



# UNIVERSITÀ DI PAVIA

Anno Accademico 2021/2022

## ADVANCED BIOMEDICAL MACHINE LEARNING

<b>Anno immatricolazione</b>	2020/2021
<b>Anno offerta</b>	2021/2022
<b>Normativa</b>	DM270
<b>SSD</b>	ING-INF/06 (BIOINGEGNERIA ELETTRONICA E INFORMATICA)
<b>Dipartimento</b>	DIPARTIMENTO DI INGEGNERIA INDUSTRIALE E DELL'INFORMAZIONE
<b>Corso di studio</b>	BIOINGEGNERIA
<b>Curriculum</b>	Cellule, tessuti e dispositivi
<b>Anno di corso</b>	2°
<b>Periodo didattico</b>	Secondo Semestre (07/03/2022 - 17/06/2022)
<b>Crediti</b>	6
<b>Ore</b>	46 ore di attività frontale
<b>Lingua insegnamento</b>	Inglese
<b>Tipo esame</b>	SCRITTO
<b>Docente</b>	DAGLIATI ARIANNA (titolare) - 3 CFU ABU-HANNA AMEEN - 3 CFU
<b>Prerequisiti</b>	E' consigliabile avere competenze di base di apprendimento automatico
<b>Obiettivi formativi</b>	<p>In questo corso vengono presentate diverse metodologie avanzate di apprendimento automatico, con un focus specifico sull'analisi di dati biomedici. Particolare rilevanza sarà data agli aspetti pratici, con numerosi laboratori in cui verrà illustrata l'applicazione delle metodologie su dataset biomedici reali.</p> <p>Durante il corso verranno utilizzati due software: R e KNIME. R è un ambiente all'avanguardia per il calcolo statistico, che include una varietà di pacchetti per l'apprendimento automatico. KNIME è una suite di software per l'analisi dei dati che contiene al suo interno molti dei metodi che utilizzeremo nel corso. Useremo questi strumenti per esplorare , inclusi approcci computazionali ispirati alla natura, elaborazione del linguaggio naturale e data mining temporale, nonché</p>

	<p>metodi di valutazione e considerazioni etiche.</p> <p>Obiettivi di apprendimento del corso:</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Dimostrare familiarità con la letteratura sui metodi avanzati di data mining</li> <li>2. Presentare e discutere l'applicazione di metodi avanzati per l'analisi di dati biomedici</li> <li>3. Eseguire analisi di dati biomedici utilizzando metodi e strumenti avanzati di data mining</li> </ol>
<b>Programma e contenuti</b>	<p>Dati biomedici: caratteristiche specifiche</p> <p>Metodologie per la gestione dei missing values</p> <p>Tecniche per la riduzione della dimensionalità</p> <p>Ensemble classifiers: Random Forests, AdaBoost, Gradient Boosting</p> <p>Natural Language Processing</p> <p>Naturally Inspired algorithms: algoritmi genetici, reti neurali e deep learning, evolution-based machine learning</p> <p>Electronic Phenotyping</p> <p>Validazione dei metodi di machine learning</p>
<b>Metodi didattici</b>	<p>Il corso è strutturato con una serie di lezioni frontali e diversi laboratori, in cui i docenti mostrano l'applicazione delle metodologie presentate a lezione su casi di studio reali, utilizzando i software R e KNIME.</p>
<b>Testi di riferimento</b>	<p>Slides, lezioni registrate e riferimenti bibliografici sono tutti disponibili sulla pagina del corso sulla piattaforma Kiro.</p>
<b>Modalità verifica apprendimento</b>	<p>La valutazione del corso si articola in due parti:</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1) Journal Club (25% del voto finale). I Journal Club (JC) si svolgono all'inizio di ogni lezione "pratica" del corso, e vertono sull'argomento specifico del laboratorio stesso. Per ogni JC i docenti scelgono un articolo scientifico particolarmente rilevante per stimolare la discussione sull'argomento in esame. Il JC è strutturato come segue: 1 o 2 studenti sono incaricati di leggere l'articolo e presentarlo in classe durante il JC. Altri due studenti leggono l'articolo e propongono 1-2 domande a testa. Dopo di che la discussione è aperta a tutta la classe, inclusi i docenti.</li> <li>2) Progetto finale (75% del voto finale)</li> </ol> <p>Il progetto finale comprende due deliverable: un paper e una presentazione in classe. L'obiettivo del progetto è dimostrare la capacità di identificare un set di dati biomedici tra i dati disponibile nei numerosi repository di dati biomedici e di salute pubblica, la capacità di formulare una "research question" generale, e la capacità di impostare una pipeline di machine learning completa in grado di rispondere alla research question formulata.</p> <p>Il progetto può essere svolto individualmente o in gruppo. Ogni studente (o gruppo) presenterà il progetto durante le lezioni finali del corso. Gli elaborati verranno consegnati ai docenti al termine del corso.</p>
<b>Altre informazioni</b>	<p>NA</p>
<b>Obiettivi Agenda 2030 per lo sviluppo sostenibile</b>	<p><a href="#">\$ bl  legenda sviluppo sostenibile</a></p>