

Titre :

BioTex dans BioPortal - Extension d'une application web sémantique JAVA/Ruby On Rails

Information :

Encadrant : Juan Antonio Lossio Ventura (LIRMM) - Juan.Lossio@lirmm.fr
Clement Jonquet (LIRMM, UM2) – jonquet@lirmm.fr

Spécialités : Masters UM2 : DECOL, AIGLE, BCD, TICSanté
M2 Informatique ou ingénieur

Contexte : [Projet SIFR](#) (Semantic Indexing of French Biomedical Data Resources)

Où : Laboratoire d'Informatique, de Robotique et de Microélectronique de Montpellier ([LIRMM](#))

Quand: 2nd semestre 2014-2015

Mots clés :

Application web, web service (REST), technologies web, ontologies, web sémantique, fouille de texte, traitement automatique de la langue, données biomédicales.

Technologies :

Java et JEE, RubyOnRails, XML/JSON, technologies client web (HTML5, JavaScript, CSS), Technologies du web sémantique (OWL, RDF, SPARQL, 4store)

Présentation du sujet :

Les terminologies et ontologies biomédicales jouent un rôle clé dans l'interopérabilité sémantique des données biomédicales en servant de dénominateur commun.

Dans le projet SIFR nous développons Biotex (<http://tubo.lirmm.fr/biotex/>), application web écrite en Java dont le but est d'extraire des termes biomédicaux à partir de données texte. L'université de Stanford a développé une plateforme d'hébergement des ontologies biomédicales, BioPortal (<http://bioportal.bioontology.org/>) qui permet aux chercheurs la navigation, la recherche et l'exploration des ontologies biomédicales.

Dans un premier temps, le travail consiste, à améliorer l'application BioTex et l'intégrer dans la plateforme BioPortal locale déployée au LIRMM. Vous serez en charge de la création graphique, et du développement de cette extension qui impliquera l'utilisation des technologies JEE et Ruby/RoR. Vous intégrez une équipe de recherche pluridisciplinaire (TALN, Fouille de Données, Web Sémantique).

Liens

Projet SIFR : <http://www.lirmm.fr/sifr/>

Documentation des services NCBO : <http://data.bioontology.org/documentation>

Plateforme d'hébergement du code : <https://github.com/ncbo>

NCBO virtual appliance (déployer son propre BioPortal) – attention ces informations changeront d'ici le début du stage : http://www.bioontology.org/wiki/index.php/Category:NCBO_Virtual_Appliance

BioTex : <http://tubo.lirmm.fr/biotex/>

Candidature:

Ce sujet de stage s'adresse aux étudiants de Master informatique avec des connaissances des technologies du web sémantique et des applications web. De très bonnes compétences techniques sont attendues pour mettre en place les outils nécessaires au déploiement du prototype. Une expérience avec JEE et Ruby On rails est souhaitée.

Un très bonne maîtrise de l'anglais est obligatoire (interaction avec NCBO). Initiative personnelle et autonomie sont attendues.

Pour plus d'information contacter Juan Antonio Lossio-Ventura et Clement Jonquet. Pour candidater, envoyer par email (PDF seulement, inclure des liens, mais PAS DE PIECES JOINTES) les informations suivantes:

- une explication détaillée de votre intérêt pour le sujet proposé et de vos compétences associées;
- un CV;
- une liste de vos cours de Master (M1 et M2) et des notes obtenues;
- noms et contact de référents.