Étape 1

- Écrire un premier script Python permettant d'extraire les entités médicales de type <u>noms de</u> <u>médicaments par substance active</u> de A à Z, à partir des 26 pages HTML du dossier « VIDAL » que je vous ai mis en pièce-jointe.
- Générer en sortie un dictionnaire au format .dic (format DELAF vu en cours 4) encodé en UTF-16 LE avec BOM (UCS-2 LE BOM).
- Ce dictionnaire <u>doit s'appeler</u> « <u>subst.dic</u> » et doit contenir les noms de médicaments par substance active des 26 pages HTML du dossier « VIDAL ».
- Chaque entrée lexicale de ce dictionnaire doit être suivie par les informations (codes) ,.N+subst
- L'information **N** est de type grammatical et l'information subst est de type sémantique.
- Vous devez donc obtenir une sortie ayant le format DELAF-UNITEX suivant :

abacavir,.N+subst abatacept,.N+subst abciximab,.N+subst abiratérone,.N+subst

.....

• L'extraction <u>doit être faite en local</u> sur votre machine. Pour ce faire, vous devrez installer une plateforme de développement Web, comme par exemple : **XAMPP** ou **EasyPHP-DevServer**, qui contiennent, entre autres, un serveur Web Apache.

Remarque : L'encodage UTF-8 sans BOM des pages HTML du dossier « VIDAL » ne doit pas être modifié.

• Ensuite, donner la possibilité à l'utilisateur de déterminer l'intervalle des pages à traiter, en respectant le format : B-H, E-S ou A-W, etc. Cet intervalle <u>est le premier argument du premier script Python</u> « extraire.py ».

- Donner également la possibilité à l'utilisateur de saisir le « port http », qui est précisé dans le « fichier de configuration du serveur Web Apache ». Ce port est le deuxième argument du <u>premier script Python</u> « extraire.py ».
- Autrement dit, une fois que vous avez choisi votre port <u>manuellement</u> dans ce fichier de configuration, vous le mettez ensuite comme deuxième argument à votre script « extraire.py ». Ce script doit exploiter ce port pour accéder à l'URL des 26 pages HTML du dossier VIDAL, qui seront accessibles en local.
- Générer un fichier nommé « infos1.txt » contenant :
 - o le nombre d'entités médicales de type noms de médicaments par substance active du dictionnaire « subst.dic » généré préalablement, pour chaque lettre de l'alphabet ;
 - o et le nombre total d'entités médicales de type noms de médicaments par substance active de ce dictionnaire.

Remarque: Le port http par défaut est le port « 80 ».

<u>Remarque</u>: Ce premier script python « extraire.py » <u>doit impérativement avoir 2 arguments : l'intervalle</u> <u>d'extraction et le port http.</u>

<u>Remarque</u>: Votre script python <u>ne doit pas modifier (écrire dans) le fichier de configuration Apache lors</u> <u>de l'extraction.</u>

Étape 2

- Après avoir extrait les entités médicales de type noms de médicaments par substance active à partir du dossier « VIDAL » et généré le dictionnaire « subst.dic », vous devrez écrire un <u>deuxième script</u>
 <u>Python</u> « enrichir.py », permettant d'alimenter et d'<u>enrichir</u> ce dictionnaire « subst.dic » avec de nouvelles entités médicales de type noms de médicaments par nom commercial ou par substance active, à partir du fichier « corpus-medical.txt » donné en argument.
- <u>L'encodage UTF-8 sans BOM du fichier du corpus médical ne doit pas être modifié</u> et le dictionnaire « subst.dic » après enrichissement <u>doit conserver son encodage de départ</u>, à savoir l'« <u>UTF-16 LE avec BOM</u> » (UCS-2 LE BOM).
- Le dictionnaire « subst.dic » après enrichissement ne doit pas contenir de doublons et doit être trié par ordre croissant (a-z). Il contiendra donc toutes les entités médicales de type noms de

Projet « Extraction d'information » - Consignes du projet médicaments par substance active issues du dossier « VIDAL » selon l'intervalle choisi + les nouveaux noms de médicaments issus du corpus médical « corpus-medical.txt ».

- Le script d'enrichissement <u>doit garder une trace</u> des noms de médicaments trouvés dans le fichier « corpus-medical.txt », en les stockant dans un autre fichier qui <u>doit</u> s'appeler « <u>subst_corpus.dic</u> », en mettant ses entrées lexicales en minuscules. Cependant, <u>ce dictionnaire doit subir ni tri, ni suppression de doublons</u> et doit être encodé en « <u>UTF-16 LE avec BOM</u> » (UCS-2 LE BOM).
- Générer un fichier nommé « infos2.txt » sans doublons contenant :
 - o le nombre de médicaments issus du corpus pour chaque lettre de l'alphabet ;
 - o et le nombre total de médicaments issus du corpus.
- Générer un fichier nommé « infos3.txt » sans doublons contenant :
 - o le nombre de médicaments issus de l'enrichissement pour chaque lettre de l'alphabet ;
 - o et le nombre total de médicaments issus de l'enrichissement.
- Construire un graphe d'extraction sous UNITEX, qui se base sur l'étiquette <N+subst> du dictionnaire « subst.dic », afin d'extraire les occurrences de « posologies » à partir du fichier « corpus-medical.txt ». Le graphe d'extraction doit s'appeler « posologie.grf ». Le résultat de cette extraction sera placé par UNITEX dans le fichier « concord.html », qui se trouve dans le dossier « corpus-medical snt ».
 - Remarque: Une « posologie » contient généralement le nom du médicament, le dosage du médicament (50mg, 20 mg, 10 mg, etc.), le rythme d'administration ou fréquence d'administration (2 fois par jour, 3 fois par jour, 4 fois par jour, etc.), l'heure-moment de prise du médicament (à 8 heures, le soir, le matin, etc.) et la durée de traitement (pendant un mois, de J1 à J7, etc.).
 - Remarque: Il est à noter que dans certains cas, le dosage de médicament n'est pas présent, par exemple, "METOPROLOL: ½ le matin, ½ le soir". Dans cet exemple, le dosage du METOPROLOL n'est pas précisé. Pourtant, il en existe différents dosages, comme le "METOPROLOL 100 mg", employé dans "METOPROLOL 100 mg: ½ le matin, ½ le soir" ou le "METOPROLOL 50 mg", employé dans "METOPROLOL 50: 1/jour".

Exemples d'extraction de « posologies » à partir du corpus médical « corpus-medical.txt » :

SIMVASTATINE 20 mg: 1 cp/j à 8 heures pendant un mois

CYTARABINE 100 mg/m² de J1 à J7

PLAVIX 75 mg: 1 cp/jour

ZOLPIDEM 10 mg 1 cp au coucher

METFORMINE 850 mg 3 fois par jour

SPECIAFOLDINE 5 mg: 1 cp matin - 1 cp soir pendant un mois

ALADACTONE 25 mg : 1 cp/jour le midi

INEXIUM 40 1 cp par jour le soir

TEGRETOL 200 mg: 1 cp 2 fois par jour

PAROXETINE 20 mg: 1 fois par jour

EQUANIL 400: 3 fois / jour

KEPPRA 500 : 2/jour

CRESTOR 10 mg : 1 comprimé par jour le soir

- Écrire un troisième script permettant d'appeler UNITEX pour exploiter votre graphe, à partir de l'emplacement C:\....\Unitex-GramLab\App>
 - a. Pour appeler UNITEX, vous devrez utiliser le script du cours dédié au lancement d'UNITEX
 à partir d'un script Python. Ce troisième script Python « unitex.py » doit exploiter les ressources suivantes :
 - le dossier « corpus-medical_snt » créé automatiquement à chaque lancement du script « unitex.py » ;

```
II. le fichier : « corpus-medical.txt » ;
```

- III. le fichier : « corpus-medical.snt » ;
- IV. le fichier : « Norm.txt » (facultatif) ;
- V. le fichier : « Alphabet.txt »;
- VI. le fichier : « subst.dic » ;
- VII. le fichier : « subst.bin » ;
- VIII. le fichier : « Dela fr.bin »;
 - IX. le fichier : « Dela_fr.inf »;
 - X. le fichier : « posologie.grf » ;

Projet « Extraction d'information » - Consignes du projet

XI. le fichier : « posologie.fst2 » ;

XII. le fichier : « concord.ind ».

<u>Remarque</u>: Lors de la phase d'extraction, il est <u>nécessaire</u> d'utiliser comme ressource supplémentaire le dictionnaire système « <u>Dela_fr.bin</u> » fourni par UNITEX, afin de pouvoir exploiter les masques lexicaux comme <<u>PREP</u>>, <<u>DET</u>> ou <<u>PREPDET</u>>, etc. <u>Vérifiez aussi que vous avez bien « Dela_fr.inf » à côté du</u> « <u>Dela_fr.bin</u> », afin que ce dernier puisse être exploité.

• Écrire un quatrième script permettant d'injecter le contenu du fichier « concord.html » dans une base de données **SQLite** nommée « **extraction.db** », en utilisant le module « sqlite3 » de Python. Pour parcourir les données de votre base de données, utilisez « sqlitebrowser ».

 La table « EXTRACTION » de votre base de données contiendra 	: I'ID ((clé primaire) et la POSOLOGIE
---	----------	---------------	-------------------

Pour lancer votre application d'extraction d'information, placez vos 4 scripts (extraire.py, enrichir.py, unitex.py et sqlite.py) dans l'emplacement C:\.....\Unitex-GramLab\App>

Pour l'évaluation de votre travail, vous devrez m'envoyer par mail :

- <u>Le script d'extraction</u> : « extraire.py » doit générer « subst.dic » et « infos1.txt ». Ce script prend deux arguments :
 - I. l'intervalle des pages à traiter, en respectant le format : **B-H, E-S** ou **A-W**, etc. ;
 - II. le port http utilisé dans le fichier de configuration du serveur « Apache ».
- <u>Le script d'enrichissement</u>: « enrichir.py » doit enrichir le DELAF « subst.dic » à partir du fichier
 « corpus-medical.txt » donné en argument. Ce script doit générer 4 fichiers :
 - I. « subst.dic » (dictionnaire enrichi);
 - II. « subst corpus.dic » ;
 - III. « infos2.txt »;
 - IV. « infos3.txt ».
- <u>Le script SQLite</u> : « sqlite.py » doit enregistrer les posologies contenues dans le fichier « concord.html » dans la base de données SQLite nommée « extraction.db ». Ce script prend en argument le fichier « concord.html » et génère la BDD « extraction.db ».

Projet « Extraction d'information » - Consignes du projet

- <u>Le script Python qui appelle UNITEX</u> : « unitex.py » doit exploiter plusieurs ressources, comme le graphe « posologie.grf » et le DELAF « subst.dic ».
- <u>Le graphe d'extraction</u> : « posologie.grf » doit extraire à partir du fichier « corpus-medical.txt » les posologies, en s'appuyant sur les DELAF « Dela_fr.bin » et « subst.bin ».

Pour résumer, vous devrez m'envoyer 5 fichiers :

- les 4 scripts **Python**;
- et le graphe d'extraction au format .grf.