



L'ontologie AHOL (Animal Health Ontology for Livestock) pour une intégration des données relatives aux principales maladies des animaux d'élevage : exemple en filière porcine

Mily LEBLANC-MARIDOR (1), Coralie FERRET (1), Marie-Christine MEUNIER-SALAÜN (2), Mélanie GUNIA (3),
Matthieu REICHSTADT (4), Nathalie LE FLOC'H (2)

(1) ONIRIS, INRAE, BIOEPAR, 44307 Nantes, France

(2) PEGASE, INRAE, Institut Agro, 35590 Saint Gilles, France

(3) GenPhySE, Université de Toulouse, ENVT, 31320 Castanet-Tolosan, France

(4) Université Clermont Auvergne, INRAE, VetAgro Sup, UMR Herbivores, 63122 Saint-Genès-Champanelle, France

mily.leblanc-maridor@oniris-nantes.fr

L'ontologie AHOL (Animal Health Ontology for Livestock) pour une intégration des données relatives aux principales maladies des animaux d'élevage : exemple en filière porcine

Une ontologie est une façon de représenter un ensemble de concepts et les relations entre ces concepts dans un domaine spécifique. A l'heure actuelle, les ontologies sont des outils fiables et efficaces permettant de traiter et d'analyser un grand nombre de données scientifiques, tant dans la manière dont elles sont conçues avec des identifiants uniques, des relations spécifiques annotées permettant l'interopérabilité, que du fait des différentes règles auxquelles elles doivent se soumettre comme par exemple la nécessité d'avoir des données pertinentes, actualisées et reconnues par la communauté scientifique. Leur rôle est de plus en plus important avec l'augmentation croissante du nombre d'informations récoltées chaque jour par la communauté scientifique. Le développement de l'ontologie AHOL (Animal Health Ontology for Livestock) par INRAE a pour but de définir et organiser les caractéristiques des maladies des animaux d'élevage, car aucune ontologie traitant ces données n'était jusqu'alors disponible pour le grand public. AHOL est disponible aujourd'hui sur le Web et propose les données concernant 105 maladies porcines avec leurs symptômes et leurs agents pathogènes. Ces trois éléments sont classés selon leur propre arborescence visant à faciliter la consultation et la recherche d'informations. De nouvelles options et améliorations sont en cours d'élaboration pour faciliter la recherche d'informations via l'intégration de synonymes des maladies et des symptômes au niveau de la barre de recherche. A terme, l'ontologie AHOL offrira également la possibilité de naviguer entre les maladies des différentes espèces de rente. Elle représentera alors un véritable outil utile et efficace pour la recherche ainsi que pour les professionnels et étudiants en santé animale, pour une utilisation en e-learning par exemple, et pourra s'intégrer au réseau mondial des ontologies déjà en place, notamment ATOL (Animal Trait Ontology for Livestock).

The AHOL (Animal Health Ontology for Livestock) ontology for integrating data on the main diseases of farmed animals: an example in the pig sector

An ontology is a way of representing a set of concepts and the relationships between these concepts in a specific field. At present, ontologies are reliable and effective tools for processing and analysing a large number of scientific data with a standardized language and the formalization of knowledge into structured oriented graphs. The design of the data (unique identifiers, relationships, interoperability, etc.) and their characterization (relevance, up-to-date and recognised by the scientific community) are considered. The role of these ontologies is becoming increasingly important due to the increasing number of reports collected every day by the scientific community. The AHOL (Animal Health Ontology for Livestock) ontology has been developed by INRAE with the objective to define and organise the characteristics of farmed animal diseases, as no ontology dealing with these data is currently available to the general public. AHOL is now available on the Web and provides data on 105 swine diseases with their symptoms and pathogens. Each of these three elements is classified in a separate tree structure to facilitate the consultation and search for information. Development is underway to facilitate the search for information by including synonyms (for diseases, symptoms) in the search bar. Eventually, the AHOL ontology will also provide the ability to navigate among diseases of different species (pigs, poultry, rabbits, ruminants, horses, fish). It will then be a useful and effective tool for animal health professionals and students, for use in e-learning for example, and can be integrated into the global ontology network already in place, notably ATOL (Animal Trait Ontology for Livestock).

INTRODUCTION

Une ontologie est un outil qui permet de représenter un ensemble de concepts et les relations entre ces concepts dans un domaine spécifique (Bard et Rhee, 2004). Autrement dit, les ontologies apportent un support permettant d'intégrer, de définir et de comparer une grande quantité de données plus ou moins complexes (Blake et Bult, 2006). L'ontologie rend ainsi explicite les connaissances habituellement intégrées de façon diffuse dans divers articles et revues scientifiques et représente une formalisation de l'état actuel des connaissances dans ce domaine (Bard et Rhee 2004), ce qui facilite leur exploitation par un humain ou un ordinateur (Blake et Bult 2006).

Dans la recherche biologique, les ontologies sont devenues indispensables au fil des années du fait du nombre croissant des données scientifiques disponibles. C'est le cas, par exemple, de l'essor considérable des données produites par les méthodes à haut débit comme la génomique, la protéomique, la métabolomique etc. Une autre particularité des données biologiques est leur complexité. Les données sont obtenues à différents niveaux d'étude du vivant (gène, protéine, cellule, organe, organisme, écosystème) qui sont reliés entre eux. Les ontologies permettent d'organiser, de traiter et comparer ces différentes données et de pouvoir formaliser les liens entre ces données par des annotations. Les ontologies appliquées aux données de la recherche doivent répondre aux principes dits FAIR (acronyme de « Findable, Accessible, Interoperable, Reusable ») qui définissent les fondements d'un partage de données faciles à trouver, accessibles, interopérables et réutilisables (Wilkinson et al. 2016). Elles constituent des outils puissants pour être utilisés dans des programmes de phénotypage, de modélisation ou de recherche sémantique dans des corpus bibliographiques.

C'est dans ce contexte que sont nés les projets INRAE des ontologies ATOL (Animal Trait Ontology for Livestock), EOL (Environment Ontology for Livestock) et AHOL (Animal Health Ontology for Livestock), accessibles via <https://sicpa-web.cati.inrae.fr/ontologies/visualisation/ontologie/>. Dans cet article, nous présenterons le développement de l'ontologie de la santé des animaux AHOL et son application aux maladies du porc (Ferret, 2020). Nous discuterons des utilisations possibles de cet outil dans un cadre institutionnel (INRAE) et au-delà, notamment en enseignement, en précisant les adaptations nécessaires pour une utilisation facilitée par un plus grand nombre d'acteurs.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Contexte et objectifs d'AHOL : une ontologie pour compléter ATOL et EOL

Le projet ATOL a été initié par INRAE en 2009 afin de définir et organiser les caractères phénotypiques des animaux d'élevage en différentes branches correspondants aux produits et grandes fonctions nécessaires à assurer ces productions (Le Bail *et al.*, 2014). Outre la description du trait phénotypique par ATOL, la compréhension d'un phénotype passe également par une caractérisation précise de l'environnement d'élevage qui influe directement sur l'animal et ses performances. L'ontologie EOL a ainsi été créée pour décrire de manière générique les systèmes d'élevage et les conditions environnementales. Ces deux projets avaient ainsi pour but de standardiser les bases de données afin d'avoir une dénomination commune des variables

à l'aide de référentiels univoques et partagés par l'ensemble des utilisateurs (Le Bail *et al.*, 2018). Le projet AHOL a été initié en 2017 pour répondre à un besoin de compléter les caractères liés à la santé (branche « Bien-être » de ATOL), par la construction d'une ontologie distincte des maladies des animaux d'élevage, infectieuses ou non, avec leurs agents pathogènes et leurs symptômes (expression anormale de caractères phénotypiques). Le projet piloté par INRAE a bénéficié de la participation de ONIRIS, VetAgroSup et l'ENVT.

1.2. Création d'un groupe d'experts

La première étape du travail a été la constitution de groupes d'experts pour appuyer le comité de pilotage du projet. Ce dernier est constitué de personnalités ayant des compétences très variées (informaticien, vétérinaire, chercheur, enseignant chercheur, responsable d'installation expérimentale) et ayant une expertise dans les ontologies. Quatre groupes d'experts ont ensuite été constitués pour travailler sur différentes espèces animales ou groupe d'espèces (groupes porc/lapin/cheval, ruminants, poissons et oiseaux). Au total ont été sollicités 38 experts avec différentes spécialités (science vétérinaire, physiologie, immunologie, microbiologie, pathologie, épidémiologie, éthologie) et différents niveaux d'intervention (chercheurs, vétérinaires, enseignants, responsables d'unités expérimentales, techniciens). La première mission de ces groupes d'experts fut d'établir une liste initiale restreinte de maladies qui serait renseignée dans AHOL et de proposer une hiérarchie permettant leur classification. Les premières maladies ont fait office de maladies « martyres » pour construire la structure de l'ontologie et la méthode de travail.

1.3. Une ontologie similaire à ATOL et EOL dans sa construction et en connexion avec les autres ontologies

L'ontologie doit avant tout créer un langage commun entre les chercheurs et les acteurs de la santé animale. Ceci implique que à chaque élément de l'ontologie soient rattachés un terme, un énoncé et une définition consensuels ainsi qu'un identifiant unique (étiquette). Ces termes, énoncés et définitions, sont données en français et en anglais et doivent être le plus générique possible. Des synonymes issus du langage courant peuvent aussi être associés aux éléments afin de faciliter à terme l'utilisation de l'ontologie par des personnels travaillant dans les unités expérimentales de INRAE ou par des éleveurs. Enfin, des annotations sont créées pour structurer et définir les liens entre les branches et termes de l'ontologie afin de gérer la complexité et de capturer l'expertise.

Une première étape a été d'organiser l'ontologie sous forme d'une hiérarchie de spécialisation où chaque branche de niveau n-1 est une sous classe de la branche n. Ainsi une maladie donnée peut se trouver sous différentes branches de cette hiérarchie, mais les annotations sont là pour gérer les redondances et un identifiant unique sera attribué à la maladie pour l'espèce donnée, éventuellement pour un stade physiologique précis. Quatre branches ont ainsi été créées : maladie, symptômes, espèce animale affectée et agents pathogènes. Des propriétés ont été créées pour développer la sémantique entre les différentes branches (est pathogène de, a comme symptôme, affecte telle espèce) (Figure 1). Ainsi les liens des objets seront soit « un agent pathogène affecte une espèce » versus « est affectée par », soit « une maladie est due à un agent pathogène » ou « a tel symptôme », soit l'objet est le symptôme de cette maladie ou est le pathogène de cette maladie.

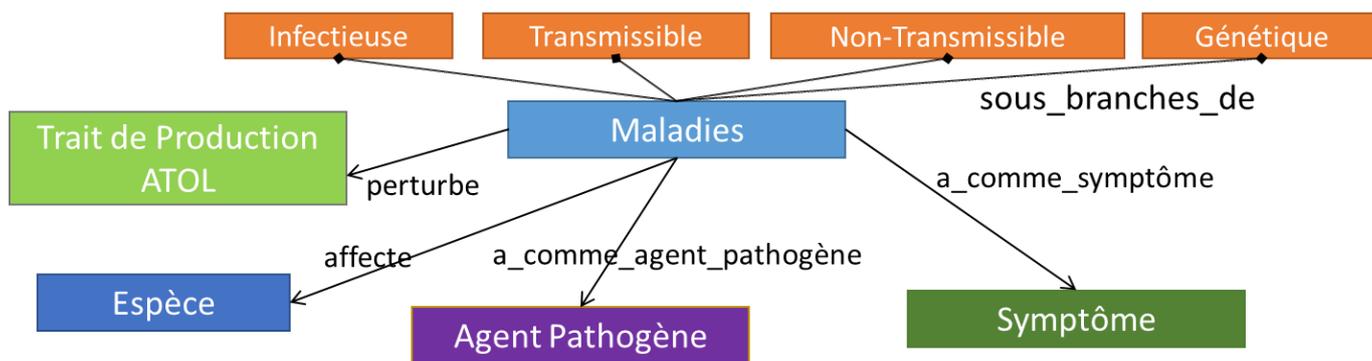


Figure 1 - Structuration de AHOL et annotations entre branches

Ces différentes annotations avec une définition précise permettent ainsi de lier les quatre branches choisies présentées dans la figure 1.

Parallèlement, des liens seront réalisés avec les autres ontologies existantes pour la caractérisation de chaque trouble de santé telles que ATOL pour les traits de production et EOL pour l'environnement, SNOMED CT (et CSSO) pour les symptômes et l'ontologie NCBI Taxonomy pour les organismes (espèces et agents pathogènes). La figure 2 illustre cette construction de l'ontologie.

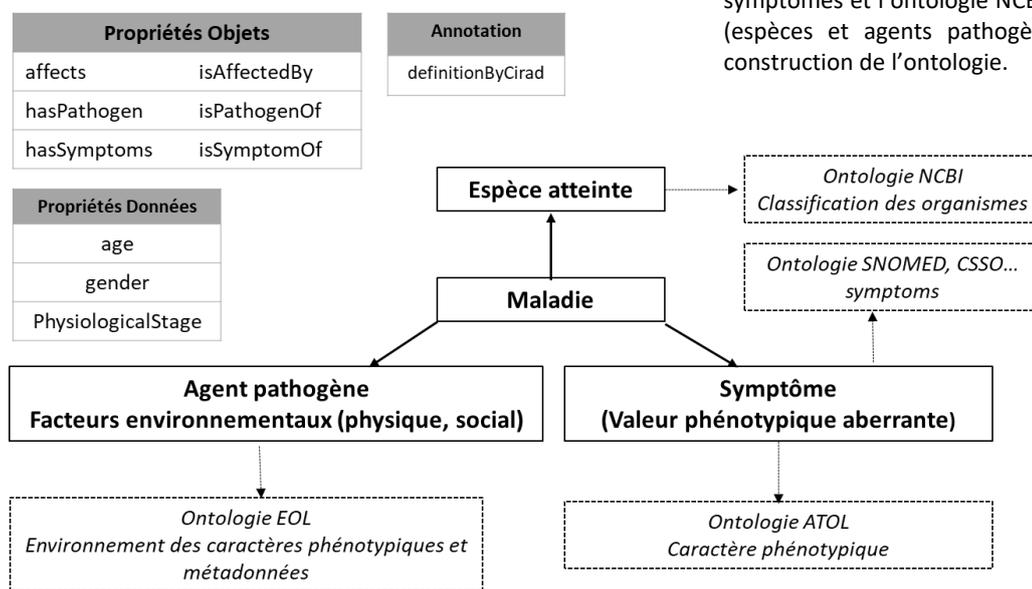


Figure 2 – Construction de AHOL et liens avec les autres ontologies

2. RESULTATS

2.1. Structure hiérarchique d'AHOL

Chacune des quatre branches décrites précédemment (maladies, symptômes, espèces atteintes avec éventuellement la précision du stade physiologique (porcelet sous la mère, porcelet en post-sevrage, porc charcutier, verrat, truie gestante versus truie allaitante), agents pathogènes), se décline dans une hiérarchie qui lui est propre avec des branches n-1 et n-2 décidées par les experts afin de hiérarchiser au mieux les différents termes.

La branche « Maladies » (AHOL_0005001) se divise ainsi en quatre branches n-1 « *communicable disease = maladie transmissible* » (AHOL_0005003), « *non communicable disease = maladie non transmissible* » (AHOL_0005007), « *genetic disease = maladie génétique* » (AHOL_0005016) et « *infectious disease = maladie infectieuse* » (AHOL_0005011) qui sont elles-mêmes redivisées ensuite en branches n-2 (Figure 3). Chaque maladie est rattachée au moins à une branche principale et certaines peuvent être présentes à deux endroits de la hiérarchie.

C'est le cas par exemple d'une maladie infectieuse qui peut être également transmissible, comme la colibacillose (diarrhée colibacillaire du porcelet en post-sevrage, AHOL_0005417). Elle sera classée à la fois au sein des maladies transmissibles, sous la branche transmission horizontale et des maladies infectieuses, sous la branche maladie bactérienne.

La branche « Espèces » se décline en espèces atteintes avec la précision du stade physiologique, variable selon les espèces en prenant en compte le genre de l'animal (mâle ou femelle). Pour l'espèce porcine, nous avons identifié le porcelet sous la mère, le porcelet en post-sevrage, le porc charcutier, le verrat, la truie gestante et la truie allaitante.

La branche « lésions » (AHOL_0006000) est une cinquième branche qui a été ajoutée pour décrire les principales lésions retrouvées au niveau macroscopique pour chaque maladie, mais cette branche n'est pas renseignée à l'heure actuelle.

La branche « agents pathogènes » (AHOL_0004000) est subdivisée en quatre sous-branches n-1 « *bacteria = bactérie* » (AHOL_0004048), « *fungi = champignon* » (AHOL_0004065), « *parasite = parasite* » (AHOL_0004016) et « *virus = virus* » (AHOL_0004018).

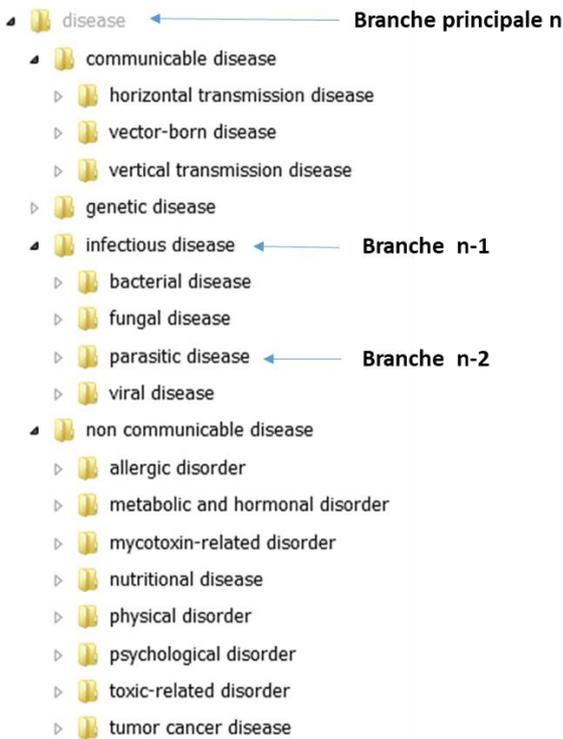


Figure 3 – Structure hiérarchique de la branche « Disease » = « maladies » dans l’ontologie AHOL

La branche « symptômes » (AHOL_0003000) est subdivisée en 13 sous-branches n-1 selon l’appareil touché comme par exemple « *nervous system symptom = symptôme du système nerveux* » (AHOL_0003007) versus « *cardiovascular system symptom = symptôme de l’appareil cardiovasculaire* » (AHOL_0003002) (Figure 4)

- ▢ abdominal and digestive system symptom
- ▢ skin and integumentary tissue symptom
- ▢ nutrition, metabolism and development symptom
- ▢ head and neck symptom
- ▢ cardiovascular system symptom
- ▢ hemic and immune system symptom
- ▢ musculoskeletal system symptom
- ▢ nervous system symptom
- ▢ reproductive system symptom
- ▢ respiratory system and chest symptom
- ▢ general symptom
- ▢ neurological and physiological symptom
- ▢ urinary tract symptom

Figure 4 – Sous branches de l’onglet « symptômes »

2.2. Choix des maladies pour le porc et harmonisation des définitions

Pour le choix des maladies retenues, la démarche de co-construction s’est appuyée sur la liste des maladies identifiées dans le système d’informations de la charte sanitaire INRAE, sur des ouvrages de référence tels que « Diseases of Swine » (Zimmerman *et al.*, 2012), la bibliographie et sur les connaissances des experts. Le groupe d’experts a ainsi sélectionné 105 maladies spécifiques du porc, présentes sur le

territoire métropolitain ou présentant un risque pour les animaux présents sur celui-ci, à savoir des maladies non spécifiques du porc et partagées avec d’autres espèces. Enfin, certaines maladies correspondent à des syndromes, c’est-à-dire un ensemble de symptômes caractérisant un état pathologique (exemple de la boiterie). Chacune de ces maladies a un identifiant unique de type AHOL_0005217 (= atrésie anale).

Une définition de chaque maladie a été proposée et incluse dans l’ontologie. Les définitions ont été harmonisées afin d’inclure le type de maladie, si elle est zoonotique ou non, l’agent pathogène ou le facteur causant la maladie, le mode de transmission, les principaux symptômes et les espèces atteintes ainsi que la précision du stade physiologique si pertinent.

2.3. Des informations supplémentaires disponibles sous forme de « templates »

Dans le but de faciliter les échanges entre les différents groupes d’experts, un fichier Excel a été initialement créé, servant de base pour l’intégration des données relatives aux différentes maladies. Ce tableau permettait aux experts de renseigner les caractéristiques des maladies de façon standardisée. En parallèle des listes de maladies, des listes de vocabulaires ont été créées pour être mises à la disposition de chaque expert afin de faciliter leur renseignement du fichier Excel pour chaque maladie. Chaque liste contient le vocabulaire nécessaire pour compléter la colonne correspondante dans ce document. Ces « templates » très complets ont ainsi été produits par les experts et/ou le travail d’étudiants vétérinaires validé par des experts. Ils sont disponibles et consultables sur l’ontologie et sont plus complets que les informations disponibles dans l’ontologie. A terme, les informations disponibles pourraient être intégrées dans l’ontologie.

2.4. Exemple de la recherche pour une maladie donnée

Toutes les informations décrites précédemment ont été intégrées à l’ontologie en ligne : https://sicpa-web.cati.inrae.fr/ontologies/visualisation/ontologie/?ontologie=ahol_diseases. AHOL est munie d’une barre de recherche qui permet à un utilisateur de trouver plus facilement la maladie, le pathogène ou le symptôme qu’il recherche. Il est possible de effectuer des recherches simples : nom de maladie, nom de pathogène ou nom de symptôme (en anglais), espèce. Par exemple (Figure 5), la recherche renverra vers *erysipelothrix infection* si on cherche « *Erysipelothrix rhusiopathiae* » dans la branche des maladies, alors qu’elle renverra à la bactérie correspondante si on recherche ce mot-clé dans la branche des pathogènes.

Pour l’utilisateur, les différents termes seront reliés à la fiche maladie (Figure 5). Sous cette fiche présentant le nom de la maladie, la définition et la source, des commentaires peuvent être ajoutés.

Par ailleurs, les symptômes sont récapitulés en dessous de même que le détail des espèces atteintes et des agents pathogènes concernés (Figure 6). Ces données pourront être accessibles en cliquant sur chaque symptôme par exemple, ce qui vous renverra à la fiche du dit symptôme avec son identifiant et sa description.

The screenshot shows the INRAE AHOL ontology interface. On the left, a sidebar lists various diseases, with 'swine erysipelas (pig) - AHOL' selected. The main content area displays the ontology path: 'animal health trait / disease / communicable disease / horizontal transmission disease / swine erysipelas (pig)'. Below this, the specific disease entry is shown with the ID 'AHOL_0005101'. The 'Informations' section includes a table with the following data:

Name	swine erysipelas (pig)
Nom	érysipèle porcin (porc)
Definition (en)	Swine erysipelas is a bacterial contagious disease of pigs, characterized by sudden death, fever associated with diamond-shaped skin lesions, arthritis and abortion in pregnant sows. It is caused by <i>Erysipelothrix rhusiopathiae</i>
Definition (fr)	L'érysipèle porcin est une maladie bactérienne contagieuse des porcs, caractérisée par une mort soudaine, une fièvre associée à des lésions cutanées en forme de losange, de l'arthrite et par un avortement chez les truies gravides. Elle est due à <i>Erysipelothrix rhusiopathiae</i> .
Source	INRAE/ONIRIS/ENVT/VetAgroSup

Figure 5 - Exemple de fiche maladie disponible dans l'ontologie AHOL en ligne

The screenshot shows the AHOL ontology interface with three panels: 'Symptoms', 'Pathogens', and 'Species'. The 'Symptoms' panel lists: abortion, anorexia, arthritis, asthenia, cyanosis, death, fertility problem, fever, lameness, septicemia, skin lesion. The 'Pathogens' panel lists: *erysipelothrix rhusiopathiae*. The 'Species' panel lists: mammal.

Figure 6 - Exemple de liens vers symptômes, pathogènes et espèces d'une fiche maladie disponible dans l'ontologie AHOL

3. DISCUSSION

3.1. Perspectives d'utilisation de l'ontologie

3.1.1. Pour les infrastructures INRAE

De nombreuses expériences scientifiques impliquant des animaux sont menées dans les unités expérimentales de INRAE. Pour pouvoir traiter les données phénotypiques issues de différentes expérimentations animales et de différents sites d'élevage, il est indispensable de rendre les bases de données interopérables en standardisant les étiquettes des variables à l'aide de référentiels non ambigus qui doivent être partagés par tous les utilisateurs. Pour répondre à cette exigence, un système d'information multi-espèce dédié à la santé, Sicpa sanitaire, a été créé par les informaticiens du Cati (Centre Automatisé de Traitement de l'Information) Sicpa (Systèmes d'informations et calcul pour le phénotypage animal) piloté par les départements de recherche INRAE GA et Phase (Journaux *et al.*, 2018).

Un tel outil permet d'enregistrer, puis d'interroger, les événements sanitaires, les traitements et les prélèvements relatifs aux animaux, assurant ainsi la gestion des données sanitaires des établissements d'expérimentation INRAE. La base de données et le logiciel sont mis à disposition des unités INRAE hébergeant des animaux et permettent aux personnels de ces

structures d'enregistrer et de suivre les données liées à la santé des animaux dans le respect de la réglementation en cours et de la Charte sanitaire de INRAE. Une version actualisée a été récemment développée pour croiser les informations contenues dans cette base de données avec l'ontologie AHOL. Par exemple, à partir de cette interface, il est maintenant possible d'obtenir la liste des symptômes enregistrés dans une installation expérimentale (données de Sicpa Sanitaire) et de savoir quel agent pathogène a été impliqué (connaissance de AHOL). Ces développements valident cette solution d'interopérabilité entre une base de données et une ontologie.

3.1.2 Pour la communauté scientifique

L'ontologie AHOL pourra servir de base de référence pour le vocabulaire des maladies des animaux d'élevage. Elle pourra ainsi permettre de référencer un vocabulaire commun utile pour les productions scientifiques, les annotations de publications et la méta-analyse. Pour ce faire, AHOL, tout comme ATOL, doit être largement utilisée par les rédacteurs d'articles scientifiques, ce qui est loin d'être le cas aujourd'hui. De plus, il est attendu des scientifiques des informations sur les manques ou erreurs dans l'ontologie afin de la faire évoluer. Des initiatives pourraient d'être associées à des projets de recherche de type ANR ou européens à l'instar de ce qui est fait pour ATOL dans le projet Infrastructures PIGWEB piloté par INRAE, mais aussi de poursuivre la communication sur l'existence de ces outils lors des congrès scientifiques.

3.1.3. Pour les professionnels et l'enseignement en santé animale

Comme expliqué précédemment, il sera possible de faire le lien entre maladie, symptômes et pathogènes dans la version finale d'AHOL, et cela pour toutes les espèces. Cet outil pourrait ainsi être utile pour tous les professionnels de santé animale (vétérinaires, animaliers, chercheurs, ...).

Les ontologies ont un rôle certain à jouer en éducation, comme cela a été montré précédemment. La structure et la composition d'AHOL pourront en faire un véritable outil pour les étudiants en santé animale (étudiants vétérinaires ou en production animale, ...). En effet, dans de nombreux manuels les informations concernant les maladies animales peuvent être

diluées, les données principales étant souvent noyées dans un grand nombre de détails précis. C'est à ce niveau qu'AHOL pourrait apporter tout son intérêt, car elle ne contient que les informations essentielles pour la compréhension globale de chaque maladie. Elle pourrait donc servir d'appui et d'aide à l'apprentissage pour les étudiants. De plus, la recherche par symptôme pourrait être utile pour tout apprentissage inversé : un étudiant ayant déjà appris les différents symptômes de chaque maladie pourrait s'auto-évaluer en retrouvant toutes les maladies provoquant un symptôme précis, et inversement. Enfin, AHOL étant disponible en ligne et pour le grand public, elle s'inscrit dans la tendance actuelle de l'informatisation de l'éducation et pourrait s'intégrer aisément à tout e-learning.

3.2. Ouverture à d'autres ontologies

AHOL étant une ontologie traitant maladies, symptômes et pathogènes des animaux d'élevage, elle utilise les mêmes termes que de nombreuses autres ontologies (animales ou humaines), comme pour ses symptômes (ontologies SNOMED, CSSO et « symptom ontology »). A terme, des liens pourraient être faits avec ces différentes ontologies dont les termes sont interopérables, afin qu'AHOL puisse s'inclure dans un véritable réseau déjà organisé et efficace. Ce réseau pourrait ouvrir de nombreuses opportunités, telles que la formation de nouveaux liens entre les termes d'AHOL et ceux d'autres ontologies, et ainsi élargir le périmètre d'AHOL au-delà de la France métropolitaine.

3.2. Adaptations nécessaires pour une utilisation facilitée

3.2.1 Intégration des maladies de toutes les espèces

A l'heure actuelle seules les maladies des porcs sont disponibles sur AHOL. Le but, à plus ou moins long terme, sera d'intégrer à l'ontologie les maladies de toutes les autres espèces : volailles, chevaux, poissons et ruminants. En ce qui concerne les maladies pouvant toucher plusieurs espèces (le tétanos par exemple), le but des experts sera de vérifier que les informations déjà présentes dans AHOL correspondent bien aux caractéristiques de la maladie dans leur espèce, des modifications seront évidemment possibles s'ils les trouvent nécessaires.

3.2.2 Amélioration de la barre de recherche globale

L'amélioration de la barre de recherche d'AHOL est un des points importants de la suite du projet. En effet, pour que l'ontologie soit la plus facile d'utilisation possible, il serait essentiel que la recherche d'un mot-clé s'effectue directement dans toutes les branches (maladies, pathogènes, symptômes) et pas seulement dans celle sélectionnée. Ainsi, un utilisateur recherchant le mot-clé « vomissement » par exemple aurait le

symptôme « *vomiting* » comme résultat de sa recherche, mais aussi toutes les maladies provoquant des vomissements. L'accès à l'information serait alors plus rapide et efficace.

L'ajout des synonymes des noms de maladies, symptômes ou pathogènes permettrait en plus d'ôter le biais du langage pour la recherche d'information : un utilisateur recherchant « rouget » pourrait tomber directement sur la fiche « *swine erysipelas* » sans avoir à utiliser le mot-clé « *erysipelas* » ou « *swine* » comme c'est le cas actuellement.

Pour aller encore plus loin, il serait possible d'imaginer un navigateur de recherche pouvant inclure plusieurs mots-clés, tels que plusieurs symptômes, un pathogène et un symptôme, etc... Par exemple, il serait possible d'accéder à toutes les maladies pouvant provoquer des vomissements ET des diarrhées, des vomissements OU des diarrhées, une maladie causée par un colibacille ET provoquant des diarrhées, etc...

3.2.3 Association du template à chaque fiche maladie

Une fois toutes les maladies intégrées dans l'ontologie, leurs caractéristiques ont pu leur être associées. Cependant, toutes les informations du Template n'ont pas pu être intégrées à l'ontologie sous son format actuel. Pour permettre au projet d'avancer, il a été décidé de conserver provisoirement ce format et d'annexer les Templates à chaque identifiant pour une maladie donnée sous forme de tableur Excel pour que les utilisateurs aient accès à l'intégralité des informations.

CONCLUSION

La finalité du projet AHOL était d'obtenir une base de connaissances pouvant servir de référence pour caractériser les maladies des animaux d'élevage. AHOL est aujourd'hui disponible sur le Web et propose déjà de nombreuses données concernant les maladies des animaux d'élevage, en particulier des porcs : les caractéristiques de 105 maladies pour cette espèce, leurs symptômes et agents pathogènes. De nombreuses améliorations sont encore à prévoir pour exploiter tout le potentiel de cette ontologie, notamment pour compléter les maladies des autres espèces que le porc (ruminants, volailles, lapins, chevaux, poissons) et ajouter au site Web toutes les informations disponibles concernant les maladies. Un travail important est donc encore à fournir pour obtenir le résultat souhaité, mais ces efforts seront sans nul doute fournis dans les années à venir.

REMERCIEMENTS

Nous remercions J. Yon, L. Nguyen, A. Journaux, B. Urban, O. Dameron ainsi que tous les experts qui ont participé à ce projet et/ou qui continuent d'y participer.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Bard J.B., Rhee S.Y., 2004. Ontologies in biology: design, applications and future challenges. *Nat. Rev. Genet.*, 5, 213-222.
- Blake J.A., Bult C.J., 2006. Beyond the data deluge: data integration and bio-ontologies. *J. Biomed. Inform.*, 39, 314-320.
- Ferret C., 2020. Ontologie AHOL : Mise en palce et étude descriptive de l'apport d'une ontologie intégrant les données relatives aux principales maladies des animaux d'élevage. Thèse de doctorat vétérinaire, Oniris, Nantes
- Journaux A., Reichstadt M., Salin G., Feve K., Chalier P., Meslier F., Dubreuil D., Gaudron Y., Furstoss V., Espinasse C., Note P., Valancogne A., 2018. Les systèmes d'informations transversaux multi-espèces. *Cahier des Techniques de l'INRA*, 68-77.
- Le Bail P.Y., Hue I., Joret L., Meunier-Salaün M.C., Bugeon J., Dameron O., Fatet A., Hurtaud C., Nédellec C., Reichstadt M., Vernet J., 2018. Animal Trait Ontology For Livestock. <https://www.atol-ontology.com/>.
- Le Bail P.Y., Bugeon J., Dameron O., Fatet A., Golik W., Hocquette J.F., Hurtaud C., Hue I., Jondreville C., Joret L., Meunier-Salaun M.C., Vernet J., Nédellec C., Reichstadt M., Chemineau P., 2014. Un langage de référence pour le phénotypage des animaux d'élevage : l'ontologie ATOL. *INRAE Productions Animales*, 27, 195-208.
- Wilkinson, M., Dumontier, M., Aalbersberg, I. et al., 2016. The FAIR Guiding Principles for scientific data management and stewardship. *Science Data* 3.
- Zimmerman J.J., Wiley J., Karkier L.A., Ramirez A., Scwhartz K.J., Stevenson G.W., 2012. *Diseases of swine* 10th edition. Wiley-Blackwell edition.