HAL open science

Mise à disposition des spectres d'activité des antibiotiques pour le médecin généraliste : méthode et résultats.

Jérôme Nobécourt, Catherine Duclos

▶ **To cite this version:**

Jérôme Nobécourt, Catherine Duclos. Mise à disposition des spectres d'activité des antibiotiques pour le médecin généraliste : méthode et résultats.. 19es Journées Francophones d'Ingénierie des Connaissances (IC 2008), Jun 2008, Nancy, France. pp.13-24. hal-00416683

HAL Id: hal-00416683

https://hal.science/hal-00416683v1

Submitted on 14 Sep 2009

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Mise à disposition des spectres d'activité des antibiotiques pour le médecin généraliste : méthode et résultats

Jérôme Nobécourt, Catherine Duclos

Laboratoire d'Informatique Médicale et Bio-Informatique, Université Paris 13,
j.nobecourt@smbh.univ-paris13.fr,
catherine.duclos@avc.aphp.fr

Résumé : Les médecins généralistes ne maîtrisent pas comme des spécialistes les connaissances en bactériologie. Il peut leur apparaître difficile d'utiliser des documents rédigés par des experts en microbiologie. Nous proposons un outil qui leur permet de s'affranchir de ces savoirs pour utiliser efficacement un document sur les spectres d'activité des antibiotiques. Le développement de cet outil est supporté par une extraction automatique des connaissances contenues dans le document initial, l'élaboration d'une ontologie et d'un module de raisonnement utilisant l'algorithme de classification OWL-DL. Le résultat final est un site web permettant la recherche de spectres antibactériens au moyen de tableaux. Les sensibilités des bactéries peuvent y être rapidement comparées grâce à l'utilisation d'une convention graphique.

Mots-clés : Ingénierie des connaissances, ontologie, visualisation, classification.

1 Introduction

Afin de promouvoir la diffusion des spectres antibactériens, l'Agence Française de Sécurité Sanitaire des Produits de Santé (Afssaps) a rédigé un guide textuel[1]. Ce document, rédigé par des experts, fournit pour chaque antibiotique la sensibilité naturelle des diverses bactéries pathogènes pour l'homme et la prévalence de leur résistance acquise[2].

La diffusion de ce document apporte au médecin une information à jour sur la sensibilité des bactéries pour les antibiotiques, élément qui entre en compte lors de la prescription de ces classes de médicaments (Manthous & Amoateng-Adjepong, 2000). Le médecin devrait alors prescrire plus rationnellement les antibiotiques, en évitant soit d'utiliser des antibiotiques de seconde intention, soit de prescrire des antibiotiques inefficaces (Moss *et al,* 1981), (Yu *et al,* 1991).

Actuellement, ce document ne peut être utilisé que pour vérifier l'information : le médecin va sur la page de l'antibiotique, repère la bactérie suspectée dans l'infection

[1] http://agmed.sante.gouv.fr/pdf/5/atb.pdf

[2] Une bactérie naturellement sensible à un antibiotique peut acquérir une résistance à cet antibiotique par acquisition de matériel génétique d'autres bactéries résistantes.

et vérifie la sensibilité. Par contre, si le médecin souhaite comparer plusieurs antibiotiques la tâche devient difficile car il doit répéter sa recherche de multiple fois. Par ailleurs, pour chaque antibiotique la dénotation des bactéries est variable. En effet, les bactéries peuvent être dénommées par leur nom d'espèce mais les évolutions de la nomenclature bactérienne n'ont pas toujours été prises en compte dans les mises à jour du document et une même bactérie peut être nommée soit avec son nom actuel soit avec son ancien nom. Enfin, les bactéries peuvent ne pas être directement dénommées mais être incluses dans un groupe de bactéries (e.g : les entérobactéries). Le médecin doit alors se souvenir de ses cours en bactériologie pour être capable de retrouver la liste des bactéries pathogènes comprises dans ce groupe (par exemple, il doit savoir que *Yersinia enterolitica* ou *Escherichia coli* sont des entérobactéries).

Ce document finalement est difficile à utiliser pour comparer les spectres d'activité des antibiotiques car il nécessite de mobiliser des connaissances en microbiologie que le médecin généraliste ne maîtrise pas complètement.

Nous avons développé un site web dont l'objectif est de mettre à disposition du médecin généraliste, les connaissances contenues dans le guide de l'Afssaps et ainsi de lui permettre de consulter et comparer facilement les spectres d'activité antimicrobienne. Son originalité réside dans le fait :

- qu'il permet au médecin de s'affranchir de l'utilisation de ses connaissances en bactériologie grâce à une ontologie des bactéries et une normalisation de la dénomination de celles-ci,
- qu'il rend aisée la comparaison des spectres de plusieurs antibiotiques pour plusieurs bactéries par la construction dynamique de tableaux reposant sur des conventions graphiques.

2 Principe de fonctionnement de l'outil de mise à disposition des spectres antibactériens

Pour développer l'outil de mise à disposition des spectres antibactériens, plusieurs problèmes doivent être résolus :

- rendre possible la mise à jour des connaissances dès que celles-ci évoluent,
- expliciter les connaissances en bactériologie pour que le médecin puisse chercher et comprendre sans difficulté les spectres antibactériens,
- faciliter la lecture des spectres antibactériens afin que ceci prenne le moins de temps possible.

2.1 Extraction automatique des termes du document Afssaps

Le document émis par l'Afssaps présente l'intérêt d'avoir une structure maintenue entre les différentes rééditions. Lors de travaux précédents (Duclos *et al,* 2004) nous avions mis à profit cette propriété retrouvée dans les monographies des antibiotiques pour développer une méthode d'extraction automatique des spectres antibactériens ayant un rappel de 97,2% et une précision de 96,2%.

Le principe de l'extraction automatique permet d'envisager une mise à jour rapide de la base de connaissances en identifiant le différentiel entre chaque version. Le fait que le document Afssaps soit sous la forme de tableau (et non sous forme de texte non formaté comme dans les monographies (Duclos *et al*, 2005)) nous permet d'envisager une extraction automatique avec des performances encore meilleures puisque certains éléments extraits peuvent être immédiatement typés du fait de leur appartenance à une case du tableau (en particulier les valeurs de prévalence de résistance).

2.2 Ontologie des bactéries

Pour utiliser efficacement le document émis par l'Afssaps, le médecin doit se souvenir d'éléments de bactériologie qui lui ont été enseignés au cours de ses études de médecine, à savoir la taxonomie des bactéries (par exemple savoir que *Escherichia coli* est une entérobactérie), les caractères culturaux des bactéries (par exemple savoir que *Clostridium perfringens* est une bactérie anaérobie stricte), et les caractères d'identification des bactéries (par exemple savoir que *Staphylococcus aureus* est un cocci gram positif). Or le médecin ne se souvient généralement pas assez précisément de ses cours de bactériologie pour raisonner efficacement.

En définissant les bactéries selon les divers points de vue décrits précédemment, il est possible de faciliter la compréhension du document. Ces définitions doivent permettre d'expliciter tous les regroupements de bactéries qui sont trouvés dans le documents Afssaps (par exemple les regroupements Entérobactéries, Staphylocoques à coagulase négative, Bacilles aérobie gram négatif....).

Les classifications en microbiologie (DSMZ, 2007) (LBSN, 2007) disponibles sous format électronique se focalisent plus sur la description des bactéries selon des relations de phylogénie que sur une description multi points de vues intégrant comme la systématique bactérienne, les aspects biochimiques, antigéniques....

Les classifications généralistes comme le MeSH (MESH, 2006) pourraient être utilisées mais sont limitées par certains points de vues classificatoires que l'on ne retrouve pas dans le document Afssaps ou par des points de vues manquants (par exemple Clostridium perfringens est considéré comme une bacille gram positif formant des spores alors que dans le document Afssaps, on le retrouve comme un anaérobie strict gram positif).

Les ontologies basées sur la logique de description comme SNOMED CT (SNOMED, 2007) ou GALEN (GALEN 2007) apparaissent intéressantes de premier abord (Baader *et al*, 2004). Cependant leur réutilisation complète n'est pas possible car certains aspects décrits dans le document AFSSAPS n'y sont pas présents (par exemple l'énumération des Streptocoques partageant le même groupe de Lancefield dans GALEN ou la description du *Clostridium perfringens* qui rejoint celle du MeSH dans SNOMED CT).

Nous nous sommes donc orientés vers le développement d'une ontologie des bactéries *ad hoc* permettant de comprendre l'ensemble des concepts contenus dans le document de l'Afssaps et se limitant à ceux-ci.

2.3 Visualisation des spectres antibactériens

En pratique clinique, le médecin qui recherche un spectre antibactérien est en situation probabiliste. Par exemple devant une otite moyenne aigue du jeune enfant, il doit trouver un antibiotique qui a des chances d'être actif sur les deux bactéries les plus probablement en cause dans l'infection (*Streptococcus pneumoniae* et *Haemophilus influenzae*). Il va devoir comparer pour chaque antibiotique son activité sur chacune des bactéries, ce qui revient à faire une analyse croisée des données du document.

Nous proposons de lui fournir un tableau synthétique présentant en colonne les bactéries qu'il recherche et en ligne tous les antibiotiques disponibles. L'intersection des cases présente la sensibilité naturelle de la bactérie vis à vis de l'antibiotique ainsi que la prévalence de résistance acquise.

Afin de simplifier la lecture des valeurs des cases, nous avons développé une approche graphique afin que le médecin puisse discriminer rapidement ce qui l'intéresse (par exemple les antibiotiques pour lesquels la bactérie est « naturellement sensible avec faible prévalence de résistance »), mais aussi comparer rapidement plusieurs antibiotiques d'intérêt.

3 Acquisition des connaissances sur les spectres antibactériens

3.1 Corpus de travail

Les spectres des différents antibiotiques disponibles en France sont décrits dans un document textuel émis par l'Afssaps intitulé « spectre d'activité antimicrobienne ». Ce document présente pour chaque antibiotique un tableau dans lequel sont recensées les bactéries pour lesquelles l'usage de l'antibiotique a un intérêt clinique. Ces bactéries sont elles mêmes réparties dans des rubriques décrivant leur sensibilité naturelle (espèces sensibles, espèces modérément sensibles, espèces résistantes) et des sous rubriques décrivant leurs caractères culturaux et d'identification (bactéries aérobie gram négatif, bactéries aérobie gram positif, bactéries anaérobies....). Pour les bactéries sensibles ou modérément sensibles, la prévalence de résistance acquise est précisée dans une deuxième colonne. La figure 1 présente un extrait du document de l'Afssaps.

Ce document de 25624 mots contient les spectres de 127 antibiotiques.

3.2 Extraction des connaissances

La forme hautement structurée du document permet l'extraction automatique des termes qui sont délimités soit par des retours à la ligne, soit par des caractères de ponctuation. L'extraction nécessite seulement l'utilisation d'un outil de pattern matching permettant de reconnaître cette structuration. Il n'est pas utile d'appliquer

les méthodes de lemmatisation et d'analyse morpho-syntaxique pour obtenir les candidats termes.

Catégories	**Fréquence de résistance acquise en France (> 10%) (valeurs extrêmes)**
ESPÈCES SENSIBLES **Aérobies à Gram positif** *Corynebacterium diphtheriae* *Listeria monocytogenes* *Nocardia asteroïdes* .... **Aérobies à Gram négatif** *Acinetobacter*	 50 - 80 % 20 - 60 %
ESPÈCES MODÉRÉMENT SENSIBLES **Aérobies à Gram positif** *Enterococcus faecalis* ...	
ESPÈCES RÉSISTANTES **Aérobies à Gram positif** *Enterococcus faecium*	

Fig. 1 – Spectre antibactérien de l'antibiotique Ticarcilline (extrait du document de l'Afssaps). La bactérie *Nocardia asteroïdes* qui est une bactérie Aérobie à Gram positif est naturellement sensible à la Ticarcilline mais 50 à 80% des bactéries de cette espèce ont une résistance acquise à cet antibiotique

Les termes marqueurs de début de section (« Espèces sensibles », « bactéries aérobie gram négatif ») restent associés à chaque terme extrait à l'intérieur de la section et permettront ainsi de rattacher une bactérie à un ensemble d'éléments descriptifs comme le mode respiratoire ou la coloration de Gram.

Le résultat de l'extraction se présente sous la forme {Antibiotique, Bactérie, Sensibilité naturelle, Prévalence de résistance acquise, marqueurs de section}. La méthode d'extraction présentée dans la figure 2 décrit l'analyse séquentielle de recherche de pattern qui a été utilisée pour réaliser l'extraction automatique des spectres antibactériens.

En appliquant cet algorithme, pour les 127 antibiotiques contenus dans le document, 3725 spectres ont été extraits. L'extraction a failli lorsque le document ne respectait pas la convention de structure tabloïde (par exemple le spectre de la Tobramycine inhalée est un tableau dont la première colonne indique la résistance naturelle et la deuxième colonne liste les bactéries). Un glossaire des bactéries a été constitué qui contient 254 termes de bactéries

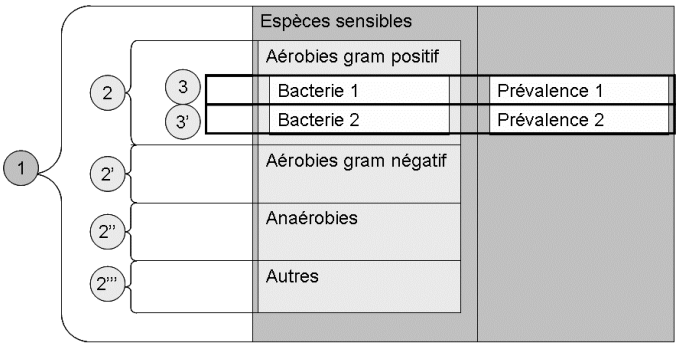

Fig. 2 – Méthodologie d'extraction automatique des spectres. Pour chaque antibiotique, le tableau des sensibilités est parcouru. Une première segmentation se fait sur les lignes du tableau (1) et permet de distinguer des sections de sensibilités naturelles (espèces sensibles, espèces modérément sensibles et des bactéries résistantes). Au sein de cette section, une deuxième segmentation est réalisée (2) grâce à l'identification des marqueurs de regroupements (aérobies gram positif, aérobies, gram négatif...). Enfin au sein de cette section, l'extraction des bactéries est réalisée ainsi que leur prévalence de résistance grâce au repérage des retours à la ligne. L'ensemble du traitement réalisé permet d'associer la bactérie extraite à son regroupement, à sa sensibilité naturelle et à son antibiotique.

4 Représentation des connaissances sur les bactéries

4.1 Analyse du glossaire et conceptualisation

Le glossaire généré à l'issue de l'étape d'extraction automatique ne contient que les bactéries telles qu'elles ont été dénommées dans le texte ainsi que leur propriétés de coloration de gram, de mécanisme respiratoire et leur morphologie (en tête de section). Ce glossaire a été analysé manuellement par un expert en microbiologie pour associer toutes les expressions d'une même bactérie à un concept unique de Bactérie Nommée (par exemple *Moraxella catharralis*, *Branhamella catharralis* et *M. catharralis* sont les termes utilisés pour exprimer le concept de Bactérie Nommée *Moraxella catharralis*). Dans les situations ambiguës, l'expert a recherché dans le document initial le contexte du mot (par exemple déterminer si « streptocoques » est associé à la famille des streptocoques ou au genre *Streptococcus*,). Il a aussi complété les propriétés manquantes (coloration de Gram, morphologie, mode respiratoire...) en utilisant ses propres connaissances du domaine ou en consultant des livres de microbiologie. Les connaissances que l'expert a mobilisée relèvent du savoir faire commun à tous les bactériologistes.

Les 254 termes de bactéries extraits ont été normalisés en utilisant 193 concepts de bactéries (0 à 4 synonymes par concept). Pour 37 concepts de bactéries nommées, les propriétés rattachées étaient incohérentes (par exemple, *Actinomyces* est défini 25 fois comme anaérobies et 5 fois comme aérobie), ce qui a été tranché par l'expert.

La liste finale de concepts a ensuite été analysée manuellement par le microbiologiste pour identifier des concepts décrivant des espèces bactériennes (e.g : *Chlamydia pneumoniae*), des genres bactériens (e.g. : *Chlamydia*) ou des regroupements de bactéries (e.g : *entérobactéries*).

Les concepts décrivant des regroupements de bactéries ont pu être divisés en 3 types :

- ceux décrivant des regroupements non spécifiques (11) contenant divers genres bactériens (par exemple bactérie anaérobie, bacille gram négatif aérobie strict...) et correspondant dans la plupart des cas aux termes marqueurs de section ,
- ceux décrivant des regroupements spécifiques d'espèces (5) contenant des espèces particulières d'un genre bactériens (e.g : Staphylocoque à coagulase négative, Streptocoque du groupe C de Lancefield),
- ceux décrivant des regroupements taxonomiques (9) contenant des listes fixes de genres bactériens (e.g : Entérobactérie, Mycobactérie atypique...).

4.2 Concepts structurants, propriétés, et concepts définis

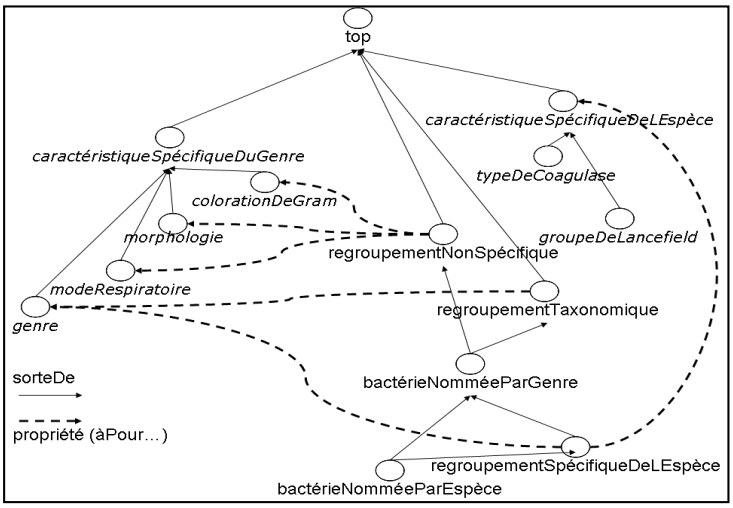

Fig. 3 – Le niveau haut de l'ontologie des bactéries

Les concepts structurants et les propriétés ont été déduits manuellement de l'analyse des 25 concepts de regroupement, dans la mesure où les concepts de bactéries nommées devaient pouvoir être classés sous les concepts de regroupement.

Sept concepts atomiques ont été définis : colorationDeGram, modeRespiratoire, morphologie, groupeDeLancefield, typeDeCoagulase, typeHémolytique, genre

Sept propriétés ont été définies : aPourColorationDeGram, aPourMorphologie, aPourModeRespiratoire, aPourGroupeDeLancefield, aPourTypeHémolytique, aPourTypeDeCoagulase, aPourGenre.

Chaque fils de Bactérie Nommée a été défini selon les propriétés décrites précédemment en utilisant des restrictions « nécessaire et suffisant » et « suffisant ». La figure 3 illustre le niveau haut de l'ontologie.

5 Explicitation des spectres antibactériens en utilisant l'ontologie des bactéries

En utilisant le classifieur Racer (RACER, 2007), une classification des bactéries a été obtenue (figure 4) et validée par un microbiologiste. Un algorithme utilisant cette classification a été développé pour expliciter les spectres antibactériens comportant des regroupements de bactéries (figure 5).

Parmi les 19558 spectres qu'il est possible de générer à partir des 127 antibiotiques du document et des 154 concepts de Bactérie Nommée identifiés, 3476 (18%) ont été trouvé directement, 4528 (23%) ont été trouvés grâce à l'utilisation de l'ontologie, et 59% n'ont pas été documentés car non décrits dans le document.

Pour évaluer l'intérêt médical de l'expansion de la recherche des spectres avec l'ontologie, une étude préliminaire a été conduite. Elle a consisté à comparer les spectres trouvés par un médecin généraliste et le système à base d'ontologie avec ceux trouvés par un expert en microbiologie. L'évaluation a porté sur la recherche de spectres concernant 45 antibiotiques et 10 bactéries sélectionnées de façon aléatoire.

Le pourcentage de réponses correctes fournies par le médecin généraliste a été de [84-90%] (intervalle de confiance à 95%) et celui du système à base d'ontologie a été de [94-95%]. Une recherche sans aucun raisonnement (ni médical, ni ontologique) rapporte [66-74%] de réponses correctes.

Le médecin généraliste a eu des difficultés à inférer la connaissance en microbiologie. Ceci est du à une méconnaissance de la taxonomie bactérienne (e.g : inférer que *Klebsiella* est une entérobactérie, que *Vibio cholerae* n'est pas une entérobactérie).

Le système à base d'ontologie n'a pas permis de reproduire intégralement le mode de raisonnement du microbiologiste qui assimile un genre bactérien à une espèce bactérienne lorsque ce genre bactérien ne contient qu'une seule espèce (eg : Pasteurella multocida est équivalent à Pasteurella).

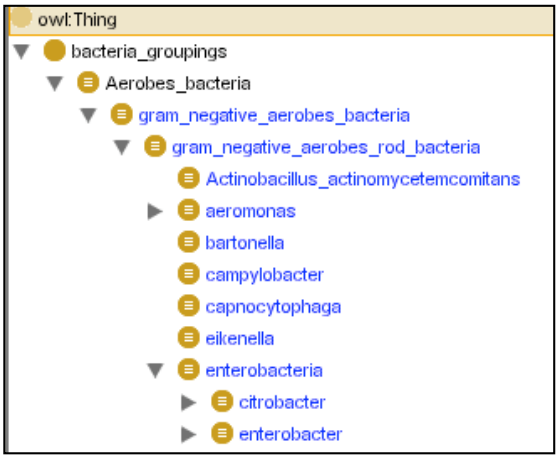

Fig. 4 – Extrait de la classification des bactéries après application de Racer

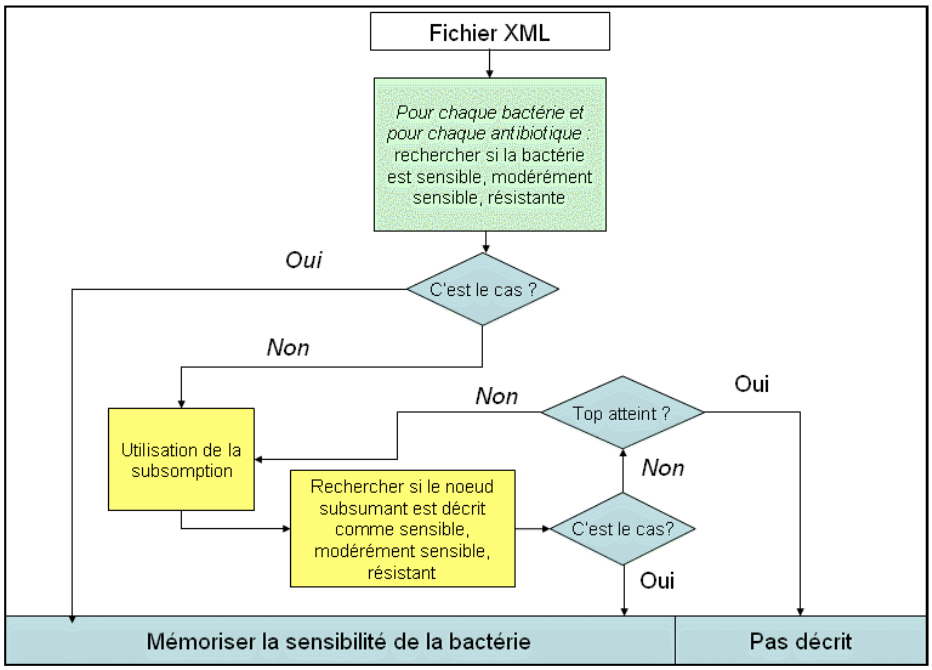

Fig. 5 – Algorithme de mémorisation de la sensibilité de la bactérie utilisant les informations de classification des bactéries.

6 Présentation des connaissances : recherche et visualisation des spectres antibactériens

Afin d'offrir aux médecins généralistes, un environnement pour rechercher l'activité des antibiotiques, un site Web a été développé (http://projet2-limbio.smbh.univ-paris13.fr/antibiocarte). Ce site permet la recherche de spectres antimicrobiens par situation infectieuse, par bactérie, et enfin, par antibiotique. Les résultats de la recherche se présentent sous la forme d'un tableau dont les colonnes représentent les bactéries, les lignes les antibiotiques. L'intersection entre les colonnes et les lignes sert à afficher une variable représentant la sensibilité de la bactérie à l'antibiotique et sa prévalence de résistance. Pour faciliter le comparatif et la visualisation, cette variable a un affichage graphique sous la forme d'une barre de 100 pixels qui sont colorés en fonction des valeurs de prévalence de résistance (vert-orange-rouge pour sensible-modérément sensible-résistant) (cf figure 6)

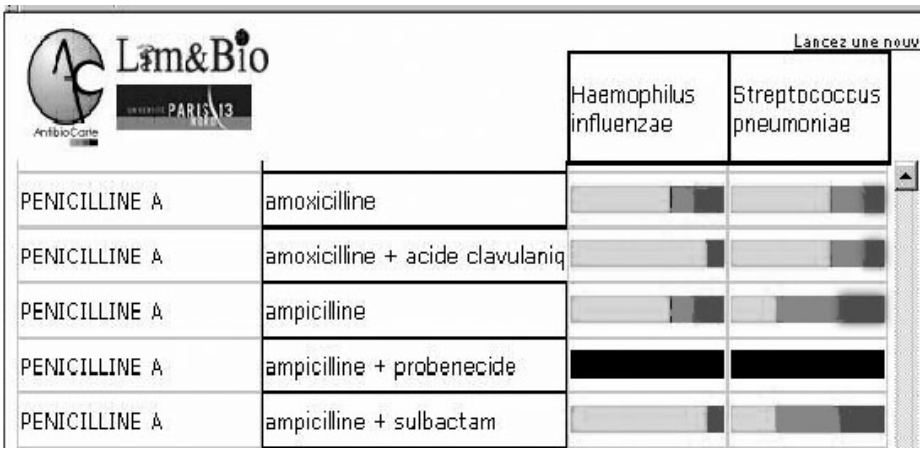

Fig. 6 - Extrait du tableau de résultats obtenu lorsque l'utilisateur recherche des informations sur les antibiotiques actifs sur les bactéries impliquées dans l'otite moyenne aigue chez l'enfant de moins de 2 ans. Les bactéries impliquées sont *Haemophilus influenzae* et *Streptococcus pneumoniae*. La lecture des différents antibiotiques de la classe des pénicillines A montre que *Streptococcus pneumoniae* présente une prévalence de résistance identique pour amoxicilline et amoxicilline + acide clavulanique, et que *Haemophilus influenzae* présente une prévalence de résistance plus faible pour amoxicilline + acide clavulanique que pour amoxicilline

Gris clair= sensible, gris moyen= sensibilité intermédiaire, Gris foncé= résistant, Noir=Non décrit

7 Discussion

Nous avons développé un outil capable de rendre un document textuel difficilement utilisable par des médecins généralistes en un site web utile et attractif répondant à leur besoin de recherche d'information. Le médecin n'a plus à se demander si telle bactérie (par exemple *Clostridium perfringens*) a telle particularité (par exemple Anaérobie stricte) pour rechercher sa sensibilité, la connaissance de son nom suffit à cette tâche.

Le fait que le document de l'Affsaps soit hautement structuré a simplifié son traitement. Ainsi l'étape d'acquisition des termes n'a pas nécessité l'utilisation d'outils de types extracteur de candidats termes (Bourrigault & Aussenac-gilles, 2003) car les termes étaient identifiables par des marqueurs de début et de fin. De même les outils d'aide à la structuration des termes et à leur regroupement n'ont pas été nécessaires d'une part parce que le nombre de concepts de regroupement était faible et d'autre part parce qu'il existait une structuration hiérarchique implicite dans le document.

L'évolution de l'outil dépend de la capacité à mettre à jour les connaissances qu'il contient. Le module d'extraction automatique que nous avons mis en place permet de faire une partie du travail mais nécessite encore une validation manuelle des spectres

extraits. On peut envisager de le perfectionner pour le rendre apte à identifier les non respects de format du document Afssaps, pour faire le lien automatique avec des termes normalisés de bactérie et pour suggérer l'existence de nouvelles connaissances (différentiel entre les versions, absence de terme normalisé...). La nouvelle version du document Afssaps, qui devrait paraître en 2008 (mise à jour tous les 2 ans), nous permettra de tester ces améliorations et de vérifier la faisabilité de la mise à jour automatique de la base de connaissances. L'organisation des concepts de bactérie sous la forme d'une ontologie simplifie par contre la maintenance par rapport à une classification ad hoc des bactéries. En cas d'évolution du contenu du document, d'introduction de nouveaux niveaux de regroupement, il suffira de modifier la définition des bactéries et d'utiliser l'algorithme de classification.

Lors de l'évaluation tout à fait préliminaire de l'ontologie, nous avons mis en évidence le manque de certaines connaissances métier du microbiologiste comme le fait d'assimiler une bactérie dénommée par l'espèce à une bactérie dénommée par son genre lorsque ce genre bactérien ne contient qu'une espèce. Il faudra confirmer ces modalités de raisonnement en consultant d'autres experts, mais l'introduction de nouveaux niveaux de regroupement comme les genres mono espèce et les genres multi espèces nous permettrait de résoudre cette lacune. Une expertise à plus grande échelle de l'algorithme d'explicitation des spectres est en cours, elle confrontera les résultats du système à ceux de deux experts en microbiologie pour 4620 spectres.

L'outil développé est directement accessible en ligne ce qui facilite son utilisation. Il offre surtout un module de visualisation des spectres totalement graphique. Cet outil permet de comparer directement en une fois l'activité de plusieurs antibiotiques sur plusieurs bactéries. Il offre ainsi au médecin un moyen rapide pour vérifier si l'antibiotique qu'il a choisi de prescrire est potentiellement efficace. Cette technique de visualisation est d'autant plus utilisable pour le médecin que le nombre de lignes et de colonnes est restreint. Nous travaillons actuellement sur l'élaboration de critères permettant de filtrer les connaissances permettant de réduire le nombre de ligne et de colonne proposées au médecin ou de sélectionner/cacher directement des lignes/colonnes.

Le site est en cours d'évaluation auprès de médecins généralistes. Les premiers résultats partiels de cette évaluation montrent une très bonne appropriation de l'outil (en quelques minutes) et une augmentation de la confiance sur la prescription de l'antibiotique. Les médecins sont très enthousiastes vis à vis de l'outil qui leur offre pour la première fois de comparer les antibiotiques d'une même classe.

8 Conclusion

Le site que nous avons développé apporte une solution pour comparer les spectres antibactériens et offre une vision rapide et complète sur l'arsenal thérapeutique disponible. Malgré ses lacunes en bactériologie, le médecin doit pouvoir ainsi instaurer une antibiothérapie probabiliste efficace sur les germes habituellement rencontrés dans une infection donnée, changer un traitement en cours en cas de

problème de tolérance ou d'inefficacité, changer de molécule si l'on souhaite élargir/restreindre le spectre.

Remerciements

Nous remercions le Fonds pour la Promotion de l'Information Médicale pour les crédits apportés à ce projet

Références

BAADER F, HORROCKS I, SATTLER U. (2004). Description logics. In: Handbook on ontologies, Staab and Studer eds, Berlin: Springer-Verlag, 2004, p 3-28

BOURRIGAULT D, AUSSENAC-GILLES N. (2003). Construction d'ontologies à partir de textes. TALN 2003

DSMZ BACTERIAL NOMENCLATURE (2007). Deutsche Sammlung von Mikroorganismen un Zellkulturen. .http://www.dsmz.de/bactnom/bactname.htm

DUCLOS C, CARTOLANO GL, GHEZ M, VENOT A. (2004). Structured representation of the phamacodynamics section of the summary of product characteristics for antibiotics: application for automated extraction and visualization of their antimicrobial activity spectra. *JAMIA*. 11(4), p. 285-293.

DUCLOS C, NOBÉCOURT J, VENOT A. (2005). Trois méthodes d'analyse pour conceptualiser le contenu de différentes sections des monographies des médicaments. *Actes des 16èmes journées francophones d'ingénierie des connaissances : IC'2005* p 97-108.

LBSN LIST OF BACTERIAL NAMES WITH STANDING NOMENCLATURE. http://www.bacterio.cicit.fr

MANTHOUS C, AMOATENG-ADJEPONG Y. (2000). Empiric antibiotic use and resistant microbes : a « Catch 22 » for the 21sr Century. *Chest*. 118, p. 9-11.

MESH: MEDICAL SUBJECT HEADING (2006) http://www.nlm.nih.gov/mesh/2006/MBrowser.html

MOSS F, MCSWIGGAN, MCNICOL M, MILLER D. (1981). Survey of antibiotic prescribing in a district general hospital. I. Pattern of use. *Lancet*. 2, p. 349-352.

OPENGALEN: (2007). http://www.opengalen.org/ressources.html

PROTEGE: (2007). http://protege.stanford.edu/

RACER: (2007).http://www.racer-systems.com/products/tools/protege.phtml

SNOMED CT: (2007). http://www.snomed.org

YU V, STOEHR G, STARLING R, SHOGAN J (1991). Empiric selection by physician: evaluation of reasoning strategies. *Am J Med Sci*. 301, p. 165-72.