实用生物信息学

Practical Bioinformatics

(以下内容标题为黑体 4 号, 具体内容为五号宋体)

课程编号: 4018-1

课程属性: 必修课

讲课课时: 30 实验实习课时: 14 讨论课时: 4

学分: 2.5 (共 48 课时)

教学对象:硕士生、博士生

知识背景: 分子生物学、遗传学、基因组学

教学目的和要求:

本课程旨在介绍在生物信息学中最常用的编程语言(Unix shell, R 和 Python)中的最基础和最核心的部分,讲解常用的生物信息学分析软件包的基本原理和使用方法,希望学生在掌握本课程的知识和技能后,能够自己解决正在进行或即将开始的研究课题中的实际问题。本课程不是以课堂讲授为主的理论课,而是一门将老师讲解、上机操作和项目制学习相结合的课程。除课堂教学外,还将研究领域相似的学生划分成不同的小组,整个课程期间小组内同学互相学习和讨论、完成必要的课外练习。通过本课程学习,除了掌握常用编程语言的核心用法外,学生们还将掌握连接远程服务器,记录并备份编程语言,对 Illumina 数据进行数据比对,基因差异表达分析,ChIP-Seq 数据分析,关联图谱分析,群体遗传结构分析,基因功能区域划分和最基础的机器学习原理等。课程的最后,小组内同学在领域内选择已经发表的有关处理大数据的文章,讨论基于已经发表的数据可以设计一些新的分析方法,解决一些新的问题,最后以 PPT 展示出来。对于优秀的成果,可以后期组织学生撰写论文。

本课程面向生命科学领域从事分子生物学、遗传学和基因组学等相关课题研究的硕士和博士研究生。选修本课程的学生,必须具有较好的生物学基础知识,必须具有较好的英语阅

读理解能力,必须保证足够课外时间利用计算机完成课堂作业和进行小组讨论。特别欢迎已经进入实验室开始或即将开始分子生物学、基因组学、遗传学、微生物学和免疫学等相关领域研究的学生选修本课程,鼓励博士生、博士后和其他科研人员选修,带着课题研究中遇到的实际问题,边学边用。

教学方法与教学设备要求:

本课程采用课堂讲授和上机实习同步进行的方式,必须具备较好网络环境和 PPT 放映系统。 课程重点与难点:

本课程重点为掌握最常用的编程语言 (Unix shell, R 和 Python) 中的最基本和最核心的元素,熟悉常见生物信息学软件工具的实际使用,选修本课程的学生必须具备课外自由上机的能力和上网条件,必须保证每周 至少 4 学时的课外上机条件。

考试方式:

本课程以开卷考试为主,采用项目制的考试方式。将同学根据其细分领域分成小组,在 领域内选择已经发表的有关处理大数据的文章,讨论基于已经发表的数据可以设计一些新的 分析方法,解决一些实际问题,以 PPT 展示和撰写论文为主。

课程内容:

第一章: 基本的生物信息学工具

第一次: 为什么学习生物信息学? —— yuwen and li wang

第二次: 连接远程服务器& git 命令操作指南 —— yi zou & li wang

第三次: 基本的 Unix 操作命令—— xuezhu

第二章: R 编程语言

第一次:R 语言相关软件的介绍和安装(R, Rmarkdown, Rstudio)读取和存储数据—— yang fu

第二次: 基本的统计分析 (chi-square, t.test, permutation, hypergeometric test) --liu yuwen

第三次: R 的数据可视化 box plot, point plot, linear regression etc —— li wang

第三章: Python 编程语言

第一次: Python 基本用法; Jupyter 笔记本; 读写文件; 模块和程序包 (Cheng Li)

第二次: pandas 软件包—— Weigang

第三次: Week 10 (bioinformatic pipeline with unix and python) (Weigang) & SOS pipeline (Yang fu)

第四章: 多组学分析实用工具介绍:

第一次:基因组数据分析: phylogenetic tree;群体遗传结构的分析 STRUCTURE, PCA, ADMIXTURE; GWAS ----- Cheng li & li Wang

第二次: **转录组数据分析**: 序列比对: Bowtie, B; 基因表达定量; 基因差异表达: EdgeR, DeSeq2, ----- Xuezhu & Cheng li

第三次:表冠调控组学: ChIP-Seq Peak 分析:贝叶斯模型; 软件应用 Macs2 —— Chao Wang

第四次: 基因功能区域划分: 马可夫链; 软件应用 ChroHMM, Phastcons ------ Yuwen Liu 第五次: 机器学习: CNN 模型; 软件应用 DeepSEA ----- Wenlong Ma

教材或参考书:

- 1. Vince Buffalo. Bioinformatics Data Skills. O'Reilly, 2015.
- 2. Steven H. D. Haddock, Casey W. Dunn. Practical Computing for Biologists. Sinauer Associates, 2011

撰写人: 王丽, 刘毓文 (中国农业科学院农业基因组研究所)

撰写日期: 2020 年 4月