| | |
|---|---|
| 課程名稱 | 生醫資料探勘 BIOMEDICAL DATA MINING |
| 開課學期 | 110-1 |
| 授課教師 | 陳倩瑜 |
| 課號 | BME5419 |
| 課程識別碼 | 631 U9470 |
| 學分 | 3 |
| 全/半年 | 半年 |
| 必/選修 | 選修 |
| 課程概述 | 介紹資料探勘之演算法應用於生醫相關之研究(分子層次)，首先介紹各種資料探勘方法與各種生物資訊問題，並介紹機器學習與深度學習如何應用於生醫相關之研究，課程內容包括資料分群/資料分類/序列比對/序列特徵探勘/蛋白質結構預測/全基因組關聯性分析(GWAS)/次世代資料分析(variant calling, RNA-seq, ChIP-seq)。 |
| 課程目標 | 使學生獲得從事生醫資料探勘之程式撰寫能力 |
| 課程要求 | 1. 課程出席率達 70% 以上<br>2. 於課程結束後將擇期完成 Python 的程式撰寫能力測驗 (原本就會寫程式的同學可以申請以“幫忙課程之實習項目”來取代“程式撰寫能力測驗”) |
| 上課時間 | 2021 年暑假 (如下表) |
| 上課地點 | 今年全面使用 Google Meet 連線上課，請自備個人電腦 |
| 評量方式 | 期中考 (30%) 作業 (30%) 程式撰寫能力測驗 (40%) |

| 週次 | 星期 | 日期 | 10:00~12:00 | 13:30~16:30 | Video (18 hours) |
|---|---|---|---|---|---|
| 1 | 三 | 7 月 7 日 | Introduction<br>Linux + shell | Linux + docker + git<br>(HW1) | Lecture 1: Genomics Basics<br>Lecture 2: Sequence Alignment<br>Lecture 3: BLAST |
| 2 | 三 | 7 月 14 日 | Python basics<br>(Conda + Jupyter) | more Python (HW2)<br>(numpy + pandas) | Lecture 6: NGS<br>Lecture 7: Read mapping<br>Lecture 8: RNA-seq analysis<br>Lecture 9: Differential analysis<br>Lecture 10: Functional analysis |
| 3 | 三 | 7 月 21 日 | BLAST<br>NTU Galaxy | RNA-seq analysis (HW3) | Lecture 11: Clustering<br>Lecture 12: Classification<br>Lecture 19: CNN<br>Lecture 20: ML/DL for GRN |
| 4 | 三 | 7 月 28 日 | Clustering<br>scRNA-seq + UMAP<br>(argparse) | Classification<br>CNN (HW4)<br>(PyTorch + Keras) | Lecture 14: Variant calling<br>Lecture 15: Genomic Medicine<br>Lecture 16: Variant annotation |
| 5 | 三 | 8 月 4 日 | Midterm exam<br>WGS: variant calling and annotation | GWAS<br>Polygenic risk scores<br>(HW5) | Lecture 17: Epigenomics<br>Lecture 18: P-DNA binding |
| 6 | 三 | 8 月 11 日 | ChIP-seq analysis<br>DeepBind + autoML<br>(ezGeno) | MSA + Protein structure prediction (HW6) | Lecture 5: MSA<br>Lecture 4: Protein structure<br>Lecture 4.1: Protein structure prediction |

Note: 有修課的同學請於 110-1 開學第一週向授課老師索取授權碼。