



KARTA OPISU PRZEDMIOTU - SYLABUS

Nazwa przedmiotu

Sztuczna inteligencja w informatyce biomedycznej [S2Inf1-SzInt>SIBIO]

Przedmiot

Kierunek studiów
Informatyka

Rok/Semestr
2/3

Studia w zakresie (specjalność)
Sztuczna inteligencja

Profil studiów
ogólnoakademicki

Poziom studiów
drugiego stopnia

Język oferowanego przedmiotu
polski

Forma studiów
stacjonarne

Wymagalność
obieralny

Liczba godzin

Wykład
30

Laboratorium
30

Inne
0

Ćwiczenia
0

Projekty/seminaria
0

Liczba punktów ECTS

3,00

Koordynatorzy

dr hab. inż. Maciej Antczak prof. PP
maciej.antczak@put.poznan.pl

dr hab. inż. Szymon Wilk prof. PP
szymon.wilk@put.poznan.pl

Wykładowcy

Wymagania wstępne

Student rozpoczynający ten przedmiot powinien posiadać podstawową wiedzę i umiejętności z zakresu statystyki, analizy danych i sztucznej inteligencji (AI), ze szczególnym uwzględnieniem uczenia maszynowego, uczenia głębokiego oraz sztucznych sieci neuronowych. Podstawowa wiedza bioinformatyczna lub biologiczna mile widziana aczkolwiek nie jest wymagana. Student powinien posiadać umiejętność zaimplementowania (z wykorzystaniem istniejących bibliotek i środowisk, głównie w języku Python) stosunkowo prostych modułów pozwalających na realizację eksperymentów obliczeniowych oraz symulacyjnych. Powinien też posiadać umiejętność pozyskiwania informacji ze wskazanych źródeł często w języku angielskim. Student powinien prezentować takie postawy jak uczciwość, wytrwałość, kreatywność i szacunek dla innych ludzi.

Cel przedmiotu

1. Zapoznanie studenta z metodami sztucznej inteligencji, które znajdują zastosowanie podczas rozwiązywania szeregu problemów w wywodzących się z dziedziny informatyki biomedycznej wymagających specjalizowanej analizy danych biologicznych i medycznych, reprezentacji odkrytej wiedzy w formie złożonych modeli oraz wyjaśniania działania tych modeli. 2. Zapoznanie studentów z przykładowymi systemami i narzędziami programistycznymi implementującymi wybrane techniki sztucznej inteligencji stosowanymi w bioinformatyce medycznej. 3. Rozwijanie u studentów umiejętności projektowania i przeprowadzania eksperymentów obliczeniowych i symulacyjnych dla problemów z zakresu bioinformatyki medycznej. 4. Kształtowanie u studentów umiejętności samodzielnego wyszukiwania i pozyskiwania informacji związanych z zastosowaniem technik sztucznej inteligencji w bioinformatyce medycznej.

Przedmiotowe efekty uczenia się

Wiedza:

w wyniku przeprowadzonych zajęć student:

1. posiada zaawansowaną i pogłębioną wiedzę z zakresu inteligentnych systemów informatycznych wykorzystywanych w bioinformatyce medycznej, podstaw teoretycznych ich budowania oraz metod, narzędzi i środowisk programistycznych wykorzystywanych do ich implementacji.
2. posiada zaawansowaną wiedzę szczegółową dotyczącą wybranych zagadnień z zakresu bioinformatyki medycznej.
3. posiada wiedzę o trendach rozwojowych i najistotniejszych nowych osiągnięciach bioinformatyki medycznej i innych, wybranych, pokrewnych dyscyplinach naukowych.
4. zna zaawansowane metody, techniki i narzędzia stosowane przy rozwiązywaniu złożonych zadań inżynierskich oraz prowadzeniu prac badawczych w obszarze bioinformatyki medycznej.

Umiejętności:

w wyniku przeprowadzonych zajęć student:

1. potrafi pozyskiwać informacje z literatury, baz danych oraz innych źródeł (w języku polskim i angielskim) dotyczących bioinformatyki medycznej, integrować je, dokonywać ich interpretacji i krytycznej oceny, wyciągać wnioski oraz formułować i wyczerpująco uzasadniać opinie.
2. potrafi planować i przeprowadzać eksperymenty obliczeniowe oraz symulacyjne, interpretować uzyskane wyniki i wyciągać wnioski oraz formułować i weryfikować hipotezy związane ze złożonymi problemami inżynierskimi i prostymi problemami badawczymi z zakresu bioinformatyki medycznej.
3. potrafi — przy formułowaniu i rozwiązywaniu zadań inżynierskich z zakresu bioinformatyki medycznej — integrować wiedzę z różnych obszarów informatyki (a w razie potrzeby także wiedzę z innych dyscyplin naukowych, np. medycyny lub biologii) oraz zastosować podejście systemowe, uwzględniające także aspekty pozatechniczne.
4. potrafi ocenić przydatność i możliwość wykorzystania nowych osiągnięć (tzn. metod i narzędzi) oraz nowych produktów informatycznych związanych z bioinformatyką medyczną.
5. potrafi - stosując m.in. koncepcyjnie nowe metody - rozwiązywać złożone zadania informatyczne z zakresu bioinformatyki medycznej, w tym zadania nietypowe oraz zadania zawierające komponent badawczy.

Kompetencje społeczne:

w wyniku przeprowadzonych zajęć student:

1. rozumie, że w bioinformatyce medycznej wiedza i umiejętności bardzo szybko stają się przestarzałe.
2. rozumie znaczenie wykorzystywania najnowszej wiedzy z zakresu bioinformatyki medycznej w rozwiązywaniu problemów badawczych i praktycznych.

Metody weryfikacji efektów uczenia się i kryteria oceny

Efekty uczenia się przedstawione wyżej weryfikowane są w następujący sposób:

Wiedza i umiejętności zdobyte w ramach kursu (obejmującego zarówno wykład jak i laboratorium) są weryfikowane za pomocą 60-minutowego kolokwium realizowanego na ostatnim wykładzie, które studenci rozwiązują samodzielnie. Kolokwium składa się z około 20 pytań (testowych i otwartych, o zróżnicowanej liczbie punktów). Próg zaliczeniowy: 50% punktów.

Umiejętności nabyte w ramach ćwiczeń laboratoryjnych weryfikowane są na podstawie ocen cząstkowych uzyskanych z realizowanych podczas zajęć mini-projektów. W celu uzyskania zaliczenia laboratorium

konieczne jest zaliczenie każdego z mini-projektów, a ocena końcowa jest średnią uzyskanych ocen częściowych.

Treści programowe

W trakcie wykładów przedstawione zostaną następujące tematy:

a) w zakresie informatyki medycznej

- zastosowanie technik uczenia maszynowego pozwalających na analizę danych wielomodalnych,
- zastosowanie rozproszonych technik uczenia maszynowego,
- zastosowanie technik pozwalających na wyjaśnienie uzyskanych modeli oraz decyzji,
- zastosowanie wiedzy dziedzinowej oraz jej integracja z wiedzą odkrytą z danych.

b) w zakresie bioinformatyki:

- zastosowanie technik uczenia maszynowego do kompleksowej analizy różnorodnych danych biologicznych,
- przegląd technik sztucznej inteligencji rozwiązujących wybrane problemy w dziedzinie bioinformatyki strukturalnej,
- zastosowanie zaawansowanych technik uczenia głębokiego do przewidywania struktur 3D białek, oceny jakości struktur 3D RNA oraz przewidywania struktur drugorzędowych RNA.

W trakcie zajęć laboratoryjnych studenci realizują w grupach 6 mini-projektów związanych z treściami prezentowanymi na wykładzie.

Tematyka zajęć

Program wykładu obejmuje następujące zagadnienia:

a) w zakresie informatyki medycznej

- zastosowanie technik uczenia maszynowego pozwalających na analizę danych wielomodalnych (obrazy, teksty, szeregi czasowe), w tym podejścia stosujące różne warianty fuzji danych,
- zastosowanie rozproszonych technik uczenia maszynowego (w tym uczenia sfederowanego) zapewniającego poufność na poziomie danych oraz uzyskanych modeli decyzyjnych,
- zastosowanie technik pozwalających na wyjaśnienie struktury pozyskiwanych modeli oraz uzasadnianie sugestii dla poszczególnych problemów decyzyjnych,
- zastosowanie wiedzy dziedzinowej w formie ontologii medycznych oraz powiązanych metod wnioskowania, a także integracja technik wykorzystujących wiedzę ekspercką i wiedzę odkrytą z danych,
- zastosowanie modeli matematycznych i symulacyjnych do badań klinicznych i wspomaganie decyzji,
- zastosowanie zaawansowanych technik i narzędzi planowania do wspomaganie decyzji terapeutycznych,
- kwestie etyczne związane z zastosowaniem technik sztucznej inteligencji w praktyce klinicznej, z uwzględnieniem rozwiązań autonomicznych,

b) w zakresie bioinformatyki:

- zastosowanie technik uczenia maszynowego (wybrane klasyczne metody oraz podejścia wykorzystujące głębokie uczenie) w celu integracji oraz kompleksowej analizy różnorodnych danych biologicznych,
- przegląd oraz analiza technik sztucznej inteligencji rozwiązujących wybrane problemy w dziedzinie bioinformatyki strukturalnej ze szczególnym uwzględnieniem modelowania oraz oceny jakości struktur przestrzennych cząsteczek biologicznych, odkrywania oraz klasyfikacji interakcji molekularnych kluczowych w zakresie projektowania leków nowej generacji,
- zastosowanie generatywnych sieci przeciwstawnych do przewidywania struktur 3D białek,
- zastosowanie konwolucyjnych sieci neuronowych w celu ogólnej oceny jakości struktur 3D RNA,
- zastosowanie konwolucyjnych i rekurencyjnych sieci neuronowych (LSTM) do przewidywania struktur drugorzędowych RNA.

W trakcie zajęć laboratoryjnych studenci realizują indywidualnie lub w grupach dwuosobowych 6 mini-projektów związanych z bioinformatyką medyczną. Projekty mają charakter praktyczny i obejmują zaimplementowanie stosunkowo prostych modułów obliczeniowych służących do rozwiązywania wskazanych problemów oraz przeprowadzania niezbędnych eksperymentów (np. nauczanie modeli decyzyjnych, weryfikacja ich działania). Na realizację każdego projektu studenci mają 2-3 tygodnie w zależności od stopnia jego złożoności. Postępy w pracach są sprawdzane na bieżąco podczas zajęć, a realizacja każdego projektu kończy się krótką prezentacją na forum grupy. Lista proponowanych projektów jest udostępniana przed rozpoczęciem semestru oraz cyklicznie aktualizowana stosownie do aktualnego

stanu rozwoju bioinformatyki medycznej.

Metody dydaktyczne

1. Wykład: prezentacja multimedialna wedle potrzeby ilustrowana dodatkowymi przykładami prezentowanymi na tablicy.
2. Ćwiczenia laboratoryjne: ćwiczenia praktyczne przy komputerze realizowane według określonego scenariusza, implementacja stosunkowo prostych programów i przeprowadzanie eksperymentów obliczeniowych, dyskusja zastosowanych rozwiązań oraz studium przypadków.

Literatura

Podstawowa

1. S. Mitra, S. Datta, T. Perkins, G. Michailidis, "Introduction to Machine Learning and Bioinformatics".
2. P. Baldi, S. Brunak, "Bioinformatics: The Machine Learning Approach".
3. V. Buffalo, "Bioinformatics Data Skills: Reproducible and Robust Research with Open Source Tools".
4. E.H. Shortliffe, J.J. Cimino (red.): "Biomedical Informatics: Computer applications in Health Care and Biomedicine". Springer, 2014.

Uzupełniająca

1. A. D. Baxevanis, G. D. Bader, D. S. Wishart, "Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins".
2. P. Compeau, P. Pevzner, "Bioinformatics Algorithms".
3. A. Holzinger (red.): Machine Learning for Health Informatics. State-of-the-Art. and Future Challenges, Springer, 2016.
4. B. Nordlinger, C. Villani, D. Rus: Healthcare and Artificial Intelligence. Springer, 2020.

Bilans nakładu pracy przeciętnego studenta

	Godzin	ECTS
Łączny nakład pracy	75	3,00
Zajęcia wymagające bezpośredniego kontaktu z nauczycielem	60	2,00
Praca własna studenta (studia literaturowe, przygotowanie do zajęć laboratoryjnych/ćwiczeń, przygotowanie do kolokwium/egzaminu, wykonanie projektu)	15	1,00