geral, qualquer processo em uma célula diploide ou parcialmente diploide que gera novas combinações gênicas ou cromossômicas não encontradas previamente naquela célula ou em suas progenitoras. Na meiose, o processo que gera um produto haploide de meiose cujo genótipo é diferente dos dois genótipos haploides que constituem o diploide meiótico.” (Griffiths et al., 2013, p. 684).

“A troca recíproca de alelos entre os cromossomos; também chamada de permutação. Em nível molecular, qualquer processo enzimático pelo qual o arranjo linear das sequências de ácidos nucleicos em um cromossomo ou plasmídeo é alterado pela clivagem e junção.” (Cox et al., 2012, p. 852).

“Formação de novas combinações de genes através dos mecanismos de troca de partes e segregação durante a meiose no ciclo sexual de organismos. O fenômeno de segregação dos cromossomos, com sua inclusão nos gametas masculino e feminino, é o responsável por tomar esta variação genética disponível para a fase posterior de fecundação; reorganização do sequenciamento de genes e partes de cromossomos como resultado do sobre cruzamento ocorrido na meiose.” (Valois et al., 1996, p. 47).

## Recombinante

“Refere-se ao produto de recombinação, seja DNA ou gene ou proteína.” (Recombinant, 2019, p. 418, tradução nossa).

“Termo utilizado tanto na genética clássica quanto na molecular. 1. Na genética clássica: Um organismo ou célula resultante de recombinação meiótica. 2. Em genética molecular: A molécula híbrida composta do DNA obtido de diferentes organismos. Normalmente usado como um adjetivo, por exemplo DNA recombinante.” (Recombinant, 2001, tradução nossa).

## Recomposição(*splicing*)

“Processo responsável pela ligação covalente de sequências de éxons de RNA e pela eliminação de sequências de íntrons interpostas.” (Snustad; Simmons, 2017).

### **Recurso genético**

“Termo genérico que inclui todas as raças, tipos, variedades e populações de animais, plantas e micro-organismos integrantes da biodiversidade de interesse socioeconômico.” (Castro; Egito, 2012, p. 13).

### **Repetições palindrômicas agrupadas e regularmente espaçadas (*Clustered Regularly Interspersed Palindromic Repeats (CRISPR)*)**

“Arranjo de sequências repetidas nos genomas de muitas bactérias e arqueobactérias, envolvido na proteção desses microrganismos contra infecções causadas por bacteriófagos. Essas repetições são separadas umas das outras por espaçadores complementares às sequências nos genomas dos bacteriófagos.” (Snustad; Simmons, 2017).

### **Replicação**

“Processo de duplicação da informação genética codificada por ácidos nucleicos (na maioria das vezes DNA e, algumas vezes, RNA).” (Torres et al., 2000, p. 96).

“Processo de duplicação realizado por cópia de um molde (p. ex., reprodução no nível de DNA).” (Snustad; Simmons, 2017).

### **Reprodução assexuada**

“Todo processo de reprodução em que não há formação e união de gametas dos diferentes sexos ou cruzamentos.” (Snustad; Simmons, 2017).

### **Reprodução sexuada**

“Reprodução que abrange a formação de células germinativas maduras (i. e., ovócitos/oosferas e espermatozoides/anterozoides).” (Snustad; Simmons, 2017).

### **Resposta imune adaptativa primária**

“A produção de anticorpos ou células T imunes na primeira exposição a um antígeno; os anticorpos pertencem em sua maioria a classe IgM.” (Madigan et al., 2016, p. 957).

### **Resposta imune adaptativa secundária**

“O aumento da produção de anticorpos ou células T imunes em uma segunda e subsequente exposição ao antígeno; os anticorpos são em sua maioria da classe IgG.” (Madigan et al., 2016, p. 957).



**Resposta primária de anticorpos**

“Anticorpos sintetizados após a primeira exposição ao antígeno; em sua maioria da classe *IgM*.” (Madigan et al., 2016, p. 957).

**Resposta secundária de anticorpos**

“Anticorpos sintetizados a partir de uma segunda (subsequente) exposição a um antígeno; principalmente da classe *IgG*.” (Madigan et al., 2016, p. 957).

**Retrovírus**

“Vírus que armazena suas informações genéticas em RNA e as replica usando a transcriptase reversa para sintetizar uma cópia em DNA do genoma de RNA.” (Snustad; Simmons, 2017).

“Um vírus de RNA contendo uma transcriptase reversa.” (Cox et al., 2012, p. 853).

***Rhipicephalus (Boophilus) microplus***

Nome científico de carrapato-do-boi. “Classificação taxonômica do *Rhipicephalus (Boophilus) microplus*: Reino - Metazoa. Filo - Arthropoda. Classe - Arachnida. Subclasse - Acari. Superordem - Parasitiformes. Ordem - Ixodida. Superfamília - Ixodoidea. Família - Ixodidae. Subfamília - *Rhipicephalus*. Gênero - *Rhipicephalus*. Subgênero - *Boophilus*. Espécie - *Rhipicephalus (Boophilus) microplus*.” (Garcia et al., 2019, p. 21).

**Ribossomo**

“Organela citoplasmática na qual são sintetizadas as proteínas.” (Snustad; Simmons, 2017).

“Organela complexa que catalisa a tradução do RNA mensageiro em uma sequência de aminoácidos; composto de proteínas mais rRNA.” (Griffiths et al., 2013, p. 685).

**RmVAC**

Sigla do Projeto tipo III (Inovação aberta) “Obtenção de formulações vacinais contra o carrapato bovino *Rhipicephalus microplus* e espécies relacionadas”, aprovado na Chamada 90/2019 do Sistema Embrapa de Gestão (SEG), que tem por objetivo identificar antígenos para o desenvolvimento de vacinas eficazes contra o carrapato bovino, a partir de dados de transcriptoma do carrapato, utilizando a abordagem de vacinologia reversa. Projeto piloto na implementação do Repositório de Dados de Pesquisa da Embrapa, na plataforma *DataVerse*, no âmbito da Ação Gerencial Local (AGL) intitulada “Implantar a gestão de dados de pesquisa na Embrapa Informática Agropecuária”, executada ao longo de 2020.

### **RNA de interferência (RNAi)**

Resposta desencadeada pela presença de RNA de dupla-fita, que resulta na degradação de RNAs homólogo ao RNA indutor. (Madigan et al., 2016, p. 957).

### **RNA de interferência pequeno (RNAi)**

“Moléculas curtas de RNA dupla-fita que desencadeiam o RNA de interferência.” (Madigan et al., 2016, p. 957).

### **RNA mensageiro (RNAm)**

“Molécula de RNA que contém a informação genética necessária para codificar um ou mais polipeptídios.” (Madigan et al., 2016, p. 957).

### **RNA não codificador (RNAnc)**

“Molécula de RNA que não é traduzida em proteína.” (Madigan et al., 2016, p. 957).

### **RNA ribossomal (RNAr)**

“Tipos de RNA encontrados nos ribossomos; alguns RNAr participam ativamente no processo de síntese proteica.” (Madigan et al., 2016, p. 957).

### **RNA ribossômico (rRNA)**

“Classe de moléculas de RNA, codificada no organizador nucleolar, que exerce papel integrante (mas pouco entendido) na estrutura e na função do ribossomo.” (Griffiths et al., 2013, p. 684).

### **RNA transportador (RNAt)**

“Pequena molécula de RNA utilizada na tradução, que possui um anticódon em uma extremidade e os aminoácidos correspondentes ligados a outra extremidade.” (Madigan et al., 2016, p. 957).

### **RNA (*Ribonucleic acid*)**

“Molécula linear constituída de uma cadeia única de ribonucleotídeos, contendo quatro monômeros de nucleotídeos, os monofosfatos de adenosina (AMP), guanossina (GMP), citidina (CMP) e uridina (UMP). Estruturalmente, a molécula de RNA é similar à de DNA, porém na molécula de RNA o açúcar presente é a ribose. Entre os RNAs existentes estão incluídos os RNAs mensageiros (mRNA), RNAs ribossomais (rRNA) e RNAs transportadores (tRNA). O RNA é sintetizado a partir de uma molécula-molde de DNA pelo processo de transcrição, possuindo a função de transferir essa informação genética do DNA para a biossíntese protéica (tradução). Certos vírus possuem RNA como material genético que, em alguns casos, pode ser sintetizado usando o próprio RNA viral como molde.” (Torres et al., 1999, p. 2).

### **RNA-Seq**

Abreviatura de *RNA-Sequencing*. RNA-Seq é uma técnica que permite a identificação e quantificação de sequências de RNA em uma amostra biológica, por meio de tecnologias de sequenciamento de nova geração. (Haque et al., 2017).

### **RNAs longos não codificadores (lncRNAs)**

RNAs que possuem mais de 200 nucleotídeos e que não codificam proteínas funcionais. Os lncRNAs são amplamente expressos e têm papéis chave na regulação gênica. Em função da sua localização e das suas interações específicas com DNA, RNA e proteínas, os lncRNAs podem modular a função da cromatina, regular a montagem e função de corpos nucleares sem membrana, alterar a estabilidade e tradução de mRNAs citoplasmáticos e interferir nas vias de sinalização, afetando a expressão gênica em diversos contextos biológicos e fisiopatológicos. (Statello et al., 2021).

### **Seleção**

“Sobrevivência e reprodução diferenciais entre os genótipos; os fatores mais importantes que modificam as frequências dos alelos em grandes populações.” (Snustad; Simmons, 2017).

“Procedimento em que os organismos são submetidos a condições que favorecem ou inibem o crescimento de um determinado fenótipo ou genótipo.” (Madigan et al., 2016, p. 958).

### **Seleção artificial**

“A prática de escolher indivíduos de uma população para reprodução, geralmente porque esses indivíduos têm uma ou mais características desejáveis.” (Snustad; Simmons, 2017).

“Criação de gerações sucessivas pela seleção humana deliberada de certos fenótipos ou genótipos como os pais de cada geração.” (Griffiths et al., 2013, p. 685).

### **Seleção assistida por marcadores moleculares (SAMM)**

“[...] é uma forma de seleção indireta de características de interesse com base em marcadores moleculares.” (Faleiro et al., 2011, p. 87).

### **Seleção em massa**

“No cruzamento de vegetais e animais, a escolha de indivíduos para reprodução em toda a população tomando como base os fenótipos individuais, não os fenótipos de seus parentes.” (Snustad; Simmons, 2017).

### **Seleção genética**

“Exposição de uma célula ou de um organismo a condições ambientais nas quais só é capaz de sobreviver se tiver um gene ou elemento genético específico.” (Snustad; Simmons, 2017).

### **Seleção genômica ampla (*Genomic wide selection* (GWS))**

“Conforme relatado por Resende et al. (2008), a seleção genômica ampla pode ser definida como a seleção simultânea de centenas ou milhares de marcadores, os quais cobrem o genoma de uma maneira densa, de forma que todos os genes de um caráter quantitativo estejam em desequilíbrio de ligação com pelo menos uma parte dos marcadores. Esses marcadores em desequilíbrio de ligação com os *QTLs*, tanto de grandes quanto de pequenos efeitos, explicarão quase a totalidade da variação genética de um caráter quantitativo. A seleção genômica é dita ampla porque atua em todo o genoma, capturando todos os genes que afetam uma característica quantitativa.” (Faleiro et al., 2011, p. 94).

### **Seleção natural**

“Sobrevivência e reprodução diferencial na natureza que favorecem indivíduos mais adaptados ao ambiente; eliminação de organismos menos aptos.” (Snustad; Simmons, 2017).

“Taxa diferencial de reprodução de tipos diferentes em uma população como resultado de características fisiológicas, anatômicas ou de comportamento diferentes entre eles.” (Griffiths et al., 2013, p. 685).

“Processo pelo qual os traços (fenótipos) se tornam mais prevalentes em uma população, uma vez que esses indivíduos mais bem adaptados para explorar os recursos prevalentes são aqueles que provavelmente sobreviverão e se reproduzirão, passando adiante suas características vantajosas.” (Cox et al., 2012, p. 854).

### **Sequência de nucleotídeos**

“A sequência de purinas e pirimidinas em ácidos nucleicos e polinucleotídeos.” (Nucleotide..., 2021, tradução nossa).

## **Sequência de RNA**

Ver **Sequência de nucleotídeos**.

## **Sequência interveniente**

“Um intron; um segmento de função praticamente desconhecida em um gene. Esse segmento inicialmente é transcrito, mas o transcrito não é encontrado no mRNA funcional.” (Griffiths et al., 2013, p. 685).

## **Sequenciamento de DNA**

“[...] processo de determinação da sequência de nucleotídeos (As, Ts, Cs e Gs) em um trecho de DNA.” (Sequenciamento..., 2020).

“A ordem precisa das bases - A, T, G, C – em um segmento de DNA, gene, cromossomo ou um genoma inteiro.” (DNA..., 2002, tradução nossa).

“[...] uma série de métodos bioquímicos que tem como finalidade determinar a ordem das bases nitrogenadas adenina (A), citosina e timina (T) da molécula de DNA.” (Sequenciamento, 2021).

## **Sequenciamento de última geração (*Next generation sequencing*)**

“Refere-se às tecnologias de sequenciamento de DNA de alto rendimento, não baseadas em Sanger. Milhões ou bilhões de trechos de DNA podem ser sequenciados em paralelo, gerando um rendimento substancialmente maior e minimizando a necessidade de métodos de clonagem de fragmentos que são frequentemente usados no sequenciamento Sanger de genomas.” (Yang, 2014, p. 190-191, tradução nossa).

## **Sequenciamento do tipo *shotgun***

“Sequenciamento do DNA a partir de pequenos fragmentos de um genoma, previamente clonados de forma aleatória, acompanhado de métodos computacionais para reconstruir a sequência completa do genoma.” (Madigan et al., 2016, p. 958).

## **Sialoma**

“[...] transcriptoma de glândula salivar, às vezes associado à sua análise de proteoma; geralmente usado no contexto de artrópodes hematófagos. Sialoma é um composto da palavra grega para saliva (sialos) e ‘transcriptoma’.” (Sialome, 2016, p. 245, tradução nossa).

## **Síndrome**

“Grupo de sinais e sintomas que ocorrem juntos e representam uma doença específica.” (Snustad; Simmons, 2017).

### **Sistêmico**

“Não localizado no corpo; infecção amplamente disseminada por todo o corpo.” (Madigan et al., 2016, p. 958).

### **Sítio ativo**

“A parte da proteína que deve ser mantida em uma forma específica para ser funcional – Por exemplo, em uma enzima, é a parte onde o substrato se liga.” (Ramalho et al., 2012, p. 550).

“A região da superfície de uma enzima capaz de ligar a molécula de substrato e transformá-la cataliticamente; também chamado de sítio catalítico.” (Cox et al., 2012, p. 855).

### **Soro**

“Porção fluida do sangue que resta após a remoção das células sanguíneas e dos fatores envolvidos na coagulação.” (Madigan et al., 2016, p. 958).

### **Sorologia**

“Estudo das reações antígeno-anticorpo *in vitro*.” (Madigan et al., 2016, p. 958).

### **Splicing**

“Etapa de processamento do RNA onde os íntrons são removidos e os éxons unidos.” (Madigan et al., 2016, p. 958).

### **Splicing proteico**

“Remoção de sequências intervenientes de uma proteína.” (Madigan et al., 2016, p. 958).

### **Substrato**

“Molécula que sofre uma reação específica, mediada pela ação de uma enzima.” (Madigan et al., 2016, p. 958).

### **Supressor**

“Mutações que restaura um fenótipo selvagem, sem alterar a mutação original, geralmente decorrente de uma mutação em outro gene.” (Madigan et al., 2016, p. 958).

**Surto**

“Ocorrência de um grande número de casos de uma doença, em um pequeno intervalo de tempo.” (Madigan et al., 2016, p. 958).

**Terapia gênica**

“Correção de deficiência genética em uma célula pelo acréscimo de novo DNA e sua inserção no genoma. Técnicas diferentes têm o potencial de conduzir a terapia gênica apenas em tecidos somáticos ou, alternativamente, corrigir a deficiência genética no zigoto, corrigindo, assim, também a linhagem germinativa.” (Griffiths et al., 2013, p. 686).

“A correção de uma deficiência genética na célula pela adição ou inserção de um novo segmento de DNA no genoma.” (Ramalho et al., 2012, p. 550).

“Tratamento de uma doença causada por um gene não funcional, pela introdução de uma cópia funcional deste gene.” (Madigan et al., 2016, p. 958).

**Tolerância**

“Incapacidade adquirida de produzir resposta imune a um antígeno específico.” (Madigan et al., 2016, p. 959).

**Toxicidade**

“A capacidade de um organismo em causar doença por meio de uma toxina pré-forma da que inibe a função ou mata as células hospedeiras.” (Madigan et al., 2016, p. 959).

**Toxina**

“Substância microbiana capaz de causar dano a um hospedeiro.” (Madigan et al., 2016, p. 959).

“As toxinas são moléculas muito potentes responsáveis por doenças moderadas a muito graves no homem e nos animais. Elas são produzidas por uma ampla variedade de organismos, desde bactérias a fungos, animais e plantas. No entanto, as toxinas também são drogas terapêuticas potentes, como as neurotoxinas botulínicas que têm um grande número de aplicações médicas ou toxinas peptídicas, por exemplo, conotoxinas, usadas no tratamento da dor. Além disso, as toxinas são ferramentas muito úteis na biologia celular que revelaram processos fisiológicos importantes, como a exocitose, a organização do citoesqueleto e a investigação de canais iônicos.” (Popoff; Benoit, 2021, tradução nossa).

“Um composto produzido por um organismo e venenoso para plantas e animais.” (Toxin, 1999, tradução nossa).

### **Traço**

É uma característica específica de um organismo, podendo ser determinada por genes ou pelo ambiente ou, mais comumente, por interações entre eles. A cor dos cabelos e o tipo sanguíneo são exemplos de traços. (Trait, 2021).

### **Tradução**

“Síntese de proteínas a partir de moléculas do RNA mensageiro (mRNA). Para ser expressa, a informação genética contida no DNA é transcrita em uma cópia de RNA complementar e, em seguida, traduzida em uma proteína.” (Torres et al., 1999, p. 16).

“A produção, mediada por ribossomo e pelo tRNA, de um polipeptídeo cuja sequência de aminoácidos é derivada da sequência de códons de uma molécula de mRNA.” (Griffiths et al., 2013, p. 687).

“Síntese de proteínas, utilizando como molde a informação genética contida no RNA mensageiro.” (Madigan et al., 2016, p. 959).

### **Transcrição**

“Síntese de RNA a partir de um molde de DNA.” (Griffiths et al., 2013, p. 687).

“Processo de formação de RNA ao longo de um molde de DNA. A enzima RNA polimerase catalisa a formação de RNA a partir de trifosfatos de ribonucleosídeo.” (Snustad; Simmons, 2017).

“Processo de síntese de uma molécula de RNA, complementar a uma das fitas de uma molécula de DNA de dupla-fita.” (Madigan et al., 2016, p. 959).

### **Transcrição reversa**

“Síntese do DNA proveniente de um molde de RNA.” (Snustad; Simmons, 2017).

“Processo de reprodução da informação encontrada no RNA em DNA.” (Madigan et al., 2016, p. 959).

### **Transcriptoma**

“[...] pode ser definido como o repertório de moléculas de RNA, incluindo os codificadores e não codificadores, transcritas em um determinado organismo, tecido ou molécula”. (Giachetto, 2019, p. 206).

“[...] refere-se ao conjunto completo de transcritos em uma célula, identificados por um método denominado RNA-seq, no qual o RNA das células é coletado, amostrado e sequenciado. Inclui variantes de *splicing* alternativo, e RNAs não codificadores.” (Transcriptome, 2019, p. 420, tradução nossa).

“O conjunto completo de RNA transcritos de um genoma.” (Snustad; Simmons, 2017). “Conjunto de todos os RNA produzidos em um organismo sob um conjunto específico de condições.” (Madigan et al., 2016, p. 959).



### **Transcriptômica**

Estudo dos genes expressos em uma amostra biológica. “[...] estudo do transcriptoma e possibilita a identificação dos transcritos presentes na célula em um dado momento, a determinação da estrutura dos genes (sítio de iniciação e extremidades 5’ e 3’), a identificação do padrão de *splicing* e outras modificações pós-transcricionais e a quantificação das alterações nos níveis de expressão de cada transcrito ao longo do desenvolvimento ou sob diferentes condições de um organismo.” (Wang et al., 2009 citados por Giachetto, 2019, p. 206).

“Transcriptômica é a ciência que estuda o transcriptoma, que, por definição, é o conjunto completo de RNA transcritos de determinado indivíduo, de determinada espécie, de determinada idade, de determinado tecido, em determinadas condições ambientais, sob determinado tratamento experimental, etc.” (Faleiro et al., 2011, p. 147).

### **Transdução**

“Transferência de genes do hospedeiro de uma célula a outra por meio de um vírus.” (Madigan et al., 2016, p. 959).

### **Transgene**

“Gene que foi modificado por técnicas de DNA recombinante aplicadas externamente e reintroduzido no genoma por transformação da linhagem germinativa.” (Griffiths et al., 2013, p. 687).

“Um gene de um [organismo] que foi incorporado no genoma de outro organismo. Geralmente se refere a um gene que foi introduzido em um organismo multicelular.” (Transgene, 1999, tradução nossa).

### **Transgênico**

“Termo aplicado a organismos que foram modificados por introdução de moléculas de DNA.” (Snustad; Simmons, 2017).

### **Vacina**

“Patógeno inativado ou atenuado, ou um produto inócuo do patógeno, utilizado para induzir uma imunidade ativa artificial.” (Madigan et al., 2016, p. 960).

“[...] preparação biológica que fornece imunidade adquirida ativa para uma doença particular. Uma vacina tipicamente contém um agente que se assemelha a um microrganismo causador de doenças e é muitas vezes feito de formas enfraquecidas ou mortas do micróbio, das suas toxinas ou de uma das suas proteínas de superfície. O agente estimula o sistema imunológico do corpo a reconhecê-lo como uma ameaça, destruí-lo e a manter um registro seu para que possa mais facilmente reconhecer e destruir qualquer um desses microrganismos que mais tarde encontre.” (Vacina, 2020).

### **Vacina polivalente**

“Uma vacina que imuniza contra mais de uma doença.” (Madigan et al., 2016, p. 960).

### **Vacinação (imunização)**

“Inoculação de um hospedeiro com patógenos inativados ou atenuados, ou produtos do patógeno, para estimular a imunidade ativa protetora.” (Madigan et al., 2016, p. 960).

### **Variabilidade**

“Capacidade de uma espécie, de uma população ou de uma progênie para expressar diferentes fenótipos.” (Ramalho et al., 2012, p. 552).

### **Variabilidade genética**

“É a amplitude da variação genética existente para uma determinada espécie. Abrange todos os genes ou combinações gênicas que conferem, por exemplo, resistência a parasitas, adaptação ao ambiente, qualidade da carne, tamanho do animal, tipos de pelagem, etc. A variabilidade genética estrutura-se sob várias formas (ex.: polimorfismos, séries alélicas, poligenes). A ocorrência de diferenças entre indivíduos deve-se às diferenças existentes na sua variabilidade genética. A literatura de língua inglesa utiliza preferencialmente a expressão variação genética e menos frequentemente variabilidade genética em seus textos. Em português ocorre o contrário, razão pela qual se sugere a adoção da expressão variabilidade genética.” (Castro; Egito, 2012, p. 14).

### **Variação**

“Em biologia, a ocorrência de diferenças entre indivíduos.” (Snustad; Simmons, 2017).

“Diferenças fenotípicas ou genotípicas entre indivíduos de uma população.” (Ramalho et al., 2012, p. 552).

Ver **Variabilidade genética**.

### **Variação do número de cópias (CNV)**

“[...] tipo de variação estrutural caracterizado por alterações no número de cópias de regiões específicas do DNA, as quais resultam em duplicações ou deleções de trechos do genoma maiores do que 50 pares de bases (pb) (MacDonald *et al.*, 2014).” (Siqueira; Giachetto, 2019, p. 7).

**Varição genética**

Diversidade (Frankham et al., 2008, p. 33).

“A variação genética em uma espécie resulta de danos espontâneos ao DNA, erros de replicação, transposição, processos errôneos de reparo do DNA, recombinação genética e muitos outros processos.” (Cox et al., 2012, p. 18).

**Variância**

“Medida estatística usada para quantificar o quanto os valores de traço de indivíduos desviam da média da população.” (Griffiths et al., 2013, p. 688).

“Medida da variação em uma população; o quadrado do desvio padrão.” (Snustad; Simmons, 2017).

**Variância genética**

“Parte da variação fenotípica entre indivíduos de uma população que se deve às diferenças genéticas entre os indivíduos.” (Griffiths et al., 2013, p. 688).

**Vetor**

“Plasmídeo ou cromossomo viral que pode ser usado para construir moléculas de DNA recombinantes a serem introduzidas em células vivas.” (Snustad; Simmons, 2017).

“Molécula autorreplicante de DNA que carrega segmentos de DNA entre organismos e pode ser utilizada como vetor de clonagem para transportar genes clonados, ou outros segmentos de DNA, na engenharia genética. Agente vivo, geralmente um inseto ou outro animal, capaz de transmitir patógenos de um hospedeiro para outro.” (Madigan et al., 2016, p. 960).

**Vírus**

“São parasitas infecciosos que utilizam os recursos da célula hospedeira para desempenhar muitos dos processos de que necessitam para se propagar. Muitas partículas virais são constituídas por não mais do que um genoma (geralmente uma única molécula de RNA ou de DNA) envolto por capa proteica.” (Nelson; Cox, 2014, p. 980).

“Elemento genético contendo RNA ou DNA, que se replica apenas no interior de células hospedeiras; exibe forma extracelular.” (Madigan et al., 2016, p. 960).

### **Zigoto**

“Célula formada pela fusão de um ovócito e um espermatozoide; a única célula diploide que se divide por mitose para criar um organismo diploide diferenciado.” (Griffiths et al., 2013, p. 688).

“Em eucariotos, corresponde a célula diploide resultante da união de dois gametas haploides.” (Madigan et al., 2016, p. 960).

### **Zoonose**

“Qualquer doença predominante em animais que é ocasionalmente transmitida ao homem.” (Madigan et al., 2016, p. 960).

“Doença que infecta primariamente animais, mas que ocasionalmente é transmitida para seres humanos.” (Madigan et al., 2016, p. 834)

## Índice

### A

Ácido nucleico  
Ácido ribonucleico  
Adaptação  
Alelo  
Alelos  
*Alignment*  
Alinhamento  
Alinhamento de sequência  
Aminoácidos  
Análise de sequência de DNA  
Análise de sequência de RNA  
Anotação  
Antibiótico  
Anticódon  
Anticorpo  
Antígeno  
Antimicrobiano  
Antisséptico (germicida)  
*Archaea*  
Arqueobactéria  
*Assembly*  
Associação ampla do genoma (*Genome Wide Association (GWA)*)  
ATP (trifosfato de adenosina)  
Autoimunidade  
Autônomo  
Autotrófico

### B

Bactéria  
Bacteriófago  
Banco de dados biológicos

Banco de germoplasma  
Biblioteca de DNA  
Biblioteca genômica  
Bioensaio  
Biogeoquímica  
Bioinformata  
Bioinformática  
Biologia computacional  
Biologia de sistemas  
Biologia molecular  
Biopolímeros  
Biossegurança  
Biossíntese  
Biotecnologia  
BLAST

## C

Câncer  
Carcinogênico  
Carga viral  
Carrapato-do-boi  
cDNA (DNA complementar)  
Célula B  
Célula B de memória  
Célula T  
Células-tronco  
Cistron  
Citocromo  
Citogenética  
Citologia  
Clonagem de DNA  
Clonagem gênica  
Clonagem molecular  
Clonagem (gene)

Clone  
Código genético  
Códon  
Coenzima  
Coexpressão  
Cofator  
Conformação molecular  
Controle biológico  
Cromossomo  
*Crossing over*  
Cultivar  
Cultura

## D

Dados  
Dados biológicos  
Dados ômicos  
*Datasets* ômicos  
DDBJ  
Desnaturação  
Desoxirribose  
Desvio padrão  
Dimorfismo  
Diploide  
DNA (*Deoxyribonucleic acid*)  
Doença  
Doença emergente  
Doença endêmica  
Doença reemergente  
Dominante

## E

EBI  
Ectoparasitas  
Eletroforese

Eletroforese em gel  
ELISA (ensaio imunossorvente ligado à enzima)  
EMBL  
Engenharia genética  
Enovelamento de proteínas  
Entrez  
Enzima  
Epidemia  
Epidemiologia  
Epigenético  
Espécie  
Especificidade  
Estrutura primária de proteína  
Estrutura quaternária de proteína  
Estrutura secundária de proteína  
Estrutura terciária de proteína  
Estudos de associação genômica ampla (*Genome Wide Association Studies* (GWAS))  
Estudos *in silico*  
Eucariótico  
Eucarioto  
Evolução  
Exoenzima  
Éxons  
Expressão gênica  
Expressividade  
*Ex situ*  
*Ex vitro*  
*Ex vivo*

## F

Fago  
Fagócito  
Fagocitose



Fagossoma  
Fenótipo  
Fertilização  
Filogenética  
Filogenia  
Fosfolípídeos

## G

Gameta  
GenBank  
Gene  
Gene marcador  
Gene recessivo  
Gene regulatório  
Genes reguladores  
Genética  
Genética molecular  
Genoma  
Genômica  
Genotipagem  
Genótipo  
Germoplasma  
Glândula salivar  
Guerra biológica

## H

Habitat  
Haploide  
Hélice  
Hélice  $\alpha$   
Hemoglobina  
Herança  
Herdabilidade  
Hereditariedade  
Heterozigoto

Hibridização

Hibridização *in situ*

Híbrido

Homozigoto

Hormônio

Hospedeiro (ou célula hospedeira)

*Hot spots*

## I

Idiograma

*Imprinting*

*Imprint* genômico

*Imprint* materno

*Imprint* paterno

Imune

Imunidade

Imunidade adaptativa (imunidade antígeno-específica)

Imunidade ativa

Imunidade coletiva

Imunidade de rebanho

Imunidade humoral

Imunidade inata (imunidade inespecífica)

Imunidade mediada por células

Imunidade passiva

Imunização (vacinação)

Imunofluorescência

Imunoglobulinas

Imunoterapia

Incidência

Incubação

Indutor

Infecção crônica

Infecção oportunista

Inflamação

Inibição  
Inibidor  
Iniciador (*primer*)  
Inoculação  
Inóculo  
INSDC  
*In silico*  
*In situ*  
Interação hospedeiro-parasita  
Interatômica  
Interferência  
Interferon  
Íntron  
Íntrons  
*In vitro*  
*In vivo*  
Isoenzima  
Isolamento

**L**

Leucócito  
Levedura  
Ligação gênica (*linkage*)  
Ligação peptídica  
Ligante  
Linfa  
Linfócito  
Linfonodos  
Linhagem  
Lipídeo  
Lisossomo  
Lisozima  
Loci de característica quantitativa (*Quantitative trait loci* (QTL))  
Loco

Lócus

## M

Macromolécula

Maligno

Mapa genético

Mapa molecular

Marcador AFLP

Marcador genético

Marcador microssatélite

Marcador minissatélite

Marcador molecular

Marcador RAPD

Marcador RFLP

Marcador S-SPA

Medula óssea

Meiose

Melhoramento genético

Metabolismo

Metabólitos

Metaboloma

Metabolômica

Metagenoma

Metagenômica

Metaproteômica

Metatranscriptômica

Metazoários

Micorriza

Microarranjo

*Microarray*

Microrganismo

MicroRNAs (miRNAs)

Mitocôndria

Mitose

Molde (template)  
Molécula  
Molécula de DNA recombinante  
Mutação  
Mutação cromossômica  
Mutação gênica  
Mutagênese  
Mutagênico  
Mutágeno  
Mutante

**N**

Não autônomo  
NCBI  
NCBI *Taxonomy*  
Nucleosídeo  
Nucleotídeo

**O**

Ômicas  
Organela  
Organelas  
Organismo geneticamente modificado (OGM)  
Organismo transgênico

**P**

Pandemia  
Parasita  
Parasitismo  
Parental  
Partenogênese  
Patogenicidade  
Patógeno  
Patógeno oportunista  
Peptídeo

*Pipeline*

*Pipeline* de bioinformática

Plasmídeo

Polimorfismo

Polimorfismos de nucleotídeo único (SNP) (snip)

Polimorfismo do comprimento de sequência simples (*Simple Sequence Length Polymorphisms*) (SSLP))

Polimorfismo do comprimento do fragmento de restrição (*Restriction Fragment Length Polymorphism* (RFLP))

Polipeptídeo

População

*Primer*

Prion

Procarioto

Progênie

Prole

Proteína

Proteoma

Proteômica

Protozoários

## Q

Quarentena

Quimera

## R

Raça

Reação em cadeia da polimerase (*Polymerase chain reaction* (PCR))

Recessivo

Recombinação

Recombinante

Recomposição (*splicing*)

Recurso genético

Repetições palindrômicas agrupadas e regularmente espaçadas (*Clustered Regularly Interspersed Palindromic Repeats* (CRISPR))

Replicação  
Reprodução assexuada  
Reprodução sexuada  
Resposta imune adaptativa primária  
Resposta imune adaptativa secundária  
Resposta primária de anticorpos  
Resposta secundária de anticorpos  
Retrovírus  
*Rhipicephalus (Boophilus) microplus*  
Ribossomo  
RmVAC  
RNA de interferência (RNAi)  
RNA de interferência pequeno (RNAsi)  
RNA mensageiro (RNAm)  
RNA não codificador (RNAnc)  
RNA ribossomal (RNAr)  
RNA ribossômico (rRNA)  
RNA transportador (RNAt)  
RNA (*Ribonucleic acid*)  
RNA-Seq  
RNAs longos não codificadores (lncRNAs)

## S

Seleção  
Seleção artificial  
Seleção assistida por marcadores moleculares (SAMM)  
Seleção em massa  
Seleção genética  
Seleção genômica ampla (*Genomic wide selection (GWS)*)  
Seleção natural  
Sequência de nucleotídeos  
Sequência de RNA  
Sequenciamento de DNA  
Sequência interveniente

Sequenciamento de última geração (*Next generation sequencing*)

Sequenciamento do tipo *shotgun*

Sialoma

Síndrome

Sistêmico

Sítio ativo

Soro

Sorologia

*Splicing*

*Splicing* proteico

Substrato

Supressor

Surto

## T

Terapia gênica

Tolerância

Toxicidade

Toxina

Traço

Tradução

Transcrição

Transcrição reversa

Transcriptoma

Transcriptômica

Transdução

Transgene

Transgênico

## V

Vacina

Vacina polivalente

Vacinação (imunização)

Variabilidade

Variabilidade genética



Variação

Variação do número de cópias (CNV)

Variação genética

Variância

Variância genética

Vetor

Vírus

## Z

Zigoto

Zoonose

## Referências

ABBAS, A. K.; LICHTMAN, A. H.; PILLAI, S. **Imunologia celular e molecular**. 8. ed. Rio de Janeiro: Elsevier, 2015.

ABDURAKHMONOV, I. Y. **Genotyping**. London: IntechOpen, 2018.

ABIOLA, O.; ANGEL, J. M.; AVNER, P.; BACHMANOV, A. A.; BELKNAP, J. K.; BENNETT, B.; BLANKENHORN, E. P.; BLIZARD, D. A.; BOLIVAR, V.; BROCKMANN, G. A.; BUCK, K. J.; BUREAU, J. F.; CASLEY, W. L.; CHESLER, E. J.; CHEVERUD, J. M.; CHURCHILL, G. A.; COOK, M.; CRABBE, J. C.; CRUSIO, W. E.; DARVASI, A.; DE HAAN, G.; DEMANT, P.; DOERGE, R. W.; ELLIOTT, R. W.; FARBER, C. R.; FLAHERTY, L.; FLINT, J.; GERSHENFELD, H.; GIBSON, J. P.; GU, J.; GU, W.; HIMMELBAUER, H.; HITZEMANN, R.; HSU, H. C.; HUNTER, K.; IRAQI, F. A.; JANSEN, R. C.; JOHNSON, T. E.; JONES, B. C.; KEMPERMANN, G.; LAMMERT, F.; LU, L.; MANLY, K. F.; MATTHEWS, D. B.; MEDRANO, J. F.; MEHRBIAN, M.; MITTLEMAN, G.; MOCK, B. A.; MOGIL, J. S.; MONTAGUTELLI, X.; MORAHAN, G.; MOUNTZ, J. D.; NAGASE, H.; NOWAKOWSKI, R. S.; O'HARA, B. F.; OSADCHUK, A. V.; PAIGEN, B.; PALMER, A. A.; PEIRCE, J. L.; POMP, D.; ROSEMAN, M.; ROSEN, G. D.; SCHALKWYK, L. C.; SELTZER, Z.; SETTLE, S.; SHIMOMURA, K.; SHOU, S.; SIKELA, J. M.; SIRACUSA, L. D.; SPEAROW, J. L.; TEUSCHER, C.; THREADGILL, D. W.; TOTH, L. A.; TOYE, A. A.; VADASZ, C.; VAN ZANT, G.; WAKELAND, E.; WILLIAMS, R. W.; ZHANG, H. G.; ZOU, F. The nature and identification of quantitative trait loci: a community's view. **Nature Reviews Genetics**, v. 4, n. 11, p. 911-916, Nov. 2003. DOI: 10.1038/nrg1206.

ALIGNMENT. In: THE NCBI handbook. 2. ed. Bethesda: National Center for Biotechnology Information, 2019. p. 405. Disponível em: <[https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/pdf/Bookshelf\\_NBK143764.pdf](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/pdf/Bookshelf_NBK143764.pdf)>. Acesso em: 20 jan. 2021.

ALVES, S. M. A bioinformática e sua importância para a biologia molecular. **REBES: Revista Brasileira de Educação e Saúde**, v. 3, n. 4, p. 18-25, out./dez. 2013.

AMINO acid. In: THE NCBI handbook. 2. ed. Bethesda: National Center for Biotechnology Information, 2019. p. 405. Disponível em: <[https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/pdf/Bookshelf\\_NBK143764.pdf](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/pdf/Bookshelf_NBK143764.pdf)>. Acesso em: 19 jan. 2021.

ANTONELLI, L.; GUARRACINO, M. R.; MADDALENA, L.; SANGIOVANNI, M. Integrating imaging and omics data: a review. **Biomedical Signal Processing and Control**, v. 52, p. 264-280, July 2019. DOI: 10.1016/j.bspc.2019.04.032.

AOKI, K.; OGATA, Y.; SHIBATA, D. Approaches for extracting practical information from gene co-expression networks in plant biology. **Plant Cell Physiology**, v. 38, n. 3, p. 381-390, Mar. 2007. DOI: 10.1093/pcp/pcm013.

ASSEMBLY. THE NCBI handbook. 2. ed. Bethesda: National Center for Biotechnology Information, 2019. p. 406. Disponível em: <[https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/pdf/Bookshelf\\_NBK143764.pdf](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/pdf/Bookshelf_NBK143764.pdf)>. Acesso em: 13 jan. 2021.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE NORMAS TÉCNICAS. **ABNT**: diretiva 2 – regras para estrutura e redação de documentos técnicos ABNT. Rio de Janeiro, 2017. 67 p.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE NORMAS TÉCNICAS. **NBR 13789**: terminologia – princípios e métodos – elaboração e apresentação de normas de terminologia. Rio de Janeiro, 1997a. 17 p.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE NORMAS TÉCNICAS. **NBR 13790**: terminologia – princípios e métodos – harmonização de conceitos e termos. Rio de Janeiro, 1997b. 6 p.

BAXTER, D. Active and passive immunity, vaccine types, excipients and licensing, **Occupational Medicine**, v. 57, n. 8, p. 552–556, Dec. 2007. DOI: 10.1093/occmed/kqm110.

BENSON, D. A.; CAVANAUGH, M.; CLARK, K.; KARSCH-MIZRACHI, I.; LIPMAN, D. J.; OSTELL, J.; SAYERS, E. W. GenBank. **Nucleic Acids Research**, v. 41, n. D36-D42, Jan. 2013. Database issue. DOI: 10.1093/nar/gks1195.

BERG, J. M.; TYMOCZKO, J. L.; STRYER, L. **Biochemistry**. 5. ed. New York: W H Freeman, 2002.

BHATT, V. D.; PATEL, M.; JOSHI, C. G. An insight of biological databases used in bioinformatics. In: WADHWA, G.; SHANMUGHAVEL, P.; SINGH, A. K.; BELLARE, J. R. (Ed.). **Current trends in bioinformatics: an insight**. Singapore: Springer, 2018. p. 3-25. DOI: 10.1007/978-981-10-7483-7\_1.

BIOASSAYS. In: ESTADOS UNIDOS. Department of Agriculture. **NAL agricultural thesaurus and glossary**. Disponível em: <<https://agclass.nal.usda.gov/mtwdk.exe?s=1&n=1&y=0&l=60&k=glossary&t=2&w=bioassays>>. Acesso em: 9 out. 2021.

BIOINFORMATICS. In: THE NCBI handbook. 2. ed. Bethesda: National Center for Biotechnology Information, 2019. p. 407. Disponível em: <[https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/pdf/Bookshelf\\_NBK143764.pdf](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/pdf/Bookshelf_NBK143764.pdf)>. Acesso em: 13 jan. 2021.

BIOLOGICAL data. In: WIKIPEDIA: the free encyclopedia. 2021. Disponível em: <[https://en.wikipedia.org/wiki/Biological\\_Data](https://en.wikipedia.org/wiki/Biological_Data)>. Acesso em: 9 ago. 2021.

BLAST. In: THE NCBI handbook. 2. ed. Bethesda: National Center for Biotechnology Information, 2019. p. 407. Disponível em: <[https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/pdf/Bookshelf\\_NBK143764.pdf](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/pdf/Bookshelf_NBK143764.pdf)>. Acesso em: 13 jan. 2021.

BOWMAN, A. S.; SAUER, J. R. Tick salivary glands: function, physiology and future. **Parasitology**, v. 129, S67-S81, 2004. DOI: 10.1017/s0031182004006468.

BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria Executiva. Subsecretaria de Assuntos Administrativos. **Glossário temático**: gestão editorial. Brasília, DF, 2013. 56 p.

CANUTO, G. A. B.; COSTA, J. L. da; CRUZ, P. L. R. da SOUZA, A. R. L. de; FACCIO, A. T.; KLASSEN, A.; RODRIGUES, K. T.; TAVARES, M. F. M. Metabolômica: definições, estado-do-arte e aplicações representativas. **Química Nova**, v. 41, n. 1, p. 75-91, 2018. DOI: 10.21577/0100-4042.20170134.

CASTRO, S. T. R.; EGITO, A. A. do. **Manual de curadores de germoplasma – animal**: glossário de recursos genéticos animais. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2012. 16 p. (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Documentos, 341). Disponível em: <<https://www.embrapa.br/documents/1355163/2005846/doc341.pdf/83ae2c21-9b36-4dd5-befb-ee3b49b69b2e>>. Acesso em: 22 dez. 2020.

COFACTORS and coenzymes. In: JOVE. **JoVE science education**. 2021. Disponível em: <<https://www.jove.com/science-education/10975/cofactors-and-coenzymes>>. Acesso em: 16 ago. 2021.

- COMPUTATIONAL biology. In: THE NCBI handbook. 2. ed. Bethesda: National Center for Biotechnology Information, 2019. p. 410. Disponível em: <[https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/pdf/Bookshelf\\_NBK143764.pdf](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/pdf/Bookshelf_NBK143764.pdf)>. Acesso em: 20 jan. 2021.
- CONVENTION on biological diversity. [S.l.]: United Nations, 1992. 28 p.
- COX, M. M.; DOUDNA, J. A.; O'DONNELL, M. **Biologia molecular: princípios e técnicas**. Porto Alegre: Artmed, 2012.
- CUNHA, M. B. da; CAVALCANTI, C. R. de O. **Dicionário de biblioteconomia e arquivologia**. Brasília, DF: Briquet de Lemos, 2008. 451 p.
- DATAVERSE + file management. In: DATAVERSE PROJECT. **User guide**. [Cambridge: Harvard College], 2016. Disponível em: <<https://guides.dataverse.org/en/latest/user/dataset-management.html>>. Acesso em: 31 ago. 2021.
- DELVES, P. J.; MARTIN, S. J.; BURTON, D. R.; ROITT, I. M. **Roitt: fundamentos de imunologia**. 12. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2013.
- DNA sequence. In: MCGRAW-HILL concise dictionary of modern medicine. 2002. Disponível em: <<https://medical-dictionary.thefreedictionary.com/DNA+SEQUENCE>>. Acesso em: 19 jan. 2021.
- EMBRAPA. Política de Governança de Dados, Informação e Conhecimento da Embrapa. **Boletim de Comunicações Administrativas**, Brasília, DF, v. 45, n. 16, p. 1-19, 5 abr. 2019. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/politica-de-governanca-de-dados-informacao-e-conhecimento>>. Acesso em: 13 abr. 2021.
- EKINS, S.; MESTRES, J.; TESTA, B. *In silico* pharmacology for drug discovery: methods for virtual ligand screening and profiling. **British Journal of Pharmacology**, v. 152, n. 1, p. 9-20, Sept. 2007. DOI: 10.1038/sj.bjp.0707306.
- ESPÍNDOLA, F. S.; CALÁBRIA, L. K.; REZENDE, A. A. A. de; PEREIRA, B. B.; SANTANA, F. A.; AMARAL, I. M. R.; LOBATO, J.; FRANÇA, J. L.; MARIO, J. L.; FIGUEIREDO, L. B.; SANTOS-LOPES, L. P. dos; GOUVEIA, N. M. de; NASCIMENTO, R.; TEIXEIRA, R. R.; REIS, T. A. dos; ARAÚJO, T. G. de. Recursos de bioinformática aplicados às ciências ômicas como genômica, transcriptômica, proteômica, interatômica e metabolômica. **Bioscience Journal**, v. 26, n. 3, p. 462-477, maio/jun. 2010.
- ESPINOZA-LEWIS, R. A.; WANG, D. Z. MicroRNAs in heart development. **Current topics in developmental biology**, v. 100, p. 279-317, 2012. DOI: 10.1016/B978-0-12-387786-4.00009-9.
- EUKARYOTIC. In: THE NCBI handbook. 2. ed. Bethesda: National Center for Biotechnology Information, 2019. p. 412. Disponível em: <[https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/pdf/Bookshelf\\_NBK143764.pdf](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/pdf/Bookshelf_NBK143764.pdf)>. Acesso em: 20 jan. 2021.
- EUROPEAN MOLECULAR BIOLOGY LABORATORY. **EMBL**. 2021a. Disponível em: <<https://www.embl.org/>>. Acesso em: 18 jan. 2021.
- EUROPEAN MOLECULAR BIOLOGY LABORATORY. **EML-EBI**. 2021b. Disponível em: <<https://www.ebi.ac.uk/>>. Acesso em: 18 jan. 2021.
- EX VIVO. In: WIKIPEDIA: a enciclopédia livre. 2020. Disponível em: <[https://en.wikipedia.org/wiki/Ex\\_vivo](https://en.wikipedia.org/wiki/Ex_vivo)>. Acesso em: 17 jan. 2021.

FALEIRO, F. G.; ANDRADE, S. R. M. de; REIS JUNIOR, F. B. dos (Ed.). **Biotecnologia: estado da arte e aplicações na agropecuária**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2011. Disponível em: <<http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/75345/1/LivroFaleiro01.pdf>>. Acesso em: 23 mar. 2021.

FRANKHAM, R.; BALLOU, J. D.; BRISCOE, D. A. **Fundamentos da genética da conservação**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 2008.

GARCIA, M. V.; RODRIGUES, V. da S.; KOLLER, W. W.; ANDREOTTI, R. Biologia e importância do carrapato *Rhipicephalus (Boophilus) microplus*. In: ANDREOTTI, R.; GARCIA, M. V.; KOLLER, W. W. (Ed.). **Carrapatos na cadeia produtiva de bovinos**. Brasília, DF: Embrapa, 2019. p. 17-27.

GENE expression. In: THE NCBI handbook. 2. ed. Bethesda: National Center for Biotechnology Information, 2019. p. 413. Disponível em: <[https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/pdf/Bookshelf\\_NBK143764.pdf](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/pdf/Bookshelf_NBK143764.pdf)>. Acesso em: 19 jan. 2021.

GENOME. In: THE NCBI handbook. 2. ed. Bethesda: National Center for Biotechnology Information, 2019. p. 413. Disponível em: <[https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/pdf/Bookshelf\\_NBK143764.pdf](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/pdf/Bookshelf_NBK143764.pdf)>. Acesso em: 19 jan. 2021.

GENOMICS. In: ESTADOS UNIDOS. Department of Agriculture. **NAL agricultural thesaurus and glossary**. Disponível em: <<https://agclass.nal.usda.gov/mtwdk.exe?k=default&l=60&w=17413&s=5&t=2>>. Acesso em: 23 jan. 2021.

GENOMICS. In: THE NCBI handbook. 2. ed. Bethesda: National Center for Biotechnology Information, 2019. p. 414. Disponível em: <[https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/pdf/Bookshelf\\_NBK143764.pdf](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/pdf/Bookshelf_NBK143764.pdf)>. Acesso em: 19 jan. 2021.

GIACHETTO, P. F. Transcriptoma do carrapato dos bovinos. In: ANDREOTTI, R.; GARCIA, M. V.; KOLLER, W. W. (Ed.). **Carrapatos na cadeia produtiva de bovinos**. Brasília, DF: Embrapa, 2019. p. 205-222. Disponível em: <<https://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/bitstream/doc/1107162/1/Transcriptomadocarrapatodosbovinos.pdf>>. Acesso em: 6 ago. 2021.

GRIFFITHS, A. J. F.; WESSLER, S. R.; CARROLL, S. B.; DOEBLEY, J. **Introdução à genética**. 10. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2013. Tradução: Idília Vanzellotti, revisão técnica: Márcia Mattos Gonçalves Pimentel.

HAQUE, A.; ENGEL, J.; TEICHMANN, S. A.; LÖNNBERG, T. A practical guide to single-cell RNA-sequencing for biomedical research and clinical applications. **Genome Medicine**, v. 9, p. 1-12, 2017. DOI: 10.1186/s13073-017-0467-4.

HASTINGS, P. J. Complementary DNA (cDNA). In: BRENNER, S.; MILLER, J. H. (Ed.). **Encyclopedia of genetics**. San Diego: Academic Press, 2001, p. 433. DOI: 10.1006/rwgn.2001.025.

HERZYK, P. Next-generation sequencing. In: PADMANABHAN, S. (Ed.). **Handbook of pharmacogenomics and stratified medicine**. London: Academic Press, 2014. chap. 8, p. 125-145.

IN SILICO. In: WIKIPEDIA: a enciclopédia livre. 2016. Disponível em: <[https://pt.wikipedia.org/wiki/In\\_silico](https://pt.wikipedia.org/wiki/In_silico)>. Acesso em: 9 abr. 2021.

IN SITU. In: WIKIPEDIA: a enciclopédia livre. 2019. Disponível em: <[https://pt.wikipedia.org/wiki/In\\_situ](https://pt.wikipedia.org/wiki/In_situ)>. Acesso em: 17 jan. 2021.

INTERNATIONAL Nucleotide Sequence Database Collaboration. Disponível em: <<https://www.insdc.org/>>. Acesso em: 9 ago. 2021.

IN VIVO. In: WIKIPEDIA: a enciclopédia livre. 2020. Disponível em: <[https://pt.wikipedia.org/wiki/In\\_vivo](https://pt.wikipedia.org/wiki/In_vivo)>. Acesso em: 17 jan. 2021.

IN VITRO. In: WIKIPEDIA: a enciclopédia livre. 2020. Disponível em: <[https://pt.wikipedia.org/wiki/In\\_vitro](https://pt.wikipedia.org/wiki/In_vitro)>. Acesso em: 17 jan. 2021.

JARDINE, J. G.; NESHICH, I. A. P.; MAZONI, I.; YANO, I. H.; MORAES, F. R. de; SALIM, J. A.; BORRO, L.; NISHIMURA, L. S.; NESHICH, G. *Biologia computacional molecular e suas aplicações na agricultura*. In: MASSRUHÁ, S. M. F. S.; LEITE, M. A. de A.; LUCHIARI JUNIOR, A.; ROMANI, L. A. S. (Ed.). **Tecnologias da informação e comunicação e suas relações com a agricultura**. Brasília, DF: Embrapa, 2014. cap. 6. p. 101-117. Disponível em: <<https://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/bitstream/doc/1010715/1/cap.6.pdf>>. Acesso em: 23 mar. 2021.

JOSEPH, A. The role of oceans in the origin of life and in biological evolution. In: JOSEPH, A. **Investigating seafloors and oceans: from mud volcanoes to giant squid**. Amsterdam: Elsevier, 2017. chap. 4, p. 209-256. DOI: 10.1016/B978-0-12-809357-3.00004-7.

JOSEPH, R.; BACHHAWAT, A. A. Yeasts: production and commercial uses. In: BATT, Carl. A.; TORTORELLO, M. **Encyclopedia of food microbiology**. 2. ed. London: Academic Press, 2014. v. 3, p. 823-830.

LEBIEN, T. W.; TEDDER, T. F. B lymphocytes: how they develop and function. **Blood**, v. 112, n. 5, p. 1570-1580, Sept. 2008. DOI: 10.1182/blood-2008-02-078071.

MADIGAN, M. T.; MARTINKO, J. M.; BENDER, K. S.; BUCKLEY, D. H.; STAHL, D. A. **Microbiologia de Brock**. 14. ed. Porto Alegre: Artmed, 2016.

MASHIMA, J.; KODAMA, Y.; FUJISAWA, T.; KATAYAMA, T.; OKUDA, Y.; KAMINUMA, E.; OGASAWARA, O.; OKUBO, K.; NAKAMURA, Y.; TAKAGI, T. DNA Data Bank of Japan. **Nucleic Acids Research**, v. 46, p. D25-D31, Jan. 2017. Database issue. DOI: 10.1093/nar/gkw1001.

METABOLOMICS. In: AMERICAN HERITAGE. **Dictionary of the English language**. 5. ed. Huntingdon Mifflin Harcourt, 2016. Disponível em: <<https://www.thefreedictionary.com/metabolomics>>. Acesso em: 19 jan. 2021.

METAGENOME. In: THE NCBI handbook. 2. ed. Bethesda: National Center for Biotechnology Information, 2019. p. 415. Disponível em: <[https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/pdf/Bookshelf\\_NBK143764.pdf](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/pdf/Bookshelf_NBK143764.pdf)>. Acesso em: 20 jan. 2021.

MICROARRAY technology. In: ESTADOS UNIDOS. Department of Agriculture. **NAL agricultural thesaurus and glossary**. Disponível em: <<https://www.nal.usda.gov/govinfo/cgibin/getdoc.cgi?dbname=alagloss&docid=PL98001>>. Acesso em: 19 ago. 2021.

MOUNT, D. M. **Bioinformatics: sequence and genome analysis**. 2. ed. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press: Cold Spring Harbor, 2004.

NATIONAL CENTER FOR BIOTECHNOLOGY INFORMATION (Estados Unidos). **NCBI home**. Bethesda. Disponível em: <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>>. Acesso em: 18 set. 2020a.

NATIONAL CENTER FOR BIOTECHNOLOGY INFORMATION (Estados Unidos). **Taxonomy**. Bethesda. Disponível em: <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/taxonomy>>. Acesso em: 18 set. 2020b.

NELSON; D. L.; COX, M. M. **Princípios de bioquímica de Lehninger**. 6. ed. Porto Alegre: Artmed, 2014.

NOZHAT, Z.; HEDAYATI, M. In situ hybridization; principles and applications: review article. **Tehran University Medical Journal**, v. 73, n. 3, p. 143–157, June 2015.

NUCLEOTIDE sequences. In: ESTADOS UNIDOS. Department of Agriculture. **NAL agricultural thesaurus and glossary**. Disponível em: <<https://agclass.nal.usda.gov/mtwdk.exe?k=default&l=60&w=15979&s=5&t=2>>. Acesso em: 23 jan. 2021.

OSTELL, J. The Entrez search and retrieval systems. In: THE NCBI handbook. 2. ed. Bethesda: National Center for Biotechnology Information, 2019. p. 371-375. Disponível em: <[https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/pdf/Bookshelf\\_NBK143764.pdf](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/pdf/Bookshelf_NBK143764.pdf)>. Acesso em: 19 jan. 2021.

PHENOTYPE. In: NATIONAL HUMAN GENOME RESEARCH INSTITUTE. **Talking glossary of genetic terms**. Disponível em: <<https://www.genome.gov/genetics-glossary/Phenotype>>. Acesso em: 16 ago. 2021.

POPOFF, M. R.; BENOIT, E. Special issue information. In: SPECIAL issue “Selected papers from the 26th meeting of the French Society for Toxinology—Bioengineering of Toxins”. [2021]. Disponível em: <[https://www.mdpi.com/journal/toxins/special\\_issues/SFET\\_bioengineering#info](https://www.mdpi.com/journal/toxins/special_issues/SFET_bioengineering#info)>. Acesso em: 1 out. 2021.

PROTEIN. In: AMERICAN HERITAGE. **Dictionary of the English language**. 5. ed. Huntingdon Muffing Harcourt, 2016. Disponível em: <<https://www.thefreedictionary.com/PROTEIN>>. Acesso em: 19 jan. 2021.

PROTEOMICS. In: AMERICAN HERITAGE. **Dictionary of the English language**. 5. ed. Huntingdon Muffing Harcourt, 2016. Disponível em: <<https://www.thefreedictionary.com/proteomics>>. Acesso em: 19 jan. 2021.

PROTEOMICS. In: ESTADOS UNIDOS. Department of Agriculture. **NAL agricultural thesaurus and glossary**. Disponível em: <<https://agclass.nal.usda.gov/mtwdk.exe?k=glossary&l=60&w=12677&s=5&t=2>>. Acesso em: 23 jan. 2021.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A. de; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. de. **Genética na agropecuária**. 5. ed. rev. Lavras, MG: Editora Ufla, 2012.

RECOMBINANT. In: THE NCBI handbook. 2. ed. Bethesda: National Center for Biotechnology Information, 2019. p. 418. Disponível em: <[https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/pdf/Bookshelf\\_NBK143764.pdf](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/pdf/Bookshelf_NBK143764.pdf)>. Acesso em: 20 jan. 2021.

RECOMBINANT. In: ZAID, A.; HUGHES, H.G.; PORCEDDU, E.; NICHOLAS, F. **Glossary of biotechnology for food and agriculture**: a revised and augmented edition of the glossary of biotechnology and genetic engineering. Rome: FAO, 2001. (FAO research and technology paper, 9).

RECOMBINATION. In: THE NCBI handbook. 2. ed. Bethesda: National Center for Biotechnology Information, 2019. p. 418. Disponível em: <[https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/pdf/Bookshelf\\_NBK143764.pdf](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/pdf/Bookshelf_NBK143764.pdf)>. Acesso em: 20 jan. 2021.

RESENDE, M. D. V. de; LOPES, P. S.; SILVA, R. L. da; PIRES, I. E. Seleção genômica ampla (GWS) e maximização da eficiência do melhoramento genético. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 56, p. 63-77, jan./jun. 2008.

ROBERTS, R. J. Nucleic acid. In: *ENCYCLOPEDIA Britannica*. Disponível em: <<https://www.britannica.com/science/nucleic-acid>>. Acesso em: 2 set. 2021.

ROCHA, R. P. da; GABRIEL JUNIOR, R. F.; VANZ, S. A. de S.; BORGES, E. N.; AZAMBUJA, L. A. B.; CAREGNATO, S. E.; PAVÃO, C. M. G.; PASSOS, P. C. S. J.; FELICISSIMO, C. H. Análise dos sistemas DSpace e Dataverse para repositórios de dados de pesquisa com acesso aberto. **Revista Brasileira de Biblioteconomia e Documentação**, v. 17, p. 1-25, 2021. Disponível em: <<http://hdl.handle.net/20.500.11959/brapci/160963>>. Acesso em: 30 ago. 2021.

RUSSO, M. **Fundamentos em Biblioteconomia e Ciência da Informação**. Rio de Janeiro: E-papers Serviços Editoriais, 2010. (Coleção Biblioteconomia e Gestão de Unidades de Informação. Série Didáticos, n. 1).

RUY, P. de C. **Análise computacional baseada no desenvolvimento de um pipeline de técnicas ab initio para predição de desordem estrutural proteica em genomas de tripanosomatídeos**. 2011. 103 p. Dissertação (Mestrado em Ciências) – Fundação Oswaldo Cruz, Centro de Pesquisas René Rachou, Belo Horizonte.

SALIVARY glands. In: *DICTIONARY.COM*. 2021. Disponível em: <<https://www.dictionary.com/browse/salivary-glands>>. Acesso em: 4 out. 2021.

SEMELER, A. R.; PINTO, A. L. Os diferentes conceitos de dados de pesquisa na abordagem da biblioteconomia de dados. **Ciência da Informação**, v. 48, n. 1, p. 113-129, jan./abr. 2019.

SEQUENCIAMENTO. In: **PROGEN BIOTECNOLOGIA**. [Progen Biotecnologia]. 2021. Disponível em: <<http://www.progenbio.com.br/index.php?route=product/category&path=85>>. Acesso em: 19 jan. 2021.

SEQUENCIAMENTO de DNA. In: KHAN ACADEMY. **Métodos de análise do DNA**. Disponível em: <<https://pt.khanacademy.org/science/biology/biotech-dna-technology/dna-sequencing-pcr-electrophoresis/a/dna-sequencing>>. Acesso em: 23 dez. 2020.

SHAKYA, MIGUN, S.; LO, C. C.; CHAIN, P. S. G. Advances and challenges in metatranscriptomic analysis. **Frontiers in Genetics**, v. 10, p. 1-10, Sept. 2019. DOI: 10.3389/fgene.2019.00904.

SIALOME. In: CHMELAR, J.; KOTÁL, J.; KARIM, S.; KOPACEK, P.; FRANCISCHETTI, I. M. B.; PEDRA, J. H. F.; KOTSYFAKIS, M. Sialomes and mialome: a systems-biology view of tick tissues and tick-host interactions. **Trends in Parasitology**, v. 32, n. 3, p. 242-254, Mar. 2016. Special issue: Vectors. DOI: 10.1016/j.pt.2015.10.002.

SIQUEIRA, F.; GIACHETTO, P. F. **CNV**: uma ferramenta promissora para aplicação em programas de melhoramento genético de bovinos. Campo Grande, MS: Embrapa Gado de Corte, 2019. 34 p. (Embrapa Gado de Corte. Boletim de pesquisa e desenvolvimento, 45). Disponível em: <<https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/1118279/1/CNVumaferramentapromissora.pdf>>. Acesso em: 20 jul. 2021.

SNUSTAD, P.; SIMMONS, M. J. **Fundamentos de genética**. 7. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2017.

SPENCER, D. H.; ZHANG, B.; PFEIFER, J. Single nucleotide variant detection using next generation sequencing. In: KULKARNI, S.; PFEIFER, J. (Ed.). **Clinical genomics**. London: Academic Press, 2015. chap. 8, p. 109-127. DOI: 10.1016/B978-0-12-404748-8.00008-3.



STATELLO, L.; GUO, C. J.; CHEN, L. L.; HUARTE, M. Gene regulation by long non-coding RNAs and its biological functions. **Nature Reviews Molecular Cell Biology**, v. 22, n. 2, p. 96-118, Feb. 2021. DOI: 10.1038/s41580-020-00315-9.

STOLER, D. L.; MICHAEL, N., L. Nucleic acid blotting techniques for virus detection. In: WIEDBRAUK, D. L.; FARKAS, D. H. (Ed.). **Molecular methods for virus detection**. San Diego: Academic Press, 1995. chap. 3, p. 39-74.

TABOR, A. E.; ALI, A.; REHMAN, G.; GARCIA, G. R.; ZANGIROLAMO, A. F.; MALARDO, T.; JONSSON, N. N. Cattle tick *Rhipicephalus microplus*-host interface: a review of resistant and susceptible host responses. **Frontiers in Cellular and Infection Microbiology**, v. 7, p. 1-18, Dec. 2017. DOI: 10.3389/fcimb.2017.00506.

TAM, V.; PATEL, N.; TURCOTTE, M.; BOSSÉ, Y.; PARÉ, G.; MEYRE, D. Benefits and limitations of genome-wide association studies. **Nature Reviews Genetics**, v. 20, p. 467- 484, Aug. 2019. DOI: 10.1038/s41576-019-0127-1.

TORRES, A. C.; FERREIRA, A. T.; BUSO, J. A.; ROMANO, E. **Glossário de biotecnologia**. Brasília, DF: Embrapa Hortaliças, 1999. 19. p. (Embrapa Hortaliças. Circular técnica, 19). Disponível em: <<https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/768140/1/CNPHDOCUMENTOS19GLOSSARIODEBIOTECNOLOGIAFL07829.pdf>>. Acesso em: 19 fev. 2021.

TORRES, A. C.; FERREIRA, A. T.; SÁ, F. G. de; BUSO, J. A.; CALDAS, L. S.; NASCIMENTO, A. S.; BRÍGIDO, M. de M.; ROMANO, E. **Glossário de biotecnologia vegetal**. Brasília, DF: Embrapa Hortaliças, 2000. 128 p. Disponível em: <<http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/107353/1/CNPH-GLOSS.-DE-BIOTEC.-VEG.-00.pdf>>. Acesso em: 19 fev. 2021.

TOXIN. In: ZAID, A.; HUGHES, H. G.; PORCEDDU, E.; NICHOLAS, F. **Glossary of biotechnology and genetic engineering**. Rome: FAO, 1999. (FAO research and technology paper, No. 7).

TRAIT. In: NATIONAL HUMAN GENOME RESEARCH INSTITUTE (Estados Unidos). **Talking glossary of genetic terms**. Disponível em: <<https://www.genome.gov/genetics-glossary/Trait>>. Acesso em: 24 jul. 2021.

TRANSCRIPTOME. In: THE NCBI handbook. 2. ed. Bethesda: National Center for Biotechnology Information, 2019. p. 420. Disponível em: <[https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/pdf/Bookshelf\\_NBK143764.pdf](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK143764/pdf/Bookshelf_NBK143764.pdf)>. Acesso em: 19 jan. 2021.

TRANSGENE. In: ZAID, A.; HUGHES, H. G.; PORCEDDU, E.; NICHOLAS, F. **Glossary of biotechnology and genetic engineering**. Rome: FAO, 1999. (FAO research and technology paper, No. 7).

TUPPY, H.; KREIL, G. Cytochrome c. In: LENNARZ, W. J.; LANE, M. D. (Ed.). **Encyclopedia of biological chemistry**. 2. ed. London: Academic Press, 2013. p. 599-601.

VACINA. In: WIKIPEDIA: a enciclopédia livre. 2020. Disponível em: <<https://pt.wikipedia.org/wiki/Vacina>>. Acesso em: 13 fev. 2021.

VALOIS, A. C. C.; SALOMÃO, A. N.; ALLEM, A. C. (Org.). **Glossário de recursos genéticos vegetais**. Brasília, DF: EMBRAPA-SPI, 1996. 62 p. (EMBRAPA-CENARGEN. Documentos, 22). Disponível em: <<http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/172245/1/Glossario-de-recursos-geneticos-vegetais.pdf>>. Acesso em: 19 fev. 2021.

VAN AKEN, B.; DOTY, S. L. Transgenic plants and associated bacteria for phytoremediation of chlorinated compounds. **Biotechnology and Genetic Engineering Reviews**, v. 26, n. 1, p. 43-64, 2009. DOI: 10.5661/bger-26-43.

VARSTATION. **Bioinformática**: como implementar pipelines de NGS. Disponível em: <<https://varstation.com/pt/blog/posts-cientificos/bioinformatica-entendendo-e-implementando-pipelines-de-ngs/>>. Acesso em: 18 mar. 2021.

WHAT is a biological database? In: PURDUE UNIVERSITY CYTOMETRY LABORATORIES. **Cytometry**. West Lafayette: Multimedia Knowledge, 2002. (The Purdue cytometry CD-ROM, v. 6). <<http://www.cyto.purdue.edu/cdroms/cyto6/content/primer/bioinfo.htm>>. Acesso em: 10 ago. 2021.

WEINHOLD, B. Epigenetics: the science of change. **Environmental Health Perspectives**, v. 114, n. 3, p. A160-A167, Mar. 2006. DOI: 10.1289/ehp.114-a160.

YADAV, P.; YADAV, H.; SHAH, V. G.; SHAH, G.; DHAKA, G. Biomedical biopolymers, their origin and evolution in biomedical sciences: a systematic review. **Journal of Clinical and Diagnostic Research**, v. 9, n. 9, p. 21-25, Sept. 2015. DOI: 10.7860/JCDR/2015/13907.6565.

YANG, Y.; XIE, B.; YAN, J. Application of next-generation sequencing technology in forensic Science. **Genomics Proteomics Bioinformatics**, v. 12, n. 5, p. 190-197, Oct. 2014. DOI: 10.1016/j.gpb.2014.09.001.

ZHANG, P.; MIN, X. J. EST Data mining and applications in fungal genomics. **Applied Mycology and Biotechnology**, v. 5, p. 33–70, 2005. DOI: 10.1016/S1874-5334(05)80004-8.

