

《表观遗传学前沿》课程教学大纲

课程代码	166600201		
课程名称	中文	表观遗传学前沿	
	英文	Epigenetics	
开课单位	生命科学学院	授课语言	中文
课程层次	博士	课程类别	专业选修课
授课方式	面授	考试方式	开卷考试
讲课学时	16	实验学时	0
总学时	16	学分	1
适用对象	博士研究生		

一、教学目标与要求

目标：本课程是为生命科学博士研究生开设的专业选修课程，主要学习表观遗传相关基础知识。通过本课程的学习，使学生在了解表观遗传学的基本概念、表观遗传修饰的基本方式以及表观遗传学与疾病的关系等方面知识的基础上，拓展对表观遗传学研究前沿进展等方面的了解。通过本课程的讲授能够使硕士研究生了解和掌握现代生物学研究的前沿学科-表观遗传学的相关知识。

要求：本课程的教学和学习侧重于表观遗传学基础知识的讲授和讨论，依据课程讲授和学生接受情况安排部分相关领域基础研究和应用研究的前沿进展讲座和讨论。要求学生在掌握表观遗传学基础知识和原理的基础上，查阅相关文献，在课程讲授中积极参与讨论，就课程设置的开放性课题设计给出合理和可行的解决方案，为后续相关领域科研工作地开展奠定理论基础。

二、课程内容与学时分配

第一章 概论

教学目标：

介绍表观遗传学的基础和最新进展，包括表观遗传学的概念、表观遗传学研究意义、表观遗传学研究方法、表观遗传修饰对生命进程的调控、表观遗传修饰异常与疾病发生等方向的研究进展。

教学要求：

通过介绍表观遗传学的相关背景知识，使学生初步建立表观遗传学作为一门前沿学科在生命科学研究多个领域的应用，为后续课程的学习和掌握打下基础。

第二章 DNA 甲基化

教学目标：介绍重要的表观遗传修饰方式-DNA 甲基化。包括 DNA 甲基化与去甲基化的定义、介导 DNA 甲基化与去甲基化的酶、DNA 甲基化的调控机制、DNA 甲基化对正常生命进程的影响等相关知识。

教学要求：通过介绍 DNA 甲基化与去甲基化的进程及其调控的分子机制，使学生了解 DNA 甲基化作为表观遗传修饰的重要方式，如何在机体正常的生命进程中起到作用。

第三章 组蛋白修饰

教学目标：

介绍重要的表观遗传修饰方式-组蛋白修饰。包括组蛋白甲基化和组蛋白乙酰化两类重要的组蛋白修饰方式、组蛋白修饰位点特异性、组蛋白修饰的的调控机制、组蛋白修饰对正常生命进程的影响等相关知识。

教学要求：

通过介绍组蛋白甲基化和组蛋白乙酰化的进程及其调控的分子机制，使学生了解组蛋白修饰作为表观遗传修饰的重要方式，如何影响机体正常的生命进程。

第四章 染色质重塑

教学目标：介绍表观遗传修饰的另一重要方式-染色质重塑。包括染色质重塑的定义、调控的分子基础及其对生命进程的影响等相关知识。

教学要求：通过介绍染色质重塑的机理及调控的分子机制，使学生了解染色质重塑作为表观遗传修饰的重要方式，如何影响机体正常的生命进程。

第五章 非编码 RNA

教学目标：

介绍包括 miRNA、lncRNA 在内的多种非编码 RNA 的基本概念，讲解非编码 RNA 的发生及其在机体多层面发育进程中的影响。

教学要求：

通过介绍非编码 RNA 的基本概念及其在调机体发育进程中的作用及机制，使学生了解并掌握非编码 RNA 作为一类重要的表观遗传修饰方式如何影响机体的多层面生理功能。

第六章 基因组印记

教学目标：

重点介绍基因组印记的概念。讲解以双亲基因组功能的不对称性为基础的基因组印记的发生以及基因组印记在胚胎发育、成体期各组织器官的功能维持等方面的功能及机制。

教学要求：

掌握基因组印记的基本概念及其发生与调控机体各阶段生理功能的重要作用。初步掌握进行基因组印记研究的基本方法。

第七章 X 染色体失活

教学目标：

介绍 X 染色体失活概念及其发生机制，了解相关的单倍体剂量不足、染色体剂量补偿等重要概念，以及 X 染色体失活在机体功能调节中的作用。

教学要求：

通过对 X 染色体失活及其相关知识的讲授，使得学生初步了解 X 染色体失活的发生和发展及其调控机制，初步掌握 X 染色体失活研究的基本思路和方法。

第八章 表观遗传修饰与疾病

教学目标：

以造血系统发育和肿瘤发病为例，结合表观遗传学研究的最新进展，系统讲解多种表观遗传异常在重大疾病发生和发展中的作用。

教学要求:

通过对表观遗传修饰异常与疾病发生间联系的讲授, 使得学生初步了解表观遗传修饰在调节机体正常生理功能中的重要作用, 初步掌握进行表观遗传修饰与疾病发生间关系研究的思路和方法。

学时分配:

	讲课	习题课	讨论课	实验	其他	合计
1. 概论	2					2
2. DNA 甲基化	2					2
3. 组蛋白修饰	2					2
4. 染色质重塑	2					2
5. 非编码 RNA	2					2
6. 基因组印记	2					2
7. X 染色体失活	2					2
8. 表观遗传修饰与疾病	2					2
合计	16					16

三、实验及实践性环节 (注: 此项没有的不填)

无

四、教材 ([序号] 作者.书名 (, 译者) [M].出版地: 出版者, 出版年.)

C. David Allis, Thomas Jenuwein, Danny Reinberg, Marie-Laure Caparros. Epigenetics. Cold Spring Harbor Laboratory Press. 2009.

主要参考书 ([序号] 作者.书名 (, 译者) [M].出版地: 出版者, 出版年.)

C. David Allis, Thomas Jenuwein, Danny Reinberg, Marie-Laure Caparros. Epigenetics. Cold Spring Harbor Laboratory Press. 2009.

大纲制订人: 安秀丽

大纲审定人 (公章):

制订日期: 2017-2-7

《分子系统生物学》课程教学大纲模板

课程代码	166600501		
课程名称	中文	分子系统生物学	
	英文	Molecular Systems Biology	
开课单位	生命科学学院	授课语言	中文
课程层次	博士	课程类别	专业选修课
授课方式	面授	考试方式	开卷考试
讲课学时	16	实验学时	0
总学时	16	学分	1
适用对象	博士研究生		

一、教学目标与要求

目标：通过本课程的学习，使学生掌握分子系统生物学的内涵和研究思想，掌握其重要概念和研究方法，掌握生物系统分析和建模的基本原理，了解分子系统生物学的研究内容和发展方向，初步具备运用分子系统生物学的思想和方法解决生物学问题的能力。

要求：通过本课程的学习，能够熟练掌握各种组学技术的理论方法、基本技术以及典型研究实例，掌握生物系统分析和建模的基本原理，并初步运用计算生物学的方法研究生物系统。在教学中结合研究热点和最新研究进展，努力培养学生具有系统的科学思维方式。

二、课程内容与学时分配

分子系统生物学是现代生物信息学的重要组成部分。本课程系统地概括了该学科的核心内容，包括高通量测序与基因芯片、蛋白质组学与糖组学、代谢组学与代谢网络、数学建模和仿真等主要内容。教学安排 16 学时理论课程。

第一章 高通量测序与基因芯片

授课学时：4 学时

基本要求：掌握基因组学与转录组学的基本理论；熟悉高通量测序和基因芯片等基因组和转录组研究关键技术；了解基因组学与转录组学的最新进展。

重点难点：基因组学与转录组学的基本理论、高通量测序和基因芯片技术。

内容：（1）基因组学和转录组学理论部分：基因组学和转录组学的概念、人类基因组计划及其 4 种图谱；比较基因组学和药物基因组学的研究内容和研究方法；（2）高通量测序：第一代测序技术的测序策略、基本原理、流程及应用；第二代测序技术的特点、三种不同测序平台（illumina、SOLiD、454）的测序原理和流程、第二代测序技术的进展及应用；第三代测序技术的特点、已有平台及应用；（3）基因芯片技术：基因芯片技术的产生、原理和基本操作流程；表达谱芯片的特点、分类和在转录组学研究中的应用；基因芯片和高通量测序技术的比较；（4）其他转录组学研究技术：基因表达系列分析技术、实时定量 RT-PCR 技术、染色质免疫沉淀-生物芯片技术等。

第二章 蛋白质组学与糖组学

授课学时：4 学时

基本要求：掌握蛋白质组学和糖组学的相关概念及研究内容；掌握蛋白质组学的研究方法，包括双向电泳、生物质谱、蛋白质芯片、酵母双杂交系统等；了解糖组学的研究意义；掌握糖组学研究方法。

重点难点：蛋白质组学和糖组学基本理论；蛋白质组学和糖组学的关键技术。

内容：（1）蛋白质组学与糖组学的理论部分：蛋白质组学与糖组学的基本概念、研究内容、研究意义；（2）蛋白质组学研究方法：双向凝胶电泳的原理，等点聚焦电泳和 SDS-PAGE 电泳原理，流程及应用；生物质谱技术的原理，介绍常用质谱技术、肽质量指纹谱鉴定技术、肽序列标签串联质谱技术和翻译后修饰蛋白质的鉴定；蛋白质芯片技术的基本概念、原理、制备和检测方法，基于核酸编程的蛋白质芯片制备技术，Liquichip 液相蛋白芯片系统；酵母双杂交系统的原理、流程，SRS 系统和反向双杂交系统的原理和应用；（3）糖组学研究方法：2-DE 分离结合质谱技术和生物芯片技术。

第三章 代谢组学与代谢网络

授课学时：4 学时

基本要求：掌握代谢物组学的相关概念和研究任务；熟悉代谢物组学的研究方法，包括毛细管电泳、气相色谱、高效液相色谱、傅里叶变换红外光谱和核磁共振；掌握代谢网络的结构特征和研究方法；了解本领域的最新研究进展。

重点难点：代谢组学的基本理论；代谢组学研究的关键技术；代谢网络研究方法。

内容：（1）代谢组学的理论部分：代谢组学的产生、基本理论、特点和意义；（2）代谢组学研究方法：气相色谱的分类、原理和色谱流出曲线的分析；高效液相色谱的原理、与气相色谱的比较、分类，吸附色谱、分配色谱、离子交换色谱、排斥色谱各自的原理，流动相固定相的选择；傅里叶变换红外光谱的原理和应用；核磁共振的原理、化学位移和氢谱谱图分析；（3）代谢网络研究：生物学代谢网络的特点；用整合和干扰的方法研究酵母代谢网络举例。

第四章 数学建模和仿真

授课学时：4 学时

基本要求：掌握系统、模型和仿真的关系和相关概念；掌握生物系统中生化反应网络的数学描述和生物系统中的质量作用动力学模型；了解系统仿真的过程和具体应用。

重点难点：数学建模与仿真的基本理论；数学建模与仿真在生物学中的应用。

内容：（1）系统模型：生物系统的鲁棒性；数学模型与数据建模；运用微分方程描述生物系统中生化反应网络；建立生物系统中的质量作用动力学模型；生物系统中有关细胞信号转导的建模；（2）系统仿真：系统仿真的研究内容和过程；MATLAB/Simulink 仿真环境；利用仿真技术预测蛋白质结构功能，及仿真在新药开发方面的应用优势；微生物细胞的建模与仿真。

三、实验及实践性环节（注：此项没有的不填）

无

四、教材（[序号] 作者.书名（，译者）[M].出版地：出版者，出版年.）

《系统生物学方法》，Daniel Jameson[美]编著，科学出版社，2017年

主要参考书（[序号] 作者.书名（，译者）[M].出版地：出版者，出版年.）

《系统生物学》，张自立、王振英编著，科学出版社，2009年

《系统生物学》，林标扬编著，浙江大学出版社，2012年

《系统生物学基础》，北野宏明编著，化学工业出版社，2007年

《系统生物学的理论、方法和应用》，柯利普[德]等编著，复旦大学出版社，2007年

大纲制订人：关方霞、张彦婷

大纲审定人（公章）：

制订日期：

《基因组学研究进展》课程教学大纲模板

课程代码	166600401		
课程名称	中文	基因组学研究进展	
	英文	Advances in Genomics	
开课单位	生命科学学院	授课语言	中文
课程层次	博士	课程类别	专业选修课（双语）
授课方式	面授	考试方式	开卷考试
讲课学时	16	实验学时	0
总学时	16	学分	1
适用对象	博士研究生		

一、教学目标与要求

目标：本课程是为生命科学博士研究生开设的专业选修课程，其目的是使博士研究生了解并掌握基因组学研究领域的相关基础知识以及最新的研究进展。通过该课程的学习，使学生全面了解基因组学的发展历史、研究方法、重要研究领域、热点问题和发展趋势，以及国际研究现状与进展。通过本课程的讲授能够使博士研究生更好的理解如何将基因组学研究应用于自身的研究领域，为以后的科研工作打下必要的基础。

要求：本课程教学大纲内容的选编原则与要求是要尽可能反映现代基因组学研究进展，使学生对基因组学主要研究内容和研究技术以及其发展动态有一个比较全面的认识 and 了解。以系统的理论知识学习为主，并以课堂讨论当前不断发展的基因组学新知识和新动态为辅助内容，注意培养学生分析思考问题的能力，尤其是针对该学科的特点使学生学会将基因组学研究方法和结果运用于自身的研究领域解决相关科学问题。课堂教学、课堂讨论、国内外发展动态介绍是基本学习方法。

二、课程内容与学时分配

第一章 基因组计划

（一）目的要求

1. 掌握基因组学相关的基本概念
2. 了解开展基因组计划的的目的、目标和意义；
3. 熟悉各种基因组计划的内容及其意义。

（二）内容提要

1. 基因组科学的核心目标；
2. 遗传图谱；
3. 人类基因组计划；
4. 动物基因组计划；
5. 植物基因组计划；
6. 微生物基因组计划。

第二章 基因组测序和注释

（一）目的要求

1. 了解 DNA 测序的方法原理；
2. 了解不断发展的 DNA 测序技术；
3. 掌握如何从数据库中进行序列搜索和比对；
4. 了解基因组序列结构和功能注释。

（二）内容提要

1. DNA 自动测序；
2. 基因组测序；
3. 基因组注释；
4. 基因家族的功能注释和聚类分析。

第三章 基因组变异

（一）目的要求

1. 了解掌握单核苷酸多态 (SNP) 的概念；
2. 了解 *SNP* 技术的运用

（二）内容提要

1. SNP 的性质
2. 连锁不平衡和单体型图谱；
3. *SNP* 技术的运用；
4. SNP 分型。

第四章 基因表达和转录组

（一）目的要求

1. 了解单基因和多基因表达分析方法；
2. 了解 RNA 测序技术；
3. 了解转录组分析及其应用；

（二）内容提要

1. 基因表达的平行分析：微阵列 (microarray)；
2. 基因表达的平行分析：RNA 测序；
3. 单基因表达分析；
4. 转录组特性；
5. 进化及生态相关的功能基因组学；
6. 基因表达数据库。

第五章 蛋白质组学和功能基因组学

（一）目的要求

1. 熟悉蛋白质组学的技术和研究方法进展；
2. 了解结构基因组学的发展及应用；

3. 了解功能基因组学的发展前沿。

(二) 内容提要

1. 功能蛋白质组学；
2. 结构蛋白质组学；
3. 功能基因组学；
4. 遗传印记。

第六章 整合基因组学

(一) 目的要求

1. 了解整合基因组学的概念、分支及研究进展

(二) 内容提要

1. 代谢组学
2. 生物信息基因组学

学时分配：

	讲课	习题课	讨论课	实验	其他	合计
1. 基因组计划	2					2
2. 基因组测序和注释	2		1			3
3. 基因组变异	2		1			3
4. 基因表达和转录组	2		1			3
5. 蛋白质组学和功能基因组学	2		1			3
6. 整合基因组学	1		1			2
合计	11		5			16

三、实验及实践性环节（注：此项没有的不填）

无

四、教材（[序号] 作者.书名（, 译者）[M].出版地：出版者，出版年.）

A Primer of Genome Science. Third Edition . By Greg Gibson and Spencer V. Muse . Sunderland (Massachusetts) : Sinauer Associates . Inc. 370pp. ISBN: 978-0-87893-236-8. 2009.

主要参考书（[序号] 作者.书名（, 译者）[M].出版地：出版者，出版年.）

A Primer of Genome Science. Third Edition . By Greg Gibson and Spencer V. Muse . Sunderland (Massachusetts) : Sinauer Associates . Inc. 370pp. ISBN: 978-0-87893-236-8. 2009.

大纲制订人：王振龙 邵田

大纲审定人（公章）：

制订日期：2017.05.12

《生命科学前沿》课程教学大纲模板

课程代码	166500202		
课程名称	中文	生命科学前沿	
	英文	Frontier of Life Sciences	
开课单位	生命科学学院	授课语言	中文
课程层次	博士	课程类别	专业基础课
授课方式	面授	考试方式	闭卷考试
讲课学时	32	实验学时	0
总学时	32	学分	2
适用对象	生物信息学专业		

一、教学目标与要求

目标：生物学是自然科学六大基础学科之一。研究生物的结构、功能、发生和发展的规律，以及生物与其生存环境之间的关系等的科学。生物学涵盖面广，涉及领域多，共包括 11 个二级学科。

《生命科学前沿》面向生物信息学的博士研究生开设，旨在使学生能够在较短的时间内，了解生物学主要领域的基本范围、主要领域的发展动态、研究现状、热点问题等，了解郑州大学生命科学的研究优势与特色，拓宽知识视野，学会生命科学研究的基本方法，为后续的课题研究奠定必要基础。同时，通过研究案例介绍，激发学生的学习兴趣 and 主动性。

要求：《生命科学前沿》课程要求在保证基本理论、基本知识、基本技能的基础上，结合生物学研究的新成就与生产实践经验，讲授生物学主要领域的研究热点、前沿、研究动态等，拓宽研究生的知识视野。

二、课程内容与学时分配

《生命科学前沿》是一门综合性课程，采用系列讲座的形式授课。聘请校内外学者担任主讲人，讲授内容充分体现生物学研究重要领域的研究进展与动态。

在《生命科学前沿》课程教学过程中，为适应教学时数少，又必须保障课堂教学质量的需要，采用专题讲座的方式进行，聘请教学水平高、科研业绩突出的教师，就各自熟悉的研究领域进行讲解。

在课程后期，可设置专题，进行课堂讨论，以鼓励学生积极参与教学和科研活动。

学时分配：《生命科学前沿》以专题讲座方式进行，每次安排 4 时，计 32

三、实验及实践性环节（注：此项没有的不填）（请用宋体 5 号字填写）

无

四、教材（[序号] 作者.书名（，译者）[M].出版地：出版者，出版年.）

无

主要参考书（[序号] 作者.书名（，译者）[M].出版地：出版者，出版年.）

无

大纲制订人：路纪琪

大纲审定人（公章）：

制订日期：2017.02.25

《生物计算方法与应用》课程教学大纲

课程代码	166600601		
课程名称	中文	生物计算方法与应用	
	英文	Biological computational method and application	
开课单位	生命科学学院	授课语言	中文
课程层次	博士	课程类别	选修课
授课方式	面授	考试方式	开卷考试
讲课学时	16	实验学时	0
总学时	16	学分	1
适用对象	博士生一年级		

一、教学目标与要求

目标：《生物计算方法与应用》课程是生命科学学院开设的面向生物信息博士专业的一门重要的专业选修课程。大数据时代，计算方法在生命科学领域里应用越来越广泛、影响越来越深远。本课程教学目的是使博士生掌握生物计算的基本理论和方法，理解生物计算的应用，了解计算方法的新研究成果和发展状态，开阔眼界，为今后从事该领域及其相关领域的科学研究提供必要的基础。

要求：学生通过本课程学习，了解生物计算方法的研究内容、基本原理和发展动态，理解生物常用计算方法，掌握基本计算方法。学完本课程应达到以下基本要求：

1. 了解常用生物计算方法的内容。
2. 理解基本生物计算方法。
3. 了解目前生物计算方法的理论和新成果。

二、课程内容与学时分配

1. 绪论

学时：2

主要内容：本章介绍生物计算方法的历史与发展，使同学们了解算法的基本内容。

重点：算法与时间复杂度

难点：时间复杂度

2. 遍历算法

学时：2

主要内容：本章介绍遍历算法的基本原理、计算过程与应用，说明遍历算法在生物问题中的应用。

重点：遍历算法的算法思想

难点：遍历算法的灵活应用

3. 动态规划算法

学时：4

主要内容：本章介绍动态规划的基本原理、计算过程与应用，说明动态规划算法在生物问题应用。

重点：动态规划算法计算过程。

难点：动态规划算法的多阶段理解。

4. 贪婪算法

学时：4

主要内容：本章介绍贪婪算法的基本原理、计算过程与应用，并说明贪婪算法在生物问题中的应用与优缺点。

重点：贪婪算法的计算过程。

难点：贪婪算法在不同问题中的应用。

5. 网络方法

主要内容：本章介绍图论基本知识及其在生物钟的使用。

重点：图论基础分析

难点：不同生物网络的理解

	讲课	习题课	讨论课	实验	其他	合计
绪论	2					
遍历算法	2					
动态规划算法	4					
贪婪算法	4					
网络方法	4					
合计	16					

三、实验及实践性环节

无

四、教材（[序号] 作者.书名（，译者）[M].出版地：出版者，出版年.）

《计算机科学与技术学科前沿丛书·生物信息学导论：面向高性能计算的算法与应用》，王勇献，王正华著，出版社：清华大学出版社，ISBN：9787302250227

主要参考书（[序号] 作者.书名（，译者）[M].出版地：出版者，出版年.）

《计算机科学与技术学科前沿丛书·生物信息学导论：面向高性能计算的算法与应用》，王勇献，王正华著，出版社：清华大学出版社，ISBN：9787302250227

大纲制订人：赵慧智、王振龙

大纲审定人（公章）：

制订日期：2017.04

《生物类 SCI 论文写作与实践》课程教学大纲模板

课程代码	166600701		
课程名称	中文	生物类 SCI 论文写作与实践	
	英文	Senior Scientific Writing	
开课单位	生命科学学院	授课语言	中文
课程层次	博士	课程类别	专业选修课
授课方式	面授	考试方式	开卷考试
讲课学时	16	实验学时	0
总学时	16	学分	1
适用对象	博士研究生		

一、教学目标与要求

目标：通过介绍 SCI 科学研究论文写作的基本规范和科学文章的写作方法，培养学生撰写 SCI 英文科技论文的能力、使学生最终熟悉英文科技论文写作的常用方法。

要求：学习完本课程后，学生将熟悉如何在 SCI 论文中引入、介绍科学问题，掌握如何描述实验方法、结果以及讨论科学问题，最终掌握撰写 SCI 论文的一般方法。熟练运用所学到的知识写作一篇符合英文出版要求的小论文。

二、课程内容与学时分配

第一章：概述 1 学时

科技论文的定义及基本属性；科技论文的类型；科技论文的基本结构。

第二章：英文科技论文写作的语言表达技巧 3 学时

句型与结构；段落衔接；常用时态、虚拟语气等；常见介词的用法。

第三章：SCI 论文摘要、实验简介及方法的撰写及实例分析 3 学时

论文标题及关键词的选择；英文摘要的分类；英文摘要的内容；撰写英文摘要的注意事项；实验简介及方法的撰写。

第四章：SCI 论文实验结果撰写与实例分析及作业讲析 3 学时

包括插图及表格在科技论文表述中的作用、插图及表格的种类等内容；图表应用实例分析及作业讲析。

第五章：SCI 论文讨论部分的撰写与实例分析及作业讲析 3 学时

分析与讨论部分的写作；参考文献的基本类型、标注及著录；实例分析及作业讲析。

第六章：SCI 论文讨论部分作业讲析及 SCI 论文的投稿 3 学时

作业讲析；文体的修改；格式修改；常见混淆单词等级错误清单；SCI 英文论文的投稿技巧；回复评审的技巧；论文接受和发表后的工作等内容。

三、实验及实践性环节（注：此项没有的不填）

无

四、教材（[序号] 作者.书名（，译者）[M].出版地：出版者，出版年.）

《The Craft of Scientific Writing》，Michael Alley 编著，Third Edition

主要参考书（[序号] 作者.书名（，译者）[M].出版地：出版者，出版年.）

《The Craft of Scientific Writing》，Michael Alley 编著，Third Edition

大纲制订人：王振龙 魏珍

大纲审定人（公章）：

制订日期：2017.02.07

《生物信息学研究进展》课程教学大纲模板

课程代码	166500102		
课程名称	中文	生物信息学研究进展	
	英文	Bioinformatics research	
开课单位	生命科学学院	授课语言	中文
课程层次	博士	课程类别	公共及专业基础课
授课方式	面授	考试方式	闭卷考试
讲课学时	32	实验学时	0
总学时	32	学分	2
适用对象	生物信息学专业博士生		

一、教学目标与要求

目标：通过本课程的学习，使学生掌握生物信息学的重要概念、主要理论模型和计算方法，了解生物信息学学科的研究内容和发展方向，初步具备进行生物大分子序列和结构数据处理和分析等操作的基本技能。学完本课程后，能够熟练掌握序列比对、结构分析和分子进化等理论方法和基本技能，并初步用于解决科研工作中生物信息的存储、检索、处理、分析和利用的问题

要求：生物信息学是现代生物学研究的重要工具。本课程系统地概括了该学科的核心内容，包括基因组学与生物进化、转录组学与红系发育、宏基因组与生物发酵、蛋白修饰与抗逆生理、结构生物学与药物发现等主要内容。教学安排 32 学时理论课程。

二、课程内容与学时分配

第一章 基因组学与进化适应

授课学时：8 学时

基本要求：掌握功能基因组学、比较基因组学和结构基因组学等基因组学基本理论；熟悉基因组表达调控、人类基因信息的识别和鉴定、基因功能信息的提取和鉴定以及基因多样性分析等基因组研究关键技术；了解本领域基因组研究的最新进展。

重点难点：基因组学基本理论、基因组研究的关键技术。

内容：（1）基因组学理论：1) 功能基因组学：从基因组信息与环境互作层面阐明基因组的功能，研究内容包括：人类基因组 DNA 序列变异、基因组表达调控、模式生物的基因组和生物信息学等。2) 比较基因组学：根据同源性方法分析人类基因的功能、发现人类和其他生物的本质差异，探索遗传语言的奥秘；3) 结构基因组学：在生物体的整体水平上测定出全部蛋白质分子、蛋白质-蛋白质、蛋白质-核酸、蛋白质-多糖、蛋白质-蛋白质-核酸-多糖、蛋白质与其他生物分子复合体的精细三维结构，以获得一幅完整的、能够在细胞中定位以及在各种生物学代谢途径、生理途径、信号传导途径中全部蛋白质在原子水平的三维结构全息图。在此基础上，使人们有可能在基因组学、蛋白质组学、分子细胞生物学以致生物体整体水平上理解生命的原理，对疾病机理的阐明、对疾病的防治有重要应

用意义。(2) **基因组研究技术**: 1) 基因组表达及调控的研究: 识别所有基因组表达产物 mRNA 和蛋白质, 以及两者的相互作用, 阐明基因组表达在发育过程和不同环境压力下的时空的整体调控网络; 2) 人类基因信息的识别和鉴定: 根据可表达序列标签(STS); 对染色体特异性 cosmid 进行直接的 cDNA 选择; 根据 CpG 岛; 差异显示及相关原理; 外显子捕获及相关原理; 基因芯片技术; 基因组扫描; 突变检测体系等等; 3) 基因功能信息的提取和鉴定: 人类基因突变体的系统鉴定; 基因表达谱的绘制; “基因改变-功能改变”的鉴定; 蛋白质水平、修饰状态和相互作用的检测; 4) 基因多样性分析: 单核苷酸多态性 (SNPs) 和结构分析。(3) **基因组研究进展**: 以目前最新的研究成果为例, 从全基因组的研究角度介绍物种适应进化, 深入讨论基因组学理论与技术在物种进化适应研究中的作用。

第二章 转录组学与功能研究

授课学时: 8学时

基本要求: 掌握转录组学功能分析的基本理论, 熟悉转录组学的深度挖掘方法, 了解转录组功能研究的筛选与验证。

重点难点: 功能研究的基本理论; 转录组学功能研究的关键技术。

概述转录组学的基本理论, 说明转录组分析在分子功能研究中的应用, 介绍当前转录组研究的方法进展; 介绍转录组学功能研究的关键技术, 包括转录组初步挖掘的基本流程及相应软件, 包括MEV、cummeRbund、Cytoscape等差异分析及DAVID等功能通路分析工具的使用; 以红系发育为实例, 介绍转录组学功能研究在红系发育研究的应用, 阐明转录组学功能研究对分子功能研究的意义与帮助。

第三章 蛋白修饰与遗传变异

授课学时: 8 学时

基本要求: 掌握蛋白质翻译后修饰的基本理论和遗传变异影响蛋白质翻译后修饰的生物信息学分析; 熟悉中国在蛋白质翻译后修饰的生物信息学研究领域的进展; 了解蛋白质翻译后修饰和遗传变异的相关概念。

重点难点: 蛋白质翻译后修饰组学的生物信息学研究方法及遗传变异影响蛋白质翻译后修饰的生物信息学分析。

内容: 介绍蛋白质翻译后修饰的相关概念, 包括常见修饰类型及其调控功能, 和中国在蛋白质翻译后修饰的生物信息学研究领域的新进展, 包括翻译后修饰位点预测的计算方法学研究、翻译后修饰相关计算工具的设计和数据库的构建以及基于修饰蛋白质组数据的生物信息学分析方法; 介绍遗传变异与蛋白质翻译后修饰的关系及与疾病的相关性; 以蛋白质磷酸化为例, 具体讲解遗传变异影响蛋白质翻译后修饰的生物信息学分析, 包括: 相关实验数据的收集与整合、激酶特异性磷酸化位点预测方法的建立与计算工具的开发、磷酸化修饰相关遗传变异预测方法的设计和完善以及影响磷酸化修饰的人类遗传变异的系统分析。

第四章 结构生物学与药物设计

授课学时：8学时

基本要求：掌握计算机辅助药物设计领域的相关知识；熟悉计算机辅助药物设计的关键技术；了解本领域的最新研究进展

重点难点：计算机辅助药物设计的基本理论；药物设计的关键技术。

内容：概述计算机辅助药物设计的基本理论，说明该技术体系在药物研发中的应用，介绍当前主流方法进展；介绍该领域研究的关键技术，包括分子动力学模拟、分子对接的基本流程及相应软件，包括MOE、GROMACS、AUDODOCK等及蛋白-蛋白相互作用分析；以肿瘤免疫为实例，介绍该方法在肿瘤分子免疫研究中的应用，阐明计算机辅助药物设计研究对分子功能研究的意义与帮助。

三、实验及实践性环节（注：此项没有的不填）

无

四、教材（[序号] 作者.书名（，译者）[M].出版地：出版者，出版年.）

佩夫斯纳著《生物信息学与功能基因组学》化学工业出版社

本教研组自编《生物信息学上机实习指导书》

主要参考书（[序号] 作者.书名（，译者）[M].出版地：出版者，出版年.）

许忠能主编，《生物信息学》清华大学出版社

杜荣骞，《生物信息学》高等教育出版社。

大纲制订人：王振龙

大纲审定人（公章）：

制订日期：

《统计分析方法》课程教学大纲模板

课程代码	166600101		
课程名称	中文	统计分析方法	
	英文	Statistical Analysis Method	
开课单位	生命科学学院	授课语言	中文
课程层次	博士	课程类别	专业选修课
授课方式	面授	考试方式	开卷考试
讲课学时	16	实验学时	0
总学时	16	学分	1
适用对象	生物信息学博士研究生		

一、教学目标与要求

目标：1) 培养学生科学的统计思维方法“有很大的可靠性但有一定的错误率”这是统计分析的基本特点，因此在生物统计课程的学习中要培养一种新的思考方法——从不肯定性或概率的角度来思考问题和分析科学试验的结果；2) 培养学生科学的计算能力和表达能力，本门课程的概念多、公式多、表格多，许多判断和推理过程都是在经过仔细的计算、分析后得出的，结果的表达也是非常简洁和严密的。因此学习过程中要注意培养学生正确的计算能力和表达能力；3) 培养学生实事求是的工作作风和严谨的科学态度，该课程的学习中，接触到的数据、表格很多，在资料的分析整理过程中要实事求是、严谨精细，才能得出正确的结论。

要求：本课程教学的全过程可以看成是一个生物信息搜集、处理、分析，从而提炼新的生物信息的过程。教学重点是通过生物现象的数量观察、对比、归纳和分析，揭示那些困惑费解的生物学问题，从偶然性的剖析中，发现事物的必然性，指导生物科学的理论和实践。

本课程分为掌握、熟悉、了解三种层次要求；“掌握”的内容要求理解透彻，能在本学科和相关学科的学习工作中熟练、灵活运用其基本理论和基本概念；“熟悉”的内容要求能熟知其相关内容的概念及有关理论，并能适当应用；“了解”的内容要求对其中的概念和相关内容有所了解。

二、课程内容与学时分配

绪论

授课学时：1 学时

基本要求：掌握生物统计学的基本概念的内涵与外延；熟悉统计学的发展概况；了解常用的统计学术语。

第一节 生物统计学的概念

第二节 统计学发展概况

第三节 常用统计学术语

第一章 统计学基础

授课学时：1 学时

基本要求：掌握生物统计学总的的数据收集与整理方法；熟悉生物统计学中的一些重要的概率和概率分

布。

第一节 概率和概率分布

第二节 数据收集与整理

第二章 假设检验

授课学时：2 学时

基本要求：掌握生物统计学的一个正态总体的参数检验、两个正态总体的参数检验；熟悉生物统计学中假设检验的一般问题；了解一些生物统计学假设检验中的其他问题。

第一节 假设检验的一般问题

第二节 一个正态总体的参数检验

第三节 两个正态总体的参数检验

第四节 假设检验中的其他问题

第三章 参数估计与拟合优度检验

授课学时：2 学时

基本要求：掌握区间估计和拟合优度检验的基本理论与方法；熟悉点估计的基本概念；了解参数估计问题。

第一节 参数估计

第二节 拟合优度检验

第四章 方差分析

授课学时：2 学时

基本要求：掌握方差分析的基本原理、单因素方差分析方法、双因素方差分析方法；熟悉多因素方差分析方法；理解使用方差分析时应注意的问题。

第一节 方差分析问题

第二节 单因素方差分析

第三节 双因素方差分析

第四节 多因素方差分析

第五节 使用方差分析时应注意的问题

第五章 回归分析

授课学时：2 学时

基本要求：掌握一元线性回归和逻辑斯蒂回归分析方法；熟悉多元线性回归方法、非线性回归分析；了解回归分析问题、变量间的相关关系。

第一节 线性回归

第二节 逻辑斯蒂回归

第六章 主成分分析与因子分析

授课学时：2 学时

基本要求：掌握主成分分析和因子分析的数学模型；熟悉主成分分析和因子分析的基本概念；了解主成分分析与因子分析的基本条件。

第一节 主成分分析

第二节 因子分析

第七章 聚类分析

授课学时：2 学时

基本要求：掌握系统聚类和快速聚类方法；熟悉聚类分析的概念、距离与相似系数；了解变量聚类法。

- 第一节 聚类分析的概念
- 第二节 距离与相似系数
- 第三节 系统聚类
- 第四节 快速聚类
- 第五节 变量聚类法

	讲课	习题课	讨论课	实验	其他	合计
绪论	1					1
第一章 统计学基础	1					1
第二章 假设检验	1					1
第三章 参数估计与拟合优度检验	1					1
第四章 方差分析	2					2
第五章 回归分析	2					2
第六章 主成分分析与因子分析	4					4
第七章 聚类分析	4					4
合计	16					16

三、实验及实践性环节（注：此项没有的不填）

无

四、教材（[序号] 作者.书名（，译者）[M].出版地：出版者，出版年.）

《统计学习方法》，李航著，清华大学出版社，2012年

《高级生物统计学》，马寨璞编著，科学出版社，2016年。

《生物统计学》第四版，杜荣骞主编，高等教育出版社，2014年。

主要参考书（[序号] 作者.书名（，译者）[M].出版地：出版者，出版年.）

《实用生物统计》第二版，李松岗，曲红主编，北京大学出版社，2002年。

《生物统计学上机实习指导书》，本教研组自编，2015年。

《试验统计方法》第四版，盖钧镒主编，中国农业出版社，2000年。

《EXCEL在统计分析中应用》，王文中主编，中国铁道出版社，2003年。

《生物统计学题解及练习》第四版，杜荣骞主编，高等教育出版社，2014年。

《An Introduction To Biostatistics》，GLOVER&MITCHELL主编，清华大学出版社，2001年。

《农业试验统计》，莫惠栋，上海科学技术出版社，1992年。

大纲制订人：王振龙

大纲审定人（公章）：

制订日期：2017.02.07

《转录组学分析及应用》课程教学大纲模板

课程代码	166600301		
课程名称	中文	转录组学分析及应用	
	英文	Transcriptome analysis and application	
开课单位	生命科学学院	授课语言	中文
课程层次	博士	课程类别	专业选修课
授课方式	面授	考试方式	开卷考试
讲课学时	16	实验学时	1
总学时	16	学分	0
适用对象	生物信息学博士一年级		

一、教学目标与要求

目标：转录组分析与应用课程是生物信息学专业博士生的一门主要技术基础课。其目的是使学生掌握转录组分析的基本理论与应用，熟悉转录组的数据分析方法，明确转录组分析的应用及意义；培养学生分析问题与解决问题的能力，培养学生一定的动手能力，为博士研究课程及以后科研工作打下必要的基础。

要求：本课程以转录组基础分析、转录组深入挖掘、转录组应用三个部分为研究对象，以差异分析和功能聚类研究为重点，说明转录组在红系发育中的应用。学完本课程应达到以下基本要求：

1. 掌握转录组的基础知识、主要问题及研究重点，熟悉测序平台及测序数据的特征及转录调控的重要作用；
2. 掌握转录组分析的基本理论、关键技术，熟悉转录谱深入研究方法，了解转录组分析的最新进展和方向。
3. 掌握生物研究中转录谱分析的基本方法，熟悉转录谱差异分析及功能研究，了解转录谱在不同问题的使用。

二、课程内容与学时分配

第一章：转录组基础知识

授课学时：4 学时

基本要求：掌握转录组数据的基础知识、获得方式、基本原理，熟悉高通量数据的基本研究方法，了解高通量测序的最新进展和方向。

重点难点：转录组的数据特征；转录组的应用进展。

内容：介绍转录组在细胞阶段性变化、不同组织来源的数据情况，说明转录组分析对生物研究的重要意义；介绍转录组获取的方法与技术；阐明转录组在转录调控研究、分子功能研究中的应用。

第二章：转录组基本分析与深入研究

授课学时：6 学时

基本要求：掌握转录组研究的基本方法。

重点难点：转录组分析的关键技术。

内容：介绍转录组数据的来源及组织形式，转录谱分析流程的基本理论；介绍转录组分析的流程及关键技术，包括软件选择、相应结果与选择标准、单个与系统分析工具等完成流程，初步说明 tophat、cufflinks、cummeRbund 等软件所实现的功能；介绍转录调控网络构建与分析、转录本差异分析等深入研究方法，及最新的进展与应用。

第三章：转录组学在生物研究中的应用

授课学时：6 学时

基本要求：掌握转录组研究方法在具体问题中的分析与应用。

重点难点：转录组分析结果解释及基因筛选。

内容：以本课题组红系发育研究为例，说明在具体科研工作中转录组使用的基本理论，说明研究结果及发表成果相关内容；介绍利用转录组分析技术的其他研究内容，筛选关键因子，介绍转录组分析的功能研究与预测。

	讲课	习题课	讨论课	实验	其他	合计
转录组概述	2		2			4
转录组基础分析与深入挖掘	6					6
转录组学的应用	4		2			6
合计	16					16

三、实验及实践性环节（注：此项没有的不填）

本课程实践环节为课堂下自主活动。

四、教材（[序号] 作者.书名（，译者）[M].出版地：出版者，出版年.）

《生物序列分析》，R.Durbin S.Eddy A. Krogh G.Mitchison 编著，王俊、郭一然、单杏主译，科学出版社，2010 年， ISBN: 9780521629713

主要参考书（[序号] 作者.书名（，译者）[M].出版地：出版者，出版年.）

《生物序列分析》，R.Durbin S.Eddy A. Krogh G.Mitchison 编著，王俊、郭一然、单杏主译，科学出版社，2010 年， ISBN: 9780521629713

大纲制订人：安秀丽、赵慧智

大纲审定人（公章）：

制订日期：2017.03.21