

普通高等教育本科
生物信息学专业教学大纲（2017 版）

哈尔滨医科大学

编者名单

主 编：李 霞

副主编：徐 娟 肖 云

编 委：（按姓氏拼音排序）

陈丽娜	陈丽霞	陈晓宁	陈秀杰	陈 萱	程 亮
崔 颖	崔月英	杜伯涛	段 炼	顾云燕	郭 政
韩俊伟	郝佳彤	何 宁	何月涵	胡 晶	胡克杰
胡丽红	黄永柏	姜永帅	解鸿波	金 刚	孔宪超
李呼伦	李 里	李四光	李 琬	李英迪	李永生
刘 晖	刘 磊	刘 牧	刘娜娜	刘玉婷	吕洪超
吕莹丽	马静松	宁尚伟	潘 帅	庞 博	彭 涛
平艳艳	戚丽霜	齐 炜	曲书强	任华玉	商庆龙
尚德思	尚振伟	邵婷婷	申丽华	沈爱红	石洪波
孙金圣	孙学斌	谭文华	王大伟	王罕哲	王 宏
王 健	王 理	王丽宏	王 鹏	王秋威	王世缘
王书元	王旭东	王珍珍	魏艳军	息 悦	夏 琳
宿 菲	徐春林	徐连英	徐良德	许超汉	颜炳柱
杨 磊	岳长红	张春龙	张乐华	张丽梅	张 萌
张明明	张士德	张淑卿	张 思	张 璇	张 岩
张衍武	张英涛	赵春辉	赵红颖	赵文媛	智 慧
周宏博	周 猛	朱 江	朱雨岚	祝青国	庄如锦

前 言

教学大纲是根据学科内容及其体系和教学计划的要求编写的教学指导文件，它以纲要的形式规定了课程的教学目的、任务；知识、技能的范围、深度与体系结构；教学进度和教学法的基本要求；是进行教学工作的主要依据，也是检查学生学业成绩和评估教师教学质量的重要准则。

在大数据与精准医学时代，国内外对生物信息人才的需求激增，不少科研院所和生物技术产业界急需这类实用性和复合性人才，因此生物信息学专业本科教育越来越重要。因此，学校为适应我国生物信息专业的发展和教学需要，进一步加强教学的基本建设，强化教学管理，提高教学质量，特组织全校专家，在原有教学大纲的基础上，进行了修订和完善，形成了内容全面，具有生物信息专业特色的教学大纲。

希望广大教师在教学过程中及时反馈使用情况，提出宝贵建议和意见。同时，衷心感谢所有参与编写工作的教师 and 教学管理干部的大力支持和帮助，感谢他们在教学大纲编写工作中所付出的辛勤汗水，感谢他们为学校的教学发展所做出的努力。

目 录

必修课教学大纲	1
外语	1
体育	4
形势与政策	9
数学分析	10
高等代数	12
C 语言程序设计	14
医学化学	17
思想道德修养与法律基础	21
大学生职业发展与就业指导	24
概率论与数理统计	25
分子系统生物学	27
JAVA 语言程序设计	30
大学生心理健康教育	33
马克思主义基本原理	35
分子组学基础	37
生物统计学	40
运筹学	42
疾病组学基础	44
Matlab 语言程序设计	46
数理逻辑	48
中国近现代史纲要	50
信息论与随机过程	53
优化算法	55
数据结构	57
R 语言程序设计	60
生物技术实验	63
临床医学概论	65

毛泽东思想和中国特色社会主义理论体系概论	74
基因组信息学	77
Perl 语言程序设计	80
数据库原理与程序设计	83
模式识别	85
高等多元统计	88
生物医学网络资源	90
习近平总书记系列重要讲话专题辅导	92
面向对象与 UML	94
Python 语言程序设计	96
组合数学与图论	99
蛋白质组信息学	102
专业英语	104
药物与受体动力学	109
Linux 操作系统	111
文本挖掘技术	113
计算表观遗传学	115
基因表达分析	118
分子网络分析	120
结构信息学	123
药物信息学	126
统计遗传学	128
生物医学大数据技术	130
生理系统建模	132
发育与癌症信息学	134
分子进化分析	136
计算机辅助药物设计	139
生物数据可视化技术	141
生物医学网络平台开发	143
生物信息案例分析	144

生物信息学前沿进展	147
科研论文写作与标书设计	149
选修课教学大纲	151
Office 应用	151
大学生创新创业导论	153
数学建模	154
Photoshop 应用	156
神经生物学	157
性，性别与健康	159
网站开发技术	161
分子影像分析技术	163
云平台与云计算	165
APP 制作技术	167
微生物组信息学	169
Illustrator 作图	171
Cytoscape 软件应用	172
日语	174
毕业实习大纲	176
课程中英文名称对照表	179
必修课	179
选修课	181

后记

必修课教学大纲

外语

一、课程简介

1. 教学对象

本大纲的教学对象是高等学校非英语专业的本科生。入校时，他们应已掌握基本的英语语音、语法和语用知识，领会式掌握约 2000 多个单词，并在读、听、写、说等方面受过初步的训练。

2. 课程性质

大学英语课程是高等学校人文教育的一部分，兼有工具性和人文性双重性质。就工具性而言，大学英语课程是基础教育阶段英语教学的提升和拓展，主要目的是在高中英语教学的基础上进一步提高学生英语听、说、读、写、译的能力。大学英语的工具性也体现在专门用途英语上，学生可以通过学习与专业或未来工作有关的学术英语或职业英语，获得在学术或职业领域进行交流的相关能力。就人文性而言，大学英语课程重要任务之一是进行跨文化教育。语言是文化的载体，同时也是文化的组成部分，学生学习和掌握英语这一交流工具，除了学习、交流先进的科学技术或专业信息之外，还要了解国外的社会与文化，增进对不同文化的理解、对中外文化异同的意识，培养跨文化交际能力。人文性的核心是以人为本，弘扬人的价值，注重人的综合素质培养和全面发展。社会主义核心价值观应有有机融入大学英语教学内容。因此，要充分挖掘大学英语课程的教学目标和教学要求。

3. 教学目标

根据教育部《大学英语教学指南》（以下简称《教学指南》），大学英语的教学目标是培养学生的英语综合应用能力，特别是听说能力，使他们在今后学习、工作和社会交往中能用英语有效地进行交际，同时增强其自主学习能力，提高综合文化素养，以适应我国社会发展和国际交流的需要。哈尔滨医科大学在教学实践中在注重医学生英语实践能力的培养同时，加强英语听说教学，特别是有关医学英语方面的医患听力和会话能力的培养。

二、理论教学内容

1. 教育部《教学指南》指出大学阶段的英语教学要求分为三个目标，即基础目标、提高目标和发展目标。结合我校大学录取分数及所学专业特点，我们在非长学制实行分级教学，分为基础教学和提高教学（分别对应 B 级和 A 级），长学制根据不同专业实行不同教学计划。

基础目标：

能够基本满足日常生活、学习和未来工作中与自身密切相关的信息交流的需要；能够基本正确地运用英语语音、词汇、语法及篇章结构等语言知识，在高中阶段掌握的词汇基础上增加约 2000 个单词，其中 400 个单词为与专业学习或未来工作相关的词汇；能够基本理解语言难度中等、涉及常见的个人和社会交流题材的口头或书面材料；能够就熟悉的主题或话题进行简单的口头和书面交流；能够借助网络资源、工具书或他人的帮助，对中等语言难度的信息进行处理和加工，理解主旨思想和重要细节，表达基本达意；能够使用有限的学习策略；在与来自不同文化的人交流时，能够观察到彼此之间的文化和价值观差异，并能根据交际需要运用有限的交际策略。

提高目标：

能够在日常生活、学习和未来工作中就熟悉的话题使用英语进行较为独立的交流；能够比较熟练地运用英语语音、词汇、语法及篇章结构等语言知识，在高中阶段应掌握的词汇基础上增加约 3000 个单词，其中 600 个单词为与专业学习或未来工作相关的词汇；能够较好地理解语言难

度中等、内容熟悉或与本人所学专业相关的口头或书面材料，理解材料内部的逻辑关系、篇章结构和隐含意义；能够以口头和书面形式较清楚地描述事件、物品，陈述道理或计划，表达意愿等；能够就较熟悉的主题或话题进行较为自如的口头和书面交流；能够较好地使用学习策略；在与来自不同文化的人交流时，能够较好地处理与对方在文化和价值观等方面的不同，并能根据交际需要较好地使用交际策略。

发展目标：

能够在日常生活、学习和未来工作等诸多领域中使用英语进行有效的交流；能够有效地运用有关篇章、语用等知识；能够较好地理解有一定语言难度、内容较为熟悉或与本人所学专业相关的口头或书面材料；能够对不同来源的信息进行综合、对比、分析，并得出自己的结论或形成自己的认识；能够就较为广泛的主题，包括大众关心的和专业领域的主题进行较为流利的口头和书面交流，语言符合规范；能够以口头和书面形式阐明具有一定复杂性的道理或理论；能够通过说理使他人接受新的观点或形成新的认识；能够恰当地使用学习策略；在与来自不同文化的人交流时，能够处理好与对方在文化和价值观等方面的不同，并能够根据交际情景、交际场合和交际对象的不同，恰当地使用交际策略。

2.实施方案

(1) 根据学生的英语状况，实行分级、分类教学，使不同起点的学生达到不同的终点目标。

(2) 教学分为基础、提高和应用三个阶段。学校根据学生不同水平因材施教，同时针对不同专业学生需求进行课程设置，从而使课程更符合学生的个性化需求。

3.对应课程模块

按照《教学指南》，在确保提高学生在听、说、读、写、译五种能力全面提高的前提下，将综合英语类、语言技能类、语言应用类、语言文化类和专业英语类等课程有机结合，确保不同层次的学生在英语应用能力方面得到充分的训练和提高。

4.教学模式

采用基于自主学习和课堂的英语教学模式，改进以教师讲授为主的单一教学模式，体现英语教学的实用性、知识性和趣味性，调动教师和学生两个方面的积极性，尤其要体现学生在教学过程中的主体地位和教师在教学过程中的主导作用，鼓励教师有效地使用网络、多媒体及其它教学资源。

5.教学评估

按照《教学指南》，对学生学习的评估分为形成性评估和终结性评估两种。

形成性评估包括学生自我评估、学生相互间的评估、教师对学生的评估、教务部门对学生的评估等。采用 Presentation、PPT、课堂讨论、Role-play、辩论赛等来衡量学生的学习情况，形成性评估占大一学年期末总成绩的 50%，占大二学年期末总成绩的 30%。

终结性评估主要包括期末课程考试和水平考试。这种考试应以评价学生的英语综合应用能力为主，不仅要对学生的读写译能力进行考核，而且要加强对学生听说能力的考核。终结性评估以模考试卷和期末试卷为主。

三、参考资料

1.参考书

《大学英语口语教程（上/下）》（第一版）.陆军.外语教育与研究出版社.2011年10月出版

《新标准大学英语综合教程（一/二/三/四）》（第一版）.Simon Greenall（英），文秋芳.外语教育与研究出版社.2008年12月出版

《新标准大学英语听说教程（一/二/三/四）》（第一版）.Simon Greenall（英），文秋芳.外语教育与研究出版社.2008年12月出版

《医学英语（临床医学）》（第一版）.孙庆祥.复旦大学出版社.2015年6月出版

《医学英语（基础医学）》（第一版）.孙庆祥.复旦大学出版社.2015年6月出版

《全新版大学英语视听说教程(一/二/三/四/五)》(第二版).李荫华.上海外语教育出版社.2013年10月出版

《全新版大学英语综合教程(一/二/三/四/五)》(第二版).李荫华.上海外语教育出版社.2013年10月出版

《当代医学新视野——医学语英语影像阅读I》(第一版).凌秋虹,汪琦,王茹,陈洁.复旦大学出版社.2011年7月

《当代医学英语综合教程(I/II)》(第一版).陈社胜.复旦大学出版社.2012年3月出版

2.网络资源

高校外语教学平台 www.unipus.cn

四、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	精读	56	56	0
2	口语	56	56	0
3	高级精读	84	84	0
4	写作	14	14	0
5	翻译	14	14	0
合计		224	224	0

体育

一、课程目的和任务

体育课程教学大纲是学校体育教学工作的指导性文件，直接影响着体育教学的质量。健康体魄是当代大学生自身发展和为祖国现代化建设服务的基本前提，是中华民族旺盛生命力的体现。体育教学是学校教育的重要组成部分，学校体育的根本目的是增强学生体质，提高健康水平，培养学生的运动能力、组织能力、创造能力和良好的思想品德，通过体育教育大力发展学生的身体素质，培养学生体育锻炼意识和锻炼习惯，达到终身受益的目的，使学生成为具有现代精神和德、智、体全面发展的社会主义现代化建设的高素质人才。

二、理论课教学

（一）教学目标

- 1.加强学生对体育的思想教育意识，使学生认识体育的重要性，树立终身体育的意识。
- 2.掌握科学锻炼身体及自我评价和监督的方法。
- 3.树立“健康第一”的指导思想，养成健康的生活方式。
- 4.了解哈尔滨医科大学体育教学模式。

（二）体育理论课程教学大纲

教学内容		学时
体育 基础 理论	1.我校体育教学综述 2.体育养生与终身体育 3.体质健康与测量评价	2
合计		2

三、实践课教学

（一）教学目标

1.使学生认识到锻炼身体的重要意义，激发学生参加体育锻炼的兴趣，使学生掌握一定的体育理论知识和科学锻炼身体的方法，养成良好的体育锻炼习惯。提高体育文化素养，为终身体育奠定良好的基础。

2.努力增强学生体质，保障身体健康，提高抵抗疾病与适应环境变化的能力，懂得如何利用体育锻炼进行防病、治病和强身健体。

3.注重学生身心和谐发展，使学生通过体育活动等积极手段，调控及改善心理状态。在提高身体素质和运动能力的同时，使学生学会评价体质健康标准，以指导自我进行科学锻炼身体，充分体会运动的乐趣。

4.在原有的基础上提高身体素质和运动技术水平，充分发挥学生的主体作用，提高体育欣赏能力，注重学生组织能力和创造能力的培养。

5.通过体育教学活动，陶冶情操，锻炼意志。对学生进行爱国主义和集体主义精神的教育，增强组织纪律性，提高学生的思想品质和社会主义道德风尚。

（二）实践课教学

1.特色课教学

（1）太极拳教学：（含长学制）学生的必修课程。太极拳是一种柔和、缓慢、轻灵的拳术，它的特点是动作圆活，处处带有弧行，运动连绵不断，势势相承。本课程主要学习“二十四式太极拳及四十二式太极拳”，其内容精练，从简至繁，动作规范，易学易练，能充分体现太极拳的运动特点。通过三个学期的学习使学生完整掌握两套太极拳的体育锻炼方法，使自己能够根据自己的兴趣和所掌握的正确方法合理地锻炼身体，增进身体健康，养成终身体育锻炼的习惯，并指导他人进行体育锻炼。

(2) 游泳课教学：(含长学制)学生的必修课程。游泳(Swimming)是在水的特定环境中进行的体育运动，具有很强的实用价值，是哈尔滨医科大学必修的教学内容，也是要求每个学生掌握的一项锻炼、生存的技能。通过二、四学期的学习，使学生掌握蛙泳、自由游基本技术和相关理论知识，提高学生有氧代谢能力，改善心肺功能，培养挑战自我、战胜自我、勇往直前、锲而不舍的优秀品质，促进身心素质的全面发展。

游泳课主要教授专项基本技术、基本知识，使学生掌握蛙泳基本技能，具备 50-200 米游泳自救能力。

2. 季节课教学

冰上课教学：(含长学制)冰上运动是北方的特色运动项目之一，冰城文化的亮点，也是我校充分利用北方地域特点冬季开设的体育课程。速度滑冰(Speed skating)课程共 10 学时，主要教授速滑基本知识、基本技术及冰上运动的基本常识。通过一、三学期的速度滑冰课教学，不仅提高学生心血管系统、呼吸系统的功能，提高人体的平衡能力；同时对冰雪和严寒都具有高度的适应能力和耐受力，提高抗御严寒的能力。

3. 选项课教学

(1) 足球教学：足球运动是当代世界上开展最为广泛、影响最大的体育项目之一，它被誉为当今“世界第一运动”。本课程主要通过足球基本技术、战术及相关理论知识的教学，使学生在身心得到良好的发展，为学生良好体育习惯的形成及科学的锻炼身体提供正确的指导，同时注重对学生良好意志品质、体育道德及团结协作团队精神的培养。

(2) 篮球教学：(含长学制)篮球(Basketball)运动是集跑、跳、投于一身的集体对抗性项目。经常从事篮球运动，可以有效的促进身体素质的全面发展，有利于心肺功能的改善与提高。通过学习与运动实践，体验勇敢、顽强、竞争、拼搏的进取精神，培养良好的团队作风。本课程主要学习篮球基本知识、基本技术、基本战术，介绍基本规则，侧重实战体验。寓练于乐，达到增进健康的目的。

(3) 排球教学：排球运动是 1895 年由美国人威廉·摩根首创的，是一项以手支配球为主的隔网集体对抗性项目，曾被称为“空中飞球”。排球运动经过百年发展，传遍了五大洲，成为在各国广为开展的热门运动项目。排球运动以其技术的全面性、高度的技巧性、激烈的对抗性、严密的集体性，扣人心弦的观赏性，吸引越来越多的人关注和参与排球运动。经常参加排球运动可以全面发展身体素质，增进健康，培养严密的组织纪律性和团队精神。

(4) 气排球教学

气排球运动是一项集运动、休闲、娱乐为一体的群众性体育项目，作为一项新的体育运动项目，如今已经受到越来越多人的青睐。气排球由于运动适量、不激烈，男女都可以混合进场参与，适合各个年龄层次的人进行强身健体活动。通过气排球的教学使学生能够在掌握气排球运动最基本的理论知识，运动技能，规则及裁判法。增强学生身体素质，增进身心健康。提高学生运动能力，培养积极参与运动的兴趣和自我锻炼能力。引导学生积极乐观的认识学习中出现的问题，在相互协作中去解决问题。让学生在过程中体验运动的乐趣和成功的感受。

(5) 乒乓球教学：(含长学制)乒乓球是我国的国球，我们国家在乒乓球历史上占有很强的地位。它因球小，速度快，变化多，趣味性强，受到人们普遍喜爱。通过乒乓球的教学，可以提高灵敏性、协调性、动作速率和上下肢活动能力，改善心肺功能，全面提高身体素质。

(6) 羽毛球教学：(含长学制)羽毛球是一项灵活、多变、可快可慢、隔网对击的运动，羽毛球运动器材简便，老少皆宜，充满乐趣又能强身健体，是一项大众性的体育活动，也是一项竞技性的比赛项目。它具有技术性强，对运动员的身体素质和智力水平要求较高，比赛激烈紧张等特点。因而羽毛球运动有广泛的群众基础，其发展前景十分广阔。本课程通过羽毛球的教学，使学生了解、掌握一些羽毛球运动专项知识、基本技术、战术技能，使学生能运用正确的羽毛球技术、战术去参与羽毛球运动，从而达到锻炼体质、增强身体健康的目的，为终身体育打下良好

的基础。另外通过羽毛球的教学，使学生掌握一定的羽毛球运动组织竞赛以及裁判规则方面的知识，对羽毛球的竞赛有一定的了解。

(7) 网球教学：（含长学制）网球运动是一种历史悠久的体育运动，也是现代社会比较流行的一种高雅体育运动。它是用网球拍隔网对击球的对抗性体育项目。网球运动具有动作大方，娱乐性、观赏性、健身性、高雅性等特点，能培养速度、力量、耐力、灵敏等身体素质及判断、反应等心理素质。

通过本课程的学习和教学，使学生初步掌握网球基本知识、基本技术、基本规则。本课侧重网球的实践教学和应用，使学生通过网球教学掌握一定的技战术水平，达到增强体质提高学生网球运动技术能力并使使学生具备一定的欣赏能力的目的。

(8) 武术教学：（含长学制）武术是以技击作为主要内容，以套路和格斗为运动形式，注重内外兼修的中国传统体育项目。

本课程主要学习武术基本功，基本动作；学习五步拳、三路长拳、初级剑和三段棍术。通过学习，使学生掌握一项运动技能，达到不仅能增强体质，锻炼意志还能学到一些攻防格斗技能的目的。

(9) 健美操教学：（含长学制）健美操是融体操、舞蹈、音乐于一体的追求人体健与美的运动项目，它具有健身、健心一体性，动作的多变性和协调性，运动负荷大而有针对性，并且它是在一种欢乐、愉快、激情的气氛中进行健身，同时实现知识，技能技术的增长，培养学生的协调性、表现力、创造力，以达到健身、健心和增长知识的整体效益。根据我校的具体情况，精选和创编了不同类型、难度和运动负荷的健美操组合成套，使绝大部分学生对健美操课产生了浓厚的兴趣，为学生今后终身参加健身运动奠定了良好的基础。

(10) 体育舞蹈教学：（含长学制）体育舞蹈是男女二人或多人在音乐的伴奏下，以优美的舞姿为表现形式的一项体育运动。是人体形态美、个性美的最直接表现。在美的熏陶中，塑造完美、抒发情感、陶冶情操，展示高雅气质和风度。

本课程主要讲授交际舞：慢四（布鲁斯）、平四、华尔兹、恰恰恰，更侧重学生气质、风度和社交礼仪的培养。通过学习使学生掌握一定的表演技能，同时具备欣赏舞蹈美的能力。

(11) 瑜伽教学：（含长学制）瑜伽起源于五千年前的印度，是一种强调身、心、灵合一的身心修炼法。在梵文中，“瑜伽”（YOGA）的含义是“连结、稳定、和谐、统一、平衡”。也就是说，通过练习体位法，使身体和心灵相互连结，达到一种和谐的状态。青年学生们之所以喜欢瑜伽甚至迷恋它，不仅因为瑜伽可以健体塑身，还可以改善体质，促进血液循环、缓解学习压力，另外，经常练瑜伽，还能有效预防疾病、放松脊柱、消除较轻的肩背酸痛、解除疲劳、延缓衰老。根据我校的具体情况，精选和创编了不同类型和运动负荷的瑜伽教程，增强学生体质，以更充沛的精力投入到学习中。

(12) 街舞教学：（含长学制）街舞起源于美国街头舞者的即兴舞蹈。以黑人、墨西哥人为主。节奏鲜明自由奔放。RAP 音乐无拘无束，夸张的舞蹈动作，服饰另类新潮，及跳舞时所散发的轻松欢乐与不羁的感受，使现代人着迷和跃跃欲试。是一种音乐技巧舞蹈完美结合的综合性大众化艺术门类。

(13) 轮滑教学：（含长学制）轮滑运动（Roller sports）集健身、娱乐于一体，是我国学校体育运动中的一个新兴项目，它弥补了滑冰、滑雪等冬季体育项目受季节影响的不足，深受广大学生的喜爱。轮滑运动包括速度轮滑（Roller Speed Skating）、花样轮滑（Roller Figure Skating）、轮滑球（Roller Hockey）和极限轮滑（Hight-Point Roller）四种。

本课程主要讲授速度轮滑，花样轮滑和轮滑球只列为介绍项目。通过本课程的学习，使学生掌握速度轮滑的基本知识和基本技术以及一些切实可行的练习方法，学会自我锻炼身体的方法和手段，为终身体育打下基础。

4.选修课教学

我校根据《全国普通高校体育课程教学指导纲要的通知》文件精神，高年级学生设置选修课，总计 24 学时，其中包括乒乓球、羽毛球、网球、体育舞蹈、瑜伽、游泳 6 项课程。

5. 身体素质练习

通过身体素质训练，增强学生身体体质，使学生各项身体机能得到全面的发展与提高，有效减少运动损伤。更好的充分利用体育课堂时间，增强课堂体育锻炼效果，达到增强学生体质的目的。

6. 体育游戏练习

通过体育游戏练习，提高学生学习体育的兴趣，活跃课堂气氛，使学生准备活动更加充分，有效避免运动损伤的发生。有利于增强学生体质，提高学生的健康水平。

四、体育成绩的评定

体育课是一门基础课、必修课，也是一门考试课，本着综合性原则，每学期均应从身体素质、思想品德、健康水平、出席情况、体育理论知识以及运动技术水平的掌握程度诸方面对学生进行全面评价。

(一) 每学期体育考试任务由授课教师负责完成，上报体育课成绩，并有教学秘书负责存档。

(二) 体育考试(除理论课外)应随堂进行，考试采用教师为主、学生自评和互评为辅相结合的方法，对学生的成绩进行评定。

(三) 每学期缺课总时数(包括病、事假)超过三分之一者，不予评定体育成绩。(特殊情况，由学部与学校教务部门协商处理)。

(四) 体育课按 100 分评定，其中含体质测试成绩，除考试项目计分外，实行对学习态度、组织能力、自身提高幅度、病、事假等方面的表现给予加减分的方法，好的加分，差的减分，每学期加减分的数值在-10—+10 分之间，总分不得超过 100 分。

1. 学习态度：(加减 1—5 分)

好：加 1—5 分，积极认真上好体育课，动脑筋勤于思考，积极提出问题和分析问题。

一般：不加减分。

差：减 1—5 分，学习态度不端正，组织纪律性差。

2. 组织能力(加 1—5 分)

该项内容是对学生工作能力、带操水平以及组织教学比赛、裁判和协助教师工作态的评定。

3. 提高幅度(加减 1—5 分)

幅度明显：加 1—5 分。

一般：不加减分。

没有提高或下降：减 1—5 分。

4. 旷课减 10 分、事假减 5 分、病假减 3 分。

(五) 体育考试不及格者，允许补考一次，并明确注明不及格原因，及时上报及存档。如无特殊情况，补考必须在本学期内完成；特殊情况者，由学部选择适当的时机给与补考；补考不及格者，按学校有关文件执行。

(六) 有残疾或慢性疾病不能从事体育活动的同学，须持医生证明，由学部与医务处、教务处等主管部门协商处理，给予免修处理或开设保健课。

五、体育课教学学时分配计划及成绩评定内容和比例

学期	总学时	理论课 教学	实践课						成绩评定内容与比例
			游泳			专项、太极拳			
			教学	复习	考试	教学	复习	考试	
第一学期	28	2				22	2	2	专项 30% 二十四式太极拳 40% 体质测试 30%
第二学期	32		12	2	2	12	2	2	专项 40% 游泳 30% 体质测试 30%
第三学期	32					28	2	2	专项 30% 四十二式太极拳 40% 体质测试 30%
第四学期	32		12	2	2	12	2	2	专项 30% 游泳 40% 体质测试 30%
总计	12	2	32			90			
选修课	48		48			48			直接评定成绩

六、教学参考书

体育实践课各专项均使用人民体育出版社出版的全国体育学院普修通用教材，理论课使用的是黑龙江省大学生体育理论教程。

形势与政策

一、课程简介

形势与政策教育是高等学校学生思想政治教育的重要内容,是高校思想政治理论课的重要组成部分,是对学生进行形势与政策教育的主渠道、主阵地,是以马列主义、毛泽东思想和中国特色社会主义理论为指导,综合运用有关学科的知识,紧密结合国际国内形势,特别是我国改革开放和社会主义现代化建设的形势,分析特定时期我国社会、经济、政治和文化发展特征,研究国际关系及其发展趋势,培养和提高大学生客观、科学地看待社会发展,正确理解党的路线、方针、政策的能力。

形势与政策课的任务是帮助学生正确认识国内外形势,深刻理解党的基本路线、方针和政策,激发爱国主义精神,增强民族自信心和社会责任感,珍惜安定团结的政治局面,确立为建设有中国特色的社会主义而奋斗的政治方向,为建设有中国特色的社会主义而奋发学习,健康成长;密切结合国内国际形势,充分运用社会主义现代化建设和改革开放丰富生动的实践,回答学生普遍关心的问题;引导学生学会运用马克思主义的立场、观点、方法观察形势,从总体上把握改革开放和社会主义现代化建设的大局。

二、理论教学内容

形势与政策课以教育部高等学校思想政治理论课教学指导委员会每半年下发一次的《形势与政策教育教学要点》为大纲,确定教学内容进行教学安排。

数学分析

一、课程简介

本课程是生物信息学及相关专业的一门基础课程。通过这门课程的学习，使学生系统地获得函数、极限、连续、微积分和无穷级数等方面的基本概念、基本理论和基本运算技能，为学习后继课程和进一步获得数学知识奠定必要的数学基础。在传授知识的同时，要通过各个教学环节逐步培养学生具有抽象概括问题的能力、逻辑推理能力、空间想象能力和自学能力，还要特别注意培养学生具有比较熟练的运算能力和综合运用所学知识去分析问题和解决问题的能力。

二、理论教学内容

1. 函数与极限

掌握内容：函数概念；数列极限的定义，并会用 $\varepsilon - N$ 定义证明数列的极限，熟练利用收敛数列的性质及极限存在准则求数列的极限；掌握各种趋势函数极限的定义，学会用定义证明函数的极限，能熟练用函数极限的性质、两个重要极限求函数极限，能利用极限存在准则判定函数极限存在或不存在，掌握无穷小量、无穷大量及其阶的概念；掌握连续函数的概念，连续函数的局部性质及初等函数的连续性。

了解内容：实数、区间与邻域；函数几种表示法和几种具有某些特性的函数；函数间断点的分类。

2. 微积分的基本概念

掌握内容：导数、微分的概念和基本导数公式；求导和微分法则，初等函数的各阶导数和微分的计算方法；原函数与不定积分概念和性质，基本积分公式；掌握定积分性质、可积的条件，微积分基本定理及应用。

了解内容：微分的几何意义，微分的运算法则，一阶微分形式的不变性；由参量方程所确定的函数的导数；定积分概念、用定义法求不定积分与定积分，变上限定积分求解方法。

3. 积分的计算与应用

掌握内容：应用换元积分法、分部积分法以及有理函数和三角函数有理式的积分法求不定积分；换元积分法和分部积分法计算定积分；微元法原理及应用。

了解内容：不定积分的概念。

4. 微分中值定理与泰勒公式

掌握内容：中值定理与泰勒公式；利用洛必达法则求不定式的极限。利用导数讨论函数的单调性、极值、凸性及作函数的图象的方法。

了解内容：中值定理的几何意义和证明方法，泰勒（Taylor）定理（泰勒公式及其拉格朗日型余项）在近似计算用的应用。

5. 向量代数与空间解析几何

掌握内容：向量基本概念及基本性质，建立空间平面与直线方程方法。

了解内容：空间曲线的切线与弧长的求法；二次曲面方程。

6. 多元函数微分学

掌握内容：平面点集和多元函数的有关概念；二重极限与累次极限之间的区别和联系，偏导数、全微分、方向导数和梯度等概念，多元函数的偏导数存在、可微、连续三者之间的关系；平面曲线的切线和法线、空间曲线的切线与法平面、空间曲面的切平面与法线；二元函数极值求解方法，会用拉格朗日乘数法求函数的条件极值。

了解内容：二元函数连续性；有界闭域上连续函数性质；隐函数和隐函数组的概念，隐函数（组）存在定理的条件和结论。

7.重积分

掌握内容：二重积分与三重积分的定义和性质；二重积分和三重积分计算方法；重积分在几何方面的应用。

8.曲线积分与曲面积分

掌握内容：第一、二型曲线积分的计算；第一、二型曲面积分的计算；Green公式的应用。

了解内容：平面第二型曲线积分与路径无关的条件；Guass公式和Stokes公式的应用。

9.常微分方程

掌握内容：常微分方程的基本概念；变量分离的方程；一阶线性微分方程；伯努利方程。

了解内容：可化为变量分离方程的几类方程；可降解的高阶微分方程。

10.无穷级数

掌握内容：级数敛散性的概念；正项级数收敛性判别法；幂级数收敛半径的计算。

了解内容：任意项级数收敛性判别法；函数项级数一致收敛性的概念及判别法；函数项级数和函数的性质；幂级数的性质。

11.广义积分与含参变量的积分

掌握内容：广义积分的计算。

了解内容：广义积分的收敛性判别。

三、参考资料

1.参考书

《高等数学》第二版.李忠、周建莹主编.北京大学出版社.2014年5月

《数学分析》第四版.华东师范大学数学系主编.高等教育出版社.2011年6月

2.网络资源

数学分析-第一教程 (<http://www.aajc.com/video/?12422-0-0.html>)

数学分析-精品在线课程

(<http://www.xxw001.com/old/video/?b0fdea5b1b0c7c9b99432.shtml>)

四、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	函数与极限	14	14	0
2	微积分的基本概念	14	14	0
3	积分的计算与应用	14	14	0
4	微分中值定理与泰勒公式	16	16	0
5	向量代数与空间解析几何	8	8	0
6	多元函数微分学	20	20	0
7	重积分	14	14	0
8	曲线积分与曲面积分	20	20	0
9	常微分方程	16	16	0
10	无穷级数	20	20	0
11	广义积分与含参变量的积分	4	4	0
合计		160	160	0

高等代数

一、课程简介

高等代数是近代数学的一门重要的基础课，在学生的整个学习过程中起着重要的作用。特别是它的方法有时非常独特，对提高学生分析问题和解决问题的能力起到举一反三的作用。通过本课程的学习，要使学生掌握所讨论的内容，如线性代数，数与多项式理论。培养学生刻苦钻研，独立思考的能力。特别是通过习题使学生对所学内容起到加深理解和灵活运用的作用，为学习后继有关课程如数值分析，组合数学，模式识别等打下必要的基础。

二、理论教学内容

1.线性代数中的线性方程组

掌握内容：行化简和化阶梯形；线性方程组的求解；线性方程组的解集；线性无关。

了解内容：线性方程组的基本概念；线性变换的概念和矩阵。

2.矩阵代数

掌握内容：矩阵的概念及其运算；逆矩阵存在的充分必要条件及其求法；转置矩阵及其运算法则；逆矩阵的特征及运算法则；几种特殊矩阵（零矩阵，单位矩阵，对角矩阵，对称矩阵，上、下三角矩阵，稀疏矩阵等）及其性质。

了解内容：分块矩阵的概念以及矩阵乘积的行列式；矩阵的秩和求法。

3.行列式

掌握内容：向量空间的概念，构成一个子空间的充要条件；向量的线性相关性及向量组的极大无关组与求法；有限维向量空间的基和维数。

了解内容：行列式的概念；知道行列式的子式和代数余子式概念；克拉默（Cramer）法则。

4.向量空间

掌握内容：行化简和化阶梯形；线性方程组的求解；线性方程组的解集；线性无关。

了解内容：线性变换的基本内容；基的变换。

5.特征值与特征向量

掌握内容：特征值与特征向量的概念；利用特征值与特征向量判断实对称矩阵的可对角化问题；利用特征值与特征向量进行实际问题求解。

6.正交性和最小二乘法

掌握内容：运用格拉姆-施密特法进行正交化计算，求最小二乘问题的解。

了解内容：内积的定义及运算；正交集与正交投影的方法。

7.对称矩阵和二次型

掌握内容：对称矩阵对角化的方法；用矩阵方法来处理二次型的问题；条件优化求解；奇异值分解的方法。

了解内容：二次型和矩阵的关系。

三、参考资料

1.参考书

《线性代数及其应用》第三版. (美) 莱 (Lay, D.C.) 著; 刘深泉等译. 机械工业出版社. 2005年出版

《高等代数》第一版. 唐再良主编. 水利水电出版社. 2016年8月出版

2.网络资源

高等代数学-博视网 (<http://www.bosw.net/shuxue/dxsx/241513596a1be153/>)

高等代数视频教程全集 (<http://m.v.dxsbb.com/ligong/463/>)

高等代数 (<http://www.51xue8.com/daxue/daxueligong/2016-05-13/11766.html>)

四、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	线性代数中的线性方程组	15	15	0
2	矩阵代数	15	15	0
3	行列式	10	10	0
4	向量空间	15	15	0
5	特征值与特征向量	15	15	0
6	正交性和最小二乘法	15	15	0
7	对称矩阵和二次型	10	10	0
8	复习与考试	5	5	0
合计		100	100	0

C 语言程序设计

一、课程简介

C语言程序设计作为一门计算机基础课，它主要包括计算机基础知识和C语言程序设计两部分内容。计算机基础知识主要包括计算机系统的基本组成、数制的概念、数据的存储单位等内容，C语言程序设计则是经典的面向过程的计算机语言，本课程是后续学习的C++、java、数据结构等计算机课程的基础。

本课程通过对计算机基础知识和C语言程序设计的讲解，使学生掌握必要的计算机基础知识，掌握如何正确应用运用C语言进行程序设计并编写程序解决实际问题，为后续的计算机相关专业课程打下良好的基础。

二、理论教学内容

1.程序设计和C语言

掌握内容：C语言的特点、C语言的基本形式、源程序的编辑、编译、连接与执行；C语言的软件的安装及上机步骤。

了解内容：计算机程序设计语言的发展及C语言出现的历史背景。

2.算法-程序的灵魂

掌握内容：算法的概念、传统流程图、N-S流程图。

了解内容：结构化程序设计方法。

3.最简单的C程序-顺序程序设计

掌握内容：常量与变量的概念、变量的声明、标识符；算术运算、自增与自减运算、复合的赋值运算符；顺序结构程序设计。

了解内容：常量、C语言中各类数值型数据间的混合运算、数值的定点表示形式与浮点表示形式，数据的输入输出格式。

4.选择结构程序设计

掌握内容：关系运算符和关系表达式、逻辑运算符和逻辑表达式、条件运算符和条件表达式、if语句和switch语句。

了解内容：多分支选择结构。

5.循环结构程序设计

掌握内容：while语句，do...while语句，for语句；循环的嵌套；break语句和continue语句的用法。

了解内容：几种循环的比较，goto语句。

6.利用数组处理批量数据

掌握内容：一维、二维、多维数组的定义和初始化，字符数组的定义和初始化；数组元素的引用、数组的输入输出；字符数组元素的引用、输入和输出，运用数组编写程序解决实际问题。

了解内容：使用字符串处理函数。

7.用函数实现模块化程序设计

掌握内容：函数定义的一般形式、函数参数和函数的值；函数调用，对被调用函数的声明和函数原型，函数的嵌套调用，函数的递归调用；数组作为函数参数；局部变量和全局变量；变量的存储方式和生存期，变量的声明和定义。

了解内容：内部函数和外部函数。

8.关于利用指针

掌握内容：指针变量的定义和引用，指针变量作为函数参数，通过指针引用数组、字符串；指向函数的指针；返回指针值的函数；指针数组和多重指针。

了解内容：指针数组作main函数的形参；动态内存分配与指向它的指针变量。

三、实验教学内容

1.C程序的运行环境和运行C程序的方法

基本内容：Visual C++ 6.0集成环境下调试C程序。

基本要求：了解如何编辑、编译、连接和运行程序；通过运行简单的C程序，初步了解C源程序的特点。

2.数据类型、运算符

基本内容：数据类型、运算符和简单的输入输出。

基本要求：掌握C语言数据类型，了解字符型数据和整型数据的内在关系。学会使用C的有关算术运算符，以及包含这些运算符的表达式，特别是自加（++）和自减（--）运算符的使用。

3.顺序程序

基本内容：顺序程序设计与调试。

基本要求：掌握赋值语句的使用方法、各种类型数据的输入输出的方法，能正确使用各种格式转换符。

4.循环结构程序设计

基本内容：while语句、do...while语句和for语句实现循环结构程序设计。

基本要求：掌握while语句、do...while语句和for语句的用法，在程序设计中用循环的方法实现一些常用算法等。

5.数组

基本内容：一维数组和二维数组的定义、赋值和输入输出的方法。

基本要求：掌握一维数组和二维数组的使用方法，掌握字符数组和字符串数组的使用，以及与数组有关的算法（排序算法等）。

6.函数

基本内容：定义函数、调用函数、函数的嵌套调用和递归调用；数组作为函数参数；局部变量和全局变量。

基本要求：掌握定义函数和声明函数的方法，调用函数时实参与形参的对应关系，学习对多文件的程序的编译和运行；熟悉函数的嵌套调用和递归调用的方法；熟悉全局变量和局部变量的概念和用法。

7.指针

基本内容：指针变量的定义、引用以及作为函数参数；通过指针引用数组、字符串；指向函数的指针；指针数组和多重指针。

基本要求：掌握指针的概念，定义和使用指针；掌握使用数组的指针和指向数组的指针变量；掌握使用字符串的指针和指向字符串的指针变量；了解指针的指针的用法。

四、参考资料

1.参考书

《C程序设计》（第五版）.谭浩强主编.清华大学出版社.2017年8月出版

《C语言程序设计与问题求解》（原书第7版）.Jeri R.Hanly（杰瑞 R）等著.机械工业出版社.2017年6月

2.网络资源

C程序设计-中国大学MOOC（<http://www.icourse163.org/course/JLU-1002058028>）

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	程序设计和 C 语言	2	2	0
2	算法-程序的灵魂	6	2	4
3	最简单的 C 程序-顺序程序设计	8	4	4
4	选择结构程序设计	8	4	4
5	循环结构程序设计	8	4	4
6	利用数组处理批量数据	8	4	4
7	用函数实现模块化程序设计	10	6	4
8	关于利用指针	10	6	4
合计		60	32	28

医学化学

一、课程简介

医学化学是研究物质的组成、结构、性质、变化及其合成的一门自然科学，与医学有着密切的关系。医学化学是医学教育不可缺少的基础课之一。其任务是通过教学使学生掌握必要的化学基础理论、基础知识和基本技能，逐步树立科学的思维方法，养成严谨的科学态度和实事求是的优良作风，为进一步学习基础医学课和专业课程奠定基础。

二、理论教学内容

1. 气体、溶液和胶体

掌握内容：混合物和溶液的表达方法：质量浓度的定义式及应用；浓度的定义式及应用；溶质 B 的质量摩尔浓度的定义式及应用；稀溶液的依数性：稀溶液的蒸气压下降；稀溶液的沸点升高；稀溶液的凝固点降低；渗透现象和渗透压力；渗透压力在医学上的意义。

了解内容：质量分数的定义式及应用；体积分数的定义式及应用；摩尔分数的定义式及应用。

2. 化学平衡

掌握内容：标准平衡常数表达式及书写标准平衡常数表达式的注意事项；标准平衡常数的计算及应用；化学平衡的特点；标准平衡常数与温度之间的关系。

了解内容：可逆反应与化学平衡的概念；浓度、压力、温度对化学平衡的影响作用。

3. 化学反应速率

掌握内容：元反应、复合反应、反应级数和反应分子数；质量作用定律及适用条件；碰撞理论。

了解内容：化学反应速率的定义及其表示方法；催化剂的基本特征；范托夫方程；酶催化作用的特点。

4. 酸碱解离平衡和沉淀-溶解平衡

掌握内容：酸碱质子理论；标准解离常数；酸碱溶液的 pH 计算；缓冲溶液的 pH 值计算；缓冲容量及影响因素；缓冲范围；缓冲溶液的配制方法。

了解内容：酸碱电离理论；酸碱电子理论；缓冲溶液的组成及缓冲作用机理；标准缓冲溶液；血液中主要缓冲对的缓冲作用。

5. 原子结构和元素周期律

掌握内容：波函数和四个量子数；屏蔽效应；斯莱特规则；钻穿效应；鲍林近似能级图；基态多电子原子核外电子的排布式；原子的电子层结构和元素周期表；波函数的角度分布图；电子云的径向分布图和角度分布图。

了解内容：微观粒子的波粒二象性及测不准原理；Schrödinger 方程；氢原子光谱和 Bohr 理论；元素性质（有效核电荷数、原子半径、元素的电负性）的周期性。

6. 分子结构

掌握内容：价键理论的基本要点；共价键的类型；价层电子对互斥理论的基本要点及其应用；杂化轨道理论的基本要点和轨道杂化的类型与分子空间构型；分子轨道理论的基本要点及简单双原子分子的分子轨道能级图；分子轨道理论的应用。

了解内容：离子键理论的基本要点及离子的特征；离域 π 键；分子间作用力和氢键。

7. 有机化学概论

掌握内容：有机化合物及有机化学的概念；有机化合物的分类及结构表示方式；有机反应的基本类型；电子效应。

了解内容：有机化学与生活及医学的关系。

8. 烷烃和环烷烃

掌握内容：同系列和同系物；构造异构（伯、仲、叔、季碳原子）；烷烃的普通命名法、系统命名法；自由基、自由基反应、共价键的解离能、自由基的相对稳定性；卤代反应；构象与构象异构的定义；乙烷的构象；丁烷的构象；环烷烃的结构特点、化学性质（与开链烷烃相似的化学性质、环丙烷和环丁烷的开环反应）；环己烷的构象；环烷烃的分类和命名；环烷烃的稳定性。

了解内容：烷烃的物理性质（分子间作用力、沸点、熔点、密度、溶解度）；烷烃的氧化和燃烧反应；环烷烃的物理性质。

9. 烯烃、二烯烃和炔烃

掌握内容：烯烃的结构特征，命名方法和位置异构、顺反异构现象；烯烃的诱导效应和共轭效应；烯烃的亲电加成反应；马氏规则及应用；碳正离子的稳定性；各类氧化反应及在烯烃结构推导中的应用；炔烃与HBr加成时的过氧化物效应。共轭二烯的结构特征；1, 2-与1, 4-加成。炔烃的结构、异构现象和命名；炔烃的物理性质与化学性质，特别是炔氢的酸性及金属炔化物的形成；炔烃的催化加氢；二烯烃的分类。

了解内容：烯烃和炔烃的物理性质（熔点、沸点、密度等）。

10. 芳香烃

掌握内容：苯的结构；苯环亲电取代反应（卤代反应、硝化反应、磺化反应、傅—克烷基化反应、傅—克酰基化反应）；苯环侧链氧化反应。苯衍生物的同分异构和命名；环烷烃的分类和命名。

了解内容：芳香烃的来源及物理性质；苯环加成反应。

11. 对映异构

掌握内容：手性分子、手性碳原子、对映异构体、外消旋体、内消旋体、非对映异构体的概念；手性碳的构型标记；产生对映异构的条件；费歇尔投影式；旋光性与手性的关系。

了解内容：平面偏振光及比旋光度；对映异构体的物理性质；外消旋体的拆分。

12. 卤代烃

掌握内容：卤代烃常见亲核取代反应；消除反应取向、消除反应中卤代烷活性。卤代烯烃的反应特殊性；卤代烃的分类和命名；有机金属化合物的形成。

了解内容：了解卤代物结构对反应速度的影响；了解卤代烃的重要代表物。

13. 醇、酚、醚

掌握内容：醇的结构及化学性质，包括与金属钠的反应、与无机含氧酸的酯化反应、脱水反应及氧化反应。酚的化学性质，如酸性、氧化反应，各类亲电取代反应。醚的结构和化学性质；醇、酚、醚的分类和命名；氢键对醇和醚性质的影响。

了解内容：与医学有关的代表物。

14. 醛和酮

掌握内容：醛、酮分子的结构特点；醛、酮的化学性质（亲核加成反应、 α -活泼氢引起的反应、氧化和还原反应等）；醛、酮的命名。

了解内容：醛、酮的物理性质；与医学有关的代表物。

15. 羧酸、取代羧酸和羧酸衍生物

掌握内容：羧酸和羧酸衍生物的分类、命名和结构特点；羧酸的化学性质；取代羧酸的分类和命名；羟基酸和酮酸的化学性质。羧酸衍生物的化学性质（水解反应及反应机理、醇解反应、氨解反应）；酮式与烯醇式互变异构现象；乙酰乙酸乙酯的酮式分解和酸式分解。

了解内容：羧酸和羧酸衍生物的物理性质。与医学有关的代表物。

16. 含氮有机化合物

掌握内容：胺类化合物的分类和命名；胺类化合物的结构；胺类化合物的化学性质；重氮化合物在有机合成中的应用；季铵盐和季铵碱。

了解内容：含氮化合物的物理性质；偶氮化合物的结构及性质。

17.杂环化合物

掌握内容：芳香杂环化合物的概念、分类和命名方法。五员杂环的结构特征和化学性质，以吡啶为代表，介绍六员杂环化合物的电子结构、芳香性和化学性质；杂环化合物的分类；常见杂环化合物的命名；嘌呤及其衍生物。

了解内容：生物碱。

18.糖类

掌握内容：单糖的开链结构及构型；单糖的环状结构及构象；单糖的化学性质，包括成苷反应、差向异构化、酸性条件下的脱水反应、与各类氧化剂的作用；糖的概念及分类；差向异构、端基异构、变旋光现象、还原性糖、非还原性糖、糖苷、苷键、苷羟基的概念；麦芽糖、纤维二糖、乳糖、蔗糖的结构特点。

了解内容：糖类化合物在自然界的分布、来源及生物重要性，多糖（淀粉与糖原等）的结构和性质。

19.氨基酸、肽和蛋白质

掌握内容：氨基酸的结构特点；氨基酸的化学性质（酸碱性、等电点、与亚硝酸作用、与茚三酮的显色反应）；氨基酸的分类和命名；常见氨基酸的结构。

了解内容：氨基酸的英文缩写。

三、参考资料

1.参考书

- 《医学化学》第三版.徐春祥 陈彪主编.高等教育出版社.2014年11月出版
- 《基础化学》第三版.徐春祥主编.高等教育出版社.2013年12月出版
- 《无机化学》第三版.张乐华主编.高等教育出版社.2017年6月出版
- 《基础化学》第四版.杨秀岑编.人民卫生出版社.1997年出版
- 《大学化学》傅献彩编.高等教育出版社.2002年出版
- 《有机化学》（第4版）.徐景达主编.人民卫生出版社.2000年
- 《有机化学》（第8版）.陆涛主编.人民卫生出版社.2016年2月
- 《Organic Chemistry》.sixth.Ed..T.W.Graham Solomons.John Wiley & Sons.Inc..NY.1996
- 《有机化学学习指导与习题集》.陆涛主编.人民卫生出版社.2012年3月
- 《医学化学学习指导》.徐春祥主编.高等教育出版社.2014年12月

2.网络资源

- 普通化学-中国大学MOOC (<http://www.icourse163.org/course/DLUT-45001>)
- 大学化学-中国大学MOOC (<http://www.icourse163.org/course/CSU-1001590002>)
- 无机化学-中国大学MOOC (<http://www.icourse163.org/course/DLUT-1001630001>)
- 有机化学-中国大学MOOC (<http://www.icourse163.org/course/XJTU-46017>)
- 有机化学-中国大学MOOC (<http://www.icourse163.org/course/DLUT-212002>)

四、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	气体、溶液和溶胶	4	4	0
2	化学平衡	2	2	0
3	化学反应速率	2	2	0
4	酸碱解离平衡和沉淀-溶解平衡	4	4	0
5	原子结构和元素周期律	6	6	0
6	分子结构	6	6	0
7	有机化学概论	2	2	0
8	烷烃和环烷烃	2	2	0
9	烯烃、二烯烃和炔烃	2	2	0
10	芳香烃	2	2	0
11	对映异构	2	2	0
12	卤代烃	2	2	0
13	醇、酚、醚	3	3	0
14	醛和酮	3	3	0
15	羧酸、取代羧酸和羧酸衍生物	2	2	0
16	含氮有机化合物	2	2	0
17	杂环化合物	2	2	0
18	糖类	2	2	0
19	脂类	2	2	0
20	氨基酸	2	2	0
合计		52	52	0

思想道德修养与法律基础

一、课程简介

本课程是高等学校思想政治理论课课程体系中的一门公共必修课程，是对大学生进行思想政治教育的主渠道。本课程以马克思列宁主义、毛泽东思想、邓小平理论和“三个代表”重要思想为指导，以人生观、价值观、道德观、法制观教育为主线，综合运用相关学科知识，遵循大学生成长的基本规律，教育、引导大学生加强思想道德修养，提升法律素养的一门综合性的思想政治理论课程。

本课程的主要内容是：通过系统的社会主义道德教育和法制教育，帮助学生增强法制观念，提高思想道德素质，解决成长成才过程中遇到的实际问题。以马克思列宁主义、毛泽东思想、邓小平理论和“三个代表”重要思想为指导，深入贯彻科学发展观，针对大学生成长过程中面临的思想道德和法律问题，有效地开展马克思主义的人生观、价值观、道德观和法制观的教育，更好地引导大学生树立高尚的理想情操和养成良好的道德素质，树立体现中华民族优秀传统文化和时代精神的价值标准和行为规范，引导大学生成长为德智体美全面发展的中国特色社会主义事业的合格建设者和可靠接班人。

具体包括：

（一）思想教育、人生观教育。引导大学生明确大学是人生的新阶段，认清自己的历史使命，树立正确的人才观，确立人生的新目标；通过理想信念与大学生成才关系的探讨，帮助大学生树立科学的理想信念，继承爱国传统，弘扬民族精神；通过世界观与人生观的探讨，帮助大学生用正确的人生观指引人生，确立积极进取的人生态度，正确协调自我身心、个人与他人、社会、自然的关系，创造有价值的人生。

（二）道德观教育。通过道德基本理论、社会主义道德的介绍，对大学生进行以为人民服务为核心、以集体主义为原则的社会主义道德教育，培养大学生高尚的理想情操和良好的道德品质。引导大学生遵守社会公德，维护公共秩序，培育职业精神，树立家庭美德。

（三）法制观教育。通过法学基础理论、基本法律知识的介绍，让学生了解我国宪法和有关法律的基本精神和主要规定，明白公民的权利与义务，增强社会主义法制观念和法律意识。

二、理论教学内容

1.珍惜大学生活 开拓新的境界

掌握内容：社会主义核心价值体系的科学内涵、重要意义，努力践行社会主义核心价值体系。

了解内容：了解大学生活特点，尽快适应大学生活，自觉培养优良学风；认清当代大学生的历史使命，明确成才目标；认识本课程的特点和作用，掌握正确的学习方法。

2.追求远大理想 坚定崇高信念

掌握内容：自觉树立建设中国特色社会主义的共同理想，确立马克思主义的信念；正确认识理想与现实的关系。

了解内容：理想信念的含义和特征，理想信念对大学生成长成才的重要意义。

3.弘扬中国精神 共筑精神家园

掌握内容：爱国主义是中华民族精神的核心，自觉培养民族自尊心和自豪感，促进民族团结和祖国统一，做忠诚的爱国者。

了解内容：爱国主义的科学内涵和基本要求，了解中华民族爱国主义的优良传统，认识中华民族爱国主义的时代价值；明确在当代中国爱国主义与爱社会主义是统一的；了解改革创新为核心的时代精神，把握弘扬改革创新精神的基本要求。

4.领悟人生真谛 创造人生价值

掌握内容：评价人生价值的标准和实现人生价值的条件，立志在实践中创造有价值的人生；

自觉协调自我身心各方面的关系、个人与他人的关系、个人与社会的关系、人与自然的的关系，正确对待人生环境和处境。

了解内容：正确认识人生目的对人生实践的重要作用，明确为人民服务的人生观是科学的人生观；了解人生态度与人生观的关系，端正人生态度。

5.注重道德传承 加强道德实践

掌握内容：社会主义道德与社会主义市场经济的关系，社会主义道德建设的核心是为人民服务，基本原则是集体主义，公民基本道德规范和公民道德建设的重点。

了解内容：道德的起源于本质，道德的功能与作用，中华民族的道德传统。

6.遵守道德规范 锤炼高尚品格

掌握内容：把握社会公德的主要内容，自觉践行社会公德规范，遵守网络道德要求，职业生活中的道德规范，恋爱、婚姻家庭生活中的道德规范，个人品德及其作用，大学生的择业与创业，大学生的恋爱观与婚姻观。

了解内容：了解公共生活特点，认识其重要意义，了解公共生活中主要法律规范的基本内容，做维护公共秩序的模范。

7.学习宪法法律 建设法治体系

掌握内容：法律的本质与特征，社会主义法律的作用，我国的实体法律部门，建设中国特色社会主义法治体系的内容。

了解内容：法律的词源与含义，法律的产生与发展，社会主义法律的特征，社会主义法律的运行，我国的程序法律部门，建设中国特色社会主义法治体系的意义，全面依法治国的基本格局。

8.树立法治观念 尊重法律权威

掌握内容：掌握我国社会主义法律的内涵和本质，把握我国社会主义法律的基本运行机制，树立社会主义法治观念，增强国家安全意识，坚持党的领导、人民当家作主与依法治国相统一，法治思维的基本内容，坚持依法治国和以德治国相结合，尊重法律权威的重要意义，尊重法律权威的基本要。

了解内容：了解我国社会主义法律体系的概况，社会主义法治国家的主要任务，培养社会主义法律思维方式，维护社会主义法律权威。坚持走中国特色社会主义法治道路，加强宪法实施，落实依宪治国，法治思维的含义与特征，培养法治思维的途径。

9.行使法律权利 履行法律义务

掌握内容：法律权利与法律义务，政治权利与义务，人身权利与义务，财产权利与义务，社会经济权利与义务，宗教信仰及文化权利与义务，法律权利与法律义务的关系。

了解内容：依法行使权利，依法救济权利，尊重他人权利，依法履行义务。

三、实验教学内容

1.追求远大理想 坚定崇高信念

基本内容：理想信念教育。

基本要求：要求学生查阅相关资料，结合自己的思想实际，写出相应的演讲稿，字数 1000 字以上。

2.弘扬中国精神 共筑精神家园

基本内容：进行爱国主义教育。

基本要求：要求学生查阅相关资料，结合学习和自身实际，写出演讲稿，字数 1000 字以上。

3.注重道德传承 加强道德实践；遵守道德规范 锤炼高尚品格

基本内容：道德观教育。

基本要求：要求学生查阅相关资料，结合目前医患关系，从道德角度，结合自己的实际，写一篇论文，字数 2000 字以上。

四、参考资料

《思想道德修养与法律基础》.本书编写组著.高等教育出版社.2015年8月出版

《思想道德修养与法律基础》课疑难问题解析.高等教育出版社 2008年版

《思想道德修养与法律基础》学生辅导读本.高等教育出版社 2008年版

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	珍惜大学生活 开拓新的境界	8	8	0
2	追求远大理想 坚定崇高信念	3	2	1
3	弘扬中国精神 共筑精神家园	3	2	1
4	领悟人生真谛 创造人生价值	12	12	0
5	注重道德传承 加强道德实践	4	2	2
6	遵守道德规范 锤炼高尚品格	4	2	2
7	学习宪法法律 建设法治体系	8	8	0
8	树立法治观念 尊重法律权威	6	6	0
9	行使法律权利 履行法律业务	6	6	0
合计		54	48	6

大学生职业发展与就业指导

一、课程简介

大学生就业难的问题已经是一个普遍存在的问题，大学阶段是学生正式进入职业生涯的准备阶段，如何提高大学生的就业竞争力和综合素质，已经是学生和社会关注的焦点问题，本课程设计就是定位在此。本课程旨在帮助学生在大学阶段科学、理性地确定大学生涯发展目标，促进大学学习的自觉性和针对性，对大学生成长成才起到积极的作用。帮助大学生正确认识自我，认识职业社会，为将来进入职业做好规划，并学会与面试相关的知识，契合学生需求，进行课程教学。

二、理论教学内容

1.课程导言

掌握内容：职业生涯规划的目标和核心内容。

了解内容：生涯规划的流程。

2.自我探索

掌握内容：掌握正确认识自我的方法。

了解内容：自我在价值观、兴趣和能力三个方面的优势。

3.职业社会认知

掌握内容：运用认识工作世界的方法去了解职场。

了解内容：当前的工作世界、不同职业对人才的核心素质要求。

4.自我管理

掌握内容：学会时间管理与情绪管理。

了解内容：压力主要来源与处理。

5.就业求职指导

掌握内容：就业求职途径、求职中的人际沟通。

了解内容：书写简历。

6.大学课外学习规划

了解内容：理性选择校内外活动，自主开展社会实践活动。

三、参考资料

《大学生生涯规划与职业发展》第一版.谢宝国、李冬梅主编.电子工业出版社.2011年8月出版

《职业生涯发展与规划》第一版.Reardon、Lenz、Sampson、Peterson 编写.高等教育出版社.2017年1月出版

面试指导网站（www.daTiHu.com）

系统化的自助生涯规划平台（yunti.tihuedu.com）

四、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	课程导言	2	2	0
2	自我探索	6	6	0
3	职业社会认知	4	4	0
4	自我管理	2	2	0
5	就业指导	4	4	0
6	大学课外学习规划	2	2	0
合计		20	20	0

概率论与数理统计

一、课程简介

《概率论与数理统计》是生物信息学本科专业一门重要的理论性基础课，是研究随机现象统计规律性的数学学科。在生物医学大数据分析处理和开发等方面有着广泛的应用，是高等院校学生的必修课程。通过本课程的学习，使学生掌握概率论与数理统计的基本概念、知识和思想，了解它的基本理论和方法，从而使学生初步掌握处理随机现象的基本思想和方法，进而培养学生掌握统计学的基本思想、原理及应用领域，促使学生运用所掌握的常用统计方法分析和解决生物医学中存在的一些常见问题，并培养学生处理有关实际问题的基本技能和基本素质，并为今后学习相关专业课程打下扎实的、必需的基础，为培养高级复合型人才奠定坚实的基础。

二、理论教学内容

1. 随机事件与概率

掌握内容：事件的基本关系与运算；古典概率的计算；用概率的性质求概率的方法；条件概率，乘法公式、全概率公式和Bayes公式；事件的独立性概念。

了解内容：随机实验、随机事件、必然事件、不可能事件等概念；样本空间、样本点的概念，会用集合表示样本空间和事件；事件的独立性，会求有关的概率运算；频率与概率的统计定义以及概率的公理化定义。

2. 随机变量及其概率分布

掌握内容：随机变量分布函数的定义及其性质；几个重要离散型随机变量的分布函数与概率分布；几个重要连续型随机变量的分布函数与概率分布；一维随机变量函数的分布。

了解内容：随机变量的概念；离散型随机变量及其分布律的定义，理解分布律的性质；连续型随机变量的定义、概率密度函数的基本性质；随机变量函数的概念。

3. 随机变量的数字特征

掌握内容：随机变量数学期望的基本性质；随机变量方差的基本性质；随机变量函数的数学期望公式；几种常见分布的数学期望和方差；离散型随机变量的数学期望和方差的定义；连续型随机变量的数学期望和方差的定义。

了解内容：了解协方差、相关系数的概念；矩的概念。偏度、峰度。

4. 随机向量

掌握内容：随机向量的联合分布与边缘分布；二维离散型随机变量的联合分布律和边缘分布律；二维连续型随机变量的密度函数和分布函数；两个随机变量的函数的分布；随机向量的数字特征；大数定律的内容、意义及应用；中心极限定理的内容、意义及应用。

了解内容：二维离散型与连续型随机变量的定义；联合概率密度函数和边缘概率密度函数的关系，会求边缘概率密度；随机向量独立性的定义；多维随机变量及其分布函数的定义；条件分布的概念并会进行计算。

5. 统计估计

掌握内容：最大似然估计的原理及计算；矩估计的原理及计算；常见分布的参数估计计算；区间估计的原理及计算；正态总体均值和方差的置信区间。

了解内容：参数估计的优良性准则；理解分布、 t 分布、了解 F 分布的定义并会查表计算；理解正态总体的某些常用统计量的分布；理解总体、个体、样本和统计量的概念。

6. 假设检验

掌握内容：两类错误及相互关系；单个正态总体均值和方差的假设检验；两个正态总体均值和方差的假设检验。

了解内容：假设检验的基本理论；假设检验问题的提出。

三、参考资料

1.参考书

《概率统计讲义》第三版.陈家鼎主编.高等教育出版社.2004年7月出版

《概率论与数理统计》第三版.盛骤主编.高等教育出版社.2001年12月出版

《概率论与数理统计》第二版.谢永钦主编.北京邮电大学出版社.2009年4月出版

《概率论与数理统计辅导及习题精解》第四版.张天德主编.天津人民出版社.2007年1月出版

2.网络资源

概率论与数理统计-bilibili (<https://www.bilibili.com/video/av16087201/>)

四、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	随机事件与概率	16	16	0
2	随机变量及其概率分布	8	8	0
3	随机变量的数字特征	10	10	0
4	随机向量	8	8	0
5	统计估计	12	12	0
6	假设检验	18	18	0
合计		72	72	0

分子系统生物学

一、课程简介

细胞生物学 (Cell Biology) 是从细胞的显微、亚显微和分子三个水平研究细胞的结构、功能和各种生命规律的一门科学。生物化学 (Biochemistry) 是用化学的理论和方法研究生物体组成、结构、功能和生命过程中物质及能量变化规律的学科。分子生物学 (Molecular Biology) 是研究核酸、蛋白质等生物大分子的结构与功能, 并从分子水平上阐明蛋白质与蛋白质、蛋白质与核酸之间的互作及基因表达调控机理的学科。分子系统生物学 (Molecular System Biology) 以基因组学、转录组学、蛋白质组学以及代谢组学等不同层次“组学”为基础, 是研究一个生物系统中所有组成成分 (DNA, RNA, 蛋白质等) 的变化规律以及在特定遗传或者环境条件下相互关系的学科。

本课程的教学任务是使学生掌握细胞生物学、生物化学以及分子生物学学科的基本理论。本大纲提出的讲授内容要求为: 从细胞生物学的基础知识出发, 结合生物化学和分子生物学, 以细胞的结构 (微细结构、超微结构和分子结构) 与功能 (生物大分子的生命过程) 及细胞的微细结构与生命活动关系为中心内容, 突出三门学科交叉的特点, 使学生能较深入地了解细胞生物学, 并掌握基本分子生物学和生物化学只是。本大纲从教学实际出发, 结合生物信息学专业的特点, 融合前沿知识, 不仅使同学们掌握基础知识, 也能够了解该课程在本专业的应用前景。

二、理论教学内容

1. 真核基因表达调控

掌握内容: 基因表达调控的基本概念; 真核基因表达调控特点; 基因表达调控方式。

了解内容: 基因表达方式; 基因表达调控的生物学意义; RNA与基因表达调控。

2. 表观遗传学

掌握内容: DNA甲基化定义; DNA甲基化作用机制; 组蛋白修饰类型; 组蛋白调控模式; DNA甲基化与组蛋白修饰之间的关系。

了解内容: DNA甲基化异常与疾病关系。

3. RNA沉默

掌握内容: RNA干扰的分子机制; RNA干扰的调控机制; miRNA调控机制。

了解内容: 非编码RNA类型; RNA干扰的生物学意义; miRNA调控异常与疾病关系。

4. 染色质可塑性与基因组稳定性

掌握内容: RNA干扰的分子机制; RNA干扰的调控机制; miRNA调控机制。

了解内容: 非编码RNA类型; RNA干扰的生物学意义; miRNA调控异常与疾病关系。

5. DNA损伤与修复

掌握内容: DNA损伤修复的类型; DNA损伤修复的机制。

了解内容: DNA损伤修复异常与疾病关系。

6. 翻译后水平的蛋白质修饰

掌握内容: 蛋白质磷酸化概念; 蛋白质磷酸化功能; 蛋白质乙酰化概念; 蛋白质泛素化概念。

了解内容: 组蛋白泛素化功能; 蛋白质泛素化过程; 乙酰化概念。

7. 细胞内囊泡运输

掌握内容: 细胞内囊泡运输的过程; 膜运输的分子机制; 胞吐作用: 从反面高尔基网到细胞外转运。

了解内容: 内质网经高尔基体的转运; 蛋白质转运与阿尔兹海默病的关系。

8. 细胞内吞作用

掌握内容: 胞吞作用的类型; 胞吞作用的机制; 胞吞作用与TGF- β 信号的关系。

了解内容：胞膜窖介导的胞吞作用；胞吞作用与病毒侵染的关系。

9.自吞噬的分子机制与功能

掌握内容：自吞噬的概念；自吞噬的核心分子构成原件；自吞噬生物学过程及调控过程。

了解内容：自吞噬的生理功能及与疾病的关系。

10.核膜结构、动态变化及其功能

掌握内容：核膜的基本结构和成分；核膜的功能；细胞骨架的结构及其分布；驱动蛋白。

了解内容：核膜的动态变化；核膜与相关疾病；细胞质动力蛋白；马达蛋白与人类疾病。

11.细胞粘附

掌握内容：选凝素的特性及功能；整合素的特性及功能；微丝骨架在细胞迁移的作用；整合素介导的粘附结构的装配和解聚。

了解内容：细胞迁移的基本过程；Rho家族小GTO酶的调节。

12.细胞信号转导

掌握内容：细胞信号转导的基本过程；细胞信号转导的参与蛋白。

了解内容：多种疾病相关信号通路及其作用。

13.细胞周期的调控

掌握内容：细胞周期调控的机制；细胞周期调控蛋白；周期蛋白依赖性激酶。

了解内容：CDK抑制因子；转录因子E2F；细胞周期与心血管疾病。

14.细胞周期检验点调控

掌握内容：细胞周期检控点作用分子机制；重要的细胞周期检控点。

了解内容：细胞周期检控点与癌症的发生；细胞周期检控点蛋白质与细胞中其他生命过程的关系。

15.细胞分裂期纺锤体的组装

掌握内容：有丝分裂纺锤体的分子构成；纺锤体自装配模型；染色体与微管结合的分子机制。

了解内容：染色质构型对DNA复制起始的影响；DNA复制相关的细胞周期检控点。

16.干细胞

掌握内容：胚胎干细胞的生物学特性；干细胞的基本生物学机制；干细胞与细胞衰老和凋亡。

了解内容：成体组织干细胞；肿瘤与干细胞；肿瘤干细胞假说。

17.细胞死亡的分子调控

掌握内容：不同细胞的程序化死亡形式；半胱氨酸蛋白酶家族；内源的细胞凋亡途径。

了解内容：p53直接参与线粒体介导的细胞凋亡；MicroRNA与细胞程序化死亡。

18.程序性细胞坏死

掌握内容：抑制线粒体呼吸引起细胞坏死；钙离子介导的细胞坏死；活性氧诱导的细胞坏死。

了解内容：溶酶体蛋白酶和溶酶体；多细胞动物细胞坏死的生理功能相关性。

三、参考资料

《分子细胞生物学》第二版.陈晔光、张传茂主编.清华大学出版社.2011年9月出版

《医学细胞生物学》第五版.陈誉华主编.人民卫生出版社.2013年3月出版

四、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	真核基因表达调控	4	4	0
2	表观遗传学	4	4	0
3	RNA 沉默	4	4	0
4	染色质可塑性与基因组稳定性	4	4	0
5	DNA 损伤与修复	4	4	0
6	翻译后水平的蛋白质修饰	4	4	0
7	细胞内囊泡运输	4	4	0
8	细胞内吞作用	4	4	0
9	自吞噬的分子机制与功能	4	4	0
10	核膜结构、动态变化及其功能	4	4	0
11	细胞粘附	4	4	0
12	细胞信号转导	4	4	0
13	细胞周期的调控	4	4	0
14	细胞周期检验点调控	4	4	0
15	细胞分裂期纺锤体的组装	4	4	0
16	干细胞	4	4	0
17	细胞死亡的分子调控	4	4	0
18	程序性细胞坏死	4	4	0
合计		72	72	0

JAVA 语言程序设计

一、课程简介

本课程是计算机各专业学生必修的专业教育课，是数据结构、操作系统等课程的前导课程。同时它也是一门实践性很强的课程，既要掌握概念，又要动手编程，还要上机调试运行。本课程的目的在于使学生初步具备软件开发的能力，为今后计算机的编程打下良好、扎实的理论基础。

本课程的教学目的在于培养学生学会分析问题的方法和基本问题的解决能力，初步了解程序设计的技巧和方法。初步了解程序设计的技巧和方法、掌握java语言的基本内容及程序设计的基本方法与编程技巧，并能够运用java编写一些小程序，为以后继续学习打下基础。

二、理论教学内容

1.软件开发基础与Java语言概述

掌握内容：Applet与Application；Java程序的开发过程与运行环境。

了解内容：软件运行原理，操作系统与计算结构的发展；软件开发过程与运行环境；Java语言发展的历史；Visual J++6.0、JCreator LE开发工作台的功能。

2.Java语言基础

掌握内容：掌握Java程序的输入输出；掌握简单的终端输入输出方法；掌握Java的数据类型、常量和变量的概念；掌握常用运算符的使用；掌握Java程序的输入输出并在试验中运用。

了解内容：了解表达式的构成、求值顺序和表达式中的类型转换。

3.Java语言的结构化程序设计

掌握内容：掌握程序执行的流程；掌握Java的三种控制结构，包括顺序控制语句、分支控制语句、循环控制语句；掌握定义和使用Java的方法，并在实验中使用Java的方法。

了解内容：了解各种迭代语句之间的关系和相互转换的方法；了解转移语句对程序结构的影响。

4.面向对象的软件开发基础

掌握内容：掌握面向对象的基本概念：对象、类与实体、对象的属性；掌握抽象、封装、继承、多态。

了解内容：了解面向对象软件开发的基本过程，面向对象的分析和设计阶段；了解面向对象程序设计方法的可重用性、可扩展性、可管理性。

5.Java面向对象编程基础

掌握内容：掌握类定义的方法和类头及其类体；掌握创建类的实例对象；掌握类及其属性和方法的各种访问控制修饰符；掌握最终类、最终属性、最终方法与终结器。

了解内容：了解构造函数及其使用；了解静态属性、静态方法与静态初始化器；了解其他修饰符及修饰符的混合使用。

6.深入面向对象的程序设计

掌握内容：掌握继承关系的定义、属性的继承和隐藏、方法的继承、重载与覆盖、父类对象与子类对象的使用和转化、构造函数的继承和重载；掌握接口的基本概念、借口的声明、接口的实现；掌握编程中的错误、异常与异常类、异常的抛出、异常的处理。

了解内容：了解创建包、包的引用。

7.常用工具、算法与数据结构

掌握内容：掌握数组、向量类。

了解内容：了解Java的类库结构；语言基础类库；了解字符串常量与String类、字符串变量与StringBuffer类、Java Application的命令行参数。

8.Applet与图形用户界面

掌握内容：掌握Applet类及主要方法；掌握HTML中的Applet标记、向Applet传递参数；掌握容器、控制组件、用户自定义成分；掌握绘制图形、显示文字、控制颜色、显示图像、实现动画。

了解内容：了解Applet基本工作原理；了解JDK1.02的事件处理机制、JDK1.1的事件处理机制；掌握事件类体系、监听者接口；了解基本控制组件、布局组件、容器组件。

9.Java网络程序设计及相关技术

掌握内容：掌握Java输入输出类库、数据输入输出流、文件的处理和随机访问；掌握Java中的线程、Java的线程类与Runnable接口；如何在程序中实现多线程、线程的同步与死锁；掌握基于连接的流式套接字、无连接的数据报；掌握利用URL类访问网上资源、使用URLConnection类、用Applet方法访问网络资源。

了解内容：了解网络应用的层次和结构；了解Java程序对数据库的访问和操作（JDBC）。

三、实验教学内容

1.类的封装与打包

基本内容：掌握类的封装与打包。

基本要求：定义java类，实现类的封装，使用基本的jar包；利用已有的jar包来编辑程序。

2.继承、多态和异常

基本内容：掌握多态、异常的概念和使用，体会Java异常处理、多态性及其在程序设计中的作用。

基本要求：实现程序的异常处理机制、学习类的继承及多态。

3.Java数据流

基本内容：掌握数据流的基本概念，掌握多种读取/写入数据的方法。

基本要求：使用各种字符流、String流、文件流等实现对于多种数据的读和写。

4.多线程程序设计

基本内容：Java线程的创建、状态和线程的控制。

基本要求：实现多线程控制。

5.创建图形用户界面

基本内容：利用Jbuilder的界面生成器或者JDK等开发工具生成应用程序界面，用消息机制实现对象之间的交互。

基本要求：创建个性化的应用程序用户界面，并实现简单的交互功能。

6.applet程序

基本内容：掌握Java输入输出类库、数据输入输出流、文件的处理和随机访问；掌握Java中的线程、Java的线程类与Runnable接口、如何在程序中实现多线程、线程的同步与死锁；了解网络应用的层次和结构；掌握基于连接的流式套接字、无连接的数据报；掌握利用URL类访问网上资源、使用URLConnection类、用Applet方法访问网络资源；了解Java程序对数据库的访问和操作（JDBC）。

基本要求：构建简单的applet小程序。

四、参考资料

1.参考书

《JAVA程序设计》.辛运伟.清华大学出版社.2000

《JAVA编程思想》.Bruce Eckel.机械工业出版社.2002

《JAVA2编程指南》.Ivor Horton.电子工业出版社.2003

《Python程序设计基础》.李东方.电子工业出版社.2017

2.网络资源

Java语言-中国大学MOOC (<http://www.icourse163.org/course/ZJU-1001541001>)

Java程序设计-中国大学MOOC (<http://www.icourse163.org/course/PKU-1001941004>)

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	软件开发基础与 Java 语言概述	6	2	4
2	Java 语言基础	6	2	4
3	Java 语言的结构化程序设计	6	2	4
4	面向对象的软件开发基础	10	6	4
5	Java 面向对象编程基础	10	6	4
6	深入面向对象的程序设计	10	6	4
7	常用工具、算法与数据结构	8	4	4
8	Applet 与图形用户界面	6	4	2
9	Java 网络程序设计及相关技术	4	2	2
合计		66	34	32

大学生心理健康教育

一、课程简介

帮助大学生树立正确的心理健康观念,认识心理健康的重要性,掌握大学生心理健康的标准,对心理健康有一个初步的认识。旨在培养健全人格,促进社会和谐,为实现中华民族伟大复兴的中国梦培养身心健康的合格人才。

大学生的心理素质不仅关系到他们自身的发展,还关系到全民族的素质提高,课程中将讲述大学生的心理正常状态与心理困扰和心理问题,帮助他们顺利的完成大学阶段的学习生活,进入职业社会。

二、理论教学内容

1.课程导言

掌握内容:心理健康概念、标准、特点及基本原则。

了解内容:心理变化、适应及适应方式。

2.自我意识

掌握内容:自我意识的概念、内涵和结构。

了解内容:学会接纳自己、自我沟通和自我整合。

3.认知发展

掌握内容:认知过程的特点。

了解内容:大学生认知问题的表现和成因。

4.情绪发展

掌握内容:调控情绪的方法、情绪管理的技巧。

了解内容:情绪的要素和功能。

5.意志发展

掌握内容:健全意志的标准。

了解内容:大学生意志的特点、规律、表现和成因。

6.个性发展

掌握内容:大学生个性的特点、健康个性的标准。

了解内容:大学生所处的个性发展阶段。

7.恋爱与性心理

掌握内容:大学生常见的恋爱心理问题、性心理健康标准。

了解内容:了解大学生爱情心理特点和性心理特点。

8.学习心理

掌握内容:学习的概念、学习动机缺乏的影响。

了解内容:学习倦怠的症状及预防。

9.交往心理

掌握内容:人际交往的概念、人际冲突的解决方法。

了解内容:人际吸引的因素。

10.生命教育

掌握内容:理解生命的意义、如何获得幸福。

了解内容:对生命的过程有科学的认知。

11.择业心理与休闲心理

掌握内容:大学生择业的心理困惑。

了解内容:择业心理与休闲心理的特点。

12.心理咨询与危机干预

掌握内容：大学生常见的心理问题。

了解内容：心理咨询的类型、如何应对心理危机。

三、参考资料

1.参考书

《大学生心理健康教育》第一版.金宏章主编.科学出版社.2009年8月出版

2.网络资源

中国大学生网-心理健康（www.chinacampus.org/xinlijiankang）

四、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	课程导言	2	2	0
2	自我意识	2	2	0
3	认知发展	2	2	0
4	情绪发展	2	2	0
5	意志发展	2	2	0
6	个性发展	2	2	0
7	恋爱与性心理	2	2	0
8	学习心理	2	2	0
9	交往心理	2	2	0
10	生命教育	2	2	0
11	择业心理与休闲心理	2	2	0
12	心理咨询与危机干预	2	2	0
合计		24	24	0

马克思主义基本原理

一、课程简介

本课程是高校设置的公共政治理论课，综合教育必修课课程，属于人文社会与职业素养课程群。是引导大学生树立正确世界观、人生观、价值观的必要手段，是帮助其形成科学、辩证思维的有效途径，是社会制度对人才知识、能力结构的根本要求。

通过本课程的学习，使学生完整地把握马克思主义哲学、马克思主义政治经济学以及科学社会主义的基本理论和基本知识。具体掌握马克思主义唯物论、辩证法和认识论的基本原理、基本规律和根本方法，正确认识人类社会的本质、社会发展动力和社会发展基本规律，正确认识资本主义生产方式的本质，正确认识资本主义政治制度和意识形态的实质，正确理解当代资本主义新变化的特点及其实质，深刻理解资本主义为社会主义所代替的历史必然性，正确认识社会主义在其发展过程中出现的各种新情况、新问题，正确运用辩证唯物主义的世界观和方法论分析和解决改革开放环境下社会主义现代化建设中面临的各种问题，使学生自觉成为中国特色社会主义事业的合格接班人。

二、理论教学内容

1.马克思主义是关于无产阶级和人类解放的科学

掌握内容：马克思主义的本质特征；马克思主义过时论辨析。

了解内容：什么是马克思主义；马克思主义的产生和发展；努力学习和自觉运用马克思主义。

2.世界的物质性及其发展规律

掌握内容：马克思主义的物质观；社会生活本质上是实践的；对立统一规律；质量互变规律；主观能动性与客观规律性的关系。

了解内容：哲学和哲学的基本问题；运动和静止的关系；意识的本质和意识的能动性以及物质和意识的辩证关系；唯物辩证法的两大基本特征；量变和质变的辩证关系；事物发展的前进性和曲折性辩证关系；唯物辩证法的基本思维方法。

3.认识世界和改造世界

掌握内容：认识的本质；科学的实践观及实践对认识的决定作用；认识运动的一般规律；实践是检验真理的唯一标准。

了解内容：感性认识与理性认识的辩证关系；真理的客观性、绝对性和相对性的相互关系；辩证唯物主义的认识论与党的思想路线的统一。

4.人类社会及其发展规律

掌握内容：生产力和生产关系的辩证关系；生产关系一定要适合生产力发展状况规律；经济基础与上层建筑的辩证关系；上层建筑一定要适合经济基础状况规律；生产力是社会发展的最终决定力量；人民群众是历史的创造者与个人在历史上的作用。

了解内容：社会历史观的基本问题及其重要意义；阶级斗争、革命和改革、科学技术在社会发展中的作用；社会意识的相对独立性及其对社会主义精神文明建设的意义。

5.资本主义的形成及其本质

掌握内容：价值规律的内容、表现形式和作用；剩余价值论的基本内容及其意义；剩余价值规律是资本主义的基本经济规律；资本主义基本矛盾及其表现形式与经济危机；资本主义政治制度和意识形态的特点及实质。

了解内容：资本原始积累及其在资本主义生产方式形成中的作用；私有制基础上商品经济的基本矛盾及其发展规律；商品价值的质与量；货币的本质、职能及货币流通规律。

6.资本主义发展的历史进程

掌握内容：经济全球化的本质、内容、表现及其后果；当代资本主义的新变化的特点及其实质。

质；国家垄断资本主义的形成、资本主义矛盾实质及调控手段；资本主义的历史地位及其为社会主义所代替的历史必然性、复杂性和长期性。

了解内容：垄断资本主义的形成及其发展变化的特点和实质；资本输出与垄断资本的国际扩张。

7.社会主义社会及其发展

掌握内容：在实践中深化对社会主义本质、基本特征的认识；经济文化相对落后的国家社会主义建设的艰巨性和长期性；社会主义发展道路的多样性；社会主义的自我发展和完善；马克思主义政党在社会主义革命和建设中的地位与作用。

了解内容：空想社会主义的积极贡献及其局限性；社会主义从空想变为科学的理论基础；无产阶级革命与社会主义制度的建立；无产阶级专政和社会主义民主；20世纪社会主义制度的巨大贡献和历史经验。

8.社会主义社会及其发展

掌握内容：马克思主义经典作家预见未来社会的科学立场和方法；共产主义社会理想实现的历史必然性和长期性；实现共产主义不能超越社会主义发展阶段；共产主义远大理想与建设中国特色社会主义共同理想的关系。

了解内容：在对未来理想社会的认识上，马克思主义经典作家与空想社会主义者的本质区别；共产主义社会的基本特征。

三、实验教学内容

1.社会主义社会及其发展

基本内容：社会主义发展进程中经验教训总结和反思。

基本要求：要求学生查阅相关资料，独立思考，写出相应论文。

2.对本门课程的总结

基本内容：学习马克思主义基本原理课的感想和收获。

基本要求：结合学习和自身实际；写出真实体会；字数1000字以上。

四、参考资料

《马克思恩格斯选集》第1卷、第3卷、第4卷.马克思、恩格斯.人民出版社.1995年出版
《马克思恩格斯全集》第44卷、第45卷、第46卷.马克思、恩格斯.人民出版社.2003年出版

版

《马克思主义基本原理概论》.逢锦聚等.高等教育出版社.2010年出版

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	马克思主义是关于无产阶级和人类解放的科学	4	4	0
2	世界的物质性及其发展规律	10	10	0
3	认识世界和改造世界	6	6	0
4	人类社会及其发展规律	6	6	0
5	资本主义的形成及其本质	10	10	0
6	资本主义发展的历史进程	6	6	0
7	社会主义社会及其发展	4	4	4
8	共产主义是人类最崇高的社会理想	2	2	0
9	学习本门课的感想和收获	2	0	2
合计		54	48	6

分子组学基础

一、课程简介

《分子组学基础》是生物信息学专业的专业基础课程。通过本课程的学习，让学生系统的认识人类及其相关物种，特别是细菌、病毒等重要的病原微生物基因组的全貌、共性及差异化特征，了解基因组相关的修饰（表观组、变异组）、产物（转录组、蛋白质组、酶和受体组）等重要的组学分子类型的作用方式及其对表型和疾病形成过程的影响。本课程是生物医学工程专业学生后续的生物信息学类、系统生物学类和药物组学分析类课程学习的基础，将为学生进一步学习基于基因组及其衍生的各种组学大数据信息开展药物设计和研发提供必要的知识储备。

二、理论教学内容

1.基因组

掌握内容：真核生物染色体、原核生物染色体特征；人类基因组，其他生物基因组。

了解内容：DNA的化学组成、功能特性；RNA的结构、修饰与功能；蛋白质的结构与功能；中心法则；DNA的构型与功能；基因组的序列组成；基因的组成；C值与C值悖论；蛋白质的多样性；大分子序列的复杂性；基因家族的概念；假基因；异常结构基因。

2.遗传图绘制

掌握内容：遗传作图和物理作图的概念；常用的DNA标记和特点连锁不平衡的概念；重组率的计算方法；不同的遗传作图方法；人类遗传作图；其他（水稻）遗传作图情况。

了解内容：孟德尔遗传学的概念；连锁分析的概念和特征；常用数据库搜索工具的参数的意义。

3.物理图绘制

掌握内容：限制性作图的原理；限制性作图的方法和局限；基于克隆的基因组作图流程；人类基因组和水稻基因组整合图的基本情况；重叠群的概念。

了解内容：大分子DNA的克隆载体构建和相关概念；指纹作图的相关概念；原位染色体连锁图的绘制方法；辐射杂种作图的技术原理、程序与方法；表达序列标签的概念。

4.基因组测序与序列组装

掌握内容：链终止法和化学降解法的概念和技术原理；第二代测序技术的原理、特点和关键技术指标；基因组测序的基本策略；读序的概念；序列组装中的重要术语。

了解内容：第一代DNA测序技术的特点、操作流程和相关概念；第二代测序技术的发展状况；第三代测序技术的关键技术流程和相关概念；测序覆盖度的概念；序列间隙与物理间隙的概念；不同测序方法的序列组织技术流程。

5.基因组序列注释

掌握内容：基因的注释流程；计算机预测基因功能的一般思路；基因功能检测的常用技术；基于进化的基因功能注释方法。

了解内容：基因搜寻相关的关键概念；基因的命名和分类原则；同源基因的概念和查找思路；基因注释软件；基因确认的实验方法；蛋白质结构域与基因功能注释；功能基因组学的概念；功能基因组学研究的范畴和重要的技术领域；基因本体的概念。

6.基因组解剖

掌握内容：原核生物基因组的物理结构及相关概念；原核生物基因组的遗传组成；真核生物基因组的物理结构及相关概念；真核生物细胞器基因组；人类基因组的结构与组成；拟南芥基因组的结构与组成。

了解内容：DNA转座子的概念；逆转录因子与分散重复序列家族的概念；串联重复序列的概念及其分布。

7.基因的转录调控与转录物组

掌握内容：非编码RNA的种类和概念；长非编码RNA的概念及生物学意义。

了解内容：原核生物基因的转录过程及相关概念；真核生物基因的转录过程及相关概念；转录因子的概念、分类及其作用方式；细胞中的转录物组分；mRNA的概念和特征；mRNA前体剪接加工的研究进展；mRNA的定位与降解；mRNA的修饰过程；基因组非编码RNA的发现与功能。

8.蛋白质组

掌握内容：翻译的整体调控；翻译的专一性调控；蛋白质的剪切加工；蛋白质折叠；蛋白质降解标记—泛素化；蛋白酶体；蛋白质降解的生物学意义。

了解内容：密码子与反密码子互作；tRNA酰胺化过程；蛋白质合成中核糖体的作用；蛋白质翻译后化学修饰。

9.基因组表观遗传

掌握内容：绝缘子的概念；位置效应与表观遗传；副突变；单等位基因表达；表观遗传通路的概念和意义（诱导、起始、维持）；表观遗传密码。

了解内容：表观遗传学的概念与研究范畴；表观遗传的机制；表观遗传学的与表型关联性；DNA甲基化的概念与机制；DNA甲基化的调控作用；基因组印记的概念；核小体修饰与基因表达；染色质重建的两个模型；表观遗传现象和研究进展。

10.基因组的复制

掌握内容：DNA复制的拓扑学；DNA拓扑酶及其功能；复制的起始点；复制的起始、延伸、终止等过程；古细菌基因组的复制；酵母DNA复制起始点；高等真核生物DNA复制起始点；真核生物复制叉上的事件；端粒复制；基因组复制与细胞的分裂；细胞S期的调控。

了解内容：半保守复制；复制的特点；叶绿体基因组的复制；线粒体基因组的复制。

11.基因组进化的分子基础

掌握内容：同源重组；位点专一性重组；双链断裂重组模型；DNA转座；逆转录转座。

了解内容：突变的机制与效应；DNA修复机制；超突变与程序性突变；染色体重排；DNA单链的非对称性进化。

12.基因组与生物进化

掌握内容：基因与基因组加倍；DNA水平转移；转座子与基因组进化；内含子的起源；DNA系统发生树；表征学和分支系统学；生命的起源；人类的起源；现代人的起源；生物多样性的遗传基础；生物多样性的分子机制。

了解内容：基因组的起源；重复基因的命运；外显子洗牌与蛋白质创新；基因组非编码序列的进化；基因组同线性；基因岛和基因协同进化；基因与调控序列的保守性；基因调控的进化与生物多样性。

三、参考资料

1.参考书

《基因组学》第三版.杨金水主编.高等教育出版社.2013年出版

《生物信息学》第二版.李霞主编.人民卫生出版社.2015年6月出版

《遗传学：基因和基因组分析》第8版.D.L.哈特尔著.科学出版社.2015

2.网络资源

生物信息学-中国大学MOOC (<http://www.icourse163.org/course/SDU-1001907001>)

基因组学与人类未来-网易公开课

(http://open.163.com/movie/2007/4/M/I/M7SOVKE06_M7SOVQVMI.html)

四、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	基因组	4	4	0
2	遗传图绘制	2	2	0
3	物理图绘制	6	6	0
4	基因组测序与序列组装	6	6	0
5	基因组序列注释	6	6	0
6	基因组解剖	6	6	0
7	基因的转录调控与转录物组	4	4	0
8	蛋白质组	4	4	0
9	基因组表观遗传	4	4	0
10	基因组的复制	4	4	0
11	基因组进化的分子基础	2	2	0
12	基因组与生物进化	6	6	0
合计		54	54	0

生物统计学

一、课程简介

《生物统计》是生物信息学本科专业的一门理论性和实用性都较强的专业基础课，是在学习了数学分析、线性代数和概率论与数理统计等课程，以及部分生物基础课程后开设的一门课程。本门课程主要讲解在生物学，尤其是生物信息学中应用较多的统计学原理和方法，其主要目的是培养学生具有科学试验设计的能力和对试验资料进行统计分析处理的能力。生物统计学课程也是后续高等多元统计和统计遗传学课程的基础。课程主要任务是培养学生初步掌握基本的生物统计的原理与方法；培养学生掌握常用的实验设计方法和统计分析；培养学生掌握生物统计基本理论、基本技术和常用方法，能够用生物统计方法和技术对试验资料进行正确的统计分析；培养学生掌握必要的计算机统计分析技术，能够采用合理方法对数据进行统计分析。

二、理论教学内容

1. 统计描述

掌握内容：连续型数据和离散型数据频数分布表的制作方法；计量和分类资料数据的平均数、标准差、偏斜度和峭度，以及变异系数的计算方法和应用；条图、圆图、百分条图、线图、直方图、散点图和盒式图的绘制方法。

了解内容：几个常用的统计术语，及样本与总体的关系。

2. t 检验

掌握内容：单样本 t 检验、配对样本 t 检验和独立样本 t 检验的基本原理和他们之间的区别；两样本方差齐性检验和两总体方差不相等时的均值比较 t 检验。基于基因芯片数据应用 t 检验寻找差异表达基因。

3. 拟合优度检验

掌握内容：检验的意义、原理与基本步骤；拟合优度检验的一般原理；独立性检验。

了解内容：精确Fisher检验的方法。

4. 方差分析

掌握内容：方差分析的意义、基本原理和基本步骤；单因素方差分析的基本原理；单因素方差分析的基本方法和步骤；多重比较的基本原理和方法；Permutation方法和多重检验校正。方差分析中数据转换的方法，固定效应模型、随机效应模型。

了解内容：方差分析的数学模型与期望均方，方差分析应具备的条件。

5. 两因素及多因素方差分析。

掌握内容：两因素固定模型，两因素随机模型、两因素混合模型。两个以上因素的方差分析。缺失数据的估计。

了解内容：两因素方差分析中的一些基本概念。

6. 一元回归及简单相关分析

掌握内容：一元线性回归分析的步骤与方法，一元线性回归分析的显著性检验的方法。简单相关分析的概念。

了解内容：一元非线性回归。

7. 多元回归及复相关分析

掌握内容：多元线性回归分析的意义及多元线性回归方程的建立方法，多元线性回归关系的显著性检验方法，偏回归系数的显著性检验方法。多元线性回归分析的应用。

了解内容：复相关分析，逐步回归分析。

三、实验教学内容

1. *t*检验和拟合优度检验

基本内容：利用R语言对数据进行*t*检验，拟合优度检验。

基本要求：能够利用R语言进行*t*检验（差异表达基因的筛选），会判断样本是否满足正态性和方差齐性。

2. 回归和相关分析

基本内容：一元线性回归的基本思想和方法，多元线性回归的基本思想和方法，非线性回归到基本思想和方法，它们之间的区别和联系，各自的应用范围，回归分析用计算机软件（R）的具体实现以及对分析结果的解释。

基本要求：掌握利用计算机软件（R）进行一元及多元的线性回归，进行简单相关分析，并能够对结果进行科学的统计学解释（基于表达谱数据分析表达与高血压之间的回归关系）。

3. 方差分析

基本内容：单因素方差分析的分类（固定模型和随机模型），各自的应用范围，他们之间的区别于联系，用计算机软件（R）的具体实现以及分析结果的解释。两因素方差分析的分类（固定模型、随机模型和混合模型），各自的应用范围，他们之间的区别于联系，多因素方差分析，用计算机软件（R）的具体实现以及分析结果的解释。

基本要求：掌握利用计算机软件（R）进行单因素固定模型和随机模型的方差分析、两因素和多因素方差分析并能够都结果进行科学的统计学解释。

四、参考资料

1. 参考书

《生物统计学》第三版.杜荣骞主编.高等教育出版社.2009年出版

《生物统计附试验设计》第二版.贵州农学院主编.农业出版社.1989年出版

《生物统计学》第一版.李喜春等主编.科学出版社.2008年出版

《生物统计学》李春喜,姜丽娜,邵云,张黛静.科学出版社.2017年07月

2. 网络资源

R:<https://www.r-project.org/>

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	统计描述	6	4	2
2	<i>t</i> 检验	6	4	2
3	拟合优度检验	8	6	2
4	方差分析	12	8	4
5	两因素及多因素方差分析	8	6	2
6	简单线性回归	8	6	2
7	多元回归及复相关分析	8	6	2
合计		56	40	16

运筹学

一、课程简介

运筹学（Operations Research）作为一门独立的新兴学科已越来越得到国际和国内的广泛重视，它的理论和方法在科学管理、工程技术、社会经济、军事领域、社会决策等方面起着重要作用，并已产生巨大的经济效益。运筹学主要研究管理与经济等工作中存在的各种优化问题，探讨解决问题的思路、方法和途径，为决策者的正确决策提供科学依据，并在生物信息学中有着重要的应用。

通过本课程的学习，使学生能够了解运筹学课程的性质，掌握运筹学的一些主要理论和方法，培养学生能运用模型来研究解决管理中实际问题的能力；通过原理介绍、算法讲解、案例分析等，使学生建立起整体优化的观念和系统分析的能力；通过介绍基本的实用软件（LINGO）的使用方法，使学生具备运用计算机软件工具对各类运筹学模型进行求解和结果分析的能力，力争做到学以致用。

二、理论教学内容

1.绪论

了解内容：运筹学简史；运筹学的性质和特点以及运筹学的展望，运筹学模型的分类。

2.线性规划建模及单纯形法

了解内容：一般线性规划问题的数学模型；由经济问题引出模型，由多个实例引起学习兴趣；图解法。

掌握内容：单纯形法原理；单纯形法的解题步骤；绘制单纯形表；人工变量法的应用；能独立完成问题求解；大M法；两阶段法；矩阵形式的单纯形法及改进单纯形法的步骤；线性规划矩阵形式及推导过程。

3.线性规划问题的对偶与灵敏度分析

了解内容：对偶问题的基本性质；影子价格及经济意义。

掌握内容：原问题和对偶问题的相互转化；对偶单纯形法及其适用范围；灵敏度分析。

4.运输问题

了解内容：运输问题的数学模型和特征；产销不平衡的运输问题。

掌握内容：运输问题的表上作业的原理及解题步骤；产销平衡和产销不平衡问题之间的相互转换。

5.动态规划

了解内容：多阶段的决策问题；动态规划的研究对象和基本概念。

掌握内容：最优化原理与动态规划的数学模型，动态规划模型的表述方法；离散确定性动态规划模型的求解的逆序算法。

6.决策分析

了解内容：决策的分类；效用理论在决策中的应用。

掌握内容：确定型、不确定型和风险型决策问题的决策规则；效用理论的概念。

三、实验教学内容

1.LINGO的基础知识、线性规划模型运算程序的设计

基本内容：LINGO界面；文件类型；集合和属性；基本集合和派生集合；稠密集合和稀疏集合；用LINGO软件求解线性规划模型。

基本要求：掌握LINGO软件的基本用法；熟悉集合和属性的概念；LINGO模型的基本要素；求解线性规划模型。

2.灵敏度分析、影子价格的应用

基本内容：利用LINGO软件做灵敏度分析；求解影子价格并根据其经济意义解决实际问题。

基本要求：掌握灵敏度分析结果和影子价格的经济含义。

四、参考资料

1.参考书

《优化建模与LINDO/LINGO软件》第一版.谢金星著.清华大学出版社.2005年7月出版

《运筹学》第一版.吴祈宗著.机械工业出版社.2006年8月出版

《运筹学基础及应用》第六版.胡运权著.高等教育出版社.2014年2月出版

2.网络资源

最优化算法-上海交大 (http://www.iqiyi.com/w_19rry0vith.html)

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	绪论	0.5	0.5	0
2	线性规划建模及单纯形法	16	12	4
3	线性规划问题的对偶与灵敏度分析	8	8	0
4	运输问题	9.5	5.5	4
5	动态规划	8	8	0
6	决策分析	6	2	4
合计		48	36	12

疾病组学基础

一、课程简介

疾病组学基础（Disease Omics Basis）是供生物信息、生物技术和生物医学工程专业学生学习和了解疾病知识的一门基础医学课程。它是概要介绍人体的正常形态结构与功能活动规律以及疾病状态下功能变化以及其机制的一门科学，是一门贯通基础医学各学科、廓清基础医学整体脉络的综合性课程。它突破传统医学课程的构架，而以“器官、系统为主线”，从正常和异常两个方面重组、融合人体解剖学、组织胚胎学、细胞生物学、生理学、生物化学、微生物学、免疫学、病理学以及病理生理学等 10 余个学科的课程内容，使基础医学知识体系高度融合、学科间的知识互相渗透、通过本课程的学习，学生学会对正常机体体系有一个整体的、明晰的、概要的认知，为以后的研究复杂疾病奠定必需的知识基础。

本课程的教学任务是使学生能够学会从分子、细胞、组织、器官、系统水平和整体水平，理解人体的结构、功能以及疾病发生发展过程，结合生物技术专业特点，为学习有关的专业理论知识奠定必要的基础。

二、理论教学内容

1.绪论

掌握内容：疾病组学基础的研究主要内容。

了解内容：疾病组学基础的课程性质与学习目标。

2.生命的基本单位—细胞

掌握内容：细胞的基本结构；细胞的物质运输方式。

了解内容：了解疾病组学的前沿动态。

3.人体器官、系统

掌握内容：血液组成；血细胞；纤维蛋白溶解。

了解内容：运动系统常见疾病；髓系肿瘤。

4.循环系统的结构、功能与疾病

掌握内容：血环系统的结构；影响心脏泵血的功能的因素；血管的结构和功能。

了解内容：心血管系统疾病。

5.泌尿系统的结构、功能与疾病

掌握内容：泌尿系统的组成；肾脏的结构尿生成；血浆清除率。

了解内容：泌尿系统疾病。

6.生殖系统的结构、功能与疾病

掌握内容：女性生殖器结构和功能；男性生殖器结构和功能；胚胎发生过程。

了解内容：生殖系统疾病。

7.呼吸系统的结构、功能与疾病

掌握内容：呼吸系统的结构；肺容量与肺通气量；气体交换的原理；呼吸的反射性调节。

了解内容：呼吸系统常见疾病。

8.消化系统的结构、功能与疾病

掌握内容：消化系统的结构；消化的内分泌功能；胰液分泌；小肠内主要营养物质的吸收。

了解内容：消化系统常见疾病。

9.内分泌系统结构、功能与疾病

掌握内容：内分泌系统结构。

了解内容：内分泌系统疾病。

10.神经系统的结构、功能与疾病

掌握内容：下丘脑-垂体系系统；甲状腺功能的调节；胰岛素；神经系统结构；神经元；神经纤维和神经胶质细胞。

了解内容：神经系统疾病。

11.物质代谢

掌握内容：酶的概念；呼吸链；糖的氧化分解；糖原的合成与分解；糖异生；脂类的消化与吸收；蛋白质的消化；吸收和腐败；核苷酸的合成与分解；蛋白质代谢的相互联系。

了解内容：酶促反应的动力学；血糖；血浆脂蛋白；核苷酸的抗代谢物；代谢调节。

12.病原生物学

掌握内容：细菌的形态结构；细菌的致病性与抗菌免疫；病毒的生物学性状；病毒感染与抗病毒感染免疫。

了解内容：病原生物的代谢与繁殖；病原生物的控制；细菌感染的检查与防治原则；病毒感染的预防治疗。

13.遗传与遗传病

掌握内容：常染色体显；隐性遗传；X连锁遗传；常染色体病；性染色体病。

了解内容：人类染色体的形态结构；常见多基因遗传病；遗传病的预防。

14.免疫学

掌握内容：非特异性免疫和特异性免疫的应答过程。

了解内容：免疫系统的构成。

15.药理学

掌握内容：药物代谢动力学；药物效应动力学。

了解内容：内脏系统药物及抗组胺药；激素类药物；抗病原微生物药物。

三、参考资料

《基础医学概论》第一版.王威、蔡青主编.清华大学出版社.2014年8月出版

《基础医学概论》第一版.楼新法主编.浙江大学出版社.2012年7月出版

病理与健康-中国大学MOOC <http://www.icourse163.org/course/SEU-1001755397>

四、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	绪论	2	2	0
2	生命的基本单位—细胞	2	2	0
3	人体器官、系统	4	4	0
4	循环系统的结构、功能与疾病	4	4	0
5	泌尿系统的结构、功能与疾病	4	4	0
6	生殖系统的结构、功能与疾病	4	4	0
7	呼吸系统的结构、功能与疾病	4	4	0
8	消化系统的结构、功能与疾病	4	4	0
9	内分泌系统结构、功能与疾病	2	2	0
10	神经系统结构、功能与疾病	2	2	0
11	物质代谢	10	10	0
12	病原生物学	2	2	0
13	遗传与遗传病	4	4	0
14	免疫学	2	2	0
15	药理学	2	2	0
合计		52	52	0

Matlab 语言程序设计

一、课程简介

MATLAB 是由美国 mathworks 公司发布的主要面对科学计算、可视化以及交互式程序设计的高科技计算环境。它将数值分析、矩阵计算、科学数据可视化以及非线性动态系统的建模和仿真等诸多强大功能集成在一个易于使用的视窗环境中，为科学研究、工程设计以及必须进行有效数值计算的众多科学领域提供了一种全面的解决方案，并在很大程度上摆脱了传统非交互式程序设计语言（如 C、Fortran）的编辑模式，代表了当今国际科学计算软件的先进水平。

MATLAB 可以进行矩阵运算、绘制函数和数据、实现算法、创建用户界面、接其他编程语言的程序等，主要应用于工程计算、控制设计、信号处理与通讯、图像处理、信号检测、金融建模设计与分析等领域。MATLAB 解决计算问题要比用 C 语言等完成相同的事情简捷得多，并且 MATLAB 也吸收了像 Maple 等软件的优点，使 MATLAB 成为一个强大的数学软件。MATLAB 已经成为国际、国内许多知名大学专科、本科及研究生的必须课程，可以辅助高等代数、数学分析、高通量数据处理等多门学科的学习，为本科毕业设计和进一步科研提供帮助。

二、理论教学内容

1. MATLAB 基础

掌握内容：MATLAB 用户界面；MATLAB 基本用法；基本运算；常用的操作命令和快捷键；MATLAB 支持的数据结构与数据类型。

了解内容：MATLAB 发展史；复数表示及运算；数字数据类型操作函数。

2. 向量、数组和矩阵

掌握内容：向量、数组与矩阵的创建；注意区分矩阵和数组的差别，特别是运算符的差别。矩阵运算和数组运算；注意区分矩阵和数组的差别，特别是运算符的差别。

了解内容：多项式的创建方法和基本运算。

3. MATLAB 程序设计

掌握内容：循环语句、分支语句的编写；脚本 M 文件；函数 M 文件；程序的调试；函数 M 文件的结构、规则；函数变量；函数参数与调用。

了解内容：人机交互语句；程序的错误处理；程序的分析 and 优化；函数的递归调用。

4. 图形绘制

掌握内容：图形窗口的创建与控制，以及图形窗口的基本操作。二维图形的绘制以及图形控制；线性、颜色、坐标轴的控制；字符串的生成；字符串函数。

了解内容：三维图形的绘制；图形的高级控制；特殊图形的绘制（如面积图、直方图、饼图等）。

5. 字符串与文件操作

掌握内容：字符串函数；文本操作。

了解内容：字符串的运算；字符串和数值的转换；符号运算的特点。

6. 生物信息学工具箱

掌握内容：利用 Matlab 进行基因表达分析和网络分析。

了解内容：利用 Matlab 进行基因功能研究。

7. 符号运算

掌握内容：符号矩阵；符号表达式的运算。

了解内容：符号运算的特点。

三、实验教学内容

1. MATLAB 基础

掌握内容：MATLAB用户界面；MATLAB基本用法；基本运算；常用的操作命令和快捷键；MATLAB支持的数据结构与数据类型。

了解内容：复数表示及运算；数字数据类型操作函数。

2. Matlab程序设计

掌握内容：循环语句、分支语句的编写；脚本M文件；函数M文件；程序的调试；函数M文件的结构、规则；函数变量；函数参数与调用。

了解内容：人机交互语句；程序的错误处理；程序的分析 and 优化；函数的递归调用。

3. 图形绘制

掌握内容：图形窗口的创建与控制，以及图形窗口的基本操作。二维图形的绘制以及图形控制；线性、颜色、坐标轴的控制；字符串的生成；字符串函数。

了解内容：三维图形的绘制；图形的高级控制；特殊图形的绘制（如面积图、直方图、饼图等）。

4. 生物信息学工具箱

掌握内容：利用Matlab进行基因表达分析和网络分析。

了解内容：利用Matlab进行基因功能研究。

5. 符号运算

掌握内容：符号矩阵；符号表达式的运算。

了解内容：符号运算的特点。

四、参考资料

《MATLAB实用教程》第一版.张德喜著.中国铁道出版社.2016年出版

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	MATLAB 基础	8	4	4
2	向量、数组和矩阵	4	4	0
3	MATLAB 程序设计	10	6	4
4	图形绘制	8	4	4
5	字符串与文件操作	6	4	2
6	符号运算	4	2	2
7	Matlab 的生物信息学应用	4	4	4
合计		48	28	20

数理逻辑

一、课程简介

数理逻辑又称符号逻辑、理论逻辑。它既是数学的一个分支，也是逻辑学的一个分支。是用数学方法研究逻辑或形式逻辑的学科。其研究对象是对证明和计算这两个直观概念进行符号化以后的形式系统。数理逻辑是数学基础的一个不可缺少的组成部分。虽然名称中有逻辑两字，但并不属于单纯逻辑学范畴。

本课程介绍现代逻辑的基本概念和基本方法，提供大学教育所要求的逻辑训练，提高学生严格分析与清楚论证的能力，为后续计算机课程（图论、数据结构、程序设计等）的学习打下必要的基础和先期的准备。

二、理论教学内容

本课涵盖一阶逻辑的主要内容。第一部分是预备知识，在介绍数理逻辑与传统逻辑的联系与差别的基础上，阐述数理逻辑的概念等；第二部分为命题逻辑与谓词逻辑，着重讲解各种逻辑连接词的真值表，布尔检索以及函数增长的表示法；第三部分是算法与整数，描述基本的搜索算法、算法复杂性的计算及算术基本定理、素因子分解等；第四部分为数学推理，重点讲述推理规则、递归的定义以及算法的实现和应用；第五部分为关系，阐述二元关系及其性质，介绍关系的应用。

1.数理逻辑总论

了解内容：数理逻辑的发展史、数理逻辑与传统逻辑的区别与联系、数理逻辑的研究内容、数理逻辑在计算机科学中与其他课程的联系。

2.命题逻辑

掌握内容：命题的定义；各个逻辑联结词的真值表；将自然语言翻译成逻辑表达式；命题的逻辑等价证明；逻辑运算和位运算；规范一致；析取范式和合取范式的求解。

了解内容：简单命题和复合命题；逻辑联结词的运算顺序；逆命题和逆否命题的定义；布尔检索。

3.谓词逻辑

掌握内容：谓词的定义；量词的定义；全称量化与存在量化；将自然语言翻译成逻辑表达式；谓词演算的等价关系；前束范式的求解。

了解内容：论域对命题函数的影响；绑定变量。

4.函数增长

掌握内容：大O符号的定义；大O估计；大 Ω 和大 Θ 符号的定义及区别；大 Ω 和大 Θ 估计。

了解内容：函数组合的增长。

5.算法

掌握内容：求整数序列最大元算法；线性搜索算法；对分搜索算法；算法的时间复杂性；素数的判断；算术基本定理；整数的素因子分解；gcd与lcm的求解过程；欧几里德算法求gcd；模运算；0-1矩阵的运算及意义。

了解内容：图灵机、P和NP问题。

6.数学推理

掌握内容：推理规则；证明定理的方法；数学归纳法；递归定义的初始条件及递归备件；递归算法；递归与迭代的区别。

了解内容：停机问题；数学归纳法的有效性证明；递归算法的复杂度及其物理实现机理；斐波那契数列。

7.关系

掌握内容：二元关系的定义；关系的性质；关系的组合。

了解内容：关系型数据库。

8.基本的搜索算法

掌握内容：线性搜索和对分搜索的思想，伪代码的理解以及从伪代码到Matlab程序的转换。

了解内容：三分搜索的编程思想。

9.递归算法与迭代算法

掌握内容：欧几里德算法、斐波那契数的递归算法以及迭代算法的思想。

了解内容：迭代算法和递归算法的思维方式之间的不同点以及各自的优势。

三、实验教学内容

1.基本的搜索算法

掌握内容：线性搜索和对分搜索的计算机程序实现。

了解内容：三分搜索的计算机编程实现。

2.递归算法与迭代算法

掌握内容：欧几里德算法、斐波那契数的递归算法以及迭代算法的matlab实现。

了解内容：迭代算法和递归算法的思维方式之间的不同点以及各自的优势。

四、参考资料

1.参考书

《数理逻辑与集合论》第一版.张再跃 张晓如著.清华大学出版社.2013年出版

《离散数学》第二版.屈婉玲 耿素云编著.高等教育出版社.2015年03月出版

2.网络资源

数理逻辑-中国大学慕课 (<http://www.icourse163.org/spoc/course/CNU-1002031007>)

离散数学-慕课 (http://www.08nm.com/c_157.html)

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	数理逻辑总论	1	1	0
2	命题逻辑	5	5	0
3	谓词逻辑	4	4	0
4	函数增长	2	2	0
5	算法、整数和矩阵	6	6	0
6	数学推理	4	4	0
7	关系	2	2	0
8	基本的搜索算法	4	2	2
9	递归与迭代算法	4	2	2
合计		32	28	4

中国近现代史纲要

一、课程简介

《中国近现代史纲要》课程是为全国高等学校本科生开设的一门思想政治理论课，是国家高等学校对学生进行马克思主义基本理论、中国化的马克思主义理论教学的必修课，是一门公共基础课。其任务是通过讲授中国近代以来抵御外来侵略、争取民族独立、推翻反动统治、实现人民解放的历史，帮助学生了解国史、国情，深刻领会历史和人民怎样选择了马克思主义，选择了中国共产党，选择了社会主义道路，理解中国人民走上以共产党为领导的社会主义道路的历史必然性，了解实行改革开放和搞好现代化建设的重大意义和选择社会主义的正确性。使学生自觉地继承和发扬近代以来中国人民的爱国主义传统和革命传统，进一步增强民族的自尊心、自信心和自豪感，增强爱国情感和建设社会主义现代化强国的使命感，进一步树立“只有社会主义才能救中国，只有社会主义才能发展中国”的信念，坚定走中国特色社会主义道路的信心。

二、理论教学内容

1. 综述 风云变换的八十年

掌握内容：近代以来中华民族面对争取民族独立和人民解放、实现国家繁荣富强和人民共同富裕两大历史任务及其相互关系。

了解内容：近代中国社会的半殖民地半封建社会性质及其主要矛盾和基本特征。

2. 反对外国侵略的斗争

掌握内容：近代中国历次反侵略战争失败的根本原因。

了解内容：近代中国人民抵御外国侵略斗争的历史。

3. 对国家出路的早期探索

掌握内容：太平天国运动、洋务运动、戊戌变法的基本内容及历史意义。

了解内容：太平天国运动、洋务运动、戊戌变法的失败原因和历史教训。

4. 辛亥革命与君主专制制度的终结

掌握内容：辛亥革命失败的历史原因和教训，辛亥革命的性质和历史意义。

了解内容：辛亥革命爆发的历史条件，认识革命是历史的必然选择；三民主义的基本内容、意义与局限。

5. 翻天覆地的三十年

掌握内容：国际环境的变化及其对中国革命道路的影响；历史选择中国共产党制定的人民共和国方案的原因。

了解内容：从五四运动至新中国成立三十年中国社会和中国革命的性质，中国共产党制定的人民共和国方案的背景、内容与特点。

6. 开天辟地的大事变

掌握内容：五四运动与新民主主义革命的开端，中国共产党的产生和意义。

了解内容：中国共产党与国民大革命，中国先进知识分子对马克思主义的选择。

7. 中国革命的新道路

掌握内容：国民革命失败后，国民党建立的南京国民政府的性质。

了解内容：中国革命战略中心从城市转向农村的曲折过程及其原因；“工农武装割据”思想的形成以及中国革命新道路的开辟。

8. 中华民族的抗日战争

掌握内容：国民党正面战场的作用及地位；抗日战争的胜利及其原因、意义与经验；中国共产党是抗日战争的中流砥柱；中国抗日战争是一场民族解放战争。

了解内容：日本帝国主义从九一八事变到卢沟桥事变逐步发动全面侵华战争的过程，以及日

本侵略对中国人民造成的灾难和对中国政治、经济、社会所造成的影响；中国从局部抗战到全国性抗战的历史过程；抗日民族统一战线的形成、作用与意义。

9.为新中国而奋斗

掌握内容：第二次国共合作破裂的真正原因和全面内战爆发的历史责任；国民党政权覆亡的历史必然性。

了解内容：中国共产党领导的人民共和国是中国人民正确的历史性选择；中国革命取得胜利的原因和基本经验。

10.社会主义基本制度在中国的确立

掌握内容：我国对生产资料私有制的社会主义改造的历程和经验，基本完成社会主义改造和确立社会主义制度的历史性意义。

了解内容：新民主主义社会的性质、特征，中国社会由新民主主义社会向社会主义转变是历史的必然。

11.社会主义建设在探索中曲折发展

掌握内容：以毛泽东为代表的中国共产党人在探索中国社会主义建设道路中所取得的积极成果及其现实意义。

了解内容：1956—1976年间，以毛泽东为代表的中国共产党人探索中国社会主义建设道路的曲折历程，认识探索适合中国国情的社会主义建设道路的重大意义及经验教训。

12.改革开放与现代化建设新时期

掌握内容：党的十一届三中全会是新中国成立以来最最具深远意义的伟大历史转折；十一届六中全会通过《关于建国以来党的若干历史问题的决议》主要内容与意义。

了解内容：十一届三中全会以来，中国共产党领导全国人民进行改革开放和社会主义现代化建设的基本历史进程，认识改革开放近30年来社会主义现代化建设取得的巨大成就。

三、实验教学内容

1.参观 731 遗址博物馆

基本内容：参观 731 部队东部大楼、特设监狱、冷冻实验室、菌种地下储存室等 11 处遗迹。

基本要求：要求学生查阅相关资料，独立思考，写出相应论文。

2.参观伍连德纪念馆

基本内容：了解伍连德同志的生平事迹、医学成就。

基本要求：结合学习和自身实际，写出真实体会，字数 1000 字以上。

四、参考资料

《毛泽东选集》1-4 册.人民出版社.1993 年出版

《中国共产党的七十年》.胡绳.中共党史出版社.1991 年出版

《中国现代史》（上、下）.王桧林主编.北京师范大学出版社.1991 年出版

《剑桥中华民国史》（上、下）.费正清等主编.中国社会科学出版社.1994 年出版

《中国通史》（第 21、22 册）.白寿彝编著.上海人民出版社.1999 年出版

《中国近代史》（第四版）.李侃编著.中华书局.2004 年出版

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	综述 风云变换的八十年	3	3	0
2	反对外国侵略的斗争	3	3	0
3	对国家出路的早期探索	2	2	0
4	辛亥革命与君主专制制度的终结	3	3	0
5	翻天覆地的三十年	3	3	0
6	开天辟地的大事变	2	2	0
7	中国革命的新道路	2	2	0
8	中华民族的抗日战争	3	3	0
9	为新中国而奋斗	3	3	0
10	社会主义基本制度在中国的确立	3	3	0
11	社会主义建设在探索中曲折发展	2	2	0
12	改革开放与现代化建设新时期	3	3	0
13	参观 731 遗址博物馆	2	0	2
14	参观伍连德纪念馆	2	0	2
合计		36	32	4

信息论与随机过程

一、课程简介

信息论基础这门课程涉及信息学、统计学、计算机科学等领域，系统并全面地介绍了香农信息论，通过对理论知识的讲解，使学生掌握熵、互信息、自信息量、霍夫曼编码、香农编码、费诺编码等知识及其在生物医学中的应用，把理论知识和实际应用结合起来，为生物信息专业学生提供理论基础，培养科研思维，掌握医学信息分析方法。

随机过程是一连串随机事件动态关系的定量描述。随机过程理论在物理、生物、工程、经济和管理等方面都得到了广泛应用，已成为近代科技工作者谋求掌握的一个理论工具。通过随机过程的学习，期望学生能较好地理解随机数学的基本思想，掌握几个基本而常用的过程的处理方法，如正态过程、泊松过程等；特别是马氏过程要重点理解并掌握。并将随机过程理论与生物信息学专业相结合，为阅读文献和未来的科研工作奠定基础。

二、理论教学内容

1.信息论绪论

掌握内容：为什么要学习信息论这门课程？信息论基础与生物信息学之间的关系以及信息论基础与医学生物学之间的关系。信息熵在现代生物医学中的应用。

了解内容：信息论的起源、发展，信息论的研究对象、目的、内容，信息与消息的区别。

2.信息的度量

掌握内容：计算自信息、互信息、熵、联合熵、条件熵、平均互信息、理解熵的性质、各类熵之间的关系。例如：自信息、互信息等分析方法应用生物芯片数据选择差异表达基因及技术系统混乱度；基于熵互信息理论的基因调控网络的研究；度量反映对于刺激的条件熵；重患者与轻患者在得病期间的血清中蛋白质谱的信息分析。

了解内容：自信息、互信息、熵、联合熵、条件熵、平均互信息的计算公式，理解意义并熟悉医学信息分析方法。

3.信源及信源熵

掌握内容：多符号离散信源、马尔可夫信源、信源的相关性和剩余度，应用相关性和剩余度进行疾病诊断与治疗，例如：分析血清中蛋白质种类的百分含量诊断患者病情发展情况及肌体复杂程度；基于互信息的差异共表达致病基因挖掘方法。

了解内容：单符号离散信源。

4.信道及信道容量

掌握内容：计算信道容量，单符号离散信道的编程及计算、独立并联信道、串联信道的计算及意义。例如：脑血栓患者，血液流量；计算遗传信息的储存量。

了解内容：多符号离散信道。

5.无失真信源编码

掌握内容：即时码判断及构造树图。例如：解释G O数据库的结构。唯一可译码及判别标准，应用 Kraft 不等式和 McMillan 不等式判断唯一可译码和即时码。编制霍夫曼编码、香农编码、费诺编码，遗传密码，L Z W 编码并应用于模式识别，计算平均码长及信息传输率。

了解内容：定长码及定长编码码长原则。

6.随机过程的概念及基本类型

掌握内容：随机过程的概念与例子、随机过程的分布律和数字特征、复随机过程、几种重要的随机过程。

了解内容：随机过程和随机变量的关系、运用软件模拟维纳过程。

7.Markov 链

掌握内容：马尔可夫链的概念及转移概率、马尔可夫链的状态分类、状态空间的分解、 $p_{ij}(n)$ 的渐近性质、运用软件模拟 Markov 链。

了解内容：平稳分布、Markov链的应用。

8.隐马尔可夫模型

掌握内容：隐马尔可夫模型的定义及其参数，隐马尔可夫模型在生物信息学中的应用。

了解内容：隐马尔可夫模型的三个问题。

三、实验教学内容

1.熵和互信息的计算及应用

基本内容：计算自信息、互信息、熵、联合熵、条件熵、平均互信息。

基本要求：理解熵的性质、各类熵之间的关系，应用自信息、互信息技术度量选择差异表达基因。

2.信道容量的计算及应用、变长码的编码方法

基本内容：无损信道、无噪信道、无燥无损信道、准对称信道、均匀信道、二元对称信道的计算。霍夫曼编码、香农编码、费诺编码。

基本要求：掌握无损信道、无噪信道、无燥无损信道、准对称信道、均匀信道、二元对称信道的计算方法，理解信道容量的意义。掌握霍夫曼编码、香农编码、费诺编码方法，理解变长码编码意义。

3.模拟泊松过程、模拟马尔可夫链

基本内容：运用 Matlab 语言描述泊松过程的定义。掌握马尔可夫链的定义及实际意义，运用 Matlab 语言描述马尔可夫链的定义。

基本要求：能够用 Matlab 画出泊松过程的模拟图像并结合泊松过程的定义做相关解释。能够用 Matlab 画出马氏链的模拟图像并结合马氏链的定义做相关解释。

四、参考资料

《信息论基础教程》.李亦农主编.北京邮电大学出版社.2008 年出版

《信息论与编码理论》.沈世镒主编.北京科学出版社.2002 年出版

《信息论基础》.叶中行主编.高等教育出版社.2004 年出版

《随机过程（第四版）》.刘次华主编.华中科技大学出版社.2008 年出版

《信息技术导论》.商书元编著.中国铁道出版社.2016 年

《随机过程及应用》.徐全智主编.高等教育出版社.2013 年 6 月出版

信息论基础-清华大学

MOOC (http://www.xuetangx.com/courses/course-v1:TsinghuaX+70230063X+2016_T2/about)

随机过程-bilibili (<https://www.bilibili.com/video/av11833368/>)

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	绪论	2	2	0
2	信息的度量	10	6	4
3	信源及信源熵	4	4	0
4	信道及信道容量	8	4	4
5	编码法和遗传密码	2	2	0
6	随机过程的概念及基本类型	10	6	4
7	Markov 链	10	6	4
8.	隐马尔可夫模型	4	6	0
合计		52	36	16

优化算法

一、课程简介

最优化计算方法是在生产实践和科学实验中选取最佳决策,研究在一定限制条件下,选取某种方案,以达到最优目标的一门学科,广泛应用与空间科学、军事科学、系统识别、通讯、工程设计、自动控制、经济管理等各个领域,是应用数学专业学生和搞优化设计的工程技术人员的一门重要课程。

通过本课程教学,使学生掌握最优化计算方法的基本概念和基本理论,初步学会处理应用最优化方法解决实际中的碰到的各个问题,培养解决实际问题的能力。

二、理论教学内容

1.基础概念

掌握内容:最优解的必要和充分条件的证明;凸集和凸函数的定义;最优解的必要和充分条件的证明;最优化方法的基本格式。

了解内容:最优化问最优解的必要和充分条件;以扩最优化方法的基本格式题的一般形式;最优解的必要和充分条件。

2.线性搜索与信赖域方法

掌握内容:0.618法和Fibonacci法;二分法;逐次插值逼近法的两点二次插值法和三点二次插值法;精确线性搜索方法的收敛性定理;Goldstein准则和wolfe准则,不精确线性搜索的收敛性。

了解内容:精确线性搜索方法的收敛性定理;不精确线性搜索方法的收敛性定理;最速下降法的收敛性定理;信赖域方法的思想,信赖域方法的算法框架;信赖域方法的收敛性;信赖域子问题。

3.无约束最优化方法

掌握内容:最速下降法,牛顿法和阻尼牛顿法,共轭方向法和共轭梯度法;拟牛顿条件。

了解内容:DFP校正和BFGS校正,DFP校正和BFGS校正的正定性。对于非二次函数的共轭梯度法;拟牛顿法的收敛性定理。

4.约束最优化的理论方法

掌握内容:内点障碍罚函数法;约束最优化问题的一阶最优性条件以及二次罚函数方法。

了解内容:二阶必要条件和二阶充分条件掌握;可行方向的定义。

三、实验教学内容

1.线性搜索与信赖域方法

基本内容:0.618法和Fibonacci法;二分法;逐次插值逼近法的两点二次插值法和三点二次插值法。

基本要求:会使用Matlab求解0.618法和Fibonacci法;二分法;逐次插值逼近法。

2.无约束最优化方法

基本内容:最速下降法,牛顿法和阻尼牛顿法,共轭方向法和共轭梯度法。

基本要求:会使用Matlab求解最速下降法,牛顿法和阻尼牛顿法,共轭方向法和共轭梯度法。

四、参考资料

1.参考书

《最优化方法》第一版.孙文瑜 徐成贤.高等教育出版社.2008年4月

《最优化方法》第一版.解可新 韩立兴.天津大学出版社.2000年3月

2.网络资源

最优化算法-上海交大 (http://www.iqiyi.com/w_19rry0vith.html)

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	基础概念	6	6	0
2	线性搜索与信赖域方法	18	10	8
3	无约束最优化方法	14	10	4
4	约束最优化的理论方法	10	10	0
合计		48	36	12

数据结构

一、课程简介

《数据结构》是计算机学科最重要的一门专业基础课，许多计算机学科的重点课程，例如《操作系统》、《编译原理》以及《数据库系统原理设计》都涉及到本课程所介绍的基本数据结构。本课程内容是在计算机应用于数值的和非数值的领域中形成和发展的，其新思想和新方法不断产生，必须不断更新教学内容以拓宽学生的知识面，适应计算机应用和发展的需要。由于构成计算机科学的核心是数据结构、算法和程序设计，因此必须以本课程作为计算机专业核心课程，为学生的专业学习打下扎实深厚的基础。

本课程通过对数据结构及相应算法的讲解，使学生掌握数据结构和算法的基本概念和技术，从而能够对于给定问题选择合适的数据结构，并设计相应的操作算法。掌握数组、栈和队列、链表、树和二叉树、图等典型数据结构及相关算法，以及内排序、查找等重要技术。使学生熟练掌握各种存储结构的特点，能够将所学的数据结构与算法的知识与实际应用相结合，设计出有效的算法和数据结构来解决现实生活中的实际问题。为今后进一步学习计算机相关知识打下坚实基础。

二、理论教学内容

1. 综述

掌握内容：数据结构和算法的概念；学习数据结构的意义；常用到的Java语言中的一些定义。

了解内容：面向对象编程与面向过程编程的区别；Java语言与C++语言的一些不同。

2. 数组

掌握内容：数组的基本知识；有序数组和无序数组中的插入、查找、删除的操作和各自Java代码；实现各种操作的程序的编写过程和思想；解决实际的问题。

了解内容：类接口的作用和使用；大O表示法；无序数组的一般的查找方法；有序数组的线性查找方法和二分查找法；线性查找和二分查找各自适用的情况及优缺点；用大O表示法表示各种算法的效率。

3. 简单排序

掌握内容：冒泡排序、选择排序、插入排序、对象排序的原理；各种排序方法的效率的计算；各种方法中的不变性；冒泡排序、选择排序、插入排序的算法的Java代码。

了解内容：排序问题的由来；各种排序方法的applet演示过程；冒泡排序、选择排序、插入排序分别适用的情况和各自的优缺点；不变性的定义与作用；不同排序方法之间的比较。

4. 栈和队列

掌握内容：栈、队列、优先队列的概念、本质；栈在单词逆序、分隔符匹配中的应用；普通队列、循环队列和双端队列的差异；优先级队列的效率；将解析表达式用后缀表示法表示并会求值。

了解内容：栈、队列、优先级队列的产生原因；三者之间的比较；栈和队列与现实的联系；栈、队列、优先级队列的Java代码。

5. 链表

掌握内容：链结点的定义与作用；单链表的各种操作及相应算法的Java代码；双单链表的概念及算法；链表的效率；有序链表的概念、各种操作及效率的计算；双向链表的概念；单链表、双端链表、有序链表、双向链表的原理及他们之间的区别。

了解内容：抽象数据类型（ADT）的概念及它与基本数据类型的联系与区别；用链表实现栈；用链表实现队列；各种不同链表上的不同操作的算法的Java代码。

6. 高级排序

掌握内容：希尔排序和快速排序的排序原理，并与简单排序相比较。

了解内容：划分思想；希尔排序和快速排序的效率及算法的Java代码。

7. 二叉树

掌握内容：树的术语；二叉树的工作原理及实现的Java代码；二叉树的效率；在二叉搜索树上的查找、删除、遍历的操作及相应代码。

了解内容：使用二叉树的原因；用数组表示树；二叉搜索树的优点。

8. 哈希表

掌握内容：哈希表的优缺点；解决哈希化过程中产生的冲突的方法；三种开放地址法（即线性探测、二次探测和再哈希法）的原理；链地址法的原理；哈希化的效率的计算。

了解内容：哈希函数的选取；哈希表与数组、链表之间的联系。

9. 堆

掌握内容：堆的概念与本质；优先级队列和实现它的堆之间的关系。

了解内容：堆的操作；堆上的算法的Java代码。

三、实验教学内容

1. 栈与队列上的操作

基本内容：本实验目的是通过对栈和队列的概念的理解，编写算法，实现用Stack类中的构造函数、push（）、peek（）、pop（）以及empty（）等方法实现任意长度数组的逆序。并编写算法，实现用ArrayQueue类中的构造函数、enqueue（）、dequeue（）以及empty（）等方法实现将两个队列合并到一起，且合并的方式为交替使用两队列中的元素，并把剩余的队列中的元素添加到最后，将合并产生的新队列返回。

基本要求：掌握栈和队列的实现算法；熟练运用栈中的push（）等方法，以及队列中的enqueue（）等方法；熟悉数组的操作；掌握Java语言的基本书写规范。

2. 用链表实现抽象数据结构（ADT）

基本内容：用链表来实现满足要求的栈和队列。创建一个基于双向链表的双端队列类，使得类中有基本的插入、删除方法，同时可以从左向右或从右向左输出队列，使用者能够执行双端队列的基本操作。

基本要求：掌握链表及双向链表的基本算法；理解抽象数据结构中的栈和队列的实质；熟悉链表与双向链表中的常用操作并会熟练写出相应程序代码。

3. 设计计时器

基本内容：基本思想是将计时器设计成一个抽象数据结构（ADT）。利用创建的计时器类，测量在两个时间之间的时间长度，并用该计时器对一组搜索例程和一组排序例程进行性能比较。

基本要求：掌握构造特定数据结构的方法；进一步理解线性查找与二分法查找的效率差异，并将设计的程序所测得的时间与理论时间进行比较分析；熟悉简单排序（包括冒泡排序、选择排序、插入排序）、链表插入排序、高级排序（包括希尔排序、快速排序）的算法原理；了解不同排序方法的效率。

4. 二叉搜索树上的操作

基本内容：创建算法来对一颗给定的二叉搜索树的高度进行计算，并从树种输出关键字小于某一特定关键字的元素。

基本要求：掌握二叉搜索树的定义与设计；了解树的高度的定义；掌握规范编程语言；对检验试验结果的正误进行分析。

5. 用递归方法实现二叉树的遍历

基本内容：针对二叉树的遍历，依照递归算法执行过程中递归工作栈的状态变化情况，编写出相应的非递归算法，实现二叉树的遍历。

基本要求：掌握递归算法；了解中序遍历递归算法的执行过程中递归工作栈的状态；深刻理解二叉树的遍历过程及算法原理。

四、参考资料

《Data Structures and Algorithms with Java》.Robert Lafore.Waite Group Press.1998

《数据结构》.严蔚敏, 吴伟民主编.清华大学出版社.1997年出版

《数据结构教程上机实验指导》.李春葆.清华大学出版社.2005

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	综述	4	4	0
2	数组	4	4	0
3	简单排序	6	6	0
4	栈和队列	8	4	4
5	链表	10	6	4
6	高级排序	10	6	4
7	二叉树	8	4	4
8	哈希表	8	4	4
9	堆	2	2	0
合计		60	40	20

R 语言程序设计

一、课程简介

生物信息学领域中数据的高通量俨然成为一种趋势，R 语言编程技术可以对高通量的数据进行处理、统计、绘制图形显示等，是一种非常实用的编程技术。本课程主要是以 R 语言编程技术为主线来展开，旨在让学生了解生物信息学相关的基本处理命令，包括 R 语言的安装、包的加载，对数据的处理和转换，概率统计计算以及各种图形的展示，为生物信息专业相关数据的处理、图形的展示、以及后续的分析提供有效的技术和工具。

《R 语言程序设计》这门课程的开展，从基础的 R 语言软件的安装、包的加载，基本命令，数据处理和转换，数据的概率统计计算、回归或方差的分析，图形的绘制，编程的技巧等各个方面入手，由浅入深，能够引导同学在面对生物信息学领域中大量高通量数据时，可以独立运用编程命令进行数据的处理，也可根据实际问题分析的需要，利用 R 语言技术绘制相关图形，极大增强了学生在生物信息学领域处理和分析数据的能力，提高科研水平。

二、理论教学内容

1.R语言入门及安装

掌握内容：在计算机上安装R软件，加载所需的数据包，R语言窗口中各菜单的内容。

了解内容：在Linux和OS X平台运行R。

2.R语言基础知识

掌握内容：掌握R语言变量的生成和删除，熟练掌握数字型、字符型、逻辑型向量的生成和处理，对R的几种封装形式熟练掌握，包括向量、数据框、列表、矩阵以及因子，并且能够对其进行索引。能够独立获取和设定工作目录，保存工作空间，查看历史命令记录，使用R包中的函数及R的内置数据集，运行脚本。

了解内容：了解如何获取和设定环境变量。

3.IO操作：输入与输出

掌握内容：根据数据文件的不同类型，选取合适的函数使用键盘输入数据，并导出所需要的文件格式。当文件为.txt格式、CSV格式等，分别通过table（）、delim（）输入文件，并熟悉输入、导出文件函数中的各种参数。

了解内容：读取HTML表格的数据以及MYSQL数据库中的相关数据。

4.数据的转换和处理

掌握内容：对向量添加数据，向量分组，选定矩阵中某一行（列），基本数据类型之间的转换，将函数应用于每行（列），以及基本数据转换和函数的应用。

了解内容：不同结构数据类型间的转换。

5.编程格式和技巧

掌握内容：根据自己的需要，自行编写R语言程序，封装函数，并利用所学的知识，独立设计程序进行数据的处理和绘图。

6.网络数据的自动分析策略

掌握内容：了解生物信息学相关数据的来源平台，不同数据的格式，基于不同格式类型的网络数据，利用R语言独立编写程序，完成具有一定鲁棒性和实用性的自动分析程序。

了解内容：生物信息学相关网络数据分析的各种软件各种策略各种算法的思想。

7.基于大数据R语言分析策略

掌握内容：掌握R语言在大数据分析中能够发挥的功能，利用各种已有软件包或套件，增强编程接口和数据输出/输入功能。

了解内容：基于生物学大数据的海量性、多样性、多维、结构复杂的特点，认识生物大数据

的巨大影响力，熟悉生物大数据的各种管理和分析思想和策略。了解如何优化R语言程序数据空间以及各种数据接口，嵌套多种软件系统。

8.R包开发

掌握内容：R包开发流程，调试程序，单元测试，撰写文档，程序打包，程序发布等一系列流程。

了解内容：编写功能代码，构建工程骨架，增加函数功能。了解如何增强R包的稳定、稳健性，方便R包的升级。

三、实验教学内容

1.R语言变量的类型及相关操作

基本内容：R语言变量的生成和处理。

基本要求：熟练掌握数字型、字符型、逻辑型向量的生成和处理，对R的几种封装形式熟练掌握，并且能够对其进行索引。

2.IO操作：输入与输出

基本内容：根据数据文件的不同类型，选取合适的函数使用键盘输入数据，并导出所需要的文件格式。

基本要求：熟练掌握read.table（）、read.csv（）、write.table（）、write.csv（）等输入输出函数的相关参数及使用。

3.数据的转换和处理

基本内容：对向量添加数据，向量分组，选定矩阵中某一行（列），基本数据类型之间的转换，将函数应用于每行（列）。

基本要求：熟练掌握基本数据类型之间的转换和函数的应用。

4.编程格式和技巧

基本内容：根据自己的需要，自行编写R语言程序，封装函数。

基本要求：熟练掌握R语言程序的编写，能够独立设计程序进行数据的处理和绘图。

5.网络数据的自动分析策略

基本内容：基于不同格式类型的网络数据，利用R语言独立编写程序，完成具有一定鲁棒性和实用性的自动分析程序。

基本要求：熟悉常规生物信息学相关网络数据的处理方法和流程，了解生物信息学相关网络数据分析的各种软件、策略、算法的思想。

6.基于大数据R语言分析策略

基本内容：利用R语言进行大数据分析，同时利用各种已有软件包或套件，增强编程接口和数据输出/输入功能。

基本要求：了解如何优化R语言程序数据空间以及各种数据接口，嵌套多种软件系统。

7.R包开发

基本内容：讲解R包开发流程，包括调试程序、单元测试、撰写文档、程序打包、程序发布等一系列流程。

基本要求：了解R包开发流程，编写功能代码，构建工程骨架，增加函数功能。

四、参考资料

《R语言实战》第二版，（美）卡巴科弗（Robert I.Kabacoff）|译者：王小宁，刘擷芯，黄俊文.人民邮电出版.2016年05月

R语言基础-慕课网（<https://www.imooc.com/learn/546>）

R语言教程-W3Cschool（<https://www.w3school.cn/r/>）

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	R 语言入门及安装	4	4	0
2	R 语言基础知识	8	4	4
3	IO 操作：输入与输出	8	4	4
4	数据的转换和处理	8	4	4
5	编程格式和技巧	8	0	8
6	基于 R 语言可视化的应用平台开发	4	2	2
7	基于大数据 R 语言分析策略	8	4	4
8	R 包开发	4	2	2
合计		52	24	28

生物技术实验

一、课程简介

生物技术实验是基础医学实验教学的重要组成部分，内容涵盖分子生物学、生物化学、医学遗传学、细胞生物学、医学免疫学等学科领域中常用的基本操作技术。

生物技术实验教学使生物信息学专业学生认识染色体、核酸，同时学会基因扩增、蛋白质分离、抗原抗体特异性等技术原理和基本操作步骤。生物技术实验将培养学生科研工作的基本能力、加深学生对理论课内容的理解，提高学生实验动手能力和解决问题的能力。

二、实验教学内容

1.小鼠骨髓染色体制作及观察

基本内容：小鼠骨髓细胞有高度的分裂增殖能力，且数量非常多，因此可以直接得到中期细胞而不必像血淋巴细胞或组织那样要经过外培养。处于分裂期的细胞经秋水仙素处理，阻断纺锤丝的形成，使细胞分裂停止于中期，此时染色体达到最大收缩，具有典型的形态，再经低渗处理、固定、滴片、染色等步骤，使细胞处于膨胀状态，滴片时细胞破裂染色体散开，可获得较好的骨髓细胞的染色体标本。小鼠染色体 $2n=40$ ，均为端着丝粒染色体，雄性为40, XY，雌性为40, XX。

基本要求：掌握动物骨髓细胞染色体制备技术，学会动物细胞的滴片方法，了解正常人类染色体的形态、数目，小鼠骨髓细胞染色体与正常人类染色体形态、数目的差别。

2.PCR扩增及琼脂糖凝胶电泳检测

基本内容：聚合酶链式反应（Polymerase Chain Reaction, PCR）是利用DNA聚合酶依赖于DNA模板的特性，在体外模拟DNA的复制过程，经过变性、复性、延伸三个过程，在一对附加的引物之间诱发的聚合反应，短时间内可将要研究的目的DNA扩增数百万倍。

基本要求：掌握聚合酶链反应及琼脂糖凝胶电泳分离和鉴定DNA的原理和方法，学习PCR仪器的工作原理，了解基因多态性分析的方法及PCR技术的应用。

3.X染色质制备与观察

基本内容：正常女性的间期细胞核中紧贴核膜边缘有一个颜色染深的椭圆形小体，即巴氏小体也称为X染色质。通过提取口腔黏膜细胞作为原材料，经过固定、染色后进行观察。

基本要求：掌握X染色质形态特征，加深对剂量补偿效应的理解，熟悉X染色质标本的制作方法以及 Lyon 假说的内容。

4.酵母蔗糖酶米氏常数（ K_m ）的测定

基本内容：蔗糖酶在pH5.0缓冲液中与不同浓度的蔗糖混合，恒温培养，经过规定时间生成一定数量的还原糖。还原糖在碱性溶液中与硫酸铜共热使二价铜（ Cu^{2+} ）还原生成氧化亚铜，氧化亚铜再使磷钼酸还原成钼蓝，用分光光度法测定钼蓝，并进而判定还原糖的生成量，以此代表反应开始阶段的初速度（ V ）然后以不同底物浓度的倒数按林—贝氏作图法，从横轴上截距求出 K_m 值。

基本要求：掌握蔗糖酶 K_m 的测定方法，了解底物浓度对反应速度的影响及 K_m 值的意义。

5.聚丙烯酰胺凝胶电泳分离血清蛋白质

基本内容：聚丙烯酰胺凝胶电泳简称PAGE，是在区带电泳原理的基础上，以凝胶孔径大小不同的两种浓度的聚丙烯酰胺凝胶作为支持物，采用电泳基质的不连续性（即凝胶的不连续体性、缓冲液离子成分的不连续性、pH的不连续性、电位梯度的不连续性），使样品在不连续的两种胶体积聚浓缩成薄的起始区带（厚度1—2mm）即压缩效应，然后再进行电泳分离。

基本要求：掌握聚丙烯酰胺凝胶电泳的基本原理，熟悉聚丙烯酰胺凝胶电泳的操作技术。

6.血型测定和免疫妊娠胶体金间接凝集

基本内容：用胶体金标记技术，检测尿中是否有HCG。首先将鼠抗人HCG的单克隆抗体（一抗）吸附在胶体金颗粒上（胶体金呈紫红色散在颗粒状，肉眼可见）并松弛地附着在A处。鼠抗人HCG（一抗）及兔抗鼠Ig（二抗）分别吸附在检测线B处及阳性对照线（C处）的硝酸纤维素膜上。当尿液通过毛细作用上行时，尿中的HCG与A处的抗HCG胶体金结合，并且HCG—抗HCG—胶体金继续上行至检测线B处，并与B处的抗HCG发生反应，形成双抗体夹心免疫复合物，抗体Fc段标有胶体金，即成清晰的紫红色。

基本要求：通过检测尿中是否有HCG，掌握胶体金技术的原理。抗原与抗体特异性结合是免疫反应的实质，通过对凝集实验主要检测方法的了解，掌握血型检测及胶体金实验的原理与方法，了解血型测定和免疫妊娠检测在临床中的应用。

7. 免疫荧光实验

基本内容：根据抗原抗体反应原理，将已知的抗体或抗原分子标记上荧光素，与相应的抗原或抗体起反应，从而使形成的抗原抗体复合物携带上一定量的荧光素，利用荧光显微镜可看出发出荧光的抗原抗体的结合物。免疫标记技术是抗原抗体反应与标记技术的结合，荧光是常用的免疫标记物之一，本实验主要是采用荧光标记第二抗体，检测自身免疫性疾病SLE病人的抗核抗体，对临床疾病诊断具有指导意义。

基本要求：掌握免疫荧光实验的基本原理及荧光显微镜的使用方法，了解各种抗体作为临床指标的意义。

8. 单双扩散

基本内容：单双扩散是用一定浓度的琼脂制成凝胶后，其内部形成一种多孔的网状结构，可允许大分子物质通过。可溶性抗原与抗体在琼脂糖凝胶自由扩散后形成沉淀。

基本要求：掌握抗原抗体定性沉淀反应原理，了解IgG等免疫球蛋白的定量检测技术。

9. 对流免疫电泳

基本内容：对流免疫电泳是双向琼脂扩散和电泳技术相结合的实验技术。抗原在碱性缓冲液中带负电，向正极移动；抗体蛋白质较大，负电荷少，借电渗作用缓慢移向负极，在适当的条件下，可形成抗原抗体反应而出现沉淀。

基本要求：掌握抗原抗体在电场中的反应条件；熟悉对流免疫基本技术。

三、参考资料

- 《生物化学与分子生物学》第八版.查锡良、药立波主编.人民卫生出版社.2013年8月出版
- 《医学免疫学》第六版.曹雪涛主编.人民卫生出版社.2013年3月出版
- 《医学遗传学》第三版.傅松滨主编.北京大学医学出版社.2013年12月出版
- 《医学免疫学实验指导》第一版.王大军、车昌燕主编.科学出版社.2013年3月出版

四、学时分配

序号	实验项目名称	实验类型	实验学时
1	小鼠骨髓染色体制作及观察	综合类	4
2	PCR 扩增及琼脂糖凝胶电泳检测	基础类	4
3	X 染色质制备与观察	基础类	4
4	酵母蔗糖酶米氏常数 (Km) 的测定	创新类	4
5	聚丙烯酰胺凝胶电泳分离血清蛋白质	基础类	8
6	血型测定和免疫妊娠胶体金间接凝集	基础类	4
7	免疫荧光实验	基础类	4
8	单双扩散	基础类	2
9	对流免疫电泳	基础类	2
	合计		36

临床医学概论

一、课程简介

《临床医学概论》是一门研究诊断学基础及临床各科常见疾病的学科，全面介绍了临床医学的基础知识及相关内容。本课程论述了诊断疾病的基础理论，基本技能，诊断思维；临床常见急症、传染病、内、外、妇、儿等疾病的病因、发病机制、临床表现、诊断与鉴别诊断、治疗原则和预防方法。全书内容广泛，突出知识性，摆脱了以往教材的框架，更易于读者理解与鉴别；同时强调临床诊断的实用性，介绍了有关疾病的诊断、治疗原则，以及近年来相关方面的新知识、新进展。

二、理论教学内容

第一篇 诊断学基础

（一）症状学

1.发热

掌握内容：发热的概念、发热的常见病因与分类、发病机制；发热的临床表现、热型及临床意义、常见伴随症状。

了解内容：正常体温的生理变异及问诊要点。

2.呼吸困难

掌握内容：呼吸困难的病因、临床常见类型与特点，右心衰竭时呼吸困难的发生机制，肺源性呼吸困难临床三种类型及心源性呼吸困难中夜间阵发性呼吸困难的概念。（临床意义）

了解内容：中毒性呼吸困难和神经精神性呼吸困难。

3.呕血与咯血

掌握内容：呕血与咯血的概念、常见病因、发病机制、临床表现及特点、咯血与呕血的鉴别、伴随症状及临床意义。

了解内容：问诊要点。

4.腹痛

掌握内容：急性腹痛的病因、发病机制、肠绞痛、胆绞痛和肾绞痛的鉴别要点。腹痛的临床表现及意义，伴随症状。

了解内容：慢性腹痛的病因、腹痛的问诊要点。

5.水肿

掌握内容：水肿的常见病因，发病机制，临床表现及临床意义；心源性水肿和肾源性水肿的鉴别。

了解内容：水肿的伴随症状和问诊要点。

6.昏迷

意识障碍的概念、常见病因、临床表现、伴随症状及临床意义。意识状态评估Glasgow昏迷评分法和传统评估方法。

了解内容：意识障碍的发病机制、问诊要点。

7.基本检查法

掌握内容：望诊、触诊、叩诊、听诊的基本检查方法。

了解内容：检查的注意事项。

8.一般检查

掌握内容：一般状态检查内容，生命体征的临床意义。

了解内容：正确系统体格检查的重要意义。

（二）体格检查

9.皮肤、浅表淋巴结

掌握内容：皮肤检查内容和方法，浅表淋巴结的检查内容和方法。

了解内容：淋巴结肿大病因及表现。

10.头面颈部

掌握内容：头颈部各器官检查内容与方法，扁桃体肿大的分度，甲状腺肿大的分度。

了解内容：异常改变的临床意义。

11.胸部

掌握内容：心肺部视诊、触诊、叩诊、听诊检查的基本内容和方法。

了解内容：呼吸系统和循环系统常见疾病的主要症状及体征和其临床意义。

12.腹部

掌握内容：腹部视诊、触诊、叩诊、听诊检查的主要内容和方法。

了解内容：腹部疾病常见症状及体征和其临床意义。

13.脊柱与四肢

掌握内容：脊柱及四肢的检查内容及方法。

了解内容：脊柱四肢常见的典型体征及病理改变的临床意义。

14.神经反射检查

掌握内容：肌力、肌张力和神经反射的检查方法和临床意义。

了解内容：十二对颅神经检查的方法及临床意义。

（三）心电学检查

15.心电学检查

掌握内容：心电图正常波形数值、测量方法。房颤、房扑、房早、室上速、房室传导阻滞、室早、室速、室扑、室颤、心肌缺血及心肌梗死的心电图特点。

了解内容：心电六轴系统、心脏向量的产生机制及特点。心房、心室肥大心电图特点。预激综合征、左右束支传导阻滞的心电图特点。

（四）X线、CT和MRI检查

16.X线成像

掌握内容：X线成像的基本原理；X线检查方法。

了解内容：传统的X线设备、数字化X线设备、数字减影血管造影设备；X线检查的安全性；X线图像特点。

17.X线计算机体层成像

掌握内容：CT成像的基本原理；CT成像性能；CT检查方法。

了解内容：CT设备；CT检查的安全性；CT图像特点。

18.超声成像

掌握内容：超声成像的基本原理；超声检查方法。

了解内容：超声设备与超声成像性能；超声检查的安全性；超声图像特点。

19.磁共振成像

掌握内容：MRI成像的基本原理；MRI成像性能；MRI检查方法。

了解内容：MRI设备；MRI检查的安全性；MRI图像特点。

20.不同成像技术的临床应用、比较与综合应用

了解内容：不同成像技术的临床应用；不同成像技术和检查方法的比较；不同成像技术和检查方法的综合应用。

21.图像的观察和分析与影像诊断原则

掌握内容：影像诊断原则。

了解内容：图像的观察和分析。

22.影像检查的申请和影像诊断报告的应用

了解内容：影像检查的申请；影像诊断报告的应用。

23.图像的存档和传输系统与信息放射学

了解内容：图像的存档和传输系统；信息放射学。

24.分子影像学

掌握内容：分子影像学概念。

了解内容：分子影像学成像的基本原理；分子影像学成像的设备及技术；分子影像学主要应用及前景。

25.医学影像学各论

了解内容：中枢神经系统、头颈部、呼吸系统、循环系统、消化系统与腹膜腔、泌尿生殖系统与腹膜后间隙、乳腺、骨关节与软组织、儿科影像诊断学、介入放射学的临床应用。

（五）超声检查

26.超声诊断学

掌握内容：实时灰阶成像的基本原理、多普勒超声技术基础及应用、人体组织的声学特点。

了解内容：超声诊断的临床应用及超声新技术的临床应用、超声诊断仪工作原理、超声诊断的发展史。

（六）核医学检查

27.总论

掌握内容：核医学相关概念和范围；辐射防护的原则和措施；衰变方式；辐射计量单位。

了解内容：核医学的发展简史以及在国内外的新进展，诊断和治疗用放射性药物；核医学常用的显像仪器；放射性核素显像的基本原理。

28.核医学的临床应用

（1）神经系统

掌握内容：脑血流灌注显像的临床应用（脑血管疾病、癫痫、阿尔茨海默病）。

了解内容：脑血流灌注显像的原理、显像剂。

（2）内分泌系统

掌握内容：甲状腺摄¹³¹I碘试验的临床应用，甲状腺显像临床应用。

了解内容：甲状腺摄¹³¹I碘试验及甲状腺显像的原理、显像剂。

（3）心血管系统

掌握内容：心肌血流灌注显像在鉴别心肌缺血与心肌梗死的临床应用。

了解内容：心肌血流灌注显像的原理、显像剂、图像分析。

（4）呼吸系统

掌握内容：肺灌注显像与肺通气显像在鉴别诊断肺栓塞的临床应用价值。

了解内容：肺灌注显像与肺通气显像原理及显像剂。

（5）泌尿与生殖系统

掌握内容：正常肾图、异常肾图的类型与临床应用。

了解内容：肾动态显像的原理及显像剂。

（6）骨和关节显像

掌握内容：骨显像的图像分析及临床应用。

了解内容：骨显像的原理及显像剂。

（7）放射性核素治疗

掌握内容：¹³¹I治疗甲亢的适应证。

了解内容：¹³¹I治疗分化型甲状腺癌及其转移灶。

29.体外免疫分析技术

掌握内容：甲功系列、肿瘤系列等常用指标的临床应用（例：AFP CEA PSA CA125 CA153 CA199等）。

了解内容：体外免疫分析的原理和定义及分类。

第二篇 肿瘤学

30.肿瘤学概论

掌握内容：肿瘤的基本概念、分类；肿瘤的病因、病理；肿瘤的临床表现；肿瘤的病理形态学检查；化疗药物分类。

了解内容：肿瘤的影像学检查；肿瘤的预防；肿瘤的治疗方法。

31.原发性肺癌

掌握内容：肺癌的概念、病因；肺癌的临床表现。

了解内容：肺癌的病理组织学；分期；肺癌的分期治疗模式。

32.乳腺癌

掌握内容：乳腺癌的发病因素；临床表现；病理学检查。

了解内容：乳腺癌的分期；治疗。

33.结肠癌

掌握内容：结肠癌的病理；转移途径；临床表现。

了解内容：结肠癌的基因突变检测；分期；结肠癌的靶向治疗。

34.子宫肌瘤

掌握内容：子宫肌瘤的临床表现；药物治疗。

了解内容：子宫肌瘤的辅助检查、治疗方式。

35.子宫颈癌

掌握内容：宫颈癌的高危因素；临床表现；诊断。

了解内容：宫颈癌的分期和治疗。

第三篇 内科疾病

36.肺炎

掌握内容：肺炎的病因、分类、临床表现、辅助检查、诊断与鉴别诊断、治疗原则；肺炎链球菌肺炎的发病机制、病理、临床表现、诊断、并发症、治疗；葡萄球菌肺炎临床表现、诊断、治疗。

了解内容：肺炎的概述、发病机制，肺炎链球菌肺炎、葡萄球菌肺炎、克雷伯杆菌肺炎、肺炎支原体肺炎、病毒性肺炎的发病机制、实验室检查、鉴别诊断，其他常见革兰阴性杆菌肺炎、厌氧菌、真菌所致肺炎的临床特点及治疗。

37.慢性阻塞性肺疾病（COPD）

掌握内容：COPD 概述、病因和发病机制、病理改变、病理生理、临床表现、辅助检查、诊断与稳定期病情严重程度评估、鉴别诊断、并发症、治疗。

了解内容：COPD 预防。

38.支气管哮喘

掌握内容：哮喘的概念、病因、发病机制、临床表现及特殊类型哮喘、实验室及其他检查、诊断及鉴别诊断、治疗。

了解内容：哮喘的流行病学、病理、教育与管理、预后。

39.原发性高血压

掌握内容：原发性高血压的定义，主要临床表现及并发症，诊断及治疗（治疗原则，降压药物应用基本原则，主要降压药物的作用特点及副作用）。特殊类型高血压的处理（高血压急症和亚急症的治疗原则）。继发性高血压的主要疾病和病因。

了解内容：高血压的病因及发病机制，流行病学，危险分层。顽固性高血压的定义及处理。

40.动脉粥样硬化和冠状动脉硬化性心脏病

掌握内容：动脉粥样硬化的主要危险因素及防治措施。冠心病的临床分型，发病机制。稳定型心绞痛的临床表现，辅助检查，诊断与鉴别诊断，治疗原则。急性冠脉综合征的概念。不稳定型心绞痛的类型，临床表现，诊断与鉴别诊断，治疗。急性 ST 段抬高型心肌梗死的临床表现，辅助检查，诊断与鉴别诊断，并发症，治疗及预防。

了解内容：动脉粥样硬化的发病机制。不稳定型心绞痛的发病机制，危险分层。急性 ST 段抬高型心肌梗死的病因、病理，心功能 Killip 分级。血管痉挛性心绞痛的临床特点及诊断、治疗。

41.消化系统疾病概论

掌握内容：常见疾病相关的消化生理、生化功能。

了解内容：消化系统重要诊疗技术。

42.消化性溃疡

掌握内容：消化性溃疡的概念、病因和发病机制、临床表现、并发症、辅助检查、诊断与鉴别诊断、治疗目标及治疗方法。外科手术适应症。

了解内容：消化性溃疡的流行病学，预后。

43.肝硬化

掌握内容：肝硬化的概念、病因、临床表现、并发症、辅助检查、诊断及鉴别诊断、治疗。

了解内容：肝硬化的发病机制，病理、预后、预防。

44.泌尿系统疾病概论

掌握内容：肾脏生理功能；肾脏疾病检查；尿常规结果的临床意义；肾小球源性血尿与非肾小球源性血尿的鉴别；蛋白尿概念及分类；肾脏疾病常见的综合征。

了解内容：肾脏疾病的诊断与防治原则、肾脏疾病的研究进展。

45.肾小球肾炎

掌握内容：原发性肾小球病的临床及病理分型、原发性肾小球病的临床表现；急性肾小球肾炎临床表现和实验室检查、诊断和鉴别诊断、治疗；急进性肾小球肾炎的概念、常见病因、临床表现和实验室检查、诊断与鉴别诊断、治疗；慢性肾小球肾炎的临床表现和实验室检查、诊断和鉴别诊断、治疗；隐匿型肾小球肾炎的概念。

了解内容：原发性肾小球病的发病机制。急性肾炎、急进性肾炎、慢性肾炎、隐匿型肾炎的病理；隐匿型肾炎的鉴别诊断；慢性肾炎的病因；急性肾炎、急进性肾炎、和慢性肾炎的发病机制；各类肾炎的预后。

46.尿路感染

掌握内容：尿路感染的病因、感染途径、易感因素、临床表现、并发症、实验室检查、静脉肾盂造影适应症；急性肾盂肾炎诊断与鉴别诊断及治疗；慢性肾盂肾炎诊断标准及治疗；急性膀胱炎治疗；无症状细菌尿治疗。

了解内容：机体对尿路感染的防御功能、细菌的致病力、尿路感染的流行病学、病理解剖、妊娠期尿路感染治疗、尿路感染的预防。

47.血液系统总论

掌握内容：血液系统组成，疾病分类；造血干细胞（HSC）基本概念，基本特点（自我更新和多向分化增殖能力）。

了解内容：血液系统疾病的治疗：去除病因，保持正常血液成分及其功能，去除异常的血液成分和抑制异常功能。血液学的进展和重要性；造血干细胞移植。血液系统疾病的诊断方法：病史、体格检查、实验室检查、影像诊断。

48.贫血概述

掌握内容：概念；分类包括根据形态分类及病因学和发病机制分类及两种分类法的临床意义；临床表现。

了解内容：骨髓移植治疗重型再障。

49.白血病

掌握内容：白血病概述。急性白血病的FAB分型及MICM分型、临床表现、实验室检查、诊断和治疗原则。慢性粒细胞白血病临床表现、分期、实验室检查、诊断和治疗原则。

了解内容：骨髓移植，白血病发病情况，病因和发病机制。

50.内分泌系统及代谢性疾病概论

掌握内容：内分泌系统的定义；内分泌系统的器官、组织及其生理功能；内分泌及代谢性疾病的常见临床表现；内分泌疾病的病因诊断、功能诊断和定位诊断；内分泌及代谢性疾病的防治原则。

了解内容：内分泌系统的研究阶段和发展史；内分泌系统与神经系统；内分泌系统的反馈调节；激素的分类；激素的作用机制。

51.糖尿病

掌握内容：糖尿病的定义；临床表现；糖尿病的分型；糖尿病的诊断标准；糖尿病常见的急、慢性并发症；常用口服降糖药的作用机制；胰岛素的种类、适应症、使用原则。

了解内容：糖尿病的流行病学；糖尿病的综合防治原则；糖尿病的筛查及预防。

第四篇 神经系统

52.神经系统疾病概论

掌握内容：中枢神经系统的组成。

了解内容：神经系统疾病的分类（按部位分类、按病因分类）、神经系统疾病的辅助检查、神经系统疾病的症状、体征、防治原则、发展和展望。

第五篇 传染病学

53.传染病概论

掌握内容：感染过程、感染过程中病原体的作用、感染过程中免疫应答的作用、流行的基本条件、感染的概念、感染的表现、传染病的流行过程及影响因素、传染病的基本特征和临床特点，诊断的主要方法、治疗与主要预防方法、诊断和治疗原则，病原学诊断标准，传染病的报告制度，传染病的预防。

了解内容：传染病的发病机制。

54.艾滋病

掌握内容：概念，病原学，流行病学，临床分期及各期主要临床表现，实验室检查，诊断，抗病毒治疗与预防。

了解内容：发病机制与病理解剖，鉴别诊断。

55.病毒性肝炎

掌握内容：病原学分型及各型流行病学特征，HBV感染自然史，病毒性肝炎的临床分型，急性黄疸型肝炎的临床表现，重型肝炎的分类，淤胆型肝炎的临床表现，重型肝炎的并发症。病毒性肝炎的诊断，慢性乙型肝炎的治疗（抗病毒治疗的适应症，目标，干扰素- α 的禁忌症和不良反应）及预防，丙型肝炎的治疗及预防。

了解内容：发病机制和病理解剖，乙型肝炎病毒感染后的抗原抗体系统。

第六篇 外科疾病

56.损伤

掌握内容：损伤的分类、影响创伤修复的因素和愈合类型、临床表现、诊断、处理的基本原则，创伤的紧急救治；创伤的并发症。骨折的定义、成因、分类及骨折段的移位；骨折的临床表现及影像学检查；骨折的并发症；骨折愈合过程；影响骨折愈合的因素；骨折的治疗原则；骨折的急救。腹部损伤的分类；腹部闭合性损伤的临床表现、辅助检查、诊断要点、急症手术探查的指征、非手术治疗。

了解内容：损伤的病理生理、创伤的组织修复和愈合、进一步救治，闭合性和开放性创伤的处置。骨折愈合过程及影响因素。脾、肝、胰腺、胃和十二指肠、小肠、结肠、直肠损伤及腹膜后血肿的临床表现和治疗；损伤控制性外科的概念及在腹部损伤中的应用。

57.感染性疾病

掌握内容：外科感染的定义、特点、分类、病因、病理、临床表现、诊断与鉴别诊断、治疗与预防；急性阑尾炎病理和临床分类、诊断、鉴别诊断要点及治疗；急性胆囊炎的临床表现、诊断与鉴别诊断及急症手术适应证；急性梗阻性化脓性胆管炎的病因、临床表现、诊断及治疗原则。

了解内容：病原体致病因素与宿主防御；阑尾的解剖与生理；阑尾切除术的适应证、禁忌证及手术并发症；急性胆囊炎的手术方法。

58.外科其他性质疾病

掌握内容：掌握肠梗阻，尿路结石的临床表现、诊断和治疗原则。

了解内容：肠梗阻手术治疗的方法。膀胱结石形成的原因。尿道结石形成的原因。

第七篇 妇产科疾病

59.女性生殖系统解剖及妇产科疾病概论

掌握内容：女性外生殖器包括阴阜、大阴唇、小阴唇、阴蒂、阴道前庭的解剖；女性内生殖器包括阴道、子宫、输卵管、卵巢的解剖；女性内外生殖器的血液供应；女性骨盆的结构、真骨盆的分界以及各平面；邻近器官（尿道、膀胱、输尿管、直肠、阑尾）的解剖以及与女性生殖器的关系。

了解内容：女性生殖器的淋巴流向；女性内外生殖器的神经支配；女性骨盆底的解剖。现代妇产科学的范畴；围产医学的进展；妇科微创技术的发展；生殖医学的进展。

60.产科常见疾病

掌握内容：妊娠的分期；早期妊娠的诊断（症状、体征及辅助检查方法）；中晚期妊娠的诊断；胎姿势、胎产式、胎先露及胎方位。决定分娩的因素（产力、产道、胎儿及精神心理因素）；枕先露的分娩机制；先兆临产、临产的诊断；总产程以及分期；三个产程的临床经过及处理。

了解内容：产前保健内容；孕期常见症状及其处理。分娩动因；分娩镇痛。

61.妇科常见疾病

掌握内容：滴虫性阴道炎，外阴阴道假丝酵母菌病的病因、传播方式、临床表现、诊断方法、治疗原则及避免复发的措施。盆腔炎性疾病的定义、临床表现、诊断标准及治疗原则；生殖器结核的诊断、常用的辅助诊断方法。功血的定义、无排卵性功血的子宫内膜的病理改变、临床表现、诊断方法（辅助诊断）、鉴别诊断、治疗原则。排卵性月经失调的分类、病理特点、临床表现、诊断、治疗原则；闭经的定义、诊断方法、治疗原则。

了解内容：细菌性阴道病、老年性阴道炎的诊断与治疗；阴道正常菌群、阴道生态平衡；非特异性外阴炎的病因、治疗；前庭大腺炎、前庭大腺囊肿的诊治。女性生殖道的自然防御功能；盆腔炎性疾病的病理及发病机制。盆腔炎性疾病的病原体及其致病特点、感染途径、高危因素；盆腔炎性疾病后遗症的病理改变及临床表现。功能失调性子宫出血的治疗措施；功能失调性子宫出血的发病机制；闭经的病因、分类；多囊卵巢综合征的定义、临床表现、辅助检查方法、诊断、治疗原则（促排卵、促使妊娠）；痛经、经前期综合征、绝经综合征、高催乳激素血症的定义、临床表现、治疗原则。

第八篇 儿科疾病

62.儿科疾病概论

掌握内容：儿童年龄分期及各年龄期特点。儿童生长发育的规律；体格生长发育的各项指标：体重、身高（长）、头围、胸围、上臂围等；骨骼及牙齿的发育：颅骨、脊柱，腕骨骨化中心、乳牙、恒牙；神经心理发育；神经系统的发育、感知的发育、运动的发育和语言的发育；儿童神经精神发育的规律。儿童的计划免疫。

了解内容：儿科学的特点：基础医学方面（解剖、功能、病理、免疫和心理等）和临床方面（疾病的种类、临床表现、诊断、治疗、预后、预防等）。影响儿童生长发育的因素、儿童神经心理发育的评价、常见心理行为异常。儿童保健的具体措施。了解小儿药物的治疗原则。

63.小儿肺部感染性疾病

掌握内容：肺炎的病因、临床表现；支气管肺炎重症的临床表现；合并心力衰竭时的临床特点及诊断标准、治疗；支气管肺炎的胸部 X 线表现；几种不同病原体所致支气管肺炎的临床特点。肺炎的分类、支气管肺炎轻症和重症的区别；支气管肺炎的病理生理、并发症、鉴别诊断。

了解内容：儿童呼吸系统解剖生理特点。

64.维生素 D 缺乏性佝偻病

掌握内容：维生素 D 缺乏性佝偻病的病因；维生素 D 缺乏性佝偻病的发病机理（包括甲状腺对钙磷代谢的作用）；临床表现（症状、体征、X 线检查和血生化检查特点）；本病的治疗和预防。了解内容：维生素 D 的生理功能及生理调节，维生素 D 的来源、转化。维生素 D 缺乏性佝偻病的鉴别诊断。

三、参考资料

1.参考书

- 《诊断学》第八版.万学红，卢雪峰主编.人民卫生出版社.2013 年 3 月出版
- 《临床诊断学》7 年制规划教材.欧阳钦主编.人民卫生出版社.2005 年出版
- 《临床医学概论案例版》.陈垦、杨建新主编.2011年.高等教育出版社
- 《医学影像学》第7版.白人驹、徐克主编.人民卫生出版社.2013年3月出版
- 《临床超声诊断学》第二版.田家玮、姜玉新主编.人民卫生出版社.2016年8月出版
- 《影像核医学》（第二版）.黄刚主编.人民卫生出版社.2010 年出版
- 《核医学》（第二版）.张永学主编.人民卫生出版社.2010年出版
- 《传染病学》第八版.李兰娟、任红主编.人民卫生出版社.2013年03月出版
- 《外科学》第八版.陈孝平、汪建平主编.人民卫生出版社.2013 年出版
- 《临床医学概论》（第二版）.陈垦、杨建新主编.科学出版社.2016年1月出版
- 《黄家驷外科学》第七版.吴孟超、吴在德主编.人民卫生出版社.2008 年出版
- 《妇产科学》第八版.主编谢幸、苟文丽.人民卫生出版社.2013年3月出版
- 《儿科学》（第八版）.王卫平主编.人民卫生出版社.2014年出版
- 《实用儿科学》（第八版）.诸福棠主编.人民卫生出版社.2017年出版

2.网络资源

- 核医学-中华医学会核医学分会（<http://www.chinanm.org.cn/>）
- 神经病学--中国大学资源共享课（<http://www.icourses.cn/mooc/>）
- 儿科学-中国大学MOOC（<http://www.icourse163.org/course/FUDAN-1001980005>）
- 儿科学-中国医学教育慕课联盟官方平台（<http://www.pmphmooc.com/web/scholl/10491>）

四、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实习学时
1-3	发热、呼吸困难、呕血咯血	2	2	0
4-6	腹痛、水肿、昏迷	2	2	0
7-8	基本检查法、一般检查法	4	2	0
9-10	皮肤、浅表淋巴结、头面颈部	2	1	0
11-14	胸部、腹部、脊柱与四肢、神经反射	2	1	0
15	心电学检查	2	2	0
16-25	X 线、CT 和 MRI 检查	2	2	0

26	超声诊断学	1	1	0
27-29	核医学	1	1	0
30	肿瘤学概论	1	1	0
31	原发性肺癌	1	1	0
32	乳腺癌	1	1	0
33	结肠癌	1	1	0
34	子宫肌瘤			
35	子宫颈癌			
36	肺炎	2	1	0
	肺脓肿	0.5	0	0
	支气管扩张	0.5	0	0
37	慢性阻塞性肺疾病	2.5	1.5	0
38	支气管哮喘	2.5	1.5	0
39	原发性高血压	5	3	0
40	动脉粥样硬化和冠状动脉硬化性心脏病	3	2	0
41	消化系统疾病概论	0.5	0.5	0
42	消化性溃疡	3.5	1.5	0
43	肝硬化	4	2	0
44	泌尿系统疾病概论	0.5	0.5	0
45	肾小球肾炎	0.5	0.5	0
46	尿路感染	1	1	0
47	血液系统总论	0.5	0.5	0
48	贫血概述	0.5	0.5	0
49	白血病	1	1	0
50	内分泌系统及代谢性疾病概论	1	1	0
51	糖尿病	1	1	0
52	神经系统疾病概论	2	2	0
53-54	传染病概论、艾滋病	4	2	0
55	病毒性肝炎	4	2	0
56	损伤	5	2	0
57	感染性疾病	5	2	0
58	外科其他性质疾病	4	2	0
59	女性生殖系统解剖及妇产科疾病概论	3	2	0
60	产科常见疾病	3.5	2	0
61	妇科常见疾病	3.5	2	0
62	儿科疾病概论	2	2	0
63	小儿肺部感染性疾病	4	2	0
64	维生素 D 缺乏性佝偻病	4	2	0
合计		60	60	0

毛泽东思想和中国特色社会主义理论体系概论

一、课程简介

本课程是高校设置的公共政治理论课，综合教育必修课课程，属于人文社会与职业素养课程群。通过帮助大学生掌握、了解毛泽东思想和中国特色社会主义理论体系相关理论产生的背景、过程、内容结构及在中国革命、建设和改革开放中的指导意义，使当代大学生增强对中国特色社会主义的制度自信、道路自信、理论自信，并帮助大学生树立起正确的政治态度和价值观。

二、理论教学内容

1.马克思主义中国化两大理论成果

掌握内容：毛泽东思想和中国特色社会主义理论体系的内容；中国化马克思主义理论的精髓-实事求是的内容。

了解内容：马克思主义中国化的科学内涵及历史进程；马克思主义中国化的几个重大理论成果的时代背景、历史根据、实践基础、历史地位和指导意义。

2.新民主主义革命理论

掌握内容：新民主主义革命理论，新民主主义革命的形成、基本内容及其意义；新民主主义革命的总路线和基本纲领。

了解内容：新民主主义革命的道路；新民主主义革命的基本经验即统一战线、武装斗争和党的建设理论；新民主主义革命理论的意义。

3.社会主义改造理论

掌握内容：社会主义改造的原则、方针、从低级向高级发展的形式及历史经验；从新民主主义向社会主义的转变，走上社会主义建设道路是历史的选择；社会主义改造道路和历史经验。

了解内容：社会主义基本制度的初步确立过程；确立社会主义基本制度的重大意义。

4.社会主义建设道路初步探索的理论成果

掌握内容：社会主义建设道路初步探索的理论成果的内容。

了解内容：社会主义建设道路初步探索的意义和经验教训。

5.建设中国特色社会主义总依据

掌握内容：社会主义初级阶段的长期性；社会主义初级阶段的基本路线和基本纲领；社会主义初级阶段的主要矛盾；社会主义初级阶段的发展战略。

了解内容：初级阶段总路线形成过程。

6.社会主义本质和建设中国特色社会主义总任务

掌握内容：社会主义本质理论的科学内涵；社会主义本质理论的重要意义；社会主义的根本任务。

了解内容：发展才是硬道理；发展是党执政兴国的第一要务；代表中国先进生产力的发展要求；科学技术是第一生产力与科教兴国战略。

7.社会主义改革开放理论

掌握内容：社会主义社会的基本矛盾；改革是社会主义制度的自我完善和发展；改革是社会主义社会发展的直接动力；改革是全面的改革；正确处理改革、发展、稳定的关系；对外开放的格局。

了解内容：对外开放是中国的基本国策；社会主义社会基本矛盾理论；关于改革的社会主义性质和方向；“三个有利于”标准。

8.建设中国特色社会主义总布局

掌握内容：社会主义市场经济体制的基本特征；社会主义初级阶段的基本经济制度；社会主义初级阶段个人收入分配制度；中国特色社会主义民主政治制度的内容；中国特色社会主义文化

建设的根本任务、基本方针，社会主义核心价值体系；构建社会主义和谐社会的重要性和紧迫性、指导思想、基本原则和目标任务；树立生态文明新理念。

了解内容：社会主义市场经济理论的形成和发展；社会主义市场经济体制的性质和内容；建设中国特色社会主义政治中的有关问题，回答中国特色社会主义民主政治制度、社会主义法治国家同西方国家的政治制度、法治的联系和本质区别；构建社会主义和谐社会的科学涵义和重要意义；坚持节约资源和保护环境的基本国策。

9.实现祖国完全统一的理论

掌握内容：祖国统一是中华民族的爱国主义传统；实现祖国完全统一是中华民族伟大复兴的历史任务之一；实现祖国完全是中国人民不可动摇的坚强意志；台湾问题的由来和实质；“和平统一、一国两制”基本方针的形成和确立。

了解内容：实现祖国完全统一是中华民族的根本利益所在，“一国两制”是我们党关于实现祖国统一的基本立场、战略策略和方针政策。

10.中国特色社会主义外交和国际战略

掌握内容：国际形势的发展及特点；和平与发展是当今时代的主题；世界多极化和经济全球化趋势在曲折中发展；中国坚持走和平发展的道路；独立自主的和平外交政策。

了解内容：第二次世界大战后国际形势的发展变化及其基本特点，认清在经济全球化和多极化条件下和平与发展仍是当今时代的主题。

11.建设中国特色社会主义的根本目的和依靠力量

掌握内容：建设中国特色社会主义是全国各族人民的共同事业；工人、农民和知识分子是建设中国特色社会主义事业的根本力量；新的社会阶层是中国特色社会主义事业的建设者；巩固和发展爱国统一战线；正确贯彻党的民族政策和宗教政策；加强国防和军队现代化建设。

了解内容：中国共产党领导的革命、建设和改革是伟大而艰巨的事业，完成这一事业，必须坚定地依靠中国最广大的人民群众，必须巩固和发展统一战线。

12.建设中国特色社会主义的领导核心

掌握内容：党的领导是社会主义现代化建设的根本保证；全面从严治党。

了解内容：中国共产党的是近代中国历史发展的必然选择；全面提高党的建设科学化水平。

三、实验教学内容

1.为什么中国选择了马克思主义？

基本内容：为什么马克思主义吸引了中国先进知识分子。

基本要求：要求学生查阅相关资料，独立思考，写出相应论文。

2.马克思主义中国化理论的精髓—实事求是

基本内容：实事求是思想路线的形成、恢复及发展过程。

基本要求：要求学生查阅相关资料，独立思考，写出相应论文。

3.为什么帝国主义和中华民族的矛盾是近代中国社会的主要矛盾？

基本内容：要求学生掌握、了解自鸦片战争以来到新中国成立期间帝国主义对中国的入侵情况及不平等条约的签订。

基本要求：要求学生查阅相关史料，独立思考，写出相应论文。

4.供给侧改革及经济发展新常态

基本内容：我国社会总供给及总需求现状；如何适应和引信新常态。

基本要求：要求学生查阅相关史料，独立思考，写出相应论文。

5.中西方政党制度及选举制度的比较

基本内容：世界现存政党制度内容及西方选举制度具体程序。

基本要求：要求学生查阅相关资料，独立思考，写出中西政治制度的比较研究论文。

6.对本门课程的总结

基本内容：学习毛泽东思想和中国特色社会主义理论体系概论课的心得和收获。

基本要求：结合学习和自身实际；写出真实体会；字数 1000 字以上。

四、参考资料

《毛泽东思想和中国特色社会主义理论体系概论》（高等教育出版社）.2015 年修订版

《邓小平文选》（1—3 卷）人民出版社.1983 年出版

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	马克思主义中国化两大成果	16	14	2
2	新民主主义革命理论	10	8	2
3	社会主义改造理论	4	4	0
4	社会主义建设道路初步探索的理论	4	4	0
5	建设中国特色社会主义总依据	8	8	0
6	社会主义本质和建设中国特色社会主义总任务	10	10	0
7	社会主义改革开放理论	12	12	0
8	建设中国特色社会主义总布局	24	16	8
9	实现祖国完全统一的理论	6	6	0
10	中国特色社会主义外交和国际战略	4	4	0
11	建设中国特色社会主义的根本目的和依靠力量	4	4	0
12	建设中国特色社会主义的领导核心	4	4	0
学习本门课的心得和收获		2	0	2
合计		108	94	14

基因组信息学

一、课程简介

近年来,随着人类基因组计划(HGP)在世界范围内的实施,产生了大量的基因组信息,分析这些信息是人类基因组研究必不可少的重要内容。基因组信息学涉及基因组信息的获取、处理、存储、分配、分析和解释等所有方面。人类基因组共有约30亿个碱基对,对如此大量的信息数据进行搜集、存储及分配是生物学领域从未遇到过的问题。这些数据中包括编码人类全部蛋白质和结构核糖核酸(RNA)的信息,以及调控这些蛋白质和核酸装配成生物体的信息。因此解读这些信息是一个很大的难题。基因组信息学主要讲授新一代测序技术的原理和方法、测序数据分析方法及应用、核酸序列比对、基因的功能注释与富集、复杂疾病的系统生物学研究及ncRNA的功能、ncRNA与复杂疾病的关系,也就是“读懂”人类基因组。

该课程内容需要前期的基础课、专业基础课程知识作为铺垫,充分体现了生物信息学在基因组领域的发展,是生物信息学专业必不可少的专业课之一。通过本课程学习,使学生熟悉网上的各种基因组信息资源,掌握基因组的相关基础知识、基因组信息学的分析流程、基因的功能及其与复杂疾病的关系,具备处理新一代测序数据、基因功能分析、ncRNA靶基因识别和优化疾病基因等基因组信息学的基本能力。

二、理论教学内容

1.新一代测序技术和工作流程

掌握内容:生物信息学概念及其主要特征,新一代测序分析原理流程。

了解内容:生物信息学的应用及其在复杂疾病研究中的应用;新一代测序数据的预处理,新一代测序仪的基本技术原理。

2.核酸序列比对

掌握内容:描述序列相似性的指标、序列相似性及比对原理;核酸序列分析的基本步骤和方法、基因两两比对算法,局部比对搜索的策略;序列相似性及比对原理。Clustal Omega程序使用方法、多序列比对动态规划算法原理、星型比对及树形比对的基本原理。

了解内容:基于BWT方法的短序列比对算法及应用的软件。其他可以进行短序列比对的生物信息学工具。

3.DNA和RNA测序的应用

掌握内容:非编码RNA测序及其应用、RNA-seq技术与micro-array技术的比较。

了解内容:DNA重测序与个体变异发现、细菌基因组测序与致病性位点发现、宏基因组测序与感染性疾病分析、外显子组测序。

4.ChIP-Seq技术及其应用

掌握内容:位置频率矩阵及位置权重矩阵的计算方法及应用。

了解内容:ChIP-seq技术的实验原理、转录因子结合位点的预测及分析方法。

5.新一代测序在表观遗传研究中的技术及应用

掌握内容:DNA甲基化的定量计算及分析方法。

了解内容:MeDIP-seq、MethyCap、RRBS、Infinium甲基化检测技术的特点及应用。

6.知识扩展:新一代测序技术相关研究方法纵览、RNA二级结构的研究方法及应用

掌握内容:RNA二级结构概念、SRA数据库的使用方法及数据下载预处理流程。

了解内容:单分子测序技术、Hi-C测序、Clip-seq测序等在实际研究中的应用。

7.基因注释与功能分类

掌握内容:基因及其产物的注释体系和注释数据库GO和KEGG;基因集功能富集分析方法和常用工具;功能富集分析中的常见注意事项和误区;本体论的概念。

了解内容：基因及其产物的功能预测方法 基因组功能注释在功能基因组学中的意义；GO功能注释证据的类型；KEGG其他数据库；GO和KEGG数据库产生与发展历程；功能数据的拓展使用。

8. 复杂疾病系统生物学

掌握内容：复杂疾病的概念；复杂疾病的特点；精准医学；常用疾病基因数据库OMIM、DO等；复杂疾病系统生物学的理解。

了解内容：孟德尔疾病的概念及特点；基因的致病机理。

9. ncRNA与靶基因

掌握内容：ncRNA的定义和特点；miRNA及其特点和作用机制；lncRNA及其特点和作用机制；miRNA的靶基因预测算法和原理；miRNA的靶基因预测算法和原理；高通量实验检测miRNA的靶基因；高通量实验检测lncRNA的靶基因。

了解内容：miRNA和靶基因数据库；lncRNA和靶基因数据库；miRNA调控生物学网络；lncRNA调控生物学网络。

10. ncRNA与复杂疾病

掌握内容：miRNA和lncRNA表达的高通量检测及计算分析；识别疾病相关的新的或已知的miRNA和lncRNA；miRNA和lncRNA致病机制和功能的预测；致癌ncRNA和抑癌ncRNA的识别。

了解内容：miRNA和lncRNA表达检测流程的差异；预测新的lncRNA和miRNA的步骤；常用的疾病相关miRNA和lncRNA数据库。

三、实验教学内容

1. 转录组的生物信息学分析实例

基本内容：三大核酸序列数据库的搜索方法、蛋白质数据库的搜索方法；熟悉Clustal Omega程序；启动子序列motif的识别。

基本要求：在GenBank搜索目标序列；利用Clustal Omega程序在本地实现多序列比对。利用在线工具MEME或编程实现序列motif识别。

2. 新一代测序数据分析

基本内容：新一代测序数据质量控制分析方法介绍；FastQ及BAM数据格式介绍；Linux环境下分析新一代测序的基本方法。

基本要求：熟悉FastQC软件的使用；利用MACS进行ChIP-seq数据分析。

3. 功能注释和功能富集

基本内容：功能注释数据库内容的浏览、GO和KEGG数据库完成功能注释、利用David实现功能富集分析。

基本要求：熟悉功能注释数据库、会使用在线工具和编程进行功能富集分析。

4. ncRNA和靶基因

基本内容：熟悉miRBase、GENCODE数据库、掌握miRNA靶基因的获取方法、掌握lncRNA靶基因的获取方法。

基本要求：会使用miRBase、GENCODE数据库下载ncRNA的注释信息、能够获取给定lncRNA或miRNA的靶基因。

5. ncRNA和复杂疾病

基本内容：复杂疾病基因（miRNA、lncRNA和编码基因）数据库的使用、基于表达谱识别疾病相关miRNA、lncRNA。

基本要求：能通过HMDD、lnc2disease、OMIM等数据库获取特定疾病的、lncRNA和编码基因；编写程序实现基于表达谱疾病相关miRNA、lncRNA的识别。

四、参考资料

《生物信息学》第二版.李霞主编.人民卫生出版社.2015年6月出版

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	新一代测序技术和工作流程	10	6	2
2	核酸序列比对	10	6	2
3	DNA 和 RNA 测序的应用	4	4	2
4	ChIP-Seq 技术及其应用	2	2	2
5	新一代测序在表观遗传研究中的技术及应用	2	2	0
6	知识扩展：新一代测序技术相关研究方法纵览、RNA 二级结构的研究方法及应用	4	4	0
7	基因注释与功能分类	12	8	4
8	复杂疾病系统生物学	6	4	2
9	ncRNA 与靶基因	12	8	4
10	ncRNA 与复杂疾病	6	4	2
合计		68	48	20

Perl 语言程序设计

一、课程简介

Perl 一般被认为是 Practical Extraction and Report Language（实用获取与报表语言）的缩写，是由 C 以及 sed、awk、Unix shell 及其它语言演化而来的一种语言。随着精准医疗的开展及生物学大数据时代的到来，Perl 语言在生物学数据分析中的优势逐渐显现。Perl 能利用复杂的模式匹配技巧来快速扫描大量数据。不仅善于处理文本数据，Perl 也能处理二进制数据。Perl 还具有模块化处理、面向对象编程、Unicode 支持、多线程支持等功能，使得 Perl 成为一种完备强大的语言。随着 Perl 的数据挖掘和分析能力的快速提高，Perl 已成为生物学数据分析中常用的一种语言，Perl 在生物信息学中的使用加速了生物信息学、基因组学以及其他生命科学研究的发展。

通过 Perl 语言程序设计的学习，使学生掌握 Perl 语言的基础操作，掌握 Perl 语言处理生物医学数据的流程、算法，熟悉用于生命科学的基于统计分析模块、脚本和 web 联接，了解生物信息中常见的 Perl 工具与数据库，并利用 Perl 语言解决生物学研究中的一些实际问题，如处理生物学数据、分析序列文件、序列比对、数据挖掘、生物信息学软件及分析平台开发等，培养学生的实际动手能力和科学的学习方法，培养学生独立解决生物学问题的能力，并为科研训练及以后从事生物信息学研发工作打下良好的基础。

二、理论教学内容

1. Perl语言入门

掌握内容：Perl的安装与调试。

了解内容：Perl的简介，Perl相关的文档资料，Perl的应用领域，Perl的优缺点。

2. Perl的基本元素

掌握内容：Perl的数字和字符串；Perl的基本运算符、数字运算符和字符串运算符。

了解内容：Perl的单参数运算符、递增和递减、尖括号运算符；Perl的其它赋值运算符。

3. 控制程序流与子程序

掌握内容：Perl的语句块；if语句；逻辑运算符；while循环和for循环。

了解内容：其它流控制工具。

4. 列表与数组

掌握内容：数据存入列表和数组；从数组中取出数据；对数组进行操作、遍历数组。

了解内容：多个数组的遍历。

5. 文件操作

掌握内容：打开文件；文件的读取和写入。

了解内容：自由文件、测试文件和二进制数据。

6. 哈希结构

掌握内容：将数据填入哈希结构；从哈希结构中取出数据；用哈希结构进行的有用操作：确定频率分布、在数组中寻找惟一的元素、寻找两个数组之间的交汇部分。

了解内容：列表与哈希结构。

7. Perl的正则表达式匹配

掌握内容：以m//进行匹配；可选修饰符；锚位；绑定操作符=~；捕获变量。

了解内容：不同操作符的优先级。

8. Perl的正则表达式文本处理

掌握内容：用s///替换；可选修饰符；split操作符；join函数；列表上下文中的m//。

了解内容：其它常见的正则表达式。

9. Perl模块和bioperl

掌握内容：读取关于模块的文档；已安装模块简介；标准模块的完整列表；bioperl的使用。

了解内容：用于通信的Perl模块。

10. Perl的数据库操作和网页设计

掌握内容：用Perl连接MySQL数据库；用perl访问MySQL数据库，并用perl程序来插入若干记录并做查询。

了解内容：基于PHP、Perl的动态网页设计。

11. Perl在生物信息学中的应用

掌握内容：Perl连接常见的生物信息学数据库方法；Perl从生物信息学公共数据库提取数据的方法。

了解内容：Ensembl Perl API的使用；Perl脚本从UCSC数据库下载数据的方法。

12. 高级Perl技巧

掌握内容：文件与目录操作。

了解内容：Perl进程管理；其它函数和运算符；系统间的互操作性；引用与结构；了解程序的运行性能。

三、实验教学内容

1. Perl语言基础

基本内容：本实验目的是学习Perl语言的基础操作，通过对Perl语言变量、表达式、运算符的基本操作，掌握Perl语言的基本操作，为Perl的高级操作和应用提供理论和实践支持。

基本要求：掌握Perl语句、变量和运算符的基础操作；熟悉Perl中的列表与数组；了解Perl中的哈希结构。

2. Perl程序设计及文件操作

基本内容：建立Perl的简单程序后，进一步深入学习Perl控制流中的语句块、条件语句、循环等内容，控制代码块内的执行流程。学习Perl的文件操作，实现数据的存储和读写。

基本要求：掌握Perl的控制程序流。掌握Perl中文件的打开、读取和写入操作。了解子程序的创建和调用。

3. Perl中的正则表达式

基本内容：学习正则表达式的三种形式：匹配、替换和转换。通过学习正则表达式，掌握用正则表达式来完成文本处理的任务，实现Perl的高效编程。

基本要求：掌握Perl中用正则表达式处理文本的方法；掌握Perl中正则表达式的匹配；了解正则表达式的其它应用。

4. Perl连接MySQL数据库及编程

基本内容：学习用Perl数据库接口（Perl Database Interface，简称DBI）连接MySQL数据库。学习用perl访问MySQL数据库，并用perl程序来插入若干记录并做查询。

基本要求：掌握perl连接MySQL数据库的操作流程；了解基于PHP、Perl的动态网页设计。

5. Perl语言在生物信息学中的应用

基本内容：学习Perl连接常见的生物信息学数据库方法。学习Perl从生物信息学公共数据库提取数据的方法。

基本要求：掌握Ensembl Perl API的使用；掌握用Perl脚本从UCSC数据库下载数据的方法；熟悉Bioperl的常见应用。

四、参考资料

1. 参考书

《Perl语言入门》（第五版）.Randal Schwartz等著.盛春等译.东南大学出版社.2012年3月出版

《Perl语言入门》（第六版）.Randal Schwartz等著.盛春等译.东南大学出版社.2012年3月出版

《PERL语言入门》（第7版 英文版）Randal Schwartz等著.东南大学出版社.2017年10月出版

2.网络资源

Comprehensive Perl Archive Network (<https://www.cpan.org/>)

多贝公开课-零基础学Perl语言 (<http://www.duobei.com/course/5038622468>)

极客学院-Perl视频教程 (<http://www.jikexueyuan.com/course/perl/>)

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	Perl 入门	2	2	0
2	Perl 的基本元素	4	4	0
3	控制程序流与子程序	6	2	4
4	列表与数组	2	2	0
5	文件操作	6	2	4
6	哈希结构	2	2	0
7	Perl 的正则表达式匹配	6	2	4
8	Perl 的正则表达式文本处理	2	2	0
9	Perl 模块和 bioperl	6	2	4
10	Perl 的数据库操作和网页设计	2	2	0
11	Perl 在生物信息学中的应用	8	4	4
12	高级 Perl 技巧	2	2	0
合计		48	28	20

数据库原理与程序设计

一、课程简介

《数据库原理与程序设计》是计算机学科各专业的一门重要专业基础课程，是计算机科学的重要分支，它为计算机专业、管理专业等众多学科提供利用计算机技术进行数据管理的基本理论知识，是计算机专业、管理专业等学科的专业必修课，也是生物信息科学与技术专业的必修课程。

本课程主要介绍数据库的基本理论和应用方法。本课程的任务是通过各个教学环节，运用各种教学手段和方法，使学生在掌握数据模型、数据库管理系统、数据库语言及数据库设计理论等基本理论知识的基础上，逐步具有开发和设计数据库的能力，为进一步开发和设计大型信息系统打下坚实基础。

二、理论教学内容

1.绪论

掌握内容：两大类数据模型、数据模型的组成要素、概念模型、层次模型、网状模型、关系模型、数据库系统的三级模式结构和数据库的二级映像功能与数据独立性。

了解内容：数据、数据库、数据库管理系统、数据库系统、数据库系统模式的概念、数据管理技术的生产和发展和数据库系统的特点。

2.关系数据库

掌握内容：关系模型数据结构及形式化定义、关系和关系模式、基本的关系操作、实体完整性、参照完整性、传统的集合运算、专门的关系运算、关系数据库、关系的三类完整性约束和用户定义的完整性。

了解内容：关系数据语言的分类、关系演算。

3.关系数据库标准语言 SQL

掌握内容：基本表的定义、删除与修改、索引的建立与删除、单表查询、连续查询、嵌套查询、集合查、SELECT 语句的一般格式、插入、修改和删除数据、模式的定义与删除、定义视图、修改数据、删除数据和视图的作用。

了解内容：SQL 的产生与发展、SQL 的特点、SQL 的基本概念。

4.数据库安全性

掌握内容：用户标识与鉴别、存取控制、自主存取控制（DAC）方法、授权与回收、数据库角色、强制存取控制（MAC）方法。

了解内容：视图机制、审计、数据加密、计算机系统的三类安全性问题、安全标准简介、统计数据库安全性。

5.数据库完整性

掌握内容：实体完整性定义、参照完整性定义、定义触发器、激活触发器、删除触发器、属性上的约束条件的定义、元组上的约束条件的定义。

了解内容：实体完整性检查和违约处理、参照完整性检查和违约处理、属性上的约束条件检查和违约处理、元组上的约束条件检查和违约处理。

6.关系数据理论

掌握内容：函数依赖、码、范式、2NF、3NF、BCNF、多值函数依赖。

了解内容：4NF。

7.数据库设计

掌握内容：需求分析、概念结构设计、逻辑结构设计、数据库设计的特点、数据库设计方法、数据库设计的基本步骤、数据库设计过程的各种模式。

了解内容：数据库的物理设计、数据的载入与应用程序的调试、数据库的试运行和数据库的运行和维护。

8.数据库编程

掌握内容：嵌入式 SQL 的处理过程、嵌入式 SQL 语句与主语言之间的通信、不使用游标的 SQL 语句与使用游标的 SQL 语句、变量常量的定义、控制结构、存储过程和 ODBC 工作原理。

了解内容：动态 SQL、PL/SQL 块结构 ODBC API 基础、数据库互连、ODBC 的工作流程。

9.关系查询处理及其查询优化

掌握内容：查询处理步骤、查询优化实例、关系代数表达式等价变换规则、查询树的启发式优化、高通量数据的水平分割及垂直分割。

了解内容：实现查询操作的算法示例、基于启发式规则的存取路径优化、基于代价的优化、查询优化概述。

三、实验教学内容

1.数据定义和操作语言（SQL）

基本内容：数据库管理软件的安装、数据定义以及数据的查询、修改、插入和删除等操作。

基本要求：创建和删除数据库，创建、修改和删除基本表，创建和删除索引；单表查询、多表查询、数据更新操作、集合操作等。

2.数据库安全性

基本内容：数据库安全性控制和视图。

基本要求：掌握自主存取控制方法，权限的授予和回收以及创建视图、更新视图等。

3.数据库完整性

基本内容：实体完整性、参照完整性、用户定义的完整性以及触发器。

基本要求：掌握实体完整性和参照完整性的定义，触发器的创建、激活等。

4.数据库设计

基本内容：数据库设计的方法和应用开发。

基本要求：掌握需求分析、概念模型、逻辑模型等数据库设计、创建数据库、数据加载等。

5.数据库编程

基本内容：ESQL、过程化SQL；存储过程；ODBC编程。

基本要求：掌握ESQL的使用格式；数据库连接；存储过程的创建和调用。

四、参考资料

1.参考书

《数据库系统概论》（第5版）.王珊、萨师焯编著.高等教育出版社.2014年9月出版

《数据库原理与应用》（第3版）.何玉洁编著.机械工业出版社.2017年6月出版

《MySQL DBA修炼之道》（第1版）.陈晓勇编.机械工业出版社.2017年2月出版

2.网络资源

数据库系统概论- (<https://www.chinadb.org/home/nav/1>)

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	绪论	4	4	0
2	关系数据库	6	6	0
3	关系数据库标准语言 SQL	14	10	4
4	数据库安全性	8	4	4
5	数据库完整性	8	4	4
6	关系数据理论	6	6	0
7	数据库设计	12	8	4
8	数据库编程	10	6	4
9	关系查询处理及其查询优化	4	4	0
合计		72	52	20

模式识别

一、课程简介

模式识别包含了模式识别与数据挖掘两门课程。模式识别与数据挖掘研究的内容是使机器能做以前只能由人类才能做的事，具备人所具有的、对各种事物与现象进行分析、描述与判断、并在大型数据库中发现模式的能力。模式识别与数据挖掘是在统计分析、语言学、计算机科学、生物学、控制论、优化算法等技术的基础上发现潜在有价值的模式，解决生物医学基础科研中的实际问题。

通过本课程的学习，使学生了解和掌握模式识别与数据挖掘的基础理论、基本知识，掌握模式识别与数据挖掘的常用技术和方法，掌握以计算机为工具对生物数据进行储存、检索和分析的科学、有效地进行数据的采集、整理、检索、分析，从中提取有价值的模式，同时培养学生应用所学知识解决生物学问题的能力，为学生在未来工作中合理使用模式识别与数据挖掘方法打下坚实的理论基础。

二、理论教学内容

1.模式识别总论

了解内容：模式识别和模式的概念；模式识别系统。

2.贝叶斯决策理论

掌握内容：贝叶斯决策理论基本概念；常用的决策规则，包括：最小错误率贝叶斯决策，基于最小风险的贝叶斯决策，朴素贝叶斯分类器；正态分布时的统计决策；关于分类时的统计决策；判别函数和决策面；贝叶斯决策方法生物学应用。

了解内容：正态分布概率密度的定义和性质；决策规则的不同形式；决策的错误率；最小风险决策的一般性；多元正态概率模型下的最小错误率贝叶斯决策；贝叶斯决策应用。

3.线性分类器

掌握内容：Fisher线性判别；感知准则函数；最小错分样本数准则；多类问题。

了解内容：最小平方误差准则函数；随机最小错误率线性判别准则函数。

4.非线性分类器

掌握内容：分段线性判别函数、多层感知器神经网络、支持向量机。

5.其他分类器

了解内容：最近邻法；k-近邻法。

6.决策树分类算法

掌握内容：决策树归纳；决策树的工作原理；决策树归纳算法；评估分类器的性能；比较分类器的方法；不平衡类问题；决策树生物学应用。

了解内容：模型的过分拟合；组合方法；随机森林；随机森林生物学应用。

7.聚类分析及应用

掌握内容：数据、簇和聚类算法的特性；基于原型的聚类；基于密度的聚类；基于图的聚类、聚类应用。

了解内容：可伸缩的聚类算法。

8.关联分析及应用

掌握内容：频繁项集的产生；规则产生；频繁项集的紧凑表示；处理分类属性连续属性；序列模式；子图模式；挖掘多物种通路频繁模式；文本挖掘。

了解内容：产生频繁项集的其他方法；FP增长算法；关联模式的评估；倾斜支持度分布的影响；非频繁模式。

三、实验教学内容

1.基于Fisher准则的线性分类器设计

基本内容：本实验旨在让同学进一步了解分类器的设计概念，能够根据自己的设计对线性分类器有更深刻地认识，理解Fisher准则方法确定最佳线性分界面方法的原理。完成Fisher线性分类器的设计。利用试验数据集训练两个具体的Fisher分类器，一个利用二维数据（即前两列属性）构建分类器，另一个利用三维数据构建分类器。分析W的比例因子对于Fisher判别函数没有影响的原因。

基本要求：了解分类器的设计概念；能够自己的设计对线性分类器，理解Fisher准则方法确定最佳线性分界面方法的原理。

2.利用模式识别软件进行分类器设计

基本内容：安装模式识别软件（WEKA），对软件数据格式、数据准备、分类部分进行学习，并根据实例操作，了解weka的主要功能；选择朴素贝叶斯分类方法，进行分类器的整体设计和检验。

基本要求：掌握weka的分类模块中分类方法，例如：贝叶斯方法，Fisher方法；熟悉交叉验证方法；特征选择方法。

3.决策树归纳设计

基本内容：实现决策树归纳算法；评估分类器的性能；ROC曲线的绘制，生物数据的应用。

基本要求：掌握决策树的工作原理；熟悉评估分类器的性能的方法。

4.聚类分析

基本内容：利用k均值和层次聚类分析结肠癌基因表达谱数据，对样本和基因进行聚类，分析聚类的结果；结合生物学背景，解释结果的生物学含义；利用SNN测度在基因共表达网络中挖掘模块

基本要求：掌握层次聚类方法，层次聚类图的分析；实现K-均值聚类方法，网络模块的挖掘。

四、参考资料

1.参考书

《模式识别》第三版.张学工主编.清华大学出版社，2010年8月出版

《数据挖掘导论》第二版.谭、斯坦巴赫（著）范明 范宏建（译）.人民邮电出版社.2011年4月出版

《数据挖掘原理与算法》.（第3版）.毛国君 段立娟.清华大学出版社.2016年

2.网络资源

南京大学-模式识别在线课程（http://cs.nju.edu.cn/wujx/teaching_PR.html）

中国科学技术大学-模式识别在线课程（<http://home.ustc.edu.cn/~hizhangp/pr/>）

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	模式识别概论	2	2	0
2	统计决策方法（最小错误率贝叶斯决策，最小风险贝叶斯决策，正态分布统计决策）	8	8	0
3	概率密度函数的估计（最大似然估计，贝叶斯估计，贝叶斯估计，非参数方法）	6	4	2
4	线性分类器 （基本概念，fisher 线性判别分析，感知器，最小平方误差判别，多类线性分类器）	10	6	4
5	非线性分类器（分段线性判别函数，基于距离的分段线性判别函数）	8	6	2
6	其他分类方法（最近邻法、k-近邻法）	6	4	2
7	特征的选择与提取 类别可分离性判据 最优特征选择方法 （穷举法、分制定界法） 次优特征选择方法 （单独最优特征组合法、前进法、后退法、增 L 减 R 法、爬山法）	18	16	2
8	决策树分类器	8	6	2
9	分类算法的评估	4	4	0
10	聚类分析及应用 （K-均值聚类，层次聚类，DBSCAN 算法）	8	6	2
合计		72	56	16

高等多元统计

一、课程简介

高等多元统计分析是生物信息学本科专业的一门重要的理论性基础课。高等多元统计分析是数理统计学迅速发展起来的一个分支，已广泛地应用到社会科学和自然科学的许多领域，在医学领域、生物信息领域也有非常广泛的应用。通过本课程的学习，让学生了解各种常用多元统计分析方法的统计背景 and 实际意义，熟悉各方法的统计思想及理论知识，并知道如何用这些方法去解决医学、生物信息学中的实际问题。

学生学完本课程后，应达到如下要求：了解各种常用多元统计分析方法的统计背景和实际意义。掌握多元正态分布的基本概念和性质。掌握聚类分析的思想和方法，并会应用聚类分析解决实际问题。掌握判别分析的思想和方法，并会应用判别分析解决实际问题。掌握主成分分析的思想和方法。掌握 Logistic 回归分析的思想和方法，以及 Logistic 回归在生物医学中的应用。掌握生存率的估计、生存曲线和 Cox 比例风险回归模型在生物医学中的应用。掌握非参数检验的基本概念和性质。

二、理论教学内容

1.绪论

了解内容：各种常用多元统计分析方法的统计背景和实际意义，以及这些方法在解决医学、生物信息学中实际问题的应用。

2.多元正态分布

掌握内容：多元正态分布的基本概念，多元正态分布的定义及基本性质。

了解内容：多元正态分布的参数估计。

3.多元正态总体均值向量和协差阵的假设检验

掌握内容：Wishart 分布的定义和性质，Hotelling T² 分布的定义和性质。

了解内容：多元正态分布均值向量的检验，多元正态分布协差阵的检验。

4.多元数据图表示法

掌握内容：多元数据散点图，折线图，雷达图等图表示法。

5.聚类分析

掌握内容：聚类分析的基本思想，距离和相似系数，系统聚类法的基本性质，八种系统聚类方法，基于 SNP 位点最小等位基因频率对人群进行聚类分析。

6.判别分析

掌握内容：判别分析的思想和方法。距离判别法基本思想，Fisher 判别法基本思想，Bayes 判别法基本思想，逐步判别法基本思想，基因表达数据的判别分析。

7.主成分分析

掌握内容：主成分分析的定义及其基本思想、主成分分析的应用。

了解内容：主成分分析的数学模型、主成分的推导及性质。

8.Logistic 回归分析

掌握内容：一元、多元 Logistic 回归模型及 Logit 变换；回归系数及回归方程的检验；Logistic 回归方程中系数的解释；Logistic 回归在医学中的应用。优势比、相对危险度的概念。

了解内容：运用逐步回归分析做 Logistic 回归。

9.生存分析

掌握内容：生存率的估计和生存曲线，生存曲线的 Log-rank 检验。

了解内容：Cox 比例风险回归模型，生存分析在生物医学中的应用。

10.秩和检验

掌握内容：配对样本比较的 Wilcoxon 符号秩检验，两个独立样本比较的 Wilcoxon 秩和检验（包括频数资料），多个独立样本比较的 Kruskal-Wallis 秩和检验（包括频数资料）。

了解内容：随机区组设计多个样本比较的检验方法，非参数检验注意事项。

三、实验教学内容

1. 聚类分析

基本内容：距离和相似系数，聚类分析的基本思想和方法，常用的8种系统聚类方法。

基本要求：掌握8种不同的系统聚类方法在计算机（R语言）中的实现与应用，能够了解他们之间的区别与联系。

2. 判别分析

基本内容：判别分析的基本思想与方法，距离判别法，fisher判别法，以及逐步判别法。

基本要求：掌握距离判别法，fisher判别法，以及逐步判别法的计算机（R语言）实现与应用，能够了解他们之间的区别与联系。

3. Logistic回归分析

基本内容：Logistic回归分析的基本思想与方法。

基本要求：掌握Logistic回归分析在生物信息分析中的应用以及计算机（R语言）实现。

4. 生存分析

基本内容：生存分析的基本思想与方法，生存曲线分析，Cox比例风险回归模型。

基本要求：掌握生存曲线分析，Cox比例风险回归模型的计算机（R语言）实现与应用。

四、参考资料

1. 参考书

《R语言与统计分析》.汤银才主编.高等教育出版社.2008年出版

《多元统计分析》.于秀林.任雪松编.中国统计出版社.北京.2006年出版

《概率论与数理统计》.陈希孺主编.北京.科学出版社.2001年出版

《数理统计学讲义》.陈家鼎等主编.北京.高等教育出版社.2000年出版

《概率论与信息论基础》.张瑞杰等主编.哈尔滨.哈尔滨出版社.2003年出版

《应用多元统计分析》.高惠璇主编.北京.北京大学出版社.2008年出版

《多元统计分析及R语言建模》.王斌会主编.暨南大学出版社.2010年出版

《多元统计分析》张润楚.科学出版社.2017年12月

2. 网络资源

R:<https://www.r-project.org/>

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	绪论	2	2	0
2	多元正态分布	4	4	0
3	多元正态总体均值向量和协差阵的假设检验	6	6	0
4	多元数据图表示法	2	2	0
5	聚类分析	8	6	2
6	判别分析	8	6	2
7	主成分分析	4	4	0
8	Logistic 回归分析	8	6	2
9	生存分析	8	6	2
10	秩和检验	6	6	0
合计		56	48	8

生物医学网络资源

一、课程简介

生物医学网络资源是一门介绍各种生物医学资源以及如何有效地获取这些资源的学科。该课程主要涉及各种生物资源的网络信息，学习各种网络资源的查询、获取以及有效地结合不同网络资源的协同获取。该课程为学生实践后续各课程提供了基础，解决各种生物信息分析中的数据获取以及生物注释。生物医学网络资源需以了解各种生物医学相关概念以及网络信息为基础，培养学生能够精确快速的定位需要的生物医学信息。

本门课程通过讲授各种生物医学信息网络资源使学生能够快速有效的查询以及获取相关的生物医学信息，同时掌握当前主流的一些生物信息资源，使学生对主流生物信息资源的结构、组成以及内容有一定的了解，为学生在未来的生物信息研究工作中打下坚实的基础。

二、理论教学内容

1. DNA与RNA网络资源

掌握内容：核苷酸数据库-GeneBank与RefSeq数据库的界面查询、单条记录结构、整体构架以及下载接口（包括下载工具）；RNA数据库-miRBase数据库的界面查询、单条记录结构、整体构架以及下载接口（包括下载工具）；测序数据库-SRA高通量测序数据库的界面查询、单条记录结构、整体构架以及下载接口（包括下载工具）；Unigene与Gene数据库的界面查询、单条记录结构、整体构架以及下载接口（包括下载工具）。

了解内容：ncRNA、RNAdb、fRNAdb、Rfam、snoRNAbase、tmRDB数据库的界面查询、单条记录结构、整体构架以及下载接口（包括下载工具）。

2. 遗传变异网络资源

掌握内容：dbSNP数据库的界面查询、单条记录结构、整体构架以及下载接口（包括下载工具）。

了解内容：dbGap数据库的基本定义、界面查询、单条记录结构、整体构架、搜索策略以及下载接口（包括下载工具）。

3. 基因组网络资源

了解内容：UCSC基因组数据库的基础定义及其基因组浏览器的组成与结构，UCSC注释轨道的详细内容及其结构，UCSC表格查询的界面以及下属基本功能，UCSC整体数据库的结构以及下载接口（包括下载工具）、ENSEMBL数据库的界面查询、单条记录结构、整体构架以及下载接口（包括下载工具）。

4. 表达网络资源

掌握内容：GEO数据库的基础定义、界面查询、单条记录结构、整体构架以及下载接口（包括下载工具）。

了解内容：ArrayExpress数据库的界面查询、单条记录结构、整体构架以及下载接口（包括下载工具）。

5. 调控网络资源

了解内容：TransFact数据库的界面查询、单条记录结构、整体构架以及下载接口（包括下载工具）。

6. NCBI-Entrez系统

掌握内容：Entrez系统的界面查询、查询选项（关键字选取、限定词设定、查询组合策略）、单条记录结构、记录显示与保存、下载接口（包括下载工具）。

三、实验教学内容

1. DNA与RNA网络资源

基本内容：利用GeneBank与RefSeq数据库查询人类基因CDC2；从GeneBank以及Refseq数据库的下载接口获取任意数据；从GeneBank以及Refseq数据库获取序列信息；从miRBase数据库获取当前人类相关的所有成熟miRNA及其前体；从SRA数据库中获得任意高通量的测序数据；利用Unigene与Gene数据库查询人类基因CDC2；下载Gene数据库中ID转换信息、注释信息以及文献信息。

基本要求：掌握GeneBank与RefSeq数据库中的单条记录的结构以及所有内容；掌握GeneBank与RefSeq数据库的下载接口以及获取序列的步骤；掌握miRBase数据库的基本结构以及获取miRNA ID的步骤；掌握Unigene与Gene数据库的单条记录的内容与结构；掌握Gene数据库中各种批量注释信息的获取以及各种信息的结构。

2.遗传变异网络资源

基本内容：利用dbSNP搜索在BRCA1与BRCA2上的所有SNP；利用dbSNP搜索在1号或者2号染色体上的所有SNP；查询某一个特定的SNP；基于不同的搜索限定词查询不同类型的SNP。

基本要求：掌握dbSNP数据库的单条记录结构及内容；掌握dbSNP的搜索策略。

3.表达网络资源

基本内容：利用GEO数据库查询人类胃癌相关的表达数据，从中找出具有case/control、样本量大于100的数据，并下载其中某一套数据（不同类型的数据各下载一次），查看所下数据的预处理步骤。

基本要求：掌握GEO数据库的单条记录的结构和内容，以及GEO数据库的查询与下载步骤；掌握GEO数据库的筛选步骤。

4.NCBI-Entrez系统

基本内容：利用NCBI系统提供的各种技巧精确地查询先前所有NCBI相关数据库的查询（不同的条件，不同的限定搜索域）；对某一数据库进行多次查询并进行查询间的融合操作。

四、参考资料

《生物信息学》第一版.李霞主编.人民卫生出版社.2010年出版

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	DNA 与 RNA 网络资源	10	10	0
2	遗传变异网络资源	4	4	4
3	基因组网络资源	4	4	4
4	表达网络资源	4	4	4
5	调控网络资源	2	2	4
6	NCBI-Entrez 系统	4	4	4
	合计	48	28	20

习近平总书记系列重要讲话专题辅导

一、课程简介

本课程是高校设置的公共政治理论课，综合教育必修课课程，属于人文社会与职业素养课程群。通过本门课程的学习使大学生了解、掌握习近平总书记治国理政、治党、治军、内政外交等的一系列思想、观点、方法，并籍此帮助大学生牢固树立对党的科学理论的信仰、坚定走中国特色社会主义道路实现“中国梦”的信念、增强对党和政府的信任、增进对以习近平同志为总书记的党中央的信赖。

二、理论教学内容

1.坚持和发展中国特色社会主义

掌握内容：世界社会主义 500 年的概念、六阶段划分、历史必然性；中国特色社会主义坚持科学社会主义基本原则；正确理解改革前后两个历史时期的关系。

了解内容：中国特色社会主义由实践、理论体系和制度构成；坚持和发展中国特色社会主义的五个必须；发展中国化马克思主义。

2.实现中华民族伟大复兴的中国梦

掌握内容：两个一百年目标；中国梦的思想内涵；中国梦的实现途径。

了解内容：中国梦的提出；中国梦实现的国际、国内背景与我们面临的形势。

3.全面建成小康社会

掌握内容：全面建成小康社会的重要意义；全面建成小康社会历史任务；全面建成小康社会的关键环节。

了解内容：经济建设为中心；人力资源是国家增强核心竞争力的第一动力；科技创新是提高社会生产力的战略支撑；农村发展要迈出新步伐；要全面推进生态文明建设。

4.全面深化改革

掌握内容：全面深化改革重要意义；全面深化改革是一项系统工程；处理好全面深化改革重大关系。

了解内容：全面深化改革，必须紧紧依靠人民群众；人民是历史创造者，是全面深化改革的主体。

5.全面从严治党

掌握内容：全面从严治党的丰富内涵；全面从严治党的重要意义；全面从严治党的重要措施。

了解内容：习近平总书记提出全面从严治党的背景；当今的世情、国情、党情。

6.全面依法治国

掌握内容：全面依法治国的重要意义；全面依法治国的背景条件和目标原则；全面依法治国的实践路径。

了解内容：依法治国的必要性和迫切性、艰巨性和曲折性；坚持党的领导是全面依法治国的重要原则；全面依法治国必须坚持从中国实际出发；强化立法的科学性。

7.习近平思想的立场、观点和方法

掌握内容：习近平思想的原则立场在于共产主义立场和人民群众立场；习近平思想的理论根据在于马克思主义哲学和中国传统文化智慧；从对习近平总书记系列重要讲话的研读中发现和学习习近平思维的“问题意识”、“底线思维”、“法治思维”、“精准思维”等特点。

三、参考资料

《马克思恩格斯选集》第 1 卷、第 3 卷、第 4 卷.马克思、恩格斯.人民出版社.1995 年出版
《马克思恩格斯全集》第 44 卷、第 45 卷、第 46 卷.马克思、恩格斯.人民出版社.2003 年出版

四、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	坚持和发展中国特色社会主义	4	4	0
2	实现中华民族伟大复兴的中国梦	2	2	0
3	全面建成小康社会	2	2	0
4	全面深化改革	2	2	0
5	全面从严治党	2	2	0
6	全面依法治国	2	2	0
7	习近平思想的立场、观点和方法	2	2	0
合计		16	16	0

面向对象与 UML

一、课程简介

面向对象与UML是一门重要的计算机应用课程，学习本课程能够使学生熟练地掌握面向对象技术，结合统一建模语言（UML）完成生物信息学软件的分析、设计和开发，提高解决实际生物学问题的思考和动手能力。本课程将Java程序设计与面向对象思想并重，将UML与面向对象结合介绍，来强调面向对象的软件开发过程，为以后学生的毕业设计、科研工作提供坚实的编程基础。

本课程是生物信息专业必修课程，本课程的先修课程为JAVA语言程序设计、数据结构以及数据库原理与程序设计。通过本课程的学习，学生能够实现用面向对象思想分析、设计、解决问题，处理各种复杂的数据，以及实现海量的生物学数据整合。掌握统一建模语言（UML），规范化程序开发中的各个步骤，提高协同合作的能力，实现团队研发，解决生物信息领域中的的各种问题，提高学习及科研能力。

二、理论教学内容

1. Java概述

掌握内容：Java语言的基本数据类型、变量及表达式；Java程序控制语句；Java数组与字符串；Java控制台输入/输出。

了解内容：Java异常处理。

2. 用例分析

掌握内容：用例间的关系；读懂用例图；用例设计过程。

了解内容：用例模型的检查。用例图中的标记元素。

3. 面向对象技术—类和对象

掌握内容：面向对象技术的核心——类和对象的基本概念；描述类和对象的 UML 视图——类图和对对象图；用类和对象的观点分析问题。

了解内容：面向对象与面向过程的区别；类图和对对象图的表示。

4. 面向对象技术—基本特性

掌握内容：面向对象的三个基本特性：封装、继承、多态；封装、继承、多态在 Java 中的表示。

了解内容：不同面向对象语言对于封装、继承、多态的不同表现方式比较（Java 与 C++）。Java 接口的使用；类图中继承的表示。

5. 序列图和通信图

掌握内容：序列图和通信图的基本图元；读懂序列图；读懂通信图。

了解内容：序列图与通信图的比较。交互图的概念；建立序列图的步骤；建立通信图的步骤。

6. 协同应用开发

掌握内容：软件开发的周期；用面向对象的观点进行需求分析、设计；分配任务，分别生成 UML 视图；根据 UML 视图实现程序。

了解内容：软件的测试与部署。通过 UML 进行团队协作开发。

三、实验教学内容

1. 高通量网络平台的OOA、OOD与UML建模

基本内容：把面向对象的思想运用于软件开发过程，用类和对象的观点去分析问题，并对整个软件系统进行设计，包括框架设计和数据库设计等。利用UML进行建模。

基本要求：掌握类和对象的概念，如何把要解决的问题抽象成类，并掌握如何绘制用例图及类图，掌握序列图、通信图等的绘制。

2. 生物学软件的OO与UML协同应用开发

基本内容：将软件设计的结果转换成计算机可运行的程序代码。用面向对象语言实现软件的

各个功能模块。

基本要求：掌握至少一门面向对象程序设计语言，注意程序编码中规范代码，以保证程序的可读性、易维护性。

四、参考资料

1.参考书

《面向对象分析与设计》(第三版).Grady Booch 等著.王海鹏 潘加宇译.人民邮电出版社.2016年5月

《大象 Thinking in UML》（第二版）.谭云杰著.中国水利水电出版社.2012年3月

2.网络资源

<http://docs.oracle.com/javase/7/docs/api/index.html>

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	Java 概述	6	6	0
2	用例分析	2	2	0
3	面向对象技术—类和对象	8	6	2
4	面向对象技术—基本特性	6	4	2
5	序列图和通信图	4	4	0
6	协同应用开发	16	8	8
合计		42	30	12

Python 语言程序设计

一、课程简介

Python 是一门结合了解释性、编译性、互动性和面向对象的高层次脚本语言。Python 语言的设计具有很强的可读性，与其他程序设计语言相比，Python 在设计上坚持了清晰划一的风格，具有相对较少的关键字，较为简单的语法结构等优点。Python 具有丰富和强大的库。它常被昵称为“胶水语言”，能够把用其他语言制作的各种模块（如 C/C++）很轻松地联结在一起。这些优点使得 Python 成为一门易读、易维护，并且被大量用户所欢迎的、用途广泛的语言。

《Python 语言程序设计》课程是生物信息学专业的一门必修计算机基础课程。通过本课程的学习，使学生掌握 Python 语言基础语法，掌握函数、模块、类及面向对象语法，理解抽象，重用等程序设计理念，熟悉常用 Python 模块的使用。熟悉生物信息学基本统计分析包、程序脚本和 web 链接方法，了解生物信息中常见的 Python 软件与数据库，并利用 Python 语言解决生物学研究中的一些实际问题，如处理生物学数据、分析序列文件、序列比对、数据挖掘、生物信息学软件及分析平台开发等，培养学生的实际动手能力和科学的学习方法，使学生们具备系统的生物医药大数据数据分析处理、精准医学和生物大科学研究能力，及应用生物信息学技术分析、解决生物医药问题的能力，为科研训练及以后从事生物信息学研发工作打下良好的基础。

二、理论教学内容

1. Python语言简介

了解内容：Python语言的由来、Python语言应用前景。

掌握内容：Python语言在生物信息学中的应用、搭建Python运行环境。

2. Python基本数据类型及程序流程控制

掌握内容：掌握常量、变量、数值类型、字符串类型等数据类型的定义、程序流程控制。

了解内容：不同数据类型在Python中的存储方式、如何优化程序流程控制。

3. Python高级数据类型及字符串操作

掌握内容：掌握列表、元组、序列、等高级数据类型的定义、字符串操作及格式化。

了解内容：使用高级循环技巧节约代码、中文字符串的处理。

4. 文件操作

掌握内容：打开关闭文件及文件读写操作。

了解内容：文件打开模式。

5. 函数的基本属性

掌握内容：函数定义和调用及函数参数设置、局部变量与全局变量作用范围。

了解内容：函数的递归调用。

6. 函数编程

掌握内容：匿名函数及函数作为变量和参数。

了解内容：高级函数的使用。

7. Python中的模块与包

掌握内容：模块的导入和使用，包的组织结构，包的导入与使用。

了解内容：模块的存放路径。

8. 类和对象

掌握内容：类的定义及类的实体化与调用。

了解内容：类的静态属性和静态方法。

9. 继承

掌握内容：类的继承原理及类的方法重载。

了解内容：运算符重载。

10.异常的处理，迭代器和生成器

掌握内容：捕捉异常及触发异常；创建和使用迭代器与生成器。

了解内容：自定义异常类。

11.用Python做科学计算，numpy模块、matplotlib模块与scipy模块

掌握内容：多维数组的使用。

了解内容：科学计算相关的常用函数。

12.Python算法开发

掌握内容：二分查找方法、冒泡排序、快速排序方法开发。

了解内容：算法开发基础及用户需求分析。

三、实验教学内容

1.Python语言基础

基本内容：安装Python和notepad++；使用Python解释器；简单的加减乘除运算；调用标准模块math中的数学函数；编写和运行Python脚本；打印一段文字和字符画（或字符表情）；注释方法；使用IDLE；使用ipython和ipython notebook。

基本要求：初步熟悉Python开发环境，掌握Python解释器的使用，掌握编写和运行python脚本的方法，熟练掌握输出打印方法，了解ILDE，掌握ipython和ipython notebook的使用方法。

2.Python程序设计及文件操作

基本内容：变量、数值类型、字符串的语法练习；字符串和数值之间的转换练习；编写代码：处理Ensembl数据库基因ID信息。

基本要求：会编写简单的程序，初步掌握变量和表达式，以及简单的循环和判断语句的使用。

3.Python语言在生物信息学中的应用

基本内容：读取GEO数据库中基因表达谱文件（txt格式）；编写代码：找出差异表达基因集合；根据基因注释信息（注释文件.txt）给出差异表达基因的详细信息（染色体位置、编码蛋白质等）；利用Python编写超几何检验函数，并利用给出的基因与通路对照文件找出差异表达基因显著富集的生物学通路。

基本要求：利用Python分析基因表达谱文件，找出差异表达基因并进行基因集合功能富集分析。

四、参考资料

《Python基础教程》（第二版）.MagnusLieHetland著，司维等译.人民邮电出版社.2010年7月版

《PYTHON数据科学手册》.杰克万托布拉斯著,陶俊杰、陈小莉译.人民邮电出版社.2018年2月版

Python Software Foundation (<https://www.python.org/>)

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	Python 语言简介	2	2	0
2	Python 基本数据类型及程序流程控制	4	4	0
3	Python 高级数据类型及字符串操作	8	4	4
4	文件操作	2	2	0
5	函数的基本属性	2	2	0
6	函数编程	2	2	0
7	Python 中的模块与包	6	2	4
8	类和对象	2	2	0
9	继承	2	2	0
10	异常的处理, 迭代器和生成器	2	2	0
11	用 Python 做科学计算, numpy 模块、matplotlib 模块与 scipy 模块	4	4	0
12	Python 算法开发	6	2	4
合计		42	30	12

组合数学与图论

一、课程简介

组合数学与图论是研究离散对象二元关系中关系结构的一个数学分支,其广阔的应用领域涵盖了计算机科学、生命科学、化学、物理学、运筹学、信息论、控制论、经济学、软件开发、环境保护领域等。组合数学图论蕴含组合计数、组合分析及图的匹配及遍历搜索等思想、它涉及的问题广泛,问题外表虽简单朴素,本质上却十分复杂深刻;其解决问题的方法千变万化,灵活多样。组合数学与图论以高等代数、数理逻辑为基础,其中组合计数原理、组合模型的构建、图的基本概念及拓扑性质是本课程的讲解重点。组合数学和图论是研究离散对象的基础理论、基本知识和算法,是计算机科学、信息学、数学等学科的重要课程之一。

通过本课程的学习使学生掌握排列组合、鸽巢原理、容斥原理、递推关系,生成函数、图、树、连通性的基本概念及性质,熟悉排列组合的生产算法,组合优化算法,组合模型构建方法,图与矩阵之间的关系,最短路径、最小生成树和匹配等算法和典型案例实现,初步培养学生组合计数、组合分析及图的基本拓扑结构分析的能力并能熟练应用到生物信息学的网络分析中。

二、理论教学内容

1. 概论

掌握内容: 信息时代的组合数学与图论,组合数学与图论在生物信息学研究中的作用和地位。

了解内容: 了解组合数学与图论在数学、计算机等领域的广泛应用。

2. 排列与组合

掌握内容: 两个基本计数法则,一一对应反则,以及集合的排列,线性排列和圆周排列,无重复的组合,允许重复的组合与不相邻的组合的概念和公式。

了解内容: 集合的排列与组合在基因组序列比对中的应用。

3. 鸽巢原理

掌握内容: 鸽巢原理,两个推广形式及其应用。

了解内容: Ramsey 定理。

4. 生成排列和组合

掌握内容: 排列生成算法字典排序法,排列中的逆序,以及生成组合的方法。

了解内容: 生成 r -组合,偏序和等价关系,以及基本的算法实现。

5. 二项式系数

掌握内容: Pascal 公式、杨辉三角以及二项式定理。

了解内容: 二项式系数在组合中的应用。

6. 容斥原理及应用

掌握内容: 容斥原理,容斥原理及其推广定理的概念,及其在排列组合计数中的各种应用,有限集合的交集、并集的计数问题。

了解内容: 有禁止位置的排列。

7. 递推关系和生成函数

掌握内容: 递推关系,生成函数及指数生成函数的性质、基本运算公式。

了解内容: 生成函数在排列组合问题中的应用。

8. 图

掌握内容: 图的基本概念,各种子图的定义,顶点的度、道路的概念及其连通性,图的并、交、差运算,以及割边与割点的概念;有向图的概念及其矩阵表示方法。

了解内容: 割边与割点的意义,有向图在基因调控网络中的应用。

9. 树

掌握内容：树的概念，树的分类，生成树以及树的特性。

了解内容：有序树在计算机算法优化中的应用。

10.图的遍历与生成树

掌握内容：图的遍历算法，广度优先搜索算法和深度优先搜索算法，最短道路搜索算法和最小生成树算法。

了解内容：各种图相关的遍历生成算法在分子生物网络分析中的应用。

三、实验教学内容

1.排列的生成算法

基本内容：基于字典序法，编程实现排列的生成算法。

基本要求：掌握利用字典序法实现排列的生成，熟悉常用的排序算法。

2.组合的生成算法

基本内容：基于重复组合的生成函数，编程实现组合的生成算法。

基本要求：掌握生成函数在排列组合中的作用。

3.图的矩阵表示和遍历

基本内容：分别利用关联矩阵、邻接矩阵和边矩阵表示无向图和有向图，并基于图的邻接矩阵，编程实现图的深度或广度优先搜索算法。

基本要求：图的矩阵表示和图的遍历算法，了解计算机在图论研究中的应用。

4.最短路径搜索算法-Dijkstra 算法

基本内容：编程实现 Dijkstra 算法用于最短路径的搜索。

基本要求：掌握最短路径在图的连通性中的重要性，熟悉两点间最短路径的 Dijkstra 算法。

5.最短路径搜索算法-Floyd 算法

基本内容：编程实现 Floyd 算法用于最短路径的搜索。

基本要求：掌握最短路径在图的连通性中的重要性，任意两点间的最短路径的算法。

6.最小生成树算法-Kruskal 算法

基本内容：编程实现 Kruskal 算法实现最小生成树的构建。

基本要求：掌握生成树和最小生成树算法，熟悉树的拓扑结构。

四、参考资料

1.参考书

《组合数学》原书第五版.（美国）Richard A.Brualdi 主编、冯速译.机械工业出版社.2012 年出版

《组合数学》第四版.卢开澄主编.清华大学出版社.2006 年出版

《图论》第三版.王朝瑞主编.北京理工大学出版社.2005 年出版

《图论算法及其 matlab 实现》第一版.王海英主编.北京航空航天大学出版社.2010 年出版

《组合数学》第五版.卢开澄主编.清华大学出版社.2016 年出版

《图论导引》第二版.Douglas B. West 著、骆吉洲译.电子工业出版社.2014 年出版

2.网络资源

组合数学-学堂在线-精品中文慕课（mooc）平台

（http://www.xuetangx.com/courses/TsinghuaX/60240013X/_/about）

图论在现实生活中的应用-学堂在线-精品中文慕课（mooc）平台

（<http://www.xuetangx.com/courses/course-v1:UPValenciaX+TGV201x.2+3T2015/about>）

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	概论	2	2	0
2	排列组合	4	4	0
3	鸽巢原理	4	4	0
4	生成排列和组合	12	4	8
5	二项式系数	4	4	0
6	容斥原理及应用	4	4	0
7	递推关系和生成函数	4	4	0
8	图	14	10	4
9	树	8	4	4
10	图的遍历与生成树	16	8	8
合计		72	48	24

蛋白质组信息学

一、课程简介

蛋白质组信息学是结合计算机、数学、模式识别技术来研究蛋白质序列、蛋白质的鉴定和表达定量、蛋白质相互作用、及利用蛋白质组研究疾病治病机理的一门学科。它既研究传统的序列分析，数据库搜索和蛋白质结构信息；也通过结合功能基因组学的成果，比如基于质谱检测的蛋白质组和生物学网络来研究蛋白质组随着环境和疾病状态的一系列信号所发生的变化。

通过本课程的学习有助于学生掌握和了解三大核心物质--蛋白质组层面的基本知识，掌握蛋白质组数据的生物信息学方法的基本原理和方法，学会进行数据库搜索，能通过蛋白质模式特征来判断未知蛋白质，能够根据序列、结构、互作等特征来分析蛋白质，掌握常用的网络分析方法，从系统生物学的角度理解和研究蛋白质组学，了解国内外蛋白质组学的进展及主要研究内容，提高生物信息学分析技能。该课程与基因组信息学、基因表达分析课程有着紧密的关系，通过系统学习这些课程可以处理中心法则涉及的大部分生物学问题。因此，蛋白质组信息学即是生物信息学专业的专业课，也是核心课程之一。

二、理论教学内容

1.认识蛋白质和蛋白质组学

掌握内容：结构域、蛋白质家族的概念；蛋白质功能和Gene Ontology协会。

了解内容：蛋白质组学的基本概念；生物信息的历史和蛋白质组学在其中的位置；蛋白质组学的主要研究方向和领域。

2.蛋白质序列及常用数据资源

掌握内容：蛋白质的一级结构到四级结构的特点及区别；蛋白质motif，蛋白质结构域，蛋白质家族的概念及联系。

了解内容：蛋白质的组成；蛋白质的理化性质；蛋白质常用数据库；直系同源、旁系同源、相似性等概念。

3.蛋白质表达组信息学

掌握内容：蛋白质表达组的定义及研究目的；蛋白质组检测流程；蛋白质组数据预处理；蛋白质表达的衡量；差异蛋白质组分析方法。

了解内容：电泳检测蛋白质组的基本原理；质谱检测蛋白质组的基本原理；常用的蛋白质标记方法；常用蛋白质表达组数据库；目前蛋白质表达组的研究进展。

4.蛋白质互作组信息学

掌握内容：蛋白质互作的类型；酵母双杂交和免疫共沉淀实验原理；网络的表示方式；蛋白质互作网络的拓扑特征；蛋白互作网络模块的识别；蛋白质互作网络motif的识别；蛋白质互作网络的组成方式。

了解内容：蛋白质遗传互作的检测方法；常用的蛋白质互作组数据库；蛋白质互作网络的动态性分析。

5.蛋白质组与复杂疾病

掌握内容：疾病基因在蛋白质互作网络中的拓扑特征和模块化特征；基于蛋白质互作网络拓扑特征优化疾病基因；基于模块化特征优化疾病基因。

了解内容：整合多组学数据优化疾病基因；蛋白质组与复杂疾病的研究进展。

三、实验教学内容

1.获取蛋白质常用特征及常用数据资源

基本内容：熟练使用InterPro和PIR数据库学习获取蛋白质的序列、结构和家族等信息，比较不同数据库获得信息的异同

基本要求：掌握蛋白质注释、序列和结构等信息的获取数据库；了解蛋白质理化性质的计算。

2.蛋白质表达组数据分析流程

基本内容：蛋白质表达组数据的预处理；表达值的计算；差异表达蛋白质的识别；常用蛋白质表达组数据库。

基本要求：掌握蛋白质表达组分析流程的各个步骤及细节处理；会使用常用蛋白质表达组数据库。

3.蛋白质表达组数据分析流程

基本内容：蛋白质表达组数据的预处理；表达值的计算；差异表达蛋白质的识别；常用蛋白质表达组数据库。

基本要求：掌握蛋白质表达组分析流程的各个步骤及细节处理；会使用常用蛋白质表达组数据库。

4.蛋白质互作组数据分析流程

基本内容：蛋白质互作组数据的获取及预处理；拓扑指标的计算；蛋白质互作模块的识别；蛋白质互作网络的可视化。

基本要求：掌握蛋白质表达组分析流程的各个步骤及细节处理；会使用常用蛋白质表达组数据库；会使用cytoscape可视化蛋白质互作网络。

5.蛋白质互作组与复杂疾病

基本内容：计算复杂疾病的拓扑特征；利用机器学习方法优化疾病基因。

基本要求：掌握复杂疾病基因的拓扑特征，能开发算法预测复杂疾病基因。

四、参考资料

1.参考书

《生物信息学》第二版.李霞主编.人民卫生出版社.2015年6月出版

《生物信息学与功能基因组学》.孙之荣主译.化学工业出版社.2009年9月出版

《探索基因组学蛋白质组学和生物信息学》第二版.孙之荣主译.科学出版社.2007年5月出版

2.网络资源

蛋白質體學-台湾醫藥基因生物技術教學資源中心主編

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	认识蛋白质和蛋白质组	3	2	1
2	蛋白质序列及常用数据资源	7	4	3
3	蛋白质表达组信息学	14	10	4
4	蛋白质互作组信息学	14	10	4
5	蛋白质组与复杂疾病	2	4	4
合计		46	30	16

专业英语

一、课程简介

生物信息学是融合生命科学与数理科学的新兴学科，是一门研究生物和生物相关系统中信息内容与信息流向的综合系统科学。生物信息学专业英语课程，作为一门交叉新兴学科的学习基础课程，其主要教学目的有三：一是使学生掌握一定量的专业词汇，能够阅读生物信息学专业英文教材和专业文献；二是能较准确和熟练的运用英文撰写本专业毕业论文的英文摘要；三是为后续专业课程的双语教学打下专业词汇的基础。

通过本课程的学习，使学生掌握专业英语的特点及翻译技巧，专业论文的阅读及写作方法，扩大科技词汇量，以便能准确、迅速的了解国外科技发展动态，加强对外交流能力。

二、理论教学内容

1. 听力训练

内容：摘选自 National Institutes of Health (NIH) Podcast 中有关生物学、医学、生物信息学的短篇科技新闻报道，共 40 篇。

A Low Calorie Diet May Affect Aging

Exercise May Reduce Breast Cancer Risk

Making Multiple Lifestyle Changes Beneficial in Lowering High Blood Pressure

Osteoporosis Drug Shown to Protect Older Women from Breast Cancer

NHLBI Adds New Resources on Heart Health

By Continuing Medication, Older Adults Reduce Chances of Further Depressive Episodes

New Treatment Strategies Help Depressed Patients Become Symptom Free

NEI Shows Most Have Good Vision, but 14 Million Americans are Visually Impaired

High Doses of Experimental Bird Flu Vaccine Induce Immune Responses in Adults

Black, White Teens Show Differences in Nicotine Metabolism

The Future of Medical Imaging: Transforming Health Care

Study Links Diet with Alcohol Drinking Patterns

Spouse's Hospitalization Increases Partner's Risk of Death, Study Shows

Study Indicates Dietary Supplement Provides Pain Relief to Some

Elderly Have Higher Risk of Cardiovascular, Respiratory Disease from Fine Particle Pollution

NCI Seeks to Identify Potential Genetic Factors for Breast and Prostate Cancer

NIA Arts Program Aims at Debunking Myths of Aging

NIA Report Shows Changes in Aging Trends

Having a Sibling with Heart Disease Raises Personal Risk

Air Pollution, High Fat Diet, Leads to Atherosclerosis in Mice

Most Behaviors Leading to Major Causes of Preventable Death Have Begun by Young Adulthood

Initial Results Help Clinicians Identify Patients with Treatment-Resistant Depression

Component in Soy Products Causes Reproductive Problems in Lab Mice

Nobel Discoverer Antidepressant Protein in Mouse Brain

NHLBI NIDDK Issue Statement on NIH Research Into Obesity and Type 2 Diabetes

NIH Funds Largest Long-Term Study of Health and Disease in Hispanic Populations

Behaviors May Indicate Risk of Adolescent Depression

It's Never Too Early to Prevent Diabetes

Early Teen Drinkers at Higher Risk for Alcoholism

One Third of Diabetes Sufferers Unaware of Having the Disease
Researchers Gain Insight Into Why Brain Areas Fail to Work Together in Autism
Study Shows Children of Smoking Mothers Exhibit Early Behavior Problems
Chemical in Air Fresheners, Other Household Products, May Reduce Lung Function
Scientists Identify Gene That Strongly Affects Risk for Most Common Form of Melanoma
25th Anniversary of First Reported Cases of AIDS
Low Income Older Americans Have More Physical Limitations Than Wealthier Peers
NIH Releases Three New Curriculum Supplements

掌握内容：掌握专业词汇；具备能够从报道中理解具体或整体信息的能力。

了解内容：了解科研汇报讲座的基本表达方式。

2. 阅读理解及翻译

内容：

第一阶段：使用摘自美国科学网 (<http://www.scientificamerican.com/>) 的短片科学研究报道或新闻（共 30 篇）进行初级阅读理解与翻译训练。

'You've got to find what you love,' Jobs says

The chimpanzee genome is unveiled

Genes decide if coffee hurts or helps your heart

Genes Predict Body Shape and Fatness

Genetics may put some at higher risk for bird flu, expert says

Huge protein-interaction database could save lives

Gene mutation boosts cancer risk in men

Study: Optimists Live Longer

Stay Up Late and See Something Odd

US tests may miss 'breast cancer genes'

Loneliness Kills, Study Shows

Darwin's Natural Selection Still at Work in Humans

Negative selection

New Breast Cancer Gene Found

Who let the dogs out? a genetic classification of dog breeds

The Gene That Made Us Human

Study: Laughter Really Is Contagious

Don't Laugh: Just Think About It

No Joke: Animals Laugh, Too

Not Funny, But LOL Anyway

Brain Tumors May be Infectious

Global Warming Affects Space Station Orbit

After Lung Cancer Surgery, Nearly Half of Patients Resume Smoking

New Data Show Global Warming Kills Marine Life

Cats Get Alzheimer's

How to Handle Holiday Stress

Report: CO2 Emissions Double Since 1990s

Video Game Violence Goes Straight to Kids' Heads

Study Disputes Cell Phone-Cancer Link

第二阶段：中等难度的生物信息学题材文章，主要为教材《Bioinformatics》（影印本）。

Section A-Overview of bioinformatics

- A1 The scope of bioinformatics
- A2 Bioinformatics and the Internet
- A3 Useful bioinformatics sites on the WWW

Section B- Data acquisition

- B1 Sequencing DNA, RNA and proteins
- B2 Determination of protein structure
- B3 Gene and protein expression data
- B4 Protein interaction data

Section C-Databases-contents, structure and annotation

- C1 File formats
- C2 Annotated sequence databases
- C3 Genome and organism-specific databases
- C4 Miscellaneous databases

Section D-Retrieval of biological data

- D1 Data retrieval with Entrez and DBGET/LinkDB
- D2 Data retrieval with SRS (sequence retrieval system)

Section E-Searching sequence databases by sequence

- E1 Sequence similarity searches
- E2 Amino acid substitution matrices
- E3 Databases searches: FASTA and BLAST
- E4 Sequence filters
- E5 Iterative database searches and PSI-BLAST

Section F-Multiple sequence alignment and family relationships

- F1 Multiple sequence alignment and family relationships
- F2 Protein families and pattern databases
- F3 Protein domain families

Section G-Phylogenetics

- G1 Phylogenetics, cladistics and ontology
- G2 Building phylogenetic trees
- G3 Evolution of macromolecular sequences

Section H-Sequence annotation

- H1 Principles of genome annotation
- H2 Annotation tools and resources

Section I-Structural bioinformatics

- I1 Conceptual models of protein structure
- I2 The relationship of protein three-dimensional structure to protein function
- I3 The evolution of protein structure and function
- I4 Obtaining, viewing and analyzing structural data
- I5 Structural alignment
- I6 Classification of proteins of known three-dimensional structure: CATH and SCOP
- I7 Introduction to protein structure prediction
- I8 Structure prediction by comparative modeling
- I9 Secondary structure prediction

I10 Advanced protein structure prediction and prediction strategies

Section J-Microarray data analysis

J1 Microarray data: analysis methods

J2 Microarray data: tools and resources

J3 Sequence sampling and SAGE

掌握内容：掌握约 300-500 专业词汇；基本准确进行专业知识的英汉互译。

了解内容：能够阅读初级难度的生物信息学专业英文资料和专业文献。

3. 专题科技文献阅读训练

内容：进行三个专题的科技文献阅读

专题一：Human Genome Collection

It is now more than 15 years since work began sequencing the 2.85 billion nucleotides of the human genome. While the draft sequence was published in Nature in 2001, researchers at the Human Genome Project continued to fill the gaps and subject individual chromosomes to ever more detailed analyses.

The draft sequences: Comparing species

Initial sequencing and analysis of the human genome

Mining the draft human genome

专题二：表达谱秩序分析专题

Classifying Gene Expression Profiles from Pairwise mRNA Comparisons

Simple decision rules for classifying human cancers from gene expression profiles

Large-scale integration of cancer microarray data identifies a robust common cancer signature

Accurate Molecular Classification of Kidney Cancer Subtypes Using MicroRNA Signature

Rank products: a simple, yet powerful, new method to detect differentially regulated genes in replicated microarray experiments

专题三：不同类型英文文献的阅读技巧

软件类：Li C, Li X, Miao Y, Wang Q, Jiang W, et al. (2009) SubpathwayMiner: a software package for flexible identification of pathways. *Nucleic Acids Res* 37: e131.

综述类：Oti M, Brunner HG (2007) The modular nature of genetic diseases. *Clin Genet* 71: 1-11.

分析类：Yildirim MA, Goh KI, Cusick ME, Barabasi AL, Vidal M (2007) Drug-target network. *Nat Biotechnol* 25: 1119-1126.

掌握内容：掌握各专题内的专业英语词汇；了解科技文献的结构特点；具备能够独立的理解一篇完整的科技文献的能力。

了解内容：通过学习能够阅读专业科研论文，把握科研论文的背景和创新点，能够初步了解本专业的科研新动态，在学习英语的同时，也能够体会生物信息科研思想。

4. 应用写作及口语专题训练（应用能力训练）

内容：进行三个专题课程：

Presentation (How to create a good presentation--some rules)

Job (interview English-- How to response to an English interview and How to make your resume)

Research (How to Do Research-- From literatures to Articles)

如何制作英文简历及推荐信；

如何入手阅读英文文献及进行简单科的技摘要写作。

掌握内容：从演讲，工作，科研三个方向学习一些专业英语相关的技能，学习如何用英语流

利进行专业相关知识的介绍，并用英文完成一个高质量专业相关课题演讲；能就专业领域的话题和提纲撰写短文，表达意思清楚，用词准确，符合专业论文的写作风格和习惯。

了解内容：通过学习能够制作英文简历及推荐信；了解阅读英文文献及进行简单科的技摘要写作。

5.专业英语论文写作训练

掌握内容：掌握英语科技论文 abstract、introduction 的构成要点，掌握相应部分的写作句式、词汇。能够完成学位论文英文摘要的写作。

了解内容：了解英语科研论文的组成要素，学习各个要素的写作要素，能够完成学位论文英文摘要的写作。

三、参考资料

1.参考书

《Bioinformatics》 内部编写

《生物信息学-Bioinformatics（影印本）》.D.R.韦斯特海德、J.H.帕里什、R.M.特怀曼著.科学出版社.2004年9月出版

《生物专业英语（第4版）》.蒋悟生 编.高等教育出版社（十一五规划教材）.2016-05-01

2.网络资源

NIH PODCAST（<https://videocast.nih.gov/Podcasts.asp>）

cell biology（<https://onlinecourses.science.psu.edu/stat555/node/4>）

四、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	听力训练	15	15	0
2	阅读理解及翻译（第一阶段 20，第二阶段 28）	48	48	0
3	专题科技文献阅读训练（每个专题 10）	30	30	0
4	应用写作及口语专题训练	12	12	0
5	专业英语论文写作训练	15	15	0
合计		120	120	0

药物与受体动力学

一、课程简介

通过本课程的教与学，使学生对药物与受体的体内过程能进行数学定量描述，为临床合理用药提供科学依据，使药物发挥最佳治疗作用。

二、理论教学内容

1. 药物动力学概述

掌握内容：药物动力学的定义和研究内容；消除常数、半衰期、表观分布容积、清除率等的定义和意义及房室模型等基本概念；药物浓度与药理效应之间的关系。

了解内容：药物与受体动力学的研究进展和发展方向。

2. 药物体内过程基础知识

掌握内容：药物体内的相关过程，影响因素，以及特征规律。

了解内容：给药途径不同的药物体内过程差异。

3. 隔室模型

掌握内容：单室模型静脉注射、静脉滴注、血管外给药药物动力学参数的含义及利用血药浓度数据计算参数的方法；混杂参数、中央室、周边室及相关的定义、意义、计算；静脉注射给药后，利用尿药数据计算药物动力学参数的方法；Wagner-Nelson法求吸收速率常数；二室静脉注射给药的血药时关系、参数求算及相关计算。

了解内容：血药浓度与尿药浓度的相互关系；二室静脉滴注给药的血药时关系、参数求算；三种给药方案的设计；二室模型血管外给药的的血药时关系、参数求算及相关计算。

4. 多剂量给药

掌握内容：多剂量函数；达稳态后的多剂量函数；多剂量稳态血药浓度；最大和最小稳态血药浓度；平均稳态血药浓度；波动百分率；坪幅；积蓄因子；积蓄程度；达坪分数；成倍原则的定义；意义及相关计算；一室和二室模型不同给药途径多剂量给药时，血药浓度、稳态血药浓度随时间变化的规律及平均稳态血药浓度、最大稳态血药浓度、最小稳态血药浓度的计算。

了解内容：一室和二室模型不同给药途径、多剂量给药时，积蓄作用和波动变化的特点及相关的计算；多剂量给药时给药方案设计的一般方法，根据血药浓度调整给药剂量的方法，间歇性静脉滴注给药给药方案的确定。

5. 非线性药物动力学

掌握内容：非线性动力学的特点；米氏方程及各项参数的意义；非线性动力学的识别方法。

了解内容：非线性动力学产生的原因和参数求算方法。

6. 临床给药方案设计

掌握内容：给药方案设计的基本内容；肾功能减退患者的剂量调节方法。

了解内容：给药方案个体化的主要内容及其在临床药学中的应用。

7. 药物动力学与药效动力学的相互关系

掌握内容：药物相互作用意义；在药物动力学及药效动力学方面的相互作用原理及影响因素。

了解内容：常见药物相互作用实例。

8. 基于支持向量机法预测药物生物利用度

掌握内容：结合影响药物生物利用度的因素掌握特征参数的选择原则。

了解内容：Dragon的使用范围和操作方法；生物利用度预测的其他方法。

9. 整合表达谱和网络手段预测影响药动学特征的因素

掌握内容：影响动力学的蛋白质，分析药动学蛋白质网络特征，两种手段整合策略思想。

了解内容：表达谱预处理，差异基因提取方法。

10.基于基因多态性研究药物药动学状态的基因

掌握内容：基因多态性在转运蛋白、代谢酶、耐药蛋白和受体等方面的体现和影响药物的药动学行为的原理；挖掘影响药动学相关蛋白功能的SNP方法。

了解内容：常见的具有多态性可以影响药物药动学相关蛋白、酶等的基因；以代谢酶CYP3A4为例，熟悉基因多态性对某一具体药物的药动学产生的影响。

三、实验教学内容

1.隔室模型

基本内容：单室模型静脉注射给药、静脉滴注给药、单室模型血管外给药。

基本要求：掌握单室模型静脉注射、静脉滴注、血管外给药药物动力学参数的含义及利用血药浓度数据计算参数的方法。

2.隔室模型的判别

基本内容：隔室模型的判别。

基本要求：掌握隔室模型判别的基本原则和注意事项，掌握作图判断法、残差平方和与加权残差平方和判断方法和拟合度进行隔室模型的判断方法；熟悉AIC法进行隔室模型的判断方法；了解F检验方法进行隔室模型的判断方法。

3.基于支持向量基的生物利用度预测

基本内容：结合影响药物生物利用度的因素掌握特征参数的选择原则。

基本要求：Drageon的使用范围和操作方法，掌握生物利用度预测的其他方法。

四、参考资料

《生物药剂学与药物动力学》（第三版）.梁文权主编.人民卫生出版社.2010年出版

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	药物动力学概述	2	2	0
2	药物体内过程基础知识	2	2	0
3	隔室模型	12	4	8
4	多剂量给药	4	4	0
5	非线性药物动力学	4	4	0
6	临床给药方案设计	2	2	0
7	药物动力学与药效动力学的相互关系	2	2	0
8	基于支持向量机法预测药物生物利用度	8	4	4
9	整合表达谱和网络手段预测影响药动学特征的因素	4	4	0
10	基于基因多态性研究药物药动学状态的基因	2	2	0
合计		42	30	12

Linux 操作系统

一、课程简介

LINUX是一个功能强大、性能全面的多用户、多任务操作系统，可以应用从巨型计算机到普通PC机等多种不同的平台上，是应用面最广、影响力最大的操作系统。LINUX操作系统是伴随着信息技术发展而不断发展的一门学科。它的理论发展和应用水平直接反映了一个国家高新技术的发展水平，并是其现代化程度和综合国力的重要标志。在以信息化带动工业化和工业化促进信息化的进程中，Linux操作系作为计算机应用的载体扮演了越来越重要的角色，广泛应用于国家机关、外事机构、企事业单位环境中，基本的操作系统知识，已经成为工作生活的常识。

通过本课程的学习，使学生进一步了解及掌握计算机操作系统的基本原理及实现方法，掌握LINUX操作系统的使用及开发，为今后生物信息学软件的使用打好基础。

二、理论教学内容

1.LINUX操作系统概述

掌握内容：LINUX的历史；LINUX的发行版本；LINUX的特点。

了解内容：操作系统的基本概念。

2.LINUX操作系统基础

掌握内容：常用的基本命令（文件操作命令，目录操作命令，磁盘操作命令，进程管理命令，其他常用命令），用户口令（设置用户口令，修改用户口令）。LINUX的安装、登陆与退出，普通用户和超级用户。

了解内容：LINUX操作系统的安全机制，文件系统，进程系统。

3.命令行工具

掌握内容：ls；cat；rm；less或more。cp；grep；head；tail命令的使用。

了解内容：tar；gzip命令的使用。

4.Linux文件系统

掌握内容：目录文件和普通文件。目录操作和链接。

了解内容：访问权限。

5.Vim文本编辑程序

掌握内容：进入和退出（进入Vim，退出Vim）；文本插入（插入命令，附加命令，插入新行）；移动光标；文本修改（文本删除，复原，重复，修改，替换，移动，过滤）。屏幕命令；编辑文件；字符串检索；ex命令。

了解内容：其他文本编辑程序。

6.Linux Shell

掌握内容：输入、输出的重定向与管道；基本的Shell变量（环境变量，用户自定义变量，Export语句与环境设置）。

了解内容：其他Shell变量。

7.LINUX的系统管理

掌握内容：文件系统的备份；维护系统的安全性；软件的安装；系统维护工具make。

了解内容：审计子系统；分布式文件系统；时间和作业调度。

三、实验教学内容

1.Linux操作系统初识

基本内容：熟悉linux操作系统。

基本要求：掌握linux的安装、登录。熟练掌握cat，less等基本的命令。

2.vim文本编辑器的使用基本练习

基本内容：熟悉vim文本编辑工具。

基本要求：利用vim进行基本的文本编辑，熟练掌握命令及编辑状态的切换。

3.vim文本编辑器的使用进阶练习

基本内容：熟悉vim文本编辑工具。

基本要求：利用vim进行文本的查找替换及排序，开发应用程序。

4.shell编程初级练习

基本内容：了解shell变量的定义及使用。熟悉if、for语句。

基本要求：掌握变量的定义、赋值、会用位置参数进行变量的传递。利用for、if进行简单的shell编程。

四、参考资料

1.参考书

《Linux命令、编辑器与shell编程》（第三版）.Mark G.Sobell.清华大学出版社.2013

UNIX Linux OS X中的Shell编程第4版.索贝尔（Mark G.Sobell）.人民邮电出版社.2017

2.网络资源

MOOC（<https://mooc.guokr.com/course/1103/Introduction-to-Linux/>）

操作系统原理（<https://zh.coursera.org/learn/os-pku>）

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	LINUX 操作系统概述	6	2	4
2	LINUX 操作系统基础	8	2	4
3	命令行工具	6	2	4
4	Linux 文件系统	2	2	0
5	Vim 文本编辑程序	6	0	4
6	Linux Shell	8	2	4
7	LINUX 的系统管理	2	2	0
合计		32	12	20

文本挖掘技术

一、课程简介

本课程是一门理论性和实践性兼备的课程。在理论方面，要熟悉文本挖掘体系架构；了解生物数据文本表示，包括生物数据术语集、数据库组织文献的方式等；掌握文本挖掘相关算法及应用，包括分类、聚类、关联规则推理等领域相关算法。在实践方面，要掌握文本挖掘相关工具，包括可扩展标记语言解析、句子切分（Sentence segmentation）、分词（tokenizer）、命名实体识别（name entity recognition）、词性标注（Part-of-Speech Tagger）、词形归并（Lemmatizer）、词组划分（Chunker）等工具。本课程的学习有利于加深对生物数据文本的理解、提高对生物数据文本挖掘的认识，为今后提取具体领域的实体、挖掘实体关联等打下良好、扎实的基础。

本课程的教学目的在于：培养学生分析问题和解决问题的能力；帮助学生熟悉常用的生物数据文本挖掘软件；引导学生体会文本挖掘在生物数据领域的应用。

二、理论教学内容

1. 文本挖掘概述

了解文本挖掘产生的背景；了解文本挖掘概念及任务；了解文本挖掘系统的体系架构；了解生物数据文本挖掘面临的问题和挑战；命名实体识别、句子切分、分词等。

2. 文本表示

掌握内容：文本表示的定义；文本表示的模型（如向量空间模型）；特征选择，如基于权重的特征选择、布尔权值、词频权值-TF-IDF权值等、信息增益法；生物数据文本表示，如生物医学学术语集、生物医学本体、掌握可扩展标记语言的格式。

了解内容：信息检索相关算法（如内积、夹角余弦等）。

3. 文本分类

掌握内容：文本分类的定义、缩写、特点等相关概念，以及文本分类的方法与基本步骤；文本分类的评价指标，包括精确率、召回率、准确率、错误率、F-score、宏平均、微平均；基于机器学习的文本分类方法，包括决策树算法（ID3、C4.5、CART）与Boosting算法；剪枝方法，包括预剪枝方法与降低错误剪枝、悲观错误剪枝、代价-复杂度剪枝等后剪枝方法。

了解内容：基于知识工程的文本分类方法。

4. 文本聚类

掌握内容：文本聚类的定义、缩写、特点等相关概念；数据标准化方法，包括总和标准化、标准差标准化、极大值标准化、极差标准化；距离函数，包括简单匹配系数、Jaccard系数、Rao系数等离散型特征样本的距离度量方法，以及最短距离法、最长距离法、类平均法、中心法等类间距离度量方法；三种聚类算法，包括划分聚类算法、层次聚类算法、密度聚类算法。

了解内容：文本聚类的应用领域；文本聚类的方法类型，连续型特征样本的距离度量方法。

5. 关联分析

掌握内容：Apriori算法；基于文献的术语关联推理方法，包括NMD（Normalized MEDLINE Distance）方法、ABC原则。

了解内容：关联分析相关概念、基于本体的术语关联推理方法。

三、实验教学内容

1. 可扩展标记语言解析

基本内容：解析可扩展标记语言。

基本要求：了解生物数据文本的表示形式以及相应的信息提取方式。

2. 句子切分与分词

基本内容：切分句子以及分词。

基本要求：了解句子切分工具及分词工具，从而对MEDLINE文献进行句子切分及分词。

3.词性标注

基本内容：标注词性（名词、动词等）。

基本要求：了解词性标注工具，实现对MEDLINE文献的词性标注任务。

4.词形归并及词组划分

基本内容：划分词组以及归并词形。

基本要求：了解词形归并及词组划分工具，实现对MEDLINE文献的词形归并及词组划分任务。

5.生物数据命名实体提取

基本内容：提取命名实体。

基本要求：了解生物数据命名实体提取软件；体会基于Web服务的概念提取过程。

6.基于文本的术语关联推理

基本内容：术语关联推理。

基本要求：掌握并实现关联分析算法，计算基于文本的术语关联程度。

四、参考资料

1.参考书

《文本挖掘技术及其应用》.谢邦昌 朱建平 李毅.厦门大学出版社.2016

《预测性文本挖掘基础》.Sholom M.Weiss.西安交通大学出版社.2012

2.网络资源

<https://www.bioontology.org/>

<http://dga.nubic.northwestern.edu/>

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	生物数据文本挖掘概述	2	2	0
2	文本表示	10	6	4
3	文本分类	14	6	8
4	文本聚类	10	6	4
5	关联分析	12	4	8
合计		48	24	24

计算表观遗传学

一、课程简介

表观遗传学是研究在不涉及到 DNA 序列变化而表现为由 DNA 甲基化谱、染色质结构状态和基因表达谱在细胞代间传递的遗传现象的一门学科。计算表观遗传学即是把生物信息学的研究策略和方法应用到表观遗传学的研究领域，具有快速、高通量、低成本的特点，可以为当前的表观遗传学的实验研究提供指导；同时，生物学实验可以用来验证运用计算表观遗传学方法推导的结论。结合实验方法和计算表观遗传学方法，是当前表观遗传学研究领域新兴的视角。

计算表观遗传学是以遗传学、分子生物学、生物信息学等为基础，通过生物信息学技术储存管理大量的实验数据并开发适用于深度挖掘这些实验数据的生物信息学算法，为生物医学研究提供基础理论、基本知识和科学的思维方法，是遗传学和医学的桥梁学科。

本课程通过对 DNA 甲基化、组蛋白修饰、染色质重塑、基因组印记的讲解，使学生掌握表观遗传学的基本理论知识及生物信息学在表观遗传学领域的应用及解决的问题，同时培养学生应用所学知识观察、分析、综合和独立解决问题的能力，为学生在未来工作中打下坚实的理论基础。计算表观遗传学所研究的内容有利于促进发育和疾病的表观遗传调控机制的研究。

二、理论教学内容

1.绪论----计算表观遗传学概要

了解内容：表观遗传学的性质、研究内容、任务及其在生物医学领域中的地位；表观遗传学的发展史；表观遗传现象；染色质结构和功能；真核细胞的表达调控。

掌握内容：计算表观遗传学研究内容、研究目的。

2.基本生物学知识

2.1基因组的DNA甲基化

掌握内容：DNA甲基化概况；DNA甲基化对转录的调控；CpG岛的特点。

了解内容：CpG岛及DNA甲基化的生物学意义；DNA甲基化在基因组的分布；实验方法寻找CpG岛。

2.2组蛋白修饰的表观基因组

掌握内容：组蛋白修饰的生物学基础；组蛋白修饰的基因组定位；组蛋白修饰的调控基因表达。

了解内容：组蛋白密码；组蛋白修饰与DNA甲基化的相互作用。

2.3基因组的染色质重塑

掌握内容：核小体定位的实验和计算方法；峰值分析方法；染色质重塑的假设；染色质重塑的模式；常用软件。

了解内容：染色质重塑复合物的功能、种类；核小体定位的意义。

2.4基因组印记

掌握内容：印记基因的识别；机器学习预测印记基因；常用数据库。

了解内容：基因印记的生物学基础；基因组印记的起源。

3.实验技术介绍

掌握内容：DNA甲基化检测的常用技术；组蛋白修饰检测的常用实验技术。

了解内容：DNA甲基化检测技术在疾病、发育过程中的应用；组蛋白修饰的实验技术的应用。

4.计算表观遗传学分析技术

掌握内容：CpG岛预测方法的核心思想；BS-Seq数据预处理方法；高通量450K数据分析方法；ChIP-Seq数据的峰值探测。

了解内容：常用的CpG岛预测软件；常用的BS-Seq数据处理软件；常用的组蛋白修饰分析工具；常用的计算表观遗传学数据库。

5.计算表观遗传学与疾病

掌握内容：利用差异甲基化筛选识别疾病标记；利用构建DNA甲基化网络的策略识别疾病标记。

了解内容：癌症基因组中DNA甲基化的特征；癌症DNA甲基化网络的拓扑特征。

6.计算表观遗传学与进化

掌握内容：利用DNA甲基化构建物种的系统发生树；DNA甲基化在细胞发育过程中的微进化模型。

了解内容：人类物种特异选择的DNA甲基化特征；DNA甲基化在细胞发育过程中的动态模式。

三、实验教学内容

1.DNA甲基化数据的处理与分析

基本内容：基于GEO或DiseaseMeth数据库下载指定的DNA甲基化数据，并利用QDMR筛选各样本间的差异甲基化区域，进一步研究这些区域在基因组中的分布，及其相关基因的功能富集。

基本要求：掌握常用DNA甲基化数据下载、处理分析用的软件，熟悉常见的DNA甲基化调控区域。

2.组蛋白修饰数据的处理与分析

基本内容：基于GEO或HHMD数据库下载指定的组蛋白修饰数据，并利用MACS对组蛋白修饰数据进行峰值探测，利用ngsplot软件研究基因转录起始位点附近的各组蛋白修饰的特征。

基本要求：掌握基于ChIP-Seq技术测定的组蛋白修饰数据的处理分析方法，熟悉基因相关的组蛋白修饰调控区域。

3.疾病相关的DNA甲基化网络构建

基本内容：结合DNA甲基化数据和蛋白质互作数据构建疾病相关的基因互作网络，分析网络的拓扑性质，挖掘疾病相关的DNA甲基化标记。

基本要求：DNA甲基化在复杂疾病中的特征。

4.基因组印记区域的差异表观遗传修饰分析及功能注释

基本内容：基于MetaImprint数据库，检索基因组印记基因；构建印记基因的遗传和表观遗传基因组图谱；进一步对指定区域的印记状态进行差异表观遗传修饰分析和功能注释。

基本要求：掌握功能富集分析的方法、策略；熟悉基因组印记及印记调控。

5.基于表观遗传修饰的物种间进化分析

基本内容：基于Roundup数据库筛选人、鼠、果蝇和线虫的同源基因，利用之前所学的甲基化、组蛋白修饰数据的分析方法，提取同源基因区域中的表观修饰强度，筛选物种间同源基因上表观遗传修饰的差异，并基于表观遗传修饰信息分析物种间的进化关系。

基本要求：掌握物种间同源基因的获取方法。

四、参考资料

1.参考书

《表观遗传学原理、技术与实践》第1版.薛京伦主编.上海科学技术出版社.2006年12月出版

《生物信息学》第1版.李霞主编.人民卫生出版社.2010年8月出版

Hardman and Limbird Goodman and Gilman's the Pharmacological Basis of Therapeutics 10th ed.2001

《表观遗传学与复杂性疾病》第一版.陆前进主编.北京大学医学出版社.2016年7月出版

《生物信息学》第2版.李霞主编.人民卫生出版社.2017年5月出版

2.网络资源

计算表观遗传学-计算表观遗传学微信公众号

(https://mp.weixin.qq.com/mp/profile_ext?action=home&__biz=MzIyOTg5OTI2Nw==#wechat_redirect)

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	绪论	2	2	0
2	基因组的 DNA 甲基化及组蛋白修饰	6	2	4
3	基因组的染色质重塑及基因组印记	6	2	4
4	实验技术介绍	2	2	0
5	计算表观遗传学分析技术	12	8	4
6	计算表观遗传学与疾病	8	4	4
7	计算表观遗传学与进化	8	4	4
合计		44	24	20

基因表达分析

一、课程简介

基因表达分析是研究基于微阵列技术的高通量生物实验方法,并根据生物医学具体问题对获取数据进行分析的一门课程。通过本门课程的学习,希望学生了解生物芯片的基本内涵,掌握各种基因表达分析方法原理、应用范畴,熟练操作处理分析芯片技术及新一代测序技术所产理论应用到具体的科研和实际工作中。

基生的表达谱数据,在此基础上充分理解高通量数据对于生物信息学研究的重要性,并将学习的因表达分析是分析重要生物医学数据的主要方法,是学生就业的重要方向之一。基因表达分析课程本身是生物信息学主干专业课程之一,是生物信息专业学生学习基因组信息学、蛋白质组信息学、分子进化、系统生物学等课程的技术支撑,同时也可以作为模式识别、生物数据挖掘、随机过程等理论课程讲解的应用工具,对于学生学习生物信息学有重要意义。

二、理论教学内容

1.生物芯片技术概况及其与生物信息学关系

掌握内容:生物芯片技术的基本概念及其内涵,生物芯片的种类及其代表性芯片类型。

了解内容:生物芯片技术产生背景、的功能和应用。

2.基因表达谱芯片技术

掌握内容:寡核苷酸芯片的制备原理,原位合成技术的操作流程,寡核苷酸芯片的应用范畴和代表性芯片类型,cDNA微阵列概念,制备原理,基因表达谱的数据处理与分析。

了解内容:寡核苷酸芯片的制备技术与质量控制,基因表达芯片在复杂疾病中的应用。

3.miRNA芯片技术

掌握内容:miRNA表达谱的数据处理与分析,miRNA表达谱与基因表达谱的整合分析。

了解内容:miRNA表达芯片在复杂疾病中的应用。

4.lncRNA 芯片技术

掌握内容:lncRNA表达谱的数据处理与分析,lncRNA表达谱与两miRNA表达谱、基因表达谱的整合分析。

了解内容:lncRNA表达芯片在复杂疾病中的应用术。

5.拷贝数芯片技术

掌握内容:拷贝数芯片的数据与分析SNP6.0,拷贝数谱与转录组的整合分析。

了解内容:拷贝数芯片在复杂疾病中的应用。

6.甲基化芯片技术及其数据分析与挖掘

掌握内容:甲基化芯片技术原理,甲基化芯片数据处理的一般流程,以及甲基化对基因表达的调控方式。

了解内容:甲基化芯片在复杂疾病中的应用。

7.组蛋白修饰芯片及其应用

掌握内容:组蛋白修饰芯片技术原理和应用。

了解内容:组蛋白修饰芯片技术在复杂疾病中的应用。

8.基因芯片与复杂疾病

掌握内容:基因芯片用于识别复杂疾病的方法策略。

了解内容:基于基因芯片的多组学整合分析策略。

三、实验教学内容

1.基因芯片技术在复杂疾病上的应用1

基本内容:在GEO中下载癌症(乳腺癌,肺癌等均可)相关的基因表达谱(应包括正常与疾

病两种样本)。将探针水平表达转换成基因水平表达。设计算法识别差异表达基因,并画出最显著差异表达基因在两种样本中的表达水平。利用差异表达基因的表达模式对样本进行聚类分析与亚型分析。识别差异表达基因所参与的生物学功能与通路。

基本要求:能够利用R语言实现上述过程。

2.miRNA芯片技术在复杂疾病上的应用

基本内容:在GEO中下载癌症(乳腺癌,肺癌等均可)相关的基因和miRNA表达谱(应包括正常与疾病两种样本)。在miRanda数据库中下载miRNA-mRNA靶向关系数据,试构建疾病状态下与正常状态下的动态中miRNA调控网络,识别疾病相关的失调网络并进行网络分析。

基本要求:能够利用R语言实现上述过程。

3.lncRNA芯片技术在复杂疾病上的应用

基本内容:在GEO中下载癌症(乳腺癌,肺癌等均可)相关的基因和miRNA表达谱(应包括正常与疾病两种样本)。在miRanda数据库中下载miRNA-mRNA靶向关系数据,试构建疾病状态下与正常状态下的动态中miRNA调控网络,识别疾病相关的失调网络并进行网络分析。

基本要求:能够利用R语言实现上述过程。

4.拷贝数芯片技术在复杂疾病上的应用

基本内容:在GEO中下载癌症(乳腺癌,肺癌等均可)相关的拷贝数SNP6.0和基因表达谱(应包括正常与疾病两种样本)。利用Gistic软件识别在癌症中显著扩增或缺失的基因,并刻画拷贝数改变与基因表的关系。

基本要求:能够利用R语言实现上述过程。

5.基于甲基化芯片识别差异甲基化位点

基本内容:基于甲基化芯片数据识别差异甲基化位点。

基本要求:熟练运用芯片数据定量甲基化水平,并采用软件包进行数据处理分析,识别差异甲基化位点,探索差异甲基化影响的风险基因。

四、参考资料

1.参考书

《生物信息学》.李霞.人民卫生出版社.2015

2.网络资源

Gene expression analysis

(<https://www.nature.com/subjects/gene-expression-analysis>)

LGEA Web Portal (<https://research.cchmc.org/pbge/lunggens/mainportal.html>)

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	生物芯片技术概况及其与生物信息学关系	4	4	0
2	基因表达谱芯片技术	12	4	8
3	miRNA 芯片技术	8	4	4
4	lncRNA 芯片技术	8	4	4
5	拷贝数芯片技术	8	4	4
6	甲基化芯片技术及其数据分析与挖掘	8	4	4
7	组蛋白修饰芯片及其应用	4	4	0
合计		52	28	24

分子网络分析

一、课程简介

通过本课程的学习,使学生掌握复杂网络基础知识,了解并掌握网络拓扑的基本模型及其性质,以及分子生物学网络的特点,及其获取数据的方法。初步培养学生分析复杂的分子生物学网络的能力。

本门课程通过对各种分子生物网络的讲解,使学生掌握分子生物网络的基础理论、基本知识,同时培养学生应用所学知识观察、分析、综合和独立解决问题的能力。构建分子生物网络的软件的安装及基本操作能力的培养,具体包括复杂网络构建方法;基因调控网络构建软件;疾病调控网络分析软件;信号转导网络的构建;代谢网络的分析方法以及表观遗传网络的构建。熟悉分子生物网络分析最基本的统计方法以及网络数据库的使用。掌握分子网络相关的技能,为学生在未来生物信息学工作中应用网络分析研究打下坚实的理论基础。

二、理论教学内容

1. 概论

掌握内容:分子生物网络的概念及分类。

了解内容:分子生物网络研究的发展及现状。

2. 分子生物网络分析基础

掌握内容:复杂网络的基本概念;复杂网络的基本特性:图的表示、平均路径长度、聚类系数、度与度分布、介数;网络拓扑基本模型及其性质:随机图、小世界网络和无尺度网络的基本概念;小世界网络、无尺度网络的拓扑特点。

了解内容:复杂网络的研究简史;小世界网络和无尺度网络的演化。

3. 信号转导网络

掌握内容:信号转导网络的概念;信号转导网络的特点;信号转导网络的结构属性;信号转导网络的建模与仿真;通路信息整合及 SubPathway 挖掘。

了解内容:常用信号转导网络;SubPathway 挖掘软件的设计思想和常用软件。

4. 基因调控网络

掌握内容:基因调控网络的基序和模块;基因调控网络数据分析方法研究;基因调控网络模型:有向图、Baysian 网络、Boolean 网络、非线性常微分方程模型;以基因小鼠多能性细胞中的转录调控网络为实例讲解基因调控网络的生物信息学分析。

了解内容:利用 Baysian 网络分析基因调控网络;基因调控网络软件 GeneNet;利用 Cytoscape 绘制基因调控网络。

5. 代谢网络

掌握内容:基因代谢网络的概念和拓扑性质;代谢网络模型的基本元件和代谢分析控制;以代谢组学为实例讲解代谢网络在代谢组学研究中的作用。

了解内容:了解代谢网络的应用范围及科学前沿。

6. 疾病基因网络

掌握内容:疾病基因网络构建的生物学假设;疾病基因网络构建的方法;疾病基因网络拓扑结构分析的方法;以人类疾病基因网络为实例讲解疾病基因网络的构建及生物信息学分析。

了解内容:网络的拓扑结构反应的生物学意义;疾病相关的蛋白质互作网络、miRNA 网络分析疾病相关的网络模块。

7. 表观遗传调控网络

掌握内容:表观遗传调控元件;表观遗传调控网络的构建;以人类组蛋白修饰调控网络为实例讲解表观调控网络的生物信息学分析。

了解内容：人类基因组的表观调控网络的应用。

8. 分子生物学网络综合分析

掌握内容：各个分子生物学网络之间联系与区别；各个分子生物学网络使用的模型间的关系。

了解内容：综合应用不同分子生物网络分析实际科研问题。

三、实验教学内容

1. 学习应用 NetMiner 等软件绘制代谢网络

基本内容：代谢网络绘图软件简介；NetMiner 软件的安装、使用，并利用该软件绘制代谢网络。

基本要求：掌握 NetMiner 软件安装和基本操作；掌握通过 NetMiner 软件绘制复杂生物学网络；熟悉 NetMiner 软件参数设置，各模块的操作方法；从实践的角度理解复杂生物网络的特征及其构建。

2. 用 Cytoscape 软件绘制基因调控网络

基本内容：Cytoscape 等软件的安装、使用，并利用该软件绘制基因调控网络。

基本要求：掌握 Cytoscape 软件安装和基本操作；掌握通过 Cytoscape 软件绘制复杂生物学网络；熟悉 Cytoscape 软件参数设置，各模块的操作方法；从实践的角度理解复杂生物网络的特征及其构建。

3. 应用 Cytoscape 软件分析疾病基因网络

基本内容：利用 Cytoscape 软件构建疾病基因网络基因调控网络，并基于 Cytoscape 插件分析网络的平均路径长度、聚类系数、度与度分布、介数，并根据这些特征的分析疾病与疾病关系，基因与疾病的关系。

基本要求：掌握常用的分子生物网络分析的 Cytoscape 插件；熟悉利用特征分析分子生物学现象的基础；从实践的角度理解疾病基因网络网络的特征及其生物学意义。

4. 应用 Bayesian 模型构建并分析表观遗传调控网络

基本内容：处理包括组蛋白修饰和基因表达在内的表观遗传数据，利用 Bayesian 模型训练得到各表观遗传修饰之间及其与基因表达之间的关系，并构建表观遗传调控网络，基于网络分析表观遗传调控机制。

基本要求：掌握利用 Bayesian 模型构建生物网络的基本方法和流程；掌握绘制表观遗传网络的基本思路；从系统生物学的角度研究表观遗传调控机制。

5. 综合应用分子生物网络方法研究表观遗传修饰之间的关系

基本内容：介绍各种生物网络综合分析的方法，及软件间的相互协作；介绍表观遗传调控网络的构成及其构建；利用多个分子生物网络构建复杂的表观遗传调控网络。

基本要求：掌握不同软件间的协作；掌握通过多个软件绘制表观遗传网络；从系统生物学的角度研究表观遗传调控机制。

四、参考资料

1. 参考书

《复杂网络》第一版.郭雷、许晓鸣主编.上海科技教育出版社.2006年11月出版

《系统生物学的网络分析方法》第一版.邹权主编.西安电子科技大学出版.2015年4月出版

2. 网络资源

KEGG-京都基因与基因组百科全书 (<http://www.kegg.jp/>)

分子网络分析-Cytoscape (<http://www.cytoscape.org/>)

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	概论	2	2	0
2	分子生物网络分析基础	6	6	0
3	信号转导网络	4	4	0
4	代谢网络	8	4	4
5	基因调控网络	8	4	4
6	疾病基因网络	8	4	4
7	表观遗传调控网络	8	4	4
8	分子生物学网络综合分析	8	4	4
合计		52	32	20

结构信息学

一、课程简介

结构信息学是利用生物信息学方法研究蛋白质序列、结构、功能与其进化之间关系的一门学科。它即通过生物信息学方法识别蛋白质结构与功能的序列，同时也探讨识别或预测蛋白质超家族成员结构与功能的生物信息学方法。生物系统的高分辨结构信息将允许我们对生命系统的功能、对系统修饰或扰动的后果进行精确的解释和推理。这一结构信息的展现与日益增长的基因组、蛋白组、代谢组信息相联系，为分析生物医学问题提供了强大的研究背景。本课程侧重以基础理论与科研实例相结合的方式，介绍蛋白质结构基本原理、蛋白质结构相关数据库、识别蛋白质结构域方法、结构信息学与药物发现、基于结构的复杂疾病生物标记识别、功能蛋白设计（药靶设计）及蛋白质功能预测等方面的应用。结构生物信息学是以生物物理学、生物化学、分子生物学等为基础，为临床合理用药、防治疾病提供基础理论和科学的思维方法，是基础生物学与临床医学药学的桥梁学科。

通过本课程的学习，使学生了解结构信息学研究内容及方法，掌握常用的结构信息学数据库及相关软件的原理和使用方法，能够根据结构生物学数据资源设计并开展生物医学相关领域课题的研究，同时培养学生应用所学知识观察、分析、综合和独立解决问题的能力，为学生在未来科研和工作打下坚实的理论基础。

二、理论教学内容

1.绪论

掌握内容：结构信息学概念；理解生命现象的结构基础；结构数据的特性；高通量结构检测和解析技术。

了解内容：结构数据与其他数据的整合；结构生物信息学的技术挑战和未来展望。

2.蛋白质结构基础原理

掌握内容：蛋白质的二级结构：区域局部三级结构，蛋白质的三级结构：球形二级结构、结构域互换，蛋白质折叠类型、功能与错误折叠，蛋白质-蛋白质相互作用。

了解内容：蛋白质的一级结构：氨基酸序列，蛋白质的四级结构：多样性多肽链间的相互集结。

3.DNA和RNA结构基础原理

掌握内容：DNA二倍体的三种结构类型：B-DNA、A-DNA、Z-DNA，RNA结构模体（motif），转运RNA的空间结构，LncRNA折叠形成的空间结构，空间折叠错配与疾病。

了解内容：DNA药物复合体，RNA二倍体：A-RNA错配和突起的RNA。

4.生物大分子结构的研究方法

掌握内容：高通量结晶技术与高分子X射线结构解析中的计算技术，X射线结构电子云密度图的解析（肌红蛋白的结构解析），生物大分子结构解析与NMR波谱技术原理，电子晶体学和电镜三维重构，X射线结构电子云密度修正，NMR生物信息学。

了解内容：X射线结构重原子的位置与实验相位的计算，通过NMR波谱解析技术确定蛋白质结构的一般流程，NMR与分子动力学，电子断层成像，蛋白质动力学成像。

5.结构生物信息学数据库和数据描述

掌握内容：PROTEIN DATA BANK数据库，mmCIF及其他数据格式，大分子三维结构图图形程序RasMol、POV-Ray、Cn3D、Swiss-PdbViewe，蛋白质结构进化和SCDP数据库、CATH数据库的序列识别算法、结构域边界的识别，蛋白质四级结构数据库（PQS）、蛋白质-配体相互作用数据库（ReliBase）、大分子运动数据库（MolMovDB）、Partslist：动态折叠比较数据库。

了解内容：PDB收集的数据内容、数据的验证和注释、数据处理统计，核酸数据库（NDB）

信息内容、数据确认、处理、分发、应用，生物大分子结晶数据库（BMCD）、剑桥结构数据库（CSD）、有机小分子结构、NCBI维护的大分子数据库（MMDB）、蛋白质的二级结构数据库（DSSP）。

6. 结构比对与质量验证

掌握内容：蛋白质结构比较算法和优化、多结构比对，蛋白质折叠空间图谱，用于结构检查的软件。

了解内容：x射线晶体成像、来自NMR波谱解析的模型的误差估计和精确化，网络上的结构质量信息验证。

7. 核酸结构和功能预测

掌握内容：结构预测评估（CASP）和全自动结构预测评估（CAFASP）实验及其发现，基于最小自由能法、碱基数目最大化法，螺旋区组合法、多重序列比对的RNA二级结构预测；基于结构预测方法的应用软件及具体操作实例。

了解内容：同源建模方法，折叠类型识别方法，基于从头预测方法的分析及软件介绍和使用。

8. 蛋白质结构与功能预测

掌握内容：从蛋白质结构推测蛋白质功能的方法：活性部位的研究，定量研究，表面粒团共振；结构与功能预测实例：超氧化物歧化酶，ATP合成酶，DNA依赖的蛋白激酶；蛋白质二级结构、三级结构预测软件及实例；分析PDB三维分子的软件-MolMol 2k.2，蛋白三维结构构建、显示、分析软件-NOC 3.01。

了解内容：蛋白质运动，与功能的关系；BCM Search Launcher，PSIpred - MEMSAT2，PSA，开源的三维分子显示软件-QuteMol 0.4.1等。

9. 生物大分子互作

掌握内容：基于进化信息预测蛋白质相互作用和静电相互作用；搜索与复杂疾病关联的蛋白质结构的定位、功能域互作和相应的模拟分析软件介绍。

了解内容：基于结构预测蛋白质相互作用的实例，蛋白质结构预测现状与发展趋势。

三、实验教学内容

1. 结构生物学和结构药学数据库及数据描述

基本内容：结构生物学和结构药学数据库的数据内容、数据的验证、注释和使用方法。

基本要求：PDB蛋白质数据库、NDB核酸数据库，SCDP数据库、CATH数据库，MDDR-3D、NCI-3D药物数据库的使用。

2. 核酸结构与功能预测

基本内容：DNA、RNA分析软件，DNA、RNA二级结构和三级结构预测软件的应用与比较。

基本要求：使用RNA Structure、Pfold、MARNA等软件对反义RNA、三螺旋DNA、G-四链体DNA等的二级和三级结构进行预测。

3. 蛋白质结构功能预测

基本内容：蛋白质的二级结构和三级结构预测、显示与分析。

基本要求：使用swiss-model、SDSC、SAM、3D-PSSM等在线工具或软件进行蛋白质的二级和三级结构功能预测。

4. 与生物大分子互作的预测设计

基本内容：生物大分子结构的定位、功能域互作和相应的模拟分析软件应用。

基本要求：生物大分子互作三维结构分析（EV713C蛋白酶、AD致病蛋白酶、血栓形成关键受体P2Y12R等的结构功能预测与药物设计）。

四、参考资料

1.参考书

- 《结构生物信息学》.P.E.波恩.H.魏西希编著.化学工业出版社.2009年
《结构生物学——从原子到生命》.里尔加斯编著.苏晓东编译.科学出版社.2013年
《结构生物学》.梁毅编著.科学出版社.2005年
《结构生物学与药学研究》.杨铭编著.科学出版社.2006年
《结构生物信息学（英文版）（精）》.魏冬青.上海交通大学出版社.2015年

2.网络资源

结构生物化学-中国大学MOOC (<http://www.icourse163.org/course/NJU-1001572004>)

安阳工学院—生物信息学

(<http://swxxx.ayit.edu.cn/lb.jsp?urltype=tree.TreeTempUrl&wbtreeid=1209>)

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	绪论	4	4	0
2	蛋白质结构基础原理	2	2	0
3	DNA 和 RNA 结构基础原理	2	2	0
4	生物大分子结构的研究方法	4	4	0
5	结构生物信息学数据库和数据描述	8	4	4
6	结构质量验证	2	2	0
7	核酸结构预测	10	6	4
8	蛋白质结构与功能预测	12	8	4
9	生物大分子互作	6	2	4
合计		50	34	16

药物信息学

一、课程简介

药物信息学是应用数学、计算机的原理和方法，将生物学、医学和药学的知识整合在一起用于指导药物研发和临床个性化给药。它的基本任务是使用计算方法处理高通量手段产生的海量数据进行药物靶标发现、药物作用机制分析、药物的ADME/T预测，以及临床不同人群的个性化给药生物标记挖掘等研究。通过本课程的学习，使学生了解药物组信息学的研究进展，掌握药物基因组信息学的研究内容和基本研究方法，为今后担当药物信息学科研和教学及相关工作打下基础。

二、理论教学内容

1. 药物信息学导论

掌握内容：基本概念和主要研究内容。

了解内容：当前药物研发局限性和药物基因组信息学在药物研发中优势。

2. 药物信息学相关资源

掌握内容：CMAP数据库的主要用途和数据库的构成，学会如何从CMAP数据库中查找相关药物刺激后的芯片数据信息，并进行下载；掌握PharmGKB数据库的主要用途和数据库的构成，学会基本的查询方法；掌握DrugBank数据库的用途和建库依据及构成的相关信息；学会利用SuperCYP数据库药物查找相关类别和知识，能够对SuperCYP数据库查询结果进行分析；学会几种对CMAP数据库中下载到的数据进行相关处理的方法；能够对PharmGKB数据库中查询到的结果进行简单的分析，熟悉结果所表示的意义；熟悉DrugBank数据库相关子库的用途和查询方法。

了解内容：能够利用DrugBank数据库、PharmGKB数据库和SuperCYP数据库等数据库的帮助对未知内容进行自学；了解PharmGKB数据库的相关链接内容及用途；了解CMAP数据库一些相关的链接知识；了解几个与SuperCYP数据库的功能相似数据库的有相关知识和用途及查询方法。

3. 药物基因组学

掌握内容：药物基因组学的概念及其与药物遗传学的区别、决定药物应答的主要遗传因素、前药与活性药物与PK、PD的关系、常见药物基因组生物标记的类型及其原理；药物基因组实验的设计及常见的统计方法、遗传变异标记的功能分析策略与方法。

了解内容：药物基因组学在后基因组时代药物研发与应用中的地位、作用及目标。

4. 药物靶点挖掘的计算策略与方法

掌握内容：药物靶标的识别和确认；机器学习方法预测靶标特征参数的选择原则。

了解内容：药物靶点预测的其他方法。

5. 病原微生物靶点的信息学挖掘方法

掌握内容：常见病原微生物基因组分析方法。

了解内容：病原微生物药物靶标识别的策略和方法。

6. 面向通路的药物作用机制研究

掌握内容：KEGG、BioCarta、STKE等常见药物通路数据库的信息获取方法；药物作用通路的分析策略与方法。

了解内容：目前药物作用机制的其他研究方法。

7. 基于网络的药物多效性预测

掌握内容：掌握药物多效性的网络分析方法，掌握多种药物与靶点网络的特征。

了解内容：熟悉二分网在药学中的应用。

8.计算预测未知药物作用谱

掌握内容：掌握利用表达谱数据和蛋白质数据与联通图整合预测未知药物作用谱的策略。

了解内容：了解其他预测未知药物作用谱的方法。

9.整合信息学手段挖掘药物毒性特征策略和方法

掌握内容：利用表达谱挖掘药物毒性特征（signature）的方法，利用蛋白质挖掘药物毒性特征。

了解内容：分层网络的特点。

三、实验教学内容

1.药物综合信息的获取

基本内容：DrugBank 数据库的构成及应用。

基本要求：熟练掌握 DrugBank 数据库数据构成、数据查询及结果分析的方法。

2.药物基因组学知识的综合应用

基本内容：PharmKGB 数据库的构成及应用。

基本要求：熟练掌握 PharmKGB 数据库数据构成、5 中常见的药物基因组生物标记查询途径、结果分析方法等内容。

3.CMAP 数据库的使用

基本内容：CMAP 构成及应用。

基本要求：熟练掌握 CMAP 数据库数据构成、富集分析方法原理、查询方法以及结果分析的方法。预测未知药物作用谱。

4.未知药物作用谱预测

基本内容：Drug response unique gene-set path 的构成及应用。

基本要求：熟练掌握 Drug response unique gene-set path 数据库数据构成，可以提交简单的相关数据在数据库中进行查询，并对结果进行分析，预测药物作用机制。

四、参考资料

《药物基因组学-寻求个性化治疗》（第一版）.蒋华良，钟扬，陈国强，罗小民主编.科学出版社.2004 年出版

《生物信息学》（第一版）.李霞主编.人民卫生出版社.2010 年出版

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	药物信息学导论	2	2	0
2	药物信息学相关资源	8	4	4
3	药物基因组学概论	10	6	4
4	药物靶点挖掘的计算预测策略与方法	8	4	4
5	病原微生物靶点的信息学挖掘方法	4	4	0
6	面向通路的药物作用机制研究	4	4	0
7	基于网络的药物多效性预测	4	4	0
8	计算预测未知药物作用谱	8	4	4
9	整合信息学手段挖掘药物毒性特征策略和方法	4	4	0
合计		52	36	16

统计遗传学

一、课程简介

《统计遗传学》是利用统计学的基本原理，揭示遗传规律的一门学科。它是以概率论、数理统计、遗传学以及分子生物学等为基础，将生物的个体与群体的遗传规律联系在一起，量化遗传特征，解析遗传学规律，为遗传学的研究提供基础理论与科学的思维方法。

本课程通过对统计遗传学基本原理的讲解，使学生掌握统计遗传学基础理论、基本知识，了解统计遗传学的研究进展，掌握基本基因作图方法，为今后担当统计遗传学相关科研工作打下基础。

二、理论教学内容

1.绪论

了解内容：统计遗传学的性质、研究内容、任务及其在遗传学中的地位；统计遗传学的发展史；基因作图的基本概况。

2.群体遗传学的基本概念与原理

掌握内容：单核苷酸多态的基本概念、基因频率与基因型频率的概念；Hardy-Weinberg平衡定律（定律内容、定律证明、平衡检验）；亲属对基因型联合分布（父子对兄弟对的基因型联合分布律）；常染色体位点连锁不平衡（连锁、交叉、重组、重组率、连锁平衡，连锁不平衡、连锁分析的基本概念）。

了解内容：影响群体结构的因素（迁移，突变，选择，遗传漂变和非随机交配）。

3.关联分析

掌握内容：关联分析的基本原理、理论基础；基于群体数据的关联分析的基本方法：person卡方检验；优势比的含义及其点估计和区间估计。

了解内容：基于家系数据的关联分析方法：传递不平衡检验（TDT检验）；基于群体数据的关联分析方法：Armitage趋势检验；全基因组关联分析方法。

4.单体型分析

掌握内容：单体型的定义及应用；单体型块的定义以及单体型块的划分；标签SNP；单体型推断的方法，单体型关联分析方法。

了解内容：HapMap计划（一期、二期和三期）。

5.系统遗传学中的基本方法

掌握内容：Gene-based关联研究方法；SNP的交互作用分析方法；pathway-based关联研究方法；网络为基础的关联研究策略。

了解内容：系统遗传学简介。

6.Meta分析研究

掌握内容：Meta分析的基本原理，Meta分析步骤，以及常用分析软件。

了解内容：Meta分析在生物医学以及生物信息领域的应用，全基因组范围关联分析的Meta策略。

三、实验教学内容

1.plink软件的使用

掌握内容：学习plink软件的使用，利用plink软件对SNP基因型数据进行基因组范围的关联研究。

基本要求：掌握plink软件的基本使用发方法，了解所需要的基本数据格式，关联分析相关的基本命令，并用真实基因型数据进行基因组范围内的关联研究。

2.Haploview软件的使用

基本内容：学习Haploview软件的使用，利用Haploview软件进行基因型数据单体型分析。

基本要求：掌握Haploview的基本数据格式，数据预处理方法以及几种单体型识别方法。

3.Revman和STATA软件在meta分析中的使用

基本内容：学习Revman和STATA软件的使用，利用Revman和STATA软件对基因型数据执行meta分析。

基本要求：掌握Revman和STATA软件的基本使用发方法，了解所需要的基本数据格式，meta分析的基本方法。

4.Phase软件的使用

基本内容：学习Phase软件的使用，利用Phase软件对基因型数据进行单体型的相型重构分析。

基本要求：掌握Phase软件的基本使用发方法，了解所需要的基本数据格式，单体型定向的基本方法，并用真实基因型数据进行单体型的相型重构。

5.Permutation方法软件介绍

掌握内容：Permutation方法原理。

基本要求：掌握Plink和Haploview软件Permutation方法的使用方法。

四、参考资料

1.参考书

《统计遗传学》第一版.顾万春主编.科学出版社.2004年1月出版

《遗传学中的统计方法》第一版.李照海、覃红、张洪主编.科学出版社.2006年1月出版

《遗传统计学：基于连锁和关联分析的基因定位（翻译版）》.尹先勇主编.人民卫生出版社.2017年出版

2.网络资源

Whole genome association analysis toolset-PLINK:

<http://zzz.bwh.harvard.edu/plink/pimputation.shtml>

HAPLOVIEW: <https://academic.oup.com/bioinformatics/article/21/2/263/186662>

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	绪论	2	2	0
2	群体遗传学的基本概念与原理	10	8	2
3	关联分析	12	4	8
4	单体型分析	12	6	6
5	系统遗传学中的基本方法	12	12	0
5	Meta 分析研究	12	8	4
	合计	60	40	20

生物医学大数据技术

一、课程简介

生物医学大数据所蕴含的巨大潜在价值使其备受关注。本课程起于大数据，讲授生物医学大数据的产生、数据资源、数据分析、可视化与实际的应用。本课程是应测序技术的普及而创建，讲授的内容面向新一代测序技术所获得的生物医学大数据。本课程主要是以大数据为主角，以解决医学相关问题为主线，旨在让学生了解生物医学大数据的基本概念，了解生物大数据的特点、价值与应用，掌握生物大数据的分析技能。

《生物医学大数据技术》这门课程的开展，从基础的生物医学大数据基本概念、生物医学大数据的发展历史、生物医学大数据的数据类型、生物医学大数据处理架构、生物医学大数据集成仓库、生物医学大数据数据处理与可视化、生物医学大数据在复杂疾病中的分析策略等各个方面入手，由浅入深，能够引导同学在面对生物医学领域中大量高通量数据时，可以独立运用所学知识进行基于生物医学大数据的实际应用，极大增强了学生的处理和分析生物医学大数据的能力，提高科研水平。

二、理论教学内容

1.生物医学大数据简介

掌握内容：生物医学大数据的基本概念及大数据的特点。

了解内容：生物医学大数据的产生背景，生物大数据的种类及其及其在生物医学方面的应用前景。

2.基于R与Hadoop的生物医学大数据分析理念

掌握内容：Hadoop核心组件：分布式文件系统HDFS、分布式计算框架Mapreduce和数据仓库Hive。

了解内容：Hadoop相关的其他核心组件，R与Hadoop的整合分析系统Rhadoop。

3.生物大数据集成仓库

掌握内容：TCGA、cBioPortal for Cancer Genomics、国际癌症基因组联盟（ICGC）和Catalogue of Somatic Mutations in Cancer（COSMIC）大数据仓库的数据组成和访问；掌握基因组变异数据库 dbGap、dbVar、1000 genomes、dbSNP、LSDBs、HGMD、OMIM和ClinVar数据存储和访问；ENCODE、NIH Roadmap Epigenomics Project、Human Epigenome Atlas、GEO、UCSC数据库数据组成和数据访问；STRING、CircNET、ImmuNet和人类信号网络等网络资源。

了解内容：4Dgenome、3CDB、MethylomeDB、DiseaseMeth、NGSmethDB和MethBas等其他的数据库资源，其他的网络通路数据资源（<http://www.pathguide.org/>）。

4.生物医学大数据处理方法与软件

掌握内容：RNA-seq数据分析的基本流程、差异表达的分析软件以及应用RNA-seq数据识别lncRNA；GSITIC处理SNP6.0芯片数据识别CNV；组蛋白修饰信号的定量、峰识别软件（如MACS、peakSeq）以及差异的组蛋白修饰位点识别软件（如ChIPDiff）；DNA甲基化定量、差异甲基化位点DMR的识别软件（如HumanMethylation450 BeadChip芯片数据开发的R包ChAMP、RMAPBS和针对WGBS甲基化数据开发的分析工具Bsmooth等）。

了解内容：WGCNA识别共表达模块以及时间序列表达的分析软件Dynamic Regulatory Events Miner（DREM）；ChromHMM染色质状态识别以及区间的功能富集软件GREAT；使用Bedtools和Samtools对测序数据进行处理；CRISPR-Cas9技术原理以及相关基因提取（如MAGeCK软件）。

5.生物医学大数据可视化

掌握内容：Epigenome Browser（即UCSC Genome Browser）、WashU Epigenome Browser、

Ensembl和JBrowse表观数据可视化浏览器；环形基因组可视化circos；cytoscape及相关的插件使用，如：功能富集的可视化插件Enrichment Map、ClueGO等。

了解内容：IGV和ChAsE（Chromatin Analysis and Exploration）等可视化软件。

6. 生物医学大数据与复杂疾病

掌握内容：生物医学大数据与生存分析、大数据用于癌症亚型分类、大数据技术识别biomarker。

三、实验教学内容

1. 基于SNP6.0芯片数据初步筛选乳腺癌相关的风险基因

基本内容：TCGA数据库和GSITIC软件包。

基本要求：熟练运用TCGA数据库下载乳腺癌相关的SNP6.0芯片数据，并采用GSITIC软件包进行数据处理分析，初步筛选乳腺癌相关的风险基因。

2. 识别乳腺癌条件下DMR（或DHMS）影响的生物学功能

基本内容：基于高通量测序数据识别差异甲基化区域和差异组蛋白修饰区域。

基本要求：熟练运用ChIP-seq数据，并采用软件包进行数据处理分析，初步筛选乳腺癌相关的风险基因，探索癌症表观调控影响的生物学功能。

3. 基于乳腺癌多组学数据探索lncRNA失调机制

基本内容：基于多组学数据探索lncRNA失调机制。

基本要求：熟练掌握多组学数据处理的基本流程，应用RNA-seq数据识别失调的lncRNA，并整合多组学数据探索lncRNA失调机制。

4. 利用circos可视化乳腺癌多组学数据

基本内容：circos可视化多组学数据。

基本要求：根据实际需要，对多组学数据进行数据处理，并熟练掌握多组学数据的circos可视化策略。

5. Cytoscape软件可视化网络并提取相关子网

基本内容：网络可视化与子网提取。

基本要求：熟悉将相关的网络数据进行可视化，并应用Cytoscape插件提取子网。

6. 基于CRISPR-Cas9技术提取癌症相关基因

基本内容：CRISPR-Cas9技术提取癌症相关基因。

基本要求：掌握CRISPR-Cas9数据处理，并识别癌症风险基因。

四、参考资料

《生物信息学》第二版.李霞.雷健波.人民卫生出版社.2015年06月

《Big Data Analysis for Bioinformatics and Biomedical Discoveries》.Chapman and Hall/CRC.2015年12月

《Big Data Now: 2012 Edition》O'Reilly Media（美）蒂特.2012年05月

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	生物医学大数据简介	2	2	0
2	基于 R 与 Hadoop 的医学大数据分析理念	4	4	0
3	生物医学大数据集成仓库	8	4	4
4	生物医学大数据处理方法与软件	8	4	4
5	生物医学大数据可视化	14	6	8
6	生物医学大数据与复杂疾病	12	4	8
合计		48	24	24

生理系统建模

一、课程简介

生理系统建模是生物信息学专业本科阶段一门必修的专业课。它是一门集生物信息学，计算机，数学模型知识三者结合的课程，具有综合性、实用性和技能性的特点。

通过本门课程的学习，旨在培养学生运用所学的数学知识、计算机知识，构建模型解决生物信息学问题的能力。一方面培养学生的创新逻辑思维，一方面实现“所学为所用”，培养学生分析问题、实际动手构建模型，解决生物信息学问题的能力。本课程主要从生理系统建模中的分子层面，构建模型解析人类疾病的生理病理机制。主要包括DNA序列分类模型、疾病风险基因（编码基因及非编码基因）预测模型、miRNA功能相似性模型以及基因集合富集分析模型。

二、理论教学内容

1.绪论

掌握内容：生理系统建模的基本方法和步骤。

了解内容：生理系统建模的意义。生理系统建模发展概况及其在生物医学工程专业中的应用。

2.DNA序列分类模型

掌握内容：DNA序列分类模型构建的主要思想，DNA序列分类的多维向量空间模型。

了解内容：DNA序列分类的最小生成树模型。

3.疾病风险miRNA预测模型

掌握内容：构建疾病风险miRNA预模型的主要思路，超几何检验。

了解内容：miRNA的生物合成及功能，miRNA相关生物数据库。

4.疾病风险基因预测模型一

掌握内容：重启动的随机游走方法，留一法交叉证实。

了解内容：疾病风险基因预测模型的构建思想及可靠性验证方法。

5.疾病风险基因预测模型二

掌握内容：整合多维数据源预测疾病风险基因的策略（DRS方法）。

了解内容：疾病风险基因预测模型的构建思想及模型可靠性检验。

6.miRNA功能相似性模型

掌握内容：miRNA功能相似性模型的构建过程，多角度深入验证模型的正确性。

了解内容：本模型中涉及的相关生物数据库，Mesh及Disease Ontology等。

7.基因集合富集分析模型

掌握内容：基因集合富集分析模型的构建过程、主要算法。

了解内容：基因集合富集分析模型的主要思想及相关生物数据库。

三、实验教学内容

1.疾病风险miRNA预测模型

基本内容：疾病风险miRNA预测模型的实现，学习此模型涉及的相关数据库。

基本要求：编写程序实现模型的主要过程。

2.疾病风险基因预测模型一

基本内容：疾病风险基因预测模型的实现，学习此模型涉及的相关数据库。

基本要求：编写算法实现重启动的随机游走方法。

3.疾病风险基因预测模型二

基本内容：疾病风险基因预测模型的实现，学习此模型涉及的相关数据库。

基本要求：编写程序实现多维数据整合的DRS方法。

4.基因集合富集分析模型

基本内容：基因集合富集分析模型的实现，学习此模型涉及的相关数据库。

基本要求：编写程序实现基因集合富集分析模型。

四、参考资料

1.参考书

《数学模型》第四版.姜启源.高等教育出版社.2009年8月出版

《生物数据分析和生物系统模型中的参数估计》第一版.田立平.机械工业出版社.2016年3月出版

2.网络资源

生物医学文献检索数据库-<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed>

生物医学文献检索数据库

(<https://www.xxw001.com/video/?b0fdea5b1b0c7c9b991718.shtml>)

生理系统建模与仿真

(<https://wenku.baidu.com/view/819000f47c1cfad6195fa77e.html?from=search>)

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	绪论	2	2	0
2	DNA 序列分类模型	4	4	0
3	疾病风险 miRNA 预测模型	8	4	4
4	疾病风险基因预测模型一	8	4	4
5	疾病风险基因预测模型二	8	4	4
6	miRNA 功能相似性模型	6	6	0
7	基因集合富集分析模型	10	6	4
合计		46	30	16

发育与癌症信息学

一、课程简介

发育与癌症信息学是发育生物学与生物信息学相结合的交叉学科。发育是有机体生命现象的变化发展，是有机体不断自我构建和自我组织的过程。发育生物学作为当代生命科学研究最活跃的领域之一，能够将分子生物学、细胞生物学、遗传学、生物化学等多种学科汇集一起，综合运用，揭示生命发育的本质规律；结合生物信息学科，能够系统地揭示受精和早期胚胎发育、衰老肿瘤发生发展等发育生物过程的机制。

本课程的教学任务是使学生熟悉发育生物学的基本概念，牢固掌握基本原理，并能初步用于解释生物发育中出现的一些现象。在学习和掌握发育和癌症信息学知识的过程中，要求学生将所学过的其他相关学科，如分子生物学、细胞生物学、生物信息等知识融会贯通，串联整合形成完整的知识体系。

二、理论教学内容

1.绪论

掌握内容：发育的基本过程；发育的基本机制；研究发育生物学的模式生物。

了解内容：发育生物学的研究历史。

2.生殖细胞的发生与结构

掌握内容：精子的发生；卵子的发生。

了解内容：生殖质与原生殖细胞。

3.受精作用

掌握内容：生殖细胞的结构；受精过程。

了解内容：受精后卵质的重排。

4.卵裂与囊胚形成

掌握内容：卵裂细胞周期及调控；细胞质分裂。

了解内容：完全卵裂；不完全卵裂。

5.原肠作用

掌握内容：哺乳类的原肠作用；胚轴的建立。

了解内容：海胆、两栖类、鸟类的原肠作用。

6.神经胚与三胚层的早期分化

掌握内容：外胚层的分化；神经管的形成；体节分化的基因调控。

了解内容：神经嵴；中胚层分化；体节分化的诱导作用。

7.衰老信息学

掌握内容：衰老机制学说基本思想；衰老系统生物学的四种研究方法；衰老的九大特征、衰老相关的疾病的信息学研究。

了解内容：衰老的概念及衰老基因数据库。

8.癌症信息学

掌握内容：癌症定义，癌基因组。

了解内容：癌基因组背景知识，下载癌基因组数据，生物信息学在癌症研究中的应用。

9.癌症组学数据分析及网络分析

掌握内容：基于癌基因组和分子网络数据识别癌相关功能模块；表观遗传组学数据处理、分析及功能模块构建；转录调控网络分析及调控网络模型；non-coding RNA调控网络模型构建与癌相关通路识别；多维组学整合方法及网络构建。

了解内容：癌症特征通路，癌相关功能模块间共扰动关系，基于生物学通路和癌基因组数据

识别癌相关基因；网络模块的生物学解读及识别甲基化模块的优势；mRNA组学的分析方法及应用；non-coding RNA类型及数据资源；多维组学与分子网络的研究进展。

三、实验教学内容

1. 识别帕金森疾病相关的衰老基因标志

基本内容：利用帕金森患者的基因表达谱数据，识别与帕金森疾病相关的基因及衰老基因；分析帕金森疾病相关衰老基因的功能及其调控网络，识别在帕金森疾病发生过程中的关键基因。

基本要求：GEO数据库中下载帕金森疾病相关的表达谱原始数据，预处理；衰老数据库中下载衰老基因；利用统计学检验方法，识别帕金森疾病相关基因及衰老相关基因。构建衰老基因与帕金森疾病相关基因的调控网络，识别网络关键基因。

2. 识别乳腺癌共改变模块

基本内容：基于TCGA高通量突变数据和蛋白质互作数据，识别乳腺癌显著共改变的模块。

基本要求：下载TCGA突变数据，构建突变谱，下载蛋白质互作数据，开发算法识别网络中显著共改变模块，并进行功能富集分析。

四、参考资料

《发育生物学》第一版.安利国主编.科学出版公司.2010年11月出版

《肿瘤信息学》第一版.徐鹰主编.科学出版社.2017年7月出版

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	绪论	2	2	0
2	生殖细胞的发生与结构	2	2	0
3	受精过程	2	2	0
4	卵裂方式与囊胚形成	2	2	0
5	卵裂机制	2	2	0
6	哺乳动物的原肠作用、胚轴的建立	2	2	0
7	神经胚与三胚层的早期分化	2	2	0
8	衰老绪论	2	2	0
9	衰老的特征	6	2	4
10	衰老疾病的组学分析	8	2	6
11	癌症信息学	2	2	0
12	癌基因组学及网络数据分析	4	2	2
13	癌表观遗传组学及网络数据分析	4	2	2
14	癌转录组学及多维组学整合分析	8	2	6
合计		48	28	20

分子进化分析

一、课程简介

分子进化学日益成为计算生物学和生物信息学等新兴学科的重要组成部分,是生命科学中最引人注目的领域之一。进化遗传学、分类学、生态学、基因组学等对分子进化的分析方法都有所需求,而且分子进化分析涉及相当复杂的现代统计学理论和计算方法,对很多生物学家是一种挑战。本课程为生物研究者介绍分子进化领域的统计分析工具,使学生深入浅出的了解其全貌。

通过本课程的学习,使学生掌握经典的进化理论,以及发展的现代分子进化理论,掌握从分子水平研究生物进化的方法,熟练运用分子进化的专业软件。同时也有对生物信息其他领域中的进化分析,拓展其领域的研究范畴。因此本课程既能让学生接受分子进化基本概念和原理的教育,利用计算机软件完成分子进化树构建的实际问题,又能使之掌握对其他生物信息学问题进行进化分析的方法。本课程是本专业的主要专业课之一。

二、理论教学内容

1.进化生物学的由来与现状

掌握内容:生物进化与中性突变的概念,综合进化论的主要内容。

了解内容:拉马克学说和达尔文学说,进化生物学的研究现状与发展方向。

2.细胞的起源与进化

掌握内容:超循环组织模式和阶梯渡模式的基本原理,由无细胞的化学进化过渡到有细胞的生物进化过程的关键环节。

了解内容:内共生起源说、渐进式起源说,真核细胞起源对生物进化的意义。

3.生物表型的进化

掌握内容:亲缘选择和性选择的概念,新功能的起源及其在进化中的意义。

了解内容:行为、信号、进化稳定对策,新构造的起源及其意义,利他行为意义及进化机制。

4.生物的微观进化

掌握内容:微观进化、适应、选择系数、正态化选择、前进性选择的概念,基因频率传递的计算方法。

了解内容:种群、基因库、遗传平衡,纯合率、杂合率的计算,基因型和外显型的对应关系。

5.生物的宏观进化

掌握内容:宏观进化、进化趋势、复式进化、表型趋异、谱系趋异的概念,谱系进化速率的表示方法,微观进化与宏观进化的关系。

了解内容:生物进化的速率,灭绝的生物学意义。

6.生物遗传系统的进化—染色体进化

掌握内容:染色体数目进化,染色体结构进化,染色体功能进化。

了解内容:染色体数目进化方式与结构进化方式。

7.生物遗传系统的进化—基因与基因组的进化、蛋白与蛋白组进化

掌握内容:基因组结构进化,蛋白质家族、基因家族、基因的分裂、融合;蛋白质的趋同进化和趋异进化;直系同源和旁系同源。

了解内容:假基因进化,转座与基因组进化,基因上游调控序列的保守性,基因水平转移。

8.分子进化与分子系统学

掌握内容:分子进化的概念,分子进化特点,分子进化的中性突变理论。

了解内容:影响突变类型的因素,基因调控与近中性突变。

9.核苷酸替换模型

掌握内容:核苷酸替代数的估计, Jukes and Cantor模型, Kimura模型, Tajima-Nei模型, Tamura

模型。

了解内容：Tamura-nei模型，氨基酸替代模型。

10.系统发生树

掌握内容：系统发生树的相关概念，系统发生树数目，系统发生树结构，系统发生树之间的距离。

11.基于最大简约性原则的分子进化树构建

掌握内容：信息位点；最大简约原则；最小简约问题；Fitch's算法。

了解内容：最大简约问题；搜索策略；方法评价。

12.基于最大似然性思想的分子进化树构建

掌握内容：构建数据的似然率；树与子树的似然率；树枝长度的似然率。

了解内容：参数的最大似然估计。

三、实验教学内容

1.基因组适应性进化过程推测

基本内容：同义/非同义替代率是适应性进化中重要概念，如何计算是必须熟悉的。以禽流感病毒H5N1为例子计算该病毒中基因的同义/非同义替代率是研究其进化及发生的重要参考。对生物信息研究者而言，批量计算多基因的同义/非同义替代率是必备工具。本实验采用matlab及R语言练习该方法，对后面的科学研究有很大帮助。

基本要求：掌握同义/非同义替代率计算的方法。掌握神matlab及R语言中进化内容的一般知识。

2.生物的微观进化

基本内容：遗传平衡，纯合率、杂合率的计算；基因型和外显型的对应关系。

基本要求：掌握遗传平衡的概念；熟悉基因型与外显型的对应转化关系。

3.根据不同方法（最大简约法和最大似然法）重建灵长类系统发育树

基本内容：本实验目的是熟悉进化常用的网络资源，学习数据获取的方式方法。利用获得数据构建我们需要的系统发生树，分析试验结果。了解使用不同基因或不同数据对实验结果的影响，总结不同数据构建系统发生树应用范畴。

基本要求：掌握数据寻找的过程；熟悉构建系统发生树的方法及相应解释，熟悉MEGA及phylip软件。

四、参考资料

1.参考书

《计算分子进化分析》.杨子恒著.钟杨等译.复旦大学出版社.2008年出版

《Molecular Evolution and Phylgenetics》 Nei, M.London: Oxford university press

2.网络资源

分子进化-Molecular Biology and Evolution (<https://academic.oup.com/mbe>)

分子进化-Molecular Evolution, Phylogenetics and Epidemiology
(<http://tree.bio.ed.ac.uk/>)

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	进化生物学的由来与现状	2	2	0
2	细胞的起源与进化	2	2	0
3	生物表型的进化	2	2	0
4	生物的微观进化	8	4	4
5	生物的宏观进化	4	2	2
6	生物遗传系统的进化—染色体进化	2	2	0
7	生物遗传系统的进化—基因与基因组的进化、蛋白与蛋白组进化	6	4	2
8	分子进化与分子系统学	2	2	0
9	核苷酸替换模型	6	2	4
10	系统发生树	2	2	0
11	基于最大简约性原则的分子进化树构建	8	4	4
12	基于最大似然性思想的分子进化树构建	8	4	4
合计		52	32	20

计算机辅助药物设计

一、课程简介

计算机辅助药物设计是近年来建正在计算机和分子模拟理论基础上发展起来的研究与开发新药的一种崭新技术，它大大加快了新药设计的速度，节省了创制新药工作的人力和物力，使药物学家能够以理论作指导，有目的地开发新药，是制药相关专业学生必须要了解和掌握的基末技能之一。本课程介绍计算机辅助药物设计涉及到的多种基础学科和压用学科与技水。主要有计算机辅助药特设计的八门知识，包括药物作用的基本理论，药物设计的基本概念与万法，计算机辅助药物设计的数据库系统、理论计算基础、相关测定技术以蕊对软硬件的要求等。重点讲解计算机辅助药物设计的意义作用和基本研究万法，选用一些典型的实例，并介绍最新的国内外成果。

通过本课程的学习，使学生了解计算机辅助药物设计在制药工程专业领域的地位和作用，了解计算机辅助药物设计所涉及到的各种基础知识与技术，熟悉药物设计的基本概念与可法，计算机辅助药物设计的敏数据库系统、理论计算基础、相关测定技术“厦对软硬件的要求等，同时，由于本课程理论性和实践性部根强，所麒教学中穿插了具体示例和岳验。通过理论和实验教学，使学生能够掌握几种王要的计算机药物设计万法，熟悉常见的计算机辅助药物设计软件及其操作

计算机辅助药物设计在生物信息学专业中处于重要地位，为学生今后开发药物打下良好的基础。计算机辅助药物设计，以计算机科学，药学，数学为基础，因此在前期的教学中需要学生掌握好计算机编程以及药学知识。

二、理论教学内容

1.计算机辅助药物设计导论

掌握内容：计算机辅助药物设计的意义及优势；计算机辅助药物设计的方法分类。

了解内容：药物发现史中的重大事件；药物开发的流程；常用药物设计技术。

2.药物设计的理论基础

掌握内容：有机化学基本结构；生物大分子的结构与功能；药物与靶点的相互作用的学术假说。

了解内容：药物化学的基本任务；各类药物靶点的相关药物；常用药物结构和名称分类；药物靶点的分类；各类靶点的药物作用机理。

3.基于靶点的药物设计

掌握内容：蛋白质结构预测的基本操作步骤；化学信息学；全新药物设计；虚拟筛选和全新药物设计的异同点；分子对接与药物设计的关联。

了解内容：分子对接的理论基础；分子对接方法的分类；化学信息学在药物研发中的应用；蛋白质结构预测的理论基础；常用化学信息学数据库；全新药物设计的意义及其局限性；常用分子对接软件及其原理；常用化学结构的绘制软件；全新药物设计的常用软件；常用同源模建的软件。

4.基于配体的药物设计

掌握内容：定量构效关系的概念；药效团模型的概念；药效团的构建方法；Hansch-藤田公式；Free-Wilson模型；定量构效关系和药效团的区别。

了解内容：基于配体的药物设计的原理及方法；常用小分子数据库；定量构效关系的分类；常用药效团构建软件；定量构效关系的产生和发展。

5.药物的结构优化

掌握内容：药物优化的方法。

了解内容：先导化合物概念；药物优化的意义。

6.分子动力学模拟

掌握内容：分子动力学模拟的理论基础；分子动力学模拟的主要步骤；分子动力学模拟中的常用算法。

了解内容：分子动力学模拟的意义；常用的分子动力学软件及其基本原理。

三、实验教学内容

1. 药物化学基础

基本内容：ChemOffice、AutoDock、AutoDock Vina以及Discovery Studio Visualizer的使用。

基本要求：蛋白质结构预测的基本操作步骤。

2. 药物的结构优化

基本内容：化学信息学；虚拟筛选；常用化学结构的绘制软件；常用同源模建的网络资源。

基本要求：熟悉使用相关软件，并对结果进行分析。

3. 分子对接

基本内容：分子对接与药物设计的关联；常用分子对接软件及其原理；常用化学结构的绘制软件；常用同源模建的网络资源。

基本要求：熟悉使用相关软件，并对结果进行分析。

四、参考资料

《计算机辅助药物分子设计》.徐筱杰等编.化学工业出版社.2004年

《分子模拟与计算机辅助药物设计》.魏冬青编著.上海交通大学出版社

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	计算机辅助药物设计导论	2	2	0
2	药物化学基础	6	2	4
3	药物作用的分子生物学基础	2	2	0
4	蛋白结构预测	4	4	0
5	化学信息学	8	4	4
6	药效团	2	2	0
7	全新药物设计	2	2	0
8	药物的优化	2	2	0
9	定量构效关系 (QSAR)	2	2	0
10	分子对接	8	4	4
11	多靶点药物设计	2	2	0
12	分子动力学	2	2	0
	合计	42	30	12

生物数据可视化技术

一、课程简介

生物数据可视化技术课程主要运用计算机语言将生物医学数据以及分析结果进行图形学和图像处理技术，将数据换为图形或图像在屏幕上显示出来，并进行交互处理的理论、方法和技术。它涉及到计算机图形学、图像处理、计算机辅助设计、计算机视觉及人机交互技术等多个领域。

通过本课程的学习，使学生能够生物信息学方法所分析获得的生物结论通过图形的方式展现出来，更好的理解生物学机制。

二、理论教学内容

1.R语言绘图界面和图形参数简介

掌握内容：R语言绘图界面分为三部分以及每一部分所控制的区域；掌握基本图形参数，包括符号和线条，颜色，图形尺寸与边界尺寸等。

了解内容：文本属性。

2.散点图、线图、条形图、饼图、热图

掌握内容：熟练掌握`plot()`，`points()`，`lines()`等基本绘图函数及每个函数中对应的参数：`curve()`，`segments()`，`polygon()`等绘图函数。

了解内容：`qqnorm`创建QQ图。

3.坐标、文本

掌握内容：掌握`axis()`，`text()`，`mtext()`，`title()`，`legend()`函数等文本操作函数及相应的参数。

了解内容：图形的存储和导出。

4.网络绘制

掌握内容：通过导入`igraph`包，挖掘和绘制网络信息。

了解内容：如何使用`igraph`来实现简单的图表算法。

5.复合图形

掌握内容：`par()`函数的灵活运用以及相应的参数；将之前的简单图形进行组合，生成新的复合图形。

了解内容：调控界面比例参数。

三、实验教学内容

1.R语言绘图界面分为三部分以及每一部分所控制的区域

基本内容：R语言绘图界面分为三部分以及每一部分所控制的区域，基本图形参数，包括符号和线条，颜色，图形尺寸与边界尺寸。

基本要求：够熟练R界面的区域，熟练符号和线条，颜色，图形尺寸与边界尺寸。

2.散点图、线图、条形图、饼图、热图

基本内容：`plot()`，`points()`，`lines()`，`curve()`，`segments()`，`polygon()`等基本绘图函数及每个函数中对应的参数。

基本要求：熟练掌握`plot()`，`points()`，`lines()`，`curve()`，`segments()`，`polygon()`参数设置。

3.坐标、文本

基本内容：`axis()`，`text()`，`mtext()`，`title()`，`legend()`文本操作函数及相应的参数。

基本要求：熟练掌握`axis()`，`text()`，`mtext()`，`title()`，`legend()`参数设置。

4.网络绘制

基本内容: igraph包网络绘制。

基本要求: 能够熟练运用igraph包画出生物数据网络。

5.复合图形

基本内容: par () 函数及其参数设置。

基本要求: 能够灵活运用par () 的参数。

四、参考资料

1.参考书

《R数据可视化手册》.[美]Winston Chang.人民邮电出版社.2014

2.网络资源

ggplot2软件包官方网站 (<http://ggplot2.org/>)

R语言软件资源库 (<http://www.bioconductor.org>)

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	R 语言绘图界面和图形参数简介	6	2	4
2	散点图、线图、条形图、饼图、热图、散点图、线图	14	2	12
3	坐标、文本	6	2	4
4	网络绘制	10	2	8
5	复合图形	6	2	4
合计		42	10	32

生物医学网络平台开发

一、课程简介

生物医学网络平台开发是生物信息学专业的一门重要的专业课程。本课程将生物学问题和软件开发思想并重，介绍几款常用的生物学网络平台，分析其算法思想及工作原理，并应用面向对象语言，针对生物信息学特有的数据和问题，设计并开发网络平台解决实际问题。

通过本课程的学习，将软件开发的思维应用到生物信息学网站平台开发中，提高解决实际问题的基本能力。

二、理论教学内容

1.html及JSP

掌握内容：html基本元素；jsp页面基本元素。

了解内容：css（层叠样式表）。

2.网络平台设计模式

掌握内容：网络平台设计模式：JSP；JSP+Servlet；JSP+Servlet+Service；用三种模式分别开发一个计算器程序。

了解内容：几种模式优缺点比较。

3.基于数据库操作的网络平台的设计

掌握内容：利用JSP+Servlet+Service设计模式开发一个数据库查询网站，要求用户界面友好，方便用户使用。

了解内容：网站平台war包的生成及部署。

三、实验教学内容

1.html及JSP

基本内容：Html基本元素、jsp页面基本元素。

基本要求：掌握html语言的基本元素，掌握jsp基本元素，区分二者有何不同，能用这两种语言画网页。

2.网络平台设计模式

基本内容：几种常用的网络平台设计模式。

基本要求：通过一个实例比较几种设计模式的优缺点。

3.数据库查询网络平台的开发和测试

基本内容：基于Mysql数据库，开发一个解决实际生物信息学问题的网络平台，提供良好的用户界面，增加软件使用的广泛性。

基本要求：开发一个基于mysql的数据库查询网站，良好用户界面的设计，以及war包的生成和部署。

四、参考资料

《Head First Servlets and JSP》.巴萨姆（Bryan Basham）.中国电力出版社.2010

《JSP应用与开发技术》.马建红.李占波.清华大学出版社.2014

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	html 及 JSP	16	8	8
2	网络平台设计模式	16	8	8
3	基于数据库操作的网络平台的设计	22	10	12
合计		54	26	28

生物信息案例分析

一、课程简介

生物信息案例分析是融合生物信息学、统计学、计算机科学等实验课程为一体的实验课程，是生物信息学教学的重要组成部分。其目标是培养具有一定科研能力、富于创新精神、适应未来科技竞争的新型生物信息专业人才。

通过上机实验使学生熟悉网上的生物信息学资源及分析工具，具备处理新一代测序数据的能力，初步掌握基因组、转录组、表观组、调控组等组学分析方法，并学会整合多种组学数据进行复杂疾病的分析，了解非编码RNA与复杂疾病的研究方法，了解常用的通路分析方法以及子通路挖掘算法，了解生物医药数据分析方法。

二、理论教学内容

1.生物信息学总论

掌握内容：生物信息学科主要研究内容；生物信息学相关的研究方向及相应的理论发展；常用的生物信息学数据库；生物信息学科相关的前沿实验技术进展；生物信息学与复杂疾病；ncRNA与复杂疾病；生物医药数据库平台开发研究进展；整合多组学数据剖析复杂疾病。

了解内容：生物信息学的特点及发展历程；生物信息学各研究领域相关的成功案例。

三、实验教学内容

1.RNA-seq、ChIP-seq数据分析

基本内容：我们将借助R语言和Bioconductor、Bowtie、Cufflinks、Samtools、FastQC和MACS等各种开源软件来深入研究一个实验方案的RNA-seq及ChIP-seq数据分析。我们将讲解如何从原始数据入手，执行标准的处理和标准化步骤，从而让学生达到能够单独研究相关生物问题的水准。在案例研究中，我们将运用图表来概述数据的形式和实验的结果。

基本要求：掌握Bowtie等软件在Linux系统下的安装及使用、了解Fastq、BED、BAM等测序数据及结果数据的结构、具备设计基本的RNA-seq、ChIP-seq数据分析流程的能力。

2.识别泛癌群体中显著的拷贝数改变

基本内容：熟悉GISTIC算法运用原理，应用GISTIC识别泛癌中显著的拷贝数改变，刻画癌症间的共性与特异性，画出拷贝数改变在癌群体中的分布。

基本要求：能够熟练运用GISTIC算法算法，解释GISTIC算法结果，能够独立分析泛癌拷贝数改变的意义，能够可视化拷贝数改变在癌群体中的分布。

3.基于癌症表观遗传数据识别癌症相关的调控元件

基本内容：学习使用ENCODE和ROADMAP数据库和MACS2、ChromHMM、GREAT等软件包，熟练运用癌症相关的组蛋白修饰ChIP-seq和DNA甲基化HumanMethylation450 BeadChip芯片数据，并采用Bedtools、Samtools、MACS2、ChAMP等软件包进行数据处理分析，提取癌症风险DNA甲基化区域和组蛋白修饰区域，利用GREAT软件提取癌症风险调控区间影响的生物学功能，并基于Epigenome Browser（即UCSC Genome Browser）、WashU Epigenome Browser、Ensembl或IGV可视化表观数据。

基本要求：了解组蛋白修饰ChIP-seq和DNA甲基化HumanMethylation450 BeadChip芯片数据检测原理，掌握组蛋白修饰和DNA甲基化数据的预处理和数据信号定量方法，并利用峰识别软件识别差异的组蛋白修饰位点与差异的DNA甲基化区域，并利用可视化软件对特定的基因组区域可视化表观信号强度，最后能够根据研究问题自主设计实验。

4.整合多组学数据全面剖析非编码RNA相关的癌症驱动事件

基本内容：收集TCGA、COSMIC和ICGC中12种常见癌症的多组学数据（基因组、转录组、表观组、互作组和调控组），构建非编码RNA遗传改变（包括突变和拷贝数改变）所介导的功

能失调网络，以非编码RNA所参与基因表达调控网络为基础，识别非编码RNA的下游功能效应因子。借助网络信息学手段，识别癌症驱动的非编码RNA遗传改变事件。

基本要求：熟悉常见的癌症多组学数据库，学会整合多组学数据进行癌症驱动事件分析，了解遗传改变识别方法，了解下游功能效应因子识别方法。

5.转录调控机制案例分析及应用

基本内容：分析转录调控机制与人类疾病的关联关系。Chip-seq新一代测序技术在生物信息学中的应用。

基本要求：掌握UCSC基因组浏览器的使用方法，用于将输入的bed格式文件转换为hg19的基因序列输出；理解MEME motif扫描算法。

6.ncRNA-ceRNA互作模式的研究进展

基本内容：计算识别ncRNA-ncRNA协同调控；计算识别ceRNA-ceRNA互作；剖析ncRNA-ceRNA互作网络的拓扑特征。

基本要求：编程实现基于共享靶基因情况识别ncRNA-ncRNA协同调控；总结ceRNA互作的常用特涨，并编程实现计算识别ceRNA-ceRNA互作；会剖析复杂疾病的网络结构及度、聚类系数等拓扑指标。

7.单细胞转录组分析流程

基本内容：针对单细胞RNA-seq数据，利用fastqc、fastx-toolkit、star、RSEM等软件进行质量控制、read修剪、read比对、基因表达定量，利用聚类算法进行细胞类型的识别，并筛选各个细胞类别特异的signature基因集合。

基本要求：熟悉单细胞转录组数据的分析流程，了解单细胞RNA-seq数据的特点，学会使用相应软件对数据进行预处理，了解细胞类型识别的方法，了解类别特异signature的识别方法。

8.基因功能注释与通路分析

基本内容：基于通路内部结构与通路间交互作用识别疾病风险通路（PAGI）的方法；利用基于边的差异关联分析（ESAE）识别疾病风险通路；基于失调的microRNA识别其调控的通路的方法（MirSEA）；利用疾病相关的LncRNA集合识别失调通路的方法（LncRNAs2Pathways）。

基本要求：利用生物信息学方法和工具，对基因组所有基因的生物功能进行高通量注释。掌握超几何分布，费舍尔精确检验等统计学模型；学会应用DAVID功能注释平台的使用；灵活运用基因集合富集分析（GSEA）软件及R包；掌握信号通路影响分析（SPIA）方法及应用。

9.复杂疾病风险子通路识别分析

基本内容：风险子通路识别的意义、方法案例和分析策略，非编码RNA介导的复杂疾病风险子通路识别分析方法。

基本要求：掌握通路拓扑重构及风险子通路识别分析的策略，了解非编码介导的复杂疾病风险子通路识别分析方法。

10.生存数据及生存分析

基本内容：生存数据的类型；Cox风险模型基本原理介绍；生存分析原理及P值的计算；R语言做KM生存分析曲线；Cox风险模型与log-rank方法用于生存分析的结果比较。

基本要求：熟悉生存数据的特点与处理流程；利用R语言进行生存分析与绘制生存分析曲线；利用R语言进行Cox单因素与多因素分析。

11.肿瘤耐药相关lncRNA多态分析

基本内容：提取NCI60、CMAP数据库中不同肿瘤细胞株、不同小分子药物、不同浓度、不同时间点处理的表达谱数据，利用芯片探针的重注释软件识别位于lncRNA区域内的探针，利用SAM和limma等软件对提取到的lncRNA探针进行预处理、标准化和差异表达分析。利用DAVID等工具对识别的药物敏感性相关lncRNA进行功能注释和富集分析。利用dbSNP、1000 Genomes Project获得的lncRNA上的突变信息。

基本要求：掌握NCI60、CMAP数据库中相关数据的查询和下载、掌握lncRNA差异表达分析软件的使用、掌握DAVID等功能注释和富集分析工具的使用、掌握dbSNP、1000 Genomes Project等数据库的查询和使用。

12.利用生物信息学预测抗癌药物敏感性及分析药物敏感性机制

基本内容：熟悉cellminer数据库内容，药物敏感性计算原理。提取某一种或几种药物的敏感性基因或非编码RNA。

基本要求：掌握cellminer数据库的内容，掌握下载方法。熟练掌握利用该数据库提取药物的敏感性基因，并进行通路富集分析。

13.基于转录组数据的药物重定位

基本内容：学习使用drugbank、Cmap及PROMISCUOUS数据库，熟练运用疾病相关的RNAseq数据、芯片数据及药物靶点、副作用等数据，并采用Tophat、cufflinks、Deseq2、SAM等软件包进行原始数据处理分析，提取疾病风险差异基因，利用网络算法构建药物转录组功能网络，并利用PROMISCUOUS数据库及cytoscape等软件进行可视化处理。

基本要求：了解药物转录组学的基本概念，掌握药物转录组信息学研究的基本方法，包括药物转录组数据分析的常用高通量手段、数据预处理步骤及分析流程；结合药物学知识及药物转录组的变化，进行药物靶点优化以及药物重定位，同时识别药物响应的生物标记物，最后能够根据研究问题自主设计实验。

14.复杂疾病相关ceRNA大数据平台搭建与使用

基于复杂疾病中ceRNA多水平表达谱，利用JAVA编程语言、MySQL数据库工具、Tomcat服务器等网络平台开发工具，构建复杂疾病相关的ceRNA功能注释数据库。基于癌症患者预后因子的识别算法建立生物信息学分析平台。同时，利用JAVA等程序设计语言，开发多平台可移植的复杂疾病ceRNA识别分析软件包，提供复杂疾病风险ceRNA在线识别和功能分析服务。

基本要求：掌握Tomcat、MySQL等软件在Linux系统、windows下的安装及使用、了解JAVA语言后台调用数据库方法和原理、具备建立基本的生物学数据平台的能力。

四、参考资料

《生物信息学》第2版.李霞主编.人民卫生出版社.2015年6月

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	生物信息学总论	4	4	0
2	RNA-seq、ChIP-seq 数据分析	10	0	10
3	识别泛癌群体中显著的拷贝数改变	10	0	10
4	基于癌症表观遗传数据识别癌症相关的调控元件	10	0	10
5	整合多组学数据全面剖析非编码 RNA 相关的癌症驱动事件	10	0	10
6	转录调控机制案例分析及应用	10	0	10
7	ncRNA-ceRNA 互动模式的研究进展	10	0	10
8	单细胞转录组分析流程	10	0	10
9	基因功能注释与通路分析	10	0	10
10	复杂疾病风险子通路识别分析	10	0	10
11	生存数据及生存分析	10	0	10
12	肿瘤耐药相关 lncRNA 多态分析	10	0	10
13	利用生物信息学预测抗癌药物敏感性及分析药物敏感性机制	10	0	10
14	基于转录组数据的药物重定位	10	0	10
15	复杂疾病相关 ceRNA 大数据平台搭建与使用	10	0	10
合计		144	4	140

生物信息学前沿进展

一、课程简介

生物信息学是一门新兴学科，起步于 20 世纪 90 年代，至今已进入“后基因组时代”。随着生物学和医学的迅速发展，特别是人类基因组计划的顺利推进，产生了海量的生物学数据，特别是生物分子数据的积累速度在不断地快速增加。这些数据具有丰富的内涵，其中隐藏着丰富的生物学知识。充分利用这些数据，通过数据分析、处理，揭示这些数据的内涵，得到对人类有用的信息，这将是生物学家和数学家所面临的一个严峻的挑战。生物信息学是为迎接这种挑战而发展起来的一个交叉学科。鉴于现代生物信息学与生物大数据的快速发展及与临床、科研应用的密切关系，为便于学生了解专业最新前沿进展，本课程精选部分生物信息学热点研究课题，由多位资深教师、专家以专题形式进行讲解。

本课程通过概览生物信息学前沿进展、识别表观遗传标记物、肿瘤生物信息学、ncRNA-ceRNA 互作模式的研究进展、非编码 RNA 多态与复杂疾病的关联研究、复杂疾病中生物分子网络扰动及其调控机制研究方法等专题，使学生掌握生物信息学的前沿研究领域的基本理论知识，并掌握生物信息学在复杂疾病领域的应用及解决的问题，同时培养学生应用所学知识观察、分析、综合和独立解决问题的能力，为学生在未来工作中打下坚实的理论基础。

二、理论教学内容

1.生物信息学前沿进展概览

掌握内容：生物信息学相关的前沿技术进展；生物信息学相关的前沿理论进展；生物信息学相关的前沿研究方向及相应的理论发展。

了解内容：生物信息学的特点及发展历程；生物信息学相关的成功案例。

2.肿瘤生物信息学：识别临床可转化的定性的分子标志物

掌握内容：风险阈值依赖的基因表达分子标志在临床应用中的缺陷；基因表达秩次关系依赖的分子标志的识别方法。

了解内容：定性的分子标志在临床应用中的优势。

3.表观遗传标记物的识别以及表观遗传调控网络的构建与分析

掌握内容：CpG岛的特点，DNA甲基化对转录的调控，高通量数据挖掘DNA甲基化标记；组蛋白修饰的基因组定位，组蛋白修饰的调控基因表达，组蛋白修饰标记物的识别。利用构建DNA甲基化网络的策略识别疾病标记，DNA甲基化网络对基因表达的调控作用；表观遗传网络对基因表达调控的特点，组蛋白修饰与DNA甲基化对基因表达的联合调控。

了解内容：CpG岛及DNA甲基化的生物学意义；DNA甲基化在基因组的分布；组蛋白密码；组蛋白修饰与DNA甲基化的相互作用。疾病基因组中DNA甲基化的特征；癌症DNA甲基化网络的拓扑特征；表观遗传网络的拓扑特征。

4.ncRNA-ceRNA互作模式的研究进展

掌握内容：ceRNA的概念；ncRNA-ceRNA互作的类型及机理；识别ncRNA-ceRNA互作的常用特征标准；预测ncRNA-ceRNA互作的计算方法进展。

了解内容：ncRNA-ceRNA互作的生物学意义；ncRNA-ceRNA互作与复杂疾病的研究进展。

5.非编码RNA多态与复杂疾病的关联研究

掌握内容：常用复杂疾病相关miRNA和lncRNA遗传多态的生物信息学识别方法，常用的miRNA和lncRNA多态相关的数据库，基于多组学数据的复杂疾病相关miRNA、lncRNA多态的识别与功能分析案例。

了解内容：非编码RNA遗传多态的研究历史、主要种类、序列和功能特征，非编码RNA遗传多态导致人类复杂疾病发生发展的主要机制。

6. 复杂疾病中生物分子网络扰动及其调控机制研究方法

掌握内容：生物分子网络扰动识别方法；遗传变异破坏性得分衡量方法；遗传变异介导的生物分子调控网络（蛋白互作网络、转录调控网络、转录后调控网络）扰动；复杂疾病中选择性剪切调控网络分析及其调控因子识别方法；基因融合介导的生物分子调控网络改变。

了解内容：生物分子网络的节点扰动和边扰动的意义；选择性剪切衡量准则以及分类；RNA结合蛋白调控意义；蛋白质互作网络类型以及结构域互作网络；分子互作网络识别分子技术；生物分子网络扰动在临床上的应用。

7. 系统遗传学中研究方法前沿进展

掌握内容：单位点关联分析方法，连锁不平衡的衡量测度；系统遗传学中几种常用的风险识别方法。

了解内容：SNP、单体型的基本概念；系统遗传学的研究进展。

三、参考资料

1. 参考书

《表观遗传学原理、技术与实践》第1版.薛京伦主编.上海科学技术出版社.2006年12月出版
《生物信息学》第2版.李霞主编.人民卫生出版社.2015年6月出版

2. 网络资源

计算表观遗传学-计算表观遗传学微信公众号

(https://mp.weixin.qq.com/mp/profile_ext?action=home&__biz=MzIyOTg5OTI2Nw==#wechat_redirect)

Gene expression–Based Prognostic Signatures in Lung Cancer: Ready for Clinical Use? Jyothi Subramanian, Richard Simon. J Natl Cancer Inst.2010; 102: 464–474

Critical limitations of prognostic signatures based on risk scores summarized from gene expression levels: a case study for resected stage I non-small-cell lung cancer. Zheng Guo et.al, .Briefings in Bioinformatics.2015; 1–10

四、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	生物信息学前沿进展概览	3	3	0
2	肿瘤生物信息学	3	3	0
3	表观遗传标记物的识别以及表观遗传调控网络的构建与分析	6	6	0
4	ncRNA-ceRNA 互作模式的研究进展	3	3	0
5	非编码 RNA 多态与复杂疾病的关联研究	3	3	0
6	复杂疾病中生物分子网络扰动及其调控机制研究方法	3	3	0
7	系统遗传学中研究方法前沿进展	3	3	0
合计		24	24	0

科研论文写作与标书设计

一、课程简介

课题标书设计主要学习的是自然科学研究中科研课题的确立以及基金标书的撰写方面最为基本的常识和方法。科研课题的确立以及基金标书的撰写的方法不仅涉及本科生毕业设计，而且也是其将来的科学研究中必须掌握的基本能力。

本课程是以科学研究自然过程为主线，分析探讨其诸多环节及相关要素的特点与规律，使学生对科研选题、科研设计、标书撰写等科研基本程序和基本问题有一个初步的认识，培养学生选择科研课题、确定研究方案、设计研究流程、撰写基金标书的能力，以及利用科学的思维研究科学问题的方法的能力，指导学生的毕业设计及为今后从事科研工作奠定基础。

二、理论教学内容

1. 科研课题的选择

掌握内容：选择科研课题的原则、科研课题的来源、科研课题选题的程序、科研课题选题的技巧、科研假说的建立、研究方案的确立、课题可行性分析、课题题目的优化等。

了解内容：科研课题的基本概念、科研课题过程中常见问题、科学文献的选择性阅读。

2. 科研设计

掌握内容：科研设计的原则、科研设计的基本步骤、科研设计的内容和要求、科研设计三要素、科研设计方案的基本内容、科研设计的重要性、科研设计的专业设计和统计学设计、课题可行性分析、课题题目的优化等。

了解内容：科研设计的基本概念、科研设计过程中常见问题、科学文献与科研设计。

3. 基金标书的撰写

掌握内容：科研基金申请前的准备、科研基金申请书的写作思路、申请的必要考虑、立题依据和国内外动态、研究目标、研究内容、拟解决的关键问题、研究方案、可行性分析、项目特色和创新之处、预期研究结果、年度研究计划、研究基础与工作条件等的规范写法。

了解内容：了解基金的标书指南的重要性、基金标书的规范格式、递交基金标书的流程等。

三、实验教学内容

1. 课题选择

基本内容：选择你感兴趣的科学问题，收集资料，阅读文献，建立科学假设，确定课题题目，并撰写摘要以及立项依据。

基本要求：课题选择合理、题目简洁明了、摘要精炼、立项依据充分、语言通顺。

2. 课题设计

基本内容：提炼研究目标、列举研究内容、提出拟解决的关键问题。

基本要求：研究目标适中、研究内容合理、关键科学问题准确。

3. 标书的撰写及修改

基本内容：规划拟采取的研究方案及可行性分析、提炼本项目的特色与创新之处、设计年度研究计划及预期研究结果、汇总并填写正式国家自然科学基金标书。

基本要求：研究方案可行、创新之处有新意、研究计划合理、预期结果恰当、基金标书格式正确、语言通顺。

四、参考资料

1. 参考书

自编教材

《医学科研课题设计、申报与实施》第二版.李卓娅主编.人民卫生出版社.2015年5月出版

2. 网络资源

国家自然科学基金委员会

(<http://www.nsf.gov.cn/nsfc/cen/xmzn/2018xmzn/index.html>)

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	科研课题的选择	8	4	4
2	科研设计	12	4	8
3	基金标书的撰写	12	8	4
合计		32	16	16

选修课教学大纲

Office 应用

一、课程简介

《Office应用》是大学计算机基础教学中的后续课程之一，是一门技术性和应用性都很强的课程，通过本课程的学习，可以使学生掌握Word、Excel、PowerPoint等常用办公软件的高级应用技术，并能在实际工作中综合应用，提高办公效率和学生的计算机应用能力。通过本课程的学习，学生能熟练掌握office办公软件的高级应用技术，具备较强的文字处理、表格处理、图形编辑等能力，能得心应手地应用办公软件处理复杂的办公业务，适应未来社会各方面管理工作的需要。

针对Office2010，深入讲解其高级应用知识和操作技能，主要包括：以“毕业论文排版”为应用实例介绍Word高级应用；以“学生成绩管理”为应用实例介绍Excel高级应用；以“毕业论文答辩”为应用实例介绍PowerPoint高级应用。

二、理论教学内容

1.计算机基础知识

掌握内容：计算机应用数据在计算机中的表示，计算机系统的组成，多媒体技术和网络技术等基础知识。

了解内容：计算机的发展、特点、分类，病毒的特点和防治。

2.Word2010高端应用

掌握内容：主文档的创建与格式编辑，长文档编辑与管理（CASE毕业论文排版），文档中表格、图形、图像等对象的编辑和处理（CASE制作宣传海报、电子报、制作邀请函）。

了解内容：利用邮件合并功能批量制作和处理文档。

3.Excel高端应用

掌握内容：工作簿和工作表的基本操作（CASE：初步处理实验数据），公式和函数的使用，数据的排序、筛选、分类汇总、合并计算（CASE：管理学生成绩），图表的创建、编辑与修改。

了解内容：模拟运算和方案管理器，数据透视表和数据透视图的使用。

4.PowerPoint高端应用

掌握内容：PowerPoint的基本操作，幻灯片中文本、图形、SmartArt、图表、音视频等对象的编辑和应用（CASE：制作毕业答辩演示文稿），幻灯片中对象动画的设置，幻灯片切换效果（CASE：企业产品宣传）。

了解内容：幻灯片主题的设置、背景的设置、母版的制作和使用。

三、实验教学内容

1.应用Word2010毕业论文排版

基本内容：主文档的创建与格式编辑，长文档编辑与管理，文档中表格、图形、图像等对象的编辑和处理，目录的生成，封面的编辑。

基本要求：熟练应用Word2010进行长文档排版（毕业论文）。

2.应用Excel初步处理实验数据

基本内容：工作簿和工作表的基本操作，公式和函数的使用，数据的排序、筛选、分类汇总、合并计算，图表的创建、编辑与修改。

基本要求：熟练应用Excel2010进行数据处理（数据的排序、筛选、分类汇总、计算），绘

制图表。

3.应用PowerPoint制作毕业论文答辩演示文稿

基本内容：PowerPoint的基本操作，幻灯片中文本、图形、SmartArt、图表、音视频等对象的编辑和应用，幻灯片中对象动画的设置，幻灯片切换效果。

基本要求：熟练应用PowerPoint2010进行演示文稿（毕业论文答辩）的创建、编辑和演示。

四、参考资料

《Office高级应用》.夏启寿主编.清华大学出版.2015年出版

《Office2010高级应用案例教程》.陈遵德主编.高等教育出版社.2014年

《全国计算机等级考试二级教程—MS Office高级应用》.于双元主编.高等教育出版社.2014年

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	计算机基础知识	2	2	0
2	Word2010 高端应用	10	6	4
3	Excel 高端应用	8	4	4
4	PowerPoint 高端应用	8	4	4
合计		28	16	12

大学生创新创业导论

一、课程简介

开展创新创业教育，提升学生的创新精神、创业意识和创新创业能力。作为选修课程，是现有医学专业课程体系的补充。培养具有创新精神、创业意识和创新创业能力的高级专门人才。该课程旨在提升学生的创新思维和创新能力，以及医学专业开拓意识和能力，是现有医学教育的必要补充。该课程在基础医学阶段的第二学年开设，与学生的医学基础的学习和创新能力成长的阶段一致。现阶段以创新教育为主，逐步加强专业创新教育，将创业教育融入创新教育。

通过本门课的学习，提升学生的创新能力和专业开拓意识和能力，为学生将来在未来工作中不断开拓创新，推动医学专业领域的发展打下思维和能力的基 础，改善学生目前创新能力不足和不善于解决书本以外具体问题的状况，使学生能更好地适应未来的医疗卫生工作，能更好地服务于人民日益增长的健康需求。

二、理论教学内容

1.创新精神和创新思维

掌握内容：创新的概念体系、创新的分类、创新思维。

了解内容：创新与创业的区别、医学专业的创新、创新精神。

2.创新方法

掌握内容：创新方法的种类、头脑风暴法、思维导图法。

了解内容：创新能力、创客、如何发现和解决问题。

3.创新实践

掌握内容：医学专业的创新模式。

了解内容：医学前沿领域的最新进展、目前需要解决的医学问题。

4.转化与创业

掌握内容：专利的概念、申请专利的流程、科研成果的转化。

了解内容：创业意识、商业模式、创业风险、创业计划书。

三、参考资料

《大学生创新创业导论》.宋要武主编.高等教育出版社.2017 年第二版

四、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实习学时
1	创新精神和创新思维	4	4	0
2	创新方法	4	4	0
3	创新实践	4	4	0
4	转化与创业	4	4	0
合计		16	16	0

数学建模

一、课程简介

数学建模是生物信息学专业本科阶段一门考查课。它是一门集数学方法、数学模型及计算机知识结合起来,用于解决实际生活中存在问题的一门边缘交叉学科,具有综合性、实用性和技能性的特点。

通过本门课程的学习,旨在培养学生运用所学的数学知识、计算机知识解决实际问题的能力。一方面为学生参加数学建模竞赛奠定基础,一方面实现学以致用,培养了学生分析问题、实际动手解决问题的能力。本课程主要包括数学建模概述、离散模型、简单优化模型、时间序列模型、马尔科夫模型、等模型的基本建模方法及求解方法。

二、理论教学内容

1.数学建模概述及层次分析模型

掌握内容:数学建模基本方法和步骤,层次分析法的基本步骤。

了解内容:数学建模的意义、发展概况及应用。层次分析法的改进。

2.层次分析模型案例分析

掌握内容:以食堂卫生综合评价为例,研究如何构建层次分析法中的各级准则层。

了解内容:权重矩阵的简化。

3.常用优化算法模型

掌握内容:优化算法的流程结构与代码构建。

了解内容:优化算法的应用范围与实例。

4.时间序列模型及其案例分析

掌握内容:时间序列的分类;时间序列建模的基本步骤;加权系数的选择和确定。

了解内容:移动平均法、加权移动平均法、指数平滑法的应用。

5.马尔科夫模型及其案例分析

掌握内容:马尔可夫链的定义;转移概率矩阵及柯尔莫哥洛夫定理;马尔可夫链建模的基本步骤。

了解内容:随机过程的概念;马尔科夫模型的应用。

6.数学建模标准分析方法

掌握内容:掌握数学建模题目间的关系以及联系,以及如何据此开展分析。

了解内容:标准分析方法图示,关联。

7.数学建模标准分析方法—问题间关系解析

掌握内容:掌握数学建模题目间的关系以及联系,以及如何据此开展分析。

了解内容:标准分析方法图示,关联。

8.数学建模标准分析方法—如何分析问题

掌握内容:如何根据题目内容绘制图形和建立方程。

了解内容:绘图软件和绘图技巧。

三、实验教学内容

1.层次分析模型

基本内容:层次分析法的基本步骤。

基本要求:能够运用Matlab软件编写程序构建层次分析模型。

2.优化算法实例应用

基本内容:遗传算法的程序实现,并应用到简单实例上。

基本要求:完成遗传算法的程序实现,展现实例运行过程。

3.时间序列模型

基本内容：时间序列模型的Matlab实现。

基本要求：能够判断实际问题是否符合时间模型假设，能够用Matlab软件构建时间序列模型。

4.马尔科夫模型

基本内容：马尔可夫链模型的Matlab实现。

基本要求：能够确定实际问题的状态空间及参数集合，可以确定一步转移概率，能够用Matlab软件构建马尔可夫链模型。

5.数学建模题目间关系分析

基本内容：给出2篇数学建模真题，分析并撰写问题间关系以及要注意的事项。

基本要求：2-3人一组，要求每组成员讨论完成。

6.数学建模问题分析

基本内容：给出2篇数学建模真题，分析并撰写问题分析以及要注意的事项。

基本要求：2-3人一组，要求每组成员讨论完成。

四、参考资料

1.参考书

《数学模型》（第三版）.姜启源著.高等教育出版社.2003年8月出版

2.网络资源

走近数学-数学建模篇-中国大学MOOC

（<http://www.icourse163.org/course/cumcm-1001674011>）

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	数学建模概述及层次分析模型	6	2	4
2	层次分析模型案例分析	2	2	0
3	常用优化算法模型	8	4	4
4	时间序列模型及其案例分析	4	2	2
5	马尔科夫模型及其案例分析	4	2	2
6	数学建模标准分析方法—问题间关系解析	6	2	4
7	数学建模标准分析方法—如何分析问题	6	2	4
合计		36	16	20

Photoshop 应用

一、课程简介

通过本课程的学习及综合实战演练的方式进行案例实训，使学生熟练掌握 Photoshop cs6 的使用方法，掌握应用 Photoshop cs6 进行图像处理的使用技巧。为科研绘图及制作各种课题结果图做准备。训练科研图像修整排版、活动广告设计、各种卡片设计等基本技能，为与平面效果相关的应用提供基础和技术支持。

二、理论教学内容

1. Photoshop CS6 基础知识

掌握内容：像素与分辨率、位图与矢量图、颜色模式、文件格式的概念；软件的基本操作。

了解内容：Photoshop CS6 的界面与工具；变换与自由变换工具；渐变工具与油漆桶工具；图层基础知识与图层面板。

2. 色彩与色调

掌握内容：色彩调整、色调调整。

了解内容：色彩调整；色彩平衡；色相/饱和度；替换颜色；可选颜色；色彩变化。特殊色调控制：色彩反相；色调均化；去色；渐变映射；匹配颜色；阴影高光；照片滤镜。

3. 通道与蒙版

掌握内容：掌握矢量蒙版、剪贴蒙版和图层蒙版的创建和编辑方法；掌握蒙版与通道的相互转换；通道的创建和编辑、蒙板的创建和编辑。

了解内容：了解通道的基本功能与通道控制面板的组成；理解蒙版的产生与使用原理，了解蒙版与图层的关系。

4. 路径的使用和文字编辑

掌握内容：掌握路径控制面板组成；熟练掌握路径的基本工具和使用技巧；掌握文本类型，学习文字工具的使用方法；掌握格式化字符和格式化段落；掌握制作特效文字。

了解内容：了解路径的功能特点，了解点文字、段落文字和路径文字的编辑方法。

三、实验教学内容

基本内容：Photoshop 处理图形图像的综合应用；该环节着重综合各章节知识点的特征，有针对性的融合各环节难易程度提供一些有代表性的综合技法实例。

基本要求：把各章节的知识融会贯通并加深认识，达到熟练操作灵活掌握的教学目的与效果。

四、参考资料

《photoshop CS6 从入门到精通》（实例版）.亿瑞设计编著.清华大学出版社.2015年9月

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	Photoshop CS2 基础知识	1	1	0
2	色彩与色调	3	2	1
3	通道与蒙版	4	3	1
4	路径的使用和文字编辑	4	3	1
5	综合实例技能制作练习	4	3	1
合计		16	12	4

神经生物学

一、课程简介

神经生物学是一门新兴的多学科综合性生命科学。它应用脑科学的基础理论、研究方法，结合神经内、外科的临床实践，研究神经系统分子水平、细胞水平、系统水平以及支配整个机体的整合作用，乃至最复杂的高级功能，如学习、记忆等的神经机制。学习这门学科最终目的是了解人类神经系统的微细结构、机能、行为、情绪和心理活动的物质基础以及功能活动过程中神经元、突触、神经网络等的构型、生物化学、神经生理和基因等的可塑性。从而改善人类神经系统的应激能力，提高对神经系统疾病的防治水平，为增进人类的身心健康服务。

二、理论教学内容

1.神经生物学的发展

掌握内容：神经生物学的概念；神经元学说；脑功能不对称。

了解内容：神经生物学的发展过程。

2.神经胶质细胞

掌握内容：神经胶质细胞的分类；星形胶质细胞功能；成髓鞘细胞功能。

了解内容：胶质细胞的历史；其他胶质细胞的功能。

3.性别与脑

掌握内容：雌性和雄性个体的脑的差异；性别取向。

了解内容：性别的遗传；性别的发育和分化；性别的激素控制。

4.动机与脑

掌握内容：摄食行为的长期调节；下丘脑和摄食。

了解内容：自稳态和动机；能量平衡；摄食行为的短期调节。

5.情绪与脑

掌握内容：与情绪相关的脑区；参与恐惧的相关脑区；愤怒与攻击的神经基础。

了解内容：情绪是什么；有关情绪的学说。

6.语言与脑

掌握内容：Broca失语；Wernicke失语；由裂脑人研究获得的知识。

了解内容：什么是语言；耳聋者的失语症。

7.睡眠

掌握内容：脑的功能状态；睡眠循环的概念；睡眠的神经机制。

了解内容：脑的节律的机制和意义；生理性昼夜节律的概念。

8.脑的构建

掌握内容：神经细胞的发生；活动依赖性的突触重排；细胞连接的发生；细胞和突触的消亡。

了解内容：视觉通路的脑构建；突触的运动；细胞凋亡。

9.学习与记忆-记忆系统

掌握内容：学习的基本类型；记忆的基本类型；海马的记忆功能；工作记忆。

了解内容：遗忘症的种类；不同类型记忆存才的脑区；Hebb理论。

10.学习与记忆-分子机制

掌握内容：习惯化的分子机制；敏感化的分子机制；LTP的分子机制；LTD的分子机制。

了解内容：突触的稳态；记忆的巩固的机制；蛋白合成和记忆巩固。

三、参考资料

《Neuroscience》第四版.Mark F.Bear等主编.Wolters Kluwer.2016年出版

《神经生物学：从神经元到脑》第五版.尼克尔斯主编.科学出版社.2015年6月出版

四、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	神经生物学的发展	2	2	0
2	神经胶质细胞	2	2	0
3	性别与脑	2	2	0
4	动机与脑	2	2	0
5	情绪与脑	2	2	0
6	语音与脑	2	2	0
7	睡眠	2	2	0
8	脑的构建	4	4	0
9	学习与记忆-记忆系统	4	4	0
10	学习与记忆-分子机制	6	6	0
合计		28	28	0

性，性别与健康

一、课程简介

《性，性别与健康》是针对医学本科生（所有专业）开设的一门通识选修课程。性（Sexuality）在人类社会的历史与现实中，是无时不在、无所不在且无所不用的。对每一个人来说，人人有性，一生有性，从生到死，绵延不断。性很重要，因为性与爱紧密联系在一起，性与生育和健康紧密联系在一起，性与民族的存亡和发展紧密联系在一起，性与人类的文化和艺术紧密联系在一起。性是多层面的，涉及生物、心理、社会、文化、道德、法律、伦理等诸多方面。此外，性，是完美人生的一部分，也是一个人完整个性的一部分。但大学生在面对社会上迅速转变的价值观和向传统道德规范挑战，以及受到部分传媒对“性”刻意渲染的影响当中，更加迷惑和不知所措。要纠正对于性的错误理解和澄清含糊的概念，就必须为大学生提供专门的性教育，协助其建立健康的性态度、稳定的性情感和良好的性适应，树立适宜的价值观，拥有尊重、平等、正确选择和决定的能力，进而能够提升自身的性健康水平和促进社会的性文明建设。

现行的医学教育内容一直以来缺乏针对性别议题的深入和全面探讨，这使得对于未来从事临床医学、公共卫生和医学人文等相关领域的研究和实践工作的医学生而言，不能充分接触性别议题，也缺乏相应的思考。即便有所涉及，但都仅限于“生理”性别，而未考虑“社会”性别的意思，更未发现在文化和社会的框架下来对性别与健康的关系进行反思和分析。事实上，生理性别不同会影响疾病与健康，社会文化的性别也会影响疾病与健康。有证据表明，家庭和性暴力、吸烟、精神疾病、慢性疾病、结核、自杀、伤害，以及性与生殖健康相关疾病的发生、治疗和预防，性别是一个不可忽视的重要因素。此外，世界卫生组织（WHO）已经明确指出，在医学领域中的相关治疗、健康政策和健康预算的制定，因性别偏见而缺乏对于“性别”给予不同的设计，使得健康服务不能有效提供和达到预期效果。为此，社会性别主流化（Gender Main-streaming）的理念和策略已被纳入到医疗卫生领域，并成为重要的行动纲领。

本课程将从社会学、人类学、心理学、医学和公共健康等学科的不同视角，研讨人类对性和性别的知识和态度，并探讨如何以多元的角度、去接受和尊重人们的性选择和自决权利，以及透过性别深入审视健康议题，以充实医学生的医学教育内容，提升其性健康品质和性别人文素养。尤为重要的是，该课程着力于培养医学生通过个人的经验，以及理论知识的吸纳来深入分析和反思性与性别的议题；加强对医学和健康领域中性与性别相关议题的认识，并为在今后职业生涯中所涉及到的相关议题的研究和应对奠定基础。通过本课程的讲授，医学生对于性，性别与健康方面的知识和内容，能够知道“是什么？”、“为什么？”；并在自身素养培植和能力发展方面能够获得“成为什么？”以及“如何成为什么？”的技能。

二、理论教学内容

1. “性”的意涵

掌握内容：“性”的定义；“性”的社会主体建构理论；“性”的社会网路；“性”和性别的关系。

了解内容：人类的性进化；性从 sex 到 sexuality 的历史演变；性学的发展史。

2. 社会性别的理论和实务

掌握内容：性别的相关概念；性别角色与性别刻板印象；性别差异与性别平等；社会性别分析；社会性别在健康领域的引入。

了解内容：性别社会化发展的理论；社会性别主流化的定义；如何发现医疗卫生领域中的性别偏见和对健康权的危害？

3. 性与性别认同的多元表达

掌握内容：性倾向与多元性别的定义；歧视的定义；歧视的危害；为什么要避免和消除对少数群体的歧视？

了解内容：性/性别的亚文化；LGBT 人群的特点；酷儿理论；LGBT 人群的健康和权利。

4.亲密关系

掌握内容：亲密关系的相关学说；爱情的三元素理论；性-爱-性-婚三者的关系；亲密关系暴力的识别和防范；性的人权道德与责任。

了解内容：爱情的经营；亲密关系中的性交往；失恋的应对。

5.艾滋病预防及人文关怀

掌握内容：艾滋病病毒的传播途径、检测、流行监测和艾滋病的防治方法；HIV/AIDS 的风险因素分析；艾滋病病人的权益保障；艾滋病的社会学分析。

了解内容：全球视野下的艾滋病流行状况；我国艾滋病流行特点和趋势；艾滋病防治的相关政策和法规。

6.性健康促进

掌握内容：性与生殖健康的权利；社会性别视角下性与生殖健康议题；性健康促进的理念和实务；性健康的实现；性健康权利的保障。

了解内容：从健康到性健康的概念发展过程；性健康促进的意义；性障碍的医学和社会视角分析；性安全的原则；性健康的风险因素。

7.性的人身安全

掌握内容：性的伦理规范和性的法律；性侵害的基本内容；性骚扰问题的判别分析；性的人身安全防护。

了解内容：性权利的构成；世界性健康学会对于性权利的表述；性犯罪的法律惩处。

三、参考资料

1.参考书

《社会性别研究导论》.佟新.北京大学出版社.2005 年

《社会性别研究选译》.杜芳琴.生活.读书.新知三联书店.1998 年

《性社会学》.潘绥铭, 黄盈盈.中国人民大学出版社.2010 年

《性科学与性教育》.许世彤等.高等教育出版社.1996 年

《性爱十年：全国大学生性行为的追踪调查》.潘绥铭.社会科学文献出版社.2004 年

《社会性别研究选译》.王政, 杜芳琴.三联书店.1998 年

《艾滋病问题的双向构建》.张晓虎.知识产权出版社.2013 年

2.网络资源

中国人民大学性社会学研究所官方网站：<http://www.sex-study.org/>

赫希菲尔德性学资料库：<http://www.sexarchive.info/CH/cours.htm>

世界卫生组织官方网站：<http://www.who.int/gender/en/index.html>

世界性健康学会官方网站：<http://www.worldsexology.org/>

四、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	“性”的意涵	4	4	0
2	社会性别的理论和实务	4	4	0
3	性与性别认同的多元表达	4	4	0
4	亲密关系	4	4	0
5	艾滋病预防及人文关怀	4	4	0
6	性健康促进	4	4	0
7	性的人身安全	2	2	0
合计		26	26	

网站开发技术

一、课程简介

《网站开发技术》是构建Internet信息资源站、拓展Internet范围信息共享及实现Internet分布式应用的一门课程。任务是全面阐述网站开发技术、要素、网站开发建设过程、技术、工具与方法。通过该课程学习，学生应能掌握网站相关基本概念、网站工作原理、网站规划目标、规划内容及工作，辨析各种技术特点，并能合理运用相关技术、工具与方法开发、构建Web站点，能进一步拓展知识范围、适应新技术发展。

二、理论教学内容

1.网站开发基本概念

掌握内容：网站开发技术基本概念；网站规划设计，包括：网站设计流程，功能需求分析设计，网站概要设计，网站详细设计，网站测试设计。

了解内容：硬件平台规划，包括服务器选型，服务器组件，服务器常用技术等；软件平台规划，包括Web服务器操作系统选型，HTTP（Web）服务器选型，应用服务器选型，Web数据库服务器选型，动态网页设计语言选型。

2.Web设计

掌握内容：Web设计基础，Web媒体设计，Web图形图像设计，Web声音设计，Web视频动画设计。

了解内容：导航设计与布局设计的规则及要求。

3.HTML基础与层叠样式表CSS

掌握内容：HTML标记与属性，HTML页面结构设计，Metadata与Cookie；样式表与层叠样式表的概念，样式的定义与使用。

了解内容：XML语法与文档结构，XML架构与解析。

4.JavaScript基础与Ajax设计方法

掌握内容：HTML中内嵌JavaScript，JavaScript函数，JavaScript应用；Ajax工作原理。

了解内容：Ajax请求与响应处理服务器响应启动Ajax过程。

5.Apache+MySQL+PHP动态网站的搭建及PHP编程

掌握内容：常用网站开发设计工具及使用，网站发布方法；Apache+MySQL+PHP开发环境的安装与配置，相关软件工具，PHP编程基础，PHP网页制作。

了解内容：Apache+MySQL+PHP开发环境介绍。

6.PHP访问数据库

掌握内容：PHP与MySQL数据库的连接与关闭，PHP对MySQL的操作。

了解内容：PHP通过ODBC访问数据库。

三、实验教学内容

1.Dreamweaver入门

基本内容：Dreamweaver的基本使用，开发工具进行网页设计。

基本要求：掌握Dreamweaver的使用方法，包括新建、编辑和设置一个Web站点。

2.PHP编程基础

基本内容：Apache+MySQL+PHP开发环境的安装与配置及基本操作，PHP编程基础，相关软件工具使用。

基本要求：掌握Apache+MySQL+PHP开发环境的安装与配置，PHP网页制作。

3.数据库访问技术

基本内容：介绍MySQL数据库的访问技术。

基本要求：熟练使用MySQL数据库。

4.动态网站开发实例及站点测试与发布

基本内容：PHP与MySQL数据库的连接与关闭，PHP对MySQL的操作。

基本要求：设计一个实例网站，进行测试和调试站点。

四、参考资料

《网站开发技术》.卜文斌，侯洪涛，尹启天主编.清华大学出版社.2011年出版

《PHP网站开发技术》.朱珍，张琳霞主编.电子工业出版社.2014年出版

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	网站开发基本概念	2	2	0
2	Web 设计	2	2	4
3	HTML 基础与层叠样式表 CSS	2	2	0
4	JavaScript 基础与 Ajax 设计方法	2	2	0
5	Apache+MySQL+PHP 动态网站平台的搭建及 PHP 编程	2	2	12
6	PHP 访问数据库	2	2	0
合计		28	12	16

分子影像分析技术

一、课程简介

分子影像学是运用影像学手段显示组织水平、细胞和亚细胞水平的特定分子，反映活体状态下分子水平变化，对其生物学行为在影像方面进行定性和定量研究的科学。因此，分子影像学是将分子生物学技术和现代医学影像学相结合的产物，而经典的影像诊断（X线、CT、MR、超声等）主要显示的是一些分子改变的终效应，具有解剖学改变的疾病；而分子影像学通过发展新的工具、探针及方法，探查疾病过程中细胞和分子水平的异常，在尚无解剖改变的疾病前检出异常，为探索疾病的发生、发展和转归，评价药物的疗效中，起到连接分子生物学与临床医学之间的桥梁作用。

本课程通过对分子影像学工具、试剂及方法的讲解，使学生掌握分子影像学的基础理论、基本知识，着重介绍了分子影像学技术的最新进展和应用情况，并详细介绍了分子成像在肿瘤、中枢神经系统和心血管系统疾病诊断中的应用情况，重点阐述了分子成像在监测基因治疗、活体细胞示踪以及新药研发等方面的最新研究进展，并就分子影像学向临床转化所面临的问题进行了剖析。同时培养学生应用所学知识观察、分析、综合和独立解决问题的能力，为学生在未来临床工作中诊断、治疗疾病打下坚实的理论基础。

二、理论教学内容

1.分子影像学概述

掌握内容：分子影像学的概念和范畴。

了解内容：分子影像学的产生和发展；分子成像的条件；分子成像常见类型；数字化医学影像。

2.分子生物学与分子探针

掌握内容：分子探针的原理和选择；利用分子探针检测DNA损伤；分子探针在细胞凋亡检测中的研究进展；基于化学小分子探针的信号转导过程研究；分子成像靶点的种类和选择、靶点的筛选技术。

了解内容：分子探针穿透生物屏障的常见机制；纳米分子影像学；脑受体分子显像与经学探针；分子影像药物动力学定域模型。

3.磁共振分子成像

掌握内容：磁共振检查基因传递与基因表达成像；MR报告基因成像；常用的MR分子成像探针；小动物磁共振分子成像研究；靶向磁性纳米粒子用于肿瘤的磁共振分子成像。

了解内容：多维核磁共振在分子结构研究中的应用。磁共振成像概念；磁共振分子成像的步骤和基本原理；微磁共振成像；功能磁共振成像。

4.超声分子成像

掌握内容：超声分子成像的概念和基本原理；超声微泡造影的基因和药物靶向释放，在新药研究中验证新型药物的靶标性及药效。

了解内容：超声分子成像的应用概况；超声分子成像的前景原理超声波与微泡和组织的相互作用；靶向超声分子成像评价血管新生的研究。

5.CT分子成像

掌握内容：CT的成像原理；PET/CT分子的成像原理；CT药物定量分析模型及应用。

了解内容：CT在分子影像中的应用；小动物活体成。

6.分子影像分析技术

掌握内容：图像的特征识别、区域分割的原理和程序；多个图像融合的原理和程序；图像的三维重建、表面绘制、体绘/制的方法和程序命令。

了解内容：影像学图像的基础处理和图像增强的原理及程序。

7.分子影像的应用

掌握内容：肿瘤多药耐药性的分子显像；MR特异性分子成像探针和肿瘤基因显像；分子和基因影像在肿瘤诊断和治疗中的应用；分子影像在新药研究中的应用；分子成影像基因治疗；分子影像技术在阿尔茨海默病中的应用。

了解内容：转基因动物成像；细胞示踪技术的应用；HPET FDG显像诊断肿瘤的临床价值；放射性核素受体显像研究和应用；分子影像在心血管系统中的应用；活体细胞内蛋白质-蛋白质相互作用的实时成像。

三、实验教学内容

1.分子影像探针的设计和研究

基本内容：利用分子有效对接软件（Molegro Virtual Docker, MVD）软件，模拟阿尔茨海默病分子影像探针老年斑的结合，并对探针进行打分排序。

基本要求：掌握MVD软件的基础使用方法；找到分子影像探针与老年斑的结合位点；利用Grid打分排序。

2.分子影像分析技术（一）

基本内容：掌握分子影像学图像的基础处理和图像增强的原理，图像的特征识别、区域分割的原理。

基本要求：使用matlab软件通过程序编辑，进行分子影像学图像的基础处理、图像增强、特征识别和区域分割。

3.分子影像分析技术（二）

基本内容：多个图像融合的原理和程序；图像的三维重建、表面绘制、体绘/制的方法和程序命令。

基本要求：掌握使用matlab软件完成多个图像融合以及图像的三维重建进行表面绘制、体绘制过程。

四、参考资料

《分子影像学（第2版）》.申宝忠主编.人民卫生出版社.2010年出版

《分子影像学导论》.唐孝威主编.浙江大学出版.2005年出版

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	分子影像学概述	2	2	0
2	分子生物学与分子探针	6	2	4
3	磁共振分子成像	3	2	0
4	超声分子成像	3	2	0
5	CT 分子成像	2	2	0
6	分子影像分析技术	12	4	8
7	分子影像的应用	2	2	0
合计		28	16	12

云平台与云计算

一、课程简介

大数据时代对于计算的要求越来越高，云计算技术为大数据计算提供了新的解决方案。云计算通过分布式操作系统、虚拟化、并行计算、弹性计算、效用计算等关键技术，为大数据提供了基础物理平台，技术涵盖了从数据的海量存储、处理到应用多方面的技术。本课程主要介绍云平台和云计算的现状及其发展，探讨云计算的主要技术及发展趋势。

通过本课程的学习，使学生对云计算的由来、概念、原理和实现技术有个基本的认识，了解支持云计算的云平台以及其技术原理和应用方法；另外，通过基于 Apache Hadoop 等开源工具的相关实验，让学生亲身体验分布式文件系统、分布式计算和分布式数据库的应用及实现，从而加深对所学的理论知识的理解。

二、理论教学内容

1.云平台与云计算概述

掌握内容：云计算的定义与实现机制，云平台的服务类型及安全性。

了解内容：云计算的发展历史及优缺点，云平台服务的优势及挑战。

2.Google 云计算原理及应用

掌握内容：Google 云计算的技术体系，分布式文件系统 GFS、分布式计算编程模型 MapReduce、分布式锁服务 Chubby 和分布式结构化数据存储系统 Bigtable。

了解内容：Google 云计算的背景及应用场景，Google 的应用程序开发平台 Google App Engine。

3.开源云计算系统

掌握内容：Hadoop 开源项目的 HDFS、MapReduce 和 HBase。

了解内容：了解主要的开源云计算系统。

4.云计算仿真器 CloudSim

掌握内容：CloudSim 的作用和使用方法。

了解内容：CloudSim 的体系结构和技术实现。

三、实验教学内容

1.Hadoop 安装与使用

基本内容：安装 Hadoop 并进行简单练习。

基本要求：了解 Hadoop 的安装与使用。

2.HDFS 和 MapReduce 编程

基本内容：进行 HDFS 和 MapReduce 编程练习。

基本要求：了解 HDFS 和 MapReduce 编程。

3.HBase 安装使用

基本内容：安装 Hbase 并进行练习。

基本要求：了解 HBase 安装使用。

4.CloudSim 编程

基本内容：使用 CloudSim 进行编程练习。

基本要求：了解 CloudSim 编程。

四、参考资料

《云计算》第三版.刘鹏.电子工业出版社.2015

《云计算架构技术与实践》第 2 版.顾炯炯.清华大学出版社.2016

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	云平台与云计算概述	2	2	0
2	Google 云计算原理及应用	4	2	2
3	开源云计算系统	6	2	4
4	云计算仿真器 CloudSim	4	2	2
合计		16	8	8

APP 制作技术

一、课程简介

APP, 是 Application 的简写, 意为应用程序。App 主要有三种形式, 分别是 Web App (网页 App), Native App (原生 App) 和 Hybrid App (混合 App)。其中, Native App 是现在的主流应用, 大型的 App 如淘宝、微信等都是走的 Hybrid App 路线。在现今, 各种手机 App 接踵而至, 为企业降低成本, 为用户提供最佳体验, 学会 App 制作将有重要意义。

本课程结合实际案例分析, 引导学生自主学习 APP 交互设计的基本理论和制作操作方法。实验教学验证课堂教学的理论, 力求让学生理解和掌握 App 制作中最基本、最广泛应用的概念、原理、理论和算法以及基本技术和方法, 让学生掌握制作 Android App 的使用技术方法和手段。

二、理论教学内容

1.App概念相关理论知识

掌握内容: App概念及主要形式。

了解内容: 各种形式App的特点和开发所需要的技术。

2.App开发方式

掌握内容: Android App和iOS App开发可用途径。

了解内容: 熟悉Android环境和机制。

3.构建App

掌握内容: 利用Eclipse构建自己的Android App及App下载等内容。

4.丰富App功能

掌握内容: 利用Illustrator/Photoshop等画图软件来美化用户界面。

了解内容: 大型App所具功能。

5.熟悉App发布流程

了解内容: 了解App发布需要的其他知识, 比如webservice相关知识和相应的开发语言, UI设计、框架、性能优化、调试适配等。

三、实验教学内容

1.使用网上软件开发App

基本内容: 使用网上软件来设计自己的一款App。

基本要求: 能够设计一款有基本内容的App。

2.使用Android Studio开发Android App

基本内容: Android Studio的下载与安装, 以及开发Android App过程。

基本要求: 学会利用Android Studio开发Android App。

3.使用Eclipse开发Android App

基本内容: Eclipse的下载与安装, 以及开发Android App和下载App的过程。

基本要求: 学会利用Eclipse设计一款App。

4.美化App

基本内容: 学习Illustrator/Photoshop等美化工具。

基本要求: 学会美化自己的App。

四、参考资料

1.参考书

《第一行代码 Android》(第二版).郭霖主编.人民邮电出版社.2016年12月出版

《Android APP开发入门》(第一版).施威铭主编.机械工业出版社.2016年07月出版

2.网络资源

从零开始开发一款Android App - (<http://www.jianshu.com/p/a58d15ef5c8b>)

Android APP开发入门教程- (<http://www.jb51.net/article/50395.htm>)

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	App 概念相关理论知识	2	2	0
2	App 开发方式	6	2	4
3	构建 App	6	2	4
4	丰富 App 功能	8	4	4
5	熟悉 App 发布流程	6	2	4
合计		28	12	16

微生物组信息学

一、课程简介

微生物群落在地球生物圈和人类健康中起到非常重要作用，了解并掌握这些微生物组的功能和特点，将极大地帮助人类改善目前生活环境增进人类健康。微生物组信息学是结合计算机、数学、模式识别等多种技术和方法来研究微生物基因组序列、宏基因组、大分子结构及其相互作用的一门学科。

通过本课程的学习，使学生了解、熟悉微生物组信息学这门新学科的基本知识，掌握微生物组信息分析的基本原理和方法，了解国内外微生物组信息学的进展及主要研究内容，掌握进行用生物信息方法研究微生物组学的基本知识、技术和方法。

二、理论教学内容

1.微生物组信息资源

掌握内容：通过国际互联网获取微生物DNA、RNA和蛋白质序列信息的方法和技巧。MENA, LSA等微生物网络构建，antiSMASH微生物次生代谢物基因簇查询和预测，Genevestigator基因表达数据库的登陆网址和数据库内容。

了解内容：微生物组数据库发展趋势及其对生物医学的影响。

2.宏基因组

掌握内容：人类宏基因组分离与检测（肠道宏基因组、口腔宏基因组），生物多样性分析，LEfSe差异分析，功能基因筛选及测序分析。

了解内容：宏基因组检测实验设计流程，宏基因组的应用。

3.微生物基因注释与功能分类

掌握内容：微生物基因及其产物的注释体系和注释数据库；基因集功能富集分析方法和常用工具；OntoExpress软件的使用；KEGG数据库使用。功能富集分析中的常见注意事项和误区；AmiGO数据库。

了解内容：微生物基因及其产物的功能预测方法基因组功能注释在功能基因组学中的意义；GO和KEGG数据库产生与发展历程。

4.miRNA介导的病毒与人类互作

掌握内容：认识病毒miRNA及其特点和作用机制，病毒miRNA的靶基因预测算法和原理，病毒miRNA的表达与疾病的关系，病毒miRNA调控生物学网络。病毒miRNA和靶基因数据库，病毒miRNA参与疾病过程的研究，病毒miRNA调控分子网络。

了解内容：病毒miRNA靶基因预测算法的原理，病毒miRNA和靶基因数据库。

5.病原体与宿主互作

掌握内容：微生物病原体与宿主互作方式，病原体与宿主蛋白互作网络，病原体与宿主miRNA调控网络，病原体与宿主互作对人类疾病的影响。

了解内容：病原体与宿主互作实验检测方法。

6.微生物进化的功能基因组学

掌握内容：直向进化同源基因的鉴定，基因组中的分子钟，水平基因转移的基因组，基因重复、基因缺失和其他进化过程的基因组学，最小基因组。

了解内容：基因组学有关线粒体进化的观点，基于生活方式进化的基因组学观点。

三、实验教学内容

1.微生物物种多样性分析

基本内容：演示物种多样性分析软件STAMP和LEfSe的安装，讲解两个软件的基本使用方法包括：输入数据，文件导入，数据比较与作图，作图类型及导出。

基本要求：掌握物种多样性分析软件STAMP和LEfSe基本使用方法，能够应用这两款软件进行简单的数据分析。了解两个软件开发背景。

2.病原体与宿主互作数据库

基本内容：介绍病原体与宿主互作的数据库PHIDIAS、PHI、HPIDB数据浏览、查询和下载。

基本要求：掌握病原体与宿主互作的数据库PHIDIAS、PHI、HPIDB的基本使用。了解三个数据库构建的基本框架。

3.微生物组分析流程介绍

基本内容：微生物组分析流程软件QIIME2简介与安装，数据导入，人类微生物组分析实战，粪便菌群移植分析实战FMT，实验设计编写，数据筛选。

基本要求：掌握使用微生物组分析流程软件QIIME2基本使用方法，能够应用软件进行简单的数据分析。了解微生物实验设计基本思路及检测后的数据筛选。

四、参考资料

《生物信息学》第一版.李霞主编.人民卫生出版社.2010年8月出版

《微生物功能基因组学》第一版.周集中主编.化学工业出版社.2007年4月出版

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	微生物组信息资源	2	2	0
2	宏基因组	6	2	4
3	微生物基因注释与功能分类	2	2	0
4	miRNA 介导的病毒与人类互作	4	4	0
5	病原体与宿主互作	8	4	4
6	微生物进化的功能基因组学	6	2	4
合计		28	16	12

Illustrator 作图

一、课程简介

Adobe Illustrator 是一种应用于出版、多媒体和在线图像的工业标准矢量插画的软件，作为一款非常好的矢量图形处理工具。该软件主要应用于印刷出版、海报书籍排版、专业插画、多媒体图像处理和互联网页面的制作等，也可以为线稿提供较高的精度和控制，适合生产任何小型设计到大型的复杂项目。Adobe Illustrator 作为全球最著名的矢量图形软件，以其强大的功能和体贴用户的界面，已经占据了全球矢量编辑 软件中的大部分份额。据不完全统计全球有 37%的设计师在使用 Adobe Illustrator 进行艺术设计。

《Illustrator 作图》课程是生物信息学专业的一门选修课程。通过本课程的学习，使学员掌握各种工具绘制路径和编辑方法，能够熟练使用路径类工具绘制出各种形状，为以后科研作图及生物医学网络平台搭建、美化等工作打下一个良好的基础。

二、理论教学内容

1. Illustrator 基础及形状类工具的使用方法

掌握内容：矢量图的定义；形状工具等的使用。

了解内容：Illustrator 软件特点。

2. 编辑图形形状、图形变换及颜色控制

掌握内容：图形的旋转、镜像、再制。

了解内容：图形的路径计算。

三、实验教学内容

1. Illustrator 的安装与使用，Illustrator 基础操作

基本内容：Illustrator 软件的下载；Illustrator 软件的安装；绘制简单的多边形。

基本要求：初步熟悉 Illustrator 开发环境，掌握 Illustrator 基础工具使用，掌握如何导出矢量图。

2. Illustrator 基本操作：颜色设置、前景色与背景色，路径选择器的使用

基本内容：掌握渐变色的设置方法；能用渐变色来表现对象丰富的颜色变化；使用路径选择器生成不规则图形。

基本要求：会编使用 Illustrator 中简单的工具，初步掌握路径选择器的使用。

3. Illustrator 中的图层

基本内容：图层的优点；剪切蒙版的应用；不透明度蒙版的应用。

基本要求：通过本节的学习，使学员掌握图层在设计作品时的重要作用，熟练掌握图层剪切蒙版的应用的方法。

四、参考资料

1. 参考书

《Illustrator CC 从入门到精通》（第二版）.九州书源著.清华大学出版社.2016年10月版

2. 网络资源

Illustrator 中国官网 (<http://www.adobe.com/cn/products/cs6/illustrator.html>)

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	Illustrator 基础及形状类工具的使用方法	8	6	2
2	编辑图形形状、图形变换及颜色控制	8	6	2
合计		16	12	4

Cytoscape 软件应用

一、课程简介

Cytoscape是一款图形化显示网络并进行分析和编辑的软件，它支持多种网络描述格式，也可以用以Tab制表符分隔的文本文档或Microsoft Excel文件作为输入，或者利用软件本身的编辑器模块直接构建网络。Cytoscape还能够为网络添加丰富的注释信息，并且可以利用自身以及第三方开发的大量功能插件，针对网络问题进行深入分析。

本课程设置的目的是让学生通过本课程的学习掌握专业的网络分析工具。在整个课程体系里，本课程可以有助于学生毕设期间科研论文的撰写以及专业课学习过程中对生物网络的直观理解。

通过本课程的学习，学生需系统掌握使用Cytoscape进行网络处理，特别是获取外部数据，网络相关数据的筛选和编辑等。本课程以理论和实验课穿插安排，训练学生的动手实践能力。

二、理论教学内容

1.初识Cytoscape

掌握内容：Java安装，Cytoscape安装，启动程序，菜单（file,edit,layout,plugins,help），网络管理，网络窗口排列。

了解内容：Cytoscape安装电脑的系统要求，网络概览窗。

2.创建网络

掌握内容：导入确定格式的网络文件（从本地计算机上导入网络，从远程计算机上导入网络（URL导入），导入格式灵活的表格文件，支持的文件类型，基本操作，导入不带边的节点列表，修改属性名称和类型，从Web服务导入网络，编辑新网络。

了解内容：网络操作的高级选项。

3.所支持的网络文件格式以及节点和边的属性

掌握内容：SIF格式，GML格式，系统生物学标记语言（Systems Biology Markup Language），BioPAX（Biological Pathways eXchange）格式，纯文本格式和Excel格式，Cytoscape中节点的命名，节点和边的属性。

了解内容：XGMML格式，PSI-MI格式。

4.加载基因表达（属性矩阵）数据及网络编辑

掌握内容：数据文件格式，基本过程，实例，什么是视觉风格，节点和边的查找与过滤，网络编辑。

了解内容：文件格式的详细说明，VizMapper用户界面，Visual Styles，浏览和布局。

三、实验教学内容

1.初识Cytoscape

基本内容：安装Java，Cytoscape安装，文件的打开\导入使用控制面板和创建并保存工作区。sif文件的打开\导入有两种方式，Layout菜单的功，Cytoscape从网上直接导入相互作用网络。

基本要求：能独立安装Cytoscape，并掌握数据的导入和基本菜单的使用。

2.创建网络

基本内容：导入确定格式的网络文件（从本地计算机上导入网络，从远程计算机上导入网络（URL导入），导入格式灵活的表格文件，支持的文件类型，基本操作，导入不带边的节点列表，修改属性名称和类型，从Web服务导入网络，编辑新网络。

基本要求：能够有效获得外部数据，并对数据进行处理。

3.所支持的网络文件格式以及节点和边的属性

基本内容：SIF格式，GML格式，系统生物学标记语言（Systems Biology Markup Language），

BioPAX (Biological PATHways eXchange) 格式, 纯文本格式和Excel格式, Cytoscape中节点的命名, 节点和边的属性。

基本要求: 掌握软件支持的所有网络文件格式, 并能进行导入和属性编辑。

4. 加载基因表达 (属性矩阵) 数据及网络编辑

基本内容: 导入表达信息, 根据表达量高低给节点上不同的颜色。用filter和Delete Selected Nodes and Edges。然后用yFiles Organic layout查看剩下的连线。选择强烈诱导或抑制的节点及其直接相邻节点, 复制到新的相互作用图里便于查看。然后观察转录因子对不同蛋白的表达量的作用。

基本要求: 掌握表达信息的导入以及处理, 能够完成网络的查找和过滤。

四、参考资料

Cytoscape用户手册 中文版, 2010年03月 (<http://code.google.com/p/cytoscape-cn/>)

五、学时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	初识 Cytoscape	4	2	2
2	创建网络	4	2	2
3	所支持的网络文件格式以及节点和边的属性	4	2	2
4	加载基因表达 (属性矩阵) 数据及网络编辑	4	2	2
合计		16	8	8

日语

一、课程简介

本课程属于日语基础课，是为我校所有在校生开设的第二外语选修课程。为期一个学期，每学期计划授课14周，每周4课时。所用教材为人民教育出版社出版的《标准日本语》。

本课程教学的目标是使学生掌握日语的基础知识和基本技能，培养学生具有较强的听、说能力，一定的阅读和翻译的能力，使他们能以日语为工具，生活中与人流畅交流。

本课程教学应帮助学生掌握良好的语言学习方法，打下扎实的语言基础，提高文化素养，培养学生语言运用能力，交流信息能力，以适应社会发展和个人素质提升的需要。

二、教学基本目标

1.通过日语二外选修课程，训练其基本技能，培养学生运用语言知识的综合能力。

语音：不经准备，朗读与所学课文近似的语言材料，能按语段连读，比较流利，语音语调基本正确。

2.词汇：领会式掌握约1500个单词，其中复用式掌握约1000个，以及这些单词构成的惯用用法。

3.语法：掌握各种词类的用法，尤其是日语中固有的形容动词、连体词、他动词、自动词以及形容词在日语中特有的用法；掌握日语动词的变化规则以及所构成的不同种类、形式的句式；掌握日语中的简体句、郑重体句；掌握50个左右的惯用句式。

4.听的能力：能听懂浅近的课堂用语，能听懂题材熟悉、句子结构比较简单、基本上没有生词、语速为每分钟30-40词的简短语言材料，能正确理解中心大意，抓住要点和有关细节，了解讲话者的观点和态度，准确率70%为合格。

5.说的能力：能用最简单的句型问答；学会简单的课堂用语，能就课文内容进行简短的问答；能就熟悉的题材和情景进行简短的会话，做到正确表达思想，语音、语调自然，无重大语法错误，语言基本得体；稍加准备，能复述所读的内容。

6.阅读能力：掌握基本阅读技能，能顺利阅读并正确理解语言难度初等的一般题材的文章，掌握中心大意，了解说明中心大意的事实和细节，能根据所读材料进行分析、推理和判断，了解作者的观点和态度。

7.写的能力：能写出简单的句子；能用指定的单词连成简单句和结构简单的复合句。

8.译的能力：

日译汉：能与课文难度相仿的日语文章译成汉语，理解正确，译文达意。

汉译日：能将一般汉语句子译成日语，译文基本通顺达意，无重大语言错误。

三、参考书

《中日交流——标准日本语》初级上、下册.人民教育出版社（中国）和光村图书出版株式会社（日本）合作编写.人民教育出版社出版.1988年7月第一版

《电视旅游日语》.李翠霞，孙岩编著.旅游教育出版社出版.1997年5月

四、课时分配

序号	教学内容	参考学时		
		总学时	理论学时	实验学时
1	日语五十音图中的平假名表和片假名表中的前 7 行假名, 共计 70 个	4	4	0
2	日语五十音图中的平假名表和片假名表中的后 3 行假名, 共计 30 个; 长音	4	4	0
3	拗音以及拗长音; 促音; 日语的七种语调	4	4	0
4	李さんは中国人です	4	4	0
5	これは本です ここはデパートです	4	4	0
6	部屋にいと机があります	4	4	0
7	森さんは七時におきます	4	4	0
8	吉田さんは来月中国へ行きます 李さんは毎日コーヒーを飲みます	4	4	0
9	李さんは日本語で手紙を書きます 四川料理はからいです	4	4	0
10	京都の紅葉は有名です 小野さんは歌が好きです	4	4	0
11	李さんは森さんより若いです 机の上に本が三冊あります	4	4	0
12	デパートへ行って買い物しました	4	4	0
13	小野さんは今新聞を読んでいます	4	4	0
14	総復習	4	4	0
合计		56	56	0

毕业实习大纲

一、毕业实习目的及要求

(一) 毕业实习目的

毕业专题实践是学生大学的最后学习阶段，在这一阶段，学生在导师的指导下，综合运用所学基础与专业理论知识进行科学研究，培养创新意识、团结协作精神和严谨的科学作风，提高解决实际问题的能力。因此，毕业专题实践是理论与实践相结合，教学与科研生产相结合的过程，是对学生进行综合素质教育的重要途径，是实现本科学位培养目标的重要阶段。

通过毕业专题实践，培养生物信息学专业学生理论联系实际，综合运用数学、计算机、生物医学学科知识进行创新实践的能力；发现、分析和解决生物医院领域未解决难题的能力；获取、分析和利用网络公共信息的能力；基本的科学研究思维和方法、严谨的科学作风；撰写科学论文的基本思路和技能；沟通、协调和组织工作能力；职业道德、职业能力和团结协作精神；创新意识和创新能力；研究性学习的能力。

(二) 毕业实习要求

第九至十学期安排毕业实习及毕业设计 36 周，其中第九学期 22 周，第十学期 14 周。要求毕业生经过一年的科研训练，毕业前独立完成学士论文，内容具有创新性、实用性，并且能够通过科研诚信论文查重系统检测。

毕业实习经历导师双向选择，每名同学确定一名固定指导教师，完成论文开题、中期考核、论文盲审、论文查重并通过毕业答辩。

二、毕业实习内容

鉴于生物信息学专业横跨多领域、多学科交叉的特点，有必要根据不同应用领域的需求和特点，设立多元化的培养目标，并根据不同的目标调整、完善相应的毕业实习内容。

(一) 分子生物学基础部分

1. 基因组学基础

掌握内容：真核生物染色体、原核生物染色体特征；人类基因组，其他生物基因组。

了解内容：DNA的化学组成、功能特性；RNA的结构、修饰与功能；蛋白质的结构与功能；中心法则；DNA的构型与功能；基因组的序列组成；基因的组成。

2. 基因组测序与序列组装

掌握内容：链终止法和化学降解法的概念和技术原理；第二代测序技术的原理、特点和关键技术指标；基因组测序的基本策略；读序的概念；序列组装中的重要术语。

了解内容：第一代DNA测序技术的特点、操作流程和相关概念；第二代测序技术的发展状况；第三代测序技术的关键技术流程和相关概念。

3. 基因组序列注释

掌握内容：基因的注释流程；计算机预测基因功能的一般思路；基因功能检测的常用技术；基于进化的基因功能注释方法。

了解内容：基因搜寻相关的关键概念；基因的命名和分类原则；同源基因的概念和查找思路；基因注释软件；基因确认的实验方法。

4. 基因的转录调控与转录组

掌握内容：非编码RNA的种类和概念；长非编码RNA的概念及生物学意义。

了解内容：mRNA的概念和特征；mRNA前体剪接加工的研究进展；mRNA的定位与降解；mRNA的修饰过程；基因组非编码RNA的发现与功能。

5. 蛋白质组学分子基础

掌握内容：翻译的整体调控；翻译的专一性调控；蛋白质的剪切加工；蛋白质折叠；蛋白质降解标记—泛素化；蛋白酶体；蛋白质降解的生物学意义。

了解内容：蛋白质合成中核糖体的作用；蛋白质翻译后化学修饰。

6.基因组表观遗传学基础

掌握内容：位置效应与表观遗传；副突变；单等位基因表达；表观遗传通路的概念和意义（诱导、起始、维持）；表观遗传密码。

了解内容：表观遗传学的概念与研究范畴；基因组印记的概念；核小体修饰与基因表达；染色质重建的两个模型；表观遗传现象和研究进展。

7.基因组进化的分子基础

掌握内容：同源重组；位点专一性重组；双链断裂重组模型；DNA转座；逆转录转座。

了解内容：突变的机制与效应；DNA修复机制；超突变与程序性突变；染色体重排；DNA单链的非对称性进化。

（二）模式识别算法部分

1.贝叶斯决策理论

掌握内容：最小错误率贝叶斯决策，基于最小风险的贝叶斯决策，朴素贝叶斯分类器；正态分布时的统计决策；关于分类时的统计决策；判别函数和决策面。

了解内容：正态分布概率密度的定义和性质；决策规则的不同形式；决策的错误率；最小风险决策的一般性；多元正态概率模型下的最小错误率贝叶斯决策；贝叶斯决策应用。

2.线性分类器算法

掌握内容：Fisher线性判别；感知准则函数；最小错分样本数准则；多类问题。

了解内容：最小平方误差准则函数；随机最小错误率线性判别准则函数。

3.非线性分类器算法

掌握内容：分段线性判别函数、多层感知器神经网络、支持向量机。

4.决策树分类算法

掌握内容：决策树归纳；决策树的工作原理；决策树归纳算法；评估分类器的性能；比较分类器的方法；不平衡类问题；决策树生物学应用。

了解内容：模型的过分拟合；组合方法；随机森林；随机森林生物学应用。

5.聚类分析及应用

掌握内容：数据、簇和聚类算法的特性；基于原型的聚类；基于密度的聚类；基于图的聚类、聚类应用。

了解内容：可伸缩的聚类算法。

6.关联分析及应用

掌握内容：频繁项集的产生；规则产生；频繁项集的紧凑表示；处理分类属性连续属性；序列模式；子图模式；挖掘多物种通路频繁模式；文本挖掘。

了解内容：产生频繁项集的其他方法；FP增长算法；关联模式的评估；倾斜支持度分布的影响；非频繁模式。

（三）基因组学研究基础部分

1.新一代测序技术和工作流程

掌握内容：生物信息学概念及其主要特征，新一代测序分析原理流程。

了解内容：生物信息学的应用及其在复杂疾病研究中的应用；新一代测序数据的预处理，新一代测序仪的基本技术原理。

2.核酸序列比对

掌握内容：描述序列相似性的指标、序列相似性及比对原理；核酸序列分析的基本步骤和方法、基因两两比对算法，局部比对搜索的策略；序列相似性及比对原理。Clustal Omega程序使用

方法、多序列比对动态规划算法原理、星型比对及树形比对的基本原理。

了解内容：基于BWT方法的短序列比对算法及应用的软件。其他可以进行短序列比对的生物信息学工具。

3.DNA和RNA测序的应用

掌握内容：非编码RNA测序及其应用、RNA-seq技术与micro-array技术的比较。

了解内容：DNA重测序与个体变异发现、细菌基因组测序与致病性位点发现、宏基因组测序与感染性疾病分析、外显子组测序。

4.ChIP-Seq技术及其应用

掌握内容：位置频率矩阵及位置权重矩阵的计算方法及应用。

了解内容：ChIP-seq技术的实验原理、转录因子结合位点的预测及分析方法。

5.新一代测序在表观遗传研究中的技术及应用

掌握内容：DNA甲基化的定量计算及分析方法。

了解内容：MeDIP-seq、MethyCap、RRBS、Infinium甲基化检测技术的特点及应用。

6.知识扩展：新一代测序技术相关研究方法纵览、RNA二级结构的研究方法及应用

掌握内容：RNA二级结构概念、SRA数据库的使用方法 & 数据下载预处理流程。

了解内容：单分子测序技术、Hi-C测序、Clip-seq测序等在实际研究中的应用。

7.基因注释与功能分类

掌握内容：基因及其产物的注释体系和注释数据库GO和KEGG；基因集功能富集分析方法和常用工具；功能富集分析中的常见注意事项和误区；本体论的概念。

了解内容：基因及其产物的功能预测方法 基因组功能注释在功能基因组学中的意义；GO功能注释证据的类型；KEGG其他数据库；GO和KEGG数据库产生与发展历程；功能数据的拓展使用。

（四）科研论文写作与课题标书设计部分

1.课题选择

基本内容：选择你感兴趣的科学问题，收集资料，阅读文献，建立科学假设，确定课题题目，并撰写摘要以及立项依据。

基本要求：课题选择合理、题目简洁明了、摘要精炼、立项依据充分、语言通顺。

2.课题设计

基本内容：提炼研究目标、列举研究内容、提出拟解决的关键问题。

基本要求：研究目标适中、研究内容合理、关键科学问题准确。

3.标书的撰写及修改

基本内容：规划拟采取的研究方案及可行性分析、提炼本项目的特色与创新之处、设计年度研究计划及预期研究结果、汇总并填写正式国家自然科学基金标书。

基本要求：研究方案可行、创新之处有新意、研究计划合理、预期结果恰当、基金标书格式正确、语言通顺。

三、毕业实习时间安排

毕业实习共36周，其中第九学期22周，第十学期14周。

课程中英文名称对照表

一、必修课

序号	中文	英文
1	外语	English
2	体育	Physical Education
3	形势与政策	Situation and Policy
4	数学分析	Mathematical Analysis
5	高等代数	Advanced Algebra
6	C 语言程序设计	C Programming
7	医学化学	Medical Chemistry
8	思想道德修养与法律基础	Ideological and Moral Cultivation and Legal Basics
9	大学生职业发展与就业指导	Students Career Development and Employment Guidance
10	概率论与数理统计	Probability and Mathematical Statistics
11	分子系统生物学	Molecular System Biology
12	JAVA 语言程序设计	Introduction to Java Programming
13	大学生心理健康教育	College Students' Mental Health Education
14	马克思主义基本原理	Introduction of Basic Principle of Marxism
15	分子组学基础	The Basis of Molecular Omics
16	生物统计学	Biostatistics
17	运筹学	Operations Research
18	疾病组学基础	Disease Omics Basis
19	Matlab 语言程序设计	Matlab Language Programming
20	数理逻辑	Mathematical Logic
21	中国近现代史纲要	Outline of Chinese Modern History
22	信息论基础与随机过程	Information Theory and Stochastic Process
23	优化算法	Methods of Optimization
24	数据结构	Data Structures
25	R 语言程序设计	R Language Programming
26	生物技术实验	Biotechnology Experiment
27	临床医学概论	Introduction to Clinical Medicine

28	毛泽东思想和中国特色社会主义理论体系概论	Introduction of Mao Zedong Thought and the Theoretical System of Socialism with Chinese Characteristics
29	基因组信息学	Genome Informatics
30	Perl 语言程序设计	Perl Language Programming
31	数据库原理与程序设计	Database Principles and Programming
32	模式识别	Pattern Recognition
33	高等多元统计	Higher Multivariate Statistics
34	生物医学网络资源	Biomedical Network Resources
35	习近平总书记系列重要讲话专题辅导	Subject on Thoughts of Serious Talks by General Secretary Xi Jinping
36	面向对象与 UML	Object Oriented and UML
37	Python 语言程序设计	Programming of Python Language
38	组合数学与图论	Combinatorics and Graph Theory
39	蛋白质组信息学	Proteome Informatics
40	专业英语	Specialized English for Bioinformatics
41	药物与受体动力学	Pharmacokinetics
42	Linux 操作系统	Linux Operating System
43	文本挖掘技术	Technology for Text Mining
44	计算表观遗传学	Computational Epigenetics
45	基因表达分析	Analysis of Gene Expression
46	分子网络分析	Biomolecular Network Analysis
47	结构信息学	Structural Information
48	药物信息学	Pharmacoinformatics
49	统计遗传学	Statistical Genetics
50	生物医学大数据技术	Big Data in Biomedicine
51	生理系统建模	Physiological System Modeling
52	发育与癌症信息学	Development and Cancer Bioinformatics
53	分子进化分析	Computational Molecular Evolution
54	计算机辅助药物设计	Computer Aided Drug Design
55	生物数据可视化技术	Visualization Technology of Biological Data
56	生物医学网络平台开发	Development of Web Platform for Biomedicine
57	生物信息案例分析	Biological Information Case Analysis
58	生物信息学前沿进展	Advances in Bioinformatics
59	科研论文写作与标书设计	Design of Research Project and Fund Tender

二、选修课

序号	中文	英文
1	Office 应用	Application of Office Software
2	大学生创新创业导论	Introduction to Innovation and Entrepreneurship of College Students
3	数学建模	Mathematical Modeling
4	Photoshop 应用	Photoshop Application
5	神经生物学	Neurobiology
6	性、性别与健康	Sexuality, Gender and Health
7	网站开发技术	Web Site Design and Development
8	分子影像分析技术	Molecular Imaging Analysis Technique
9	云平台与云计算	Cloud Platforms and Cloud Computing
10	APP 制作技术	APP Technology
11	微生物组信息学	Microbial Community Informatics
12	Illustrator 作图	Graphic Design Using Illustrator
13	Cytoscape 软件应用	Cytoscape Application
14	日语	Japanese

后 记

为贯彻落实《哈尔滨医科大学普通高等教育各专业人才培养方案（2017版）》，有效实现普通教育本科各专业人才培养目标，保证各专业人才培养质量，学校组织专家编写了普通教育本科各专业教学大纲。

教学大纲从制订、统稿到最后定稿，各专业编委会经过多次认真的讨论，付出了艰辛的劳动。在组织教学大纲编写过程中得到了教务处毕晓明、朴杰，基础医学院卢方浩、姜鹏、张崇友，公共卫生学院靖雪妍、陈丽丽、曹佳，药学院谢良军，生物信息科学与技术学院徐娟、王宏，人文社会科学学院李继光、李婷、张雪，体育学部刘雪梅、张丽军，王山村、赵会斌、孙晓波、佟铁鹰、石建慧、崔英波、张云峰、王洪雷、韩睿、刘嘉、李刚、李大同、张驰、王昕、宋赫奕、刘金磊，第一临床医学院郭劲松、郭庆峰、张妍馨，第二临床医学院张思佳、刘行宇，第三临床医学院兰天，第四临床医学院王娜、张欣多、潘超，口腔医学院吕艳超、护理学院朱雪梅、肖宁宁，麻醉学系杨鑫等各位老师的大力帮助。在教学大纲校对过程中，教务处李勇、孙国栋、赵霁阳、文达、徐培翔、付瑶、李佰成、陈炜婷等老师，徐嘉鸣、李艳超等同学给予了大力支持。

由于时间关系，各专业教学大纲难免有不足之处，恳请大家批评指正。

