

# EVOLUTION VON ONTOLOGIEBASIERTEN MAPPINGS IN DEN LEBENSWISSENSCHAFTEN

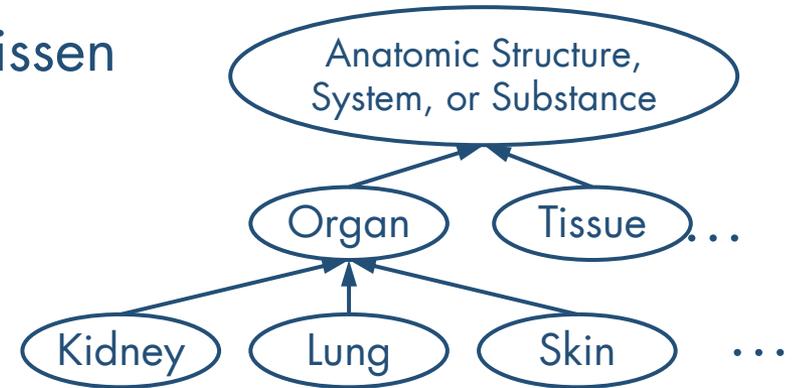
Verteidigung der Dissertation, 05. März 2014  
Anika Groß, Abteilung Datenbanken

UNIVERSITÄT LEIPZIG



# ONTOLOGIEN

- Strukturierte Repräsentation von Wissen  
Konzepte, Beziehungen
- Sehr große Ontologien



## Anatomie



Uber Anatomy  
Ontology

## Medizin

SNOMED CT



NCI thesaurus

## Chemie



## Molekular- biologie



# ONTOLOGIEBASIERTE ANNOTATIONEN

- Einheitliche semantische Beschreibung von Objekteigenschaften

**Gene, Proteine, ...**



**Patientenakten**

**SNOMED CT**



**Publikationen**



- Anwendungen:

- Semantische Suche, Navigation ...
- Funktionale Analysen zur Identifikation von Eigenschaften einer Gruppe von Genen/Proteinen

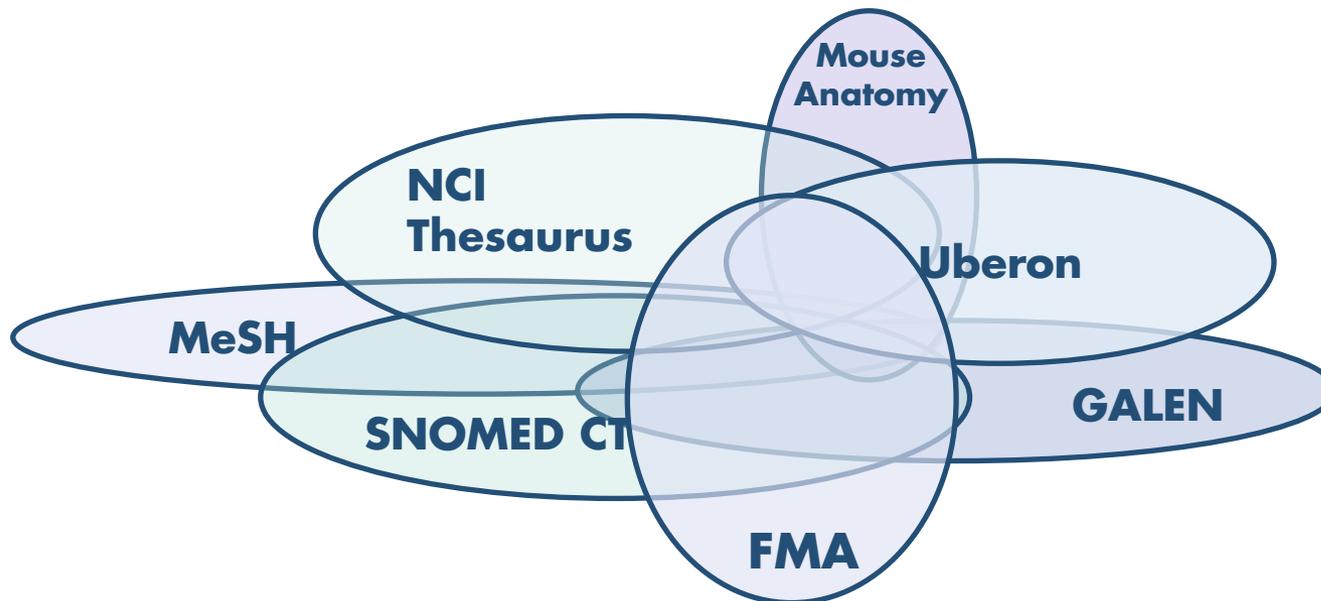
<b>Ensembl ID</b>	<b>GO ID</b>
ENSP00000344151	GO:0015808 (L-alanine transport)
ENSP00000230480	GO:0005615 (extracellular space)
ENSP00000352999	GO:0006915 (apoptosis)

**Annotationsmapping**



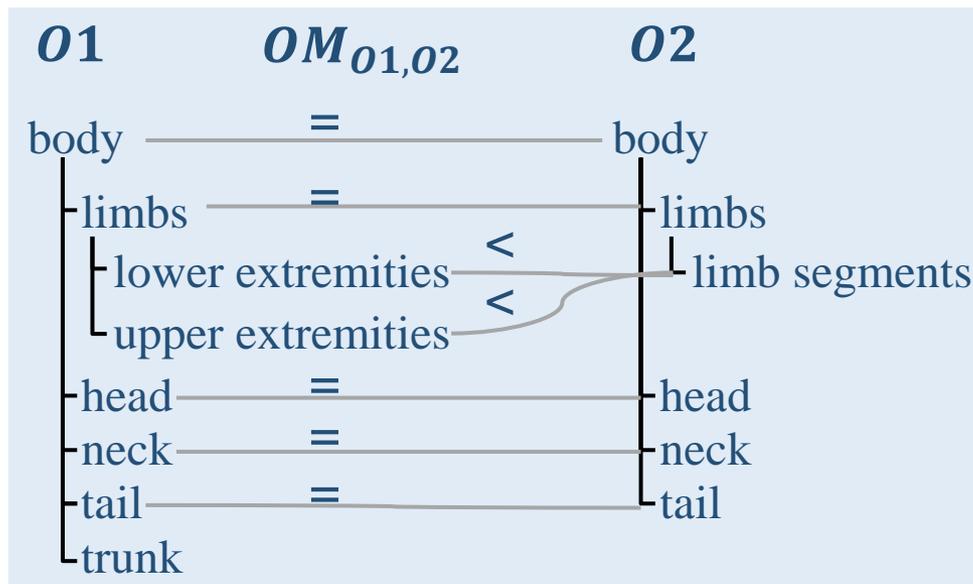
# ONTOLOGIEMAPPINGS

- Überlappende Ontologien → Erstellung von Mappings
- Anwendungen:
  - Datenintegration: z.B. Ontologie-Merging (Uberon)
  - Quellübergreifende Analysen



# ONTOLOGIEMAPPINGS

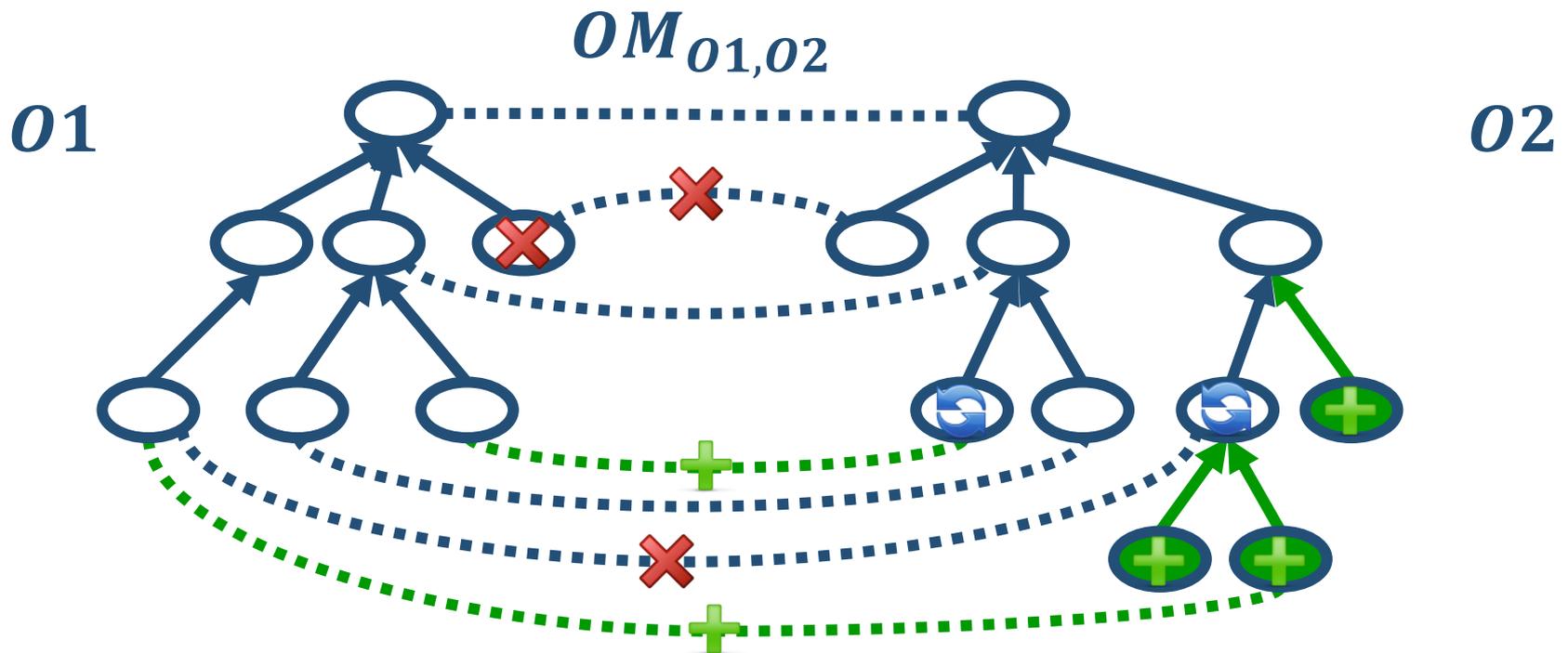
- Überlappende Ontologien → Erstellung von Mappings
- Anwendungen:
  - Datenintegration: z.B. Ontologie-Merging (Uberon)
  - Quellübergreifende Analysen
- Ontologiemapping: Menge semantischer Korrespondenzen zwischen den Konzepten verschiedener Ontologien



- Manuelle Identifikation oder (semi-) automatische Match-Verfahren

# EVOLUTION VON ONTOLOGIEBASIERTEN MAPPINGS

- Ontologien sind nicht statisch!
  - Forschung, neue Erkenntnisse → regelmäßige Anpassungen
  - Veröffentlichung neuer Ontologieversionen
  - Ontologieänderungen **+** **×** 
- **Einfluss auf abhängige Mappings und Anwendungen?**



Wie beeinflusst die  
Ontologieevolution  
Ontologiemappings?

Wie kann ich existierende  
Ontologiemappings auf  
aktuell gültige Versionen  
migrieren?

Beeinflusst die Evolution  
von Ontologien und  
Annotationen meine  
Analyseergebnisse?



Wie kann ich ein  
Mapping zwischen  
zwei sehr großen  
Ontologien erstellen?

- **Einfluss der Ontologieevolution auf abhängige Mappings und Anwendungen**
- **Methoden zur (semi-)automatischen Mappingadaptierung**

# VERWANDTE ARBEITEN

## Ontologieevolution

- Evolutionsanalysen: *OnEX*, *CODEX*, ...
- Änderungsbestimmung: *PromptDiff*, ***COnto-Diff***, ...

## Evolution und Adaptierung von ontologiebasierten Mappings

- Einfache Wachstumsstatistiken (*Hartung et al.*, *DILS 2008*)
- Schemamappings:
  - *Model Management* Operatoren: *compose*, *match*, *merge*, ...
  - Kompositionsbasierte Adaptierung (*Yu&Popa*, *VLDB 2005*)
- Ontologiemappings:
  - Adaptierung infolge von Löschungen (*Martins et al.*, *ICEIS 2009*)
  - Neuberechnung (*Khattak et al.*, *Knowledge-Based Systems 2012*)

# VERWANDTE ARBEITEN

## Ontologieevolution

- Evolutionsanalysen: *OnEX*, *CODEX*, ...
- Änderungsbestimmung: *PromptDiff*, **COnto-Diff**, ...

## Evolution und Adaptierung von ontologiebasierten Mappings

- Einfache Wachstumsstatistiken (*Hartung et al., DILS 2008*)

+ *Konsistentes Mapping  
bzgl. der neuen Versionen*

+ *Wiederverwendung  
des alten Mappings*

– *Einfache Änderungsoperationen*

– *Mappingsemantik: Äquivalenz*

– *Keine Korrespondenzen zu neuen Konzepten*

– *Evaluierung: kleine Datensätze,  
Mappingqualität unklar*

- Neuberechnung (*Khattak et al., Knowledge-Based Systems 2012*)

## Ontologie- und Schema-Matching

- Viele existierende Systeme: *COMA++*, *Falcon*, *AgreementMaker*, ...
- Offene Probleme: skalierbares Ontologie-Matching in den Lebenswissenschaften

# BEITRÄGE

## Evolution von Ontologiemappings

- Evolutionsanalyse
- (Semi-) automatische Adaptierung von Ontologiemappings

## Evolution von Annotationsmappings

- Einfluss der Ontologie- und Annotations-evolution auf funktionale Analysen

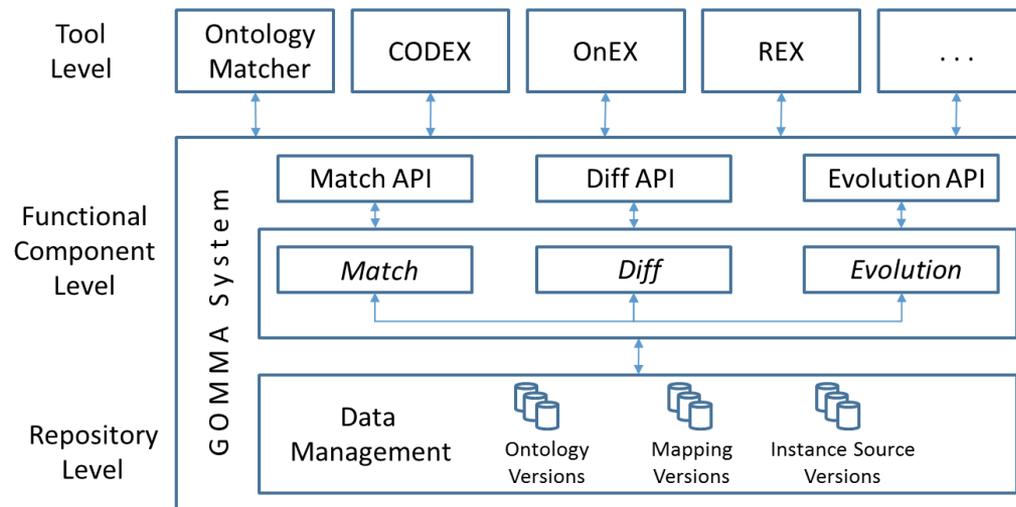
## Skalierbares Ontologie-Matching

- Paralleles Ontologie-Matching
- Kompositionsbasiertes Ontologie-Matching

- Evaluierung in den Lebenswissenschaften
- Intensive Forschung
- Ontologieevolution

# GOMMA

- **G**ENERIC **O**NTOLOGY **M**ATCHING AND **M**APPING **M**ANAGEMENT
- Umfangreiche Infrastruktur zur Verwaltung und Analyse der Evolution von Ontologien und Mappings



- **COnto-Diff:** Diff-Evolutionsmapping  $diff(O^{old}, O^{new})$ 
  - Basiert auf Match-Mapping zwischen Ontologieversionen  $O^{old}$  und  $O^{new}$
  - Menge von einfachen und komplexen Änderungsoperationen

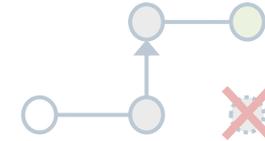
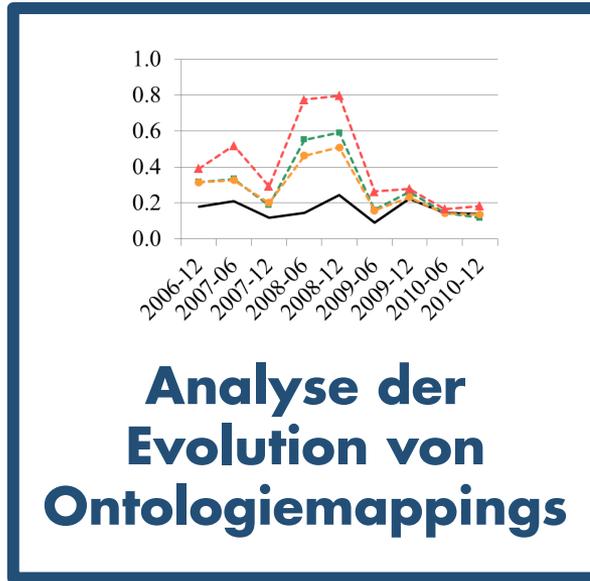
**+** *addC, addR, ...*

**X** *delC, delR, toObsolete, ...*

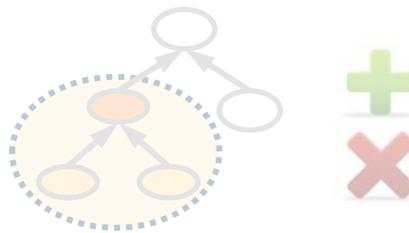
**G** *split, merge, substitute, ...*

# INHALT

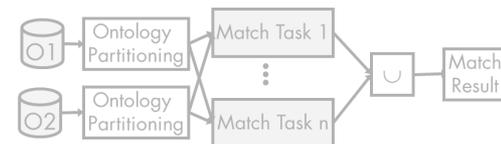
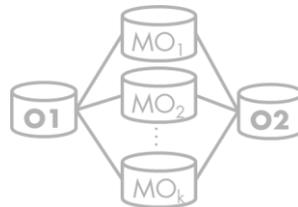
## Evolution von Ontologie-mappings



## Evolution von Annotations-mappings

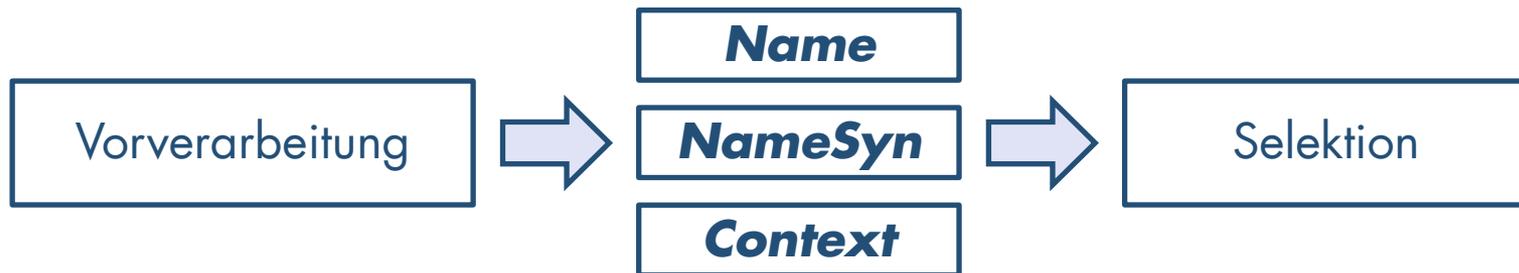


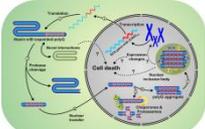
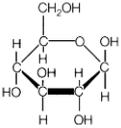
## Skalierbares Ontologie-Matching



# EVOLUTION VON ONTOLOGIEMAPPINGS

- Automatisch berechnete Mappingversionen (Ontologie-Matching)
- Ontologieversionen 2006 – 2010



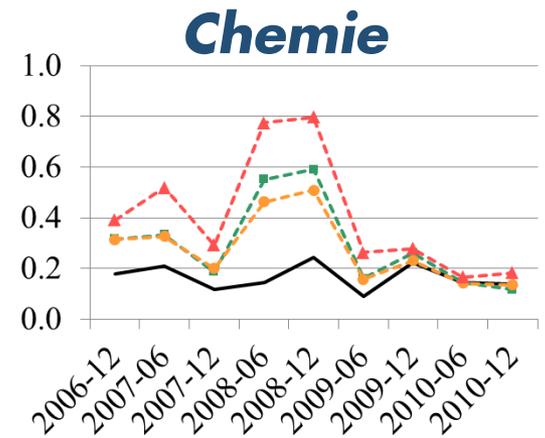
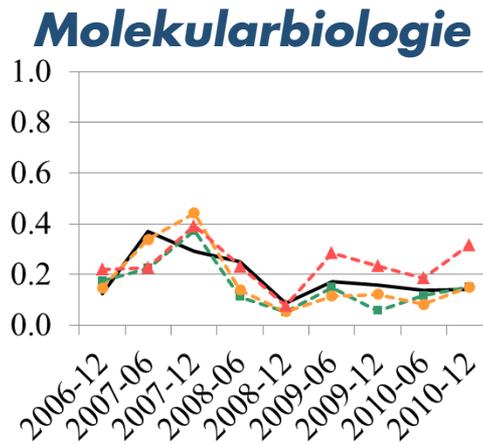
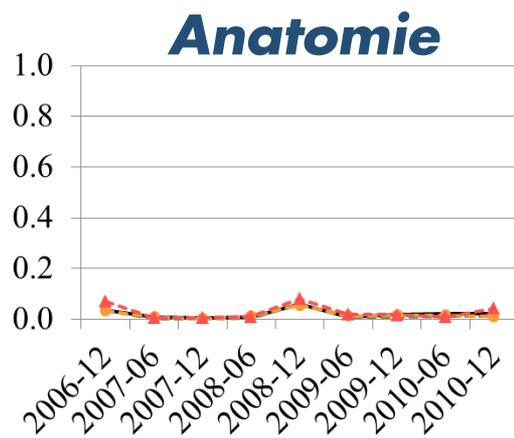
 <p><b>Anatomie</b></p>	 <p>Adult Mouse Anatomical Dictionary (MA)</p> <p>NCI Thesaurus Anatomy part (NCITa)</p> 
 <p><b>Molekularbiologie</b></p>	 <p>Molecular Functions (MF)</p> <p>Biological Processes (BP)</p> 
 <p><b>Chemie</b></p>	 <p>Chemical Entities of Biological Interest (ChEBI)</p> <p>NCI Thesaurus (NCIT)</p> 

Groß, Hartung, Thor, Rahm: *How do computed ontology mappings evolve? – A case study for life science ontologies.* EvoDyn-Workshop@ ISWC, 2012.

# ONTOLOGIE- UND MAPPINGÄNDERUNGEN

## Änderungsgrad während der Evolution von $v$ nach $v + 1$

- *Ontology Change Ratio*  $OCR(O^{v \rightarrow v+1})$    
- *Mapping Change Ratio*  $MCR(M^{v \rightarrow v+1})$  *addCorr*, *delCorr*



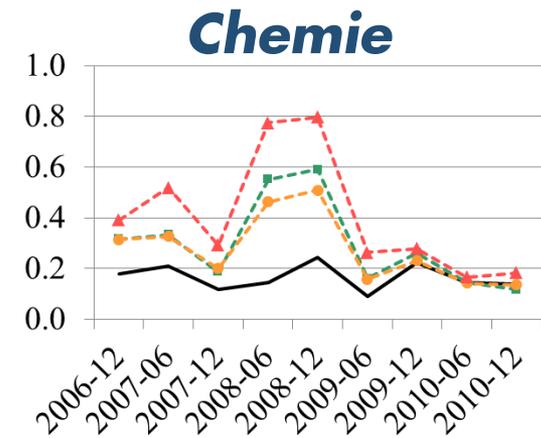
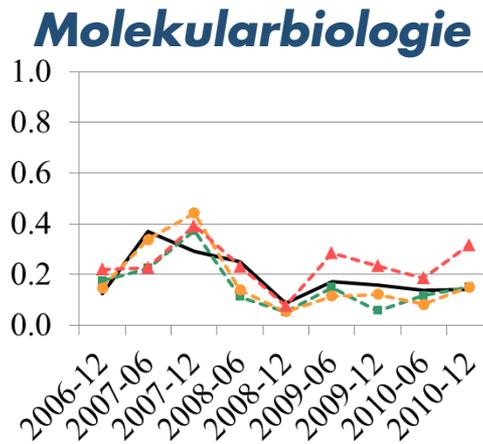
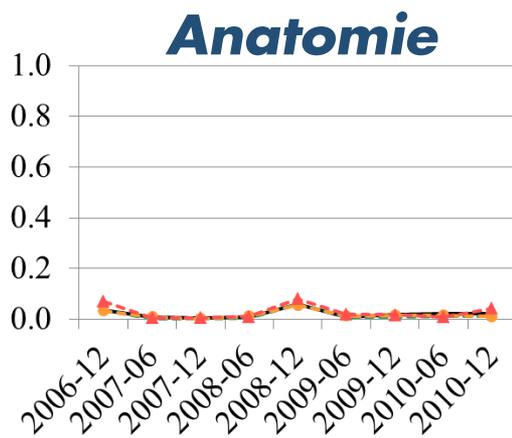
— *OCR*    -■- *MCR(Name 0.6)*    -●- *MCR(NameSyn 0.6)*    -▲- *MCR(Context 0.6)*

- *Anatomie*: stabil
- *Molekularbiologie* & *Chemie*: 20-80% Mappingänderungen
- Korrelation zwischen *Ontologie-* und *Mappingänderungen*
- Unterschiedliche Stabilität für verschiedene *Matcher*

# ONTOLOGIE- UND MAPPINGÄNDERUNGEN

## Änderungsgrad während der Evolution von $v$ nach $v + 1$

- *Ontology Change Ratio*  $OCR(O^{v \rightarrow v+1})$    
- *Mapping Change Ratio*  $MCR(M^{v \rightarrow v+1})$  *addCorr*, *delCorr*

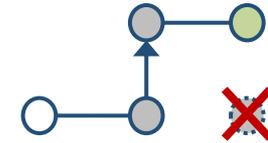
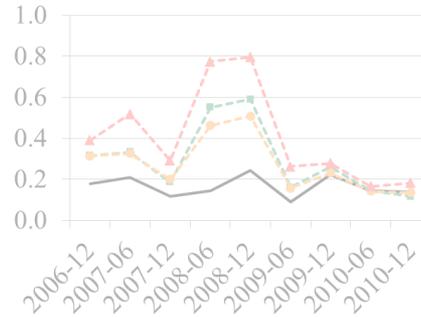


— *OCR*    -■- *MCR(Name 0.6)*    -●- *MCR(NameSyn 0.6)*    -▲- *MCR(Context 0.6)*

-  → Korrespondenzhinzufügungen
-  → Korrespondenzlöschungen
-  → Korrespondenzhinzufügungen & -löschungen

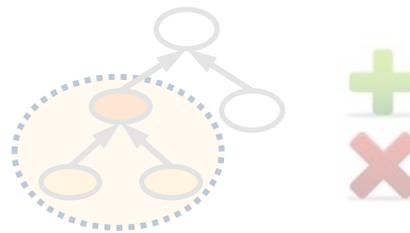
# INHALT

## Evolution von Ontologie-mappings

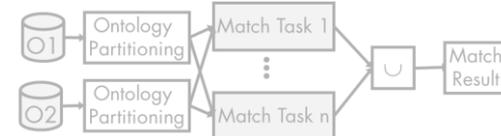


**(Semi-)automatische  
Anpassung von  
Ontologiemappings**

## Evolution von Annotations-mappings



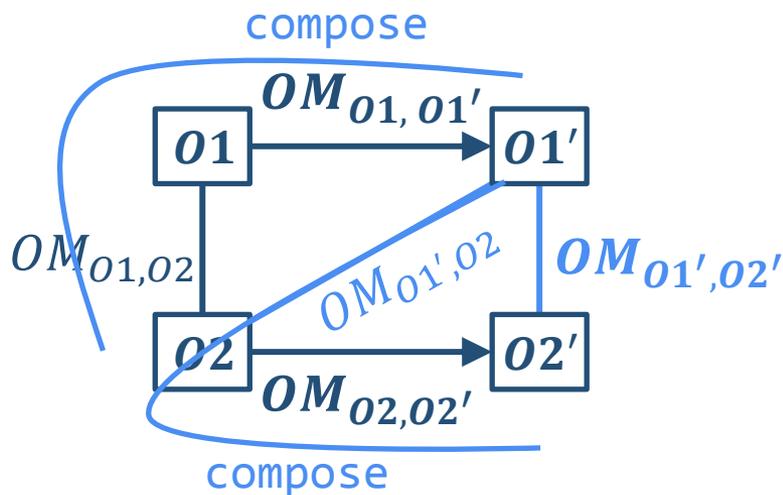
## Skalierbares Ontologie- Matching



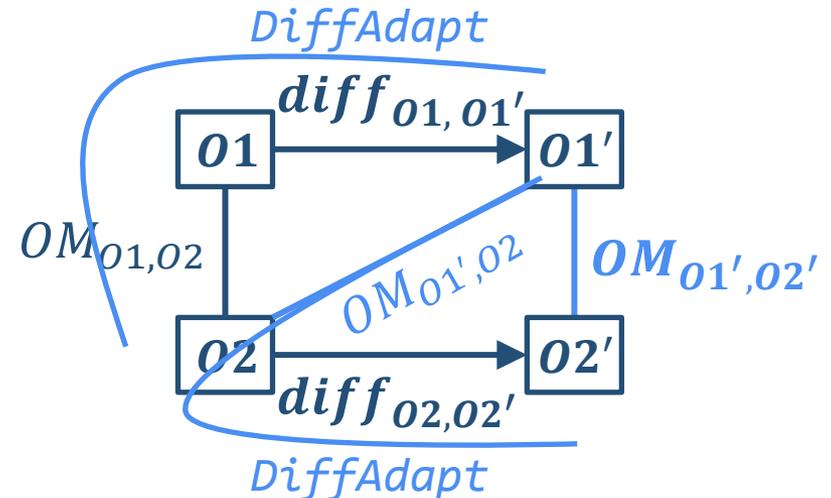
# MAPPINGADAPTIERUNG

- Mappings können ungültig werden → Aktualisierung notwendig
- Wiederverwenden existierender Mappings (keine vollständige Neubestimmung)
- **Zwei Algorithmen**

## Kompositionsbasierte Adaptierung (KA)



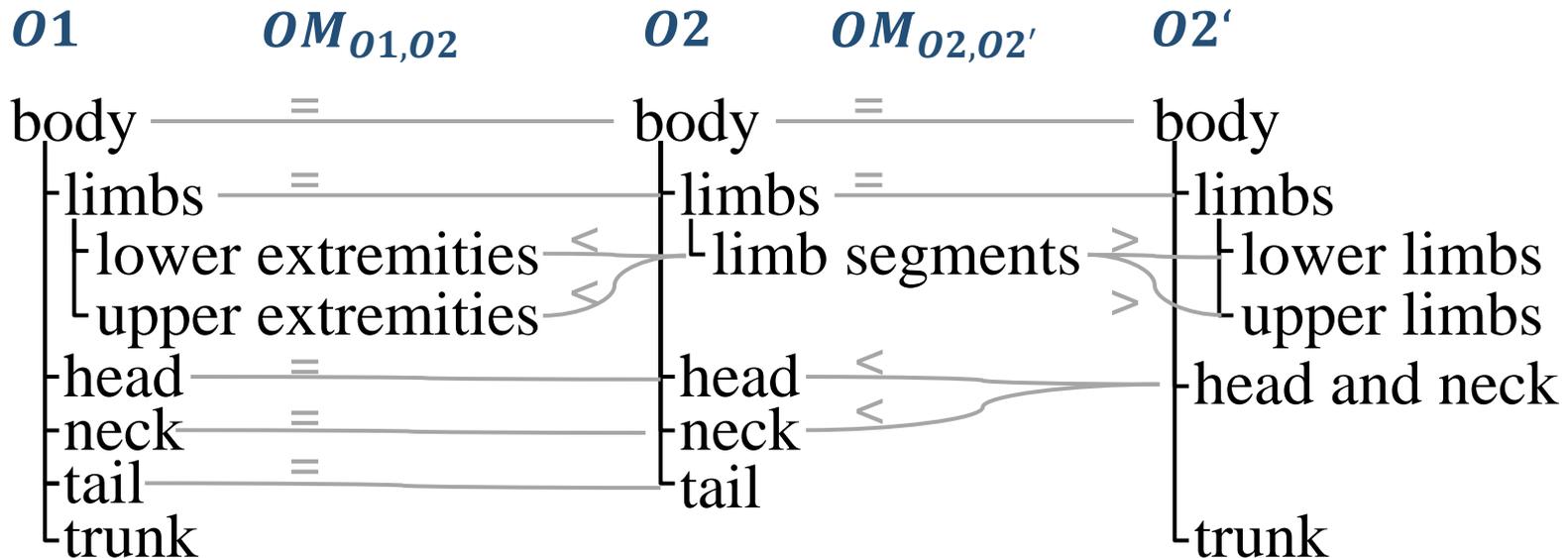
## Diff-basierte Adaptierung (DA)



Groß, Dos Reis, Hartung, Pruski, Rahm: *Semi-automatic adaptation of mappings between life science ontologies*. DILS, 2013.

# KOMPOSITIONSBASIERTE ADAPTIERUNG

- Kombination des alten Ontologiemappings mit Evolutionsmappings zwischen alten und neuen Ontologieversionen: compose-Operator
- Wiederverwendung & Anpassung existierender Korrespondenzen

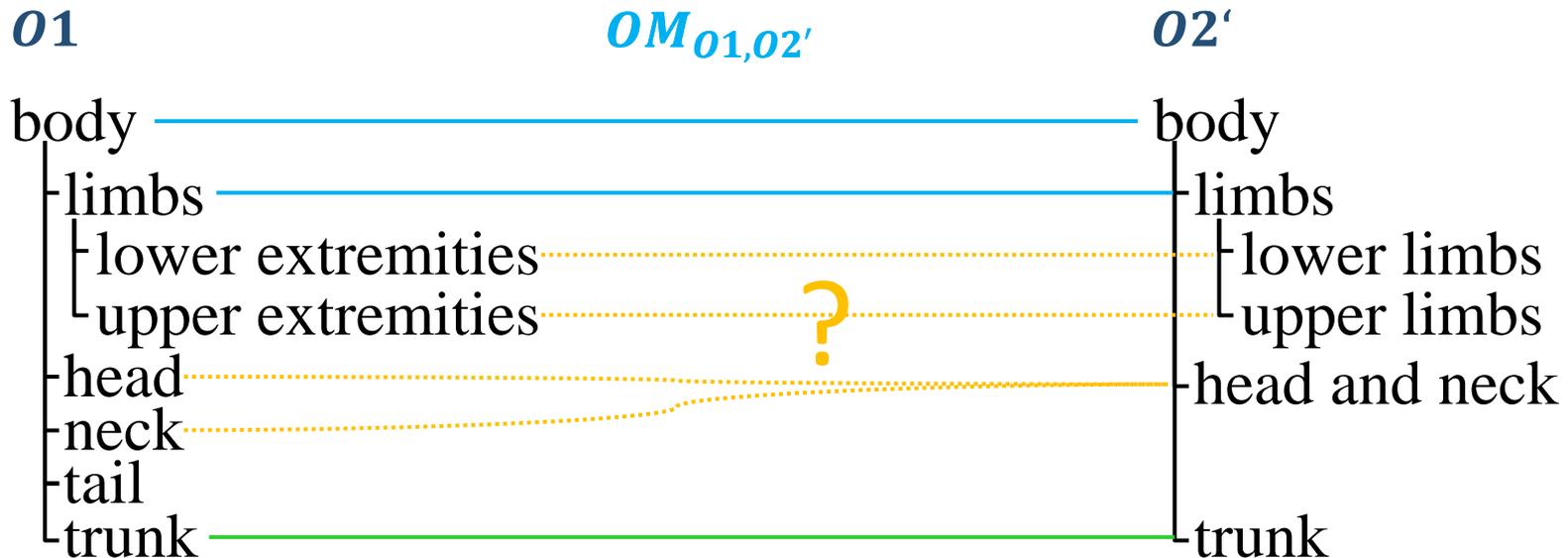


- Semantische Korrespondenztypen?
- + Matching hinzugefügter Konzepte ( $O1' \setminus O1, O2' \setminus O2$ )

*semType:*  
 = *equivalent*  
 < *less general*  
 > *more general*

# KOMPOSITIONSBASIERTE ADAPTIERUNG

- Kombination des alten Ontologiemappings mit Evolutionsmappings zwischen alten und neuen Ontologieversionen: compose-Operator
- Wiederverwendung & Anpassung existierender Korrespondenzen



- Semantische Korrespondenztypen?
- + Matching hinzugefügter Konzepte ( $O1' \setminus O1, O2' \setminus O2$ )

*semType:*

= *equivalent*

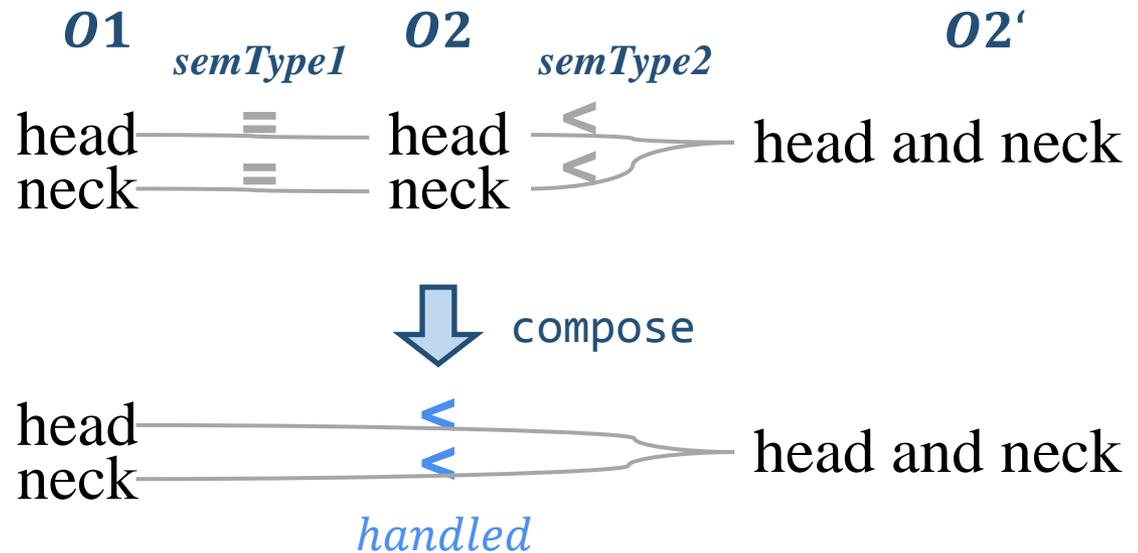
< *less general*

> *more general*

# KOMBINATION SEMANTISCHER KORRESPONDENZTYPEN

- Korrespondenz  $(c_1, c_2)$ ,  $c_1 \in O1, c_2 \in O2$ 
  - $semType \in \{=, <, >, \approx\}$
  - $status \in \{handled, toVerify\}$

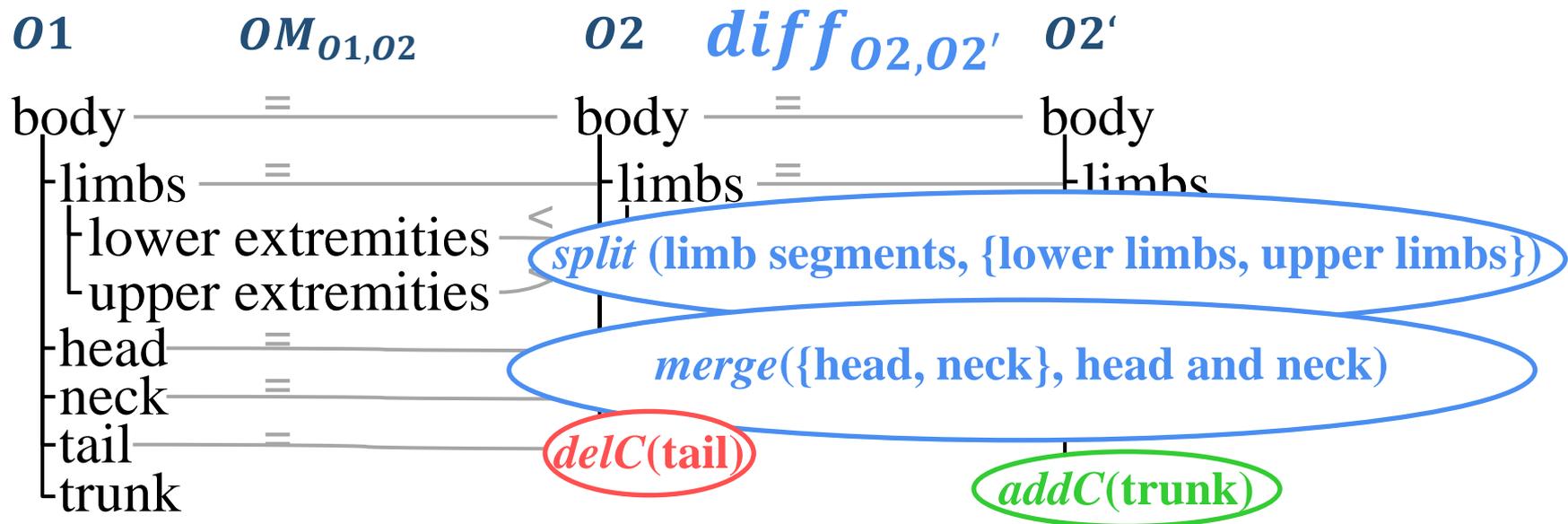
<i>semType1</i> \ <i>semType2</i>	=	<	>	≈
=	=	<	>	≈
<	<	<	≈	≈
>	>	≈	>	≈
≈	≈	≈	≈	≈



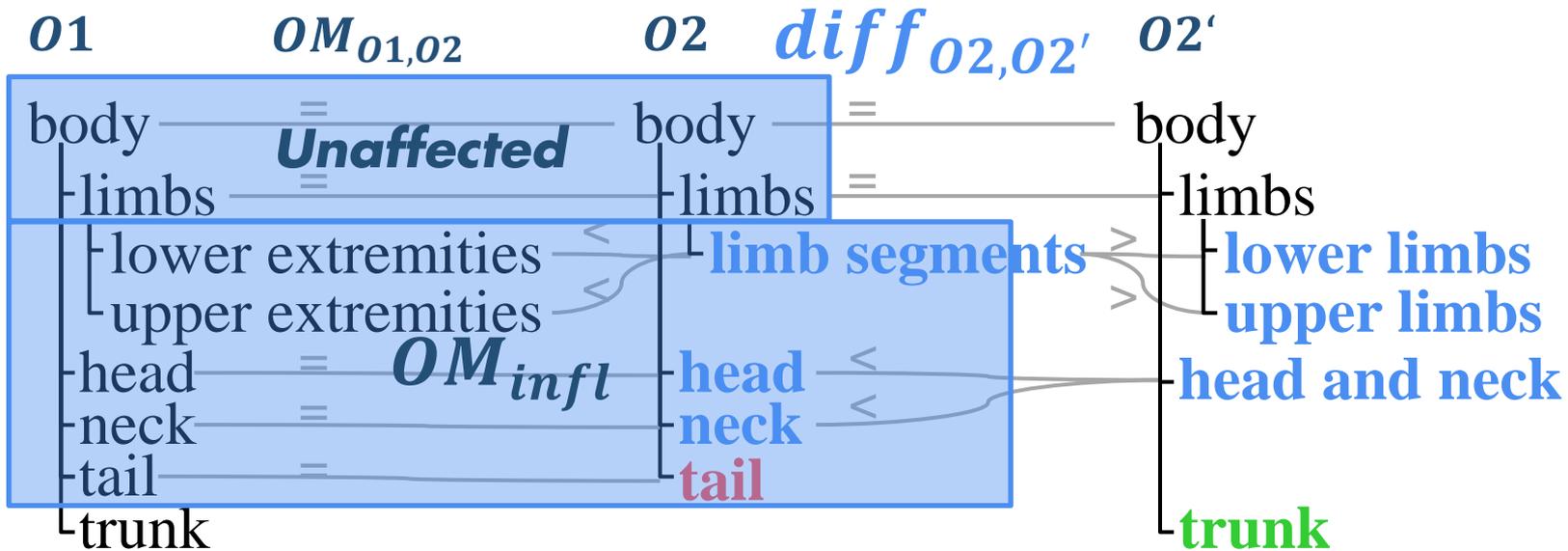


# DIFF-BASIERTE ADAPTIERUNG

- Modularer, flexibler Adaptierungsansatz
- Individuelle Betrachtung von Ontologieänderungen:  
*Change Handler CH*
- Wiederverwendung und Anpassung existierender Korrespondenzen



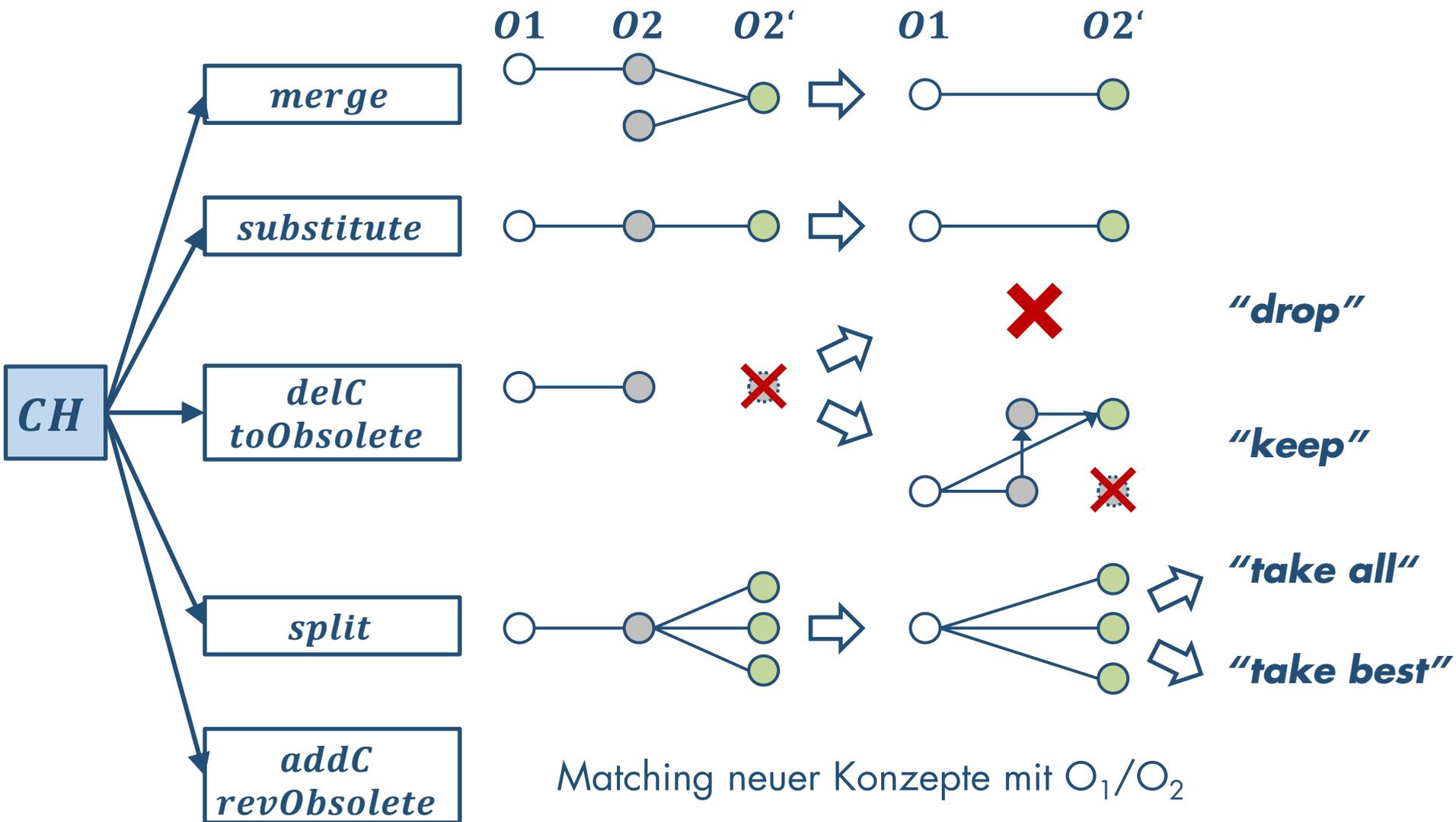
# DIFF-BASIERTE ADAPTIERUNG



$DiffAdapt(OM_{O2,O1}, diff_{O2,O2'}, O2, O2', O1, CH)$

1. Bestimmung der beeinflussten Korrespondenzen  $OM_{infl}$  mittels  $diff_{O2,O2'}$
2. Wiederverwenden des unbeeinflussten Mappingteils:  $OM_{O2',O1} \leftarrow OM_{O2,O1} \setminus OM_{infl}$
3. Für jeden  $ch \in CH$ 
  - Adaptierung von  $OM_{infl}$  entsprechend der  $ch$ -Strategie ( $diff_{O2,O2'}, O2, O2', O1$ )
4. Vereinigung von  $OM_{infl}$  mit unbeeinflussten Mappingteil:  
 $OM_{O2',O1} \leftarrow OM_{O2',O1} \cup OM_{infl}$

# CHANGE HANDLER

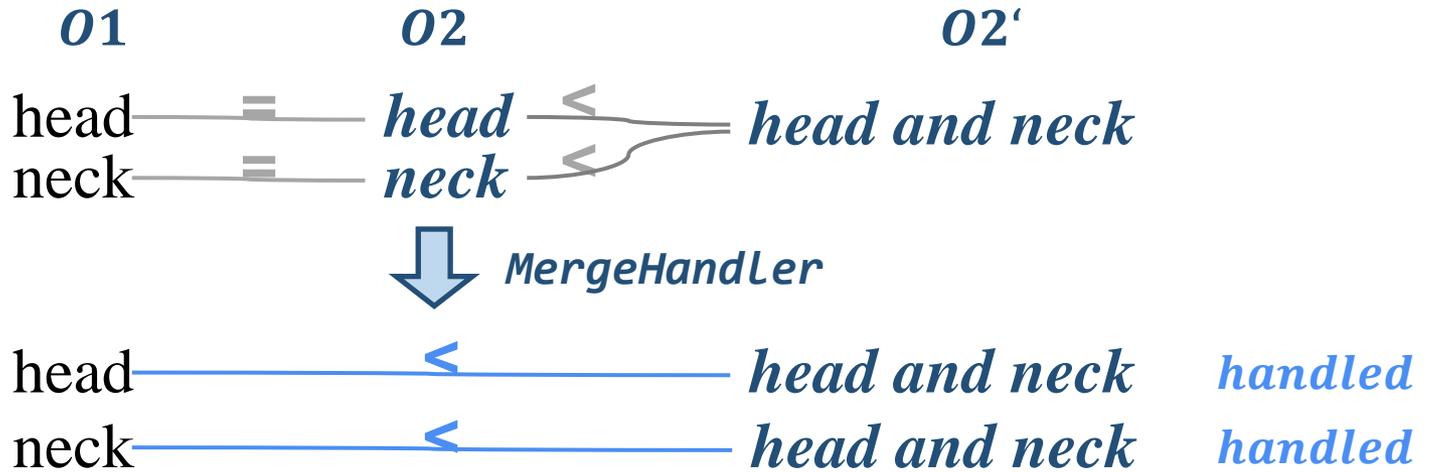


Jeder *ch* bestimmt *semType* & *status* der Korrespondenzen.

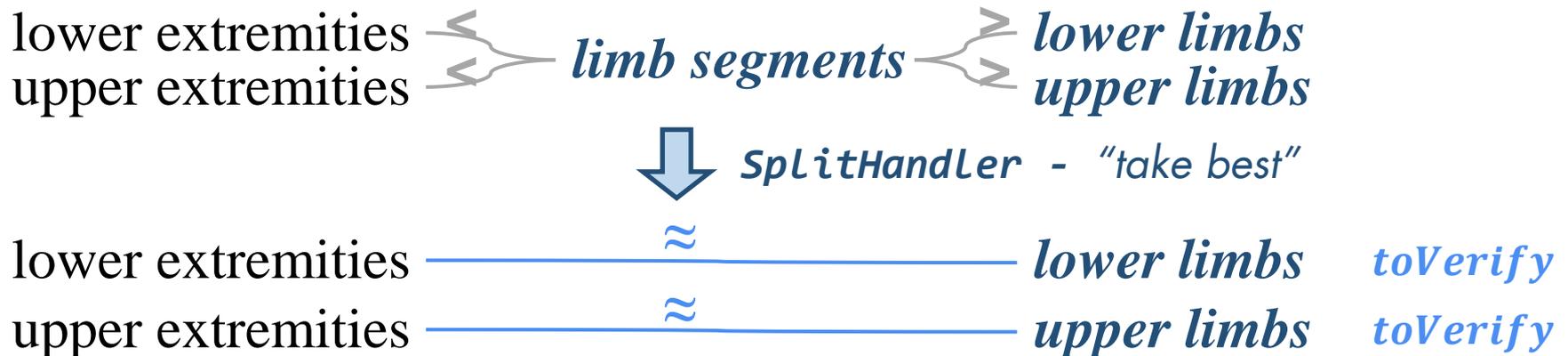
# BEISPIEL

`merge({head, neck}, head and neck)`

**Diff: kein semType!**



`split(limb segments, {lower limbs, upper limbs})`



# EVALUIERUNG

- UMLS Mappingversionen: Silberstandard
- Adaptierung der 2009-Version, 2012 → Referenzmapping

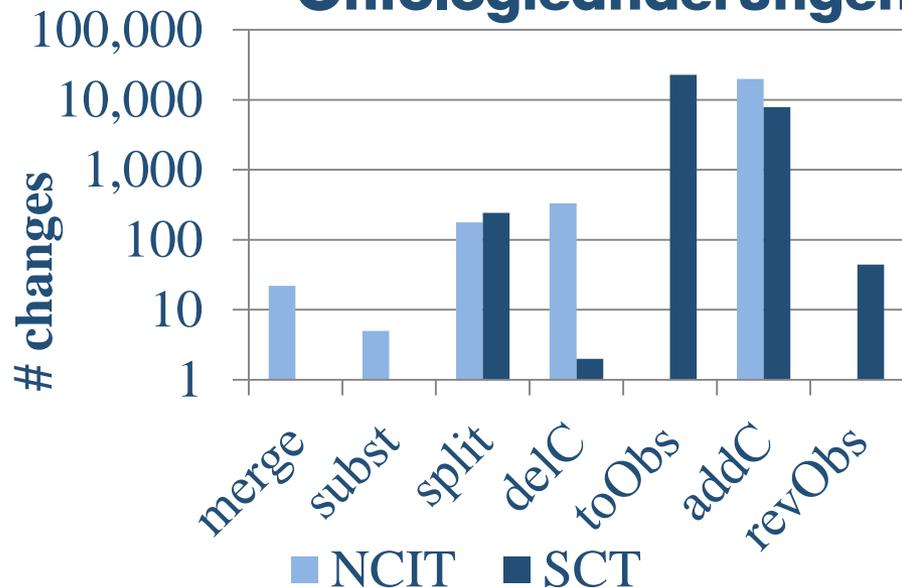
## Ontologiegroße

	FMA	NCIT	SCT
C <sub>2009</sub>	62,285	63,655	310,121
C <sub>2012</sub>	62,285	84,132	318,502

## Mappinggröße

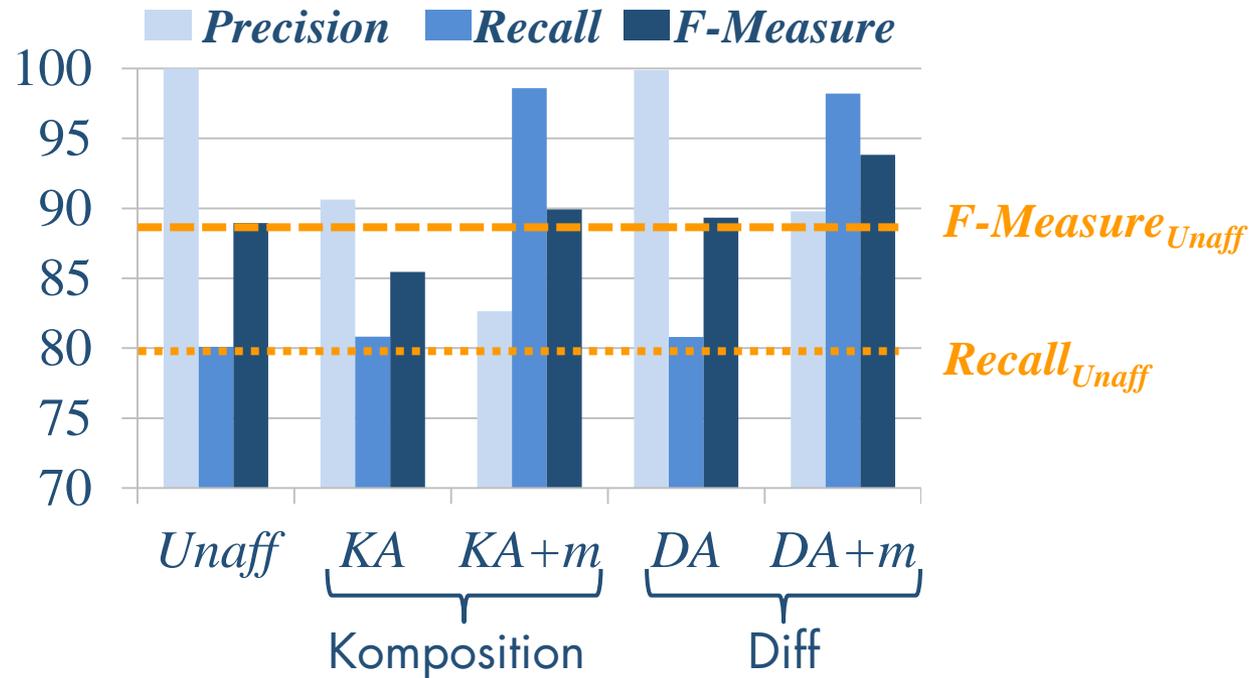
	SCT-NCIT
M <sub>2009</sub>	19,971
M <sub>2012</sub>	22,732

## Ontologieänderungen



- *merge, split, ...*
- Viele Konzepthinzufügungen und *toObsolete* Änderungen
- **Mappingänderungen**
  - 8% *delCorr*
  - 19% *addCorr*

# MAPPINGQUALITÄT SCT-NCIT



- Nur unbeeinflusste Korrespondenzen (*Unaff*): gute Ergebnisse
- *KA*: Precision ↓
- *KA+m*: Recall ↑ , F-Measure ≈ 90%
- Diff-basierte Ansätze: höhere Qualität, insb. Precision ↑
- *DA+m*: beste Qualität, F-Measure ≈ 94%

# SEMI-AUTOMATISCHE MAPPINGADAPTIERUNG

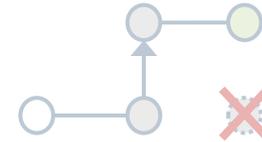
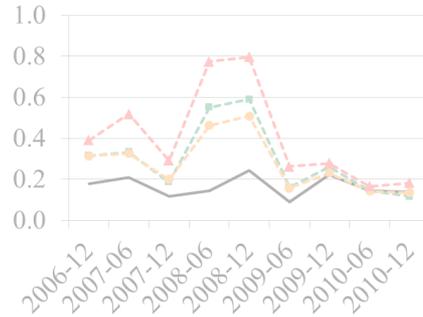
- ✓ Hohe Mappingqualität
- ✓ Konsistentes Mapping
- ✓ Korrespondenzen zu neuen Konzepten
- ✓ Reduzierung des manuellen Aufwands, Involvierung von Nutzern
- ✓ Unterstützung von semantischen Mappings

## Adaptierungsstrategie

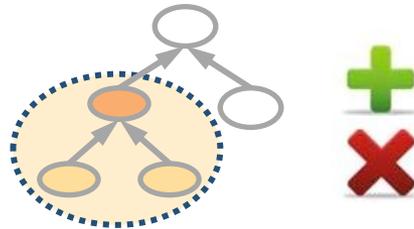
- 1) **Automatische** Bestimmung eines **konsistenten** Mappings bzgl. der neuen Versionen (mit *DA*)
- 2) Empfehlungen für neue Korrespondenzen (*DA+m*)  
→ möglichst **vollständiges** Mapping
- 3) **Experten validieren** Korrespondenzen mit *toVerify* Status und vervollständigen das Mapping weiter

# INHALT

## Evolution von Ontologie-mappings

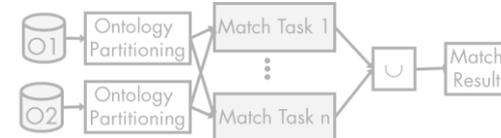
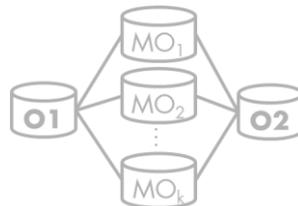


## Evolution von Annotations-mappings



**Einfluss der Ontologie- und Annotationsevolution auf funktionale Analysen**

## Skalierbares Ontologie-Matching



# FUNKTIONALE ANALYSEN

- **Ziel:** Bestimmung von gemeinsamen, signifikant überrepräsentierten Eigenschaften (z.B. Funktionen) einer bestimmten Gruppe von Genen
- Propagierung von Gen-Annotationen, statistischer Signifikanztest



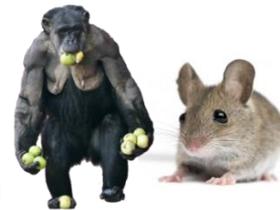
**X** **+**  
**Stabile Ergebnisse?**

- Kooperation mit dem MPI für Evolutionäre Anthropologie

*Groß, Hartung, Prüfer, Kelso, Rahm: Impact of Ontology Evolution on Functional Analyses. Bioinformatics, 2012.*

- **Zwei reale Datensätze\***

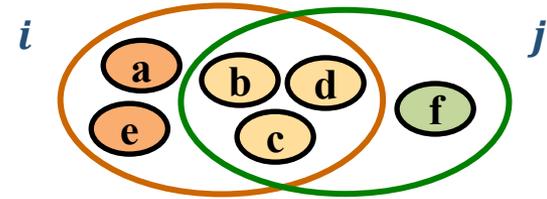
- Funktionale Analyse für Gene, die einer positiven Selektion während der Evolution von **Primaten** und **Rodentia** unterlagen
- **GO** und **GO Annotationen** aus **2007**
- **Wiederholung: 2003 – 2010 Versionen mit** **FUNC**



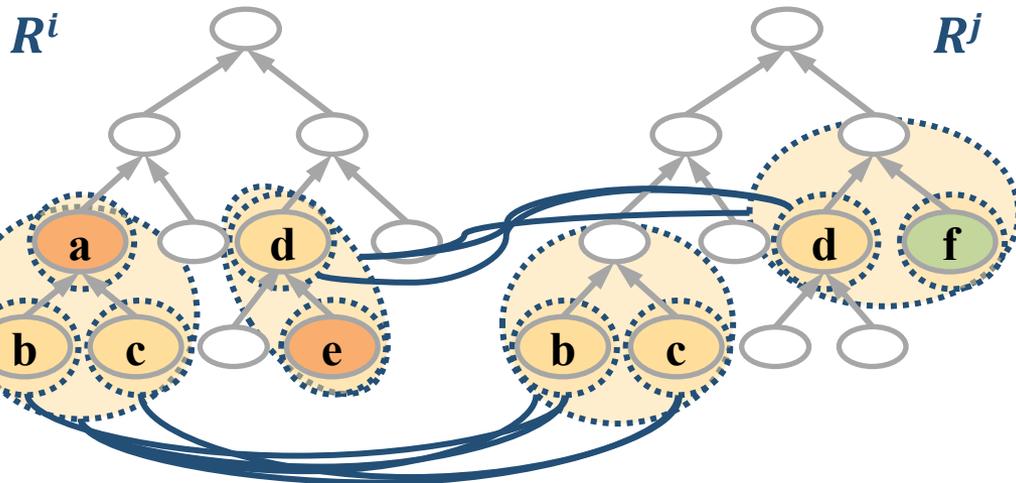
\* Kosiol et al.: *Patterns of positive selection in six mammalian genomes*. PLOS Genetics, 2008.

# STABILITÄT DER ERGEBNISSE

- Ergebnisse für Eingabeversionen  $i$  und  $j$
- Scheinbare Instabilität durch unterschiedliche, aber semantisch ähnliche Ergebniskonzepte
- **Konzeptregion  $R$** : Verknüpfung über  $\leq d$  Kanten
- Stabile Ergebnisse: Regionen bleiben erhalten ( $R_{overlap}^i, R_{overlap}^j$ )

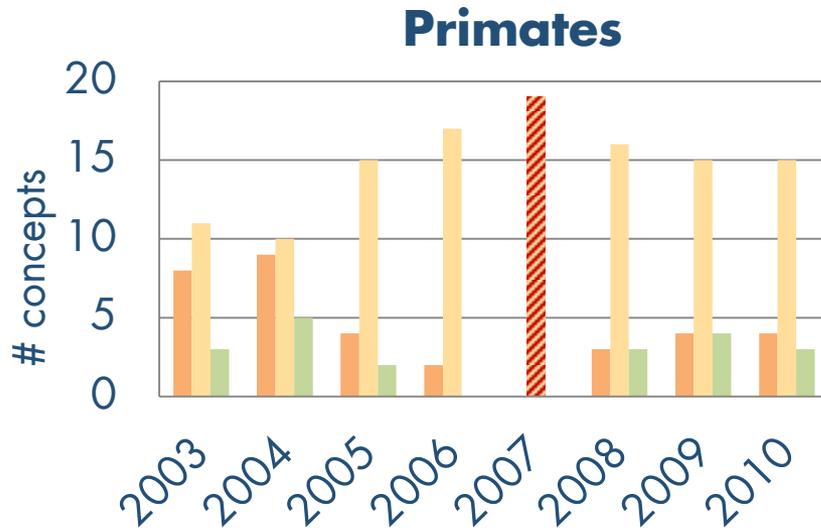


$$stab(R^i, R^j) = \frac{|R_{overlap}^i| + |R_{overlap}^j|}{|R^i| + |R^j|}$$



$d=0$	$stab = \frac{3 + 3}{5 + 4} = 0.67$
$d=1$	$stab = \frac{2 + 3}{2 + 4} = 0.83$
$d=2$	$stab = \frac{2 + 2}{2 + 2} = 1$

# EVALUIERUNG



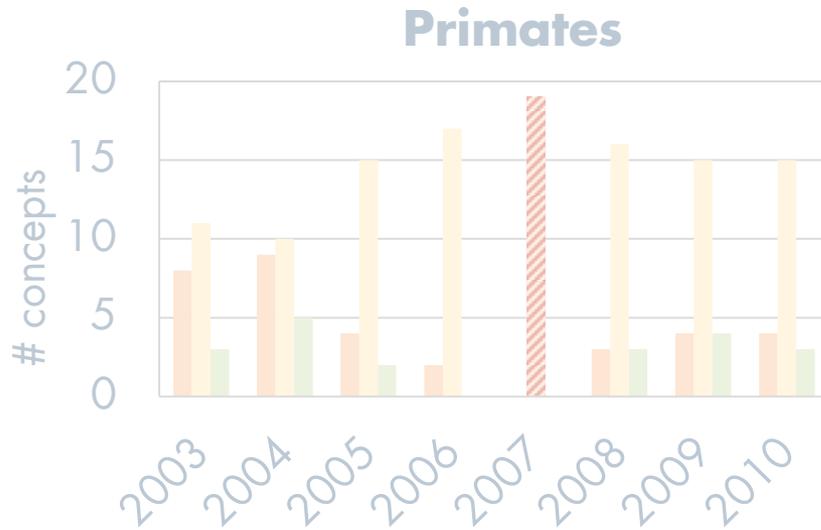
Ergebnisstabilität ( $d = 0$ )  
2007 vs. 2010

Change	Primates	Rodents
$O^v, A^w$	0.81	0.52
$O^v$	0.84	0.7
$A^w$	0.97	0.5

- # Ergebniskonzepte
- Für beide Versionen
- Nur 2007
- Nur Vergleichsversion

- Stabilere Ergebnisse für Primaten-Datensatz
- Viele Änderungen in Rodentia-Ergebnissen
- Einfluss Ontologieänderungen → Primaten
- Einfluss Annotationsänderungen → Rodentia

# EVALUIERUNG



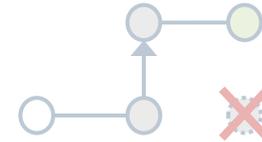
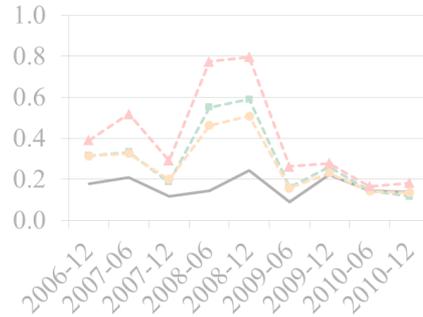
**Ergebnisstabilität ( $d = 0$ )**  
2007 vs. 2010

<b>Distance</b>	<b>Primates</b>	<b>Rodents</b>
$d = 0$	0.81	0.52
$d = 1$	1	0.88

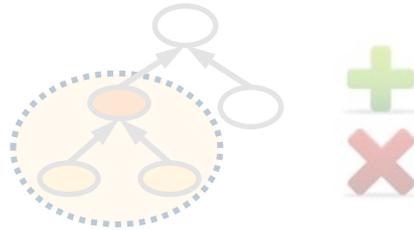
- Semantisch bedeutsame Änderungen der Ergebnisse?  
→ Manchmal Änderung der biologischen Aussage, insgesamt relativ robust
- Strukturelle Ontologieänderungen
- Instabile Annotationen (z.B. *automatisch generierte Annotationen*)
- Unterstützung der Nutzer (Ontologiekuratoren, Biologen, ...):  
Annotationsstabilität, Ontologieänderungen

# INHALT

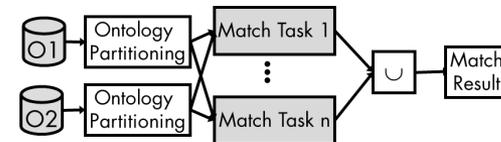
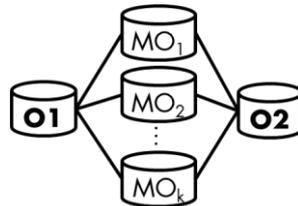
## Evolution von Ontologie-mappings



## Evolution von Annotations-mappings

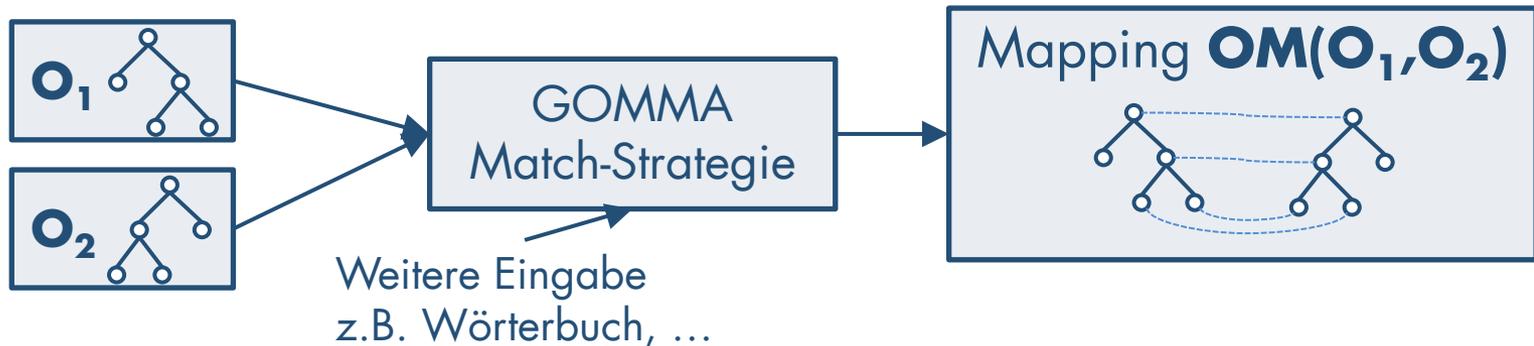


## Skalierbares Ontologie-Matching



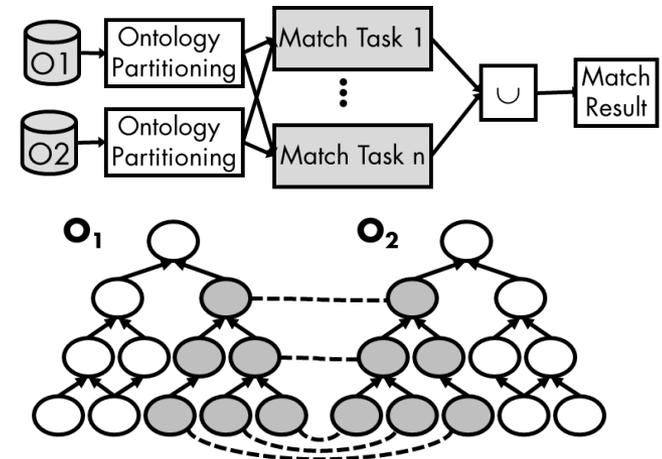
# SKALIERBARES ONTOLOGIE-MATCHING

**Ziel:** Effektives & effizientes Matching von sehr großen Ontologien



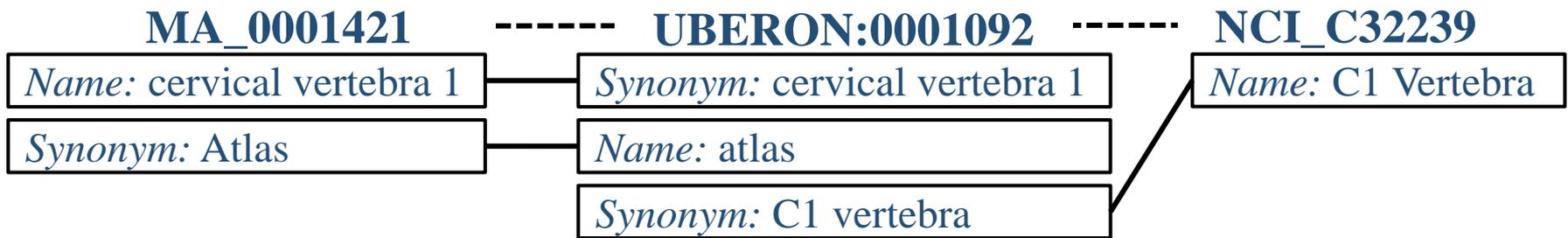
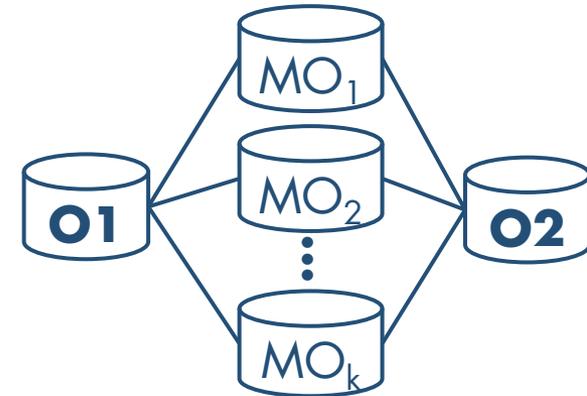
## Erweiterungen von GOMMA's Match-Komponente:

- Paralleles Ontologie-Matching
- Suchraumreduzierung (Blocking) durch Matching potenziell überlappender Bereiche
- Kompositionsbasiertes Matching



# KOMPOSITIONBASIERTES ONTOLOGIE-MATCHING

- Indirekter Match-Ansatz
- Wiederverwendung existierender Mappings
- Komposition über Mediatorontologien (MO)



- Verschiedene MOs können sich gegenseitig ergänzen
- Mappingqualität: Recall ↑
- Geringe Ausführungszeiten

Groß, Hartung, Kirsten, Rahm: *Mapping Composition for Matching Large Life Science Ontologies*. ICBO, 2011.

# GOMMA @ OAEI

- **O**ntology **A**lignment **E**valuation **I**nitiative
- Bewertung der Stärken und Schwächen von Match-Systemen
  - Qualität der Match-Ergebnisse
  - Ausführungszeiten
  - ...
- **Match-Aufgaben aus verschiedenen Domänen:**
  - Anatomy: MA – Anatomie-Teil des NCIT
  - LargeBio: NCIT, FMA, SNOMED CT
  - Library
  - Conference
  - Multifarm
  - Synthetic Benchmarks



# OAEI 2012

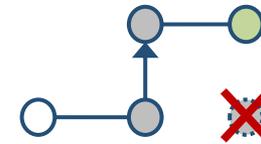
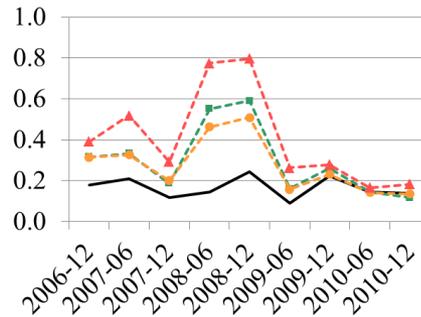
Nur drei (von >20) Systemen absolvierten alle OAEI-Tests!

	<b>SUM runtime</b>	<b>AVG F-Measure</b>
<b>YAM++</b>	30.4 h	73.6
<b>GOMMA(_bk)</b>	2.5 h	65.7
<b>LogMap(noel/Lt)</b>	1.6 h	60.8

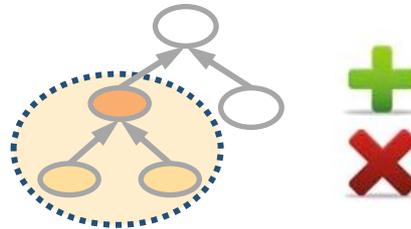
- **GOMMA:** sehr gute Mappingqualität & gute Ausführungszeiten für alle OAEI-Tasks
- **Bestes System** für **Anatomy** ( $\approx 92\%$  F-Measure) & **Library** ( $\approx 67\%$  F-Measure)
- + **Skalierbares Matching** durch Parallelisierung, Komposition und Blocking
- + Sehr gute **Mappingqualität**
  - + Domänenspezifische Mediatorontologien: Uberon, UMLS
  - + Multilingualer Übersetzungsservice

# ZUSAMMENFASSUNG UND AUSBLICK

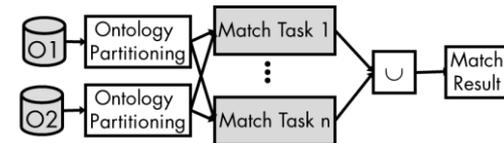
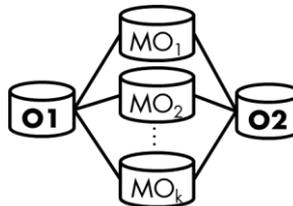
## Evolution von Ontologie-mappings



## Evolution von Annotations-mappings



## Skalierbares Ontologie-Matching



# ZUSAMMENFASSUNG UND AUSBLICK

## Adaptierung von semantischen Mappings

- Semantische Anreicherung von Ontologiemappings und Diff (*is-a, part-of, ...*)
- Interaktives Werkzeug zur Verifikation von Korrespondenzen

## Annotationsqualität

- Aktuelle Studien\* bestätigen die Instabilität von Annotationen und deren Einfluss
  - Fortgeschrittene Methoden zur Bewertung der Annotationsqualität
- Verwendung in Analysen und Algorithmen

\* Gillis, Pavlidis: *Assessing identity, redundancy and confounds in gene ontology annotations over time.* *Bioinformatics*, 2013.

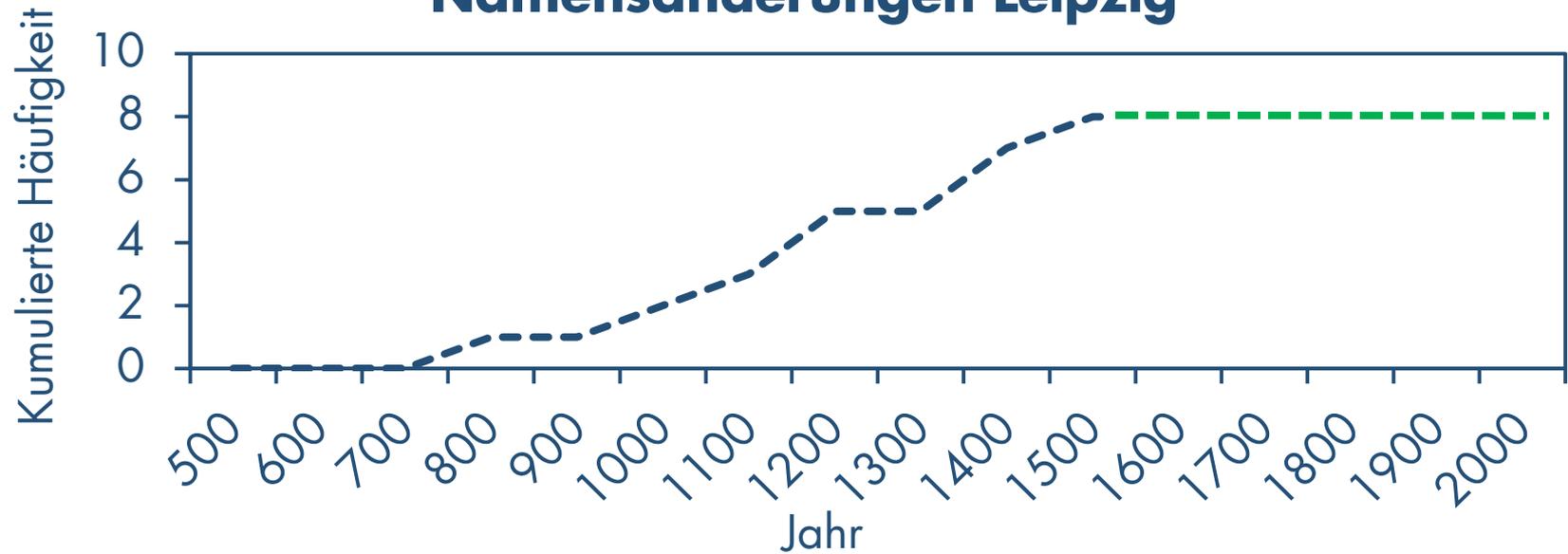
Clarke, Loguercio, Good, Su: *A task-based approach for Gene Ontology evaluation.* *Journal of Biomedical Semantics*, 2013.

## Fortgeschrittene Ontologie-Matching-Techniken

- Parallelisierung unter Verwendung von GPUs, algorithmische Optimierungen (Blocking, ...)

... Evaluierung und Anwendung der vorgestellten Methoden in anderen Domänen (z.B. Geisteswissenschaften)

## Namensänderungen Leipzig



# REFERENZEN

- Clarke, Loguercio, Good, Su: *A task-based approach for Gene Ontology evaluation*. *Journal of Biomedical Semantics*, 2013.
- Cruz, Antonelli, Stroe: *AgreementMaker: Efficient Matching for Large Real-World Schemas and Ontologies*. In VLDB Proceedings, VLDB Endowment, 2009.
- Do, Rahm: *COMA - A System for Flexible Combination of Schema Matching Approaches* VLDB Proceedings, 2002.
- Gillis, Pavlidis: *Assessing identity, redundancy and confounds in gene ontology annotations over time*. *Bioinformatics*, 2013.
- Groß, Dos Reis, Hartung, Pruski, Rahm: *Semi-automatic adaptation of mappings between life science ontologies*. DILS, 2013.
- Groß, Hartung, Kirsten, Rahm: *Estimating the Quality of Ontology-Based Annotations by Considering Evolutionary Changes*. DILS, 2009.
- Groß, Hartung, Kirsten, Rahm: *On Matching Large Life Science Ontologies in Parallel*. DILS, 2010.
- Groß, Hartung, Kirsten, Rahm: *Mapping Composition for Matching Large Life Science Ontologies*. ICBO, 2011.
- Groß, Hartung, Kirsten, Rahm: *GOMMA results for OAEI 2012*. OM-Workshop @ ISWC, 2012.
- Groß, Hartung, Prüfer, Kelso, Rahm: *Impact of Ontology Evolution on Functional Analyses*. *Bioinformatics*, 2012.
- Groß, Hartung, Thor, Rahm: *How do computed ontology mappings evolve? - A case study for life science ontologies*. EvoDyn-Workshop@ ISWC, 2012.
- Hartung, Gross, Rahm: *CODEX: Exploration of semantic changes between ontology versions*. *Bioinformatics*, 2012.
- Hartung, Groß, Rahm: *COnto-Diff: generation of complex evolution mappings for life science ontologies*. *Journal of Biomedical Informatics*, 2013.
- Hartung, Kirsten, Gross, Rahm: *OnEX: Exploring changes in life science ontologies*. *BMC Bioinformatics*, 2010.
- Hu, Qu: *Falcon-AO: A practical ontology matching system*. *Web Semantics: Science, Services and Agents on the World Wide Web*, 2008.

# REFERENZEN

- Khattak, Pervez, Latif, Lee: *Time efficient reconciliation of mappings in dynamic web ontologies*. Knowledge-Based Systems, 2012.
- Kirsten, Groß, Hartung, Rahm: *GOMMA: a component-based infrastructure for managing and analyzing life science ontologies and their evolution*. Journal of Biomedical Semantics, 2011.
- Kondylakis, Plexousakis: *Ontology Evolution: Assisting Query Migration*. In Proceedings of the 31st International Conference on Conceptual Modeling (ER), 2012.
- Kosiol, Vinar, Da Fonseca, et al.: *Patterns of positive selection in six mammalian genomes*. PLOS Genetics, 2008.
- Martins, Silva: *A User-Driven and a Semantic-Based Ontology Mapping Evolution Approach*. In Proceedings of the 11th International Conference on Enterprise Information Systems (ICEIS), 2009.
- Melnik, Bernstein, Halevy, Rahm: *Supporting Executable Mappings in Model Management*. In Proc. of the ACM SIGMOD International Conference on Management of data, 2005.
- Noy, Musen: *PromptDiff: A Fixed-Point Algorithm for Comparing Ontology Versions*. AAAI, 2002.
- Prüfer, Muetzel, Do, et al.: *FUNC: a package for detecting significant associations between gene sets and ontological annotations*. BMC Bioinformatics, 2007.
- Yu, Popa: *Semantic Adaptation of Schema Mappings when Schemas Evolve*. VLDB, 2005.