

Ontologies Langage OWL

Application à la formalisation des
concepts de description
d'IMGT-ONTOLOGY
avec
l'éditeur Protégé

Véronique Giudicelli
LIGM, IGH, UPR CNRS 1142
141 rue de la Cardonille
34296 Montpellier Cedex 5
tel: 04. 34.35.99.28 fax: 04.34.35.99.01
e-mail: Veronique.Giudicelli@igh.cnrs.fr

18 mai 2011

ONTOLOGIE

En philosophie, l'**ontologie** est l'étude de l'être en tant qu'être, c'est-à-dire l'étude des propriétés générales de ce qui existe.

Une ontologie est un **ensemble structuré de connaissance** dans un domaine particulier comme l'immunogénétique.

Une ontologie cherche à représenter le sens des concepts et des relations qui les lient.

Elle comprend une **partie terminologique**, inventaire du vocabulaire pour les métadonnées et les concepts, la déclaration des instances (valeurs) et les propriétés particulières qui expriment **relations** entre concepts et instances.

ONTOLOGIE

Une **ontologie** définit formellement les **termes** employés pour **décrire et représenter** un **domaine de connaissance**.

Les ontologies sont destinées à être utilisées par:

- des personnes
- des bases de données
- des applications

ayant besoin de partager ces connaissances.

ONTOLOGIE

Au sein d'une ontologie, les termes sont regroupés sous forme de **concepts** (ou classes sémantiques): ils définissent un groupe d'individus (instances) possédant des propriétés similaires.

Les ontologies incluent les **définitions**, informatiquement exploitables, des **concepts** élémentaires et de leurs **relations**.

Les ontologies doivent permettre le **partage** et la **réutilisation des connaissances**.

Bases de connaissances:

Une ontologie ainsi que l'ensemble des **instances** individuelles des **concepts** constituent une base de connaissances. Une frontière subtile marque la fin d'une ontologie et le début d'une base de connaissances.

World Wide Web

(Créé par Tim Berners Lee en 1990)

=> Pour partager des informations/connaissances et les relier

IMGT Index - Mozilla Firefox

Fichier Édition Affichage Historique Marque-pages Outils ?

http://www.imgt.org/textes/IMGIndex/ontology.html

Les plus visités Débuter avec Firefox À la une admin IMGT vquest

IMGT Index

Im Muno Gene Tics Information system®
http://www.imgt.org

Here you are: [IMGT](#) > [Web resources](#) > IMGT Index

Ontology (IMGT-ONTOLOGY)

- [Introduction](#)
- [IMGT-ONTOLOGY axioms and concepts](#)

An ontology is a concise and non ambiguous description of the more significant and relevant concepts in a application domain.
IMGT-ONTOLOGY [1], is the first ontology which allows the management of the immunogenetics knowledge for all vertebrate species.

Citing IMGT-ONTOLOGY:

- Giudicelli, V. and Lefranc, M.-P. "Ontology for Immunogenetics: IMGT-ONTOLOGY", *Bioinformatics*, 15, 1047-1054 (1999) PMID: 10745995, LIGM:221, [PDF](#)
- Lefranc, M.-P. et al. "IMGT-ONTOLOGY for Immunogenetics and Immunoinformatics, <http://www.imgt.org>", *In Silico Biology*, 2004, 4, 17-29. [Epub 2003, 4, 0004](#), LIGM:278, PMID: 15089751
- Lefranc, M.-P. et al. "IMGT-Choreography for Immunogenetics and Immunoinformatics", *In Silico Biology*, 2005, 5, 45-60, Epub 2005, [5, 0006, 24 Dec 2004](#), LIGM:294, PMID: 15972004
- Duroux, P. et al., "IMGT-Kaleidoscope, the Formal IMGT-ONTOLOGY paradigm", *Biochimie*, 90, 570-583 (2008). Epub 2007 Sep11. PMID: 17949886

Introduction

The molecular synthesis and genetics of the immunoglobulin (IG) and T cell receptor (TR) chains and the polymorphism of the MHC are particularly complex, and therefore one of the first tasks of IMGT-ONTOLOGY comprises a formal specification of the terms to be used in the domain of immunogenetics and bioinformatics [2-8].

IMGT-ONTOLOGY includes a controlled vocabulary and annotation rules which are indispensable to ensure accuracy, consistency and coherence in IMGT® [5]. IMGT-ONTOLOGY allows scientists and clinicians to use identical terms with the same meaning. This provides a semantic repository to be included in more general molecular biology ontologies, and will be therefore of a great help to increase interoperability between specialist and generalist databases.

IMGT-ONTOLOGY axioms and concepts

Seven IMGT-ONTOLOGY axioms have been defined [1,6-8]: '[IDENTIFICATION](#)', '[DESCRIPTION](#)', '[CLASSIFICATION](#)', '[NUMEROTATION](#)', '[LOCALIZATION](#)', '[ORIENTATION](#)', and '[OBTENTION](#)'. They constitute the Formal IMGT-ONTOLOGY or IMGT-Kaleidoscope [9,10].

The IMGT-ONTOLOGY concepts of identification, description, classification, numerotation, localization, orientation and obtention were generated from these axioms and described in ref. [1,2,6-8].

Concepts of [interaction](#) that are necessary to define interactions between entities were defined based on these concepts.

Terminé

World Wide Web

- Les ressources sous forme de page HTML (Langage HTML)
- Les relations entre ses pages qui se traduisent par des liens hypertextes

The screenshot shows a Mozilla Firefox browser window with the address bar displaying `http://imgt.cines.fr/textes/IMGIndex/ontology.html`. The main content area shows the 'IMGT Index' page, which includes a section titled 'Ontology (IMGT-ONTOLOGY)'. A red box highlights the following text:

IMGT-ONTOLOGY axioms and concepts

Seven IMGT-ONTOLOGY axioms have been defined [1,6-8]: 'IDENTIFICATION', 'DESCRIPTION', 'CLASSIFICATION', 'NUMEROTATION', 'LOCALIZATION', 'ORIENTATION', and 'OBTENTION'. They constitute the Formal IMGT-ONTOLOGY or IMGT-Kaleidoscope [9,10].

The IMGT-ONTOLOGY concepts of identification, description, classification, numerotation, localization, orientation and obtention were generated from these axioms and described in ref. [1,2,6-8].

Click here for:

- [Figures illustrating some of the IMGT-ONTOLOGY axioms and concepts](#) (IMGT Education).
- [Correspondence between the IMGT-ONTOLOGY concepts and the IMGT Scientific chart rules](#) (IMGT Scientific chart).
- [Scientific chart rules and ontologies report](#) [1,2]

Marie-Paule Lefranc, François Ehrenmann, Patrice Duroux and Véronique Giudicelli (D1.2 ImmunoGrid, The European Virtual Human Immune System Project, IST-2004-028069)
Describes the IMGT-ONTOLOGY concepts of identification, description and classification at the molecular level, generated from the IDENTIFICATION, DESCRIPTION and CLASSIFICATION axioms of the Formal IMGT-ONTOLOGY (IMGT-Kaleidoscope).

The source code window shows the following HTML code:

```
<h3 id="keyConcepts">IMGT-ONTOLOGY axioms and concepts</h3>
<p>
Seven IMGT-ONTOLOGY axioms have been defined <a href="#refs">[1,6-8]</a>:
<strong>'<a href="Identification.html">IDENTIFICATION</a>',
'<a href="Description.html">DESCRIPTION</a>',
'<a href="Classification.html">CLASSIFICATION</a>',
'<a href="Numerotation.html">NUMEROTATION</a>',
'LOCALIZATION',
'<a href="Orientation.html">ORIENTATION</a>',</strong>
and <strong>'<a href="Obtention.html">OBTENTION</a>'</strong>.
They constitute the Formal IMGT-ONTOLOGY or IMGT-Kaleidoscope <a href="#refs">[9,10]</a>.</p>
<p>
The IMGT-ONTOLOGY concepts of identification, description, classification,
numerotation, localization, orientation and obtention
were generated from these axioms and described in ref. <a href="#refs">[1,2,6-8]</a>.
</p>
```

World Wide Web

Limites

- Balises HTML: la connaissance est encapsulée dans une couche de présentation
- Les liens hypertexte ne permettent pas de qualifier les relations entre les informations
- La qualité des pages est très hétérogène

⇒ **Ces informations ne sont pas exploitables automatiquement**

World Wide Web Consortium (W3C)

(créé en 1994)

- Développement de technologies (spécifications, guides, logiciels et outils)
- Proposition des standards, pour la croissance et l'exploitation du Web

En particulier, en 1998, le langage de balisage extensible XML (Extensible Markup Language) devient une recommandation du W3C

- XML devrait pouvoir être utilisé sans difficulté sur Internet
- Les documents XML devraient être lisibles par l'homme et raisonnablement clairs
- Il devrait être facile de créer des documents XML
- Il devrait être facile d'écrire des programmes traitant les documents XML

ENA AM947564 - Mozilla Firefox

Fichier Édition Affichage Historique Marque-pages Outils ?

HighVQuest admin page x ENA AM947564 x +

http://www.ebi.ac.uk/ena/data/view/AM947564

Les plus visités Débuter avec Firefox À la une

EMBL-EBI Find Help Feedback

Databases Tools Research Training Industry About Us Help Site Index

ENA

- ENA Home
- Search & Browse
- Submit & Update
- About ENA
- Contact

Text search Sequence search

Enter or paste text or ENA accession number. Upload file of ENA accessions:

EMBL-Bank: AM947564.1: Homo sapiens partial IGHV gene for immunoglobulin heavy chain variable region, patient 4

View: **TEXT** FASTA XML Download: TEXT FASTA XML

[Overview](#) [Source Feature\(s\)](#) [Other Features](#) [References](#) [Sequence](#) [Send Feedback](#)

Organism Homo sapiens	Molecule type genomic DNA	Topology linear	Data class STD	Taxonomic Division HUM
Sequence length 287	Sequence Version 1	First public 01-APR-2008	Last updated 01-APR-2008	

Lineage
[Eukaryota](#), [Metazoa](#), [Chordata](#), [Craniata](#), [Vertebrata](#), [Euteleostomi](#), [Mammalia](#), [Eutheria](#), [Euarchontoglires](#), [Primates](#), [Haplorrhini](#), [Catarrhini](#), [Hominidae](#), [Homo](#)

Navigation

Taxon:	9606
IMGT/LIGM	AM947564
SVA:	AM947564

Overview

Visible feature range: -

Overview Forward strand 287 bp

Features Forward strand 287 bp

1 bp	287 bp
Source	Homo sapiens
Genes	IGHV
CDS	IGHV
V_region	IGHV

Source Feature(s)

ADP x zotero

Séquence AM947564 en format XML

```
C:\Documents and Settings\veronique.giudicelli\Local Settings\Temp\AM947564.xml - Windows Internet Explorer
C:\Documents and Settings\veronique.giudicelli\Local Settings\Temp\AM947564.xml
Fichier Edition Affichage Favoris Outils ?
Favoris Sites suggérés Galerie de composants W...
C:\Documents and Sett... x Internet Explorer Galerie
- <entry accession="AM947564" version="1" entryVersion="1" dataClass="STD" taxonomicDivision="HUM" moleculeType="genomic DNA"
  sequenceLength=287 topology=linear firstPublic=2008-04-01 firstPublicRelease=95 lastUpdated=2008-04-01 lastUpdatedRelease=95">
  <description>Homo sapiens partial IGHV gene for immunoglobulin heavy chain variable region, patient 4</description>
  - <reference type="submission" number="1" location="1..287">
    <author>Capello D.</author>
    <submissionDate>2008-03-13</submissionDate>
    <referenceLocation>Submitted (13-MAR-2008) to the INSDC. Capello D., Clinical & Experimental Medicine, University of Eastern
      Piedmont, Via Solaroli, 17 Novara, 28100, ITALY.</referenceLocation>
  </reference>
  - <reference type="unpublished" number="2">
    <title>Molecular analysis of immunoglobulin variable genes in HIV-related non Hodgkin lymphoma reveals implications for disease
      pathogenesis and histogenesis</title>
    <author>Capello D.</author>
    <author>Martini M.</author>
    <author>Gloghini A.</author>
    <author>Cerri M.</author>
    <author>Rasi S.</author>
    <author>Deambrogi C.</author>
    <author>Rossi D.</author>
    <author>Spina M.</author>
    <author>Tirelli U.</author>
    <author>Larocca L.</author>
    <author>Carbone A.</author>
    <author>Gaidano G.</author>
    <referenceLocation />
  </reference>
  <xref db="IMGT/LIGM" id="AM947564" />
  - <feature name="source" location="1..287">
    - <taxon scientificName="Homo sapiens" commonName="human" taxId="9606">
      - <lineage>
        <taxon scientificName="Eukaryota" />
      </lineage>
    </taxon>
  </feature>
</entry>
```

Terminé Poste de travail 100%

RDF : Resource Description Framework

Créé en 1999 pour décrire les **métadonnées** dans l'objectif de **traiter** l'information **automatiquement**, de favoriser **l'interopérabilité** des connaissances et de **structurer** les informations.

Métadonnées: information permettant d'en décrire une autre

- Les métadonnées sont habituellement comprises comme des données à propos des données.
- Un catalogue de bibliothèque contient de l'information (métadonnées) à propos de publications (données)
- Un système de fichier informatique définit des droits de lecture, écriture, etc. (métadonnées) à propos des fichiers (données).

RDF

- Standard du W3C
- Basé sur XML
- Un début vers un Web structuré
- RDF emploie les URI comme schéma de nommage
(pour éviter la confusion entre termes identiques mais différents sémantiquement selon le contexte)
- On peut tout décrire
- Grande souplesse quand à l'extensibilité

URI: Uniform Resource Identifier

RDF

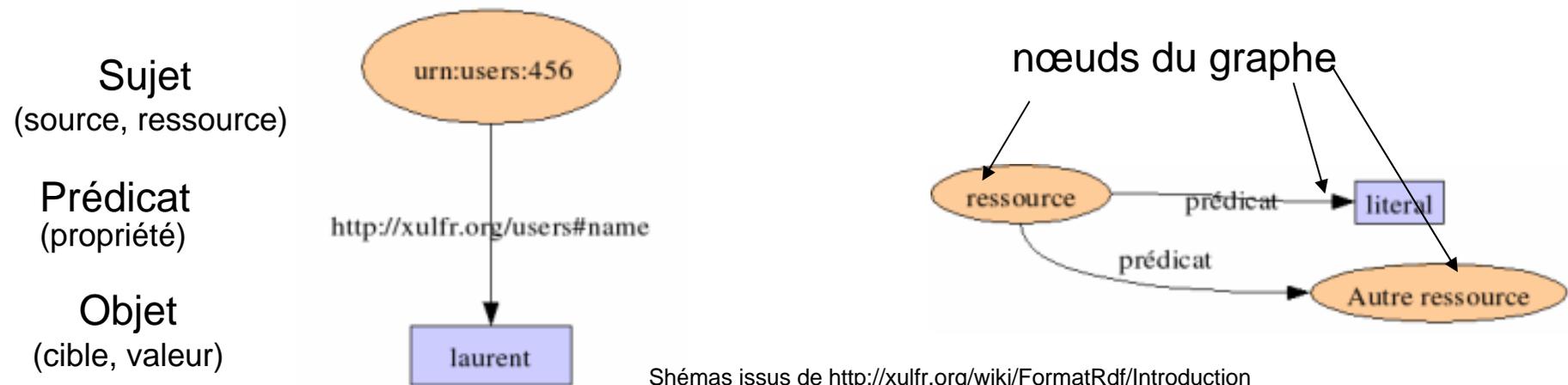
RDF se base sur une description des connaissances à l'aide de phrases simples :

C'est un moyen d'exprimer des relations.

Ces relations sont décrites sous forme de graphe.

Chaque nœud du graphe est une ressource ou une valeur.

Et chaque nœud est relié à un autre par un arc "nommé"



**=> Ceci correspond à un lien qui comporte un sens :
c'est du Web sémantique**

Les objectifs du Web sémantique sont de partager les connaissances et de pouvoir les manipuler automatiquement.

Pour ceci, il faut qualifier le savoir (à l'aide de métadonnées), le formaliser en utilisant une syntaxe extensible (par exemple avec XML) et le structurer pour éviter les duplications.

ONTOLOGIE

Sur le plan informatique:

Les ressources sont définies les unes par rapport aux autres selon un graphe. Cette structure permet une automatisation de la manipulation des données.

Différence entre un thésaurus et une ontologie :
un thésaurus relie des concepts entre eux selon des relations précises : synonyme, homonyme, hiérarchie, terme associé.

L'ontologie ajoute des règles et des outils de comparaison sur et entre les termes, groupes de termes et relations :
équivalence, symétrie, contraire, cardinalité, transitivité.

=> Dans cet objectif RDF est trop limité en particulier, il ne permet pas de donner la nature des relations (transitive inverse, ..), possède une logique trop limitée pour faire du raisonnement

OWL (Web Ontology Language)

En 2004, OWL devient une recommandation du W3C

OWL découle de RDF et RDFS, possède des connecteurs logiques, d'exprimer des cardinalités sur les propriétés et d'en spécifier la nature.

Une ontologie formalisée en OWL comprend

- Un espace de nom, :

- L'entête <owl :Ontology> pour décrire l'ontologie

- La définition des classes, des propriétés et des instances

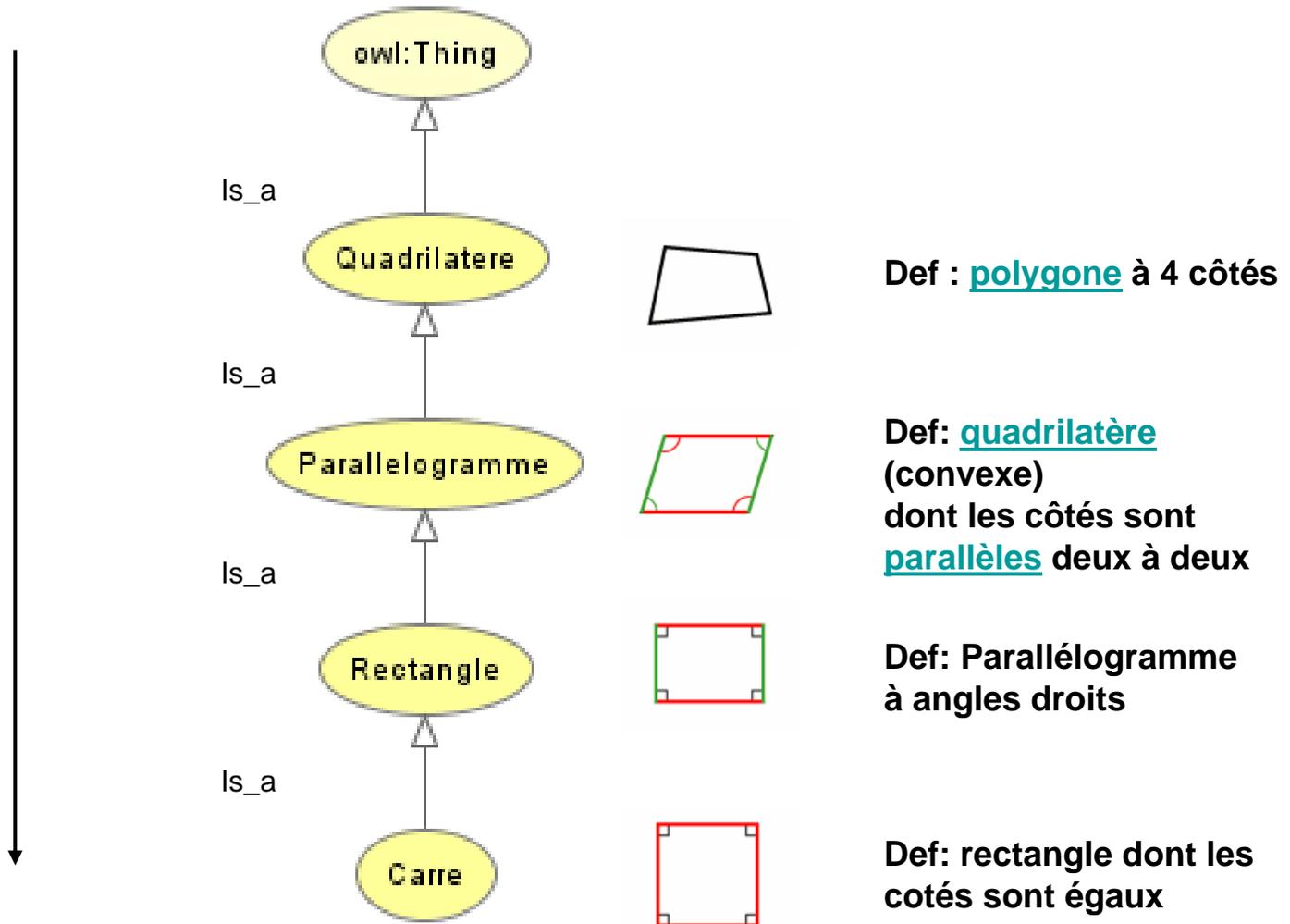
Classes, sous-classes, héritage et spécialisation

Notion de Classe :

Définit un groupe d'individus possédant des propriétés similaires.

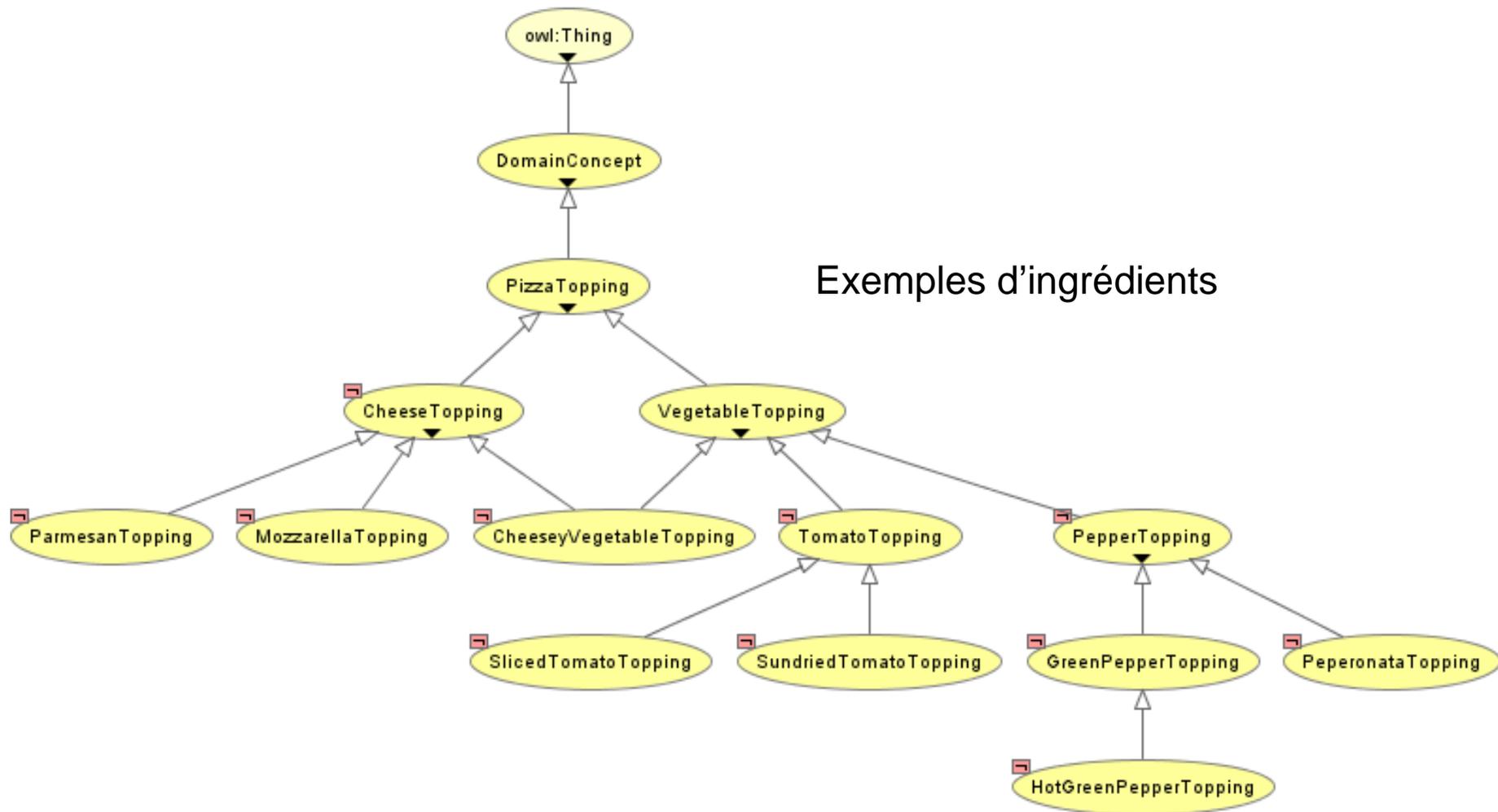
Thing est la classe mère.

spécialisation



Exemple de hiérarchie : ontologie des pizzas

(exemple fournit avec Protégé)

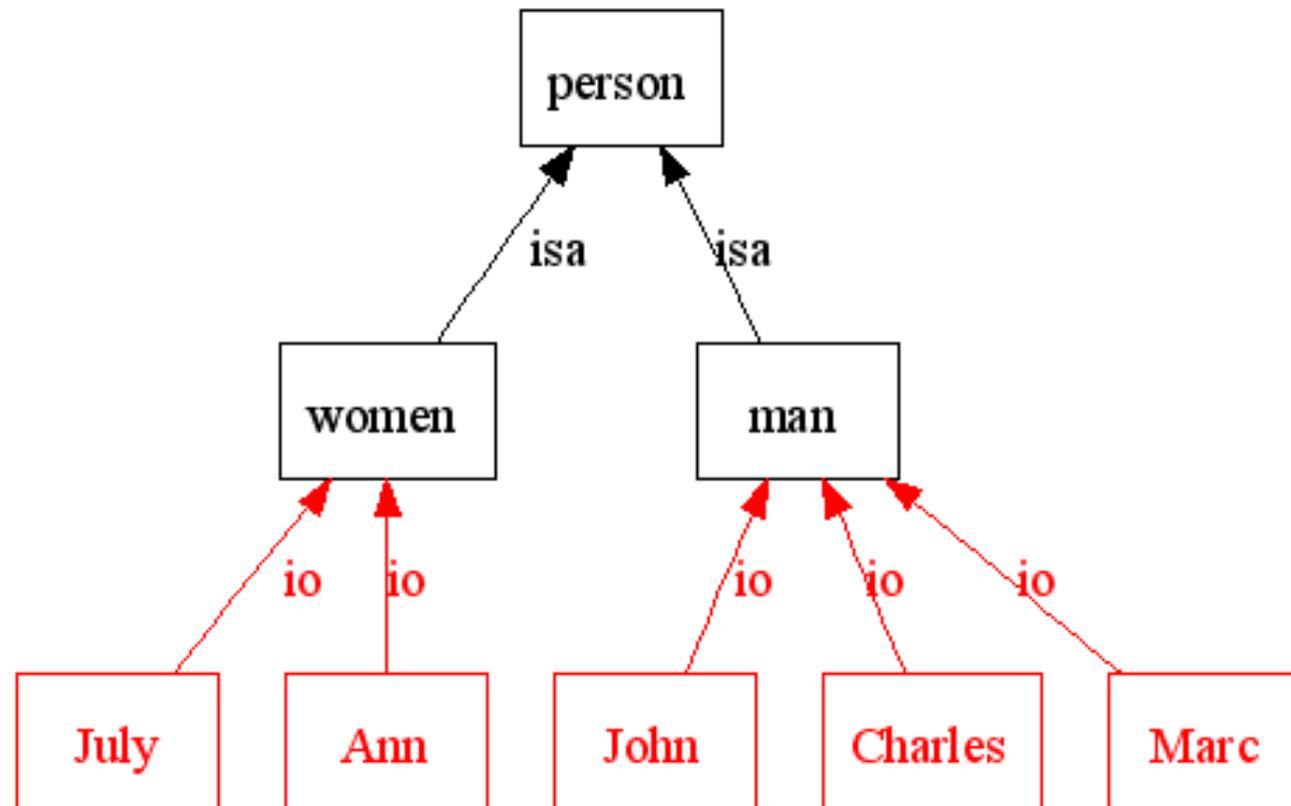


Exemples de hiérarchie : les concepts d'identification de IMGT-ONTOLOGY



Instances

Ce sont les « individus » qui peuplent les classes



Les 3 sous-langages OWL

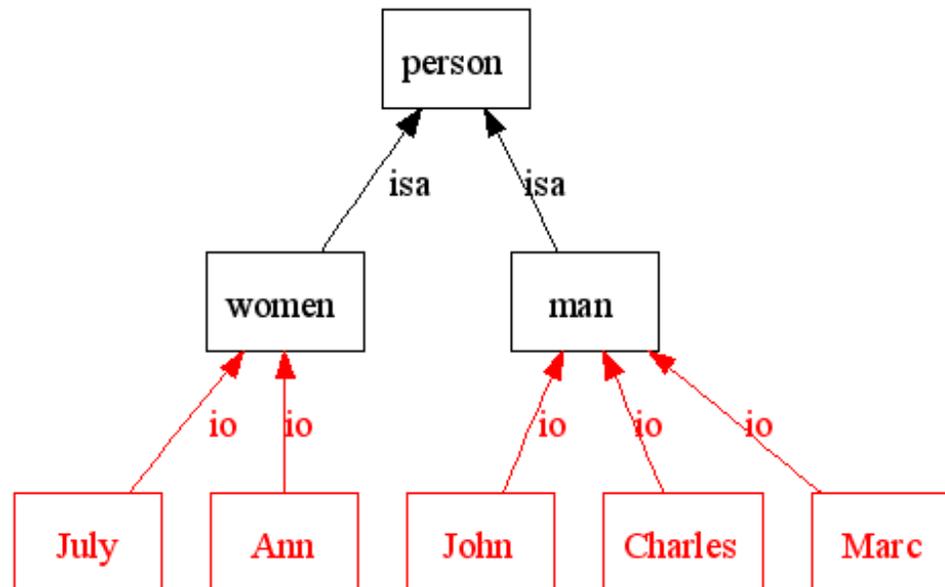
OWL LITE: permet d'établir une hiérarchie de concepts simples, contraintes simples.

OWL DL (DL pour description logic): comprend toutes les structures de OWL, possède une expressivité plus importante, avec complétude de calcul.

OWL FULL expressivité maximale, liberté syntaxique sans garantie de calcul, une classe peut aussi correspondre à l'instance d'une autre classe.

Classes équivalentes et classes disjointes

- OWL permet de déclarer que 2 classes sont équivalentes: «**equivalentClass**»
2 classes sont équivalentes lorsqu'elles ont les mêmes instances
exemple: classe « Voiture » et « Automobile »
- Inversement on peut déclarer que 2 classes sont disjointes: «**disjointWith**»
2 classes disjointes lorsqu'elles ne peuvent avoir des instances communes
exemple: les cercles ne fait pas partie des parallogrammes.
exemple: classe « Women » et « Man »

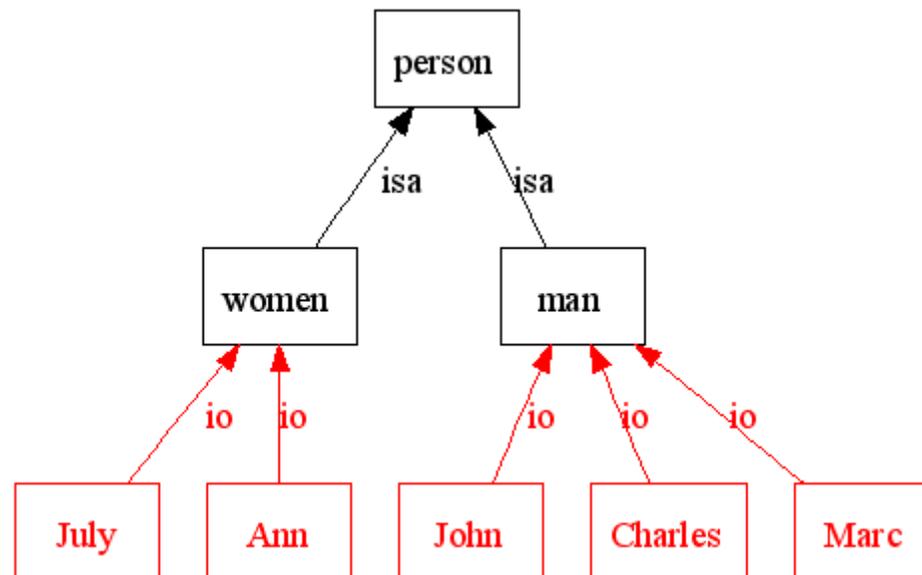




Instances identiques ou différentes

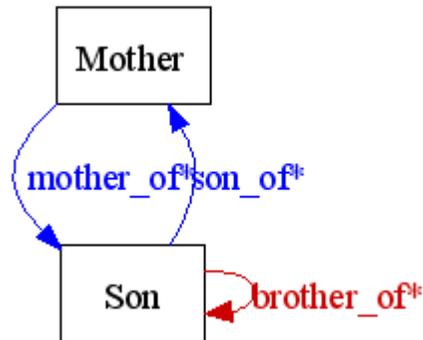
- OWL permet de déclarer que 2 instances sont les mêmes: «**sameAs**»
- Inversement on peut déclarer que 2 instances sont différentes: «**differentFrom**»

On peut déclarer les individus d'une même classe mutuellement différents les uns des autres: « **AllDifferent** »



Propriétés

- Propriété d'objet (Object property) : relie une instance à une autre instance



- Propriété de type de données (Datatype property): relie une instance à des valeurs.

Son		
son_of	Instance	Mother
brother_of	Instance ⁺	Son
age	Integer ⁺	

OWL propose un héritage des propriétés (à exploiter pour les relations entre les motifs).

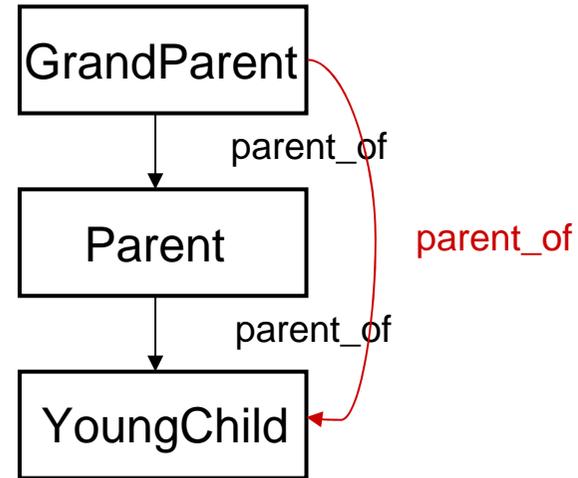
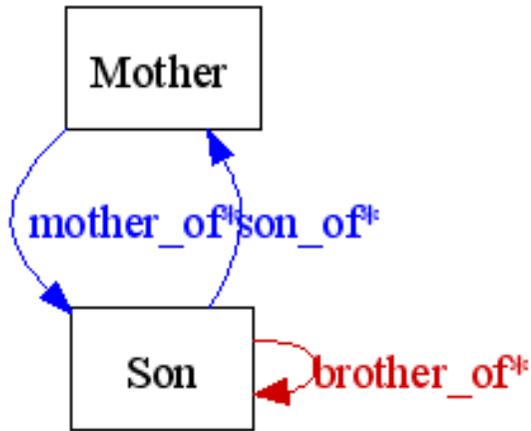
Propriétés

restrictions globales

domain : classes pour lesquelles est définie la propriété,
range : classes reliées par la propriété au domain.

domain	relation	range
Son	brother_of	Son
Mother	mother_of	Son
Son	son_of	Mother

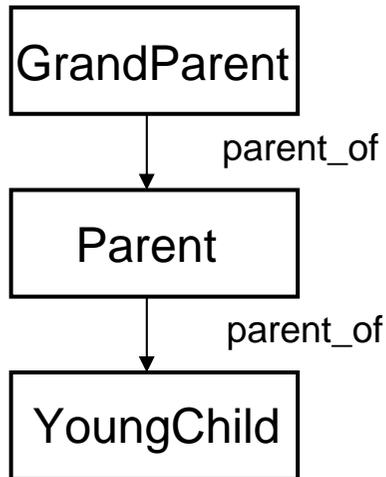
Caractéristiques des Propriétés: symétriques, transitives, inverses et fonctionnelles



(familles de 3 générations avec de jeunes enfants)

Symétrique: brother_of
Transitive: parent_of
Inverse: son_of / mother_of
Fonctionnelle : son_of

Restriction sur les Propriétés : déclaration au niveau des classes



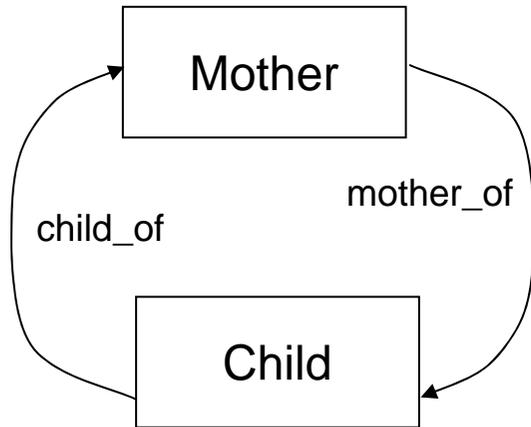
domain	relation	range
GrandParent, Parent	parent_of	Parent, YoungChild

allValuesFrom: au niveau d'une classe, permet de restreindre les classes liées par une relation. Exemple : un individu de la classe Parent ne peut être relié par la relation parent_of qu'à un individu de la classe YoungChild

someValuesFrom: au niveau d'une classe, indique qu'un individu a au moins une relation avec un individu de la classe indiquée dans la restriction. Un individu de la classe GrandParent a au moins une relation avec un individu de la classe Parent

hasValue: au niveau d'une classe, permet de restreindre la relation à un individu donné

Restriction sur les Propriétés : déclaration au niveau des classes (cardinalités)



Ex de familles nombreuses de moins de 10 enfants

- Une mère a au moins 3 enfants
- Une mère a au plus 10 enfants
- Un enfant a une et une seule mère

minCardinality: toute instance de la classe est liée par la propriété à au moins x individus Exemple: propriété mother_of de la classe Mother : minCardinality=3

maxCardinality: toute instance de la classe est liée par la propriété à au plus x individus Exemple: propriété mother_of de la classe Mother : maxCardinality=10

cardinality: toute instance de la classe est liée par la propriété à exactement x individus Exemple: propriété son_of de la classe Mother : cardinality=1

Les ontologies en Biologie

- On s'intéresse aux ontologies qui sont du domaine public.
- Leur nombre augmente régulièrement (besoin de définir, de partager).
- Elles couvrent des sujets et domaines différents.

NCBO Bioportal (<http://bioportal.bioontology.org/>)

OBO (Open Biological Ontologies) (<http://obo.sourceforge.net/>)

recensent les ontologies en biologie.

NCBO: <http://bioportal.bioontology.org>

The screenshot shows the NCBO BioPortal website in a Mozilla Firefox browser window. The browser's address bar displays the URL <http://bioportal.bioontology.org/>. The website's navigation bar includes links for BioPortal, Browse, Search, Projects, Annotate, All Mappings, All Resources, Sign In, Help, and Feedback. The main content area is titled "Welcome to NCBO BioPortal" and contains a paragraph of introductory text. Below this, there are three search boxes: "Search all ontologies", "Find an ontology", and "Search resources". Each search box has a text input field and a blue search button. The "Search all ontologies" box also includes a link to "Advanced Search". The "Find an ontology" box includes a link to "Browse Ontologies >". The "Search resources" box includes a link to "Advanced Resource Search". Below the search boxes, there are three columns of content: "Most Viewed Ontologies (March, 2011)", "Latest Notes", and "Latest Mappings". The "Most Viewed Ontologies" column contains a table with the following data:

Ontology	Views
MedDRA	2887
SNOMED Clinical Terms	2733
NCI Thesaurus	1339
National Drug File	1040
Mouse adult gross anatomy	920

The "Latest Notes" column contains three entries, each starting with "Delete ICD9" followed by a list of codes and a note about updates or deletions. The "Latest Mappings" column contains three entries, each starting with a mapping relationship between two ontologies and a date.

At the bottom of the page, there is a "Statistics" section with the following data:

Category	Count
Ontologies	269
Terms	5,110,222

The browser's status bar at the bottom shows the address bar, a red "ABP" icon, and the Zotero logo.

Ontology Listing | NCBO BioPortal - Mozilla Firefox

HighVquest admin page | Ontology Listing | NCBO BioPortal | taxonomy - Google Search

http://bioportal.bioontology.org/ontologies

Les plus visités | Débuter avec Firefox | À la une

BioPortal | Browse | Search | Projects | Annotate | All Mappings | All Resources | Sign In | Help | Feedback

Access all ontologies that are available in BioPortal: You can filter this list by category to display ontologies relevant for a certain domain (try selecting "Anatomy or Experimental Conditions" in the "Filter by category" menu below). You can also filter ontologies that belong to a certain group such as ontologies from the [OBO Foundry](#), or ontologies from the [Cancer Biomedical Informatics Grid \(caBIG\)](#). [Subscribe to the BioPortal RSS feed](#) to receive alerts for submissions of new ontologies, new versions of ontologies, new notes, and new projects. You can subscribe to feeds for a specific ontology at the individual ontology page. Add a new biomedical ontology to BioPortal using the Submit New Ontology link.

FILTER BY CATEGORY: All Categories

FILTER BY GROUP: All Groups

FILTER BY TEXT:

[Submit New Ontology](#)

[Subscribe to all updates](#)

ONTOLOGY NAME	▲	VISIBILITY	TERMS	NOTES	REVIEWS	PROJECTS	UPLOADED	AUTHOR
ABA Adult Mouse Brain (ABA)		Public	913	0	0	2	08/08/2009	Allen Institute for Brain Science
Adverse Event Ontology (AEO)		Public	431	0	0	0	04/13/2011	Yongqun "Oliver" He
Adverse Event Reporting ontology (AERO)		Public	240	0	0	1	04/09/2011	Melanie Courtot
African Traditional Medicine (ATMO)		Public	223	2	2	2	06/28/2009	Ghislain Atemezing
AI/RHEUM (AIR)		Public	681	0	0	0	02/05/2010	May Cheh
Amino Acid (amino-acid)		Public	46	5	0	3	07/02/2010	Nick Drummond, Georgina Moulton, Robert Stevens, Phil Lord
Amphibian gross anatomy (AAO)		Public	700	0	0	3	02/15/2011	David Blackburn
Amphibian taxonomy (ATO)		Public	6,135	0	0	1	11/02/2009	AmphiAnat list
Anatomical Entity Ontology (AEO)		Public	137	0	0	0	02/15/2011	EMAP Administrators
Animal natural history and life history (ADW)		Public	360	0	0	0	08/31/2010	Http://animaldiversity Administrators
apollo-akesios (apollo)		Public	3	0	0	0	09/30/2010	Jeremy Espino
Ascomycete phenotype ontology (APO)		Public	328	0	0	2	03/29/2011	SGD curators
Basic Formal Ontology (BFO)		Public	39	0	0	6	07/24/2009	
Basic Vertebrate Anatomy (basic-vertebrate-gross-anatomy)		Public	99	4	0	2	01/16/2007	

Rechercher : [Suivant](#) [Précédent](#) [Tout surligner](#) Respecter la casse

zotero

OBO (Open Biological Ontologies) <http://obo.sourceforge.net/>

The Open Biological and Biomedical Ontologies

Home | Contact

Ontologies Resources Participate About

The OBO Foundry is a collaborative experiment involving developers of science-based ontologies who are establishing a set of principles for ontology development with the goal of creating a suite of orthogonal interoperable reference ontologies in the biomedical domain. The groups developing ontologies who have expressed an interest in this goal are listed below, followed by other relevant efforts in this domain.

In addition to a listing of OBO ontologies, this site also provides a statement of the OBO Foundry principles, discussion fora, technical infrastructure, and other services to facilitate ontology development. We welcome feedback and encourage participation.

Click any column header to sort the table by that column. The link to the term request trackers for the listed ontologies.

OBO Foundry ontologies

Title	Domain	Prefix	File	Last changed
Biological process	biological process	GO	gene_ontology_edit.obo	2011/05/17
Cellular component	anatomy	GO	gene_ontology_edit.obo	2011/05/17
Chemical entities of biological interest	biochemistry	CHEBI	chebi.obo	2011/05/14
Molecular function	biological function	GO	gene_ontology_edit.obo	2011/05/17
Phenotypic quality	phenotype	PATO	quality.obo	
Protein Ontology (PRO)	proteins	PR	pro.obo	
Xenopus anatomy and development	anatomy	XAO	xenopus_anatomy.obo	2009/12/02
Zebrafish anatomy and development	anatomy	ZFA	zebrafish_anatomy.obo	2011/03/16

OBO Foundry candidate ontologies and other ontologies of interest

Title	Domain	Prefix	File	Last changed
Adverse Event Reporting Ontology	health	AERO		
Amphibian gross anatomy	anatomy	AAO	amphibian_anatomy.obo	2008/06/19
Amphibian taxonomy	anatomy	ATO	amphibian_taxonomy.obo	
Anatomical Entity Ontology	anatomy	AEO	aao.obo	2011/01/17
Ascomycete phenotype ontology	phenotype	APO	ascomycete_phenotype.obo	2011/03/28
Basic Formal Ontology	upper	BFO	bfo	
Bilateria anatomy	anatomy	BILA	bilateria_mrca.obo	
Biological imaging methods	experiments	FBbi	image.obo	2010/09/29
BRENDA tissue / enzyme source	anatomy	BTO	BrendaTissueOBO	
C. elegans development	anatomy	WBls	worm_development.obo	2008/01/31
C. elegans gross anatomy	anatomy	WBbt	WBbt.obo	
C. elegans phenotype	phenotype	WBPhenotype	worm_phenotype.obo	2011/05/14

Rechercher : Suivant Précédent Tout surligner Respecter la casse

zotero

Gene Ontology.

- GO a été créée en 1998. GO résulte d'une collaboration entre plusieurs bases de données: FlyBase (drosophile), the Saccharomyces Genome Database, et des base de données de génomes (homme et souris), etc.
- GO comprend 3 parties axées sur :
 - **la fonction moléculaire** (fonction des gènes exprimés ex: ATPase activity) (9037 terms en mai 2011)
 - **le processus biologique** (rôles biologique généraux de fonctions moléculaire complexes ex: la mitose) (20718 terms en mai 2011)
 - **les composants cellulaires** (structures subcellulaires, localisation des complexes macromoléculaires ex: le noyau, le télomère). (2831 terms en mai 2011)

The Gene Ontology - Mozilla Firefox

Fichier Édition Affichage Historique Marque-pages Outils ?

GO The Gene Ontology

http://www.geneontology.org/

gene ontology

Les plus visités Débuter avec Firefox À la une



Search

gene or protein name

Downloads Tools Documentation Projects About Contact

Welcome to the Gene Ontology website!

The Gene Ontology project is a major bioinformatics initiative with the aim of standardizing the representation of gene and gene product attributes across species and databases. The project provides [a controlled vocabulary of terms](#) for describing gene product characteristics and [gene product annotation data](#) from GO Consortium members, as well as [tools to access and process this data](#). [Read more about the Gene Ontology...](#)

Search the Gene Ontology Database

Search for genes, proteins or GO terms using **AmiGO** :

gene or protein name GO term or ID

[AmiGO](#) is the official GO browser and search engine. [Browse the Gene Ontology with AmiGO](#).

The Gene Ontology project very much encourages input from the community into both the content of the GO and annotation using GO. We are very happy to work with others to ensure that the GO is both complete and accurate, and we also very much encourage communities to submit GO annotations for inclusion in the GO database. [Please contact US](#).

The Gene Ontology Consortium is supported by a P41 grant from the National Human Genome Research Institute (NHGRI) [grant [5P41HG002273-09](#)]. [See the full list of funding sources](#). The Gene Ontology Consortium would like to acknowledge the assistance of many more people than can be listed here.

Quick Links

- Tools
- AmiGO browser 
- OBO-Edit ontology editor
- Ontology downloads
- Annotation downloads
- Database downloads
- Documentation
- GO FAQ
- GO on SourceForge 
- Contact GO

News

- GO on Twitter 
- Gene Ontology Editor Position (20 days ago) [News item](#)
- 8th Renal GOA Newsletter (April 2011) (33 days ago) [News item](#)
- Cardiovascular GO Annotation Initiative Newsletter April 11 (40 days ago) [News item](#)

ASBP x zotero

AmiGO: Term Search Results - Mozilla Firefox

AmiGO: Term Search Results

http://amigo.geneontology.org/cgi-bin/amigo/search.cgi?search_query=mitosis&search_constraint=term&action=new-search

the Gene Ontology

AmiGO

Search Browse BLAST Homolog Annotations Tools & Resources Help

Search GO terms genes or proteins exact match

Term Search Results

43 results for **mitosis** in terms fields **term accession, term name and synonyms**

▼ Filter search results ?

Ontology

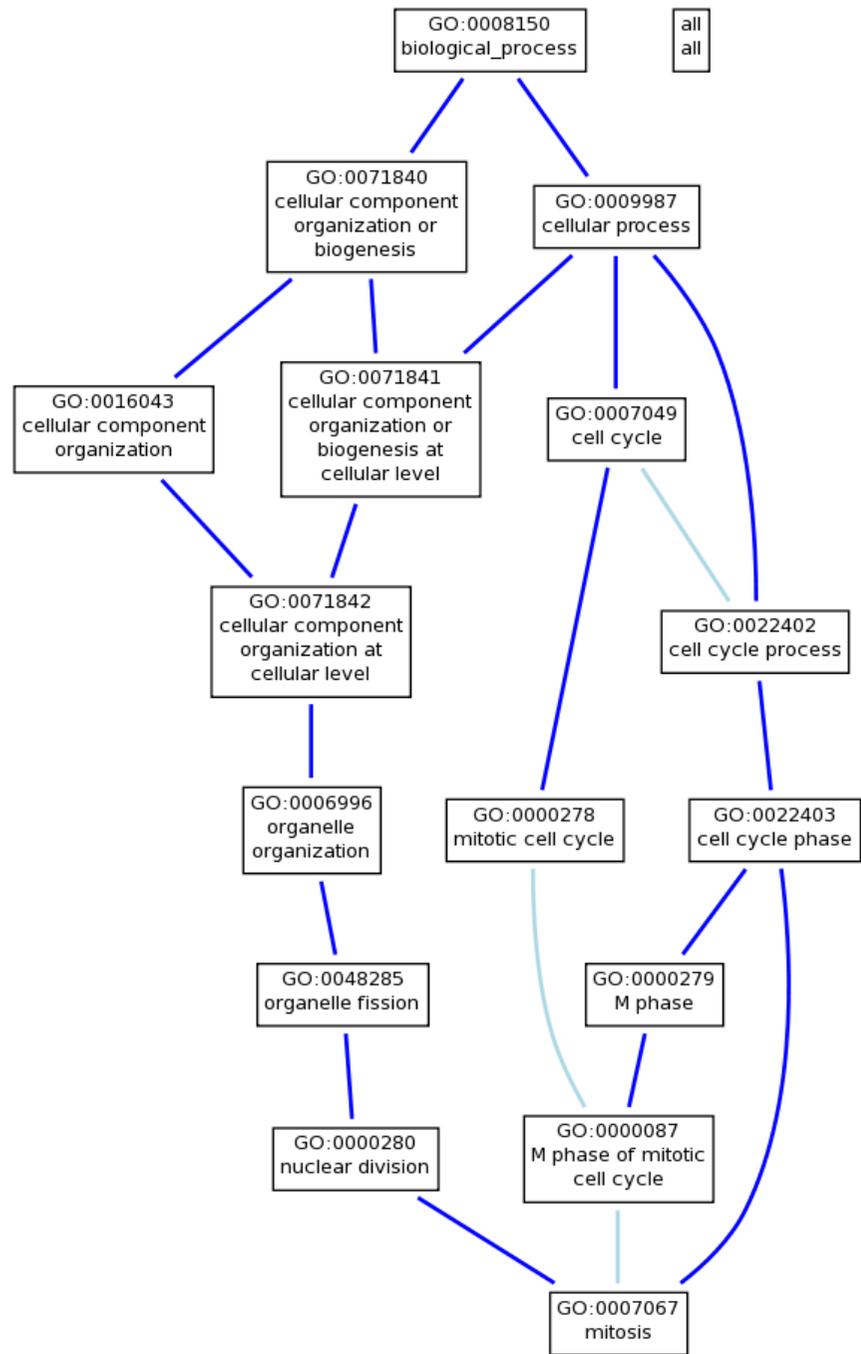
All
biological process
cellular component
molecular function

Results are sorted by **relevance**. To change the sort order, click on the column headers.

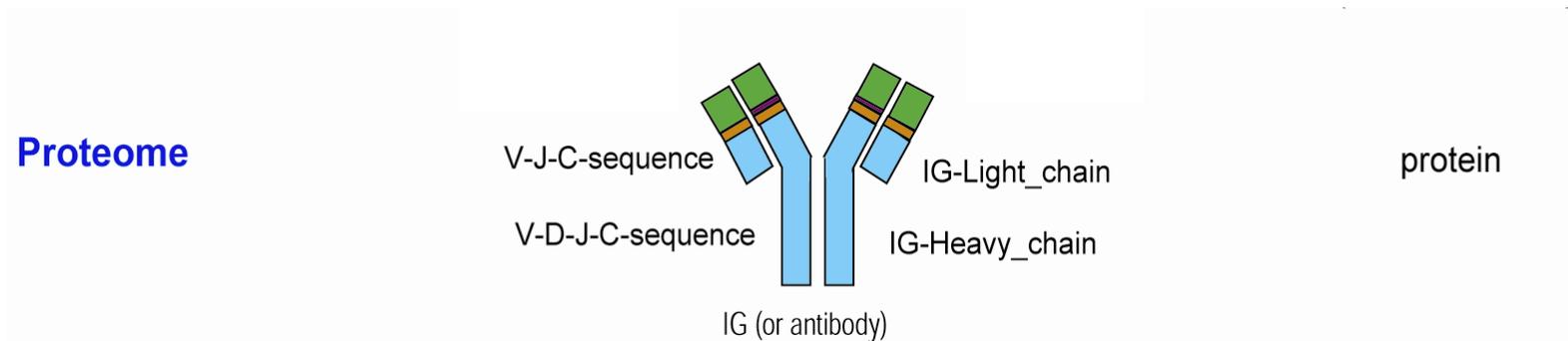
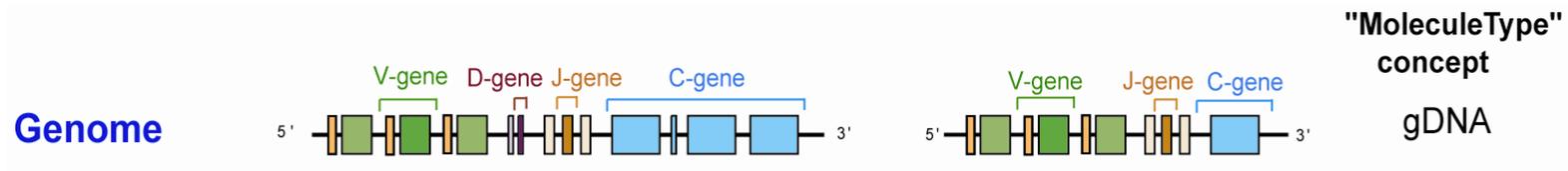
Perform an action with this page's selected terms...

rel	Accession	Term		Ontology
<input type="checkbox"/>	GO:0007067	mitosis [show def]	2524 gene products view in tree	biological process
<input type="checkbox"/>	GO:0051337	anaphase mitosis [show def]	0 gene products view in tree	biological process
<input type="checkbox"/>	GO:0010458	exit from mitosis [show def]	200 gene products view in tree	biological process
<input type="checkbox"/>	GO:0007088	regulation of mitosis [show def]	670 gene products view in tree	biological process
<input type="checkbox"/>	GO:0055047	generative cell mitosis [show def]	2 gene products view in tree	biological process

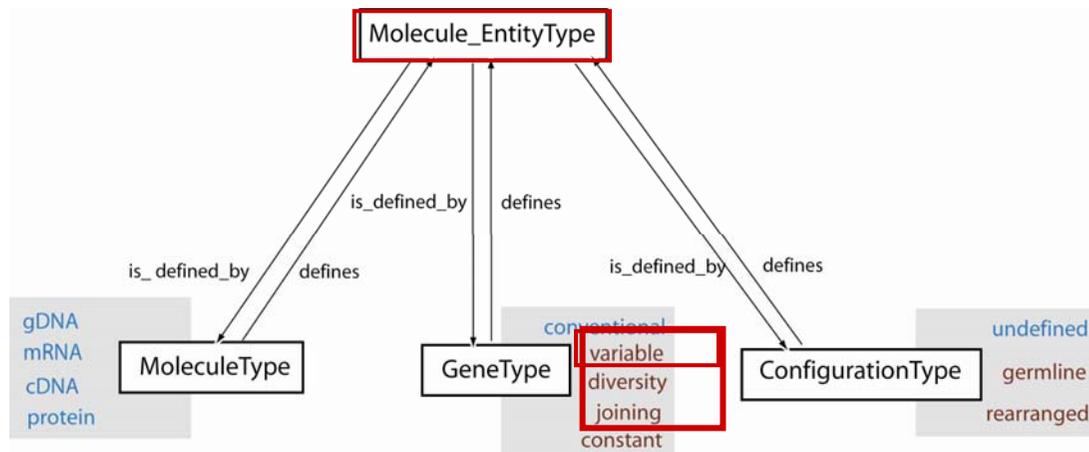
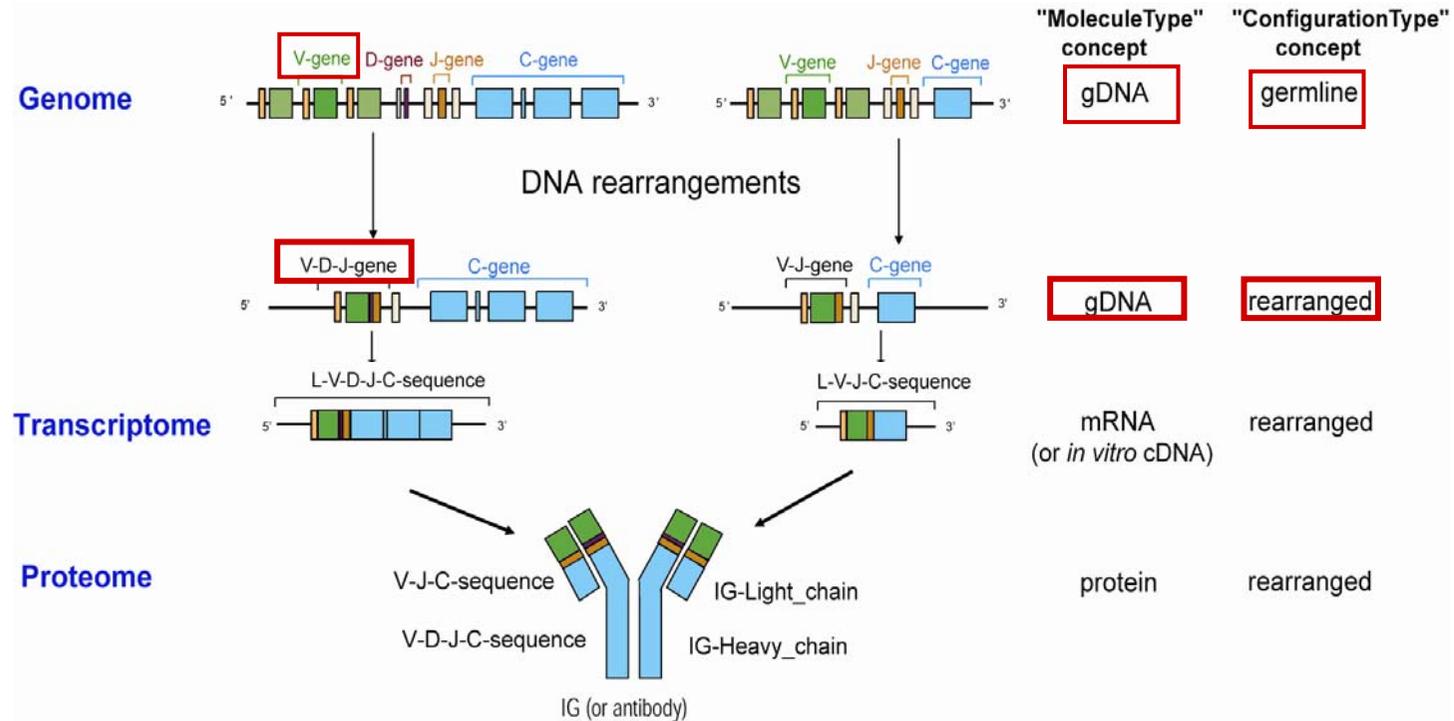
zotero



Synthèse des immunoglobulines et concepts d'identification d'IMGT-ONTOLOGY



Synthèse des immunoglobulines et concepts d'identification d'IMGT-ONTOLOGY



Concepts d'identification d'IMG-T-ONTOLOGY

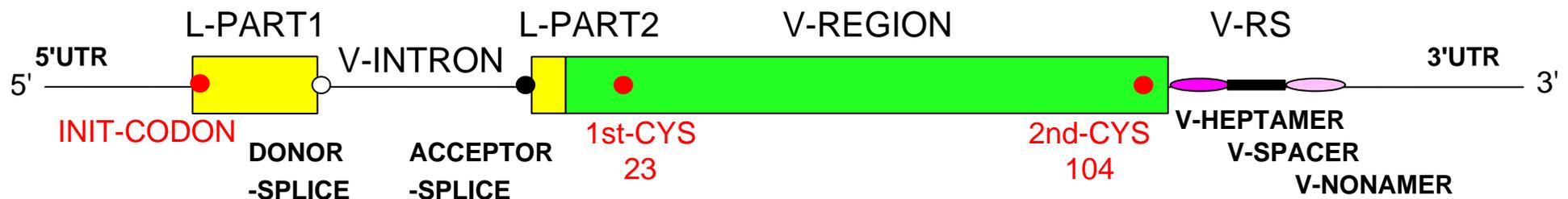
<http://biportal.bioontology.org>

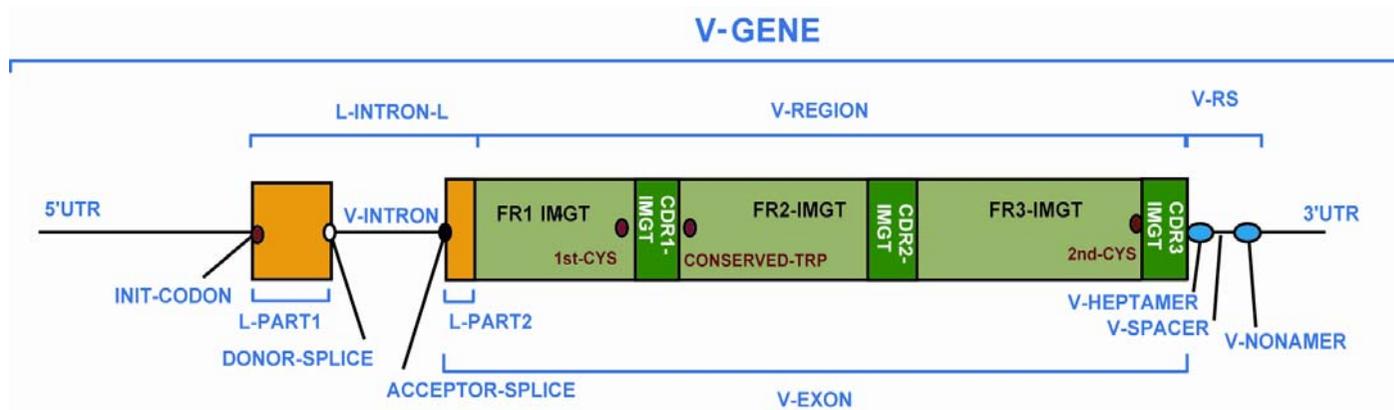
Les concepts de description de IMGT-ONTOLOGIE: La connaissance pour l'annotation des séquences

>X62106.0|HSV12|*Homo sapiens* VI-2 gene for immunoglobulin heavy chain

```

tgagagctcc gttcctcacc atggactgga cctggaggat cctcttcttg gtggcagcag      60
ccacaggaa gaggctcctt agtcccagtg atgagaaaga gattgagtcc agtccagggg      120
gatctcatcc acttctgtgt tctctccaca ca ggagcccact cccaggtgca gctgggtgcag      180
tctggggctg aggtgaagaa gcttggggcc tcagtgaagg tctcctgcaa ggcttctgga      240
tacaccttca ccggctacta tatgcactgg gtgcgacagg cccttgaca agggcttgag      300
tggatgggat ggatcaacc taacagtggg ggcacaaact atgcacagaa gtttcagggc      360
agggtcacca tgaccagggg cacgtccatc agcacagcct acatggagct gagcaggctg      420
agatctgacg acacggccgt gtattactgt gcgagagaca cagtgtgaaa acccacatcc      480
tgagggtgtc agaaacccaa gggaggaggc ag
  
```





- 1- faire l'inventaire des termes (qui correspondent à autant de concepts)
- 2- les classer dans 2 catégories: codants ou non codants
- 3- créer l'arborescence des concepts
- 4- les visualiser avec OWLViz, OntoGraf

Relation	Reciprocal relation (inverse)
"adjacent_at_its_5_prime_to"	"adjacent_at_its_3_prime_to"
"included_with_same_5_prime_in",	"includes_with_same_5_prime",
"included_with_same_3_prime_in",	"includes_with_same_3_prime",
"overlap_at_its_5_prime_with"	"overlap_at_its_3_prime_with"
"included_in"	"includes"

- 5- créer les relations (et leurs caractéristiques)
- 6- définir les restrictions sur les relations
- 7- faire les tests de consistance

