

Sistemas de Informação: Estudos de Tecnologia e Padrões

Documento base para o desenvolvimento do projeto:

SICOL - Sistema de Informação para Coleções de Interesse Biotecnológico

Apresentado ao:

Ministério da Ciência e Tecnologia

Pelo:

Centro de Referência em Informação Ambiental

Índice

Introdução	1
Estudos Realizados	1
Sistemas operacionais	1
Protocolos de armazenamento, transformação e transferência de dados	1
Padronização dos dados	2
Sistema de Gerenciamento de Bancos de Dados: PostgreSQL	2
Histórico	2
Arquitetura	2
Características:	3
Servidores web e sua integração com bancos de dados, linguagens e tecnologias	4
Estudo do Sistema Desenvolvido pelo CABRI	6
Banco de Dados	6
Padronização dos campos	6
Anexo 1: Padronização CABRI	7
Células de Tecido Humano e Animal	7
Híbridos	7
Células de Tecido Vegetal	8
Vírus de Tecidos de Plantas	8
Bibliotecas Genômicas	9
Fagos	9
Plasmídeos	9
Fungos Filamentosos e Leveduras	10
Bactérias e Archeas	11

Introdução

Estão sendo feitos estudos específicos para definição dos elementos essenciais para a elaboração da proposta de implementação do sistema de informação a ser desenvolvido. Esses estudos devem levar em conta alguns fatores importantes como sustentabilidade do sistema, dependência de software proprietários, versatilidade e adaptabilidade de tecnologias emergentes, assim como a conformidade com tendências de padrões internacionais que facilitem a troca de informação entre diferentes sistemas.

Alguns desses elementos já identificados são

- sistemas operacionais disponíveis
- sistemas de gerenciamento de bancos de dados
- linguagens de programação
- software de gerenciamento e publicação de sites na Internet
- protocolos de armazenamento, transformação e transferência de dados
- protocolos utilizados na padronização de dados na área de biotecnologia
- interação entre os diferentes elementos levantados

Alguns desses estudos já estão em andamento e outros serão contemplados até o final do projeto. Durante esse processo, outros elementos estão sendo identificados e serão objeto de estudos específicos.

São apresentados a seguir alguns dos resultados já obtidos, assim como indicações de alguns tópicos já identificados que serão objeto de estudos específicos.

Estudos Realizados

Sistemas Operacionais

Como exemplo de sistema operacional que será objeto de estudos podemos citar o Linux que é um sistema operacional Unix, originalmente criado por Linus Torvalds com a ajuda de programadores de todo o mundo, cujo código fonte está disponível a qualquer um sem custo, e se encontra em constante desenvolvimento. O Linux tem se mostrado uma ótima opção para o desenvolvimento de sistemas de baixo custo e excelente desempenho.

Protocolos de armazenamento, transformação e transferência de dados

Será extremamente importante que se defina um protocolo suficientemente conhecido e largamente empregado na transferência de dados entre sistemas. Algumas opções importantes a serem consideradas são o Z39.50 e o XML. Alguns estudos estão atualmente em andamento envolvendo o protocolo XML.

Padronização dos dados

Ofocodosistemaaserdesenvolvidoéainfor mação sobre o material biológico. É fundamental definiropadrãodedadosaseradotado, estabelecendo os campos mínimos e, sempre que possível adotando um vocabulário controlado. Recomendamos ou sua adaptação dos padrões adotados pelo CABRI (Common Acc essto Biological Resources and Information (www.cabri.org)¹. O estudo para o estabelecimento do padrão mínimo de dados a serem seguidos pelos CRBs no Brasil, envolve:

- levantar o s campos de informação existentes nos principais centros de recursos biológicos do país;
- compararesses campos como spadrões adotados pelo CABRI
- estabelecer padrãoadotadopelo Brasil em comum acordo com os CRBs nacionais

Por fim, a definição da arquitetura do sistema de informação também irá depender da estrutura e capacidade de informática existentes nos CRBs. No levantamento in loco que está sendo realizado, estão sendo também analisados o nível de informatização do acervo e o software, hardware, capacidade de infraestrutura de comunicação existente em cada CRB.

Assim, uma vez estudadas as opções de software, protocolo e padrões, e conhecida a realidade de cada CRB, será possível definir o sistema de informação a ser desenvolvido.

Sistema de Gerenciamento de Bancos de Dados: PostgreSQL

Um dos principais candidatos a ser eleito como o Sistema de Gerenciamento de Bancos de Dados Relacional é o PostgreSQL. Apresentamos a seguir alguns dos resultados dos estudos feitos a respeito desse sistema.

Histórico

O **PostgreSQL** é um sofisticado sistema gerenciador de banco de dados relacional orientado a objetos. Suporta sintaxe SQL de acordo com os padrões ANSI SQL 89, 92 e 98. É de livre distribuição e tem seu código fonte aberto (open -source).

Seu desenvolvimento teve início em 1985 na Universidade da Califórnia em Berkeley. Hoje é mantido por um grupo de programadores através da Internet. É comparável em recursos aos melhores bancos de dados comerciais existentes, inclusive sendo superior em muitos aspectos. <http://www.postgresql.org/>.

Também existe uma variedade de listas de discussão (comunidades) na Internet, em diversos idiomas e países.

Arquitetura

Aplicativos que utilizam banco de dados de pequeno porte realizam as tarefas de gravação e

¹ Maiores informações sobre o CABRI podem ser encontradas no documento "Centros de Recursos Biológicos: o que são e qual é o panorama internacional" que é parte integrante do presente relatório.

consultar diretamente no arquivo que contém os dados. Esta aplicação quando utilizada em uma rede local provoca uma intensa atividade na capacidade dos terminais, aumentando o tráfego com instabilidade de causandoum desperdício de tempo de processamento.

O servidor de banco de dados **PostgreSQL** client/server, processa todas as operações de dados requisitadas pelo "postmaster", que é responsável pelo gerenciamento da comunicação entre os processos. Cada conexão cliente utiliza um processo que é ativado na capacidade do servidor.

Este conceito **cliente/servidor** gera: segurança de dados, atomicidade e torna as aplicações cliente mais leves, devido ao processamento ser realizado apenas no servidor da rede.

O **PostgreSQL** utiliza tabelas internas do sistema (system tables) que contém todas as informações de: tipos, funções, operadores, banco de dados, usuário e grupos. A tabela de senhas não é visível para usuários. O PostgreSQL na sua origem acadêmica foi projetado para atender a potencialidade exigida em servidores de banco de dados para Internet. Ele funciona com conexão tcp/ip, oferecendo o acesso multi-plataforma para aplicações na rede local ou Internet, de forma transparente e simultânea.

Características

O **PostgreSQL** tem praticamente todos os recursos que os melhores bancos de dados comerciais do mercado possuem, como:

- Integridade de colunas: Notnull, check, unique, default, primarykey;
- Integridade referencial: References, cascade;
- Create: Aggregate, database, constraint, function, group, index, language, function operator, rule, sequence, tabletemp, table, tableas, trigger, type, inherits, user, view;
- Transação: Beginwork, abort, commit, rollback;
- Alter: Group, table, user;
- Cluster, comment, copy, declarecursor, delete, drop, dropuser, ecpg, explain, fetch, grant, insert, set;
- Ipclean, listen, load (objetos), lock, move, notify;
- Administração: pg_ctl, pg_dump, pg_dumpall, pg_passwd, pg_upgrade, pgaccess, pgtclsh, pgtksh, postgres, postmaster, psql (shell interativo), reset, revoke, show, truncate, vacuum, vacuumdb;
- Select: All, distinct, into, temp, table, from, where, groupby, having, union, intersect, except, orderby, forupdate, limit, offset, any, exists, outerjoin, (sub-selects);
- Update: set, from, where;
- Processamento distribuído: Replicação de banco de dados.

Emais:

- Plataformas suportadas: Os autores compilaram o código fonte e testaram em plataformas conhecidas como: Aix, Alpha, Bsd, DgUx, HpUx, i386_Solaris, Irix, Mips/Irix, Linux, Sco, Unixware, Sparc_Solaris, SunOS, IntelSrv4, UltrixMS, Windows.

- DriversOdbc:PSqlOdbc,OpenLinkOdbceUnixOdbc.
- LinguagensquepodemacessarPostgreSQL:Existemdrivers,módulosecomponentesparaaslinguagens:C(libpd),C++(libpq++),EmbeddebC(ecpg),Java(jdbc),Perl(perl5),Odbc(Odbc),Python(PyGreSQL),Tcl(libpgctl),CEasyApi(libpgeasy),Php,BorlandKylixDelphi.
- Tamanhodosregistrossetabelas:
 - Tamanhobancodedados:Ilimitado(existem bancoscom maisde60GB);
 - Tamanhodeumatabela:Ilimitadoem todosistemasoperacionais;
 - Tamanhodeumalinha:Ilimitado;
 - Registrosportabela:Ilimitado;
 - Colunas (campos)portabela:Ilimitado;
 - Número de índicesportabela:Ilimitado;
 - Número de conexõesativas:Ilimitado.
 - Espaçoocupadonodiscorigido:Depoisdeinstalado,oservidorPostgreSQLocupa aproximadamente30MBeumbancodedadosvazio5MB.

Portanto,umadministradordebancodedados,deveconhecereutilizar -sede váriosrecursos queoservidor disponibiliza,definindoregras,privilégioseprocedimentosduranteo planejamento parapoder usufruir toda a estrutura que o **PostgreSQL** oferece.

O **PostgreSQL** é um produto gratuito para uso comercial ou não comercial.

Servidoreswebesua integração com bancos de dados, linguagens e tecnologias

Para a publicação de páginas [WWW](http://www) na Internet, é necessária a instalação de um servidor de páginas (conhecido como servidor HTTP). Atualmente se encontram dois servidores disponíveis: o Apache (desenvolvido pelo Apache Group) e o IIS (desenvolvido pela Microsoft).

O Apache é um flexível servidor de HTTP que implementa os protocolos mais recentes, como o HTTP/1.1. (RFC 2616). A sua distribuição é gratuita e seu código foi desenvolvido de maneira aberta, podendo ser utilizado em diversos sistemas operacionais, como UNIX ou Windows. Sua implementação permanece constante ao longo do desenvolvimento, com o objetivo de estabelecer um servidor seguro e eficiente de HTTP. A última versão do Apache lançada foi a 1.3.19. Desde abril de 1996, o Apache é o servidor web mais utilizado na Internet. De acordo com o Netcraft Web Server Survey, 60% dos sites da Internet utilizam o Apache (62% se incluem os derivados do Apache). Isso indica que o Apache é mais utilizado que todos os outros servidores web juntos.

O Microsoft Internet Information Server é um servidor HTTP também bastante popular, no entanto sua execução é restrita a equipamentos como Microsoft Windows NT (ou Windows 2000) instalado.

Nasua forma mais tradicional, os servidores de HTTP apenas publicam na Internet páginas estáticas, escritas segundo o padrão HTML. No caso da publicação de páginas dinâmicas (isto

é, mutáveis no decorrer do tempo) ou geradas a partir de informações escolhidas em bancos de dados, a utilização de programas auxiliares torna-se necessária.

A forma mais "tradicional" de programação de páginas dinâmicas é através de programas CGI (Common Gateway Interface). O CGI é um padrão para que programas externos possam interagir com servidores HTTP, determinando a maneira como os dados devem ser passados ao programa e a maneira que os programas devem gerar a saída para que eles sejam entendidos pelo servidor Web pelo cliente. O CGI não impõe restrição quanto ao tipo de linguagem utilizada; desde que o padrão seja seguido, é possível gerar um executável, qualquer linguagem pode ser utilizada na criação de programas CGI. A linguagem Perl é a mais tradicionalmente utilizada, na integração com o servidor Apache, no entanto, outras linguagens também têm características semelhantes, como PHP e Python.

A sigla PERL significa "Practical Extraction and Report Language". A linguagem permite a criação de programas em ambientes UNIX, MSDOS, Windows, Macintosh, OS/2, e em outros sistemas operacionais. Trata-se de uma linguagem que possui funções muito eficientes para manipulação de textos, o que a tornou muito popular para a programação de formulários WWW, além de ser muito utilizada em tarefas administrativas de sistemas UNIX, onde a linguagem nasceu e cresceu. A linguagem PERL está sendo amplamente utilizada por ser rápida, eficiente e de fácil manutenção na programação de uma ampla faixa de tarefas, particularmente aquelas que envolvem manipulação de arquivos de texto ou comunicação com bancos de dados.

Além do protocolo CGI, outra maneira de integrar servidores HTTP e bancos de dados é através da utilização de *servlets* Java. Um problema comum com programas CGI é que cada requisição ou manuseio de dados do programa é criada. Isso pode sobrecarregar muito o servidor, especialmente em sites com grande número de acessos.

Basicamente, *servlets* são programas em CGI escritos em Java, com a diferença que o programador não precisa se preocupar com as variáveis de ambiente especificadas pelo CGI e nem com detalhes de recebimento e envio dos dados (cabeçalho HTTP, por exemplo), já que existem métodos definidos nas bibliotecas de funções da linguagem Java para realizar facilmente tudo isso.

Java é uma linguagem de programação orientada a objetos, desenvolvida pela Sun Microsystems. O ambiente e a linguagem de programação Java foram projetados para resolver alguns problemas da programação da atualidade. A linguagem foi criada originalmente porque as linguagens orientadas a objetos anteriores, como C++, mostravam-se ineficientes para realizar algumas tarefas. Por isso, Java apresenta algumas características que a linguagem em C++ não possui, como concorrência e gerenciamento automático de memória. Outro aspecto ainda mais importante com relação à Java diz respeito ao fato de ela ter sido desenvolvida para permitir a execução segura de código através de uma rede, mesmo que o código-fonte não seja confiável. O objetivo de Java é ser uma linguagem dinâmica, simples, compacta, orientada a objeto, distribuída, interpretada, robusta, segura, portátil, de alto desempenho e concorrente.

As vantagens de *servlets* sobre CGI são:

- Eficiência: não é gerada uma cópia do programa a cada requisição.
- Segurança: *servlets* se beneficiam dos mecanismos de segurança da linguagem Java.
- Portabilidade: por serem escritos em Java, *servlets* independem de plataforma.

No entanto, o tempo de desenvolvimento de soluções em Java (usando *servlets*) costumava ser maior que o tempo gasto para o desenvolvimento através de CGI's Perl. Sendo assim, a escolha entre a utilização de *servlets* ou de aplicações CGI para acesso a bancos de dados e geração de páginas dinâmicas deve ser pautada na estimativa de acessos diários a banco de dados e na facilidade de programação do sistema.

Estudo do Sistema Desenvolvido pelo CABRI ²

Banco de Dados

O CABRI (Common Access to Biological Resources and Information) se autodenomina um sistema federado de bases de dados acessível via World Wide Web. Utiliza o SRS (Sequence Retrieval System), um sistema de bancos de dados textuais, desenvolvido inicialmente em Heidelberg e atualmente em Cambridge. Atualmente há diversos servidores desse sistema no mundo, permitindo acesso a mais de 300 bases de dados diferentes. A interface de interação com o sistema é baseada em páginas WWW, embora sejam possíveis consultas através de uma linha de comando Unix.

O sistema é capaz de integrar vários tipos de dados em formatos diferentes (texto puro, HTML, XML, MEDLINE), usando vários gerenciadores de bancos de dados integrados de uma forma que é possível a ligação de elementos de um banco a outro e ao mesmo tempo provê uma interface amigável entre essas bases de dados e o usuário final. A recuperação da informação é feita através de "queries" ("buscas") ao banco de dados sob a forma de consultas textuais.

Padronização dos campos

Talvez o aspecto mais interessante do sistema seja a padronização dos campos mínimos obrigatórios que está sendo adotado pelo CABRI para a entrada de dados, os "Guidelines for Catalogue Production" (<http://www.cabri.org/guidelines/gl-framed.html>). Os "guidelines" indicam os dados mínimos (minimum dataset), dados recomendados (recommended dataset) e dados completos (full dataset) para cada grupo taxonômico. A padronização é fundamental para a integração dos dados. A adoção de dados mínimos e a possibilidade de inclusão de sistemas de dados mais completos (full dataset) por um lado:

- permite a inclusão de dados históricos que nem sempre possuem informações estáo completas como as de levantamentos recentes; e, por outro lado,
- permite a inserção de dados complementares, mais completos, ou seja, não há nenhuma "perda" de dados ou informações.

O anexo 1 traz os campos (mínimos, recomendados e completos) indicados pelo CABRI, por grupo taxonômico.

² Fonte: <http://srs.ebi.ac.uk/>; <http://srs.embl-heidelberg.de:8000/>; <http://www.cabri.org/CABRI/cabri-srs-doc/>; e <http://www.cabri.org/CABRI/home/guidelines/gl-framed.html>

Anexo 1: Padronização CABRI

Células de Tecido Humano e Animal

Nome do Campo	Descrição
Campos Mínimos (obrigatórios)	
Nome da linhagem Celular	Nome fornecido pelo depositante
Número de Acesso	Número próprio da coleção
Breve Descrição	Deve incluir: espécie, linhagem, tecido, tumor, patologia, transformado/transfectado
Descrição e outros comentários	Deve incluir: espécie, linhagem, tecido, tumor, patologia, transformado/transfectado; idade; sexo; derivado de
Nome e endereço do Depositante	Nome e endereço do depositante
Publicação de Referência	Publicação original
Morfologia e Características de Crescimento	Morfologia e características de crescimento (monolayer, suspensão, etc.)
Condições de cultivo	Deve incluir: meio de cultura; rotina de subcultura; incubação, crescimento (harvest???)
Vírus	Deve incluir: presença/ausência; tipo de vírus
Propriedades	Deve incluir: imunologia, receptores, susceptibilidade a vírus
Condições de Distribuição (restrições)	Deve incluir: condições de distribuição/restrições, patentes
Periculosidade (hazard)	Deve incluir classificação (periculosidade) da linhagem celular (e.g. Class II contendo), regras Europeias relacionadas a informações sobre periculosidade, regras específicas do país
Campos Recomendados	
Passagem	Deve incluir número de passagens
Testes de validação das espécies	Deve incluir testes de validação das espécies realizados para confirmar a espécie da linhagem celular

Híbridomas

Nome do Campo	Descrição
Campos Mínimos (obrigatórios)	
Nome da linhagem Celular (híbridoma)	Nome fornecido pelo depositante
Número de Acesso	Número próprio da coleção
Breve Descrição	Deve incluir: espécie, linhagem, especificidade do anticorpo
Descrição e outros comentários sobre o híbridoma	Deve incluir: espécie, linhagem, especificidade do anticorpo, doador (animal imunizado), anticorpo produzido, reação cruzada, parceiro de fusão
Nome e endereço do Depositante	Nome e endereço do depositante
Bibliografia de Referência	Publicação original
Morfologia e Características de Crescimento	Morfologia e características de crescimento (monolayer, suspensão, etc.)
Condições de cultivo	Deve incluir: meio de cultura; rotina de subcultura; incubação, crescimento, coleta
Condições de Distribuição (restrições)	Deve incluir: condições de distribuição/restrições,

	patentes
Periculosidade(<i>hazard</i>)	Deve incluir classificação quanto à periculosidade da linhagem celular (e.g. Classell contensão), regras Européias relacionadas a informações sobre a periculosidade, regras específicas do país

Células de Tecido Vegetal

Nome do Campo	Descrição
Campos Mínimos (obrigatórios)	
Nome Científico	Nome botânico da planta inicial
Família	Nome da família da espécie
Número de Acesso	Número próprio da coleção
Designação da Linhagem	Deve incluir designação que caracteriza a linhagem celular, normalmente fornecida pelo depositante ou iniciador.
Nome e endereço do Depositante	Nome e endereço do depositante
Condições de cultivo	Deve incluir: nome do principal meio de cultura; temperatura de crescimento (°C); umidade da câmara de crescimento (%); condições de luz (lux); regime de luz (horas)
Condições de Distribuição (restrições)	Deve incluir: condições de distribuição/restrições, restrições de transporte (específicas do país), restrições impostas pelo depositante.
Periculosidade(<i>hazard/BioHazard</i>)	Deve incluir classificação (periculosidade) da linhagem celular (e.g. Classell contensão), regras Européias relacionadas a informações sobre periculosidade, incluindo regras específicas do país
Informação Adicional	Qualquer informação adicional sobre a linhagem celular
História	Histórico da linhagem celular antes de sua chegada ao centro
Data de iniciação	Data de iniciação da cultura
Campos Completos	
Material de iniciação	
Data de acesso	

Vírus de Tecidos de Plantas

Nome do Campo	Descrição
Campos Mínimos (obrigatórios)	
Número de Acesso	Número próprio da coleção
Nome do Vírus	Nome da espécie
Abreviação do Nome do Vírus	Abreviação do nome da espécie
Nome Anterior	Nome anterior do isolado (e.g. Casoum patótipo ou serótipo não atribuído a uma outra espécie).
Gênero	Gênero ao qual o vírus pertence
Patótipo, Serótipo, linhagem	Patótipo, Serótipo ou designação da linhagem
Plantas hospedeira original	Especie (binômio em latim), subespécie, variedade, cultivar ou linhagem, nome vernacular
Origem geográfica	País, se disponível, informação detalhada sobre a posição geográfica onde a planta hospedeira original foi encontrada
Histórico do isolado	Nome do cientista que isolou o espécime

	peçoasouorganizaçõesquemantiveramoisolado antes
Isoladoreferência	Referênciabibliográficadoisolado
Regulamentosdequarentena	Regulamentaçãoquarentenáriaparaaespéciedevirus
Comentários	Aspectosespeciaisdoisolado,e.g.virulência

Bibliotecas Genômicas

NomedoCampo	Descrição
Campos Mínimos (obrigatórios)	
Númerodabiblioteca	IdentificadordaBiblioteca
Organismo	Organismorepresentadonabiblioteca
Tipo	Tipodabiblioteca
Vetor	Nomedovetor
TamanhodelInserção	TamanhomédiodainserçãoemvetoremKb
Abrangênciada biblioteca	Graudeabrangência
MTA(MaterialTransferAgreement)requerido	Requeridoacordosobretransferênciadematerial

Fagos

NomedoCampo	Descrição
Campos Mínimos (obrigatórios)	
NomedoElemento	Nomedoelemento
Númeronacoleção	Númerodoelementonacoleção
Tipo	Tipodoelemento
Outrosregistros em coleções de culturas	Númerodadoproroutrascoleçõesaofago
Distribuição Restrita	Condiçõeserestriçõesdedistribuição,restriçõesde transporte específica para país, restrições impostas pelodepositantes
Literatura	Publicaçãoorigin alondeoelementoestádescrito
Históricode depósito	Históricodoelementodoautoraodepositante
Hospedeiro para propagação	Descrição linhagem hospedeiras adequadas (nonível defamília,gêneroeespécie.Quandopossível completarcomrequerimentos parainfecção nonível fenotípico).
Hospedeiro utilizado para propagação	Nomedalinhagem hospedeira (nomedaeespécie e elemento/númeronacoleção) utilizadapelacoleção parapropagaçãodofago
Lisogenicidade	Lisogenicidadedofago(campológico:simounão)
Virus utilizado para	Possíveisaplicaçõesdofago
Campo Recomendado	
Superfície da célula receptora	Nomedoreceptordasuperfíciecelular
Campo Completo	
Meio	meio

Plasmídeos

NomedoCampo	Descrição
Campos Mínimos (obrigatórios)	
NomedoElemento	Nomedoelemento
Númerona Coleção	Númerodoelementonacoleção
Tipo	Tipodoelemento
Classe	Origemdoelemento:recombinanteounão -

	recombinante
Númeroemoutrascoleçõesdeculturas	Númerossobosquaisoelementoédistribuídoemoutrascoleçõesdeculturas
Hospedeiroparadistribuição	Designaçãotaxonômicaedesignaçãodalinhagemdoorganismohospedeironoqualelementoédistribuído.
Meio	Nomeounumeraçãodomeionoqualoorganismoépreferencialmentecultivado.
DistribuiçãoRestrita	Restriçõescomrelaçãoàdistribuiçãoodelemento(periculosidade,"somenteparafinsdepesquisa",patente,regulamentosdeimportação/exportação,etc.)
Bibliografia	Publicaçãooriginalondeoelementoestádescrito
Históricododepósito	Históricodoelementodoautoraodepositoremcronologiareversa(depositor<<<autor)
Fenotiposelecionável	Fatorcodificadopeloelemento,obrigandoalinhagemhospedeiraamanteroelementoparasobreviversobcondiçõesdecultivoapropriadas.
Replicon	Nomesdeelementosreplicon
Rangedohospedeiro	Hospedeirosemqueoelementopoderáserpropagadoe/ouutilizadoquandonecessário.Ascaracterísticaspeculiaresquesãonecessáriasparautilizaras característicasespeciaisdoelemento.
PropriedadeseUtilização	Descriçãodaspropriedadesdoelemento,assimcomo suasaplicaçõespossíveis.
Campos Completos	
Construído	
Grupodeincompatibilidade	
Habilidade detransferência	
Auxiliar(helper)	
Númerodacópia	
PesoMolecular	
GeneClonado	
Elementotransposável	
Promotor	
Ribosomebindingsite	
Startcodon	
Terminator	
Informaçõesadicionais	
Detalhedesequenciamento	
Códigodepreço	

Fungos Filamentosos e Leveduras

NomedoCampo	Descrição
Campos Mínimos (obrigatórios)	
Númerodalinhagem	Númerodeacessodacoleção
Númeroemoutrascoleções	Númerodeacessoemoutrascoleções
Restrições	Condiçõesdedistribuição/restrrição,restrições específicas dopaíscomrelaçãoàremessa,restrições impostaspelodepositante,etc.
Tipodeorganismo	Valor=FungououLevedura
Nome	Nomecientífico completo(gênero,espécie,subespécie,variedade,forma,formaspecialis,autor)
Status	Statusdenomenclatura,como"tipo","neotipo",etc.

NomedoCampo	Descrição
Históricododepósito	Históricodoelementodesdeoisoladoraodepositante (nomeeinstituiçãoodequemisolou,nomedo depositante,nomeseinstituiçõesintermediárias).
CondiçõesdeCrescimento	Meiodocultura,condiçõesdeluminosidade, temperatura
Formadeenvio	Forma(estado)emquealinhagemseráenviadaao cliente.
CamposRecomendados(quandoaplicável)	
Raça	Nomeeautordaraçadalinhagem
Origemgeográfica	Paíselocalização
Nomesincorretos	Nomesutilizadosincorretamentequetalvezainda estejaemuso
Mutante	Tipodemutante
Estadosexual	Condiçãosexual dalinhagem
ReferênciaBibliográfica	Referênciaondealinhagemestádescrita
OutrosCampos	
substrato	
genótipo	
patogenicidade	
Produçãodeenzymas	
Produçãodemetabólitos	
Comentários	
CódigodePreço	

BactériaseArcheas

NomedoCampo	Descrição
CamposMínimos(obrigatórios)	
Númerodalinhagem	Númerodeacessodacoleção
Númeroemoutrascoleções	Númerodeacessoemoutrascoleções
Restrições	Condiçõesdedistribuição/restricção,restrições específicasdopaíscomrelaçãoàremessa,restrições impostaspelodepositante,etc.
Tipodeorganismo	Valor=BactériaouArchaea
Nome	Nomecientífico completo(gênero,espécie,subespécie, patovar,autor)
Nomesinfraespecíficos	Varietade,designação,epithet,autoresereferência
Status	Statusdenomenclatura,como"tipo","neotipo",etc.
Históricododepósito	Históricodoelementodesdeoisoladoraodepositante (nomeeinstituiçãoodequemisolou,nomedo depositante,nomeseinstituiçõesintermediárias).
CondiçõesdeCrescimento	Meiodocultu ra,condiçõesdeluminosidade, temperatura
Formadeenvio	Forma(estado)emquealinhagemseráenviadaao cliente.
CamposRecomendados(quandoaplicável)	
Serovar	Nomeeautordoserovar
Outrosnomes	Nomesutilizadosnopassado(nãosinônimos)que aindapossamestaremuso
Isoladode	Nomedosubstratoouhospedeiro
Origemgeográfica	Paíselocalização
Nomesincorretos	Nomesutilizadosincorretamentequetalvezainda

Nome do Campo	Descrição
	esteja em uso
Mutante	Tipo de mutante
genótipo	Nomes dos marcadores de cromossomo
Referência Bibliográfica	Referência onde a linhagem está descrita
Outros Campos	
patogenicidade	
Produção de enzimas	
Produção de metabólitos	
Aplicações	
Registro de catálogo	
Plasmídeos	
Comentários	
Código de Preço	