

### Informationsintegration Übung 5

SS 2016

Yvonne Lichtblau

# Vorstellung Lösungen Übung 4

#### Wettbewerb

Platz 1: Gruppe 3 (1.58s)

Platz 2: Gruppe 6 (1.94s)

Platz 3: Gruppe 8 (3.11s)

(user time)

Gruppe	1	2	3	4	5	6	8
Web Scraping (Korrektheit)	3			1			5
Web Scarping (Geschwin- digkeit)	5	3			1		
Hierarchical Queries	3		1				5
Query Containment			5			3	1
Summe	11	3	6	1	1	3	11

## Assignment 5 Ontology Matching

#### Übersicht

Schreibt ein (String-Matching basiertes)
Programm, welches ein 1:1 Alignment/Matching
zwischen der Ontologie für die Anatomie des
Menschen und der Ontologie für die Anatomie der
Maus berechnet.

#### **Datenset**

Ontology Alignment Evaluation Initiative
 OAEI-2015 Campaign: Teilwettbewerb Anatomie

http://oaei.ontologymatching.org/2015/anatomy/index.html

- Download des Datensets: http://oaei.ontologymatching.org/2015/anatomy/anatomy-dataset.zip
- Drei Dateien: human.owl (Ontologie Anatomie Mensch) mouse.owl (Ontologie Anatomie Maus) reference.rdf (Referenz Alignment)
- Auf Übungs Homepage: Java-Programm zum Einlesen der Ontologien



#### Dateiformate (1)

**reference.rdf** (RDF: Resource Description Framework)

#### Referenzalignment:

- bestehend aus 1516 Korrepondenzen
- 946 davon triviale Korrespondenzen (gleiche normalisierte Strings)

#### Dateiformate (2)

#### mouse.owl (OWL: Ontology Web Language, JAVA: OWL-API)

#### human.owl

#### String Similarity Metrics for Ontology Alignment

- Eine gute Übersicht: http://disi.unitn.it/~p2p/RelatedWork/Matching/2015\_12\_3\_957\_964.pdf
- Ähnlichkeit von Wörtern (z.B. Levenshtein Distanz)
- Ähnlichkeit von Wortmengen
   (z.B. Jaccard-Index, TFIDF, Soft-TFIDF)
- Ähnlichkeit von Konzepten:

Konzepte haben oft mehr als eine Bezeichnung (und damit mehr als eine Zeichenkette), Ähnlichkeitsmaße müssen also angepasst werden, z.B. Auswahl des Maximums aller paarweisen Vergleiche der Bezeichnungen

#### **Tipps**

- Strings normalisieren (Kleinbuchstaben, Entfernung von Bindestrichen ...)
- Schritt für Schritt vorgehen, z.B.:
- erst exakte Korrespondenzen
- Auswahl eines 1:1 Alignments
   (bei einer 1:m Beziehung überlegen wie behandeln,
   z.B. Strukturinformationen miteinbeziehen, TFIDF Konfidenz)
- Approximatives Matching auf verbleibenden Konzepten
- Synonyme mit einbeziehen (soweit vorhanden)

#### Validierung der Alignments (1)

**True Positive (TP)** Anzahl der Korrespondenzen im berechneteten Alignment, die auch im Referenz Alignments vorkommen.

**False Positive (FP)** Anzahl der Korrespondenzen im berechneten Alignment, die nicht im Referenz Alignment vorkommen.

**False Negatives (FN)** Anzahl der Korrespondenzen im Referenz Alignment, die nicht im berechneten Alignment vorkommen.

#### Validierung der Alignments (2)

$$Precision = \frac{TP}{TP + FP}$$
 (Genauigkeit des Alignments)

$$Recall = \frac{TP}{TP + FN}$$

$$Recall + = \frac{TP_{non-trivial}}{TP_{non-trivial} + FN_{non-trivial}}$$

(Trefferquote)

(Recall abzüglich der 946 exakten Korrespondenzen)

$$F-Score = \frac{2*Precision*Recall}{Precision*Recall}$$

#### Kriterien zum Bestehen

- F-Score von mindestens 80%
- Recall+ Wert von mindestens 10%

#### Ergebnisse der Challenge:

Matcher	Runtime	Size	Precision	F-Measure	Recall	Recall+	Coherent
⊕ ⊕	Û Ū	⊕ ⊕	⊕ ⊕	⊕ ⊕	⊕ ⊕	Û ⊕	Û Ū
AML	40	1477	0.956	0.944	0.931	0.82	Х
COMMAND	63127*	150	0.293	0.053	0.029	0.042	Х
CroMatcher	569	1350	0.914	0.861	0.814	0.508	-
DKP-AOM	370	201	0.995	0.233	0.132	0.0	Х
DKP-AOM- lite	476	949	0.991	0.763	0.62	0.042	-
GMap	2362**	1344	0.916	0.861	0.812	0.534	-
JarvisOM	217	458	0.365	0.169	0.11	0.01	-
Lily	266	1382	0.87	0.83	0.793	0.513	-
LogMap	24	1397	0.918	0.88	0.846	0.593	Х
LogMap-C	49	1084	0.966	0.805	0.691	0.449	Х
LogMapBio	895	1549	0.882	0.891	0.901	0.738	Х
LogMapLite	20	1147	0.962	0.828	0.728	0.288	-
RSDLWB	22	935	0.959	0.732	0.592	0.0	-
ServOMBI	792	971	0.963	0.752	0.617	0.099	
VM7 D	5.0	1/1/	0 028	n 896	0 865	0 647	v
StringEquiv	-	946	0.997	0.766	0.622	0.000	-

Triviale Korrespondenzen

#### Aufruf und Ausgabe

- Programm muss auf gruenau2 ausführbar sein
- Programm und Aufruf per Email senden
- Ausgabe: eine Korrespondenz des Alignments pro Zeile, comma-separated

```
MA_0002308, NCI_C52930
MA_0002373, NCI_C52991
MA_0001494, NCI_C33157
MA_0000355, NCI_C32421
MA_0002208, NCI_C48947
MA_0001296, NCI_C12346
MA_0000358, NCI_C12392
```

#### Wettbewerb

Die Gruppe, die den höchsten F-Score erreicht, gewinnt den Wettbewerb!

#### **Abgabe**

- Bis Montag, 18.07.2016, 23:59 Uhr
- Per Email an: yvonne.lichtblau@informatik.hu-berlin.de (gerne auch Fragen per Email)
- Abgabe:
- Programm (ausführbar auf gruenau2)
- Dokumentation (PDF) mit ermittelten Werten für Precision, Recall, Recall+ und F-Score
- Kriterien zum Bestehen der Übung:
  - \* F-Score von mindestens 80%
  - \* Recall+ Wert von mindestens 10%
  - \* Laufzeit < 20 Minuten

#### **Abgabe**

- Bis Montag, 18.07.2016, 23:59 Uhr
- Per Email an: yvonne.lichtblau@informatik.hu-berlin.de (gerne auch Fragen per Email)
- Abgabe:
- Programm (ausführbar auf gruenau2)
- Dokumentation (PDF) mit ermittelten Werten für Precision, Recall, Recall+ und F-Score
- Kriterien zum Bestehen der Übung:
  - \* F-Score von mindestens 80%
  - \* Recall+ Wert von mindestens 10%
  - \* Laufzeit < 20 Minuten