

Beszámoló

a BME MI-EDIH Oktatás és képzés c. rendezvényről

Időpont: 2024. május 22., szerda 16:30–18:00

Helyszín: BME „I” épület, fsz. IB023-as terem (1117 Bp., Magyar tudósok krt. 2.)

A Human-Centred AI Master's (HCAIM) projektben részt vevő négy egyetem 2022/23-ban, majd 2023/24-ben is Erasmus-támogatással ún. hibrid intenzív képzést (Blendid Intensive Programme, BIP) tartott, a személyes részvételű rész Utrechtben volt. A 2023/24-es BIP-ben a BME öt hallgatója vett részt, közülük ketten az MI-EDIH támogatásával végeztek irodalomkutatást, dolgoznak választott témájukon. Ugyancsak a HCAIM projekthez kapcsolódott a dublini HCAI-EP konferencia, ahol a BME VIK egyik hallgatója tartott előadást; a téma feldolgozását ebben az esetben is az MI-EDIH támogatja.

A támogatott hallgatók kutatási témájukról és eddig elért eredményeikről, amint azt a részt vevő egyetemi oktatók megállapították, nagyon színvonalas, értékes munkát végeznek, és nagyon érdekes beszámolókat tartottak a rendezvényen.

Az előadók és a témák kivonata:

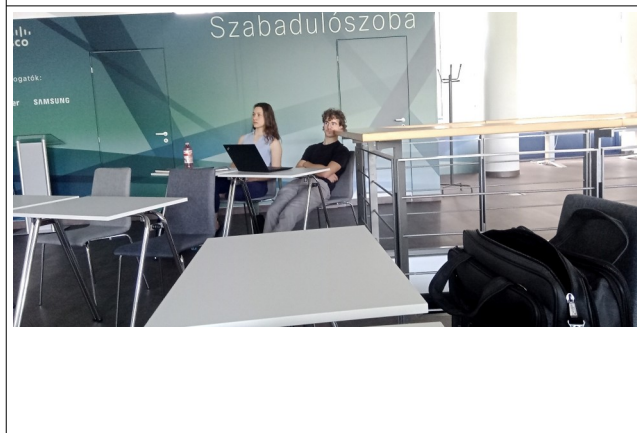
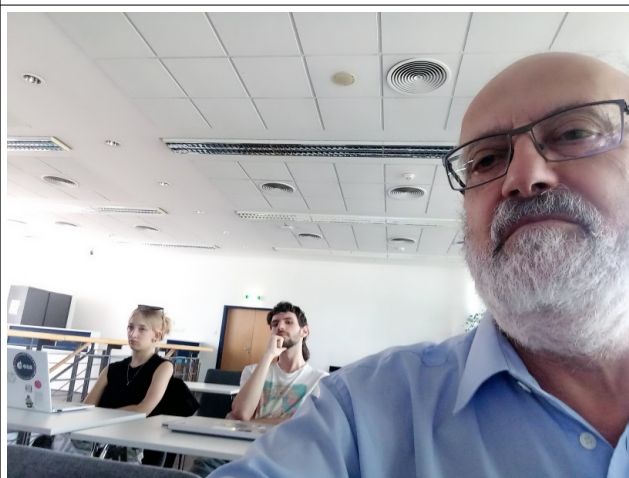
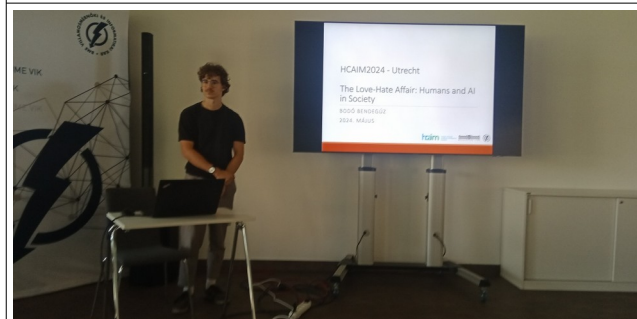
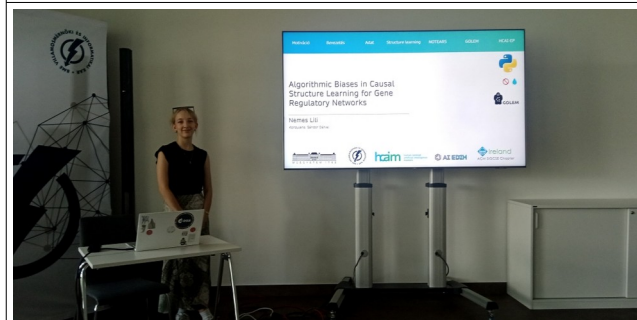
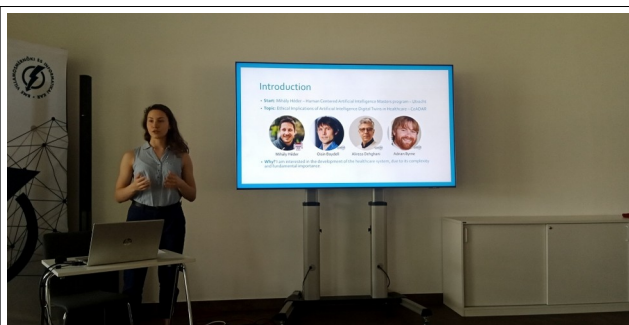
- **Piri Annamária:** *Ethical Implications of AI Digital Twins in Healthcare*
Definiáltam, mi az alap probléma, mit is jelentenek a digitális ikrek az egészségügyben. Ez után sorra vettem azon tényezőket, amelyek bármilyen módon szembe mennek az etikai normákkal. Ezekre egyesével megoldási javaslatokat kerestem, végül következtetéseket vontam le az AI egészségügyben való etikus alkalmazására vonatkozóan.
- **Nemes Lili:** *Algorithmic Biases in Causal Structure Learning for Gene Regulatory Networks*
A NOTEARS és a GOLEM folytonos optimalizáció alapú struktúranulási algoritmusok. Korábbi munkákban már bebizonyították, hogy bizonyos típusú adatokon való használatukkor bias-t vezetnek be. Azt vizsgáljuk, hogy ez a bias genetikai adatokon is fennáll-e.
- **Bodó Bendegúz:** *The Love-Hate Affair: Humans and AI in Society*
Azt a feltételezést próbáltam bizonyítani megtörtént események és irodalmak alapján, hogy az MI összetettségéből adódóan tagja társadalmunknak egyszerű eszköze helyett. Ezt jelenleg leszűkítve az MI-be fektetett bizalommal kapcsolatban. Később ennek a feltételezésnek hasznos és káros következményeit elemeztem, majd néhány eredményem alapján megfelelő hozzállást ajánlottam a jövőre tekintve.

A meghívót, a jelenléti ívet és a prezentációk tömör változatát csatoljuk. A rendezvényen készült fényképek (Németh Vilmos [2], Piri Annamária [2], Nemes Lili [2], Bodó Bendegúz [2], hallgatóság [4]) egy része látható alább.

Budapest, 2024. május 23.

Összeállította: dr. Hanák Péter





HCAIM – REPORT

ETHICAL IMPLICATIONS OF ARTIFICIAL INTELLIGENCE DIGITAL TWINS IN HEALTHCARE

Annamaria Piri | 2024.05.22.



Introduction

- **Start:** Mihály Héder – Human Centered Artificial Intelligence Masters program – Utrecht
- **Topic:** Ethical Implications of Artificial Intelligence Digital Twins in Healthcare – CeADAR



Mihály Héder



Oisín Boydell



Alireza Dehghani

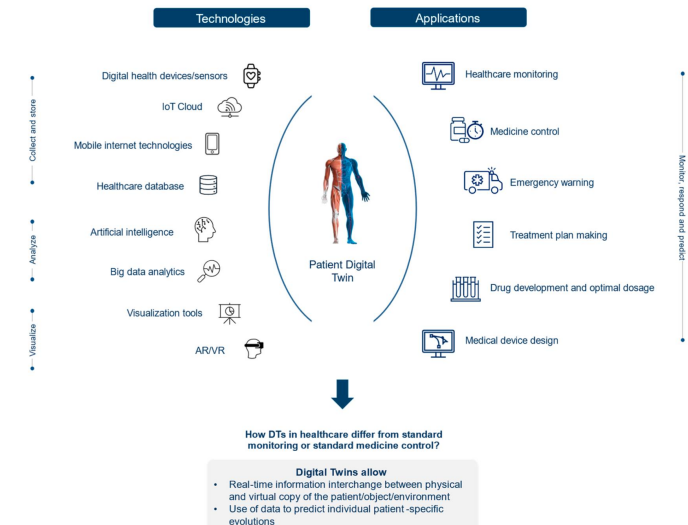


Adrian Byrne

- **Why?** I am interested in the development of the healthcare system, due to its complexity and fundamental importance.

AI Digital Twins

Digital twins are essentially digital copies of the patient, the creation of which may be justified in case of a more complicated surgical simulation or observation of a response. To create them, it is necessary to collect and store significantly more data from the patient than can be said to be average.



Poster draft



Abstract:
basic assumptions

I listed the events
where autonomy or
ethical standards
could be violated and
looked for solutions
to them one by one.

Intro

Literature review:
summary of what I have
read so far.

Conclusions

Questions and suggestions

Who decides on the usability of the data, can the patient take the recordings taken with him/her if he/she chooses another healthcare institution?

How can as many complex data as possible, difficult for doctors to understand, be made transparent for the patient?

Where and for how long is it advisable to store the data relating to digital twins?

How can biases within AIDT be identified and corrected to ensure equitable health outcomes?



Summary



Little time at the university for the topic, many programs
Carivores starve



Professional development
International relationships
Several points of view on the same topic
More than I expected



HCAIM2024 - Utrecht

The Love-Hate Affair: Humans and AI in Society

BODÓ BENDEGÚZ

2024. MÁJUS



Program és Hogeschool Utrecht

Személyesen Utrecht Hogeschool-ban

- Résztvevő egyetemek hallgatói, tanárai
- Egy hetes intenzív program
- Szakmai és kötetlenebb programok
 - Előadások, konzultációk, egyéni munka, céglátogatás, kulturális programok...
- Kis szabadidő, városfelfedezés



Kezdetek

Mechatronika mérnök hallgató

MI Etika

- Technológia és filozófia

Értesülés a lehetőségről



A Kutatás menete

Témaválasztás

- Saját, kiírt

Munkálatok csoportokba beosztva

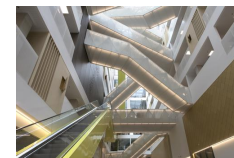
- Konzultálás csoportvezetőkkel, visszatérő hallgatókkal, iránymutató előadások

Pitch készítése

- Rövid PowerPoint előadás
- Tanácsok, kérdések

Poszter készítése

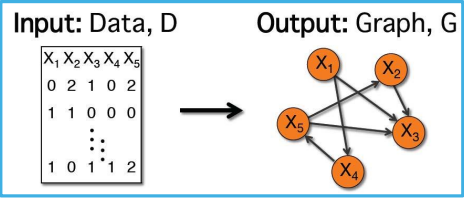
- Szabad mozgás poszterek között
- Többi készítővel beszélgetés, saját védése, kérdések, ajánlatok



Köszönöm a részvétel lehetőségét minden segítőmnek!

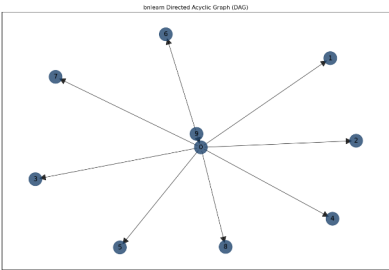
	G1	G2	G3	G4	G5	G6	G7	G8	G9	G10
1	0.562882	0.347892	0.10202	0.71471	0.1768	0.48587	0.09163	0.77799	0.606671	0.575
2	0.576153	0.266299	0.586688	0.62113	0.17881	0.21471	0.045828	0.72782	0.61072	0.35
3	0.499999	0.2221	0.55205	0.72862	0.28894	0.147545	0.1594	0.61032	0.60229	0.44
4	0.49001	0.31108	0.55205	0.72862	0.28894	0.147545	0.1594	0.61032	0.60229	0.44
5	0.2006964	0.35938	0.53518	0.69109	0.169042	0.23311	0.05815	0.62438	0.60285	0.24
6	0.263491	0.39465	0.59079	0.841765	0.21366	0.08083	0.03105	0.59034	0.75019	0.16
7	0.27273	0.30145	0.56420	0.66134	0.19449	0.05461	0.11001	0.60521	0.523	0.2
8	0.305114	0.36945	0.51562	0.64539	0.22051	0.05683	0.0117	0.55239	0.88804	0.26
9	0.709315	0.48474	0.73158	0.05862	0.24532	0.09842	0.01202	0.6739	0.95453	0.33
10	0.45416	0.46824	0.68333	0.75154	0.18126	0.03744	0.0126	0.57087	0.98133	0.17

Gene regulatory network megalkotása: Struktúra tanulás



- Ismeretlen: struktúra
- Ismert: változók eredmény értékei
- Keresés a lehetséges struktúrák terében
- Probléma: lehetséges G DAG-ok száma exponenciálisan nő
- Megfelelő Bayes-háló megtalálása **NP-nehéz** probléma!

Struktúratanulás bnlearn library segítségével DREAM adaton:



- DAG kényszer biztosítása – kombinatorikus
- NOTEARS folytonos optimalizációs problémát csinál belőle:

$$\min_G \text{score}(G)$$

s.t. $G \in \text{DAGs}$

$$\iff$$

$$\min_{W \in \mathbb{R}^{d \times d}} \text{score}(W)$$

s.t. $h(W) = 0$

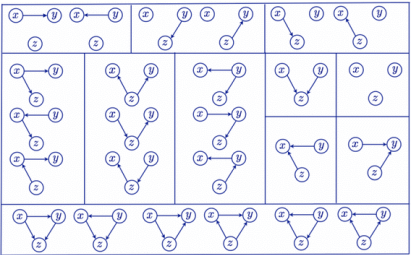
- Ahol h:

$$h(W) := \text{trace}\left(e^{W \circ W}\right) - d = 0,$$

- Augmented Lagrangian methoddal:

$$\min_{W \in \mathbb{R}^{d \times d}} F(W) + \frac{\rho}{2} |h(W)|^2 + \alpha h(W),$$

1. Csak observational/megfigyelési adatot használ, interventionalt/beavatkozást nem



2. Adatok skálázhatósága

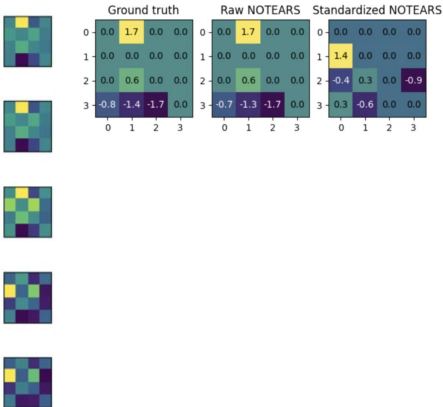
Unsuitability of NOTEARS for Causal Graph Discovery

Download PDF

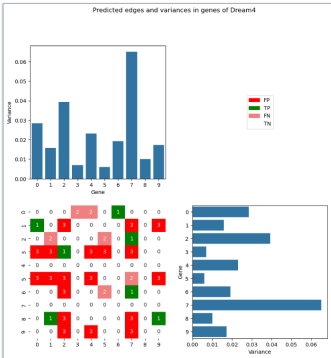
767 Accesses

1 Altmetric

NOTEARS skálázott adata jóval pontatlanabb



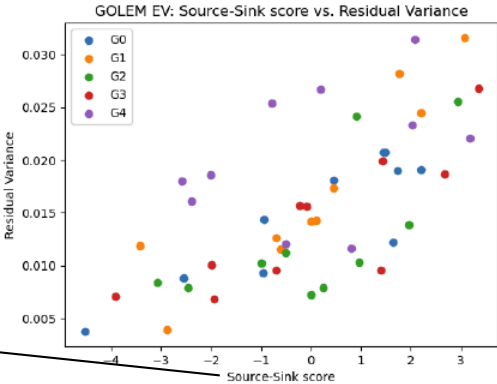
- A változó értékében található variancia alapján határozza meg az élek irányát:



GOLEM

- NOTEARS javítása
- Loss function változtatása
- Pontatlanság skálázatlan adaton

$$S(W) = \sum_i |w|e_i - \sum_j |w^T|e_j$$



További javítások, felhasználások

Optimizing NOTEARS Objectives via Topological Swaps

Chang Deng, Kevin Heller, Bryan Angerer, Pradeep K. International Conference on Machine Learning, PMLR 202

Abstract

Recently, an intriguing class of non-convex optimization functions directed acyclic graphs (DAGs). These methods Pacific Symposium on Biocomputing 2020

Scaling structural learning with NO-BEARS to infer causal transcriptome networks

Hao-Chih Lee^{1,2}, Matteo Danileto^{1,2,3}, Riccardo Miotto^{1,2}, Sarah T. Chergu^{1,2} and Joel T. Dudley^{1,2,3,†}
¹Institute for Next Generation Healthcare
²Hasso Plattner Institute for Digital Health
³Department of Genetics and Genomic Sciences
Icahn School of Medicine at Mount Sinai
New York, NY 10065, USA
†E-mail: joel.dudley@mssm.edu

Constructing gene regulatory networks is a critical step in revealing disease t transcriptomic data. In this work, we present NO-BEARS, a novel algorithm gene regulatory networks. The NO-BEARS algorithm is built on the b TEARS algorithm with two improvements. First, we propose a new consti approximation to reduce the computational cost of the NO-TEARS algorithm. Next, we introduce a polynomial regression loss to handle non-linearity in gene expressions. Our implementation utilizes modern GPU computation that can decrease the time of hours-long CPU computation to seconds. Using synthetic data, we demonstrate improved performance, both in processing time and accuracy, on inferring gene regulatory networks from gene expression data.

Keywords: Gene regulatory network; Bayesian network; Optimization; GPU acceleration

dotears: Scalable, consistent DAG estimation using observational and interventional data

Albert Xue¹, Jingyu Rao², Srikanth Sankaranarayanan^{1,3}, Harold Pimentel^{1,4}
¹University of California, Los Angeles
(jaoxue, roerao, hpi)@ucla.edu
srikanth@cs.ucla.edu

Abstract

Learning causal directed acyclic graphs (DAGs) from data is complicated by a lack of identifiability and the combinatorial space of solutions. Recent work has improved tractability of score-based structure learning of DAGs in observational data, but is sensitive to the structure of the exogenous error variances. On the other hand, learning exogenous variance structure from observational data requires prior knowledge of structure. Motivated by new biological technologies that link highly parallel gene interventions to a high-dimensional observation, we present dotears (dotears), a scalable structure learning framework which leverages observational and interventional data to infer a single causal structure through continuous optimization. dotears exploits predictable structural consequences of interventions to directly estimate the exogenous error structure, bypassing the circular estimation problem. We extend previous work to show, both empirically and analytically, that the inferences of previous methods are driven by exogenous variance structure, but dotears is robust to exogenous variance structure. Across varied simulations of large random DAGs, dotears outperforms state-of-the-art methods in structure estimation. Finally, we show that dotears is a provably consistent estimator of the true DAG under mild assumptions.

Can we identify what are the causes and effects of internal migrations? The case of Serbia

Eneser Budaković^{1,*}, Boris Delibasić², Milica Suknović³, Svetlana Vukanović³

lay < Share > Cite

16/11/2023, 08:12:23

Get rights and content >

NTS-NOTEARS: Learning Nonparametric DBNs With Prior Knowledge

Xiangyu Sun¹, Oliver Schulte², Guiliang Liu³, Pascal Poupart⁴
¹Soochow University, ²The Chinese University of Hong Kong, Shenzhen, ³University of Wuxi

Abstract

We describe NTS-NOTEARS, a score-based structure learning method for time-series data to learn dynamic Bayesian networks (DBNs) that captures nonlinear, lagged (interacts) and instantaneous (into-effect) relations among variables. NTS-NOTEARS utilizes ID convolutional neural network (CNN) to model the dependence of child variables on their parents; ID CNN is a neural function approximation model well-suited for sequential data. DBN-CNN structure learning is formulated as a continuous optimization problem with an activity constraint, following the NOTEARS DAG learning approach (Zheng et al., 2018, 2020). We show how prior knowledge of dependencies (e.g., forbidden and required edges) can be included as additional optimization constraints. Empirical evaluation on simulated and benchmark data shows that NTS-NOTEARS achieves state-of-the-art DAG structure quality compared to both parametric and nonparametric baseline methods, with improvement in the range of 10-20% on the F1 score. We also evaluate NTS-NOTEARS on complex real-world data acquired from professional ice hockey games that contain a mixture of continuous and discrete variables. The code is available online¹.

Structure Learning. We formulate DBN-CNN model learning as a continuous optimization search for an activity weight matrix, by adapting the NOTEARS DAG learning approach for non-sequential data (Zheng et al., 2018, 2020). The weight matrix is extracted from the first layer of the trained ID CNN kernel weights. We show analytically that using the first-layer weights involves no loss of expressive power. We show how the efficient L-BFGS-B optimization algorithm can be leveraged to incorporate valid prior



- 2 nap
- Paperek előadói
- Szünetekben posztterek

- Első konferenciám!
- Érdekes paperek és posztterek, főleg education témakörben.
- Találkozás ismerősökkel még az előző BIPről.