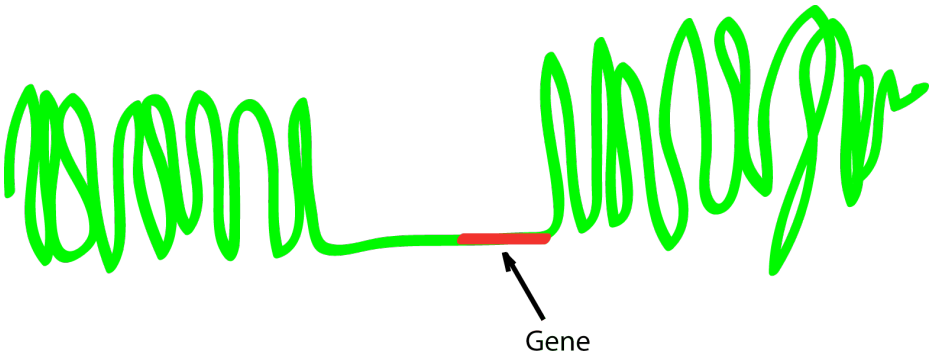
Extraction d'information pour la sélection du blé par marqueur génétique

Dialekti Valsamou, Robert Bossy, Marion Ranoux, Wiktoria Golik, Pierre Sourdille, Claire Nédellec

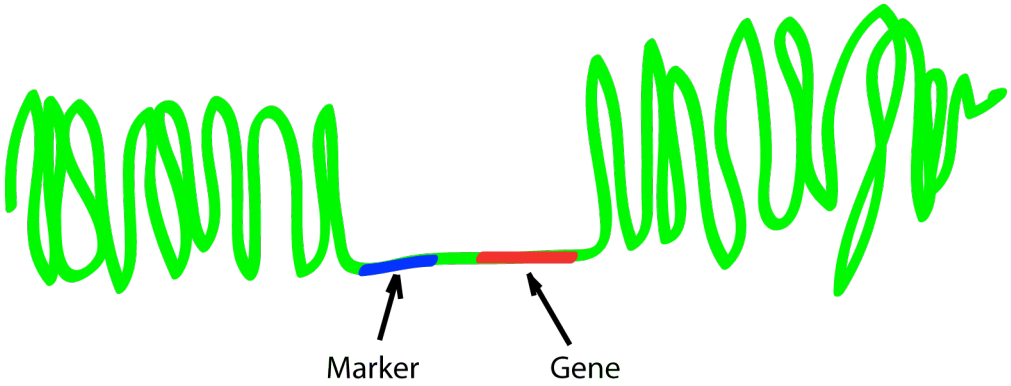
Clermont-Ferrand – 13 mai 2014

Sélection du blé assistée par marqueur génétique (*SAM*)

Les gènes déterminent les traits des variétés de blé (ex. la taille).
Les allèles des gènes déterminent les phénotypes (ex. grand)



Sélection du blé assistée par marqueur génétique



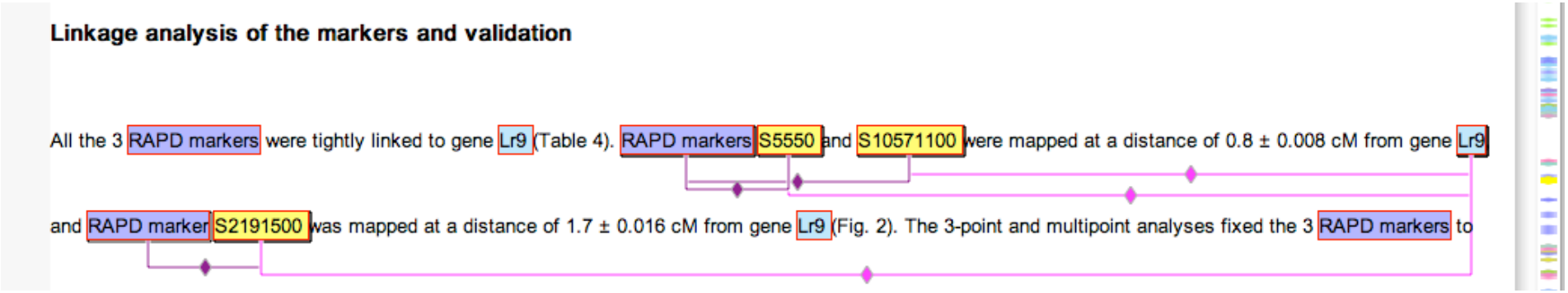
Les marqueurs génétiques indiquent la proximité de l'allèle du gène.
Ils sont plus facile à identifier expérimentalement que le gène.
Ils sont utilisés pour sélectionner les variétés qui présentent un phénotype d'intérêt agronomique.

Projet FSOV Sélection du Blé par Marqueur, *SamBlé*

Les marqueurs sont majoritairement décrits dans des articles scientifiques

Objectif

Extraire automatiquement à partir d'articles, les relations entre les marqueurs moléculaires, la méthode mise en œuvre, les gènes, les traits observables, les phénotypes et les variétés.



Projet FSOV Sélection du Blé par Marqueur, *SamBlé*

Résultats attendus

- Moteur de recherche sémantique de la bibliographie scientifique
- Base de données des informations extraites de la bibliographie interrogeable en ligne

Basés sur

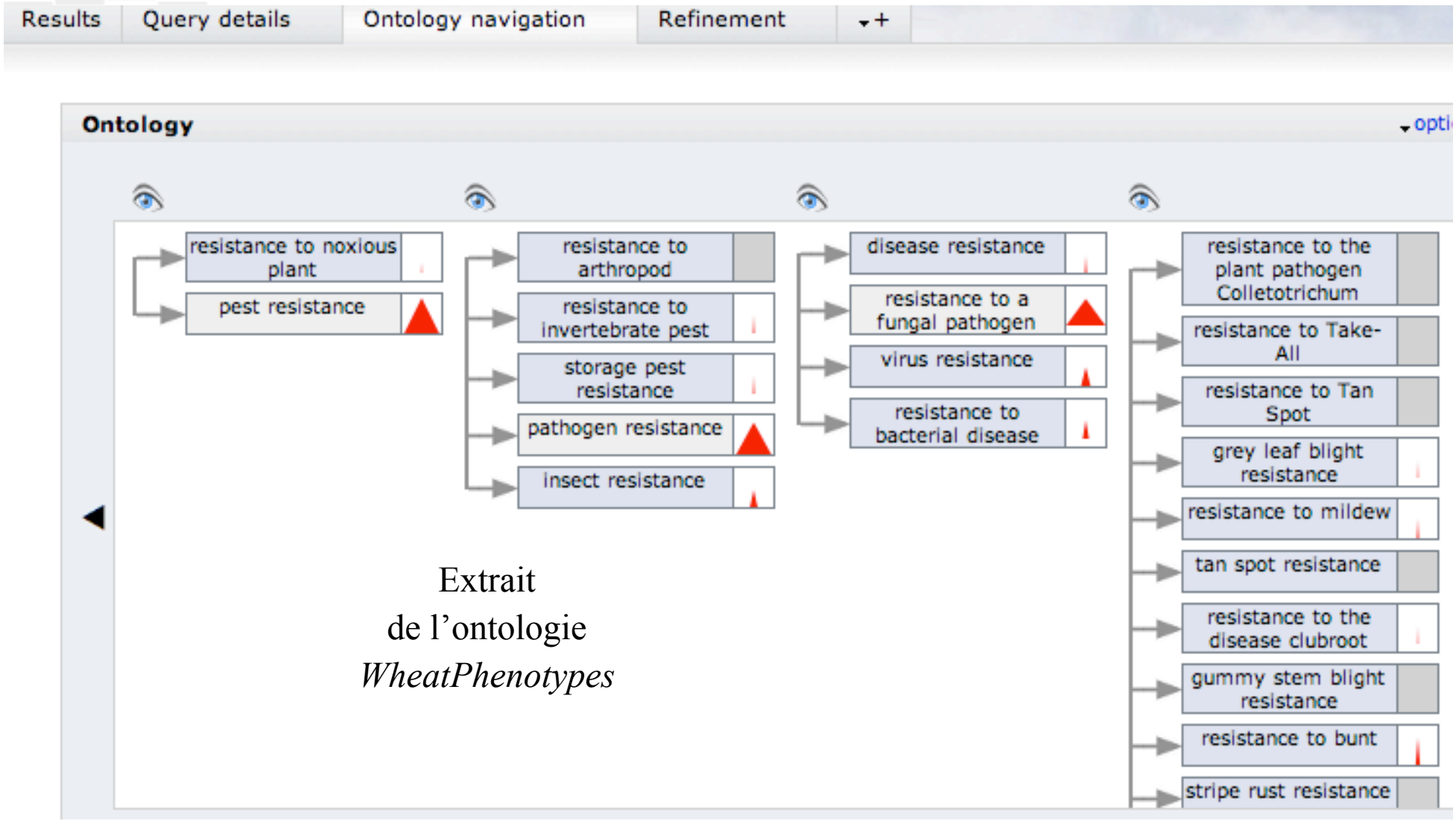
- Des méthodes d'annotation sémantiques de texte
- Une ontologie des traits, phénotypes et facteurs biotiques et abiotiques pour le blé
- Un modèle de connaissance des gènes, marqueurs, traits, phénotypes, variétés, *etc*.

_01

Moteur de recherche

Moteur de recherche sémantique *SamBlé*

http://bibliome.jouy.inra.fr/test/alvisir/FSOV/



Extrait
de l'ontologie
WheatPhenotypes

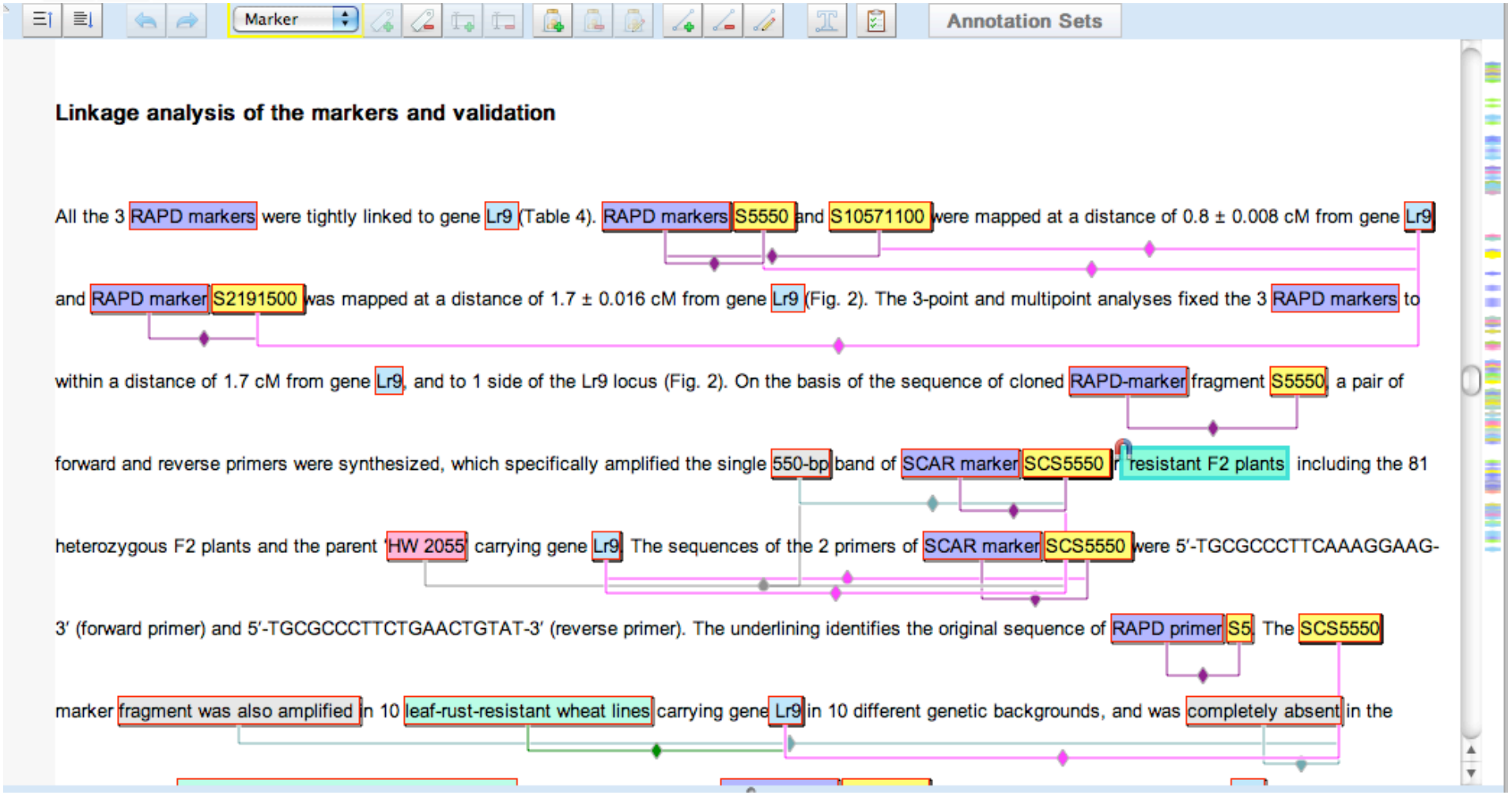
Collection d'articles pour le moteur de recherche *SamBlé*

- Références sélectionnées dans WoS par la requête « Wheat marker gene aestivum » parmi les journaux les plus pertinents.
- 3 170 articles scientifiques complets téléchargés par *AlvisCrawler*
- Annotation sémantique par la *Suite Alvis*.
- Indexation et IHM de *AlvisIR*

_02

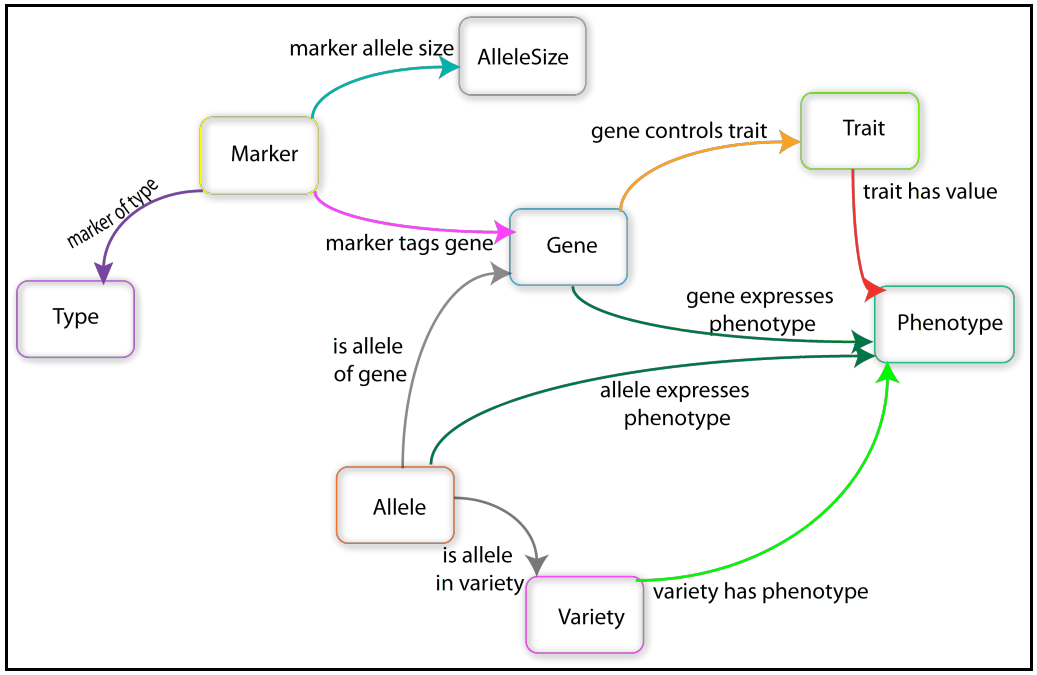
Extraction d'Information

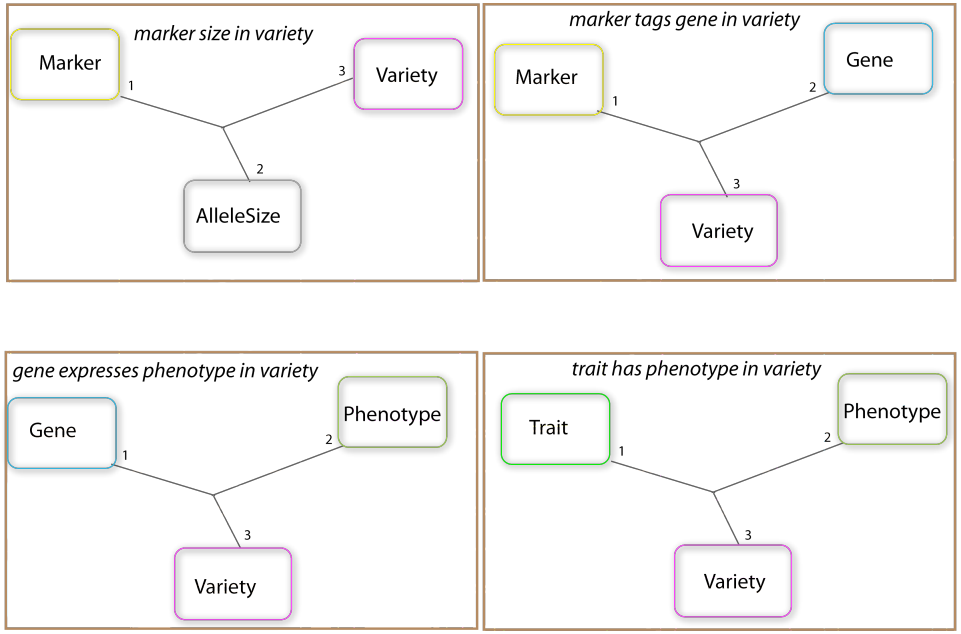
Annotation sémantique du texte (*AlvisAE*)



Modèle de Connaissance

Modèle conçu pour l'annotation sémantique, manuelle et automatique et la base de données.
C'est une représentation formelle des connaissances biologiques à extraire du texte





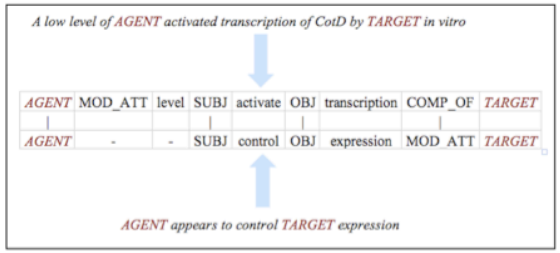
Relations binaires

Relations ternaires

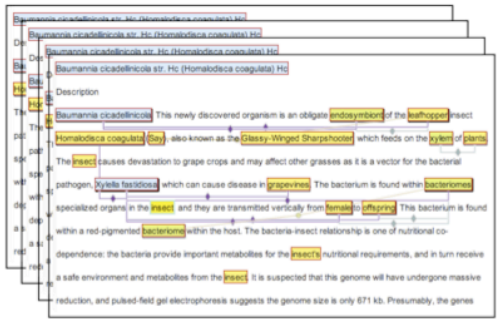
Principe de l'extraction automatique d'information par la Suite Alvis

1. Annotation manuelle d'exemples dans les texte, suivant le modèle (avec *AlvisAE*)
2. Analyse sémantique des textes par *AlvisNLP*
3. Induction de règles par apprentissage automatique (*AlvisML*)
4. Prédiction des entites et des relations dans de nouveaux textes (*AlvisNLP*)

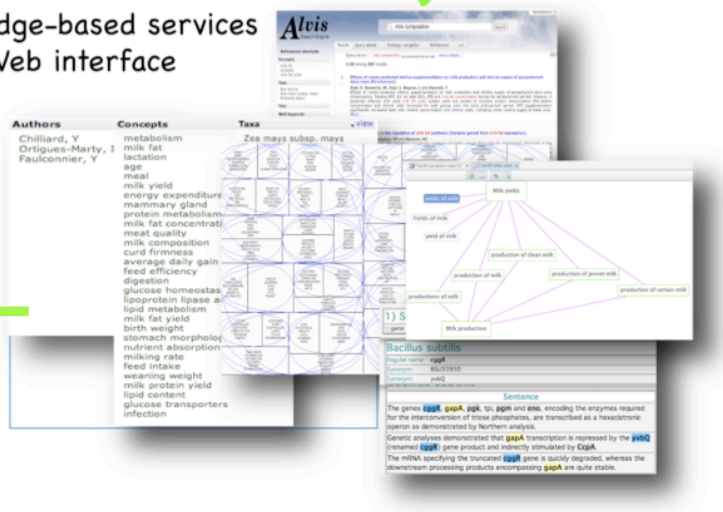
Machine learning for
entitiy and relation prediction



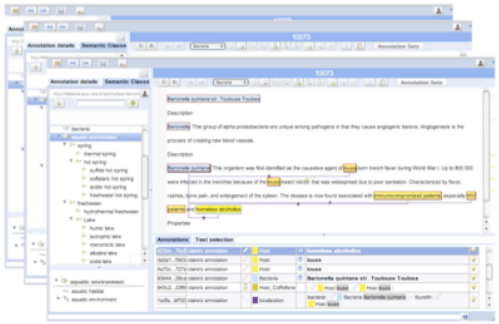
Fine-grained text-bound
semantic annotation



Knowledge-based services
Web interface



Semi-automatic annotation
of examples of
entities and relations.
Web interface



Annotation d'exemples d'apprentissage

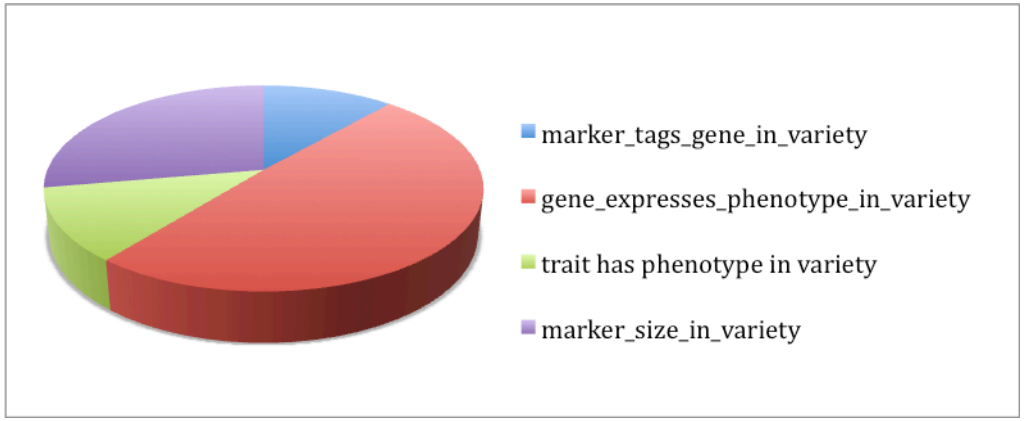
2 campagnes d'annotation (*en cours*)

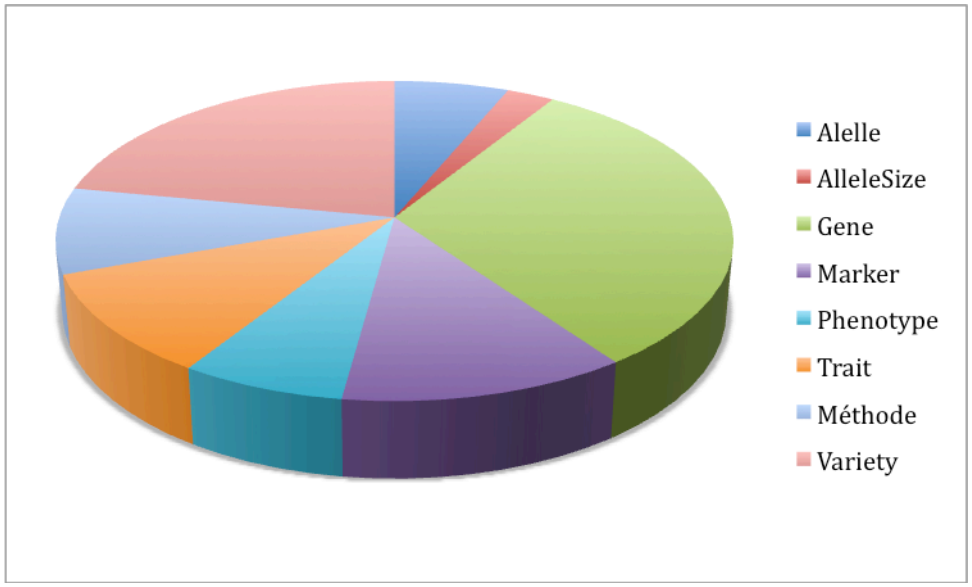
13 partenaires participants (sélectionneurs)

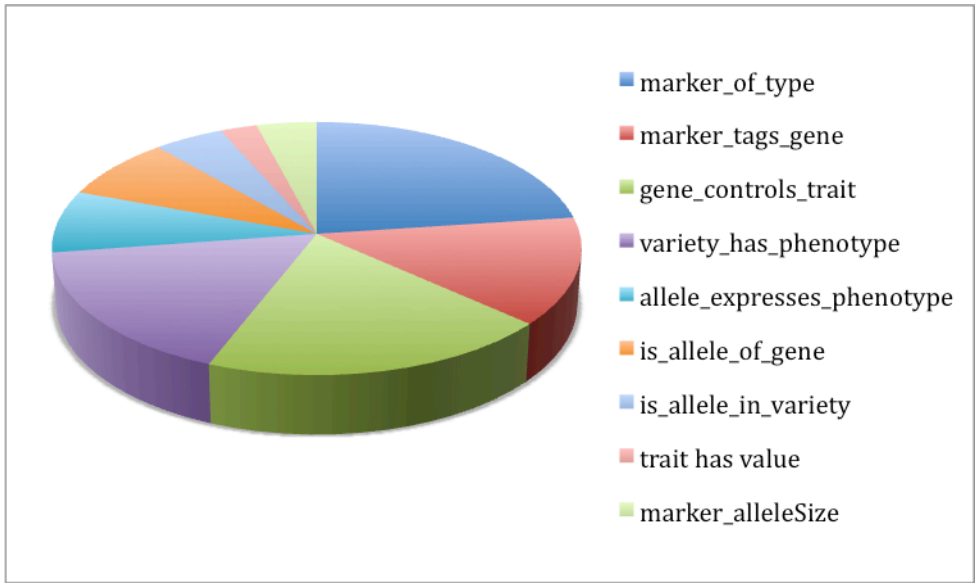
72 articles, 292 sections

5 848 entités, 1 342 relations binaires,

207 relations ternaires







_03

Reconnaissance automatique d'entités

Types d'entités

Deux types d'entités

Entités figées

Gènes : *Lr9*
Allèles : *Ppd-D1a*
Tailles d'allèles : *64 bp*
Variétés : *HW 2055*
Marqueurs : *S5550*
Types de méthodes : *RAPD*

Entités non figées

Traits et phénotypes : grande diversité de termes

superior fusarium head blight resistance, *quality of wheat flour*,
resistance to leaf rust infection, *low grain protein content trait*

La projection de termes connus sur le texte ne suffit pas, il faut pouvoir prédire des termes nouveaux.

Méthode de prédiction des entités figées

- Projection de nomenclatures (GRIN, MasWheat, GenBank, Gramene, *etc*.)
- Expressions régulières pour désambiguiser à l'aide du contexte (ex. variété *Leeds*)
- Expressions régulières pour traiter les variations typographiques
  Puccinia graminis f. sp. tritici (*Pgt*)

Prédiction des entités figées, premiers résultats

Mesurés en comparant prédiction et annotation manuelle

	Comparaison exacte			Recouvrement partiel		
	Rappel	Précision	F1	Rappel	Précision	F1
Gene	0.61	0.49	0.54	0.73	0.61	0.66
Marker	0.58	0.65	0.61	0.59	0.66	0.62
Type	0.54	0.62	0.58	0.56	0.64	0.60
AlleleSize	0.39	0.49	0.43	0.46	0.50	0.48

- Le rappel augmente significativement avec le relâchement des bornes
- Gènes et marqueurs ne sont pas toujours bien distingués les uns des autres

Prédiction des traits et phénotypes

Principe

- Extraire automatiquement *tous* les termes des documents
- Filtrer les termes qui *ressemblent* à des termes de l'ontologie *WheatPhenotypes*

Analyse linguistique du texte par AlvisNLP

- Segmentation par SegMig. Analyse synatxique par TreeTagger [Schmid, 1994]
- Extraction de termes par BioYaTeA [Golik et al., 2012]
- Filtrage des termes désignant des traits ou des phénotypes par ToMap [Golik et al., 2011] à l'aide de l'ontologie *WheatPhenotypes*

Extraction des termes par *BioYaTeA*

Stem rust caused by *Puccinia graminis f. sp. tritici Eriks and Henn* and leaf rust caused by *Puccinia triticina Rob. ex Desm.* are major constraints to wheat production worldwide. In the present study, F4-derived SSD population, developed from a cross between Australian cultivars 'Schomburgk' and 'Yarralinka', was used to identify molecular markers linked to rust resistance genes Lr3a and Sr22. A total of 1,330 RAPD and 100 ISSR primers and 33 SSR primer pairs selected on the basis of chromosomal locations of these genes were used. The ISSR marker UBC 840540 was found to be linked with Lr3a in repulsion at a distance of 6.0 cM. Markers cfa2019 and cfa2123 flanked Sr22 at a distance of 5.9 cM (distal) and 6.0 cM (proximal), respectively. The use of these markers in combination would predict the presence or absence of Sr22 in breeding populations. A previously identified PCR-based diagnostic marker STS638 linked to Lr20 was validated in this population. This marker showed a recombination value of 7.1 cM with Lr20.

Termes

Groupes nominaux (en jaune) entre les frontières prédéfinies (en rouge)

Sous-termes extraits récursivement en fonction de leurs occurrences dans les textes

Exemple : *identified [PCR-based diagnostic[marker]] STS638*

Principe de ToMap (1)

En trois étapes.

Un terme du texte désigne un phénotype, s'il désigne exactement un concept de phénotype de l'ontologie *WheatPhenotypes*

Texte	*cultivars that originally were **resistant to leaf rust**, and races*
Concept	*resistant to leaf rust*

Principe de ToMap (2)

Un terme du texte désigne un phénotype, si sa tête syntaxique (mot principal) est égale à une tête de terme de l'ontologie *WheatPhenotypes*

Texte *Prevalence of **ToxA-sensitive** alleles of the wheat gene Tsn1*

Concepts *toxin sensitive* *sensitive to photoperiod* *drought sensitive*

Texte ***polymorphism information content***

Concept *Grain Protein Content*

La tête *Content* est ambiguë. Un patron contextuel permet de désambiguiser.

Principe de ToMap (3)

Un terme du texte désigne un phénotype si

- Sa tête appartient à la liste des têtes ambigües, définie manuellement préalablement (*number, level, plant, size, time, index*)
- Et que la tête de son sous-terme est une tête d'un terme de l'ontologie *WheatPhenotypes*

Texte *indicating a higher level of* ***polymorphism*** → Non retenu

Texte *genes conferring a* ***high level of stripe rust resistance*** *are*

Concept *stripe rust resistance*

Il est intéressant de conserver aussi *high level of stripe rust resistance* (cas 2)
en plus de *stripe rust resistance* (cas 3)

Résultats préliminaires

Les textes d'articles annotés ne sont pas utilisables pour l'évaluation.
L'annotation manuelle des phénotypes dans n'est pas terminée.

La précision est mesurée sur un ensemble de 1 789 résumés de 300 000 mots.

	Sans désambiguisation		Avec désambiguisation	
Validation	Nb termes	Proportion	Nb de termes	Proportion
Exemples positifs	**245**	**81 %**	**212**	**95 %**
Corrects et précis	227	76 %	176	79 %
Corrects et généraux	18	5 %	36	16 %
Exemples négatifs	**54**	**19 %**	**11**	**5%**
Erreur d'analyse linguistique	5	1,7%	4	2 %
Erreur de la méthode	16	5,4%	7	3 %
Erreur de paramètre (têtes ambigües)	33	11 %	0	0 %

Conclusion

Le modèle de connaissance pertinent pour l'annotation des textes et la représentation des connaissances

Une fois formés, les sélectionneurs produisent les **annotations manuelles** nécessaires à l'apprentissage.

L'ontologie WheatPhenotypes couvre tous les traits d'intérêt agronomique.

Elle indexe la collection d'article du **moteur de recherche sémantique *SamBlé***. Il donne aux sélectionneurs l'accès à la connaissance bibliographique

Extraction d'information à systématiser et à exporter dans une base de donnée intégrée (projet *BreedWheat*)

- La méthode OntoMap produit des résultats encourageants malgré la forte polysémie