**生物信息学课程教学大纲**

Course Outline

|  |
| --- |
| 课程基本信息（Course Information） |
| 课程代码（Course Code） | BI462 | 学时（Credit Hours） | 48 | 学分（Credits） | 3 |
| 课程名称（Course Name） | （中文）生物信息学(C类) |
| （英文）Bioinformatics（C） |
| 课程性质(Course Type) | 培养计划课程 |
| 授课对象（Target Audience） |  |
| 授课语言(Language of Instruction) | 双语授课 |
| 开课院系（School） | 生命科学技术学院 |
| 先修课程（Prerequisite） |  |
| 授课教师（Teacher） | 陈海峰 | 课程网址(Course Webpage) |  |
| \*课程简介（Description） | ）生物信息学是一门交叉学科，其本质是研究生物信息从遗传信息载体到各层次生命活动的传播过程和机制以及其在生命科学相关领域的应用。生物信息学的核心研究内容包括生物信息的采集、处理、存储、传播、分析、解释与转化应用。因而本课程包括生物信息学及人类基因组计划的简要介绍，序列比对两两比对及多序列比对的算法及上机实践，DNA组装的算法及算法实现，进化树构建及分析，蛋白质结构的二级及三级结构预测, 蛋白质结构级结构与功能的上机实践等内容。让学生既能学到生物信息学的理论知识，又能理论与实践相结合进行上机操作。 |
| \*课程简介（Description） | Bioinformatics is an interdisciplinary field that develops methods and software tools for understanding [biological](https://en.wikipedia.org/wiki/Biology) data. As an interdisciplinary field of science, bioinformatics combines [computer science](https://en.wikipedia.org/wiki/Computer_science), [statistics](https://en.wikipedia.org/wiki/Statistics), [mathematics](https://en.wikipedia.org/wiki/Mathematics), and [engineering](https://en.wikipedia.org/wiki/Engineering) to analyze and interpret [biological](https://en.wikipedia.org/wiki/Biology) data. This course includes introduction of bioinformatics, sequence alignment, DNA segment assembly, function site prediction, phylogenetic Analysis, protein secondary and tertiary structure prediction, and computer practice on sequence alignment, database, and structure prediction. The target of this course is training the knowledge of bioinformatics and the practice of bioinformatics usage. |
| 课程教学大纲（course syllabus） |
| \*学习目标(Learning Outcomes) | 1．了解生物信息学的历史、研究方法及可能的运用2．掌握序列比对的算法，熟练运用比对工具进行序列比对3．掌握DNA序列拼接的原理，熟练运用序列拼接工具进行全基因拼接4．掌握生物信息学的重要数据库，关键条目以及如何进行序列、关键词的检索5．掌握DNA序列分析的基本步骤，模型的评估方法，隐马尔科夫模型的原理以及运用寻找功能位点6．掌握进化树的构建方法并利用所学方法构建进化树，并进行评估7．掌握蛋白质结构预测方法，熟练运用所学知识进行蛋白质结构预测 |
| \*教学内容、进度安排及要求(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 |
| 生物信息学简介 | 4 | 上课 | 简介生物信息学的历史及主要技术及社会需求 | 了解生物信息学的历史沿革及研究技术 | 书面作业 |
| 序列两两比对 | 4 | 上课 | 完成全局序列比对、局部序列比对的打分矩阵，绘制比对结果 | 掌握全局序列比对及局部序列比对的差异，能熟练运用 | 书面作业 |
| BLAST、FASTA与短序列比对分析 | 2 | 上机 | 对传统序列比对中启发式方法的练习、掌握短序列比对的基本算法 | 了解序列搜索中的关键要点-索引的建立方法以及序列搜索实务中需要注意的问题 | 序列比对打分矩阵索引建立算法分析实验报告 |
| 多序列比对 | 2 | 上课 | 掌握多序列比对的AA算法，构建比对结果 | 掌握多序列比对的算法，熟练运用比对工具进行多序列比对 | 书面作业 |
| 多序列比对上机实践 | 2 | 上机 | 熟悉多序列比对的多种策略和工具并应用于分析 | 掌握序列比对的多种不同策略 | 算法比较实验报告 |
| DNA组装 | 2 | 上课 | 掌握DNA组装的贪婪算法、拓扑排序算法，构建组装结果 | 掌握DNA组装的贪婪算法、拓扑排序算法 | 书面作业 |
| 常用数据库介绍 | 4 | 上课 | 了解常用数据库的格式及相关资源 | 了解DNA、蛋白序列，结构，GO等功能数据库 | 书面作业 |
| 生物分子数据库 | 2 | 上机 | 常用数据库资源 | 常用数据库资源搜索 | 序列搜索格式转换实验报告 |
| 功能位点预测 | 4 | 上课 | 了解功能位点分析步骤及方法 | 掌握功能位点分析的原理及运用 | 书面作业 |
| 隐马尔科夫模型与Motif的Logo表示 | 2 | 上机 | 熟练运用HMMER进行序列分析，辅以Weblogo显示motif。实现Viterbi算法等 | 掌握隐马尔科夫模型在计算生物学中的应用以及Motif的发现和图形化显示 | HMMERWEBlogo工具运用模型的编程实现并应用于分析，上机实验报告 |
| 进化分析 | 2 | 上课 | 了解进化树的构建方法 | 掌握进化树的构建算法及运用方法构建进化树 | 书面作业 |
| 基于贝叶斯的系统发生树构建 | 2 | 上机 | 基于案例的系统发生树构建、进化模型的比较与选择、模型参数的计算 | 掌握基于距离、最大似然法、贝叶斯MCMC方法构建系统发生树的方法，并比较 | 上机练习统计分析实验报告 |
| 蛋白质结构预测 | 6 | 上课 | 了解蛋白质二级、三级结构预测方法 | 掌握蛋白质二级、三级结构预测方法并对未知蛋白序列预测结构 | 书面作业 |
| 蛋白质结构功能实践及报告 | 6 | 上机 | 定量结构活性关系，结构预测，分子对接，分子动力学模拟分析 | 完成大作业，相关课题PPT介绍 | 试验结果的论文撰写 |
| 文献及Project报告 | 2 | 上课 | 介绍生物信息学最新技术及project结果 | 了解生物信息学最新技术及project结果 | 文献精读及讲述能力 |
| 复习课 | 2 | 上课 | 复习生物信息学主要内容及习题讲解 | 复习生物信息学主要内容及习题讲解 | 讨论 |

 |
| \*考核方式(Grading) | Project占20%，上机实践部分占20%，期末考试占60% |
| \*教材或参考资料(Textbooks & Other Materials) | 李霞主编，生物信息学，人民卫生出版社，2010.[Marketa J Zvelebil](http://www.amazon.co.uk/Marketa-J-Zvelebil/e/B001HP46QQ/ref%3Ddp_byline_cont_book_1), [Jeremy O. Baum](http://www.amazon.co.uk/s/ref%3Ddp_byline_sr_book_2?ie=UTF8&text=Jeremy+O.+Baum&search-alias=books-uk&field-author=Jeremy+O.+Baum&sort=relevancerank).Understanding Bioinformatics. Garland Science Press. 2007.（填写语言对英） |
| 其它（More） | 无 |
| 备注（Notes） | 无 |

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。