



KARTA OPISU PRZEDMIOTU - SYLABUS

Nazwa przedmiotu

Sztuczna inteligencja w bioinformatyce [S2Bioinf2>SIB]

Przedmiot

Kierunek studiów

Bioinformatyka

Rok/Semestr

1/2

Studia w zakresie (specjalność)

–

Profil studiów

ogólnoakademicki

Poziom studiów

drugiego stopnia

Język oferowanego przedmiotu

polski

Forma studiów

stacjonarne

Wymagalność

obligatoryjny

Liczba godzin

Wykład

15

Laboratorium

30

Inne (np. online)

0

Ćwiczenia

0

Projekty/seminaria

0

Liczba punktów ECTS

3,00

Koordynatorzy

dr inż. Maciej Piernik

maciej.piernik@put.poznan.pl

Wykładowcy

Wymagania wstępne

Studenci przystępujący do kursu powinni mieć podstawową wiedzę i umiejętności dotyczące programowania oraz przetwarzania danych bioinformatycznych. Powinni również być świadomi konieczności ciągłego poszerzania swoich kompetencji oraz być gotowi do współpracy z innymi członkami zespołu, w tym z osobami z innych dziedzin.

Cel przedmiotu

1. Zdobycie wiedzy na temat możliwości zastosowania sztucznej inteligencji w bioinformatyce. 2. Pogłębienie wiedzy i umiejętności z zakresu programowania i przetwarzania danych bioinformatycznych. 3. Zdobycie wiedzy i umiejętności w zakresie projektowania, uczenia, ewaluacji, wdrażania, wykorzystania i wyjaśniania modeli uczenia maszynowego w bioinformatyce w problemach takich jak przewidywanie odpowiedzi na terapię, diagnostyka, przewidywanie ekspresji genów, przewidywanie efektów perturbacji genów, przewidywanie struktury białek. 4. Nabywanie kompetencji społecznych związanych z pracą w zespole, w tym organizacją pracy zespołowej, a w szczególności przywództwem i komunikacją w procesie rozwiązywania problemów grupowych.

Przedmiotowe efekty uczenia się

Wiedza:

Student zna i rozumie:

- w pogłębionym stopniu zagadnienia z zakresu metod matematyki, statystyki, optymalizacji i sztucznej inteligencji przydatne do modelowania i analizy procesów biologicznych;
- metody, techniki i narzędzia wykorzystywane w procesie rozwiązywania złożonych zadań bioinformatycznych, głównie o charakterze inżynierskim.

Umiejętności:

Student potrafi:

- stosować zaawansowane techniki i narzędzia informatyczne do rozwiązywania problemów biologicznych oraz ocenić ich przydatność;
- metody matematyczne (w tym statystyczne) oraz specjalistyczne techniki i narzędzia informatyczne do opisu procesów i analizy danych biologicznych.

Kompetencje społeczne:

Student jest gotów do:

- uczenia się przez całe życie, inspirowania i organizowania procesu uczenia się innych osób, w tym do zasięgania opinii ekspertów, krytycznie oceniając gromadzone treści.

Metody weryfikacji efektów uczenia się i kryteria oceny

Efekty uczenia się przedstawione wyżej weryfikowane są w następujący sposób:

Ocena ciągła

- a) wykład - na podstawie pytań zadawanych w trakcie wykładów,
- b) laboratorium - na podstawie monitorowania postępu wykonywanych zadań.

Ocena końcowa

- ocena umiejętności na podstawie oceny zadań i projektów realizowanych w trakcie semestru,
- ocena wiedzy na podstawie testu; aby zaliczyć wymagane jest uzyskanie przynajmniej 50% punktów.

Treści programowe

Wybrane elementy uczenia głębokiego:

- autoenkodery,
- konwolucyjne sieci neuronowe,
- architektury dedykowane dla danych sekwencyjnych, np. RNN, transformer.

Praktyczne aspekty wykorzystania uczenia maszynowego w bioinformatyce:

- problem dużego p , małego n ,
- ocena jakości uzyskanych modeli,
- wyjaśnialność modeli.

Rozwiązywanie wybranych problemów biologicznych z wykorzystaniem sztucznej inteligencji:

- przewidywanie odpowiedzi na terapię wykorzystując dane pacjentów,
- diagnostyka pacjentów na podstawie różnych typów danych,
- przewidywanie ekspresji genów i odkrywanie zależności między genami na podstawie różnych danych ekspresyjnych (np., mikromacierze i scRNAseq),
- przewidywanie struktury białek.

Część zagadnień jest przewidziana jako praca własna studentów.

Tematyka zajęć

- analiza danych i uczenie maszynowe w diagnostyce
- wprowadzenie do uczenia głębokiego
- przewidywanie odpowiedzi na terapię
- sztuczna inteligencja w genomice
- odkrywanie zależności między genami wykorzystując dane ekspresyjne
- wyjaśnialność bioinformatycznych modeli sztucznej inteligencji

Metody dydaktyczne

Wykład: prezentacja, omawianie przykładów na tablicy, demonstracje na żywo, ćwiczenia na żywo.

Laboratorium: wykonywanie zadań i tutoriali, praca w grupach, demonstracje na żywo.

Literatura

Podstawowa:

- <https://work.caltech.edu/telecourse>
- Deep Learning with Python, F Chollet
- Python Machine Learning, 3rd Edition S Raschka, V Mirjalili Packt Publishing Ltd.

Uzupełniająca:

- Deep Learning, Goodfellow, Ian, et al. MIT Press, 2016.

Bilans nakładu pracy przeciętnego studenta

	Godzin	ECTS
Łączny nakład pracy	75	3,00
Zajęcia wymagające bezpośredniego kontaktu z nauczycielem	45	2,00
Praca własna studenta (studia literaturowe, przygotowanie do zajęć laboratoryjnych/ćwiczeń, przygotowanie do kolokwίων/egzaminu, wykonanie projektu)	30	1,00