
Extraire et organiser des connaissances sur les pathogènes

Projet EPICURE

**Leïla RENARD¹, Thérèse LIBOUREL², Catherine MOULIA²,
Laurent GAVOTTE²**

1. Université de Montpellier, France

leilarenard.freelance@gmail.com

2. ESPACE-DEV, Univ Montpellier, IRD, Univ Antilles, Univ Guyane, Univ Réunion,
Montpellier, France

*therese.libourel@umontpellier.fr, catherine.moulia@umontpellier.fr, laurent
.gavotte@umontpellier.fr*

RÉSUMÉ. L'article présente l'approche suivie au sein du projet Epicure. Le projet consiste en la mise en œuvre d'un système d'information dédié, véritable base de connaissances approfondie et élargie nécessaire à l'étude et/ou la gestion du risque infectieux et parasitaire de notre monde. Le plan général du projet sera présenté avant de détailler le cœur de notre propos i.e la phase de conceptualisation qui se fonde sur l'interdisciplinarité et a pour objectif de remettre la connaissance au cœur de la science.

ABSTRACT. The article presents the approach taken within the Epicure project. The project consists in the implementation of a dedicated information system, genuine extensive and expanded knowledge base necessary for the study and/or management of the infectious and parasitic risk of our world. The general plan of the project will be presented before detailing the heart of our proposal i.e the conceptualisation phase, which is based on interdisciplinarity and aims to put knowledge back in the core of science.

MOTS-CLÉS : Pluridisciplinarité, Interdisciplinarité, Connaissance, Pathogène, Épidémiologie

KEYWORDS: Pluridisciplinarity, Interdisciplinarity, Knowledge, Pathogen, Epidemiology

1. Introduction

Notre travail s'inscrit dans le cadre du projet EpiCURE (*Eco-Epidemiology of Animal and Human Pathogens Comprehensive and Utilitary Resources*) développé grâce à un financement de l'I-site MUSE (Montpellier Université d'Excellence).

Ce projet, à visée pédagogique, s'appuie sur la nouvelle mention de master de l'université de Montpellier « Eco - EPI : Eco-épidémiologie », formation centrée spécifiquement autour des agents pathogènes des humains et des animaux.

Il s'agit de mettre en place une plateforme permettant de recueillir et rassembler des « informations exhaustives » concernant les agents pathogènes de maladies d'intérêt en santé humaine et vétérinaire, afin de les synthétiser, les présenter et permettre leur analyse de manière globale. L'ensemble des informations disponibles sera issu de la littérature scientifique ainsi que de sources gouvernementales ou supra-gouvernementales validées (OMS, OIE etc.) pour chacun des pathogènes connus. Les références des articles seront conservées par l'intermédiaire de métadonnées dont le noyau sera conforme aux standards classiques.

Par ensemble d'informations disponibles, nous entendons les données médicales et vétérinaires, biologiques, d'épidémiologie descriptive, mais aussi éco-environnementales et socio-économiques. Si une partie de ces informations sont actuellement disponibles via d'autres bases de données¹, elles se présentent sous forme fragmentée et incomplète. De plus, certaines de ces plateformes ne sont accessibles ni au grand public, ni à tous les acteurs scientifiques.

Ce projet présente 4 originalités :

- Il se positionne clairement dans l'approche « One Health » (Zinsstag *et al.*, 2020), (Evans *et al.*, 2014) ou « Une seule santé », vision holistique de la santé et des liens entre santé, qualité de l'environnement (eau, air...), climat, socio - et éco-systèmes.
- Cette pluridisciplinarité structurelle du « One Health » est complétée par la mise en œuvre concrète de la pluridisciplinarité et de l'interdisciplinarité via les échanges nécessaires entre informaticiens et éco-épidémiologistes (Bizouarn, 2016).
- Le projet se construit par des échanges recherche-enseignement qui demandent de penser la pédagogie autour de la participation active des étudiants et de la co-construction. Brièvement, les informations seront collectées par les étudiants des promotions successives de la nouvelle mention, puis validées par l'équipe pédagogique constituée d'experts des différents champs thématiques et disciplinaires concernés, et finalement intégrées dans la plateforme avant d'être mises à disposition de la communauté scientifique, universitaire ou du grand public.

1. Quelques exemples (Blanchet *et al.*, 2019) Plateforme IFB regroupant diverses collections. (Plateforme, SPF, s. d.) Plateforme ESA (Goehrs *et al.*, 2012) Portail Epidémiologie - France | Health Databases

– Enfin, il s’inscrit dans un contexte de « sciences ouvertes » (Kembellec, 2019), les connaissances explicites devant enrichir tout à la fois un cursus universitaire et répondre aux questions des spécialistes comme à celle du grand public intéressé (Clément, 2004).

La suite de l’article est organisée de la manière suivante : dans un premier temps, nous présenterons dans la section 2. *Planification et méthodologie globale du projet* la méthodologie globale du projet, les premières interactions entre éco-épidémiologistes et informaticiens ayant permis de mettre en œuvre un plan de capitalisation des connaissances. Les maladies parasitaires et infectieuses sont ainsi abordées de manière « systémique » en nous focalisant sur les aspects structurels (organisation) et les aspects fonctionnels (fonctionnement dont découle le concept de processus). Dans la section 3. *Les résultats actuels*, nous détaillerons comment diverses avancées ont été réalisées et illustrerons les résultats obtenus au travers d’exemples. La section 4. *Spécification de la plateforme* décrira brièvement les composants utilisables dans la partie opérationnelle envisagée. Enfin la section 5. *Conclusion* présentera les propositions ultérieures.

2. Planification et méthodologie globale du projet

Le projet est structuré en trois grandes phases : la conceptualisation des divers « domaines d’intérêt » sous leurs différents aspects, la spécification de la plateforme et la réalisation opérationnelle.

Nous ne nous attarderons dans l’article que sur la première phase.

Retenons tout d’abord, les quatre axes thématiques qu’Epicure se propose de traiter car ils permettent d’aborder l’éco-épidémiologie dans toute sa complexité :

– En premier lieu la plateforme comprendra un corpus de données biologiques à différentes échelles et niveau d’analyse. Celui-ci inclut la taxonomie des agents pathogènes et les éléments de biologie des organismes en fonction de cette taxonomie. Il s’agira donc de données concernant la morphologie, la reproduction, la structure du génome et de la cellule, ou encore les mécanismes infectieux. On ajoutera également des données sur les connaissances du génome des agents pathogènes (liens vers les banques de gènes, gènes d’intérêts, éléments spécifiques de génome, diversité génétique), de son évolution ainsi que sur la biodiversité intra-taxon et la génétique des populations des agents pathogènes. Ce corpus inclut également les informations d’écologie parasitaire, c’est-à-dire le cycle parasitaire naturel (sylvatique, domestique, synanthropique) indiquant les espèces hôtes intermédiaires et définitives, les organes infectés et les modalités d’exploitation associés du milieu hôte. Le corpus inclut enfin les informations de bio-géographie, c’est-à-dire la répartition des agents pathogènes à l’échelle mondiale ainsi que les zones et les dates d’introduction récentes.

– La plateforme comprendra également les données épidémiologiques *stricto sensu*, informations descriptives relatives aux différentes maladies telles que le nombre de reproduction de base (R_0), la prévalence, l’incidence, la létalité, le caractère épidé-

mique et/ou endémique, la stratification dans la population hôte en fonction de divers paramètres (âge, statut socio-économique). Ces données seront renseignées en l'absence et en présence de mesures de gestion ou de contrôle lorsque ces dernières sont disponibles.

– L'axe 3 comprendra les données sur le contexte socio-économique impliqué dans l'épidémiologie, incluant entre autres les pratiques et usages culturels, les filières d'élevage, les échanges marchands, l'organisation du système de santé.

– Enfin, des données de santé constitueront l'axe 4. Elles incluent le tableau clinique, les éléments et outils de diagnostic (avec des indications de performance et d'accessibilité des tests), la prophylaxie, et les traitements existants. Les axes 3 et 4 sont joints par la notion de gestion (incluant les mesures de prévention, de surveillance et de contrôle non médicamenteux).

La conceptualisation est donc le processus de représentation de la connaissance extraite. Elle est réalisée par une construction collaborative, ce qui est un vrai défi compte-tenu de la complexité. Elle est abordée par modélisation conceptuelle basée sur l'approche objet.

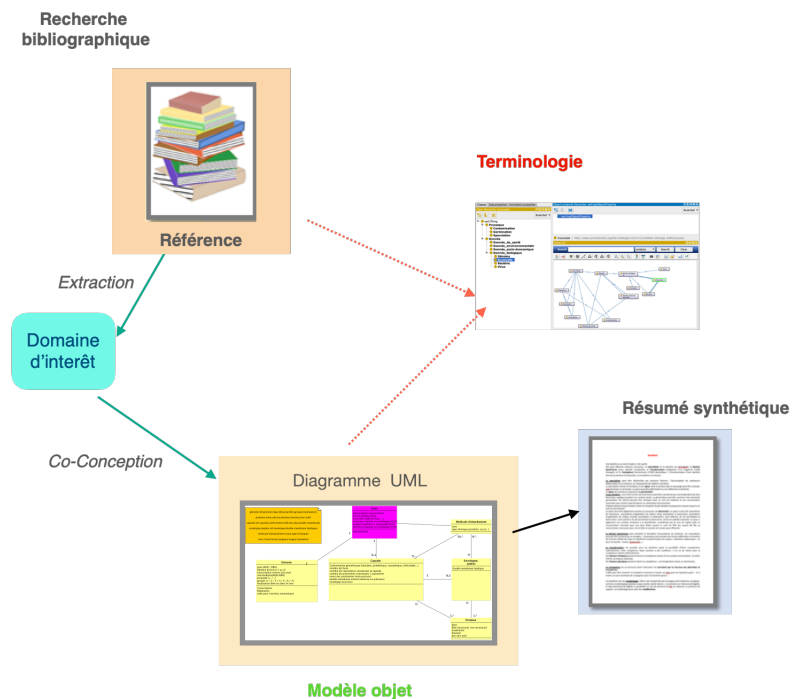


FIGURE 1. Vue globale de l'étape de conceptualisation

Le point de départ est donc la recherche bibliographique qui s'effectue dans un ensemble de sources textuelles issues de revues, manuels, articles scientifiques, sites Web. Seront extraits, de la source référence sélectionnée, par analyse textuelle, un en-

semble de termes relatifs à l'intérêt du lecteur c'est-à-dire ceux relatifs à une partie de la terminologie concernant la donnée biologique ou épidémiologique (nous reviendrons sur l'intérêt de cette terminologie dans la section 5).

La source référence sélectionnée sera conservée en métadonnée des données ciblées.

La modélisation objet est effectuée par consensus interdisciplinaire sous forme de diagrammes de classes exprimés en formalisme UML *Unified Language Modeling* (Muller, Gaertner, 2000), langage normé et universel (voir la Figure 2).

Le processus général de construction des diagrammes UML a nécessité de nombreux aller-retours entre différentes étapes de travail commun pour atteindre un consensus ;

- L'analyse de texte de chaque référence se fait par classification des termes (substantif, verbe, qualificatif) puis par abstraction sous forme d'éléments (classes, attributs, relations) de diagrammes UML de légende commune (voir la Figure 3) rendant les connaissances sous-jacentes plus simples (mais justes) et lisibles.

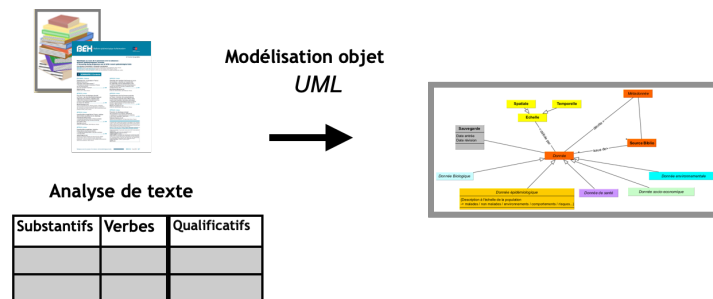


FIGURE 2. *Conceptualisation Modélisation objet*

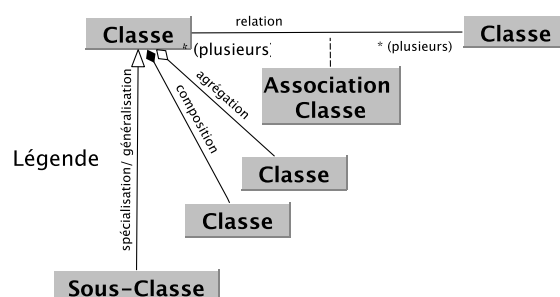


FIGURE 3. *Légende formalisme UML*

- Les divers aller-retours effectués sur ces analyses nous ont permis soit de regrouper les informations répertoriées à des niveaux d'abstraction plus généraux, soit à compléter et préciser certains éléments.

– Chaque diagramme UML obtenu est ensuite décrit par un texte résumé. Celui-ci est écrit de sorte à ce que tous les concepts soient explicités et que les liens entre eux soient mis en évidence. Ils permettront aux collaborateurs actuels et futurs du projet de facilement discuter et réviser le contenu des diagrammes, s’assurer qu’aucune erreur ou qu’aucun oubli n’a été fait, ceci sans être familier avec le langage UML.

– A partir de ces résumés et des diagrammes déjà obtenus nous simplifierons les diagrammes afin de faciliter leur traduction sous forme de schémas de base de données.

3. Les résultats actuels

3.1. Vue d’ensemble des diagrammes

Les informations répertoriées dans divers diagrammes relatifs aux premières analyses nous ont permis de concevoir une vue générale articulée autour des quatre domaines particuliers de données évoqués précédemment (cf. Figure 4).

Ce diagramme constitue alors un point de départ pour ensuite décliner l’ensemble des diagrammes UML plus détaillés (Par exemple, la classe « Virus » dans le diagramme général sera déclinée dans un diagramme plus spécifique). Il permettra de lier entre eux les divers diagrammes plus spécifiques une fois terminés, les liens d’association simple, agrégation, composition, spécialisation / généralisation entre les différentes classes à décliner étant déjà présents à cette étape.

A l’heure actuelle, nous avons structuré des concepts se rapportant aux données biologiques, incluant la taxonomie, et en fonction de celle-ci des données morphologiques et génomiques. Seront également décrits en détail les processus infectieux aux différentes échelles (de la molécule à l’organisme) ainsi que le cycle parasitaire dans son ensemble incluant leur spectre d’hôtes ainsi qu’un ensemble de données biologiques sur ces hôtes.

Voici une liste des différents diagrammes UML produits jusqu’à maintenant :

- « Méta-données »: associe toute donnée à un ensemble de métadonnées référant également les sources de référence.
- Schémas permettant la descriptions des différents organismes pathogènes : « virus », « bactéries », « plathelminthes », « eucaryotes unicellulaires ».
- « Cycle parasitaire »: permet de décrire l’ensemble des cycles parasites pouvant exister, quels que soient les hôtes et les agents pathogènes.
- « Taxonomie »: classe les agents pathogènes de façon hiérarchiques en fonction des taxons auxquels ils appartiennent.
- « Génome »: décrit l’organisation structurelle des génomes des eucaryotes, des bactéries et des virus.
- « Description du système des eucaryotes »: description de l’organisation hiérar-

chique d'un être vivant eucaryote.

- « Mode de transmission » (décliné en 5 schémas en fonction des hôtes contaminants et contaminés) : décrit les paramètres d'entrée des agents pathogènes dans un hôte.

- « Sortie des organismes »: décrit les paramètres de sortie des agents pathogènes d'un hôte.

- « Processus »: Formalisation de la notion de processus, impliquant 2 agents et étant soumis à plusieurs paramètres.

- « Contamination »: schéma simplifié représentant les entrées et sorties associées au processus de contamination.

- « Cycle parasitaire (dont contamination) »: schéma simplifié représentant le cycle parasitaire et incluant le schéma « Contamination ».

3.2. *Détail du processus de conceptualisation de certains diagrammes*

Nous allons détailler dans un ordre « logique » le processus de conceptualisation de diagrammes UML ayant particulièrement impliqué l'interdisciplinarité. Grâce aux divers points de vue sur les exemples étudiés, nous avons progressivement rassemblé et unifié la vision en gagnant en généralité par abstraction successives. Cela a été réalisé pour les diagrammes explicitant les structures et ceux explicitant les processus (réifiés).

3.2.1. *Diagramme de vue générale*

Le diagramme général (cf. Figure 4) a été initié par réflexion après le début de la construction des premiers diagrammes de description des organismes pathogènes. Nous avons eu besoin de le construire afin de le concevoir comme un **référentiel** permettant de visualiser l'ensemble des connaissances à sauvegarder dans la base, c'est-à-dire l'ensemble des éléments devant y figurer (structures et processus) ainsi que l'ensemble des liens les reliant.

Ce diagramme a été construit à partir des domaines des données du projet (données biologiques, épidémiologiques, de santé, socio-économiques, environnementales), en identifiant puis en organisant les différentes informations que devaient regrouper ces domaines.

Ce diagramme est modifié au fil du temps pour intégrer les nouveaux diagrammes qui n'avaient pas été envisagés lors de sa conception initiale. En effet, le projet étant très vaste, il est difficile de cerner l'intégralité des concepts à aborder.

3.2.2. *Cycle parasitaire général*

A chaque nouvelle lecture, les extractions de connaissance et les réflexions nous amènent à créer de nouveaux diagrammes UML afin d'abstraire des caractéristiques déjà présentes dans divers exemples permettant ainsi une vision générique de celles-ci ; c'est la cas du cycle parasitaire général.

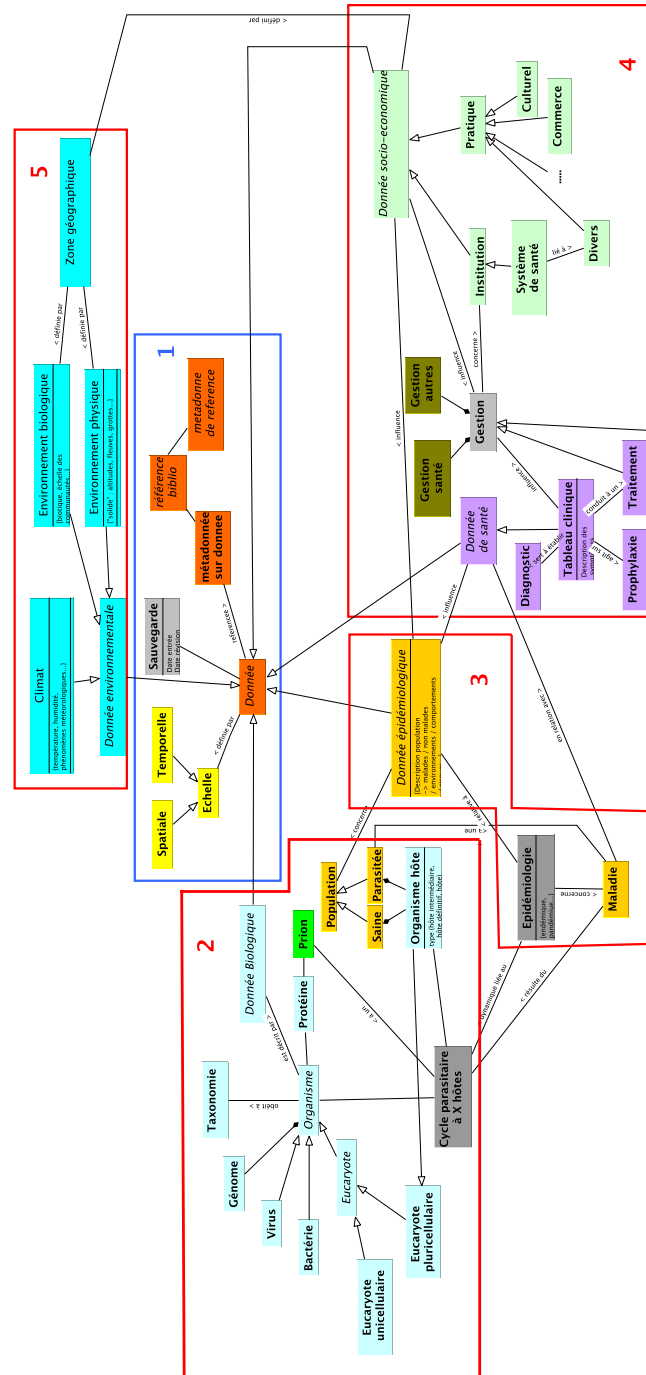


FIGURE 4. *Vue globale du diagramme conceptuel général, correspondant à la vue d'ensemble des données à sauvegarder dans la base de données du projet EpiCURE 1. 1. Données abstraites 2. Données biologiques 3. Données épidémiologiques 4. données de santé et socio-economique 5. données environnementales. Les classes grisées représentent des processus, les autres couleurs permettent de regrouper visuellement les éléments en fonction des thèmes abordés*

Les parasites sont des organismes vivant aux dépens des ressources d'un hôte. Leur cycle de vie, ou cycle parasitaire, comporte plusieurs stades évolutifs (par exemple: œuf, stades juvéniles, stade adulte) et peut se réaliser à l'intérieur d'un ou plusieurs compartiments hôtes, un compartiment hôte étant l'ensemble des organismes vivants dans lesquels un parasite peut effectuer une partie spécifique de son cycle. Les hôtes peuvent être intermédiaires (ils accueillent alors les stades larvaires effectuant éventuellement une multiplication asexuée), définitifs (ils accueillent alors le stade adulte effectuant la reproduction sexuée), ou facultatifs.

Le diagramme du Cycle parasitaire général (cf. Figure 5) a été construit après avoir conceptualisé les cycles parasitaires des plathelminthes et des eucaryotes unicellulaires. Les plathelminthes (des vers plats) ont une grande diversité de cycles parasitaires du fait notamment qu'en fonction des espèces, ils ont un nombre variable de stades évolutifs ainsi qu'un nombre variable d'hôtes nécessaires à leur cycle. De plus, ils se déplacent, se développent et se reproduisent dans leurs hôtes (Combes *et al.*, 2018) (Pereira *et al.*, 2013). Les eucaryotes unicellulaires (agent pathogène composé d'une seule cellule nucléée) ont également plusieurs stades évolutifs, un nombre d'hôtes variable, se déplacent, se développent et se reproduisent dans leur hôte (Bates, 2007) (Loftus *et al.*, 2005).

Nous avons alors remarqué les similarités entre les deux diagrammes de cycle parasitaire effectués pour ces deux types d'organismes, et avons en conséquence décidé de généraliser le cycle parasitaire en concevant un diagramme UML qui pourrait permettre de décrire les cycles parasitaires de l'ensemble des agents pathogènes. Pour ce faire, nous nous sommes également appuyés sur le cycle de l'Anguilliose (*Strongyloidiasis biology*, 2019) et de Anisakis (*Cycle évolutif de l'anisakiose*, 2016), deux nématodes (cf. Figure 6) ayant des cycles parasitaires très complexes, afin de minimiser la probabilité d'oublier des éléments nous permettant de les décrire.

Une fois le diagramme réalisé, nous avons testé le modèle avec différents agents pathogènes.

3.2.3. Mode de transmission

Idée de départ : Un agent pathogène peut être transmis d'un hôte à un autre de multiples façons et il semble difficile de l'inclure uniquement comme attribut d'une classe dans le diagramme « cycle parasitaire général » (par exemple en attribut d'une classe « entrée dans l'organisme hôte »). En effet, soit la liste des modes de transmission serait exhaustive et donc probablement illisible, soit elle serait réduite, et donc très peu informative du processus réel.

Un premier diagramme a donc été construit dans le but de décrire la façon dont un organisme pathogène *rentre* dans un nouvel hôte.

Nous avons recherché les différents modes de transmission qui pouvaient exister autour tout d'abord de l'hôte humain. Nous nous sommes alors rendu compte que le mode de transmission ne pouvait être un objet simple, mais qu'il devait être décomposé. Les différents éléments de décomposition que nous avons créés et qui

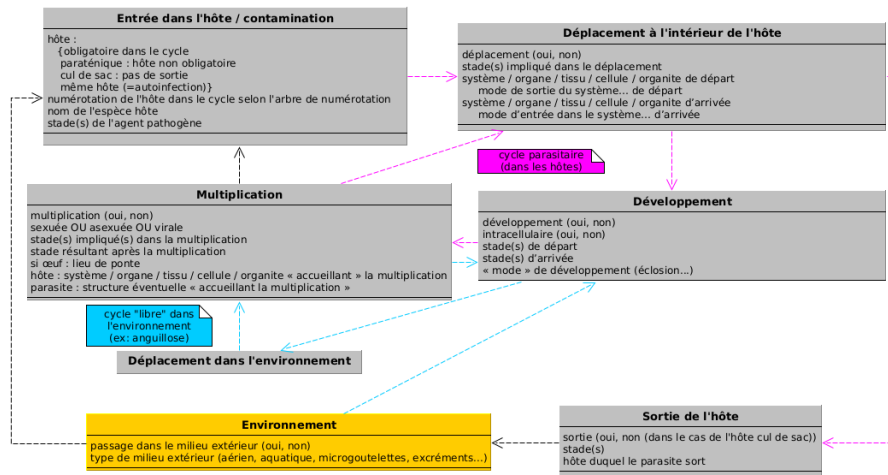


FIGURE 5. Diagramme UML générique décrivant le cycle parasitaire d'un agent pathogène, quel qu'il soit. Se succèdent: entrée dans l'hôte, déplacement dans l'hôte, développement, multiplication, sortie, passage dans l'environnement, développement, déplacement dans l'environnement, multiplication. Les flèches roses concernent les étapes intra-hôte, les flèches bleues les étapes dans l'environnement. En fonction des agents pathogènes, certaines étapes du cycle peuvent être absentes.

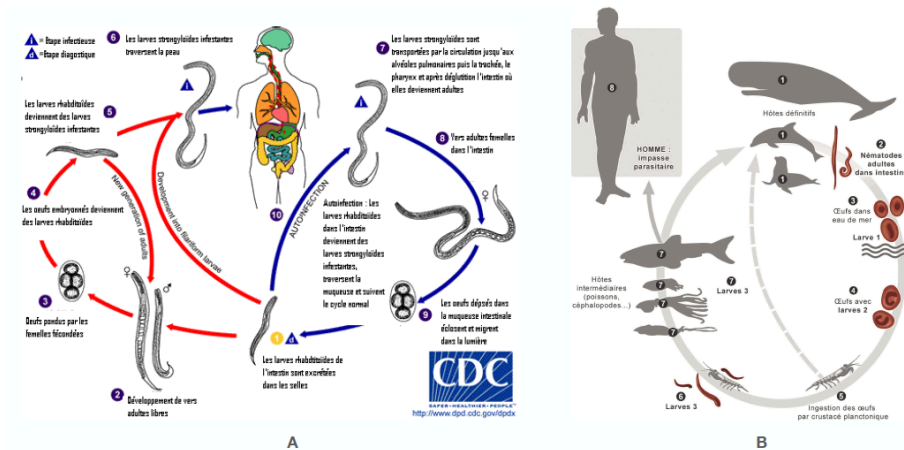


FIGURE 6. A Cycle Anguilliose , B Cycle Anisakis

caractérisent la transmission d'un agent pathogène depuis un hôte A vers un hôte B sont:

- la voie de contamination (ex: système musculaire, système digestif...)
- le mode de contamination (ex: transépithélial par passage traumatique via une lésion déjà existante, non transépithélial...)
- l'évènement permettant la contamination (ex: morsure, rapport sexuel, respiration...)

Une fois ces catégories créées et des exemples ajoutés, il est apparu que ces exemples étaient difficilement organisables, car ils regroupaient des interactions entre des hôtes invertébrés et vertébrés de toutes les façons possibles. Nous avons donc choisi de créer 4 diagrammes distincts pour décrire l'interaction de contamination :

- vertébré -> vertébré
- vertébré -> invertébré
- invertébré -> vertébré
- invertébré -> invertébré

Enfin, nous avons séparé un type de transmission qui aurait pu être inclus dans le diagramme « invertébré -> vertébré » ainsi que dans le diagramme « vertébré -> invertébré »: celle depuis un hôte vecteur invertébré vers un vertébré. En effet, cette relation est spécifique, redondante, et « simple à décrire », il nous est donc apparu judicieux de la séparer afin de faciliter la construction des diagrammes d'une part, et d'augmenter le confort des utilisateurs de la base de donnée d'autre part.

De la même façon que le diagramme « cycle parasitaire général » a induit la construction du diagramme « entrée dans les organismes », il a induit celle du diagramme « sortie des organismes ».

Nous avons également décomposé la sortie en trois éléments :

- la voie de sortie (système digestif, système urinaire...)
- le mode de sortie
- l'évènement permettant la sortie (toux et éternuement, contact depuis une muqueuse...)

3.3. Schématisation des processus

La schématisation des diagrammes « entrée des organismes » et « sortie des organismes » nous a permis d'aborder l'idée de la schématisation générique de tout processus.

Les processus relèvent du fonctionnement des objets, ce qui implique une dynamique, une séquence temporelle entre différentes classes.

Dans les diagrammes déjà créés, d'autres processus ont été réifiés. Afin de simplifier la tâche de « transfert vers un schéma de base de données », nous avons cherché à généraliser les processus, de sorte à ce qu'ils puissent tous suivre le même modèle.

Pour ce faire, nous avons en parallèle :

- simplifié les diagrammes « entrée des organismes » et « sortie des organismes »,
- analysé les processus des diagrammes déjà construits,
- extrait de ces deux « travaux » les éléments les plus généraux permettant de décrire un processus.

Résultat :

La réflexion autour des processus, nous a amené à proposer une généralisation sous forme de chaîne de traitements ou *workflow*. Inspirés par les propositions de (Lin, 2011) nous proposons le diagramme suivant (Figure 7).

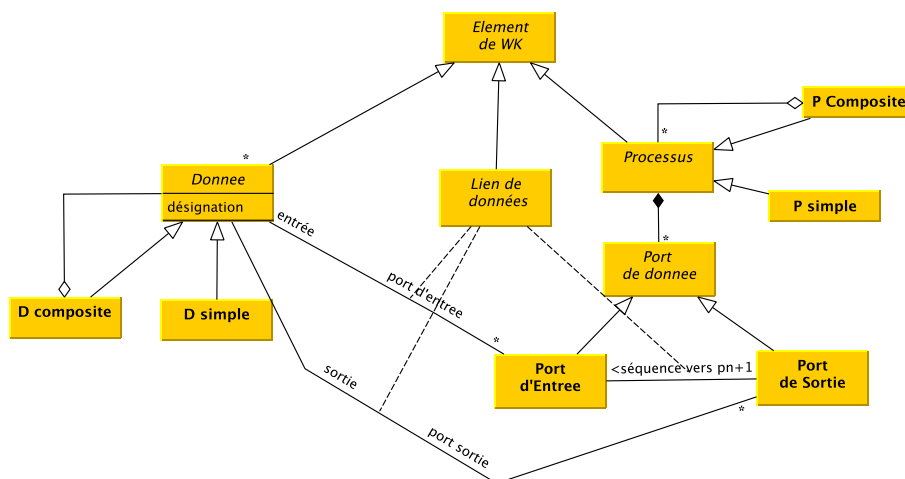


FIGURE 7. Modèle de Workflow

Les éléments d'un *workflow* sont des données liées à des processus par des liens. Tout processus simple ou composite comporte des ports (port d'entrée ou de sortie). Les liens de données peuvent être contraints selon la nature du processus.

Nous avons ensuite testé ce modèle sur le processus le plus compliqué déjà construit : le « cycle parasitaire général »

Le diagramme Figure 8 reprend sous la forme de processus uniquement (représentés avec leurs port d'entrée et de sortie) le diagramme « cycle parasitaire général » Figure 5

Il contient les diagramme « entrée des organismes » et « sortie des organismes » précédemment effectué et lui associe 6 autres processus issus du diagramme « cycle

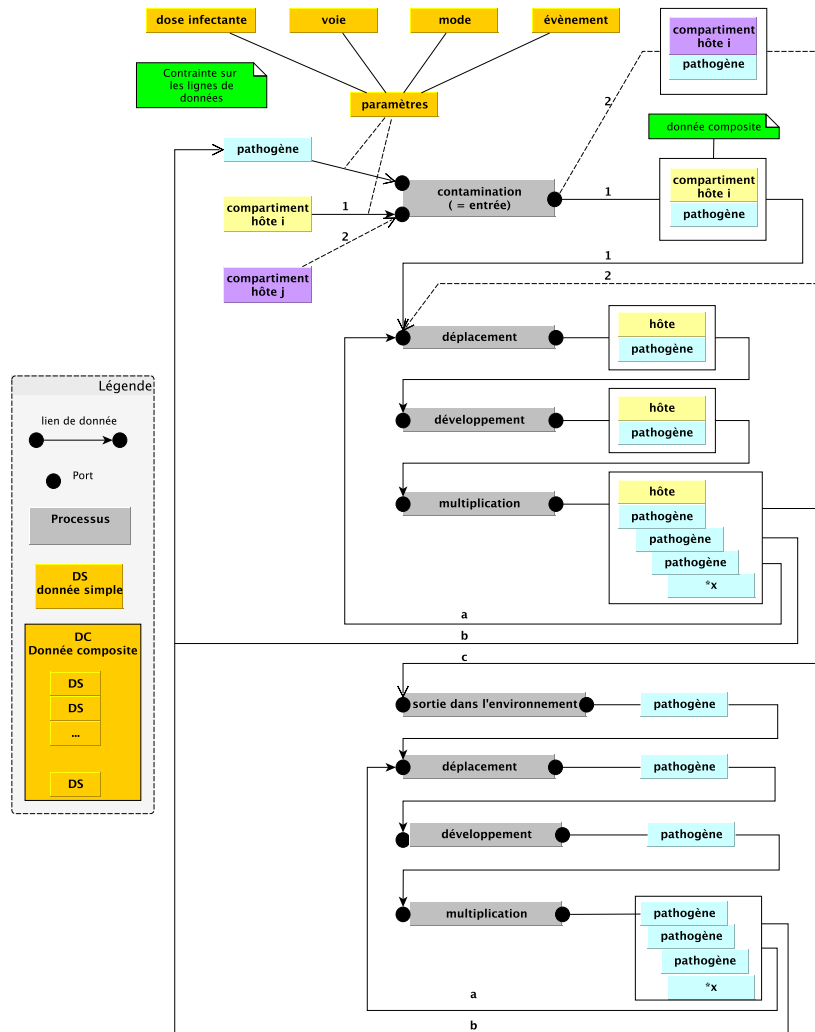


FIGURE 8. Cycle de contamination général

parasitaire général », reliés entre eux pour former une boucle : déplacement, développement, multiplication, sortie dans l'environnement, développement, multiplication.

4. Spécifications de la plateforme

La plateforme doit :

- Assurer l'intégration des données issues des descriptions des divers diagrammes conceptuels au sein d'une base de données ;

– Assurer que toute donnée sauvegardée est référencée par une métadonnée liée à la référence bibliographique dont elle a été extraite. De plus si la connaissance sur la donnée est mise à jour, la métadonnée doit aussi enregistrer celle-ci. Le schéma conceptuel relatif aux métadonnées a été co-construit (cf. Figure 9)

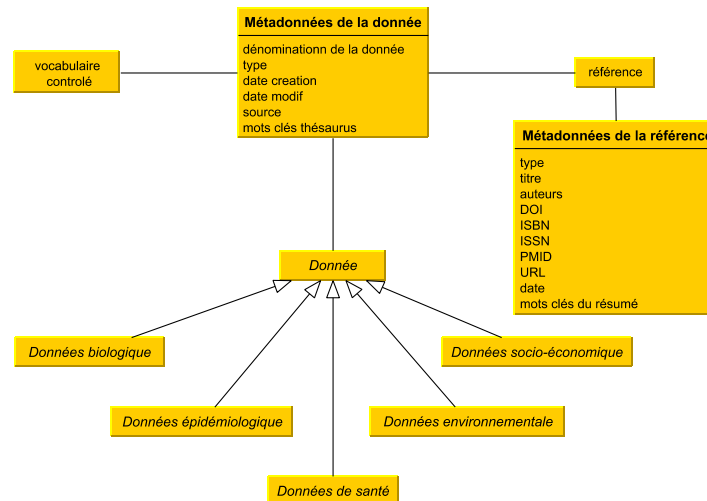


FIGURE 9. Les métadonnées

– Proposer une interface de recherche pour les utilisateurs soucieux d’acquérir des connaissances. Les recherches vont naturellement reposer comme point de départ sur les métadonnées et les vocabulaires partagés que celles-ci ont invoqué avant d’interroger le contenu de la base.

Du point de vue opérationnel cela implique d’une part la construction de la base de données comprenant les métadonnées liant les références bibliographiques et les concepts (structure et processus) et d’autre part la conception de l’interface d’accès proposée aux futurs utilisateurs soit spécialistes, soit grand public.

Pour un tel projet où la connaissance évolue sans cesse, la complexité et la variété des données sont importantes, le choix de la plateforme impose une réflexion approfondie sur l’architecture et les systèmes retenus (SGBD relationnels et/ou NoSql, thesaurus, ontologie, …).

5. Conclusion

Le projet nous a permis de mesurer l’importance de la pluridisciplinarité et celle de l’interdisciplinarité. Il était clair dès le départ que plusieurs disciplines allaient forcément intervenir et travailler dans le projet, cependant elles n’étaient pas forcément en interaction. La complexité des phénomènes étudiés nous invite en effet à ne plus disjoindre les savoirs ni les disciplines scientifiques et à questionner les objets

d'étude avec un œil extra-disciplinaire. (Morin, 1986), (Morin, 2014). Ce genre de projet, permet de développer une stratégie de résolution des confrontations voire des conflits grâce à des transferts de méthodes, de concepts et d'outils. Nous touchons alors à la richesse et à l'innovation de l'interdisciplinarité. Certes la mise en œuvre de la démarche reste simple (cf. Figure 2), manuelle mais pour l'instant elle a permis, à notre petit groupe, de partager, de co-construire et de naviguer entre généralisation et spécialisation de concepts.

Les perspectives sont évidemment liées à la description des domaines de données complémentaires. La formalisation des vocabulaires partagés utilisés pour les méta-données est d'ores et déjà une étape complémentaire en cours effectuée à partir de la terminologie (évoquée en section 2) et avec recherche parmi les thesaurus et ontologies existants. L'usage des traitements informatiques liés à la terminologie sera aussi envisagé pour automatiser les propositions de termes extraits des sources bibliographiques désignant les objets des diagrammes (modèles UML). Restera à préciser les solutions nécessaires à la résolution des demandes des usagers de la plateforme (requêtes sur métadonnées et sur données).

Bibliographie

- Bates P. A. (2007). Transmission of leishmania metacyclic promastigotes by phlebotomine sand flies. *International journal for parasitology*, vol. 37, n° 10, p. 1097–1106. Consulté sur <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2675784/>
- Bizouarn P. (2016). L'éco-épidémiologie-vers une épidémiologie de la complexité. *médecine/sciences*, vol. 32, n° 5, p. 500–505.
- Blanchet C., Collin O., Boudet M., Delmotte S., Gilquin H., Guillaume J.-F. et al. (2019). Ifbiosphère: Services cloud pour l'analyse des données des sciences de la vie. In *Journées réseaux-jres 2019*.
- Clément P. (2004). Science et idéologie: exemples en didactique et épistémologie de la biologie. In *Actes du colloque sciences, médias et société. ens-lsh*, p. 53–69.
- Combes C., Gavotte L., Moulia C., Sicard M. (2018). *Parasitisme, écologie et évolution des interactions durables*. Dunod.
- Cycle évolutif de l'anisakiose*. (2016). Consulté sur <http://campus.cerimes.fr/parasitologie/enseignement/toxocarose/site/html/2.html>
- Evans B., Leighton F. et al. (2014). A history of one health. *Rev Sci Tech*, vol. 33, n° 2, p. 413–420.
- Goehrs J.-M., Borel T., Costagliola D. (2012). La mise en place des cohortes en france: pourquoi, pour qui, comment et avec quels moyens? *Thérapie*, vol. 67, n° 4, p. 375–380.
- Kembellec G. (2019). Produire, analyser et partager des données ouvertes en humanités numériques: quelques bonnes pratiques. In *12ème colloque international d'isko-france: Données et mégadonnées ouvertes en shs: de nouveaux enjeux pour l'état et l'organisation des connaissances?*
- Lin Y. (2011). *Méthodologie et composants pour la mise en oeuvre de workflows scientifiques*. Thèse de doctorat non publiée, Montpellier 2.

- Loftus B., Anderson I., Davies R. *et al.* (2005). The genome of the protist parasite *Entamoeba histolytica*. *Nature*, vol. 433, p. 865–868.
- Morin E. (1986). *La connaissance de la connaissance* (vol. 3). Seuil.
- Morin E. (2014). *La tête bien faite. repenser la réforme, réformer la pensée*. Média Diffusion.
- Muller P.-A., Gaertner N. (2000). *Modélisation objet avec uml* (vol. 514). Eyrolles Paris.
- Pereira A., Cavalcanti N., Nascimento G. *et al.* (2013). Morphological and morphometric study of cercariae and adult worms of *Schistosoma mansoni* (slm strain) isolated from infected mice. Consulté sur <https://link.springer.com/article/10.1007/s00436-012-3235-9#citeas>
- Plateforme E. Pour la, SPF P. A. (s. d.). Covid-19 et faune sauvage.
- Strongyloidiasis biology*. (2019). Consulté sur <https://www.cdc.gov/parasites/strongyloides/biology.html>
- Zinsstag J., Schelling E., Waltner-Toews D., Whittaker M. A., Tanner M. (2020). *One health, une seule santé: Théorie et pratique des approches intégrées de la santé*. éditions Quae.