

Перевод

BioASQ на CLEF2025: тринадцатый выпуск масштабного конкурса биомедицинской семантической индексации и ответов на вопросы

Анастасиос Нентидис, Георгиос Кацимпрас, Анастасия Критара, Мартин Краллингер, Мигель Родригес Ортега, Наталья Лукачевич, Андрей Саховский, Елена Тутубалина, Григориос Цумакас, Джордж Джаннакулас, Александра Бекьяриду, Афанасиос Самарас, Джорджио Мария, Ди Нунцио, Никола Стил, Стефано Маркезин, Лаура Менотти, Джанмария Сильвелло и Джордж Пальжурас

Аннотация. В течение последних двенадцати лет крупномасштабные исследования в биомедицинской семантической индексации и вопросно-ответных системах (BioASQ) привели к совершенствованию методов и инструментов для ускорения доступа к постоянно растущим научным ресурсам биомедицинской области. В этом направлении каждый год BioASQ организует общие задачи, представляющие реальные информационные потребности биомедицинских экспертов, и предоставляет соответствующие тестовые наборы данных. Таким образом, тестирование BioASQ предоставляет уникальный общий испытательный стенд, на котором исследовательские группы по всему миру могут тестировать и сравнивать новые подходы к доступу к биомедицинским знаниям. Тринадцатая версия BioASQ будет проводиться как оценочная лаборатория в контексте CLEF2025, предоставляя шесть задач: (i) Задача по ответам на семантические биомедицинские вопросы. (ii) Задача Synergy по ответам на вопросы по биомедицинским темам, находящимся в развитии. (iii) Задача MultiClinSum по многоязычному клиническому обобщению. (iv) Задача BioNNE-L по связыванию вложенных именованных сущностей с базой знаний на русском и английском языках. (v) Задача ELCardioCC по клиническому кодированию в кардиологии. (vi) Задача GutBrainIE по извлечению информации о взаимодействии кишечника и мозга. Поскольку тестирование BioASQ поощряет методы, которые превосходят современные достижения в этих общих задачах, оно продолжает расширять границы исследований в сторону подходов, которые будут удовлетворять потребности в эффективном и точном доступе к биомедицинским знаниям.

Ключевые слова. Биомедицина, Семантическое индексирование, Вопросно-ответная система

Введение

BioASQ10 [27] — это серия международных соревнований и семинаров по биомедицинскому семантическому индексированию и вопросам-ответам (QA), представленная в 2012 году. Каждый год BioASQ структурируется в отдельные общие задачи, относящиеся к доступу к биомедицинской информации, машинному обучению, поиску информации, извлечению информации и другим, а также организуется семинар BioASQ [23, 21, 22, 6, 3]. Для выполнения задач BioASQ разрабатываются уникальные наборы тестовых данных и инфраструктура с открытым исходным кодом, что позволяет исследовательским группам,

работающим над системами доступа к биомедицинской информации, соревноваться в одних и тех же реалистичных наборах данных и делиться, оценивать и сравнивать свои идеи и подходы. На данный момент в BioASQ приняли участие более 100 команд из 32 стран. Поскольку тестирование BioASQ продолжает поощрять наиболее успешные подходы в каждой задаче и подзадаче, оно в конечном итоге продвигается к системам, которые превосходят предыдущие подходы. Подобные успешные подходы к семантической индексации и контролю качества могут в конечном итоге привести к разработке инструментов для поддержки более точного доступа к биомедицинским знаниям и дальнейшего улучшения услуг здравоохранения.

Тестирование BioASQ 2025

Тринадцатое тестирование BioASQ (BioASQ13) станет частью шестнадцатой конференции CLEF11 и будет состоять из шести задач, которые являются центральными для доступа к биомедицинским знаниям и процесса вопросов и ответов: (i) Задача b12 по обработке биомедицинских вопросов, генерации ответов и извлечению вспомогательного материала, (ii) Задача Synergy по биомедицинскому контролю качества для разработки проблем в сценарии, который способствует сотрудничеству между биомедицинскими экспертами и системами вопросов и ответов, (iii) Задача MultiClinSum по многоязычному клиническому реферированию. (iv) Задача BioNNE-L по автоматизированной нормализации понятий вложенных именованных сущностей из документов, написанных на русском и английском языках. (v) Задача ELCardioCC по клиническому кодированию греческих выписных писем по кардиологии. (vi) Задача GutBrainIE по извлечению и связыванию знаний из научной литературы по взаимодействию кишечника и мозга. Поскольку задачи b и Synergy также были организованы в контексте предыдущих выпусков BioASQ [14, 13, 18], мы ссылаемся на их текущую версию в контексте BioASQ13 как на задачу 13b и задачу Synergy 13 соответственно.

2.1 Задача 13b: биомедицинские вопросно-ответные системы

Задача BioASQ 13b проходит в три этапа. В Фазе А предоставляются биомедицинские вопросы на английском языке, и системы должны извлечь соответствующий материал (документы и фрагменты PubMed). В Фазе А+ участвующие системы должны предоставить «точные» и «идеальные» ответы. В зависимости от типа вопроса «точный» ответ может быть «да» или «нет» (да/нет), названием сущности, например, болезнь или ген (фактоид), или списком названий сущностей (список). «Идеальный» ответ представляет собой резюме размером с абзац, независимо от типа вопроса. Наконец, в Фазе В для каждого вопроса предоставляется некоторый релевантный материал, выбранный экспертами BioASQ, и системы должны предоставить новые ответы с учетом этой дополнительной информации.

Для тестирования будет разработано около 300 новых биомедицинских вопросов, аннотированных эталонными документами, фрагментами и ответами («точные» и «идеальные»). Кроме того, учебный набор из около 5380

биомедицинских вопросов, сопровождаемых ответами и подтверждающими доказательствами (документами и фрагментами), будет доступен из предыдущих версий задач в качестве уникального ресурса для разработки вопросно-ответных систем [5]. Оценка в задаче 12b выполняется вручную экспертами, которые оценивают каждый ответ системы, и автоматически с использованием различных установленных мер оценки [11], как и в предыдущей версии задачи [14].

2.2. Задача Synergy для развивающихся тем

Стремясь содействовать исследованиям в области разработки биомедицинских тем, таких как COVID-19, мы представили задачу BioASQ Synergy в 2020 году [6, 7]. В отличие от исходной задачи b, задача Synergy разработана как непрерывный диалог, который позволяет экспертам задавать открытые вопросы для разработки тем, на которые они заранее не знают, можно ли дать определенный ответ. Системы предоставляют соответствующие материалы (документы и фрагменты) и ответы, а эксперты оценивают их, предоставляя обратную связь, которая позволяет системам улучшать свои ответы на эти вопросы. Этот процесс повторяется итеративно, и новый материал также рассматривается в каждом раунде на основе обновлений исходного ресурса документа [17]. С 2023 года этим развивающимся ресурсом документов является PubMed [13].

Обучающий набор данных из примерно 370 вопросов по разработке тем с постепенными аннотациями с соответствующим материалом и ответами уже доступен из предыдущих версий задачи Synergy [16, 15, 20, 19]. В ходе выполнения задания Synergy 13 этот набор будет расширен более чем пятьюдесятью новыми открытыми вопросами по развивающимся темам здравоохранения. Между тем, любые существующие вопросы, которые остаются актуальными, могут быть обогащены более обновленными ответами и более свежими доказательствами. В задании Synergy 13 мы используем те же меры оценки, что и в задании 13b, рассматривая только новый материал для части поиска информации, подход, известный как оценка остаточного сбора[26]. Однако основное внимание в этом задании уделяется оказанию помощи экспертам в содействии пошаговому пониманию новых развивающихся тем здравоохранения и открытию новых решений.

2.3. Задача MultiClinSum: мультиязычное клиническое реферирование

Происходит быстрое накопление различных типов клинического контента, включая медицинские записи и отчеты о клинических случаях. Они, как правило, пишутся не только на английском, но и на других языках. Некоторые клинические отчеты могут быть очень длинными, и поэтому экспертам в предметной области сложно читать и отслеживать ключевые клинические идеи. Большие языковые модели (LLM) показали многообещающие результаты для подходов к реферированию, которые могут быть полезны для сжатия длинных клинических случаев в более короткую версию текста, уменьшая размер исходного текста, сохраняя ключевые клинические информационные элементы. Таким образом, существует настоятельная необходимость оценить и сопоставить, насколько

хорошо работает клиническое реферирование для отчетов о случаях, написанных на разных языках.

Мы представляем задачу MultiClinSum, охватывающую автоматическое реферирование длинных клинических отчетов, написанных на разных языках, а именно на английском, испанском, французском и португальском. Задача MultiClinSum будет опираться на корпус вручную выбранных полных отчетов о клинических случаях и соответствующих им резюме отчетов о клинических случаях, полученных из публикаций отчетов о случаях, написанных на ранее упомянутых языках. Для предложений по оценке автоматически сгенерированные резюме будут сравниваться с вручную сгенерированными резюме, созданными первоначальными авторами, используя оценки Rouge-2 и BERTScore [28] для оценивания качества. Поскольку клинические отчеты о болезнях имеют общие черты с медицинскими выписными заключениями, идеи, предоставляемые результатами MultiClinSum, могут иметь практическую значимость также для сценариев резюмирования клинических записей.

2.4. Задание BioNNE-L: связывание с базой знаний вложенных именованных сущностей на русском и английском языках.

Общая задача BioNNE-L фокусируется на проблемах NLP в связывании сущностей, также известных как нормализация медицинских концепций (MCN), для английского и русского языков. Цель состоит в том, чтобы сопоставить упоминания биомедицинских сущностей с полным набором названий медицинских понятий и их уникальными идентификаторами (CUI) из UMLS. Наборы данных train/dev включают аннотированные упоминания расстройств, анатомических структур и химических веществ. Мы проектируем наши данные с учетом сложной структуры вложенных упоминаний сущностей и частичной природы медицинской терминологии. Участникам разрешено обучать любую архитектуру модели на любых общедоступных данных для достижения наилучшей производительности. Подобно задаче BioNNE 2024 [1], структура оценки разделена следующим образом: 1. Трек, ориентированный на язык: участники этого трека должны разработать модель для связывания упоминаний сущностей на целевом языке (английском или русском). 2. Трек Bilingual: Участники этого трека должны обучить одну модель, используя обучающие данные для русского и английского языков. Наборы данных для задачи BioNNE-L будут основаны на наборе данных NEREL-BIO, который включает аннотированные упоминания расстройств, анатомических структур, химических веществ, диагностических процедур и биологических функций[10].

2.5. Задача ELCardioCC: Клиническое кодирование в кардиологии

Сердечно-сосудистые заболевания поражают значительную часть населения мира, составляя 32% мировых смертей по данным ВОЗ. Автоматизированное клиническое кодирование играет решающую роль в преобразовании неструктурированных реальных медицинских данных, полученных от пациентов, в структурированную информацию для облегчения клинических исследований и анализа. Однако существующие исследования в основном сосредоточены на англоязычных клинических текстах, оставляя другие языки, такие как греческий,

недостаточно представленными. С этой целью мы предлагаем новую задачу ELCardioCC, которая касается i) присвоения кардиологически связанных кодов МКБ-10 письмам о выписке из греческих больниц, ii) извлечения конкретных упоминаний кодов МКБ-10 из писем о выписке. Мы будем использовать метрики оценки, такие как микро- и макромера F для подзадачи (i) и токен F-мера для подзадачи (ii). Набор данных ELCardioCC включает 500 выписных писем из кардиологических отделений на греческом языке, аннотированных как минимум двумя экспертами на уровне документа с кодами МКБ-10, а также на соответствующем уровне упоминания с упоминаниями кодов МКБ-10. Аннотации набора данных включают более 200 кодов МКБ-10 и 5000 текстовых фрагментов. Набор данных включает 5 типов сущностей: основная жалоба, диагноз, предшествующая история болезни, лекарства и кардиоэхо.

2.6.Задача GutBrainIE: извлечение информации о взаимодействии мозга и кишечника

Последние данные свидетельствуют о связи между неврологическими и кишечными расстройствами, которые могут играть решающую роль в расстройствах или заболеваниях, связанных с психическим здоровьем, таких как рассеянный склероз, болезнь Паркинсона и болезнь Альцгеймера. Задача GutBrainIE направлена на содействие разработке систем извлечения информации (ИИ), которые поддерживают экспертов, автоматически извлекая и связывая знания из научной литературы, облегчая понимание взаимодействия кишечника и мозга и его роли в неврологических заболеваниях. Задача разделена на две подзадачи. В первой подзадаче участникам предоставляются рефераты PubMed, в которых обсуждается взаимодействие кишечника и мозга, и их просят извлечь именованные сущности о взаимодействии кишечника и мозга из рефератов PubMed, чтобы связать их с соответствующими концептами в справочной онтологии. Во второй подзадаче участников просят определить бинарные отношения — т. е. наличие/отсутствие — между любой парой сущностей, которые они извлекают в реферате. Представленные прогоны оцениваются на основе показателей точности, полноты и F1 для каждой подзадачи с использованием эталонных аннотаций, созданных экспертами в предметной области. Набор данных для задачи GutBrainIE включает около 1000 рефератов PubMed, аннотированных экспертами с упоминанием сущностей, соответствующими концептам в справочной онтологии и бинарными отношениями. Набор данных включает различные типы сущностей, такие как гены, бактерии, промежуточные продукты и заболевания, а также бинарные отношения между ними. В начале задания участникам будут предоставлены наборы данных для обучения и проверки (dev), в то время как тестовый набор станет доступен за пару недель до крайнего срока подачи заявок. Вместе с набором данных мы предоставляем справочную онтологию для связи извлеченных именованных сущностей с соответствующими концептами.

2.7 BioASQ датасеты и инструменты

За двенадцать лет существования BioASQ сотни систем исследовательских групп по всему миру были оценены по задачам, связанным с доступом к биомедицинской информации. В этом направлении BioASQ разработала живую

экосистему инструментов, таких как BioASQ Annotation Tool [24] для разработки наборов данных с вопросами и ответами и ряд мер оценки [11] и наборов данных, которые находятся в открытом доступе. Помимо уникальных наборов данных, предоставленных для шести задач, запущенных в этом году, BioASQ также предоставляет: i) эталонный набор данных из более чем 16,2 млн статей по биомедицинской семантической индексации (задача _a) [4], ii) наборы данных задачи MESINESP [2, 25] из более чем 300 тыс. статей по медицинской семантической индексации на испанском языке, iii) данные задачи DisTEMIST [12], задачи MedProcNER [8] и задачи Multi-CardioNER [9] по извлечению медицинской информации из документов клинических случаев, iv) а также для задачи BioNNE [1] набор данных по распознаванию вложенных именованных сущностей.

3. Заключение

Тестирование BioASQ облегчает обмен и соединение идей, предоставляя уникальные реалистичные наборы данных и услуги оценки для исследований методов доступа к биомедицинской информации. Таким образом, в конечном итоге оно ускоряет прогресс в этой области, о чем свидетельствует постепенное улучшение результатов, полученных в его задачах [14, 13, 18]. Наглядным примером является вклад BioASQ в принятие полностью автоматизированной индексации MeSH в NLM [4]. Аналогичным образом, мы ожидаем, что новая версия BioASQ позволит участвующим командам внести дальнейшее улучшение в шесть открытых задач, предлагаемых в этом выпуске.

Благодарности

Google выступил спонсором BioASQ в 2024 году. Спонсорами этого выпуска BioASQ также выступили Ovid Technologies, Inc., Elsevier и Atypon Systems inc. Это исследование было профинансировано испанским национальным проектом BARITONE project (TED2021-129974B-C22). Эта работа также проводится при поддержке Европейского союза Horizon Европейская программа координации и поддержки в рамках грантового соглашения № 101080430 (AI4HF), а также грантового соглашения № 101057849 (проект Datatool 4heartproject).

Работа над задачей BioNNE-L была поддержана Российским научным фондом [грант № 23-11-00358]. Эта работа частично поддержана Российским научным фондом Проект "НАСЛЕДСТВЕННОСТЬ" в рамках программы исследований и инноваций Европейского союза "Горизонт Европа" в рамках грантового соглашения № GA 101137074.

Список литературы

1. Давыдова В., Лукачевич Н., Тутубалина Е. Обзор задачи bionne по распознаванию вложенных именованных объектов в биомедицине на bioasq 2024.
2. Гаско Л., Нентидис А., Критара А., Эстрада-Завала Д., Мурасаки Р.Т., Примо-Пенна Э., Боджо Каналес К., Палиурас Г., Краллингер М. и др.: Обзор биозапроса 2021-MESINESP track. Оценка предварительной иерархической

классификации методы для научной литературы, патентов и клинических испытаний. Семинар CEUR Материалы конференции (2021).

3. Краллингер М., Критара А., Нентидис А., Палиурас Г., Вильегас М.: BioASQ на CLEF2020: Крупномасштабная биомедицинская семантическая индексация и ответы на вопросы. В: Европейская конференция по поиску информации. стр. 550-556. Springer (2020).

4. Критара А., Морк Дж.Г., Нентидис А., Палиурас Г.: Путь от ручной семантической индексации биомедицинской литературы к автоматической: 10-летний путь. Рубежи в области исследовательских показателей и аналитики 8 (2023).

5. Критара, А., Нентидис, А., Бугиатиотис, К., Палиурас, Г.: BioASQ-QA: Составленный вручную корпус ответов на биомедицинские вопросы. Биорксив (2022).

6. Критара А., Нентидис А., Палиурас Г., Краллингер М., Миранда А.: BioASQ на CLEF2021: Крупномасштабная биомедицинская семантическая индексация и ответы на вопросы. В: Европейская конференция по поиску информации. стр. 624-630. Springer (2021).

7. Критара А., Нентидис А., Вандору Э., Кацимпрас Г., Альмирантис Ю., Арнал М., Бунавичюс А., Фарре-Мадзуэлл Э., Кассисс М., Константакос, В., Матис-Митчелл С., Полихронопулос Д., Родригес-Паскуаль Дж., Самарас Э.Г., Самиотаки М., Сануду Д., Вози А., Палиурас Г.: Синергия биозапросов: диалог между системами ответов на вопросы и биомедицинскими экспертами для продвижения исследований в области COVID-19. Журнал Американской медицинской информатики Ассоциация, стр. ocae232 (08.2024).

8. Лима-Лопес С., Фарре-Мадзуэлл Э., Гаско Л., Нентидис А., Критара А., Кацимпрас Г., Палиурас Г., Краллингер М. Обзор задач MedProcNER по медицинскому Выявление процедур и привязка к объектам на BioASQ 2023. В разделе: Семинар CEUR Материалы (2023)

9. Лима-Лопес С., Фарре-Мадзуэлл Э., Родригес-Мирет Дж., Родригес-Ортега М., Лилли Л., Ленкович Дж., Серони Г., Коссофф Дж., Шах А., Нентидис А., Критара, А., Кацимпрас Г., Палиурас Г., Краллингер М.: Обзор многокардиографического задания на bioasq 2024 по медицинской специальности и языковой адаптации клинических систем ner для испанского, английского и итальянского языков. В: Конференция и лаборатории Форума по оценке (2024).

10. Лукачевич, Н., Манандхар, С., Барал, Е., Рожков, И., Браславский, П., Иванов, В., Батура, Т., Тутубалина, Е.: Negel-bio: набор данных биомедицинских рефератов, аннотированных вложенными именованными объектами. Биоинформатика 39(4), (2023).

11. Малакасиотис П., Павлопулос И., Андруцопулос И., Нентидис А.: Методы оценки для задачи b. Технический директор, технический представитель. Биозапрос (2018).

12. Миранда-Эскалада, А., Гаско, Л., Лима-Лопес, С., Фарре-Мадзуэлл, Э., Эстрада, Д., Нентидис А., Критара А., Кацимпрас Г., Палиурас Г., Краллингер М. Обзор DisTEMIST в BioASQ: Автоматическое обнаружение и нормализация

заболеваний на основе клинических текстов: результаты, методы, оценка и многоязычные ресурсы. В: Рабочие материалы Отчеты о конференции и лабораторных занятиях Форума по оценке (CLEF). Семинар CEUR Материалы конференции (2022).

13. Нентидис А., Кацимпрас Г., Критара А., Лима Лопес С., Фарре-Мадзуэлл Э., Гаско Л., Краллингер М., Палиурас Г. Обзор одиннадцатого биозапроса 2023 года. Задача BioASQ - Крупномасштабное биомедицинское семантическое индексирование и ответы на вопросы. В работе: Арампатзис А., Канулас Э., Цикрика Т., Врочидис С., Джачану.

8 А. Нентидис и др. А., Ли Д., Алианнеджади М., Влахос М., Фаджиоли Г., Ферро Н. (ред.) Экспериментальный ИК отвечает требованиям многоязычия, мультимодальности и взаимодействия. С. 227-250. Прыгун Природа Швейцарии, Чам (2023).

14. Нентидис А., Кацимпрас Г., Критхара А., Лима-Лопес С., Фарре-Мадзуэлл Э., Краллингер М., Лукачевич Н., Давыдова В., Тутубалина Э., Палиурас Г.: Обзор BioASQ 2024: Двенадцатая задача BioASQ по крупномасштабным биомедицинским Семантическая индексация и ответы на вопросы. В работе: Герियो Л., Малхем П., Квинот Г., Шваб Д., Сулье Л., Мария Ди Нунцио Г., Галускасыкова П., Гарсия А. Секо де Эррера, А., Фаджиоли, Г., Ферро, Н. (ред.) Экспериментальная ИК отвечает требованиям многоязычия, мультимодальности и взаимодействия. Материалы Пятнадцатой Международной конференции. Конференция Ассоциации CLEF (CLEF 2024) (2024).

15. Нентидис А., Кацимпрас Г., Критара А., Палиурас Г.: Обзор биозапроса. Задачи 11b и Синергия11 в CLEF2023. В сборнике: Материалы семинара CEUR (2023).

16. Нентидис, А., Кацимпрас, Г., Критара, А., Палиурас, Г.: Обзор задач по биозапросу 12b и синергия12 в clef2024. В: Рабочие заметки CLEF (2024).

17. Нентидис, А., Кацимпрас, Г., Вандору, Э., Критара, А., Гаско, Л., Краллингер, М., Палиурас, Г. Обзор биозапроса 2021: Девятый вызов в области биозапроса для крупных компаний.- Биомедицинская семантическая индексация по шкале и ответы на вопросы. В: Международная Конференция Форума по межъязыковой оценке европейских языков. стр.239–263. Спрингер (2021)

18. Нентидис, А., Кацимпрас, Г., Вандору, Э., Критара, А., Миранда-Эскалада, А., Гаско, Л., Краллингер, М., Палиурас, Г.: Обзор биозапроса на 2022 год: Десятый ежегодный доклад по биозапросу. Задача BioASQ по крупномасштабному биомедицинскому семантическому индексированию и вопросу Автоответчик. В: Конспекты лекций по информатике (включая лекции подсерии Конспекты лекций по искусственному интеллекту и конспекты лекций по биоинформатике), том 13390. LNCS, стр. 337-361 (октябрь 2022).

19. Нентидис А., Кацимпрас Г., Вандору Э., Критара А., Палиурас Г.: Обзор о задачах 9a, 9b и синергии BioASQ в CLEF2021. В сборнике: Материалы 9-го семинара по BioASQ Задача по широкомасштабному биомедицинскому семантическому индексированию и ответам на вопросы. Материалы семинара CEUR (2021).

20. Нентидис, А., Кацимпрас, Г., Вандору, Э., Критара, А., Палиурас, Г. Обзор задач 10a, 10b и синергетического взаимодействия по биозапросу в CLEF2022. В: Семинар CEUR Материалы, том 3180, стр. 171-178 (2022).

21. Нентидис А., Критара А., Палиурас Г., Фарре-Мадзуэлл Э., Лима-Лопес С., Krallinger, M.: BioASQ на CLEF2023: одиннадцатое издание самого масштабного Биомедицинская семантического индексирования и вопрос, отвечая на вызов. В работе: Кампс Дж., Герриот Л., Крестани Ф., Майстро М., Йохо Х., Дэвис Б., Гуррин К., Крушвиц, У., Капуто А. (ред.) Достижения в области поиска информации. стр. 577-584. Springer Nature, Швейцария, Cham (2023).

22. Нентидис А., Критара А., Палиурас Г., Гаско Л., Краллингер М.: BioASQ на CLEF2022: Десятое издание крупномасштабного биомедицинского семантического индексирования. и задача ответить на вопросы. В: Европейская конференция по поиску информации. стр. 429-435. Springer (2022).

23. Нентидис А., Критара А., Палиурас Г., Краллингер М., Санчес Л.Г., Лима, С., Фарре, Э., Лукачевич, Н., Давыдова, В., Тутубалина, Е.: BioASQ на CLEF2024: Двенадцатое издание крупномасштабной биомедицинской программы семантического индексирования и ответов на вопросы. В статье: Достижения в области повторного запроса информации на CLEF2025, 9 июня. Спрингер Натур Швейцария, Springer Nature Switzerland, Cham (2024).

24. Нгомо, А.С.Н., Хейно, Н., Спек, Р., Ермилов, Т., Цацаронис, Г.: Инструмент для аннотирования. Итоговый документ проекта D3.3 (02/2013, 2013),

25. Родригес-Пенагос К., Нентидис А., Гонсалес-Агирре А., Асенсио А., Арменгол-Эстапье, Дж., Критара, А., Вильегас, М., Палиурас, Г., Краллингер, М.: Обзор MESINESP8, испанской медицинской задачи семантического индексирования в рамках BioASQ 2020. (2020).

26. Солтон Г., Бакли С. Повышение эффективности поиска с помощью обратной связи по релевантности. Журнал Американского общества информатики, 41(4), 288-297 (июнь 1990 г.).

27. Цацаронис Г., Баликас Г., Малакасиотис П., Парталас И., Чунке М., Алверс М.Р., Вайсенборн Д., Критара А., Петридис С., Полихронопулос Д., Альмирантис, Ю., Павлопулос Дж., Баскиотис Н., Галлинари П., Артьерес Т., Нгонга А., Хейно Н., Гауссье Э., Баррио-Алверс Л., Шредер М., Андруцопулос И., Палиурас Г.: Обзор крупномасштабной биомедицинской семантической индексации BioASQ и конкурс ответов на вопросы. BMC Bioinformatics 16, 138 (2015).

28. Чжан Т., Кишор В., Ву Ф., Вайнбергер К.К., Артци Ю.: Bertscore: Оценка генерации текста с помощью препринта bert. arXiv arXiv: 1904.09675 (2019).