

人工智能背景下生物信息学教学改革策略与路径构建

谢 亮, 高维维, 姚 伟, 杨 娟

广西大学农学院, 广西 南宁

收稿日期: 2026年9月25日; 录用日期: 2026年10月21日; 发布日期: 2026年10月28日

摘 要

新医科与新农科交叉融合背景下, 生命科学数据呈爆发式增长, 对生物信息学复合型人才创新实践与数智素养提出了更高要求。作为生命科学类专业的核心交叉课程, 生物信息学在传统教学中面临算法原理抽象深奥、代码跨度大导致学生接受困难, 教学内容滞后于前沿技术、实践环节脱离真实科研等现实困境。以生成式人工智能与大语言模型为代表的智能技术, 为破解上述困境提供了新范式。本文深入探讨了人工智能驱动生物信息学教学改革的必要性, 并提出了构建人工智能辅助个性化自适应学习环境、设计智能体(Agent)协同的探究式实践、重构学习环境、实践模式、内容体系、评价机制及思政融合五位一体教学内容、建立人机协作的过程性多元评价体系、有机融入科技伦理与科学精神等教学改革策略。随后, 以“基于大语言模型的基因家族分析”教学为例, 详细阐述了人工智能驱动的教学实施路径与学习成果评估方案。本文提出的教学改革策略为生物信息学及相关交叉学科的教学创新提供了切实可行的实践指导。

关键词

人工智能, 生物信息学, 教学改革, 大语言模型, 智能教学

Construction of Teaching Reform Strategies and Paths for Bioinformatics in the Context of Artificial Intelligence

Liang Xie, Weiwei Gao, Wei Yao, Juan Yang

College of Agriculture, Guangxi University, Nanning Guangxi

Received: September 25, 2026; accepted: October 21, 2026; published: October 28, 2026

Abstract

In the context of the interdisciplinary integration of emerging medicine and emerging agricultural

文章引用: 谢亮, 高维维, 姚伟, 杨娟. 人工智能背景下生物信息学教学改革策略与路径构建[J]. 教育进展, 2026, 16(10): 2082-2091. DOI: 10.12677/ae.2026.16102322

sciences, the explosive growth of life science data has placed higher demands on the innovative practical capabilities and digital intelligence literacy of bioinformatics professionals. As a core interdisciplinary course for life science majors, bioinformatics education traditionally faces several challenges, including the abstract and sophisticated nature of algorithmic principles, the substantial programming requirements that create barriers to student learning, outdated teaching content that lags behind technological advances, and practical training that is disconnected from authentic scientific research. Generative artificial intelligence (AI) and large language models (LLMs) provide a new paradigm for addressing these challenges. This paper explores the necessity of AI-driven reform in bioinformatics education and proposes a teaching reform strategy, encompassing the construction of an AI-assisted personalized adaptive learning environment, the design of Agent-assisted inquiry-based practical learning, designing inquiry based practices for agent collaboration, reconstructing the learning environment, practical models, content systems, evaluation mechanisms, and integrating ideological and political education into a five in one teaching content, establishing a process oriented multi-dimensional evaluation system for human-machine collaboration, and organically integrating scientific ethics and scientific spirit. Subsequently, using “LLM-based gene family analysis” as a teaching case, the paper elaborates on the implementation pathway of AI-driven instruction and the corresponding learning-outcome assessment framework. The proposed teaching reform strategy provides practical and feasible guidance for educational innovation in bioinformatics and related interdisciplinary fields.

Keywords

Artificial Intelligence, Bioinformatics, Pedagogical Reform, Large Language Models, Intelligent Instruction

Copyright © 2026 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

近年来,以“新医科”与“新农科”为代表的高等农林与医学教育改革深入推进,深刻重塑了生命科学人才培养的范式。教育部提出,新农科建设应面向农业现代化和未来科技发展需求,推动学科交叉融合,培养具有创新能力和综合实践能力的高素质人才[1]。与此同时,新医科建设也强调医学教育与生命科学、信息科学、人工智能等领域的深度融合,推动人才培养模式由知识传授向创新能力培养转变[2]。

随着高通量测序、单细胞组学、时空组学以及结构生物学等技术的飞速发展,生命科学研究已全面进入“大数据”与“计算驱动”的新时代[3]。生物信息学作为连接干实验与湿实验的核心交叉桥梁,其地位已由传统意义上的辅助分析工具逐渐发展为生命科学研究的重要技术支撑和创新驱动力[4][5]。在这一背景下,国家对具备“生物学背景 + 数据科学能力 + 人工智能素养”的复合型人才产生了迫切需求。然而,如何在有限教学课时内,使缺乏计算机基础的生物类专业学生快速掌握庞杂的生物信息学知识,并具备应对真实科研问题的能力,成为当前生命科学教育亟待解决的重要问题。

2. 生物信息学教学现状与问题分析

2.1. 算法原理抽象深奥,理论理解存在“断层”

生物信息学高度融合数理统计、图论、机器学习等复杂的数学与计算机科学原理。例如,在讲解序列比对算法(如 Needleman-Wunsch 或 Smith-Waterman 动态规划)[6]、高维数据降维(PCA、t-SNE、UMAP)

以及系统发育树构建时[7], 传统板书推导和静态 PPT 展示难以直观呈现算法内部的数据流动过程。

已有研究指出, 生物信息学课程教学的重要挑战之一, 是如何帮助具有不同数学和计算背景的学生理解算法思想, 并建立计算方法与生物学问题之间的联系[8][9]。这是由于多数农学、生物学专业学生缺少系统计算机训练, 面对抽象公式、矩阵计算和算法流程时容易产生学习障碍, 导致对算法的理解停留在工具应用层面。

2.2. 代码门槛高与环境配置繁琐, 引发“编程焦虑”

生物信息学实践高度依赖 Linux 操作系统、R 语言、Python 以及大量专业分析软件。对于零编程基础的生命科学学生而言, 编程语法学习、软件安装配置以及程序运行错误排查均构成较高学习门槛。

生物信息学教学过程中, 学生常面临软件环境复杂、代码理解困难以及计算流程不透明等问题, 这些因素会降低学生学习兴趣和课程参与度。国内教学实践也发现, 传统生物信息学实验教学中大量时间消耗于软件安装、命令调试和格式转换, 使学生难以将主要精力投入到数据分析逻辑和生物学意义解释中。这种现象容易造成“重代码、轻生物”的教学偏差, 即学生能够完成程序运行, 却难以理解分析方法背后的科学问题。

2.3. 教学内容滞后于技术迭代, 存在“学用脱节”

生物信息学是生命科学领域发展最快的交叉学科之一。近年来, 人工智能技术快速推动生命科学研究范式变革, 例如 AlphaFold 推动蛋白质结构预测进入人工智能时代, 并显著提升了结构生物学研究效率[10]; 单细胞组学、多组学整合分析以及机器学习方法也不断推动生命科学研究模式创新[11]。然而, 高校教材建设和课程体系更新速度通常滞后于技术发展, 新技术、新算法和新型分析平台难以及时融入课堂教学。这导致学生在课堂中学习的方法与当前科研实践之间存在一定差距, 难以满足未来生命科学研究和产业发展的需求。

2.4. 实践教学偏重“照猫画虎”, 缺乏真实科研逻辑训练

目前许多高校生物信息学实验教学仍采用“教师提供数据、学生运行脚本、提交结果报告”的模式。虽然该模式能够帮助学生熟悉基本分析流程, 但学生往往缺少面对真实科研数据时的数据清洗、参数调整、方案设计以及结果评价能力。因此, 如何构建更加开放、智能和面向科研实践的教学模式, 是当前生物信息学课程改革的重要方向。

2.5. 生成式人工智能驱动的教学全链路重构

近年来, 以生成式人工智能(Generative Artificial Intelligence, GenAI)和大语言模型(Large Language Models, LLMs)为代表的新兴智能技术快速发展, 为高校课程教学改革提供了新的技术路径。ChatGPT 等大语言模型在代码生成、知识解释、程序调试和科研辅助等方面展现出较强能力, 为生物信息学教学模式创新提供了新的可能[12]。已有研究表明, 大语言模型能够有效辅助初学者完成编程任务, 并通过自然语言交互可以降低计算学习门槛[13]。

AI 的深度赋能能够促进学生由“知识接受者”向“知识建构者”转变。在教学维度, AI 通过代码生成、语法解释和错误诊断等功能, 使教师能够减少对基础操作训练的投入, 将教学重点重新聚焦于算法理解、生物学问题凝练以及科研逻辑培养。在学习维度, AI 可作为全天候智能导师, 根据学生不同基础提供个性化指导, 实现传统课堂难以达到的精准教学。对于初学者, AI 能够通过类比解释帮助理解动态规划、高维降维等复杂概念; 对于进阶学生, 则可辅助探索算法优化和高级分析策略。在实践维度, 教学模式由传统“学生执行固定流程”转变为“学生主导决策 + AI 辅助执行”的协同探究模式。学生负

责提出科学问题、设计分析方案和解释结果, AI 辅助完成代码实现、数据处理和技术支持, 使学生能够参与更加接近真实科研环境的数据分析全过程。在评价维度, 课程评价体系也由单一关注代码运行结果转向综合评价学生的 Prompt 设计能力、代码验证能力、生物学解释能力以及批判性思维能力, 从而全面衡量学生适应数智时代生命科学研究综合素养。

综上, 本文基于探索生成式人工智能驱动下生物信息学教学改革路径, 构建“人机共育、问题驱动、能力导向”的教学新模式, 为培养适应未来农业与生命科学发展的复合型创新人才提供实践参考。

3. AI 驱动生物信息学教学改革的必要性

3.1. 降低编程门槛, 回归“生物学本质”

生物信息学的核心使命在于利用计算手段解决复杂的生命科学问题, 数据分析的终点始终是生物学机制的阐明, 而非代码本身的堆砌。然而, 传统教学模式往往让零基础的学生陷入语法学习与报错排查的沼泽中, “在代码排错上消耗 80% 的时间, 仅留 20% 的时间思考生物学含义”, 造成严重的本末倒置。生成式 AI 的引入改变了这一现状。通过让 AI 承担繁琐的代码编写、语法校验与调试工作, 编程门槛被大幅降低。学生能够从低效的脚本撰写中解放出来, 将核心认知资源重新聚焦于数据的前处理逻辑、实验设计的合理性以及分析结果背后的生物学机制推演, 真正实现从“代码打工人”向“问题提出者与机制解释者”的身份转变, 回归生物信息学教学的“生物学本质”。

3.2. 实现个性化自适应学习, 破解“参差不齐”的教学难题

由于生物信息学多开设于生物学、农学、医学等非计算机专业, 学生的数理基础、逻辑思维能力及计算机操作熟练度存在极大的个体差异。在传统的“一对多”大班教学中, 教师难以兼顾所有学生的学习节奏: 基础薄弱的学生常因跟不上进度而产生挫败感甚至放弃, 而基础较好的学生则觉得内容过于简单。AI 驱动的智能导师系统提供了破解这一难题的理想路径。AI 具有无休、耐心细致且高度定制化的特点, 能够根据不同学生的知识漏洞提供分阶式的答疑与辅导。对于初学者, AI 可以将其不理解的复杂算法转化为通俗易懂的类比; 对于进阶者, AI 则能推荐更高级的算法优化方案。这种个性化的自适应学习环境, 真正实现了因材施教与精准育人。

3.3. 赋能真实科研范式重构, 对接数智化人才培养需求

当前生命科学科研范式正由传统的数据驱动逐步向数据与人工智能协同驱动演变, 自动化分析流水线、机器学习、深度学习以及大语言模型已逐步渗透到序列分析、结构预测、药物筛选和多组学数据解析等研究环节。高校的教学内容与模式若仍停留在传统的命令行操作与机械式脚本撰写, 培养出的学生将难以适应未来的科研与产业需求。在教学中引入 AI 驱动的实践探究, 本质上是对现代科研范式的提前模拟与演练。通过培养学生学会与 AI 智能体协同工作、合理分工并利用智能工具解决复杂问题, 不仅提升了学生的实操技能, 更塑造了其适应未来数智时代科技变革的核心竞争力。

4. AI 驱动的“五位一体”教学改革策略

为切实破解传统教学困境, 本文构建了 AI 驱动的生物信息学“五位一体”教学改革策略(图 1), 从学习环境、实践模式、内容体系、评价机制及思政融合五个维度展开系统性重构。

4.1. 构建 AI 辅助个性化自适应学习环境

教学改革的首要基础在于营造智能化、响应式的学习环境。需要部署生信专用 AI 大模型与提示词库(Prompt Design), 针对通用大模型在生物信息学专业领域可能出现的术语理解偏差, 针对性地预设覆盖数

据清洗、基因组比对、差异表达分析等常见场景的专业模板库,帮助学生快速掌握向 AI 精确表达需求的技能。构建课程私有化知识库与智能答疑助手:整合课程教学大纲、PPT 讲义、实验指导书以及历届常见报错解决方案,借助检索增强生成技术打造课程私有知识库。智能答疑助手能够在保障教学知识准确性的前提下,为学生提供针对课程内容的即时、精准解答,实现课堂外延伸教学的智能化。

考虑到不同高校在算力条件、经费投入、技术团队和数据安全管理能力等方面存在差异,人工智能赋能生物信息学教学不宜依赖单一的高成本技术平台,而应建立由基础应用、平台增强和深度智能化三个层次构成的分层实施路径。对于计算资源和经费条件有限的高校,可采用公用大语言模型结合课程教学规范的“低成本”实施模式;具备一定信息化基础的高校,可进一步建设课程专属知识库和校内智能答疑平台;对于具有较强计算资源和技术支撑能力的高校,则可部署面向生物信息学教学的专业大模型或智能体系统,从而形成由低到高、逐步迭代的人工智能教学应用体系。

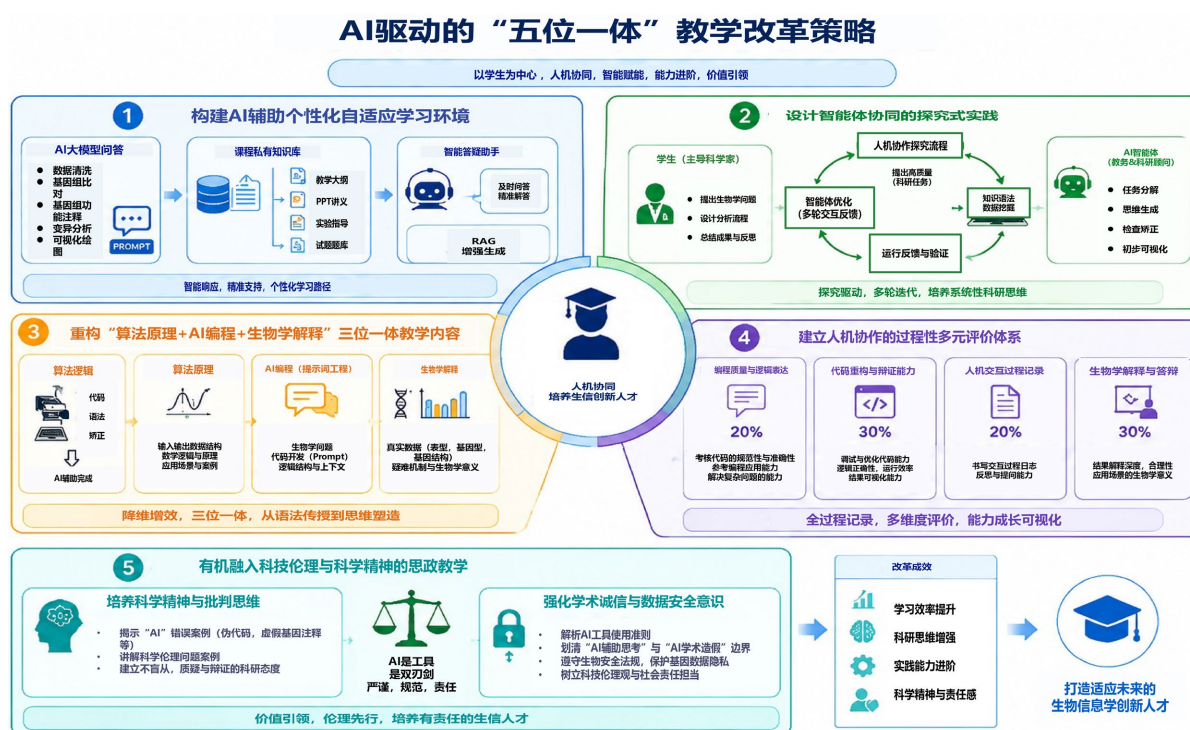


Figure 1. Schematic diagram of the five-in-one teaching reform strategy driven by AI

图 1. AI 驱动的五位一体教学改革策略示意图

4.2. 设计智能体协同的探究式实践

改变传统实验课“教师示范与学生照抄”的单向传递模式,转向“人机协同”的探究式实践。

一是要重塑师生与 AI 的角色定位,在实践教学,将学生明确定位为“主导科学家”,负责提出生物学假设、设计分析流程、判定结果合理性并做出最终决策;将 AI 智能体定位为“数据分析顾问”或“代码助手”,负责具体的脚本生成、格式转换与初步可视化。二是要人机协作探究流程,学生根据科研任务(如“某种逆境胁迫下基因表达谱分析”)向 AI 发出高层指令,AI 逐步分解任务并输出分析代码,学生在本地环境运行并反馈结果与报错,人机通过多轮对话完成动态调优。这一过程极大地锻炼了学生的大局观与系统性科研思维。需要强调的是,人机协同并不意味着人工智能替代学生的基础认知训练。为避免学生形成对人工智能生成代码和分析结果的过度依赖,实践教学中应设置必要的“脱离人工智能”

环节,即在关键知识节点要求学生独立完成算法流程绘制、核心代码解释、数据结构分析和参数选择等任务。例如,在利用人工智能生成序列比对程序后,要求学生独立解读算法流程图并解释动态规划矩阵的构建过程;在利用人工智能完成 PCA 分析后,要求学生说明数据标准化、协方差矩阵和主成分选择的基本原理;在获得系统发育树后,则要求学生独立解释建树方法、替换模型及 Bootstrap 值的生物学意义。通过“AI 辅助-人工验证-脱离 AI 复现”的循环训练,使学生既能够利用人工智能提高实践效率,又能够保持对底层算法和生物学逻辑的独立理解。

4.3. 重构“算法原理 + AI 编程 + 生物学解释”三位一体教学内容

针对传统教学中知识点较为离散且过度偏重语法细节的弊端,本改革重新梳理并构建了“算法原理 + AI 编程 + 生物学解释”三位一体的课程内容体系。一方面,教学内容实现了“减负与去繁”,大幅简化了纯手工代码记忆、复杂语法规则以及繁琐的环境依赖配置等重复性教学,将此类低效的机械操作交由 AI 工具辅助完成;另一方面,教学重心向三大核心维度集中“赋能”:一是算法核心逻辑,重点剖析算法的输入输出数据结构、底层数学思想及其适用边界(例如 PCA 降维的几何原理与统计假设),确保学生掌握计算方法的理论根基;二是 AI 提示词工程(Prompt Engineering)技巧,专门教授如何将抽象的生物学问题精准转化为计算机可理解的提示词逻辑结构与上下文约束,培养学生的人机对话与指令构建能力;三是生物学机制推演,着重强化对分析输出图表(如火山图、GO/KEGG 富集分析柱状图、系统发育树等)的生物学内涵解读,引导学生从数据结果反推背后的基因调控与分子机制。通过这一降维与增效并举的内容重构,教学真正实现了从“语法传授”向“思维塑造”的跨越。

4.4. 建立人机协作的过程性多元评价体系

教学模式与内容的重构必然要求评价机制发生根本性变革。本次改革彻底摒弃了过去“期末一张卷”或“仅凭代码能否跑通”的单一终结性考核模式,转而构建覆盖人机交互全过程的新型多元评价体系。该体系将考核视角延伸至学习与科研探究的全链条,主要由四个互为补充的维度构成。在提问质量与逻辑表达维度(占比 20%),重点考核学生能否构建逻辑严密、参数明确的提示词,检验其精准定义与拆解生物学问题的能力;在代码重构与验证能力维度(占比 30%),着重评估学生能否识别 AI 生成代码中的隐蔽逻辑漏洞,并具备在本地环境中进行调优、复现与独立验证的硬核实操水平;在人机交互过程记录维度(占比 20%),通过审查学生提交的完整对话日志,追溯其在面对代码报错或分析异常时的思维迭代路径与排错逻辑;在生物学结果解读与答辩维度(占比 30%),则重点考察学生对数据分析结果做出合逻辑解释的深度,以及在口头答辩中应对算法原理与生物学机制质询的批判性思维表现。这种过程性评价不仅提升了评估的全面性与公正性,也为学生的人机协同能力提供了精准反馈。

4.5. 有机融入科技伦理与科学精神的思政教学

在智能化教学实践中,课程思政元素并非生硬嵌入,而是与 AI 技术的内在缺陷、应用边界及规范要求实现了天然深度融合。一方面,课程注重培养学生的批判性思维与科学怀疑精神。针对“AI 幻觉”现象,通过在教学中展示 AI 在高通量数据分析中可能产生的伪代码或虚假基因注释案例,直观地揭示大语言模型的局限性,引导学生认识到智能工具的辅助属性,确立不盲从、时刻保持质疑与验证的严谨科研态度;另一方面,课程大力强化学术诚信与数据安全意识。通过制定明确的 AI 工具使用准则,严格划清“AI 辅助思考”与“AI 学术造假”的伦理边界;同时,结合国家生物安全法等法规,教育学生在将组学科研数据上传至公共 AI 平台时增强基因数据隐私保护与国家生物安全意识,引导学生在数智时代树立正确的科技伦理观与社会责任担当。同时,可引入真实科研案例或公开报道中的数据分析失误案例,要求

学生追溯“数据，方法，结果，结论”的链条，分析错误产生的具体环节，并讨论科研过程中重复验证、同行评议和数据可追溯的重要性。通过案例分析、角色辩论和问题探究，将科学精神、学术诚信、数据安全和科技伦理转化为可操作、可评价的学习任务，使课程思政由“价值灌输”转向“问题驱动下的价值判断与科学实践”。

5. 教学实施路径与案例应用：以“基于大语言模型的基因家族分析”为例

5.1. 教学案例设计背景

基因家族鉴定与演化分析是生物信息学实践教学中的基础模块，其分析流程涵盖了从全基因组数据检索、结构域隐马尔可夫模型鉴定、多序列比对、系统发育树构建到表达模式热图绘制的完整数据流水线。在传统的教学模式中，该模块要求学生熟练掌握多个独立命令行工具的操作，且涉及 FASTA、Newick 等多种复杂文件格式的频繁转换。零基础的生物类学生极易因命令拼写错误、路径语法异常或环境变量配置不当导致分析流程中断，进而陷入低效的排错困境。为此，本研究以“水稻 NBS-LRR 抗病基因家族的全基因组鉴定与演化分析”这一真实科研课题为载体，精心设计并实施了 AI 驱动的四步法教学路径，实现了教学全流程的提质增效。

5.2. 基于 AI 驱动的四步法实施路径

整个教学实施过程遵循“任务驱动 + 人机协同 + 探究深化”的逻辑主线，具体分为以下四个递进阶段：首先是情境导入与任务驱动阶段。教师首先创设真实的科研情境，提出明确的学术问题：“水稻作为重要粮食作物，其抗病基因(如 NBS-LRR 家族)的演化对抗病育种至关重要。请从全基因组数据中鉴定该家族成员，并推断其系统发育关系。”在此环节，教师不直接提供操作指南，而是引导学生对复杂的科研任务进行解构，梳理出数据获取、结构域 HMM 搜索、目标序列提取、多序列比对与建树的逻辑主线。通过这一阶段的训练，学生能够从整体上把控数据分析流程，明确每一步的科学目的，避免沦为机械的操作者。

其次是 AI 辅助代码生成与解析阶段。学生无需徒手编写繁琐的正则表达式或 Bash 批处理脚本，而是通过精心设计的提示词向 AI 提出精准需求：“请编写一段 Python 脚本，读取 HMMER 的输出文件，设定阈值 $E\text{-value} < 10^{-5}$ ，从水稻蛋白质 FASTA 文件中提取对应的序列，并为提取的序列加上目标基因 ID 标示”。为避免“以看懂代手写”进一步演变为对人工智能代码的机械依赖，在代码生成后设置“脱离 AI 的代码重构”环节。教师向学生提出与原任务不同但具有相同分析逻辑的新需求，例如将“筛选 NBS-LRR 蛋白序列”修改为“筛选同时具有 NB-ARC 和 LRR 结构域的候选蛋白”，要求学生在不重新询问人工智能的情况下修改核心代码，并说明所修改参数、函数及其数据处理逻辑。对于关键算法，还要求学生手工绘制数据结构或流程图，并用自己的语言解释代码中核心步骤的输入、输出及判断依据。只有在完成独立修改和解释后，学生才能再次使用人工智能进行代码优化。该环节将人工智能辅助与独立实践能力有机结合，强化学生对程序逻辑和算法原理的深层理解。

在 AI 生成脚本的同时，学生要求其关键函数(如 Bio.SeqIO 的读取机制、筛选阈值设置逻辑)进行逐行解析与注释。学生通过阅读 AI 的说明文本，迅速理解脚本背后的数据流转原理，实现了“以看懂代手写”的认知降维，极大地降低了编程门槛。进而进入人机协作异常排查与调优阶段。在实际运行分析流程时，学生常会遇到数据格式不兼容或建树参数不合理(如进化树分支置信度过低)等问题。教师指导学生将具体的报错信息或异常输出结果输入 AI 对话窗口，开展交互式诊断：“在运行多序列比对时，发现部分序列过短导致比对对齐效果极差，请分析原因并提供筛选异常长短序列的过滤代码。”

在此过程中，AI 充当“调试顾问”的角色，引导学生理解比对算法中的替换模型(Substitution Model)

与 Bootstrap 重采样次数对建树可靠性的影响，成功将传统的“机械排错”转化为对算法核心参数与数学模型的深层理解。

最后是生物学功能推演与可视化阶段。在获取基因家族成员及其系统发育树后，学生在 AI 辅助下调用 Python 或 R 绘制高质量的系统发育树与表达模式叠加热图。绘图完成后，教学重点顺畅转移至生物学机制的推演：学生需根据进化树分支架构与表达谱数据，结合 AI 提供的前沿文献线索，深入分析哪些基因簇发生了扩增事件、哪些成员在特定病原菌入侵时被显著诱导，并最终撰写出具有批判性思维的科研报告，完成了从“数据处理”到“科学发现”的跨越。

5.3. 学习成果评估方案

为全面衡量学生的数智素养与实践能力，课程制定了多维度量化评估表，如表 1 所示。

Table 1. Multidimensional quantitative assessment table for AI-driven bioinformatics practical teaching
表 1. AI 驱动生物信息学实践教学多维度量化评估表

评估维度	权重	评价指标与考核要素	评分标准(高水平特征)
AI 提示词交互逻辑	20%	Prompt 构建的准确性、上下文约束条件设置、任务拆解能力、提问逻辑的递进性	能精准设定 AI 角色、任务目标及约束条件，合理设计多轮交互流程，利用思维链等策略引导 AI 逐步完成复杂生物信息学任务
代码正确性与分析复现	30%	本地分析环境配置、AI 生成代码验证能力、代码重构与优化能力、独立调试能力、错误排查效率	能独立验证 AI 生成代码的可靠性，识别潜在逻辑漏洞，根据实际数据调整参数，实现分析流程本地运行与结果稳定复现
生物学结果解读与科研报告	30%	数据可视化质量、生物学意义解析、机制推演逻辑、文献支撑能力、结果局限性分析	图表设计规范清晰，能够结合进化关系、基因表达模式及调控机制进行合理解释，引用相关文献支撑结论，并客观分析研究结果的优势与不足
答辩与批判性质询能力	20%	算法原理阐述、分析流程说明、AI 结果质疑与验证能力、现场问题应答能力	能清晰说明算法输入输出逻辑及关键参数选择依据，能够针对 AI 生成结果提出科学质疑并进行验证，不盲从 AI 结论

6. 教学改革成效与反思

6.1. 降低学生编程学习焦虑，提升自主学习能力

教学实践与学生反馈表明，AI 辅助教学模式有效缓解了学生在编程学习过程中的畏难心理。通过引入 AI 导师角色，学生由传统教学模式下被动接受代码与分析流程，逐渐转变为主动利用 Prompt 设计、任务拆解和多轮交互开展自主探索。学生课堂参与积极性明显提高，问题提出的深度与针对性显著增强，学习过程由“代码驱动”逐步转向“问题驱动”。

6.2. 强化高阶实践能力，提升科研创新素养

改革后的教学模式突破了传统生物信息学实验教学中以流程验证和代码复现为主的局限。在综合实践环节中，学生能够借助 AI 协同完成从高通量组学数据获取、自动化分析流程构建，到结果可视化与生

物机制解析的完整科研实践闭环。多数实践小组具备独立开展复杂生物信息学分析的能力,部分优秀实践成果已达到初步科研论文研究设计与分析水平,有效提升了学生的数据分析能力、科研思维能力和创新实践能力。

6.3. 潜在风险与应对策略

尽管 AI 驱动的教学改革展现出巨大优势,但在实施过程中也必须警惕以下潜在风险。防范“AI 依赖”导致的底层认知空心化,部分学生可能过度依赖 AI 生成代码,出现“只知其然,不知其所以然”的现象,导致对其底层算法逻辑缺乏深刻理解。我们必须保持“人主导、AI 辅助”的教学红线。在考核评价中加大算法底层原理的口头抽问与现场答辩权重(如要求学生手绘动态规划矩阵或现场解释 PCA 降维维度选择原则),使学生在获得 AI 协助的同时深入钻研底层算法逻辑。

6.4. 结语

生成式人工智能与大语言模型的爆发,为生物信息学这一高度交叉学科的教学改革注入了前所未有的动能。本文立足建构主义学习理论,构建了五位一体的 AI 驱动教改策略,并给出了具体的实施路径与评估方案。AI 的深度融入能够将学生从繁琐的编程语法与环境报错中解脱出来,使其核心认知重回“理解算法逻辑、提炼生物学问题与解释生命机制”的本质层面。人机协作不仅是当前破解生物信息学教学困境的有效手段,更是未来数智化时代培育高素质农林与生命科学复合型创新人才的必然趋势。

基金项目

广西高等教育本科教学改革工程项目(2025JGA111)。

参考文献

- [1] 吕飒丽,李彭平,李岩,等.论创新现代“生物信息学”教学模式的必要性[J].教育教学论坛,2020(38):174-175.
- [2] 何淼,何均泽,穆幼清,等.融合 SALG 理念的高等教育课程教学质量评估方法探索——以本科生“生物信息学”教学为例[J].高校生物学教学研究(电子版),2022,12(2):56-60.
- [3] Lander, E.S. (2011) Initial Impact of the Sequencing of the Human Genome. *Nature*, **470**, 187-197. <https://doi.org/10.1038/nature09792>
- [4] 何宁宁,胡明,王建勋,等.基于生物信息学的医工融合创新创业教育模式探析与实践[J].高校医学教学研究(电子版),2025,15(5):36-39.
- [5] 邢永强,刘国庆,蔡禄.生物信息学本科专业建设现状[J].生物信息学,2020,18(3):195-200.
- [6] Needleman, S.B. and Wunsch, C.D. (1970) A General Method Applicable to the Search for Similarities in the Amino Acid Sequence of Two Proteins. *Journal of Molecular Biology*, **48**, 443-453. [https://doi.org/10.1016/0022-2836\(70\)90057-4](https://doi.org/10.1016/0022-2836(70)90057-4)
- [7] Jolliffe, I.T. and Cadima, J. (2016) Principal Component Analysis: A Review and Recent Developments. *Philosophical Transactions of the Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences*, **374**, Article 20150202. <https://doi.org/10.1098/rsta.2015.0202>
- [8] 易图永,李兰芝,周玮.农业院校开展生物信息学本科教育的实践与体会——基于湖南农业大学的实践[J].教育教学论坛,2018(13):229-230.
- [9] 钟扬,王莉,李作峰.我国生物信息学教育的发展与挑战[J].计算机教育,2006(9):4-6.
- [10] Jumper, J., Evans, R., Pritzel, A., Green, T., Figurnov, M., Ronneberger, O., et al. (2021) Highly Accurate Protein Structure Prediction with AlphaFold. *Nature*, **596**, 583-589. <https://doi.org/10.1038/s41586-021-03819-2>
- [11] Tang, F., Barbacioru, C., Wang, Y., Nordman, E., Lee, C., Xu, N., et al. (2009) mRNA-Seq Whole-Transcriptome Analysis of a Single Cell. *Nature Methods*, **6**, 377-382. <https://doi.org/10.1038/nmeth.1315>
- [12] Kasneci, E., Sessler, K., Küchemann, S., Bannert, M., Dementieva, D., Fischer, F., et al. (2023) ChatGPT for Good? On Opportunities and Challenges of Large Language Models for Education. *Learning and Individual Differences*, **103**,

Article 102274. <https://doi.org/10.1016/j.lindif.2023.102274>

- [13] Finnie-Ansley, J., Denny, P., Becker, B.A., Luxton-Reilly, A. and Prather, J. (2022) The Robots Are Coming: Exploring the Implications of Openai Codex on Introductory Programming. *Proceedings of the 24th Australasian Computing Education Conference*, Online, 14-18 February 2022, 10-19. <https://doi.org/10.1145/3511861.3511863>