



HAL
open science

Une ontologie pour modéliser les bioagresseurs des plantes

F Amardeilh, S Bernard, R Bossy, M Courtin, M Hirschy, P Larignon,
Catherine Roussey, N Sauvion

► **To cite this version:**

F Amardeilh, S Bernard, R Bossy, M Courtin, M Hirschy, et al.. Une ontologie pour modéliser les bioagresseurs des plantes. 35es Journées francophones d'Ingénierie des Connaissances (IC 2024)@ Plate-Forme Intelligence Artificielle (PFIA 2024), AFIA-Association Française pour l'Intelligence Artificielle, Jul 2024, La Rochelle, France. pp.8-13. hal-04638343

HAL Id: hal-04638343

<https://hal.science/hal-04638343v1>

Submitted on 8 Jul 2024

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.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - NoDerivatives 4.0
International License

Une ontologie pour modéliser les bioagresseurs des plantes

F. Amardeilh¹, S. Bernard², R. Bossy³, M. Courtin³,
M. Hirschy⁴, P. Larignon⁵, C. Roussey⁶, N. Sauvion⁷.

¹ Elzeard, Bordeaux, France

² LISC, INRAE, Aubière, France

³ MaIAGE, INRAE, Jouy-en-Josas, France

⁴ Acta, Paris, France

⁵ IFV, Occitanie, RODILHAN, France

⁶ MISTEA, INRAE, Montpellier, France

⁷ PHIM, Univ Montpellier, INRAE, CIRAD, IRD, Institut Agro, Montpellier, France

florence.amardeilh@elzeard.co, matthieu.hirschy@acta.asso.fr, philippe.larignon@vignevin.com,
prenom.nom@inrae.fr

Résumé

Le projet ANR "Des Données aux Connaissances en Agronomie et Biodiversité" (D2KAB) met à disposition une archive de bulletins agricoles publiée sur le Web. Pour annoter les bulletins à l'aide des maladies et des bioagresseurs des cultures, nous avons besoin d'une nouvelle ressource sémantique. Plusieurs ontologies et graphes de connaissances existent déjà sur le sujet mais ne couvrent pas l'intégralité de nos besoins. Nous avons donc développé une nouvelle ontologie "BioAGgressor Ontology" (BAGO) en réutilisant le plus possible des éléments d'ontologies existantes. Cette nouvelle ontologie a été développée en utilisant la méthodologie LOT en partenariat avec 4 experts en agriculture, entomologie et maladie des plantes.

Mots-clés

ontologie, Web de données, données liées, bioagresseurs des cultures, organismes nuisibles, maladie des plantes, agriculture.

Abstract

The French ANR project "Data to Knowledge in Agronomy and Biodiversity" (D2KAB) builds an archive of French agricultural alert newsletters. In order to annotate plant disease and pest, we need a new semantic resource. Several ontologies and knowledge graphs already exist on the subject but do not cover all of our needs. We have therefore developed a new ontology "BioAGgressor Ontology" (BAGO) by reusing elements of existing ontologies as much as possible. This new ontology was developed using the LOT methodology in partnership with 4 experts in agriculture, entomology or plant disease.

Keywords

ontology, Web of Data, Linked Open Data, pests, harmful organisms, plant disease, agriculture.

1 Introduction

L'agronomie et l'agriculture sont confrontées à plusieurs défis sociétaux, économiques et environnementaux majeurs, nécessitant des innovations technologiques. Le projet ANR *Des Données aux Connaissances en Agronomie et Biodiversité* (D2KAB)¹ illustre comment la science des données contribue au développement d'applications agricoles innovantes. L'objectif de D2KAB est de créer un cadre pour transformer les données d'agronomie et de biodiversité en connaissances interopérables, exploitables et ouvertes. Pour construire un tel cadre, nous nous appuyons sur des ressources (par exemple, des thésaurus ou des ontologies) pour décrire nos données et les publier en tant que données ouvertes liées. Nous utilisons le portail web Agro-Portal² [7] pour trouver, publier et partager des ressources puis nous les exploitons dans des applications dédiées à l'agriculture ou l'environnement.

L'un des scénarios agricoles de D2KAB consiste à construire un navigateur web augmenté pour les bulletins officiels d'alertes agricoles français, appelés *Bulletins de Santé du Végétal* (BSV). Le prototype interrogera une archive de BSV disponible sous forme de fichiers PDF. Chaque bulletin sera annoté et ses annotations seront publiées sur le Web de données liées. Les annotations seront produites, entre autre, à partir de techniques de traitement automatique de la langue appliquées sur les contenus textuels des BSV. Des mentions de maladies, de ravageurs, d'agents pathogènes, de vecteurs³, de symptômes

1. www.d2kab.org

2. <http://agroportal.lirmm.fr>

3. Un vecteur est soit un organisme vivant (biotique : arthropodes, nématodes, oiseaux, humains, ...) soit un facteur non vivant (abiotique : vent, eau, véhicule de transport,...) qui est capable de transporter avec succès un bioagresseur d'un organisme affecté vers un organisme sain, ou dans l'environnement ou à des aliments de cet organisme sain. Le transport sera considéré comme efficace s'il permet le maintien du bioagresseur dans l'environnement considéré. Dans le cas des arthropodes vecteurs, pour

visibles et de plantes cultivées sont toujours présentes dans les BSV, pour informer les lecteurs de l'état sanitaire des cultures. Afin d'annoter les observations des bioagresseurs des cultures et de leurs vecteurs, nous avons besoin d'une ressource spécifique adaptée aux vocabulaires francophones utilisés dans les BSV. Un bioagresseur se définit comme un organisme vivant non désirable dans une parcelle agricole et qui impacte négativement la production agricole. Un bioagresseur peut être un organisme nuisible (agent pathogène ou ravageur) ou une plante adventice⁴. Notre nouvelle ontologie s'intitule "BioAGGessor Ontology" (BAGO). Elle sera instanciée ultérieurement pour construire des graphes de connaissances représentant les bioagresseurs connus d'une culture donnée.

Le reste de l'article est organisé comme suit : La section 2 passe en revue les ontologies existantes pour décrire les bioagresseurs des cultures ; La section 3 illustre la méthodologie utilisée pour construire l'ontologie BAGO ; La section 4 présente deux design patterns de BAGO. La section 5 discute les difficultés rencontrées. La section 6 propose des perspectives.

2 État de l'art sur les ontologies des bioagresseurs des plantes

Nous nous sommes intéressés aux ontologies décrivant les maladies et les bioagresseurs des plantes cultivées. Un bioagresseur se décrit en fonction de son impact sur la plante : un organisme nuisible (agent pathogène ou ravageur), une plante adventice. Le bioagresseur est introduit dans l'environnement de la plante par le biais d'un vecteur biotique ou abiotique (cf. note de bas de page 3). Nous avons dans un premier temps cherché des articles décrivant la conception d'une telle ontologie dans Google Scholar puis dans le portail Agroportal. Le tableau 1 indique pour chaque référence sa couverture en termes de : maladies (mal.), organismes nuisibles (nuis.), vecteurs (vec.), taxonomie scientifique utilisée (tax.), plantes cultivées (cult.) et symptômes (smp.). Dans les lignes du tableau, le caractère 'o' signifie oui, 'n' signifie non, '?' pas d'avis, 'pat.' signifie pathogène, 'ins.' signifie insecte ravageur.

La communauté BFO a produit une ontologie décrivant les processus biologiques impliqués dans des maladies infectieuses : "Infectious Disease Ontology (IDO)". Les travaux de [21] spécialisent IDO pour le cas des maladies des

être considéré comme vecteur avéré, l'organisme vivant doit non seulement être porteur de l'agent pathogène mais aussi ensuite être capable de l'inoculer dans un nouvel hôte sain. Ainsi, un arthropode peut se retrouver porteur d'un agent pathogène en se nourrissant de la sève d'une plante infectée ou de sang contaminé, mais ne pas avoir la capacité vectorielle à inoculer cet agent pathogène. A sein d'un agrosystème, le transport ne se fait pas nécessairement uniquement entre parcelles cultivées. Les plantes du milieu sauvage (non cultivé) peuvent être réservoir de bioagresseurs et/ou de vecteurs biotiques. Un vecteur biotique peut aussi être en plus un ravageur des cultures (ex. puceron). Les vecteurs biotiques en santé du végétal sont principalement des insectes piqueurs-suceurs (hémiptères) ou des nématodes (vers ronds).

4. Une plante adventice est un bioagresseur végétal qui apparaît dans une parcelle agricole, sans être cultivée. Elle se développe en concurrence avec les plantes cultivées.

ref.	mal.	nuis.	vec.	tax.	cult.	smp.
[21]	o	pat.	n	ncbi	o	n
[1]	o	ins.	o	UniProt	o	o
[3]	?	?	?	?	vigne	?
[8]	n	o	n	ncbi	o	n
[9]	o	ins.	?	?	o	o
[15]	o	ins.	n	Agrovoc	arbo	o
[2]	n	o	n	eppo	o	n

TABLE 1 – Analyse des ontologies existantes

plantes en produisant une nouvelle ontologie intitulée IDOplant. A notre connaissance, IDOplant est la seule ontologie qui modélise les maladies comme un processus. Dans IDOplant les organismes vivants sont représentés par l'ontologie NCBITaxon décrivant la taxonomie du NCBI[19]. MedISys est une plate-forme d'épidémiologie végétale qui suit l'évolution des bioagresseurs dans les journaux et les blogs. Ce système utilise l'ontologie "Core Plant Plant Health Threat" [1]. Malheureusement cette ontologie n'est pas disponible. Nous avons trouvé intéressant le patron qui décrit les symptômes en précisant l'organe de plante atteint et le type de symptômes. Ces organes sont importés depuis l'ontologie "Plant Ontology (PO)" [6]. Le graphe de connaissances décrivant la taxonomie scientifique UniProt [11] est utilisé pour décrire les organismes vivants.

Les travaux de [3] proposent une base de connaissances et des règles d'inférences associées pour l'aide à la décision dans la lutte intégrée des bioagresseurs de la vigne de table. Les règles implémentent les seuils de la régulation espagnole. Malheureusement cette base n'est pas accessible.

Les travaux de [8] ont produit une ontologie des bioagresseurs des plantes cultivées et des traitements par apprentissage des règles à partir de textes rédigés en espagnol. L'ontologie produite s'intitule "Pests in Crops and their Treatments (PCTO)". PCTO modélise les épidémies comme une relation N-aire entre une culture et un organisme nuisible. PCTO intègre aussi les traitements de luttés associées. Elle utilise NCBITaxon [19] pour décrire les bioagresseurs. Elle est disponible en téléchargement depuis l'article.

AgriEnt est un système d'aide à la décision de diagnostic et de luttés des insectes ravageurs des cultures principales d'équateur [10]. Ce système utilise une ontologie "AgriEnt ontology" et un ensemble de règles SWRL [9] pour déterminer l'insecte à partir des symptômes sur la culture. Cette ontologie n'est pas disponible. Elle s'inspire d'ontologies déjà publiées comme : Plant Ontology [6] et IDOplant [21]. Les travaux de [16] développent un système d'aide à l'identification des bioagresseurs des cultures à partir des descriptions textuelles de symptômes décrits en espagnol. Une fois que l'agriculteur a identifié le bioagresseur le système lui propose un ensemble de traitements. Les cultures considérées sont l'amandier, l'olivier et la vigne. Ce système intègre une ontologie CropPestO [15] et une base de connaissances associée. L'ontologie utilise les concepts du thésaurus Agrovoc pour identifier les cultures et les bioagresseurs. CropPestO est disponible par téléchargement à partir de

l'article [16].

L'entreprise Bayer a transformé la base de données de l'Organisation Européenne et Méditerranéenne pour la Protection des Plantes (OEPP) (plus connue sous le nom de EPPO Global database⁵) en ontologie pour des besoins internes d'échange de données [2]. L'ontologie définit une classe pour chaque bioagresseur et chaque culture.

Une recherche sur Agroportal nous a donné une ontologie supplémentaire : Crop Disease Ontology⁶ publiée en 2020. Elle définit 9 classes et 12 propriétés objets sans aucun commentaire. De plus, elle n'est associée à aucune publication pour comprendre sa modélisation et son usage.

En résumé, IDOPLant [21] est la seule ontologie qui représente une agression comme un processus. PCTO [8] modélise une agression d'une plante cultivée par un bioagresseur sous la forme d'une relation N-aire. Les autres ontologies représentent les interactions plantes bioagresseurs sous forme de relations binaires. Plusieurs ontologies décrivent les symptômes et nous avons apprécié le patron de "Core Plant Plant Health Threat" [1] qui indique dans l'expression de symptôme l'organe atteint. Chacune de ces ontologies utilise une diversité de taxonomie scientifique, mais NCBITaxon [19] est la plus souvent utilisée.

3 Développement d'ontologies

Linked Open Terms (LOT)⁷ est une méthodologie utilisée pour le développement d'ontologies [14]. Cette méthodologie se concentre sur (1) la réutilisation d'éléments (classes, propriétés et attributs) existant dans des ontologies déjà publiées et (2) la publication de l'ontologie selon les principes du Web de données liées. Elle réutilise trois activités d'ingénierie des connaissances définies dans la méthodologie NeOn [20]. Cette méthodologie définit les itérations sur les quatre activités suivantes : (1) spécification des besoins ontologiques, (2) implémentation de l'ontologie, (3) publication de l'ontologie et (4) maintenance de l'ontologie.

3.1 Spécification des besoins ontologiques

Les besoins ont été spécifiés à l'aide de questions de compétences illustrées d'exemples. Ces questions ont été mises à jour au cours de la phase d'implémentation de l'ontologie. Dans l'état actuel BAGO répond à 15 questions de compétences :

1. Quels sont les taxons scientifiques qui caractérisent l'organisme vivant ? L'organisme vivant est un insecte, un champignon, ...
2. Quelle est l'espèce qui caractérise l'organisme vivant ? Ce plant de vigne appartient à l'espèce "Vitis vinifera".
3. Quels sont les noms vernaculaires décrivant l'organisme vivant ? Ce plant est une vigne cultivée.
4. Quel est le rôle d'un organisme vivant impliqué dans une attaque de bioagresseur ? Ce plant de "Vitis

vinifera" est l'hôte. L'insecte "Daktulosphaira vitifoliae" est l'agresseur.

5. Quel est le type de bioagresseur ? L'insecte "Daktulosphaira vitifoliae" est un ravageur.
6. Quelles sont les plantes attaquées par le bioagresseur ? L'insecte "Daktulosphaira vitifoliae" attaque les plants de l'espèce "Vitis vinifera".
7. Quelles sont les maladies associées à une plante ? Les maladies de la vigne sont le phylloxera, le mildiou, etc...
8. Quel est l'agent pathogène qui provoque cette maladie ? Le mildiou est provoqué par le champignon "Plasmopara viticola".
9. Quels sont les symptômes de cette maladie ? Les symptômes du phylloxera sont la présence de gâles sur les feuilles et l'apparition de tubérosités sur les racines.
10. Quelle partie de la plante présente des symptômes de l'attaque ? Une attaque de phylloxera apparaît sur les racines et les feuilles des vignes.
11. Quels sont les symptômes directs et indirects d'un organisme vivant ? L'apparition de tubérosités sur les racines sont des symptômes directs du phylloxera.
12. Quelle est la classe de maladie par type d'organes atteints ? Le phylloxera est une maladie des racines.
13. Quelle est la classe de maladie par type d'agents pathogènes ? Le mildiou est une maladie fongique.
14. Quels sont les stades de développement où la plante hôte est sensible à une attaque du bioagresseur ? Les baies de raisin sont sensibles au mildiou jusqu'au stade véraison.
15. A quels stades de développement le bioagresseur attaque une plante ? La forme gallicole de l'espèce "Daktulosphaira vitifoliae" attaque les feuilles de vigne.

3.2 Implémentation de l'ontologie

Avant de commencer le développement de notre ontologie, nous avons étudié plusieurs ontologies du domaine agricole en plus de celles de la section 1 pour identifier des patrons de conception ontologique ou les éléments d'ontologie à réutiliser. Ainsi nous avons repris les éléments suivants :

- le patron d'expression de symptômes de l'ontologie "Core Plant Plant Health Threat" [1];
- le patron de description des organismes vivants et de leurs ressources génétiques de "Ontology for Experimental Scientific Objects Core" (OESO-CORE);
- le patron de spécification des connaissances versus observations d'événements réels de "Crop Planification and Production Process Ontology" (C3PO) [4];
- les classes des organes des plantes définies dans la "Plant Ontology" (PO) [6];

5. <https://gd.eppo.int/>

6. <https://agroportal.lirmm.fr/ontologies/CD>

7. <https://lot.linkeddata.es/>

- la classification des types de maladies, des types de bioagresseurs et des rôles dans IDOPlant [21];
- les stades phénologiques des graphes issus de "BBCH-based Plant Phenological Description Ontology" (PPDO) [17];
- la hiérarchie de classes décrivant les taxonomies scientifiques des ontologies NCBITaxon [19] et TAXREF-LD [12];
- la classe *fcuo :Crop* de l'ontologie "French Crop Usage Ontology" (FCUO)⁸ ainsi que le thésaurus FCU⁹ décrivant l'organisation des cultures en France.

Nous avons commencé par construire un premier diagramme à l'aide du langage CHOWLK et de l'outil collaboratif draw.io en utilisant les patrons précédents. Ensuite ce diagramme a évolué en fonction des commentaires des experts. Nos 4 experts (Florence Amardeilh, Mathieu Hirschy, Philippe Larignon, Nicolas Sauvion) ont été interviewés séparément pour modifier le diagramme CHOWLK en fonction de leur compréhension du domaine. Ainsi, nous avons construit en 5 itérations le modèle associé à l'ontologie.

Dès les premières itérations, nous avons proposé des définitions pour les classes et les propriétés d'objets. Ces définitions ont été partagées avec nos experts par le biais d'un fichier tabulé partagé sur le Web. Nous demandions aux experts s'ils avaient des définitions issues de sources de référence à nous proposer.

Nos définitions ont été inspirées des sources publiées¹⁰ par des organismes de recherche en agronomie comme : le site web INRAE Ephytia¹¹, le thésaurus de INRAE¹², les glossaires des livres tel que [18].

3.3 Encodage des ontologies

Une fois le modèle finalisé et les définitions validées, notre ontologie a été implémentée dans le langage OWL en utilisant Protégé (v5.1.0)[13] et son plugin Cellfie. Cellfie¹³ permet de transformer le contenu des fichiers tabulés en axiomes pour enrichir l'ontologie. Ainsi, nous avons utilisé le fichier tabulé des définitions pour documenter les classes. La mise en œuvre de l'ontologie comprenait la déclaration de métadonnées telles que les contributeurs, les dates et la licence, selon [5]. L'implémentation actuelle de BioAggressor Ontology (BAGO) contient :

- 67 classes, dont 27 sont des classes définies ;
- 52 propriétés objet (object properties) dont 4 sont définies par des chaînes de propriétés.

Ces éléments sont documentés par des propriétés d'annotation SKOS (*skos :definition*, *skos :note*, *skos :prefLabel*,

skos :altLabel). Elle réutilise certaines classes de TAXREF-LD, NCBITaxon, FCUO, et PPDO.

3.4 Évaluation et Publication de l'ontologie

Cette ontologie n'est pas encore finalisée au moment où nous écrivons cet article. Nous avons besoin de la peupler pour vérifier la cohérence et valider des règles d'inférences. Un premier test a été réalisé sur une agression de plant de vigne par un agent pathogène.

Pour maintenir cette ontologie et la faire évoluer, nous avons besoin d'obtenir les commentaires de la communauté d'utilisateurs potentiels. Le code OWL de l'ontologie est disponible dans un dépôt git hébergé sur la forge MIA de INRAE¹⁴. Ainsi les utilisateurs peuvent écrire des commentaires et rendre compte des problèmes rencontrés en déclarant des issues. La documentation du répertoire fournit aussi les adresses e-mail des responsables des ontologies. BAGO est publiée sur le portail Agroportal : <https://agroportal.lirmm.fr/ontologies/BAGO>. L'ontologie BAGO sera publiée sur le Web, avec un identifiant pérenne : <https://opendata.inrae.fr/bag-def>.

4 Présentation du modèle de BAGO

Vu sa construction, BAGO représente le point de vue des experts francophones dans le domaine des maladies des plantes. Nous avons fait le choix dans BAGO de modéliser une situation d'agression d'un bioagresseur sur une plante par une relation N-aire comme présenté dans la figure 1.

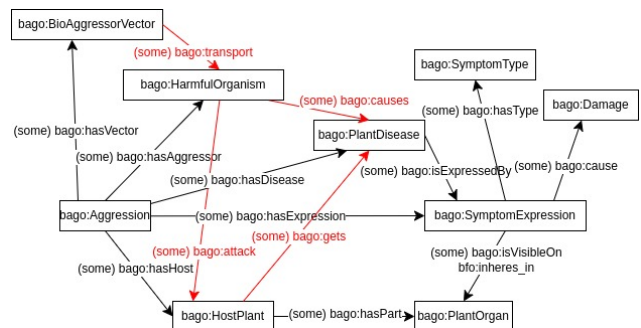


FIGURE 1 – modèle d'une agression

Ainsi, nous pourrions inférer les relations binaires d'interaction entre organismes à partir de cette relation N-aire. Dans la figure 1, les propriétés en rouge sont définies par des chaînes de propriétés (property chains). Nous pourrions ainsi aligner les données issues d'autres modèles comme la base d'épidémiologie végétale de l'INRAE.

Pour différencier les connaissances par rapport aux observations, nous avons repris le patron de C3PO spécification / réalisation. Une spécification agrège l'ensemble des connaissances connues sur une agression donnée alors que la réalisation indique uniquement ce qui a été observé en champs. La figure 2 présente le modèle d'une spécification d'agression indiquant les stades de développement où

14. <https://forgemia.inra.fr/bsv/bio-agressor-ontology>

8. <https://agroportal.lirmm.fr/ontologies/FCUO>

9. <https://agroportal.lirmm.fr/ontologies/CROPUSAGE>

10. La liste complète est décrite dans le readme du répertoire git

11. <https://ephytia.inra.fr/fr/>

12. <https://thesaurus.inrae.fr/thesaurus-inrae/fr/>

13. <https://github.com/protegeproject/cellfie-plugin>

la culture est sensible au bioagresseur. Ce modèle indique les stades de développement où le bioagresseur est en situation d'attaquer une culture. Pour ce faire, il faudra que l'ontologie PPDO soit étendue aux organismes zoologiques ou complétée par une autre ontologie.

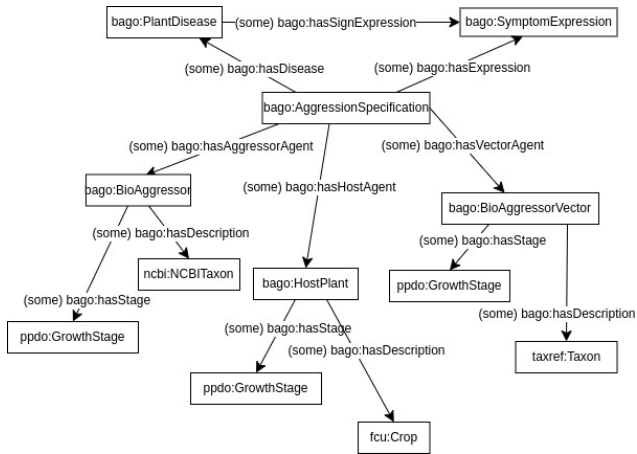


FIGURE 2 – modèle de spécification d'agression

5 Discussion

5.1 Méthode

Concernant la méthodologie de développement utilisée, les définitions en langue naturelle et leurs sources jouent un rôle important lors de la conceptualisation. Par exemple, trois termes proches ont été identifiés pendant la spécifications : symptômes, dégâts et dommages. Dans un premier temps aucune définition n'a fait consensus, jusqu'à ce qu'un des experts propose une définition issue d'une source de référence. L'usage des sources de référence permet de stabiliser les discussions entre experts, qui peuvent ne pas être d'accord entre eux.

Cellfie présente des limites, il ne travaille pas avec des propriétés objets. Ce qui nous a posé problème pour documenter les propriétés.

5.2 Modèles

IDOPLant modélise les rôles par des classes. Nous avons reproduit cette modélisation mais n'avons pas encore compris son utilité autre que documenter les classes d'organismes nuisibles en indiquant leur rôle dans une situation d'agression.

Nous avons choisi de travailler avec deux taxonomies scientifiques : celle de TAXREF-LD qui représente les organismes vivants présents sur le territoire français et NCBI-Taxon qui a une couverture plus large. Ainsi nous sommes sûrs d'être à jour sur l'évolution des connaissances taxonomiques des organismes vivants. TAXREF-LD ne couvre pas les micro-organismes de type levure ou bactérie. Les plantes cultivées sont aussi décrites par le thésaurus FCU. Les deux taxonomies ne sont pas complètement identiques, et peuvent présenter des formes d'incohérence sur le type de rang taxonomique indiqué pour un taxon. Il

existe des alignements entre ces trois ressources sémantiques (TAXREF-LD, NCBI-Taxon et FCU). Pour le moment nous avons choisi de ne pas utiliser les alignements connus entre ces sources, mais il serait intéressant dans des travaux futurs d'inclure et de faire évoluer ces alignements.

6 Synthèse et Conclusion

L'ontologie BAGO représente l'expertise française sur les bioagresseurs des plantes. Elle modélise une agression par une relation N-aire dans le but de pouvoir ajouter de nouvelles informations, comme les conditions climatiques qui favorisent l'apparition d'une maladie. Pour être compatible avec les modèles qui représentent les interactions entre organismes sous forme de relation binaires, cette information est dupliquée par d'autres propriétés objet.

Dans un future proche, BAGO sera instanciée et enrichie pour représenter les bioagresseurs de la vigne sous la forme d'un graphe de connaissances intégrant une partie des taxons de TAXREF-LD et NCBI-Taxon. Les identifiants des maladies et des bioagresseurs de la vigne ont été déclarés dans un fichier tabulé et utilisés pour annoter des BSV viticulture de la région Alsace. Comme perspectives nous avons également prévu de publier les alignements de BAGO avec l'ontologie IDOPlant qui nous a paru la plus complète.

Remerciements

Ces travaux ont été financés par projet ANR Data to Knowledge in Agronomy and Biodiversity (ANR-18-CE23-0017) et par le Plan de Relance et le Programme d'Investissements d'Avenir «i-Nov» du gouvernement français. Nous tenons à remercier la DIPSO INRAE, Sophie AUBIN et François-Xavier SENNESAL, pour leur aide dans les alignements avec le thésaurus INRAE et la publication des URIs. L'équipe Agroportal nous a aussi aider à publier BAGO.

Références

- [1] Oscar Alomar, Assumpció Batlle, Josep Maria Brunetti, Roberto García, Rosa Gil, Toni Granollers, Sara Jiménez, Amparo Laviña, Carme Reverté, Jordi Riudavets, et al. Development and testing of the media monitoring tool med is ys for the monitoring, early identification and reporting of existing and emerging plant health threats. *EFSA Supporting Publications*, 13(12):1118E, 2016.
- [2] Aarón Ayllón-Benitez, José Antonio Bernabé-Díaz, Paola Espinoza-Arias, Iker Esnaola-Gonzalez, Delphine SA Beekman, Bonnie McCaig, Kristin Hanzlik, Toon Cools, Carlos Castro Irigorri, and Nicolás Palacios. Eppo ontology : a semantic-driven approach for plant and pest codes representation. *Frontiers in Artificial Intelligence*, 6:1131667, 2023.
- [3] Joaquín Cañadas, Isabel M del Águila, and José Palma. Development of a web tool for action thre-

- should evaluation in table grape pest management. *Precision agriculture*, 18 :974–996, 2017.
- [4] Baptiste Darnala, Florence Amardeilh, Catherine Roussey, Konstantin Todorov, and Clement Jonquet. C3PO : a crop planning and production process ontology and knowledge graph. *Frontiers in Artificial Intelligence*, 6 :1187090, October 2023.
- [5] Daniel Garijo and M. Poveda Villalon. A checklist for complete vocabulary metadata. Technical report, WIDOCO, April 2017.
- [6] Pankaj Jaiswal, Shulamit Avraham, Katica Ilic, Elizabeth A Kellogg, Susan McCouch, Anuradha Pujar, Leonore Reiser, Seung Y Rhee, Martin M Sachs, Mary Schaeffer, et al. Plant ontology (po) : a controlled vocabulary of plant structures and growth stages. *Comparative and functional genomics*, 6(7-8) :388–397, 2005.
- [7] Clement Jonquet, Anne Toulet, Elizabeth Arnaud, Sophie Aubin, Esther Dzalé Yeumo, Vincent Emonet, John Graybeal, Marie-Angélique Laporte, Mark A. Musen, Valeria Pesce, and Pierre Larmande. AgroPortal : a vocabulary and ontology repository for agronomy. *Computers and Electronics in Agriculture*, 144 :126–143, January 2018.
- [8] Javier Lacasta, F. Javier Lopez-Pellicer, Borja Espejo-García, Javier Noguera-Iso, and F. Javier Zarazaga-Soria. Agricultural recommendation system for crop protection. *Computers and Electronics in Agriculture*, 152 :82–89, 2018.
- [9] Katty Lagos-Ortiz, José Medina-Moreira, César Morán-Castro, Carlos Campuzano, and Rafael Valencia-García. An ontology-based decision support system for insect pest control in crops. In *International Conference on Technologies and Innovation*, pages 3–14. Springer, 2018.
- [10] Katty Lagos-Ortiz, María del Pilar Salas-Zárate, Mario Andrés Paredes-Valverde, José Antonio García-Díaz, and Rafael Valencia-García. Agrirent : A knowledge-based web platform for managing insect pests of field crops. *Applied Sciences*, 10(3) :1040, 2020.
- [11] Michele Magrane and UniProt Consortium. Uniprot knowledgebase : a hub of integrated protein data. *Database*, 2011 :bar009, 2011.
- [12] Franck Michel, Olivier Gargominy, Sandrine Tercerie, and Catherine Faron Zucker. A Model to Represent Nomenclatural and Taxonomic Information as Linked Data. Application to the French Taxonomic Register, TAXREF. In *ISWC 2017 Workshop on Semantics for Biodiversity (S4Biodiv 2017)*, volume CEUR Vol. 1933, pages 1–12, Vienna, Austria, October 2017.
- [13] Mark A. Musen. The protégé project : a look back and a look forward. *AI Matters*, 1(4) :4–12, June 2015.
- [14] María Poveda-Villalón. A reuse-based lightweight method for developing linked data ontologies and vocabularies. In Elena Simperl, Philipp Cimiano, Axel Polleres, Oscar Corcho, and Valentina Presutti, editors, *The Semantic Web : Research and Applications*, pages 833–837, Berlin, Heidelberg, 2012. Springer Berlin Heidelberg.
- [15] Miguel Ángel Rodríguez-García and Francisco García-Sánchez. Croppesto : An ontology model for identifying and managing plant pests and diseases. In Rafael Valencia-García, Gema Alcaraz-Marmol, Javier Del Cioppo-Morstadt, Néstor Vera-Lucio, and Martha Bucaram-Leverone, editors, *Technologies and Innovation*, pages 18–29, Cham, 2020. Springer International Publishing.
- [16] Miguel Ángel Rodríguez-García, Francisco García-Sánchez, and Rafael Valencia-García. Knowledge-based system for crop pests and diseases recognition. *Electronics*, 10(8), 2021.
- [17] Catherine Roussey, Xavier Delpuech, Florence Amardeilh, Stephan Bernard, and Clement Jonquet. Semantic Description of Plant Phenological Development Stages, starting with Grapevine. In Emmanouel Garoufallou and María-Antonia Ovalle-Perandones, editors, *14th International Conference on Metadata and Semantics Research (MTSR 2020)*, volume 1355 of *Metadata and Semantic Research. MTSR 2020*, pages 257–268, Madrid, Spain, December 2020. Springer International Publishing. The final authenticated version is available online at https://doi.org/10.1007/978-3-030-71903-6_25.
- [18] Nicolas Sauvion, Paul-André Calatayud, Denis Thiery, and Frederic Marion-Poll. *Interactions insectes-plantes*. Editions Quae, IRD, 2013.
- [19] Eric W Sayers, Jeffrey Beck, Evan E Bolton, Devon Bourexis, James R Brister, Kathi Canese, Donald C Comeau, Kathryn Funk, Sunghwan Kim, William Klimke, et al. Database resources of the national center for biotechnology information. *Nucleic acids research*, 49(D1) :D10, 2021.
- [20] Mari Carmen Suárez-Figueroa, Asunción Gómez-Pérez, and Mariano Fernandez-Lopez. The neon methodology framework : A scenario-based methodology for ontology development. *Applied ontology*, 10(2) :107–145, 2015.
- [21] Ramona Walls, Barry Smith, Elser Justin, Goldfain Albert, W Stevenson Dennis, and Pankaj Jaiswal. A plant disease extension of the infectious disease ontology. In *Proceedings of the International Conference on Biomedical Ontology (ICBO-2012)*, Graz, Austria, 2012.