

Karta przedmiotu

| | | | | | | | |
|---|--|---|------------------------------------|------------------------|--|-----------------------|-------|
| Nazwa i kod przedmiotu | Uczenie maszynowe, PG_00193533 | | | | | | |
| Kierunek studiów | Bioinformatyka (O) | | | | | | |
| Data rozpoczęcia studiów | październik 2026 r. | Rok akademicki realizacji przedmiotu | | | 2028/2029 | | |
| Poziom kształcenia | I stopnia - licencjackie | Grupa zajęć | | | Grupa zajęć obowiązkowych z zakresu kierunku studiów Grupa zajęć powiązanych z prowadzonymi badaniami naukowymi w dziedzinie nauki związanej z kierunkiem - profil ogólnoakademicki | | |
| Forma studiów | stacjonarne | Sposób realizacji | | | na uczelni | | |
| Rok studiów | 3 | Język wykładowy | | | polski | | |
| Semestr studiów | 5 | Liczba punktów ECTS | | | 4.0 | | |
| Profil kształcenia | ogólnoakademicki | Forma zaliczenia | | | egzamin | | |
| Jednostka prowadząca | Rektor -> Wydział Chemii -> Katedra Chemii i Radiochemii Środowiska -> Pracownia Chemoinformatyki Środowiska | | | | | | |
| Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców) | Odpowiedzialny za przedmiot | | dr hab. Agnieszka Gajewicz-Skrętna | | | | |
| | Prowadzący zajęcia z przedmiotu | | | | | | |
| Formy zajęć | Forma zajęć | Wykład | Ćwiczenia | Laboratorium | Projekt | Seminarium | RAZEM |
| | Liczba godzin zajęć | 15.0 | 0.0 | 45.0 | 0.0 | 0.0 | 60 |
| W tym liczba godzin zajęć na odległość: 0.0 | | | | | | | |
| Aktywność studenta i liczba godzin pracy | Aktywność studenta | Udział w zajęciach dydaktycznych, objętych planem studiów | | Udział w konsultacjach | | Praca własna studenta | RAZEM |
| | Liczba godzin pracy studenta | 60 | | 0.0 | | 40.0 | 100 |
| Cel przedmiotu | <ol style="list-style-type: none"> Zaprezentowanie studentom zakresu możliwości zastosowania metod uczenia maszynowego w bioinformatyce. Zdobycie przez studentów umiejętności posługiwania się najważniejszymi metodami uczenia maszynowego (poprawny dobór metody, wybór zmiennych, uczenie i walidacja modelu oraz interpretacja uzyskanych wyników). Zapoznanie się przez studentów z dostępnym oprogramowaniem i językami skryptowymi realizującymi te metody, w szczególności: R, Python i KNIME. | | | | | | |

| Efekty uczenia się przedmiotu | Efekt kierunkowy | Efekt z przedmiotu | Sposób weryfikacji i oceny efektu |
|-------------------------------|--|---|--|
| | [BIOINL3_U02] Potrafi zastosować wiedzę z nauk przyrodniczych i ścisłych do formułowania, analizowania i rozwiązywania problemów związanych z bioinformatyką | Student potrafi poprawnie sformułować problem badawczy (pytanie badawcze) i dobrać do niego odpowiedni model teoretyczny oraz metodę uczenia maszynowego. Student potrafi poprawnie zbudować model zależności i przeprowadzić jego walidację przy wykorzystaniu narzędzi dostępnych dla języka Phytion i samodzielnie zaprogramowane skrypty oraz poprawnie zinterpretować uzyskane wyniki. Student potrafi poprawnie zaprezentować (w formie pisemnego sprawozdania) przedyskutować wyniki przeprowadzonego modelowania. | [SU2] prezentacja/projekt/referat/raport [SU3] opracowanie tekstowe/praca pisemna [SU4] test/egzamin - ustny lub pisemny |
| | [BIOINL3_U03] Stosuje metody matematyczne i statystyczne do opisu zjawisk i analizy danych; posiada umiejętność analizy danych w profesjonalnych bazach danych wykorzystywanych w bioinformatyce | Student potrafi poprawnie sformułować problem badawczy (pytanie badawcze) i dobrać do niego odpowiedni model teoretyczny oraz metodę uczenia maszynowego. Student potrafi poprawnie zbudować model zależności i przeprowadzić jego walidację przy wykorzystaniu narzędzi dostępnych dla języka Phytion i samodzielnie zaprogramowane skrypty oraz poprawnie zinterpretować uzyskane wyniki. Student potrafi poprawnie zaprezentować (w formie pisemnego sprawozdania) przedyskutować wyniki przeprowadzonego modelowania. | [SU2] prezentacja/projekt/referat/raport [SU3] opracowanie tekstowe/praca pisemna [SU4] test/egzamin - ustny lub pisemny |
| | [BIOINL3_W03] Ma wiedzę z zakresu metod matematycznych i statystycznych pozwalającą na opis i modelowanie procesów i zjawisk biologicznych | Student zna podstawy teoretyczne (algorytm działania) najważniejszych metod uczenia maszynowego. Student wskaże przykłady zastosowania metod uczenia maszynowego w bioinformatyce, farmacji i toksykologii. | [SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny [SW1] wypowiedź ustna/rozmowa/dyskusja [SW2] prezentacja/projekt/referat/raport |
| | [BIOINL3_W04] Ma zaawansowaną wiedzę w zakresie technik i narzędzi badawczych stosowanych w bioinformatyce | Student zna podstawy teoretyczne (algorytm działania) najważniejszych metod uczenia maszynowego. Student wskaże przykłady zastosowania metod uczenia maszynowego w bioinformatyce, farmacji i toksykologii. | [SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny [SW1] wypowiedź ustna/rozmowa/dyskusja [SW2] prezentacja/projekt/referat/raport [SW3] opracowanie tekstowe/praca pisemna |
| Treści przedmiotu | <p>Modelowanie zależności z wykorzystaniem metod uczenia z nadzorem (regresyjnych i klasyfikacyjnych): regresja liniowa jednej i wielu zmiennych (LR i MLR), regresja logistyczna, regresja głównych składowych (PCR) oraz regresja metodą częściowych najmniejszych kwadratów (PLS); liniowa analiza dyskryminacyjna (LDA), nieliniowy klasyfikator k-najbliższych sąsiadów (kNN), naiwny klasyfikator bayesowski, drzewa decyzyjne (DT) i lasy losowe, drzewa klasyfikacji i regresji (CART), maszyny wektorów wspierających (SVM); sztuczne sieci neuronowe (ANN); Metody wyboru optymalnego zestawu zmiennych w modelu: wybór krokowy, algorytm eliminacji zmiennych nieinformatywnych (UVE), wybór przy użyciu algorytmu genetycznego (GA); walidacja modeli regresyjnych i klasyfikacyjnych (walidacja krzyżowa metodą wyrzuc jeden lub wyrzuc kilka, walidacja zewnętrzna). Wyznaczanie granic dziedziny zastosowania modeli.</p> <p>Na zajęciach szczególny nacisk położony zostanie na praktyczne zastosowanie uczenia maszynowego do tworzenia modeli zależności w analizie danych genomicznych, transkryptomicznych, metabolomicznych, modeli ścieżek negatywnych skutków (ang. Adverse Outcome Pathways, AOP) oraz modeli typu struktura-aktywność biologiczna wykorzystywanych w farmacji i toksykologii. Zastosowanie technik uczenia maszynowego w medycynie spersonalizowanej. Tworzenie skryptów w Python. Łączenie dostępnych narzędzi (R, Python, KNIME).</p> | | |

| Wymagania wstępne i dodatkowe | <p>w.wstępne: rachunek macierzowy, zagadnienie własne, badanie przebiegu zmienności funkcji, znajomość środowiska Linux, podstawy programowania przy wykorzystaniu języków obiektowych, metody uczenia maszynowego bez nadzoru</p> <p>w. formalne:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Matematyka 2. Wstęp do informatyki 3. Programowanie 4. Techniki eksploracji danych wielowymiarowych | | | | | | | | |
|---|--|---|--|-----------------------------|-------------------|-------------------------|---------|-------|--------|
| Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się | <table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse;"> <thead> <tr> <th style="width: 33%;">Sposób oceniania (składowe)</th> <th style="width: 33%;">Próg zaliczeniowy</th> <th style="width: 33%;">Składowa oceny końcowej</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Egzamin</td> <td>51.0%</td> <td>100.0%</td> </tr> </tbody> </table> | | | Sposób oceniania (składowe) | Próg zaliczeniowy | Składowa oceny końcowej | Egzamin | 51.0% | 100.0% |
| Sposób oceniania (składowe) | Próg zaliczeniowy | Składowa oceny końcowej | | | | | | | |
| Egzamin | 51.0% | 100.0% | | | | | | | |
| Zalecana lista lektur | Podstawowa lista lektur | <p>A. Literatura wymagana do ostatecznego zaliczenia zajęć (zdania egzaminu):</p> <p>A.1. wykorzystywana podczas zajęć:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Skrypt do ćwiczeń laboratoryjnych przygotowywany przez pracowników Zespołu Chemometrii Środowiska <p>A.2. studiowana samodzielnie przez studenta</p> <ul style="list-style-type: none"> • J. Mazerski: Podstawy chemometrii. Gdańsk: Wydawnictwo Politechniki Gdańskiej, 2000 • M. Gągolewski: Programowanie w języku R. PWN, 2016 • M. Lutz: Python. Wprowadzenie. Helion, 2002 • S. Raschka: Python. Uczenie maszynowe. Helion, 2016 • https://www.youtube.com/user/KNIMETV • P. Biecek: Przewodnik po pakiecie R. Wrocław: Oficyna Wydawnicza GiS, 2014 • P. Biecek: Analiza danych z programem R. Modele liniowe z efektami stałymi, losowymi i mieszanymi: Warszawa PWN, 2020. <p>B. Literatura uzupełniająca</p> <ul style="list-style-type: none"> • S. D. Brown, R. Tauler, B. Walczak (red): Comprehensive chemometrics: Chemical and biochemical data analysis. Amsterdam: Elsevier, 2009 R. Kramer: Chemometric techniques for quantitative analysis. New York: Marcel Dekker, Inc, 2005. | | | | | | | |
| | Uzupełniająca lista lektur | <p>Literatura dodatkowa</p> <ul style="list-style-type: none"> • S. D. Brown, R. Tauler, B. Walczak (red): Comprehensive chemometrics: Chemical and biochemical data analysis. Amsterdam: Elsevier, 2009 R. Kramer: Chemometric techniques for quantitative analysis. New York: Marcel Dekker, Inc, 2005. | | | | | | | |
| | Adresy eZasobów | | | | | | | | |
| Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania | | | | | | | | | |
| Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu | Nie dotyczy | | | | | | | | |

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.