

Desenvolvimento e Integração de Ontologias: um Estudo de Caso em Doenças Humanas

Daniele Palazzi^{1,2}, Fernanda Campos^{1,2}, Regina Braga^{1,2}, Elaine Coimbra³

¹Núcleo de Pesquisa em Qualidade de Software

²Mestrado em Modelagem Computacional

³Departamento de Parasitologia, Microbiologia e Imunologia

Universidade Federal de Juiz de Fora (UFJF)

36036-900 – Juiz de Fora – MG – Brasil

daniele.palazzi@ice.ufjf.br; {fernanda.campos, regina.braga,
elaine.coimbra}@ufjf.edu.br

Abstract. *The QDAontology - Quality Driven Approach for e-Science Ontologies is composed of stages, activities, participants, artifacts and quality characteristics. Each stage is composed of activities, where artifacts are generated and participants are related to stages and activities. After implementation stage, the ontology must be then integrated to other ontologies through mechanisms of ontological correspondence. In this article we describe the Integration process and its validation through a case study in the biological domain with the Celo-Human Disease ontology.*

Resumo. *A abordagem QDAontology - Quality Driven Approach for e-Science Ontologies é composta por etapas, atividades, participantes, artefatos e características de qualidade. Cada etapa é constituída de atividades, onde são gerados artefatos e os participantes estão relacionados com as etapas e atividades. Com a implementação da ontologia a mesma deve ser integrada a outras ontologias, através de mecanismos de correspondência ontológica. Neste artigo descrevemos o processo de Integração de ontologias e ilustramos com um estudo de caso no domínio biológico com a ontologia CelO -Human Disease.*

1. Introdução

De acordo com [Corcho, O. *et al.*, 2007], o surgimento da *Web Semântica* tem causado uma crescente necessidade de se reutilizar conhecimento, e tem reforçado o seu potencial ao mesmo tempo. Ontologias têm um importante papel neste contexto e são utilizadas para fornecer uma forma de compreender o significado semântico das informações. A ontologia representa computacionalmente o conhecimento humano e permite o compartilhamento e o reuso desse conhecimento.

O domínio biológico é marcado pelo uso de um grande número de termos. Esta área apresenta inúmeras terminologias e muitas das vezes ambíguas, além da existência de muitos dialetos [Eilbeck, K. *et al.*, 2005]. O uso de ontologias é útil para o apoio a estas pesquisas, possibilitando um maior entendimento do domínio tanto por especialistas como por pessoas comuns, e é, também, uma forma de padronização dos termos empregados.

A abordagem QDAontology - Quality Driven Approach for *e-Science* Ontologies, para a construção de ontologias no domínio da *e-Science*, é composta por seis etapas. Para cada etapa o modelo descreve (i) participantes, (ii) atividades, (iii) artefatos (iv) características de qualidade. Neste artigo apresentamos a etapa de Integração e detalhamos um estudo de caso da integração da ontologia CelO -Human Disease [Palazzi, D. C. 2010] com as ontologias da OBO Foundry [OBO Foundry 2010].

Este artigo está organizado como se segue: a seção 2 aborda de forma sucinta as ontologias da área biológica. A seção 3 revê alguns conceitos sobre a interoperabilidade de ontologias. Na seção 4 apresentamos a abordagem QDAontology, detalhamos a etapa de Integração de ontologias e descrevemos um estudo de caso. Na seção 5 apresentamos alguns trabalhos relacionados e finalmente na seção 6 apresentamos as considerações finais.

2. Ontologias na Área Biológica

De acordo com [Smith, B. 2008], pode-se apontar algumas características do desenvolvimento de uma ontologia para fins científicos: desenvolvida por recursos comuns a qualquer ontologia, representa domínios científicos bem -demarcados, sujeita a manutenção constante do domínio por especialistas, concebida para ser usada em conjunto com outras ontologias complementares e independentes do formato e da execução.

Para [Rector 2005] in [Cech, P. 2009], a ontologia é considerada como um bloco de informação/conhecimento, o que favorece a integração de elementos e o compartilhamento e reuso do conhecimento. Ontologias biológicas definem os termos básicos e relações em domínios biológicos e são usadas como base para a interoperabilidade entre sistemas, e para busca, integração e troca de dados biológicos [Lambrix, P. *et al.*, 2007].

Atualmente, existem diversas ontologias no contexto biológico com diferentes objetivos e diferentes características. Destacam-se duas nesse trabalho: as ontologias pertencentes ao OBO *Foundry* [OBO Foundry 2010], que tem como objetivo definir formalmente um vocabulário estruturado de um domínio específico da biologia, permitindo ao cientista o emprego de termos sem ambigüidade e melhor conhecimento do domínio estudado; e a ontologia CelO [Matos, E. *et al.*, 2009], desenvolvida no contexto desse projeto, que apóia a tarefa de modelagem da eletrofisiologia cardíaca, descrevendo os modelos CellML [CellML 2010] existentes.

3. Interoperabilidade entre Ontologias

Atualmente a utilização e reuso de informações são fundamentais, entretanto, o uso e reuso dessas informações podem gerar alguns problemas, entre os quais podemos citar diferentes formatos de representação do conhecimento e inconsistências semânticas. A interoperabilidade semântica pode ser definida como sendo a capacidade de dois ou mais sistemas heterogêneos e distribuídos trabalharem em conjunto, compartilhando as informações entre eles com entendimento comum de seu significado [Buranarach 2001] in [Souza, J. F. 2007]. Neste contexto as ontologias podem ser reutilizadas de diversas formas: ora resultando na criação de uma ontologia

independente a partir dos conceitos de outras, ora preservando as ontologias originais mas expandindo as mesmas [Campos, M. L. A. *et al.*, 2009].

Mecanismos têm sido propostos com o objetivo de apoiar a interoperabilidade de ontologias, entre eles se destacam combinação, alinhamento, integração e mapeamento de ontologias. Outros mecanismos podem ser encontrados em [Euzenat, J., Shvaiko, P. 2007]. O objetivo da correspondência ontológica é descobrir as relações entre entidades expressas em diferentes ontologias. Muitas vezes, essas relações são relações de equivalência que são descobertas através de medidas de similaridade entre as entidades das ontologias [Euzenat, J., Shvaiko, P. 2007].

Na literatura [Souza Júnior, H. C. 2008], [Euzenat, J., Shvaiko, P. 2007], [Souza, J. F. 2007] encontram-se várias propostas que viabilizam o cálculo de similaridades entre termos ontológicos. Para comparar duas ontologias e medir a similaridade entre elas (ou entre parte delas), pode-se considerar diferentes níveis ontológicos, tais como o léxico, onde é investigado como os termos são usados para transmitir significados, e o conceitual, onde são investigadas as relações conceituais existentes entre os termos. Atualmente, existem métodos com base nos nomes das entidades, na estrutura, na extensão e na semântica.

4. Abordagem para o Desenvolvimento e Integração de Ontologias

A abordagem QDAontology – *Quality Driven Approach for e-Science Ontologies* representa o modelo proposto para a Engenharia Ontológica, que descreve: etapas, atividades, participantes, artefatos e características de qualidade. Cada etapa é constituída de atividades, em cada atividade são gerados artefatos e os participantes estão relacionados com as etapas e atividades do processo. A partir da evolução dos artefatos ocorre o desenvolvimento da ontologia. Com a implementação da ontologia a mesma pode ser integrada a outras ontologias, através de mecanismos como alinhamento ou mapeamento, e, com base nos resultados obtidos, a ontologia pode sofrer uma evolução e produzir o resultado desejado. São seis etapas: Especificação, Conceitualização, Formalização, Implementação, Integração e Evolução (figura 1). Nesse artigo enfatizamos a etapa de Integração e descrevemos o estudo de caso do desenvolvimento da ontologia CeIO-Human Disease [Palazzi, D. C. 2010], doenças humanas.



Figura 1 – Etapas da Abordagem QDAontology.

ETAPA 1 - ESPECIFICAÇÃO

Tem como proposta elaborar um documento que identifica os objetivos, especifica os usuários, o conjunto de termos a serem representados, as características e as granularidades. Nesta etapa deve ser especificado também um conjunto de perguntas de competência para delimitar o escopo e o propósito do domínio. O artefato gerado na Especificação é um documento contendo informações básicas sobre o domínio que está sendo modelado.

No estudo de caso foram identificados os possíveis novos subdomínios da ontologia CeIO [Matos, E. *et al.*, 2009], definido o subdomínio células doenças humanas e contactados especialistas que poderiam contribuir com o seu conhecimento. O resultado desses encontros foi a obtenção de diferentes versões da ontologia. Na primeira versão foram definidos 19 termos, e a última versão é apresentada no Quadro 1 com 48 conceitos. Foi feita uma validação com seis especialistas do domínio, todos mestres e doutores, incluindo a *stakeholder*, através de um instrumento do tipo questionário, onde os especialistas puderam também sugerir novas ligações, termos e sinónimos.

Quadro 1. Especificação da ontologia CeIO -Human Disease.

Domínio	<i>Human Disease</i>
Data	2009
Desenvolvida por	Elaine Coimbra
Objetivo	<i>Expand the domain represented in the ontolgy CeIO from infectious human disease.</i>
Nível de formalidade	<i>Semiformal</i>
Escopo	<p><i>List of 48 concepts: Acanthamoeba infection, African trypanosomiasis, Amebiasis, Angiostrongyliasis, Anisakiasis, Ascariasis, Babesiosis, Bacterial Diseases, Balantidiasis, Capillariasis, Cell, Chagas Disease, Clonorchiasis, Cryptosporidiosis, Cutaneous Larva Migrans, Cyclosporiasis, Cysticercosis, Diphylobothriasis, Disease, Dracunculiasis, Ectoparasite, Enterobiasis, Fascioliasis, Fungal Diseases, Giardiasis, Helminths, Hookworm Infection, Human Disease, Hydatidosis, Hymenolepiasis, Infectious Disease, Visceral Larva Migrans, Leishmaniasis, Malaria, Microsporidiosis, Naegleria Infection, Onchocerciasis, Paragonimiasis, Parasitic Disease, Protozoa, Schistosomiasis, Strongyloidiasis, Taeniasis, Toxoplasmosis, Trichinellosis, Trichomoniasis, Trichuriasis, Viral Disease.</i></p> <p><i>List of 12 properties: isDisease, isDiseaseCausedBy, isParasitic, isTypeOf, hasCause, hasDefinition, hasDiagnostic, hasHelminths, hasPrevention, hasprognostic, hasProtozoa,, hasTransmission.</i></p>
Fontes de conhecimento	http://www.cdc.gov/ncidod/dpd/parasites/ http://www.who.int/topics/en/ http://www.dpd.cdc.gov/dpdx/Default.htm 6 <i>stakeholders</i>

ETAPA 2 - CONCEITUALIZAÇÃO

Organiza e estrutura o conhecimento do domínio como modelos significativos no nível de conhecimento, usando representações externas. Como artefatos gerados nesta etapa tem-se o glossário e o dicionário de termos contendo todos os conceitos do domínio, instâncias de classes e atributos, conceitos sinónimos e acrónimos podem ser adicionados (figuras 2 e 3). No dicionário de conceitos foram acrescentados os sinónimos em português.

Name	Description
Disease	A condition of the living animal or plant body or of one its parts that impairs normal functioning. Illness and sickness are generally used as synonyms for disease.
Human_Disease	Is an abnormal condition of an organism human that impairs bodily functions, associated with specific symptoms and signs.
Infections_Disease	Is a clinically evident disease resulting from the presence of pathogenic microbial agents, including pathogenic viruses, pathogenic bacteria, fungi, protozoa, multicellular parasites, and aberrant proteins known as prions.
Bacterial_Disease	Infectious diseases caused by pathogenic bacteria. Examples of bacterial diseases: tuberculosis (<i>Mycobacterium tuberculosis</i>), pneumonia (which can be caused by <i>Streptococcus</i> and <i>Pseudomonas</i>) and foodborne illnesses (caused by bacteria such as <i>Shignella</i> , <i>Campylobacter</i> and <i>Salmonella</i>). Pathogenic bacteria also cause infections such as tetanus, typhoid fever, diphtheria, syphilis and leprosy.

Figura 2. Glossário de termos da CeIO-Human Disease.

Concept name	Synonyms	Class attributes	Relations
Taeniasis	Tapeworm infection Teníase	-	hasCause hasDefinition hasDiagnostic hasHelminths hasPrevention hasPrognostic hasTransmission
Parasitic_Disease	Doença parasitária	Ectoparasite Helminths Protozoa	hasParasitic

Figura 3. Dicionário de conceitos da CeIO -Human Disease.

ETAPA 3 - FORMALIZAÇÃO

Transforma o modelo conceitual em um modelo formal ou semi-computável, o que possibilita a transformação dos requisitos e a definição dos termos em um projeto de ontologia, sugerindo uma arquitetura e adaptando o projeto para o ambiente de implementação. Os artefatos gerados nesta etapa são a árvore de classificação dos conceitos e o diagrama de relacionamentos parciais (Figura 4), que permitem elaborar uma representação intermediária do domínio. Nesses diagramas são exibidas as relações e consequentemente são definidas as regras do tipo “é uma”, “é um tipo de”, “é parte de” ou outras que melhor representem o domínio.

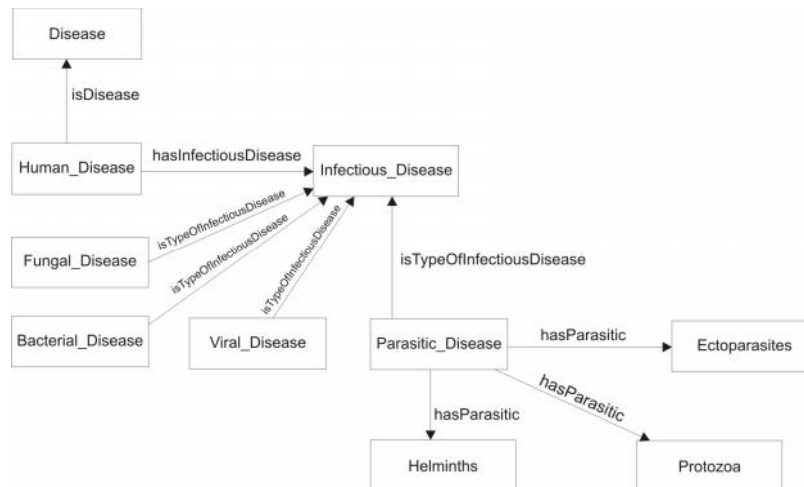


Figura 4. Ontologia CeIO-Human Disease: diagrama de relacionamento dos conceitos .

ETAPA 4 - IMPLEMENTAÇÃO

A Implementação constrói modelos computáveis utilizando ferramentas apropriadas para o desenvolvimento de ontologias. Define a organização formal dos termos, conceitos e relacionamentos de forma a permitir inferência automatizada, através da definição de regras e restrições. O resultado desta etapa é a ontologia codificada em uma linguagem formal, para uso em diferentes aplicações. Nesta etapa, o artefato gerado é a própria ontologia já codificada em uma linguagem formal .

ETAPA 5 - INTEGRAÇÃO

A etapa de Integração considera a reutilização e o compartilhamento da ontologia desenvolvida com outras ontologias do mesmo domínio. Técnicas de correspondência ontológica devem ser usadas, como mapeamento, alinhamento, combinação ou

integração. Como nesta etapa há preocupação com a reutilização de partes das ontologias e com utilização de técnicas de correspondência entre elas, a integração conta com o suporte do engenheiro ontológico e do desenvolvedor. As atividades pertencentes à integração são: Avaliação, Documentação, Gerência de Configuração, Qualidade e Ambiente. Após a etapa de Integração a ontologia deve apresentar as características de qualidade descritas no quadro 2.

Quadro 2. Características e Subcaracterísticas de Qualidade para Ontologias.

CARACTERÍSTICAS E SUBCARACTERÍSTICAS DE QUALIDADE PARA ONTOLOGIAS – ETAPA DE INTEGRAÇÃO	
CARACTERÍSTICA	SUB-CARACTERÍSTICA
INTEROPERABILIDADE Característica da ontologia trocar informações com outras ontologias. Na interoperabilidade há o compartilhamento e a reusabilidade entre ontologias.	Interoperabilidade semântica Capacidade de compartilhamento e troca de informações entre diferentes aplicações.
	Independência de codificação Conceitualização especificada a nível de conhecimento, sem depender de um determinado tipo de codificação.
	Similaridade semântica Sobreposição de termos, conceitos e usuários de aplicações similares às definições encontradas em outras ontologias.
	Inferência automatizada Capacidade de permitir inferência automatizada, através dos modelos formais definidos.
MANUTENIBILIDADE Característica da ontologia ser modificada. A manutenibilidade inclui correção, melhorias ou inclusão de novos conceitos à ontologia.	Extensibilidade Ontologia projetada para o uso de vocabulário compartilhado e inclusão de novos conceitos.

O artefato produzido nesta etapa é um documento contendo as informações essenciais relacionadas à correspondência entre as ontologias como: qual(is) será(ão) a(s) ontologia(s) utilizada(s) e para cada termo utilizado indicar o nome do termo no modelo conceitual, o nome da ontologia de onde foi extraído o termo, e, finalmente, a definição e os argumentos da ontologia. O alinhamento entre ontologias foi o recurso adotado no estudo de caso, feito com uma ontologia do grupo OBO *Foundry* denominada *human_disease* [Palazzi, D. C. 2010]. O Quadro 3 apresenta uma representação deste documento de integração.

Quadro 3. Documento de Integração do segundo ciclo.

Meta-Ontologia	Ontologias	
Termo na CelO– Human Disease	Ontologia utilizada	Nome do termo na ontologia utilizada
<i>Hookworm_Infection</i>	DOID in OBO	<i>Hookworm infection</i>
<i>Onchocerciasis</i>	DOID in OBO	<i>onchocerciasis</i>
<i>Hymenolepiasis</i>	DOID in OBO	<i>hymenolepiasis</i>
<i>Capillariasis</i>	DOID in OBO	<i>capillariasis</i>
<i>Paragonimiasis</i>	DOID in OBO	<i>paragonimiasis</i>
<i>Dracunculiasis</i>	DOID in OBO	<i>dracunculiasis</i>
<i>Visceral_Larva_Migrans</i>	DOID in OBO	<i>Visceral larva migrans</i>
<i>Taeniasis</i>	DOID in OBO	<i>teniasis</i>

Como no estudo de caso foram utilizadas ontologias representadas nas linguagens OBO (OBO *Foundry*) e OWL (CelO-*Human Disease*) para a realização de alinhamentos entre as ontologias de linguagens distintas foi necessário o desenvolvimento da ferramenta A3O que permitisse tal mecanismo. O alinhamento foi obtido em três passos, executados sequencialmente (figura 5). Inicialmente a ferramenta compara os termos das ontologias no nível léxico e em seguida aplica uma medida de

similaridade para garantir os seus resultados. O resultado do processo de alinhamento é um arquivo contendo os relacionamentos entre os termos selecionados.

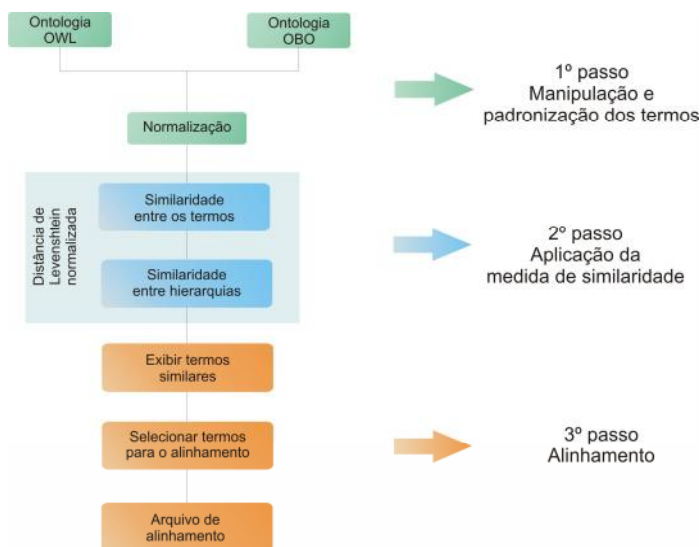


Figura 5. Processo de alinhamento da ferramenta A3O.

O primeiro passo faz a normalização das ontologias. Para aplicar essas transformações são utilizadas duas APIs, a Jena [Jena 2010] e OBO [API OBO 2010]. A normalização faz com que os termos fiquem todos padronizados, para tanto, as letras são transformadas em caixa-alta, retiram-se caracteres especiais e espaços em branco. O segundo passo aplica a medida de similaridade entre os pares de termos e entre níveis hierárquicos. A medida aplicada é aqui denominada por distância de *Levenshtein* normalizada, baseada no trabalho de [Souza, J. F. 2007], na qual o valor obtido é dividido pelo tamanho do maior termo envolvido na avaliação. Sendo assim a medida de similaridade obtida por essa técnica retorna valores no intervalo $[0,1]$, no qual valores mais baixos demonstram um maior grau de similaridade entre os termos. E finalmente, o terceiro e último passo, apresenta similaridade entre os termos das ontologias e entre as suas hierarquias dois níveis acima com base na distância de *Levenshtein* normalizada. Para este cálculo, consideramos que a similaridade entre os termos tem um peso maior se comparado com a medida entre as hierarquias, de forma que, para cada par de termos, o resultado é o somatório entre 70% da similaridade do termo e 30% da similaridade da hierarquia.

A fim de simplificar a exibição desses resultados, é necessário que o usuário escolha um termo da primeira ontologia que deseja obter a similaridade, através de uma árvore da mesma. Feita a escolha, são apresentados os resultados em ordem decrescente de similaridade comparando com todos os termos da segunda ontologia. Ao escolher dois termos similares, é possível gerar o arquivo de alinhamento contendo essas informações. Para tanto, o usuário deve escolher esses termos, em seguida clicar no botão *Add* para adicionar essa ligação. O arquivo de alinhamento contém expressões do tipo $ONTO1.TermoX \Leftrightarrow ONTO2.TermoY$ com os nomes das ontologias e seus termos equivalentes (figura 6).

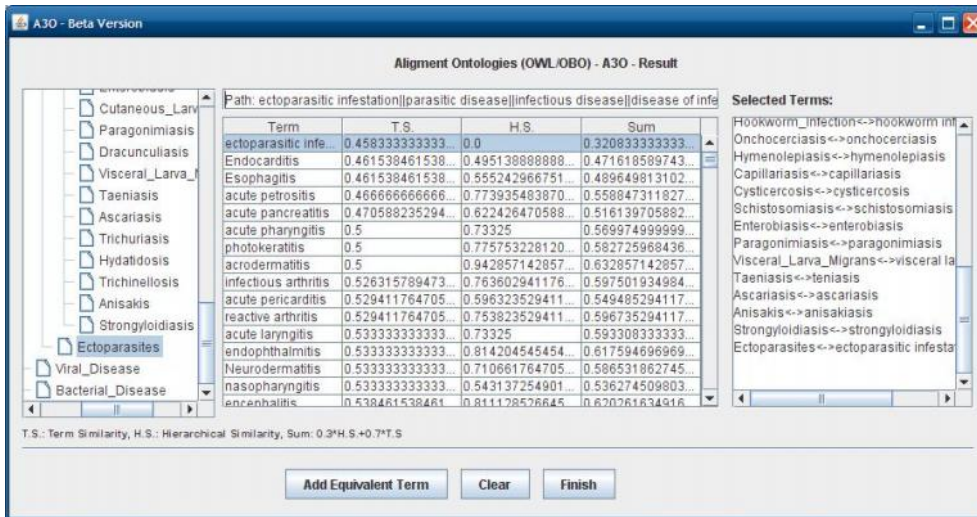


Figura 6. Termos equivalentes entre as ontologia CelO–Human Disease e Human Disease da linguagem OBO.

ETAPA 6 - EVOLUÇÃO

A atividade de Evolução tem por objetivo apoiar o enriquecimento do conhecimento em uma ontologia, acrescentando novos conceitos ou expandindo conceitos existentes com novos conhecimentos adquiridos. Permite não só o enriquecimento da ontologia, mas, também, a expansão de seu domínio e a sua manutenção quando necessário. Ao atingirmos essa etapa o artefato gerado é uma versão final da ontologia evoluída (figura 7), que além das características de qualidade, organização, modularidade, estrutura invariante e extensibilidade, deve acumular os atributos definidos nas etapas anteriores do processo de engenharia ontológica.

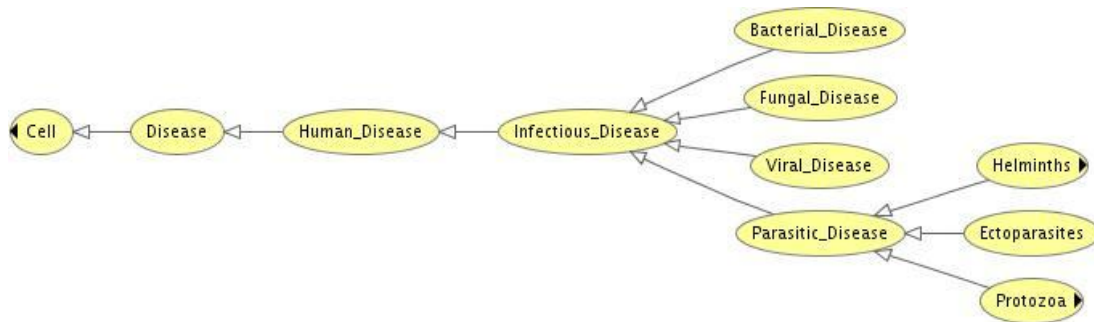


Figura 7 – Visão parcial da ontologia CelO–Human Disease.

5. Trabalhos Relacionados

A METHONTOLOGY [Fernández, M. *et al.*, 1997] incluiu a etapa de integração como uma atividade (sub-etapa). Na QDA_Ontology, devido à sua importância para aplicações científicas, a mesma constitui uma etapa da abordagem. A metodologia ON - TO-KNOWLEDGE [Sure, Y. *et al.*, 2002] apresenta um processo de desenvolvimento focado no conhecimento e os participantes envolvidos não são bem definidos. A

integração com outras ontologias também não faz parte da metodologia. A QDAontology, define os papéis associados às etapas, trabalha com equipes multidisciplinares e ressalta a reutilização do conhecimento na etapa de integração. O processo KUP [Orlean 2003] em [Souza, J. F. 2007] é semelhante à QDAontology. A etapa de Concepção engloba as etapas de Especificação e Conceitualização, a etapa da Construção é semelhante às de Formalização e Implementação definidas na QDAontology, a etapa de Evolução está presente nas duas metodologias. Contudo, o processo KUP não insere entre as suas etapas a Integração, o que na abordagem proposta é uma etapa extremamente importante porque sugere a reutilização de outras ontologias.

6. Considerações Finais

Assim como na Engenharia de Software, no desenvolvimento de ontologias também se faz necessária a aplicação de uma metodologia para a sua construção. Como as ontologias podem ser desenvolvidas por vários grupos diferentes e pertencerem a um mesmo domínio, elas podem apresentar estruturas e padrões de nomenclatura de termos diferentes [Silva, V. S. *et al.*, 2008]. Desta forma, são necessários mecanismos que garantam a interoperabilidade das ontologias, permitindo a integração das informações e a evolução das mesmas. Este trabalho apresentou a abordagem intitulada QDAontology, com as etapas necessárias para desenvolvimento de ontologias científicas, juntamente com um mecanismo que promova a recuperação e integração das informações presentes em outras ontologias do mesmo domínio ou de domínios complementares. Os resultados obtidos revelaram que as etapas que compõem o processo são adequadas para o desenvolvimento de ontologias e todos os artefatos gerados são suficientes para a elaboração de toda a documentação. A interoperabilidade entre ontologias, realizada durante a etapa de Integração, é fundamental quando se deseja trocar informações com outras ontologias. Podem ser destacadas ainda outras contribuições desse trabalho como o desenvolvimento de uma ferramenta para a realização do alinhamento entre ontologias descritas nas linguagens OWL e OBO e a disponibilização da ontologia Celo-Human Disease em padrões interoperáveis. Como trabalhos futuros o grupo tem trabalhado com o desenvolvimento de uma infra-estrutura para a composição de serviços web semânticos em workflows científicos além da captura da proveniência de dados científicos e sua posterior consulta.

Agradecimento: Este trabalho foi parcialmente financiado pela FAPEMIG.

Referências

- API OBO. 2010. API OBO. Disponível em <http://oboedit.org/api/obo/>. Acesso em 10 de janeiro de 2010.
- Campos, M. L. A., Campos, M. L. M., Dávila, A. M. R., Gomes, H. E., Campos, L. M., Lira, L. Aspectos Metodológicos no Reuso de Ontologias: um estudo a partir das anotações genômicas no domínio dos tripanosomatídeos. 2009. In RECIIS – R. Eletr. de Com. Inf. Inov. Saúde. Rio de Janeiro, v.3, n.1, p.64-75.
- CellML.2010. Cell Markup Language. Disponível em <http://www.cellml.org>. Acesso em 15 de março de 2010.
- Cech, P. (2009). Ontology as an Integrating Element in an Information-Knowledge Infrastructure. In: ICTE 2009 – Internacional Conference on Multimedia and ICT in Education. Lisboa – Portugal.

- Corcho, O., Fernandez-Lopez, M., Gomez-Perez, A. "Ontological Engineering: What are ontologies and how can we build them?". In: CARDOSO, J. *Semantic Web Services: Theory, Tools and Applications*. New York: Information Science Reference. 2007. Cap. 3, p. 44-70.
- Eilbeck, K., Lewis, S., Mungall, C. J., Yandell, M., Stein, L., Durbin, R., Ashburner, M. (2005). The Sequence Ontology: A tool for the unification of genome annotations. *Genome Biology* (2005) 6:R44. Disponível em <http://genomebiology.com/2005/6/5/R44>. Acesso em 19 ago. 2008
- Euzenat, J., Shvaiko, P, *Ontology Matching*, Springer -Verlag, Berlin Heidelberg (DE), 2007.
- Fernández, M., Gómez-Pérez, A., Juristo, N. *METHONTOLOGY: From Ontological Art Towards Ontological Engineering*. 1997. In *AAAI Technical Report SS -97-06*. Disponível em <http://www.aaai.org/Papers/Symposia/Spring/1997/SS -97-06/SS97-06-005.pdf>
- Jena. 2010. Jena 2 Ontology API. Disponível em <http://jena.sourceforge.net/ontology>. Acesso em 05 de janeiro de 2010.
- Lambrix, P., Tan, H., Jakoniene, V., Strömbäck, L. "Biological Ontologies". In: *Semantic Web: Revolutionizing Knowledge Discovery in the Life Sciences*. New York: Information Science Reference. 2007. Cap. 4, p. 85 -99.
- Matos, E. E. S., Campos, F., Braga, R., Palazzi, D. CelOWS: a ontology based framework for the provision of semantic web service related to biological models. *Journal of Biomedical Informatics*, 2009.
- OBO Foundry. 2010. "The Open Biomedical Ontologies". Disponível em <http://www.obofoundry.org/>.
- Palazzi, D. C. *QDAontology – Abordagem para o desenvolvimento de ontologias em e-Science: um estudo de caso em biologia*. Juiz de Fora, 2010. Dissertação (Mestrado em Modelagem Computacional) - Universidade Federal de Juiz de Fora. Juiz de Fora, MG, Brasil.
- Silva, V. S., Silva, J. C. P., Campos, M. L. M.: A linhamento de Ontologias através do algoritmo de Alinhamento Local de Caminhos. In: *Seminário de Pesquisa em Ontologia no Brasil*, Niterói, Rio de Janeiro, Brasil. (2008)
- Smith, B. *Ontology (Science)*. 2008. In *Nature Precedings*
- Souza, J. F. (2007). *Negociação de significado para viabilizar interoperabilidade semântica*. 2007. Dissertação (Mestrado) – COPPE, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, 2007.
- SOUZA JUNIOR, H. C. *Ontologias Emergentes: Uma abordagem para construção de ontologias a partir de mapeamentos ponto-a-ponto*. 2008. Dissertação: (mestrado) - Instituto Militar de Engenharia, Rio de Janeiro, 2008
- Sure, Y., STAAB, S., STUDER, R. (2002). Methodology for development and employment of ontology based knowledge management applications. *SIGMOD Rec.* 31, 4 (December 2002), 18-23. DOI=10.1145/637411.637414 <http://doi.acm.org/10.1145/637411.637414>