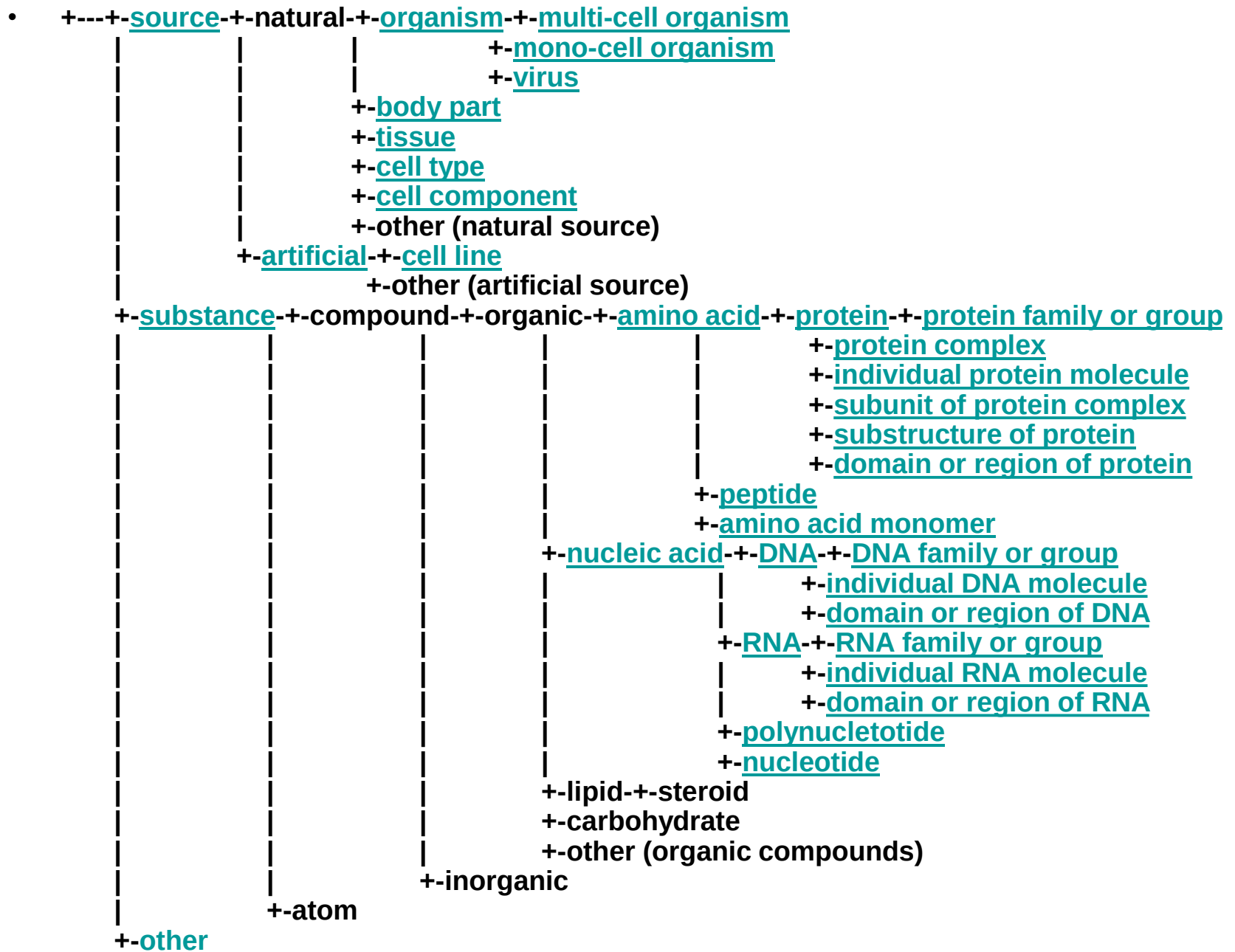


Ontologische Kritik der Genia-Ontologie

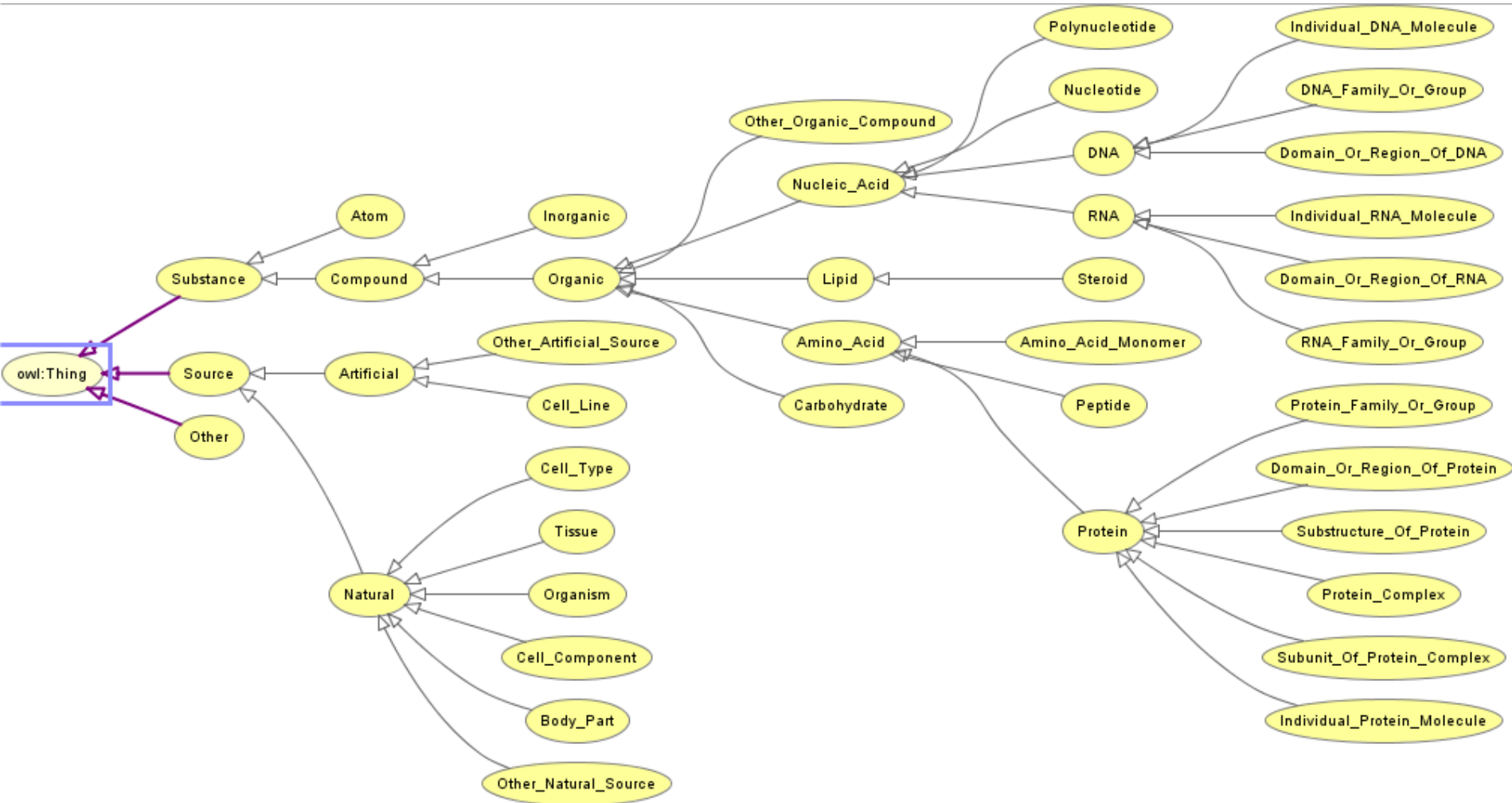
Stefan Schulz, Elena Beißwanger,
Anand Kumar

Genia Ontologie und Korpus

- Entwickelt am Tsuji-Lab, Tokio
- Anspruch (WWW): “The GENIA ontology is intended to be a **formal model** of cell signaling reactions in human. It is to be used as a basis of thesauri and semantic dictionaries for natural language processing applications, e.g.,
 - Information retrieval (IR) & filtering (IF)
 - Information extraction (IE)
 - Document and term classification & categorization
 - Summarization, etc. “
- GENIA Corpus Ver. 3.0x: 2000 MEDLINE Abstracts. (MeSH terms: *Human*, *Blood Cells*, and *Transcription Factors*).
- Genia-Korpus ist annotiert mit Termen der Genia-Ontologie



Genia Ontologie



Genia Ontologie als Annotationsvokabular

UI - 85146267

TI - Characterization of <NE ti="3" class="protein" nm="aldosterone binding site" mt="SV" subclass="family_or_group" unsure="Class" cmt="">aldosterone binding sites</NE ti="3"> in circulating <NE ti="2" class="cell_type" nm="human mononuclear leukocyte" mt="SV" unsure="OK" cmt="">human mononuclear leukocytes</NE ti="2">.

AB - <NE ti="4" class="protein" nm="Aldosterone binding sites" mt="SV" subclass="family_or_group" unsure="Class" cmt="">Aldosterone binding sites</NE ti="4"> in <NE ti="1" class="cell_type" nm="human mononuclear leukocyte" mt="SV" unsure="OK" cmt="">human mononuclear leukocytes</NE ti="1"> were characterized after separation of cells from blood by a Percoll gradient. After washing and resuspension in <NE ti="5" class="other_organic_compounds" nm="RPMI-1640 medium" mt="SV" unsure="OK" cmt="">RPMI-1640 medium</NE ti="5">, cells were incubated at 37 degrees C for 1 h with different concentrations of <NE ti="6" class="other_organic_compounds" nm="[3H]aldosterone" mt="SV" unsure="OK" cmt="">[3H]aldosterone</NE ti="6"> plus a 100-fold concentration of <NE ti="7" class="other_organic_compounds" nm="RU-26988" mt="SV" unsure="OK" cmt="">RU-26988 </NE ti="7">(<NE ti="17" class="other_organic_compounds" nm="11 alpha, 17 alpha-dihydroxy-17 beta-propynylandrost-1,4,6-trien-3-one" mt="SV" unsure="OK" cmt="">11 alpha, 17 alpha-dihydroxy-17 beta-propynylandrost-1,4,6-trien-3-one</NE ti="17">), with or without an excess of unlabeled <NE ti="8" class="other_organic_compounds" nm="aldosterone" mt="SV" unsure="OK" cmt="">aldosterone</NE ti="8">. <NE ti="9" class="other_organic_compounds" nm="Aldosterone" mt="SV" unsure="OK" cmt="">Aldosterone</NE ti="9"> binds to a single class of <NE ti="10" class="protein" nm="receptor" mt="SV" subclass="family_or_group" unsure="OK" cmt="">receptors</NE ti="10"> with an affinity of 2.7 +/- 0.5 nM (means +/- SD, n = 14) and a capacity of 290 +/- 108 sites/cell (n = 14). The specificity data show a hierarchy of affinity of <NE ti="11" class="other_organic_compounds" nm="desoxycorticosterone" mt="SV" unsure="OK" cmt="">desoxycorticosterone</NE ti="11"> = <NE ti="12"

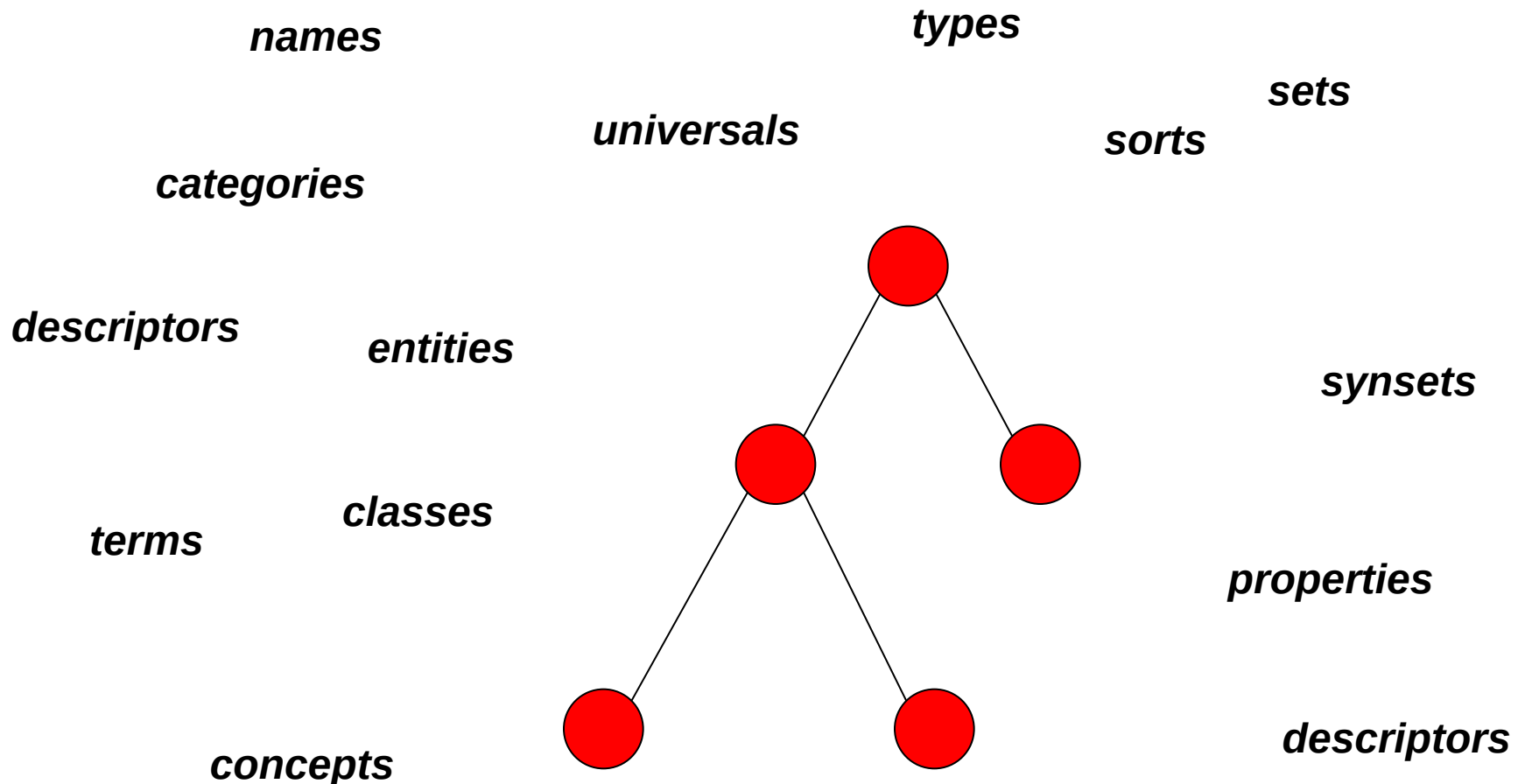
Unser Verständnis einer formalen Ontologie

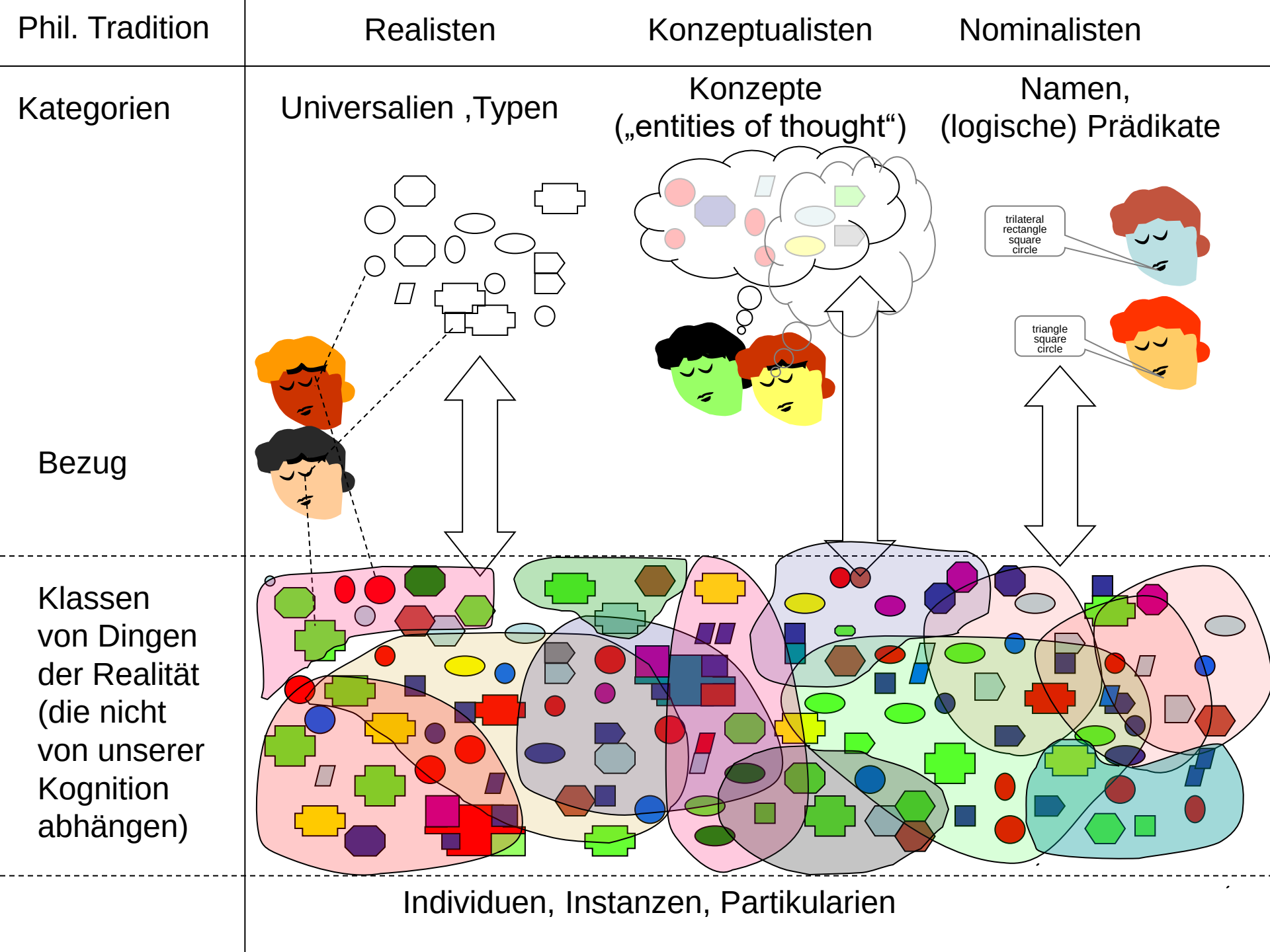
- Klare Festlegung des Diskursbereichs, im Fall von Genia: konkrete physikalische Entitäten aus der Molekularbiologie (z.B. Nukleotide, Zellen, Gewebe)
- Eindeutige Charakterisierung der ontologischen Natur der Entitäten (Klassen, Konzepte, Individuen)
- Eindeutige Semantik von Relationen, Operatoren und Quantoren
- Anbindung an domänenunabhängige “Upper Ontology” wünschenswert
- Soweit möglich, Angabe von hinreichenden und notwendigen Bedingungen, also vollständige Definitionen (Aristoteles: genus + differentia)

Taxonomie als Rückgrat formaler Ontologien

- Taxonomischer Link “Is-A” (ist ein)
 - Leber Is-A Organ: für alle Instanzen von Klasse/Konzept/Typ Leber gilt, dass sie auch Instanzen von Klasse/Konzept/Typ Organ sind
 - Normalerweise mengentheoretische Deutung, daher klare Semantik
 - Klassen werden verstanden als Mengen, die über die Zeit persistieren und dabei Elemente gewinnen und verlieren können.

Wofür stehen die “Knoten” einer Ontologie ??

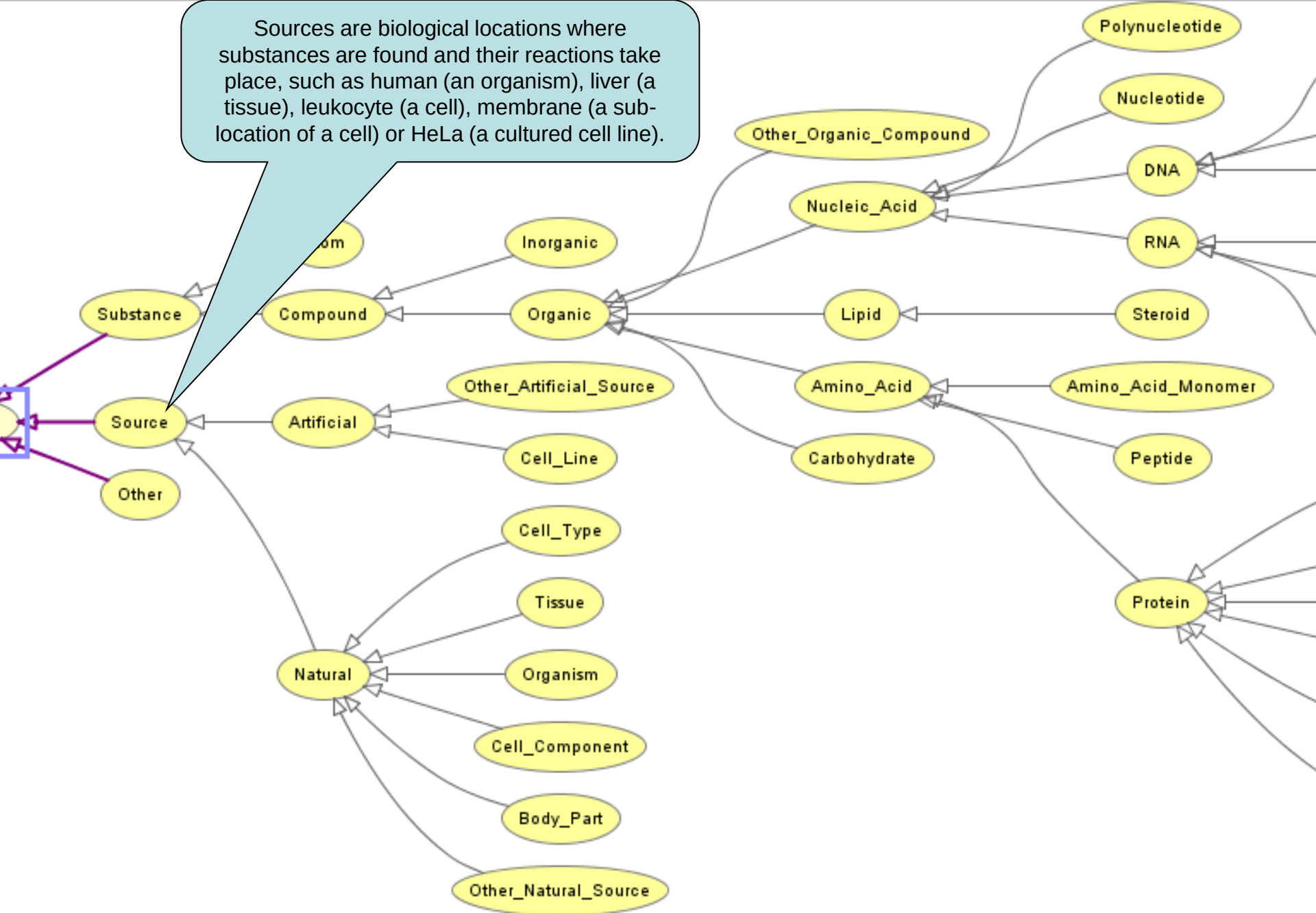




Probleme der Genia-Ontologie

- Taxonomie (Begriffshierarchie), keinerlei Anbindung an domänenunabhängige “Upper Ontology”
- Keine Relationen außer Klasseninklusion (Is-A)
- Definitionen nur in natürlichsprachliche Ausdrücken, meist unscharf, teils rein extensional

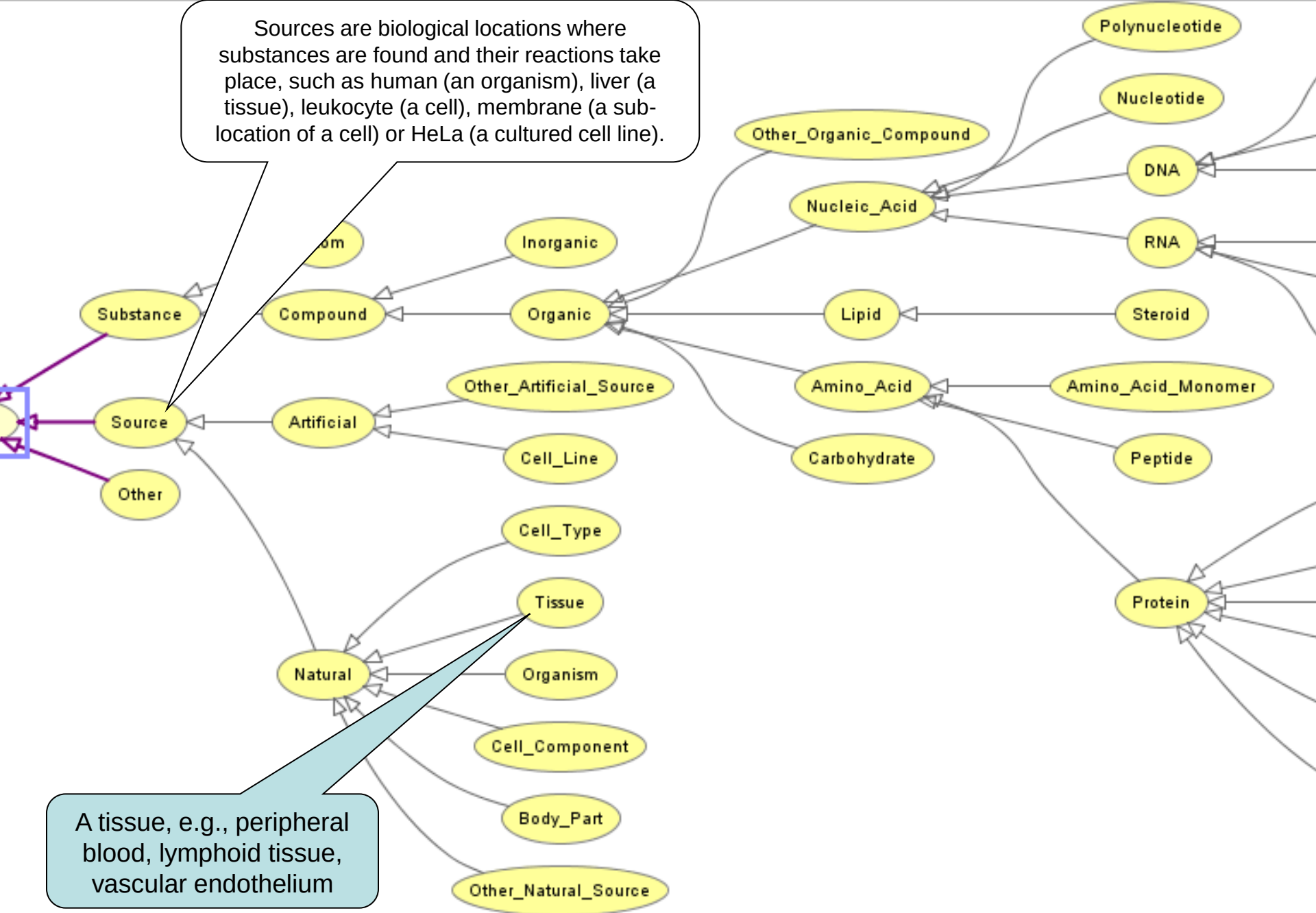
Sources are biological locations where substances are found and their reactions take place, such as human (an organism), liver (a tissue), leukocyte (a cell), membrane (a sub-location of a cell) or HeLa (a cultured cell line).



Sources: *“Sources are biological locations where substances are found and their reactions take place, such as human (an organism), liver (a tissue), leukocyte (a cell), membrane (a sub-location of a cell) or HeLa (a cultured cell line)”.*

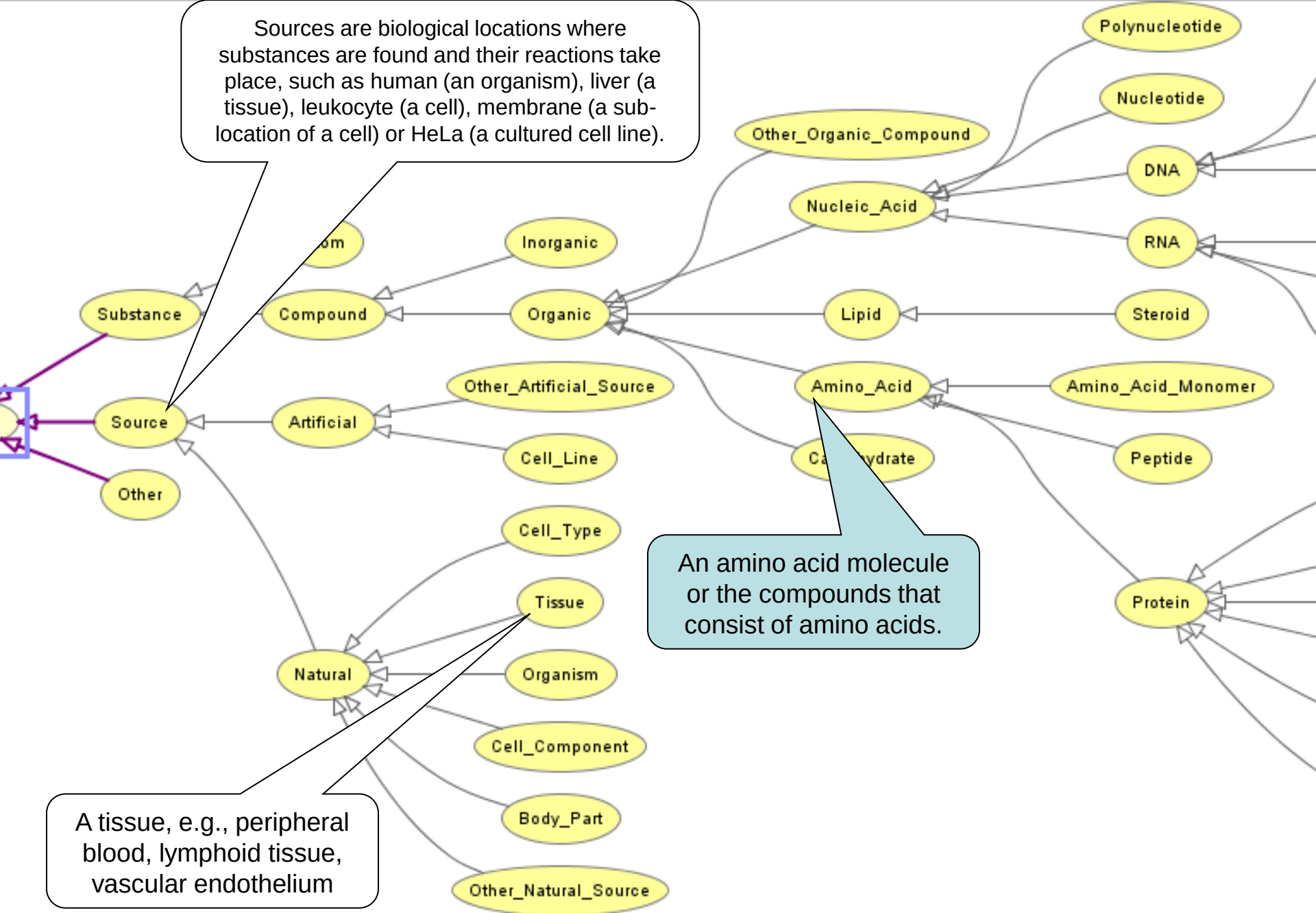
- Klasseneinteilung sollte gemäß stabiler Merkmale der zu klassifizierenden Entitäten erfolgen. (Zellen können sowohl in Organismen als auch in Gewebekulturen vorkommen)
- “Source” ist eine Rolle, kein diskriminierendes Merkmal

Sources are biological locations where substances are found and their reactions take place, such as human (an organism), liver (a tissue), leukocyte (a cell), membrane (a sub-location of a cell) or HeLa (a cultured cell line).



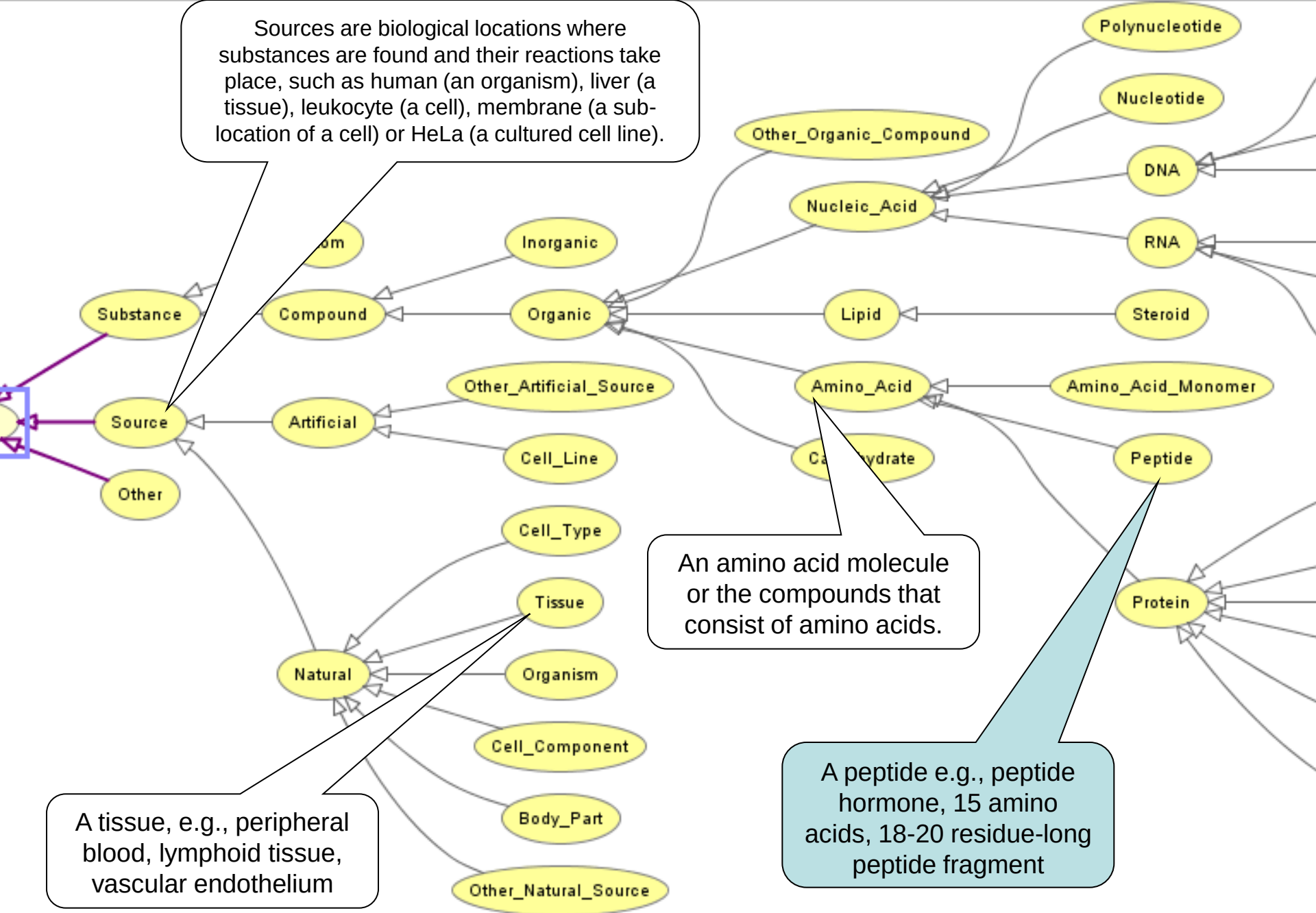
Tissue: “A tissue, e.g., peripheral blood, lymphoid tissue, vascular endothelium”

- Keine Definition
- Rein extensionale Beschreibung:
Aufzählung einiger Unterklassen, ohne
Angabe differenzierender Kriterien



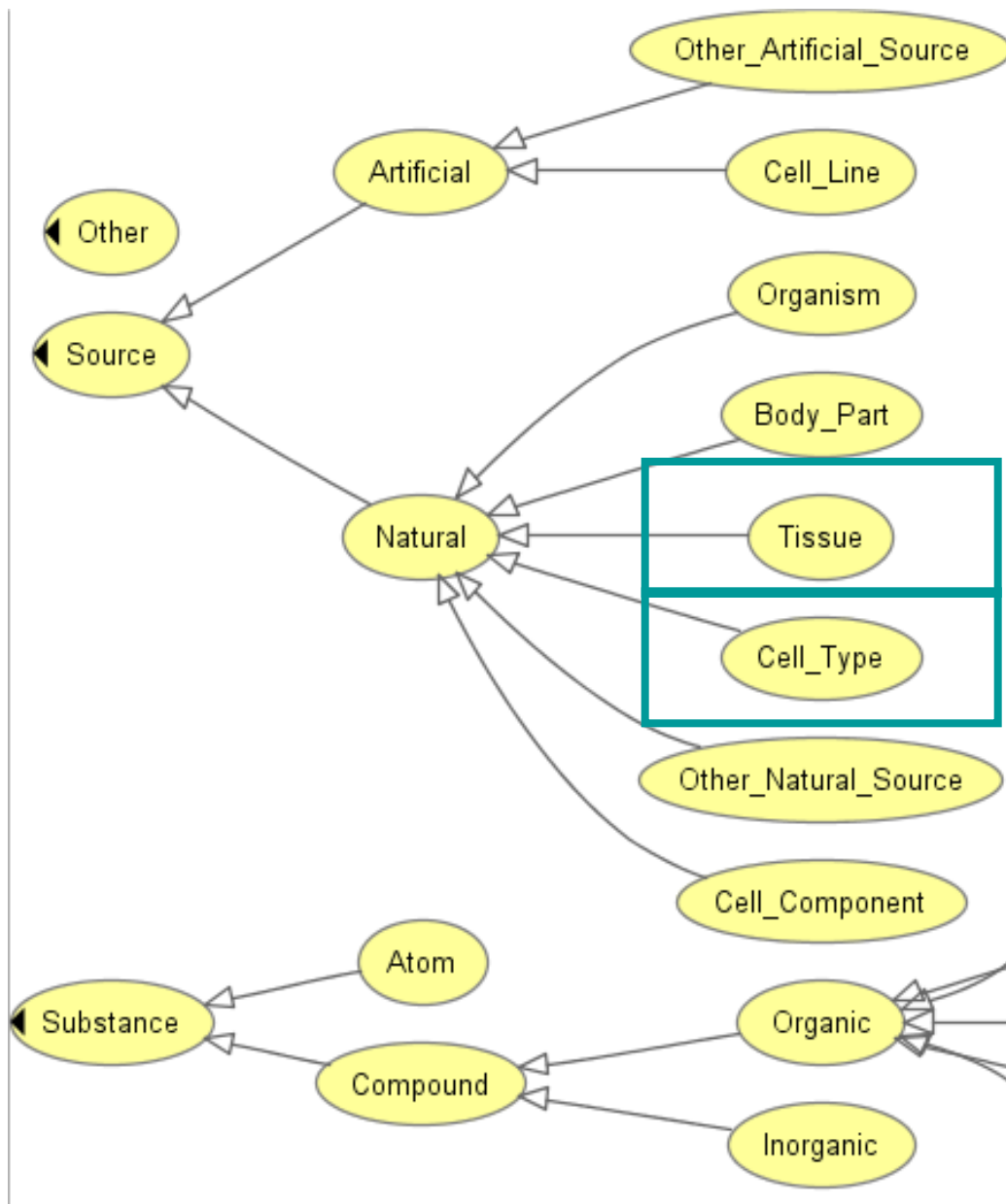
Amino Acid: *An amino acid molecule or the compounds that consist of amino acids.*

- Sprachlich exakte logische Definition, die jedoch nicht der üblichen Bedeutung von Aminosäure entspricht
- Richtig wäre z.B.
“Amino_acid_or_amino_acid_containing_biomolecule”



Peptide: A peptide e.g., peptide hormone, 15 amino acids, 18-20 residue-long peptide fragment

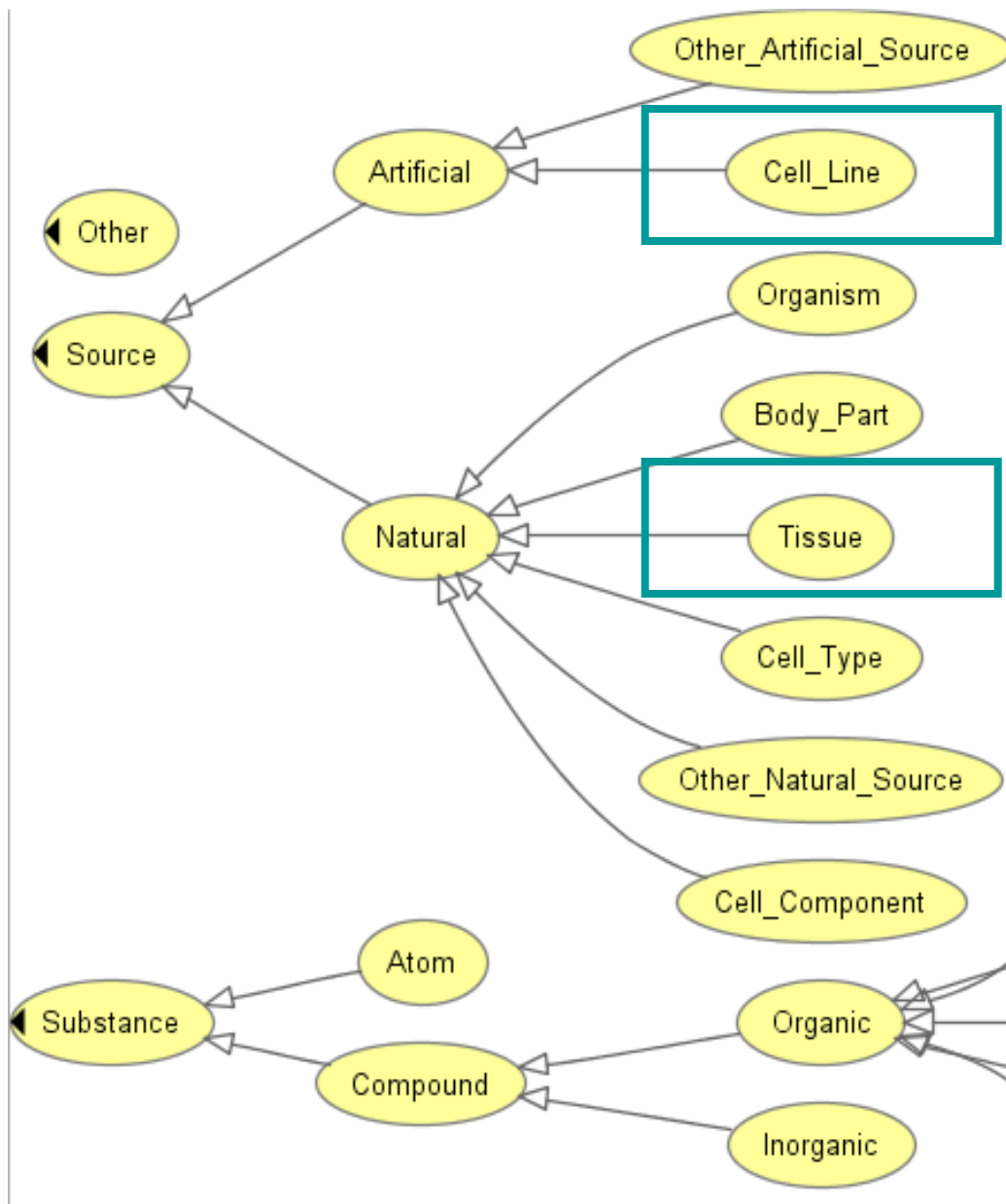
- Statt Definition ist eine prototypische Instanz angegeben



Uneinheitliche Namensgebung:

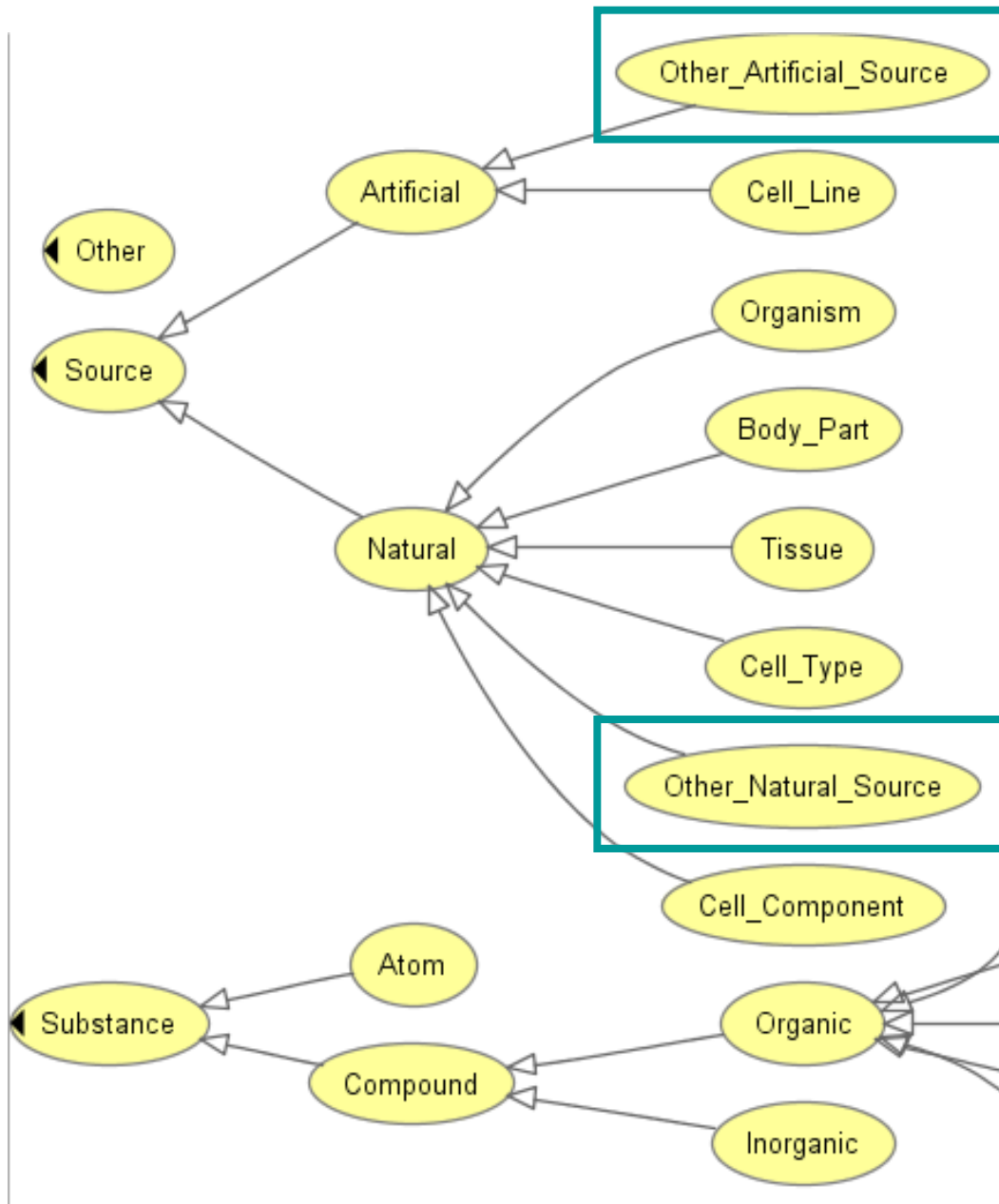
“Cell_Type”, aber warum nicht “Tissue_Type”:

- Verwirrend: Was ist eine Instanz von Cell_Type ?
 - eine Einzelzelle
 - eine Klasse von Zellen?
 - Ein Konzept
- Problem: Die Bezeichnung von Klassen als Typen lässt Meta-Kategorien vermuten. Ist das gewollt ?



Fehlende Anbindung an eine “Upper Ontology” verhindert genaue Charakterisierung.

- Was ist eine Instanz von “Cell_Line”?
 - eine Einzelzelle
 - eine Menge von Einzelzellen
 - eine Zellfamilie
- Was ist eine Instanz von “Tissue”:
 - eine genau umrissene Gewebeprobe ?
 - eine arbiträre Menge von Gewebe
 - die Gesamtheit allen Gewebes

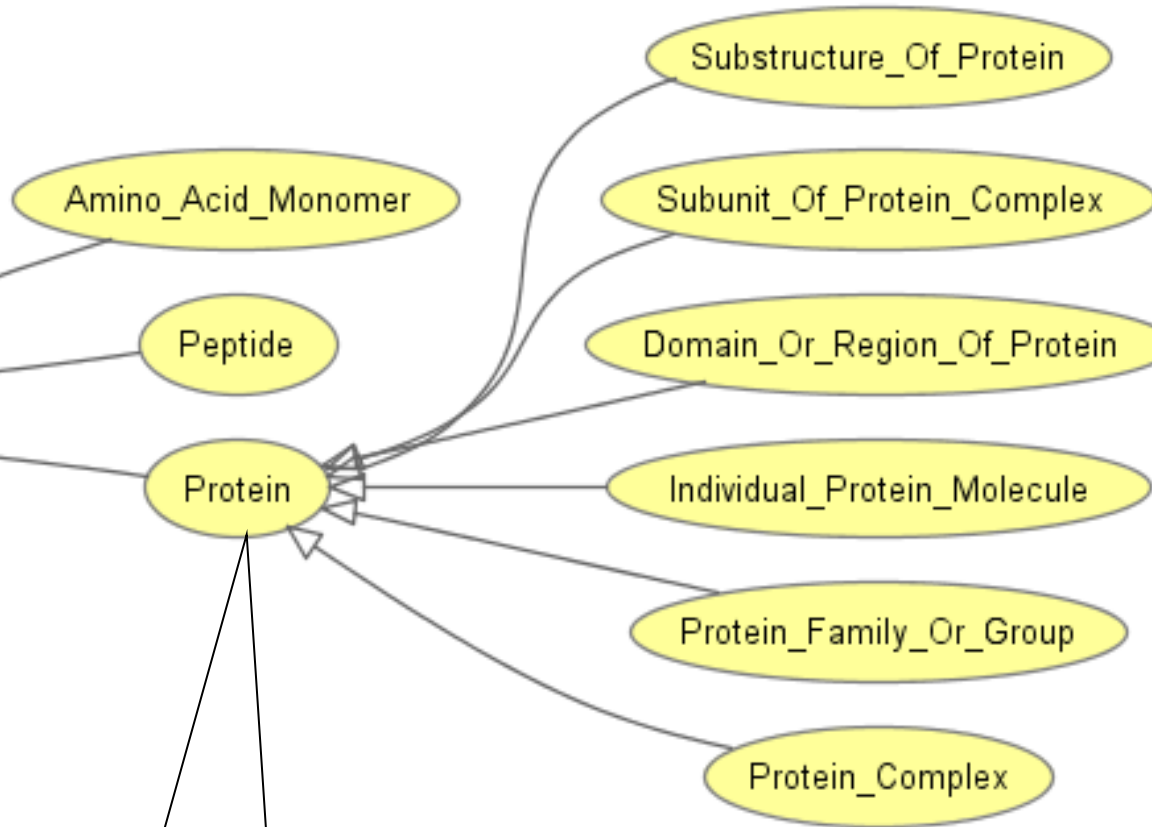


Resteklassen

- Ontologisch irrelevant, da keine gemeinsame, identitätsstiftende Eigenschaft
- Aus praktischen Gründen (zur Annotation) gerechtfertigt.
- Definition als logisches Komplement

Geschwisterklassen ("siblings")

- In GENIA als taxonomische Unterklassen oft bedenklich
 - ist Substructure of Protein nicht eher part-of Protein ?
 - ist eine Instanz von Protein_Family_Or_Group eine Instanz von Protein ?
- Bilden die Siblings eine komplette Partition, oder gibt es Überlappungen oder Lücken?

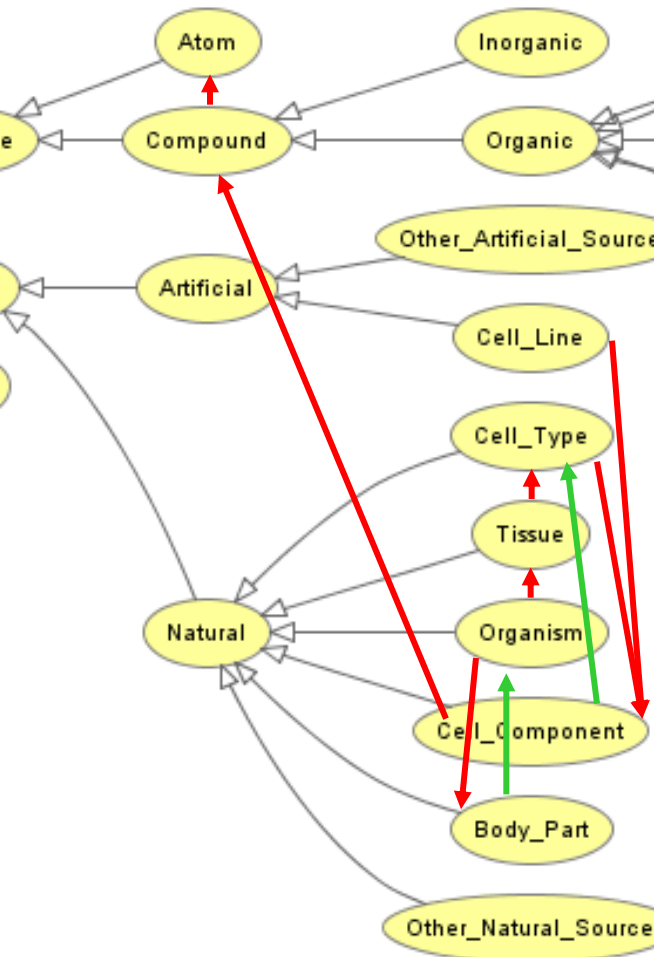


Siblings unvergleichbar

"Proteins include protein groups, families, molecules, complexes, and substructures"

Definition der Oberklasse unscharf

Partonomien als 2. wichtiges Ordnungsprinzip für Ontologien



- In OBO gleichberechtigt zu Is-A
- In Genia nicht oder höchstens implizit in Klassennamen (Body_Part) vorhanden
- Part-Of und Has-Part: Transitive Relationen zwischen Klassen
- Definition nach OBO (Smith et al.)
 - A Part-Of B heißt: jede Instanz von A ist Teil einer Instanz von B
 - B Has-Part A heißt: für jede Instanz von B gibt es eine Instanz von A, die davon Teil ist
 - Wichtig: A Part-Of B impliziert nicht B Has-Part A

Von Genia zu Genia-OWL

- OWL (ontology web language): standardisierte, logikbasierte Sprache des Semantic Web
- Genia-OWL: logikbasierte Definition der Genia-Klassen:
 - eindeutige Definitionen
 - weitgehende Abstraktion von natürlicher Sprache
 - höhere Reliabilität bei der Annotation
 - Interface zu anderen formalen Ontologien
 - maschinelles Schließen

Genia-OWL



Genia9_12 Protégé 3.2 beta (file:\C:\Programme\Protege_3.2_beta\examples\bio\Genia9_12.pprj. OWL / RDF Files)

File Edit Project OWL Code Tools Window Help

OWL Classes Properties Forms Individuals Metadata OWL Viz

Asserted model Inferred model

CLASS BROWSER

For Project Genia9_12

Asserted Hierarchy

- owl:Thing
 - Noch_Einzuordnen
 - PhysicalSubstantial
 - Atom
 - BodyPart
 - Cell
 - CellularComponent
 - Compound
 - InorganicCompound
 - OrganicCompound
 - BioMonomer
 - BioPolymer
 - Lipid
 - NucleicAcid
 - P_OrganicCompoundCont...

Diagram illustrating the Genia-OWL ontology structure, showing classes and their relationships:

- PhysicalSubstantial** (Class) is the superclass for:
 - Noch_Einzuordnen** (Class)
 - Compound** (Class)
 - Cell** (Class)
 - Atom** (Class)
 - CellularComponent** (Class)
 - Tissue** (Class)
 - BodyPart** (Class)
 - OrganicCompound** (Class)
 - MonoCellOrganism** (Class)
 - MultiCellOrganism** (Class)
- Compound** (Class) is the superclass for:
 - InorganicCompound** (Class)
 - OrganicCompound** (Class)
- OrganicCompound** (Class) is the superclass for:
 - BioMonomer** (Class)
 - BioPolymer** (Class)
 - Carbohydrate** (Class)
 - Lipid** (Class)
- BioPolymer** (Class) is the superclass for:
 - NucleicAcid** (Class)
 - Lipid** (Class)
- NucleicAcid** (Class) is the superclass for:
 - Nucleotide** (Class)
 - AminoAcid** (Class)

Relationships and Constraints:

- PhysicalSubstantial** **has_part** **some** **Cell** (NECESSARY & SUFFICIENT)
- PhysicalSubstantial** **part_of** **some** **MultiCellOrganism** (NECESSARY)
- BioPolymer** **has_part** **some** **Nucleotide** (NECESSARY & SUFFICIENT)

$\forall \exists \leftrightarrow \rightarrow \leftarrow \wedge \vee$

$$\forall x: P(x) \rightarrow \exists y, z: x=y+z \wedge (P(y) \vee M(y)) \wedge (P(z) \vee M(z))$$