



Trí tuệ Nhân tạo trong Sinh Tin học Artificial Intelligence in BioInformatics

GS.TS. Đỗ Phúc
Trường Đại học Công nghệ Thông tin, ĐHQG TP.HCM

GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

1

Thông tin diễn giả

- GS. TS. Đỗ Phúc hiện đang làm việc tại Trường Đại học Công nghệ Thông tin, ĐHQG TP. HCM. Các lĩnh vực nghiên cứu của GS. bao gồm sinh tin học, xử lý văn bản, trí tuệ nhân tạo, học máy, học sâu, xử lý ngôn ngữ tự nhiên, đồ thị trí thức, trả lời câu hỏi, kiểm tra sự đúng đắn, và xử lý dữ liệu lớn.
- Giáo sư đã tham gia nhiều dự án nghiên cứu trong nhiều lĩnh vực bao gồm sinh tin học, xử lý văn bản, xử lý ngôn ngữ tự nhiên, hệ thống hiểu văn bản và lập luận trên đồ thị trí thức.
- GS đã xuất bản hơn 60 bài báo khoa học trên các tạp chí uy tín quốc tế và trong nước. GS là tác giả của 8 cuốn sách tham khảo, giáo trình trong lĩnh vực sinh tin học, khoa học máy tính, khai thác dữ liệu, đồ thị trí thức, dữ liệu lớn và ứng dụng.
- Email: phuocdo@uit.edu.vn



GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

2

Nội dung

- Giới thiệu về Sinh Tin học:
 - Sinh Tin học
 - Mục tiêu của ngành Sinh Tin học
 - Thông tin sinh học
 - Cơ sở dữ liệu NCBI, PDB,...
 - Phát triển nghiên cứu ngành sinh tin học
 - Các kỹ thuật Tin học trong sinh tin học
 - Các chủ đề nghiên cứu của sinh tin học
- Trí Tuệ Nhân Tạo trong Sinh Tin học
 - Trí tuệ nhân tạo
 - Các ứng dụng của CNTT (học máy, học sâu) trong sinh tin học
- Các khóa học mới, các bài toán sinh tin học có độ phức tạp tính toán
- Kết luận
- Tài liệu tham khảo

GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

3

Cơ thể cấu tạo từ các tế bào

- Cơ thể của chúng ta được cấu tạo từ hàng tỷ tế bào, là những đơn vị cơ bản của sự sống. Tế bào có các chức năng cơ bản và đóng vai trò quan trọng trong cấu trúc và chức năng của cơ thể. Dưới đây là một số điểm chính về cấu tạo của tế bào:
- 1. **Màng tế bào (Cell Membrane):** Màng tế bào là lớp màng mỏng bao bọc tế bào và kiểm soát sự chuyển động của các chất đi vào và ra khỏi tế bào. Nó giữ cho môi trường nội bộ của tế bào khác biệt so với môi trường ngoại vi.
- 2. **Hạt nhân (Nucleus):** Hạt nhân là bộ phận quan trọng của tế bào, chứa DNA (Acid Deoxyribonucleic) và có trách nhiệm điều khiển các hoạt động của tế bào. DNA chứa thông tin gen di truyền và hướng dẫn sản xuất protein cần thiết cho sự sống.
- 3. **Cytoplasma (Cytoplasm):** Cytoplasma là chất nhầy nằm giữa màng tế bào và hạt nhân. Nó chứa nhiều cấu trúc nhỏ như ribosome (hạt ribonucleic), mitochondria, và các cấu trúc khác thực hiện các chức năng cụ thể trong tế bào.
- 4. **Ribosome:** Là các cấu trúc nhỏ không màng, thực hiện quá trình tổng hợp protein từ mã gen được mã hóa trong DNA.

Cơ thể chúng ta được cấu tạo từ các tế bào

- Tế bào da:** Đây là loại tế bào chiếm phần lớn trong lớp biểu bì, bảo vệ cơ thể khỏi các tác nhân bên ngoài như vi khuẩn, virus và tia tử ngoại.
- Tế bào cơ:** Cơ thể chúng ta có nhiều loại tế bào cơ khác nhau, bao gồm tế bào cơ trơn (cơ bắp không ý thức) và tế bào cơ nhịp tim (cơ bắp tim).
- Tế bào thần kinh:** Bao gồm tế bào thần kinh trung ương (nằm trong não và tủy sống) và tế bào thần kinh ngoại biên (nằm trong dây thần kinh và cảm giác).
- Tế bào máu:** Bao gồm tế bào hồng cầu (chuyên chở oxy), tế bào bạch cầu (phản ứng với vi khuẩn và virus), và tiểu cầu (tham gia vào quá trình đông máu).

GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

5

Cơ thể chúng ta được cấu tạo từ các tế bào

- Tế bào gan:** Có vai trò quan trọng trong quá trình chuyển hóa, lọc độc tố và sản xuất các protein cần thiết cho cơ thể.
 - Tế bào tiêu hóa:** Bao gồm tế bào niêm mạc ruột, tạo ra enzym và hấp thụ dưỡng chất từ thức ăn.
 - Tế bào tuyến nội tiết:** Bao gồm tế bào tuyến giáp, tuyến tạo thái dương, tuyến thượng thận, và nhiều tuyến khác, điều chỉnh các quá trình nội tiết trong cơ thể.
 - Tế bào miễn dịch:** Bao gồm tế bào B (tạo ra kháng thể) và tế bào T (phá hủy các tế bào nhiễm virus hoặc vi khuẩn).
- Các loại tế bào này cùng hoạt động cùng nhau để duy trì sự sống và hoạt động bình thường của cơ thể con người.

GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

6

DNA và Protein là hai đối tượng nghiên cứu chính của ngành Sinh Tin học

- DNA (Axít Deoxyribonucleic) và protein là hai đối tượng nghiên cứu chính trong Computational Biology
- **1. DNA (Axít Deoxyribonucleic)**
 - Chức năng: DNA chủ yếu chứa thông tin di truyền và làm nhiệm vụ chính trong việc lưu trữ và truyền đạt thông tin di truyền từ một thế hệ sang thế hệ khác.
- **2. Protein:**
 - Chức năng: Protein thực hiện nhiều chức năng quan trọng trong cơ thể như làm nhiệm vụ của enzyme, vận chuyển chất, hỗ trợ cấu trúc tế bào, và tham gia vào nhiều quá trình sinh học khác.

James Watson (trái) và Francis Crick (phải) bên cạnh mô hình mà họ đã xây dựng về cấu trúc của DNA, 1953



<https://suckhoedoisong.vn/ai-la-nguoi-dau-tien-tim-ra-chuoi-adn-vat-lieu-di-truyen-cua-tat-ca-sinh-the-169221007100600715.htm>

GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

8

Giải Nobel Y học vinh danh người tạo ra công nghệ vắc xin COVID-19

TPO - Chủ nhân giải Nobel lĩnh vực Y/Bệnh học năm này vừa được công bố, thuộc về hai nhà khoa học Katalin Karikó (phải) và Drew Weissman vì nghiên cứu về công nghệ mRNA, tạo nền tảng quan trọng để hạn chế sự lây lan của đại dịch COVID-19.



Hai nhà khoa học Katalin Karikó (phải) và Drew Weissman trở thành chủ nhân của giải Nobel Y học 2023.

Prof. Dr. Đỗ Phúc

9

mRNA: "messenger RNA"

- mRNA là viết tắt của "messenger RNA" trong tiếng Anh, hay "RNA trình bày". Nó là một loại RNA (ribonucleic) đặc biệt trong tế bào, chịu trách nhiệm trình bày thông tin di truyền từ gen đến ribosome để tổ chức việc tổng hợp protein.
- Khi một gen được "đọc" để sản xuất protein, thông tin di truyền trong gen đó được sao chép thành một chuỗi mRNA tương ứng. Chuỗi mRNA này sau đó di chuyển ra khỏi hạt nhân của tế bào và nhập vào ribosome, nơi mà protein được tổng hợp dựa trên thông tin chứa trong mRNA.
- Điều quan trọng để lưu ý là mRNA chủ yếu chứa thông tin về thứ tự của các nucleotide (A, U, G, C) được xếp theo cặp với thứ tự các nucleotide trong DNA. Điều này đảm bảo rằng protein được sản xuất theo đúng chuỗi amino acid mà gen đã mã hóa.
- mRNA đóng vai trò quan trọng trong quá trình di truyền thông tin gen để tạo ra các sản phẩm protein cần thiết cho sự sống sót và hoạt động của tế bào.

GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

10

Sinh tin học Bioinformatics, Computational Biology, Khoa học liên ngành



GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

11

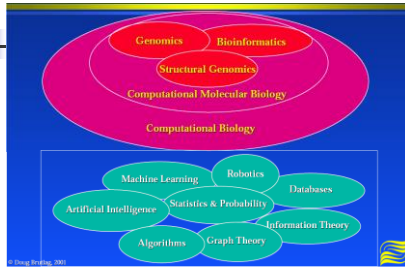
Tin học ?

- Xuất phát từ tiếng Pháp *informatique* là tin học
- Định nghĩa:
Tin học (informatics) khoa học xử lý thông tin
- Liên hệ đến các lĩnh vực khác
 - Y tin học (medical informatics)
 - Sinh tin học (bio-informatics)

GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

12

Sinh tin học xuất phát từ đâu?



Dữ liệu từ đề án bộ gene người đã thúc đẩy phát triển ngành Sinh tin học

GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

13

Sinh tin học?

Cor

■ (Phân từ) **Bio - informatics**

■ Ý tưởng định nghĩa?

Sinh tin học hiểu **sinh học theo phân tử** (nghĩa hóa lý), dùng **các kỹ thuật tin học** để hiểu và tổ chức thông tin sinh học trên quy mô lớn

■ Khoa học liên ngành với Toán, Tin, Sinh, Hóa, Lý.

GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

14

Thông tin?

Sinh học phân tử như là khoa học về thông tin

■ Tiền tăng chính của sinh học phân tử

DNA
-> RNA
-> Protein
-> Phenotype
-> DNA

■ Phân tử

Sequence, Structure, function, Specificity, regulation, Genetic material

■ Chiến lược trung tâm của sinh tin học

Genomic Sequence Information
-> mRNA (level)
-> Protein Sequence
-> Protein Structure
-> Protein Function
-> Phenotype

■ Số lượng thông tin lớn

- Chuẩn hóa
- Thống kê

Most cellular functions are performed or facilitated by proteins.
-Primary biocatalyst
-Colocal transport/storage
-Mechanical motion/support
-Immune protection
-Control of growth/differentiation

GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

15

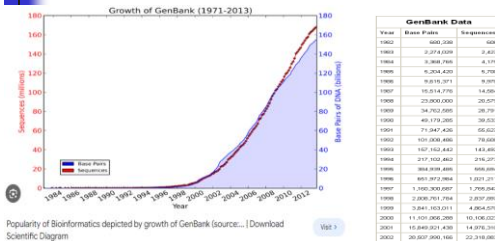
Sự tăng trưởng của dữ liệu sinh học

- GenBank đã phát triển nhanh chóng trong những năm gần đây với tốc độ tăng gấp đôi khoảng mỗi 18 tháng. Phiên bản 250.0, được công bố vào tháng 6 năm 2022, chứa hơn 17 nghìn tỷ cơ sở nucleotide trong hơn 2,45 tỷ trình tự.
- CSDL PDB (Cơ sở dữ liệu Protein) có 214,111 mục PDB và bao gồm 14,482 cấu trúc protein tính đến năm 2023.
- Mục tiêu chính của Dự án Gen người (HGP), diễn ra từ năm 1990 đến năm 2003, là xác định cả hai chuỗi DNA và "vị trí của khoảng 100,000 gen của con người."
- Nhiều dự án nghiên cứu gen, xác định cấu trúc protein được mã hóa trong bộ gen... đã tạo ra một lượng lớn thông tin sinh học, và thông tin này ngày càng trở nên đa dạng và phong phú.

GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

16

Thông tin quy mô lớn: Sự tăng trưởng của GenBank



GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

17

Định nghĩa sinh tin học Bioinformatics

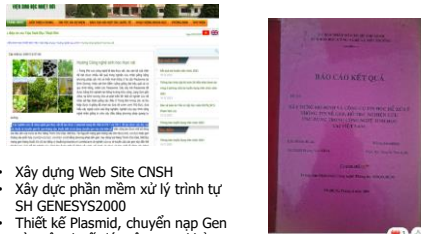
- Do dữ liệu sinh học tăng trưởng mạnh mẽ nên công cụ tin học đã trở thành một phần thiết yếu không thể thiếu trong phân tích xử lý dữ liệu sinh học.
- CNTT có thể quản lý nguồn dữ liệu khổng lồ, phân tích các dữ liệu đa dạng và luôn biến đổi trong thế giới tự nhiên.
- Ngành Sinh tin học được xem là **linh vực nghiên cứu liên ngành nhằm kết hợp các kỹ thuật xử lý, tính toán và tổ chức thông tin bằng thiết bị Tin học với các kỹ thuật, công cụ phổ biến trong ngành sinh học phân tử**.
- Sự hợp nhất ngoài mong đợi giữa hai ngành khoa học là CNTT và CHSH đã thúc đẩy các nghiên cứu mạnh mẽ về công nghệ Sinh học đặc biệt là các nghiên cứu sinh lý học của một cơ thể ở mức độ gen.

GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

18

(Còn tiếp)

Đề tài: Xây dựng mô hình và công cụ tin học để xử lý thông tin về gen hỗ trợ nghiên cứu ứng dụng trong CNSH tại Việt Nam.
CN GS.TS. Hoàng Kiếm PGS.TS. Nguyễn Văn Uyên. 2001

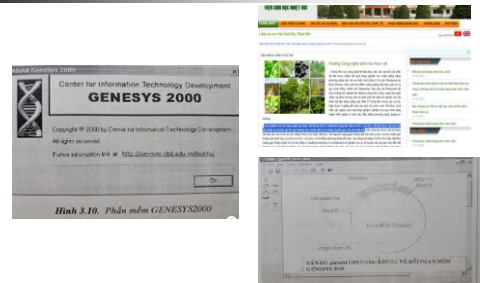


- Xây dựng Web Site CNSH
- Xây dựng phần mềm xử lý trình tự SH GENESYS2000
- Thiết kế Plasmid, chuyển nạp Gen vào cây thuốc lá, nâng cao khả năng kháng bệnh

GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

122

Bản đồ plasmid vẽ từ phần mềm GENESYS2000

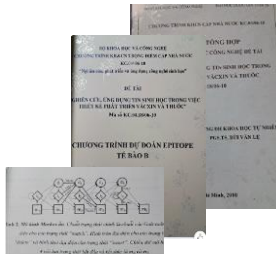


GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

123

Đề tài: Nghiên cứu ứng dụng Tin Sinh học trong việc thiết kế và phát triển thuốc. CN. PGS TS Bùi Văn Lệ, 2010

- Thiết kế Vaccine và thuốc
- Nghiên cứu các chương trình dự đoán Epitope từ kháng nguyên virus
- Epitope tế bào T là những đoạn peptide mạnh gắn với MHC (Major Histocompatibility Complex)
- Dùng HMM, ANN, SVM dự báo các peptide gắn MHC lớp I



GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

124

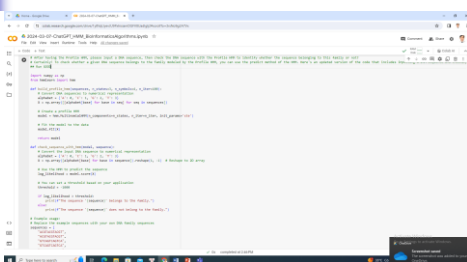
Một ví dụ về việc chữa bệnh bằng liệu pháp gen là việc sử dụng liệu pháp gen để điều trị ung thư.

- Một trong những phương pháp phổ biến là sử dụng vectơ virus để chuyển giao gene vào các tế bào ung thư, giúp chúng tự phá hủy hoặc kích thích hệ miễn dịch nhận biết và tấn công tế bào ung thư.
- Ví dụ cụ thể, một liệu pháp gen được sử dụng trong điều trị ung thư là CAR-T cell therapy. Trong liệu pháp này, các tế bào cơ bản của hệ thống miễn dịch được thu thập từ bệnh nhân, sau đó được "nhập" với một gen được thiết kế để nhận diện và tấn công tế bào ung thư. Các tế bào CAR-T được trở lại vào cơ thể bệnh nhân, nơi chúng tiếp tục hoạt động và tấn công tế bào ung thư mà không gây tổn thương đến các tế bào khỏe mạnh. Điều này có thể dẫn đến giảm kích thước của khối u hoặc thậm chí là hủy diệt hoàn toàn nó.

GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

125

Profile HMM



GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

126

Tính toán phân tán trên Apache Spark có thể được áp dụng cho bài toán Multiple Sequence Alignment (MSA), nhưng có một số thách thức và cần nhắc cần xem xét.

- 1. Phân chia dữ liệu:**
 - MSA thường đòi hỏi sự tương tác giữa các chuỗi, điều này có thể tạo ra thách thức trong việc phân chia dữ liệu cho các nút tính toán khác nhau. Phân chia không tốt có thể dẫn đến việc mất mát thông tin và làm giảm chất lượng của alignment.
- 2. Giao tiếp giữa các nút:**
 - Việc thực hiện MSA trên nhiều nút đòi hỏi sự truyền thông tin giữa các nút tính toán. Điều này đôi khi có thể làm tăng độ trễ do chi phí của việc truyền thông và đồng bộ dữ liệu giữa các nút.
- 3. Thách thức về bộ nhớ:**
 - Bài toán MSA đôi khi đòi hỏi lượng lớn bộ nhớ, đặc biệt là khi đối mặt với số lượng và độ dài lớn của chuỗi. Việc quản lý bộ nhớ trên nhiều nút có thể trở thành một vấn đề, và bạn cần đảm bảo rằng hệ thống của bạn có đủ tài nguyên.

GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

127

Tính toán phân tán trên Apache Spark có thể được áp dụng cho bài toán Multiple Sequence Alignment (MSA), nhưng có một số thách thức và cân nhắc cần xem xét.

- 4. Hiệu suất:

- Tùy thuộc vào cách bạn phân chia công việc và tận dụng tính toán đa nút của Spark, hiệu suất có thể thay đổi. Cần kiểm soát và tối ưu hóa phương pháp tính toán để đảm bảo hiệu suất tốt nhất.

- 5. Thư viện và công cụ hỗ trợ:

- Cần xem xét việc sử dụng các thư viện hoặc công cụ hỗ trợ đã được xây dựng trên nền tảng Apache Spark để giảm bớt gánh nặng việc triển khai và quản lý.

- 6. Các phương pháp tiếp cận:

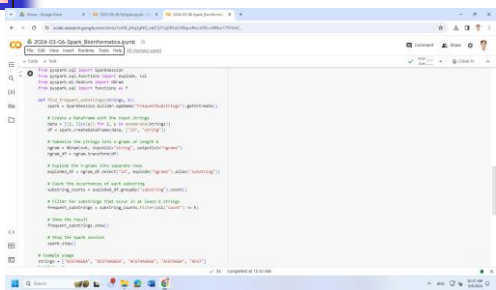
- Có thể cần thay đổi hoặc tinh chỉnh các phương pháp tiếp cận MSA để phù hợp với môi trường tính toán phân tán.

- Mặc dù có những thách thức, nhưng việc sử dụng Apache Spark có thể mang lại lợi ích về khả năng mở rộng và tăng cường hiệu suất đối với bài toán MSA, đặc biệt là khi bạn đối mặt với dữ liệu lớn và phức tạp.

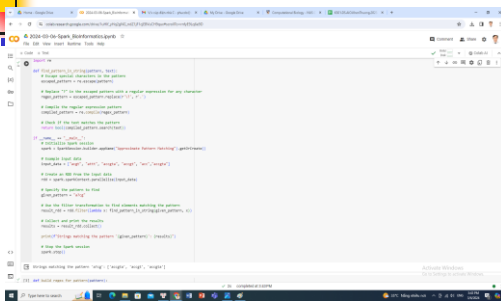
GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

128

PySpark for finding the motif of DNA sequences



Finding The approximate motifs



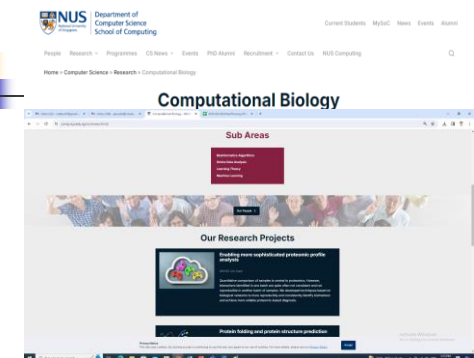
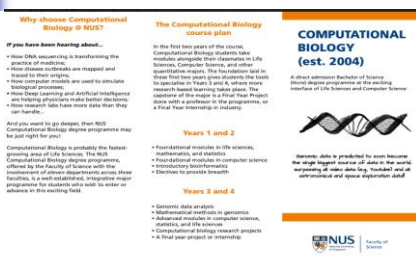
GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

130

NUS Computational Biology



NUS Computational Biology

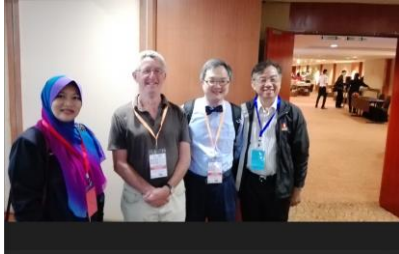


GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

133

WONG Lim Soon

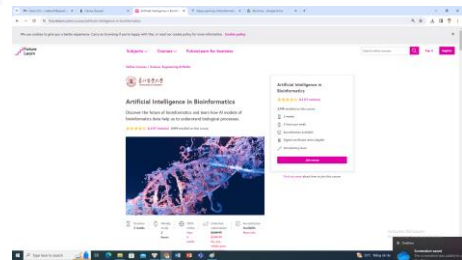
Prof. Ian Witton (University of Waikato) , Prof. Wong Lim Soon (NUS), Prof. Phuc Do (UIT)



GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

134

Khóa học mới: AI and Bioinformatics



GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

135

Course Title: Artificial Intelligence in Bioinformatics
Professor in charge: Prof. Dr. Do Phuc
University of Information Technology, VNU-HCMC

Course Overview: This course explores the intersection of artificial intelligence and bioinformatics, focusing on the application of AI techniques to analyze biological data. Students will gain hands-on experience with tools and algorithms used in bioinformatics, with an emphasis on machine learning and data mining approaches.

Week 1-10 Introduction to Bioinformatics and Artificial Intelligence

- Overview of bioinformatics and its applications

- Introduction to artificial intelligence used in bioinformatics

- Ethical considerations in the use of AI in biological research

Week 1-4 Fundamentals of Biology and Genetics

- Basics of molecular biology and genetics

- DNA sequencing technologies

- Genomic data storage and retrieval

Week 1-6 Introduction to Machine Learning for Bioinformatics

- Feature selection and dimensionality reduction techniques

- Supervised and unsupervised learning in bioinformatics

Week 1-8 Application of AI in Sequence Analysis

- Sequence alignment algorithms

- Hidden Markov Models (HMMs) in bioinformatics

- Predictive modeling for protein structure and function

Week 1-10 Data Mining Techniques in Bioinformatics

- Association rule mining in biological datasets

- Clustering techniques for gene expression data

- Text mining for extracting biological knowledge from literature

Week 11-12 Deep Learning in Bioinformatics

- Introduction to neural networks

- Convolutional Neural Networks (CNNs) for image-based bioinformatics

- Recurrent Neural Networks (RNNs) for sequence analysis

Week 13-16 Integration of Multi-Omics Data

- Integrating data from genomics, transcriptomics, proteomics, and metabolomics

- Network-based approaches for understanding biological systems

Week 17 Project Work and Case Studies

- Hands-on projects applying AI techniques to real-world bioinformatics problems

- Case studies of successful applications of AI in bioinformatics research

Assessment:

- Midterm Exam

- Assignments and Quizzes

- Final Project Presentation and Report

Prerequisites:

- Basic knowledge of biology and genetics

- Familiarity with programming (preferably Python)

- Understanding of basic statistics

References:

[1] Habbibullah, Deep Learning in Bioinformatics, Academic Press, 2022

[2] Edward Bonfield and John Bonfield, Intelligent Bioinformatics, John Wiley & Sons Ltd, 2005

[3] Yan Wang, Cheng, Jie, et al., Intelligent Bioinformatics, John Wiley & Sons Ltd, 2009

Activate 9
Go to Settings

GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

136

Kết luận

- Với dữ liệu tràn ngập hiện nay, phương pháp tính toán trở nên rất cần thiết đối với nghiên cứu sinh học.
- Trí tuệ nhân tạo (AI) giúp giải quyết các bài toán khó của sinh học dựa trên nguồn dữ liệu sinh học khổng lồ sẵn có
- Ứng dụng AI trong sinh học như dự đoán cấu trúc bậc 2, Metagenomic Analysis, thiết kế thuốc, ...
- Tính toán hiệu suất cao cho Sinh Tin học
- Môn học mới: Artificial Intelligence in Bio Informatics:

GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

137

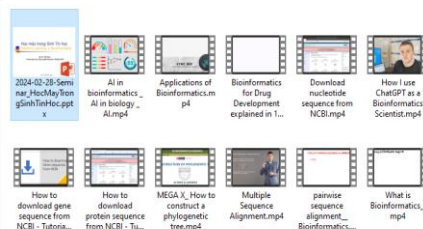
Một số bài báo Sinh Tin Học đã xuất bản

- Đỗ Phúc, Mai Xuân Hùng, Phát triển thuật toán cây phân loài, Tạp chí phát triển khoa học và Công nghệ ĐHQG TP.HCM, ISSN 1859-0218, Vol 3, pp 1-8, 2000
- Hoàng Kiêm, Do Phuc, Discovering the motif based association rules from sets of DNA sequences, Lecture Notes in Artificial Intelligence 2005, Springer, ISSN 0302-9743, RSCITC 2000, Banff, Canada, pp 386-390, 2000
- Do Phuc, Hoàng Kiêm, Developing a motif based clustering algorithm for supporting the similarity query in a database of DNA sequences, Journal of Science and Technology VNU-HCM, ISSN 1859-0218, Vol 4+5, pp 83-89, 2001
- Nguyễn Thanh Tùng, Trần Linh Thuộc, Đỗ Phúc, Prediction of protein secondary structure based n SCOP folds using Hidden MarkovModel (HMM) and decision tree, Journal of BioTechnology Vietnamese Academy of Science and Technology, ISSN: 1811-4989, Vol 2, Issue 4, pp 407-414, 2004
- Đỗ Phúc, Hoàng Kiêm, Using MTREE structure for similarity search in biological sequence databases, Sinh học, Viện Hàn Lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam, ISSN: 1811-4989, Vol 4, pp 151-158, 2006
- Đỗ Phúc, Nguyễn Thị Kim Phụng, Using Spectral Vectors and M-Tree for Graph Clustering and Searching in Graph Databases of Protein Structures, International Journal of Computer, Electrical, Automation, Control and Information Engineering ISSN: 2010-3778, Vol 3, no.8, 2008
- Phạm Quốc Đàm, Đỗ Phúc, Lê Thị Thanh Mai, Dự đoán phân loại của Enzyme bằng cách áp dụng kỹ thuật khai thác dữ liệu, Tạp chí Phát triển Khoa học và Công nghệ ĐHQG TP.HCM, ISSN 1859-0218, vol 11, Issue 5, pp 247-252, 2008

GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

138

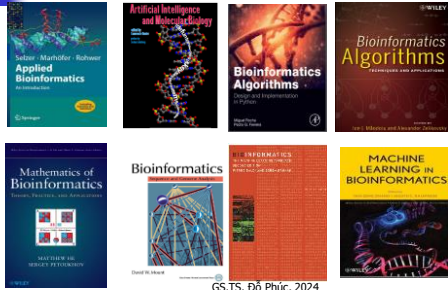
Youtube Learning Materials



GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

139

References



GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

140

References

- PatrickNg.dna2vec:Consistentvectorrepresentationsof variable-lengthk-mers, arXiv:1701.06279v1 [q-bio.QM] 23 Jan 2017
- Lea Mathias, Deep Learning Approaches in Bioinformatics: Challenges and Opportunities , Department of Computer Science, University of Cambridge, 2020
- Seonwoo Min, Byunghan Lee, and Sungroh Yoon, Deep Learning in Bioinformatics, Interdisciplinary Program in Bioinformatics, Seoul National University, Seoul 151-747, Korea , 2020
- Yu Li et al., Deep learning in bioinformatics: introduction, application, and perspective in big data era, <https://doi.org/10.1101/563601>
- Edward Keedwell, Ajit Narayanna, Intelligent Bio Informatics, the application of Artificial Intelligence to Bioinformatics Problems, Wiley, 2005
- Jacques Nicolas, Artificial Intelligence and Bioinformatics, HAL Id: hal-01850570 2020
- Christof Angermueller et al., Deep learning for computational biology, European Molecular Biology Laboratory, European Bioinformatics Institute, Wellcome Trust Genome Campus, Hinxton, Cambridge, UK, 2016

GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

141

Future of bio informatics powered By AI



GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

142

Q&A

Thank you for your kind attention!

GS.TS. Đỗ Phúc, 2024

143