浙江大学研究生课程教学大纲

课程编号	3413118	开课院系	海洋学院		
中文课程名称	应用生物信息学		授课语言	中文	
英文课程名称	Applied Bioinformatics				
课程性质	专业选修课	课程类别	博士生课	课程体系	通用课程
任课教师姓名	屠奇超	工号	0015140	职称	讲师（高校）
学历		E-mail	tqichao@zj.ed.cn	联系电话	15824116040
辅讲教师1姓名		工号		职称	
学历		E-mail		联系电话	
教学学时	24	实验学时	0	实践学时	0
其他学时	0	总学时	24	自学学时	0
学分数	1.5	考核方式	课程论文	开课学期	秋
课程内容中文简介	<p>本课程目的在于向海洋学院非生物信息学专业学生介绍生物信息学的基本概念及相关重要软件数据库的熟练应用。课程内容包括以下四大部分：1、生物信息学的基本概念和理论；2、生物和生态信息大数据（基因组、转录组、蛋白质组、环境基因组等）的处理、挖掘和分析方法；3、主要生物信息学软件及数据库的应用；4、各种统计分析方法在复杂数据中的应用等。课程将针对海洋生物、药物以及环境生态方向研究生对以上内容进行分节介绍。在介绍基本概念和理论的同时，课程将在课堂上通过实例向学生演示并练习相关数据的处理、挖掘和分析过程。在强调基础之外，本课程也将致力于把最新的研究成果介绍给学生。通过本课程的学习，学生能够对科研项目中获得的大数据有一个直观的认识，加快学生获取实验数据后的数据分析及写作进程，直接受益于相关学科的研究生。</p>				
课程内容英文简介	<p>The objectives of this course are to introduce basic principles, theories and applications of important software and databases in bioinformatics to graduate students from different majors in Ocean College. The class will involve the following four major components: (1) Basic principles and theories in bioinformatics; (2) The processing, data mining, and analysis of big biological and ecological data such as genomics, transcriptomic, proteomics, and metagenomics etc.; (3) Application of important software and databases in bioinformatics; (4) Application of various statistical methods for complex data analysis. The class was designed for non-bioinformatics students majored in marine biology, marine drugs, and marine ecology. The class will introduce cutting-edge technologies and progresses to the students. Through this class, students are expected to be familiar with complex data processing and analysis in their projects, and be benefited from faster data analysis and data presentation.</p>				
预备知识要求	分子生物学，计算机基础				
教学目标	<p>本课程的目的在于向海洋学院非生物信息学专业学生（包括海洋生物、海洋药物以及海洋环境方向）介绍生物信息学的基本概念及相关重要软件和数据库的熟练应用。本课程依托于海洋学院的研究力量，内容侧重于应用分析。学生将通过课堂听讲和演练掌握生物信息学的基本概念，一般原理和各类数据分析方法。学生的表现将通过期末大作业形式来评估。这门课以应用为主，掌握的知识将直接跟研究生的科研项目相关，加快获取实验数据后的数据分析及写作进程，直接受益于相关学科的研究生。我们将致力于在学习过程中培养学生开放性思维能力，严谨踏实的工作作风，思辨与实践结合的科学态度和良好的自学能力，为学生今后的课程学习和专业发展打下坚实基础。</p>				
参考文献					
参考书目	书名	著者	出版社	出版年份	
	《生物信息学》	陈铭、何华勤、徐程	科学出版社	2012	

教学日历	周次	教学内容（包括课堂讲授、实验、讨论、考试等）			
	1	课程概况与生物信息学基本概念与背景介绍：1、课程概况：课程教学要求与目标，课程基本内容与安排，考核和成绩评定方法，课程教材与参考书介绍等。2、生物信息学基本概念与背景介绍：概念、发展历史、生物学基础、计算机基础、主要研究内容、发展方向等。			
	2	分子生物学数据库：1、数据库的分类：一级，二级，三级数据库概念，核酸数据库，蛋白质数据库，结构数据库，酶和代谢数据库，文献数据库等介绍。2、数据格式：生物信息学常见数据格式，包括fasta, gbk, embl, clustalw等格式。3、课堂演练：提出具体的问题，通过已学习到的分子生物学数据库知识对该问题进行实战演习，基本得到该问题的解答。			
	3	基因组相关数据分析：1、基因组基本概念：什么是基因组？目前已测序完成的代表性基因组；细菌基因组测序情况；病毒测序情况。2、基因组拼接：基因组拼接的基本原理与方法；基于参考基因组的拼接，de-novo基因组拼接；基因组拼接流程及常用软件，注意事项等。3、基因预测与注释：基因预测原理，方法与常用软件；真核与原核基因组预测区别；基因注释方法；常用基因注释数据库等。			
	4	基因组相关数据分析：4、序列突变位点分析：SNP分析，INSERT，DELETION等。5、进化树：16SrRNA进化树构建，功能基因进化树构建，全基因组进化树，基于蛋白质的核酸序列联配，MLSA，常用软件介绍，MEGA软件操作。6、比较基因组：结合最新研究成果讲授比较基因组的研究进展及比较基因组中科学问题的提出。7、课堂演练：练习不同类别进化树的构建。			
	5	转录组与蛋白质组：1、基本概念：回顾中心法则，了解转录组和蛋白质组的研究意义。2、转录组与蛋白质组的研究手段与数据分析方法：研究手段：基因芯片，测序，以及质谱分析等。基本数据分析流程；数据标准化；随机抽样；基因谱与蛋白质谱；不同方法的优劣比较。3、代谢途径分析：基于基因谱与蛋白质谱，如何利用现有数据资源对代谢途径进行分析和数据挖掘。4、基因调控网络：如何构建基因调控网络；基因调控网络的特征；常见方法与软件；网络可视化与分析软件CytoScape的应用；基于RMT的基因调控网络构建方法。			
	6	宏基因组：1、宏基因组基本知识：什么是宏基因组？为什么要进行宏基因组研究？宏基因组优劣比较；专业术语介绍等。2、OTU:OTU是什么？OTU聚类算法，常用软件等。3、宏基因组测序分析：测序流程，测序平台介绍，数据形式，数据预处理，基因预测，功能注释，分类学注释，宏基因组拼接等。4、基于最新文献的前沿研究：结合最新研究成果讲授宏基因组研究方向的进展。			
	7	统计方法：1、统计分析基础：为什么要做统计分析？P值代表的意义；常见统计方法。2、统计方法：T检验；Wilcoxin检验；ANOVA；Mantel检验；Permutation等不同统计方法的原理及应用。3、P值调整：P值调整原理及常用调整方法，包括Bonferroni，Holm，FDR，West&Young方法等。4、Ordination分析：多维数据分析，DCA,PCoA,NMDS,CCA等方法介绍。5、多元分析：多元分析基本原理，MRPP，ADONIS，ANOSIM等方法的介绍与应用。6、课堂演练：掌握P值调整，Ordination分析以及多元分析的流程。			
	8	课程总结与学生报告：翻转课堂，学生对期末大作业做口头报告，对报告内容及质量进行评分，占总成绩的30%。			

申请理由 跟据上课老师背景对任课教师进行调整，并按要求按新增课程的方式重新填写教学大纲。

涉及培养方案调整情况 (在所涉培养类型下打“√”)	学科/专业学位类别(领域)名称及代码	年级	硕士	博士	直博生

学科/专业学位类别(领域)意见

负责人签名： _____ 年 _____ 月 _____ 日

院系意见

主管院长（系主任）签名（盖院系章）：

年

月

日