

# 生物信息学导论与方法课程教学大纲

课程基本信息 (Course Information)					
课程代码 (Course Code)		*学时 (Credit Hours)	32	*学分 (Credits)	2
*课程名称 (Course Name)	(中文) 生物信息学导论与方法				
	(英文) Introduction to Bioinformatics				
课程性质 (Course Type)					
授课对象 (Audience)	本科三/四年级				
授课语言 (Language of Instruction)	双语 (汉语+英语)				
*开课院系 (School)	生物医学工程学院				
先修课程 (Prerequisite)					
授课教师 (Instructor)	林关宁	课程网址 (Course Webpage)	<a href="http://bmi.sjtu.edu.cn/teaching.html">http://bmi.sjtu.edu.cn/teaching.html</a>		
*课程简介 (Description)	<p style="text-align: center;">(中文 300-500 字, 含课程性质、主要教学内容、课程教学目标等)</p> <p>生物信息学是一门新兴的生命科学与计算科学的前沿交叉学科。本课程讲授生物信息学主要概念和基本计算技术。内容主要包括基因、蛋白序列比对, 数据库搜索, 马可夫模型, 新一代测序介绍, 突变的功能预测, 转录组测序与分析, 非编码 RNA 和表观遗传, 人工智能与机器学习基础, 本体论和分子通路, 以及 R 编程语言入门和实验上机数据处理与分析等。重点放在生物信息学的计算方法及其运用方面, 包括生物问题的制定, 算法的设计, 软件开发的置信度评估等。通过本课程的介绍, 使学生系统地掌握生物信息学的基本理论、基本知识, 掌握生物信息学的基本技术, 培养学生如何充分使用交叉学科的知识与技术, 训练学生分析问题和解决问题的能力及实际动手数据处理和分析能力。通过本课程的理论介绍和实际数据上机操作, 将让学生掌握如何应用生物信息学和计算科学手段解决生命和医学, 特别在大数据和精准医疗等领域的科学问题。</p>				
*课程简介 (Description)	<p style="text-align: center;">(英文 300-500 字)</p> <p>The course will introduce the fundamental concepts and basic computational techniques for mainstream bioinformatics problems. The course covers sequence alignment, sequence database search, Markov model and multiple sequence alignment, functional prediction of genetic variants, next generation sequencing, noncoding RNA and epigenetics, introduction to artificial intelligence and machine learning, gene ontology and pathway, and R programming in-course practices. Emphasis placed on computational aspect of bioinformatics including formulation of a biological problem, design of</p>				

algorithms, confidence assessment of software development. Students will gain the fundamental knowledge of bioinformatics, the design of the computational biology problems and necessary applications and tools, latest advances in modern genomic technology, big data and precision medicine. This course's teaching in fundamental concepts and in-class programming practices, will allow students to understand how to apply bioinformatics and computational science to solve scientific problems in life and medicine, especially in the area of big data procession and analysis and the precision medicine.

课程教学大纲 (course syllabus)

**\*学习目标(Learning Outcomes)**

1. 理解生物信息学的几大交叉知识领域以及相互关系 (a, d, e, g, h, j)。
2. 了解和掌握新一代测序原理, 数据处理及分析方法。(a, b, k)
3. 了解和掌握序能处理和分析列比对和组学变异等的工具和数据库。(a, b, c, k)
4. 使用并掌握 R 编程语言处理并分析生物组学等大数据。(a, b, c, k)

.....

(注: 须根据课程性质, 着重描述课程教学在培养学生知识、能力、素质等方面的贡献, 是课程目标的细化, 专业培养计划内课程必须与专业培养目标具体贡献点相对应, 并在描述语句后注明对应目标体系的代码, 举例如下; 其他类型课程请根据课程实施情况从三方面描述。)

1. 了解并认识工程与科学的关系 (A3)
2. 了解工程设计的基本概念和一般流程 (A5.1, A5.4)
3. 通过课程项目的实践, 培育认识和发现问题的能力 (B2, C2) 和团队协作解决工程问题的能力 (A5.3, B3, C1)

.....

<b>*教学内容、进度安排及要求</b> (Class Schedule & Requirements)	教学内容	学时	教学方式	作业及要求	基本要求	考查方式
	导论与历史 (Introduction and history)	2	课堂教学	预复习	林关宁	
	序列比对 (Sequence alignment)	2	课堂教学	预复习	林关宁	
	马可夫模型 (Markov model)	2	课堂教学	预复习	林关宁	
	DNA 新一代测序分析 (DNA NGS Analysis)	2	课堂教学	预复习	林关宁	
	生物信息对 RNA 的研究 (Bioinformatics Approaches to RNA)	2	课堂教学	预复习	林关宁	
	RNA 新一代测序分析 (RNA	2	课堂教学	预复习	林关宁	

	NGS Analysis)					
	蛋白组学简介 (Proteomics)	2	课堂教学	预复习	林关宁	
	人类基因组 (The Human Genome)	2	课堂教学	预复习	林关宁	
	人类疾病 (Human Disease)	2	课堂教学	预复习	林关宁	
	机器学习简介 (Basics of Machine learning)	2	课堂教学	预复习	林关宁	
	R 数据分析实 验上机 1: 生 物统计背景及 基础数据操作 (R programming 1: Statistic background and basic data manipulation)	2	课堂教学	预复习	林关宁	
	R 数据分析实 验上机 2: 探 索性数据分析 以及聚类分析 (R programming 2: exploratory data analysis and clustering)	2	课堂教学及 上机练习	预复习	林关宁	
	R 数据分析实 验上机 3: 数 据预处理和基 础统计建模 (R programming 3: Preprocessing and data modeling )	2	课堂教学及 上机练习	预复习	林关宁	

	R 数据分析实验上机 4: 统计学意义和多重检测 (R programming 4: Statistical significance and multiple testing)	2	课堂教学及上机练习	预复习	林关宁	
	学生报告及讨论 1 (Student presentations and discussions 1)	2	课堂教学及学生口头报告	预复习	林关宁	
	学生报告及讨论 2 (Student presentations and discussions 2)	2	课堂教学及学生口头报告	预复习	林关宁	
*考核方式 (Grading)	(成绩构成) 出勤率 15%，课堂互动 10%，功课 20%，中文综述书面报告一份 25% (综述/展望领域的发展)，期末 PPT 报告 30% (讨论生物信息学的不同技术和应用)					
*教材或参考资料 (Textbooks & Other Materials)	生物信息学《Bioinformatics》李霞主编，第二版，“十二五”普通高等教育国家级规划教材 《Bioinformatics and Functional Genomics》 Jonathan Pevsner 主编，第三版					
其它 (More)						
备注 (Notes)						

备注说明：

1. 带\*内容为必填项。
2. 课程简介字数为 300-500 字；课程大纲以表述清楚教学安排为宜，字数不限。