

生物資訊教學資源簡介

陽明大學 生科系, 生化所,
生物資訊研究中心
楊永正

如何發展國內生物資訊教育?

- 現況分析
 - 國際人才荒
 - 環境與當初引入分子生物學時不同
 - 國際競速: 必須平行運作,並收協同增益之效
- 策略: 種子教師的重要
 - 教學相長
 - 協助國內學生及早接觸生物資訊學
- 養成種子教師的具體方法
 - 國內系列課程
 - 國外課程
 - 出國進修

計畫目標

1. 培訓種子教師(非生物學背景、生物學背景各約15 人)，使有需要的學校能順利推動生物資訊學程；
2. 建立種子教師交流網，提供生物資訊學教學相關資訊(類似陽明大學已有的S-star鏡像站)；
3. 在國立陽明大學可承受的計算需求下，提供公用軟體的網頁介面(例如陽明大學已有之EMBOSS服務)供教學使用，避免受到商業軟體之壟斷；
4. 對有興趣自行建立生物資訊平台的教師，提供陽明大學已有的Bio-Mirror資料庫鏡像站服務

與教學資源中心的關係

- 教學資源中心的任務
 - 提供教材投影片,教學錄影帶
 - 編纂專書
 - 主,協辦研討會
- 更積極的角色
 - 名詞翻譯
 - 語彙解釋
 - 協調校際遠距教學
 - 國內,外研討會資訊

基本假設(一)

- 非生物學背景的教師需要
 - 與生物資訊相關的生物學知識
 - 應用資訊解決生物問題的範例
 - 現有生物資訊學工具的運作原理
- 生物學背景的教師需要
 - 瞭解後基因體世代的研究策略
 - 熟悉生物資訊學的基本工具
 - 應用生物資訊學方法解決生物學問題實例

需要從頭做起者

- 提供夥伴學校
 - 諮詢服務 (教師使用)
 - 電子論壇 (學生使用)
 - 程式套組 (教學使用)
 - 種子教師系列課程
 - 種子教師交流網 (教師使用)

諮詢服務

姓名：范廷佳 (分機 5666)

姓名：許玉璇 (分機 5667)

聯絡電話: (02)2826-7000 轉5666,5667

電子郵件: ymbc2@ym.edu.tw



http://binfo.ym.edu.tw/idg/

BioInfoFab



ymuyang
個人訊息
會員服務
點離會員

全文搜尋
搜尋
即時新聞

站務公告
煩請各位讀者點選上頭 [會員服務] 以了解本站之基本服務項目
若有任何建議請mailto:binfo@ym.edu.tw 聯絡管理者 [陽明生資]
感謝SourceFab所提供的專案計劃- FabulousWeb [先進媒

最新消息



Leroy Hood博士認為五年後 新藥開發成本將劇降

責任編輯: 陽明生資 截稿時間: 2001/03/20 @09:43AM 點閱率: 192
美國系統生物科學研究中心 [Systems Biology] 的總裁Leroy Hood博士認為, 未來生技專家最艱難的工作, 就是要從大量的基因資訊中, 瞭解這些資訊對於人體組織的影響...
[詳細內容...](#) (討論篇數: 00)

何大一: 目前世界各國都積極發展生物科技, 台灣現階段應該急起直追

責任編輯: 陽明生資 截稿時間: 2001/03/08 @09:34AM 點閱率: 1096
去年受總統之邀擔任國內生物科技最高顧問的何大一指出, 生物科技的發表對台灣相當重要, 但需要政府相關政策配合...
[詳細內容...](#) (討論篇數: 05)

Abbott實驗室製藥部基因體學主任談基因資訊產業

責任編輯: 陽明生資 截稿時間: 2001/03/08 @08:28AM 點閱率: 426
美國亞培 (Abbott) 實驗室製藥部基因體學主任 (哈伯Donald N. Halbert) 指出, 生物資訊學已經成為科學家在基因體序列中, 發掘其價值所在的關鍵之鑰...
[詳細內容...](#) (討論篇數: 00)

- [00] 晶基生物晶片技術授權給摩托羅拉代工量產
- [01] 台灣的生物資訊競賽
- [04] 台灣創投對台灣的生技產業抱持著有信心的樂觀態度

投票

你有聽過SRS嗎?

- 聽過, 而且用過
- 聽過但是沒用過
- SRS?是一個新的影片分級等級嗎??

投下 [目前結果] [辦個投票]

目前票數: 38
討論篇數: 1

常駐論壇

- [127] 生物資訊在哪裡?
- [054] 資訊學園地 **NEW**
- [053] 生資名詞知多少?
- [046] GCG套裝軟體 **NEW**
- [043] 生物技術交流 **NEW**
- [033] 生資工具使用經驗交流
- [023] 一千零一個為什麼?
- [022] 演講及研討會 **NEW**



Sequence Analysis Workbench

<http://saw.ym.edu.tw/>

- European Molecular Biology Open Software Suite (EMBOSS)
~ 140 programs
- Basic Local Alignment Search Tool (BLAST)
- profile Hidden Markov Models for biological sequence analysis
(HMMer)
- PHYLogeny Inference Package (PHYLIP)
- Vienna RNA package (V_RNA_Pac)
- Gene Locator and Interpolated Markov Modeler (Glimmer)



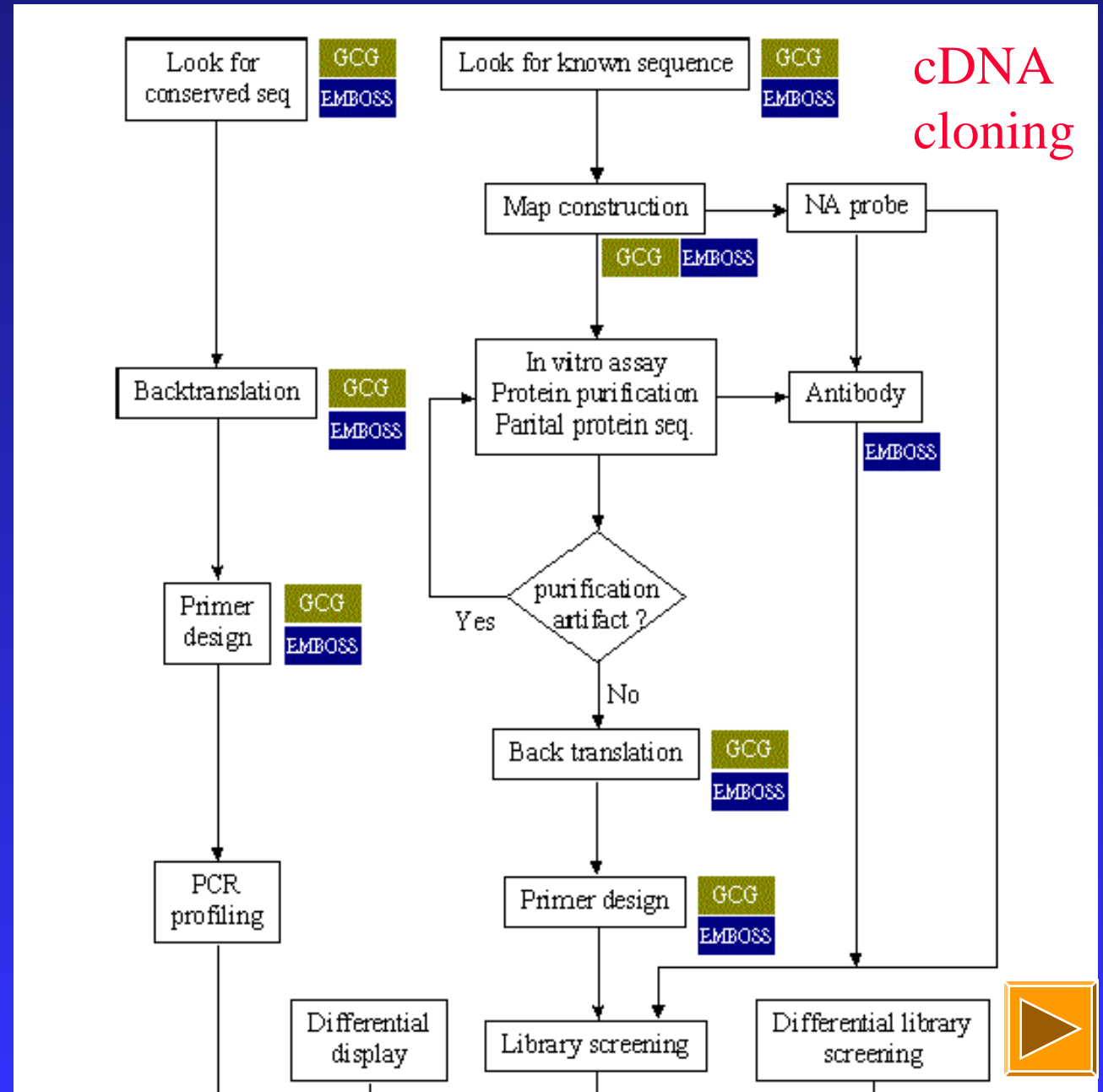
夥伴學校可透過網路使用此資源

- 現行模式的優點
 - 專人維護系統,較易解決問題
 - 夥伴學校只需有電腦教室即可
 - 資源充分利用
- 教學用伺服器的需求
 - 瞬間多個使用者上線,計算力要強
 - 離峰時使用量低,必須善加利用
- 建議的使用方式
 - 預約: 錯開各校上課時間
 - 班上分組,分別使用兩台不同的伺服器



Problem-Oriented Sequence analysis Tools (POST)

- 簡介
- 標準分析
- 個案分析
- 程式類別
- 參數設定
- 結果分析



Supported by “Program to promote academic excellence”

Program est2genome ([YMBC](#))

Function

Align EST and genomic DNA sequences

Description

est2genome is a software tool to aid the prediction of genes by sequence homology. The program will align a set of spliced nucleotide sequences (ESTs cDNAs or mRNAs) to an unspliced genomic DNA sequence, inserting introns of arbitrary length when needed. In addition, where feasible introns start and stop at the splice consensus dinucleotides GT and AG.

Unless instructed otherwise, the program makes three alignments: First it compares both stands of the spliced sequence against the forward strand of the genomic, assuming the splice consensus GT/AG (ie in the forward gene direction). The maximum-scoring orientation is then realigned assuming the splice consensus CT/AC (ie in the reversed gene direction). Only the overall maximum-scoring alignment is reported.

EST2GENOME : Align EST and genomic DNA sequences (EMBOSS)

your e-mail
(● = required, ● = conditionally required)

● EST sequence(s) (-est) : please enter [size\(s\)](#) :

1. the name of a file:

2. or the actual data here:



種子教師系列課程

- 簡介:半日
- 初級課程: Jemboss, 3日
- 中級課程(一), 2日
 - 生物資料庫查詢: Blast, SRS的使用
 - 基因註解: Artemis的使用
- 中級課程(二): 半日
 - 蛋白體資訊學
- 高級課程: 3日
 - 微生物基因體分析



種子教師交流網

(<http://biomed.ym.edu.tw/instructor/>)

Subscribing to Seedlist

Subscribe to Seedlist by filling out the following form. You will be sent email requesting confirmation, to prevent others from gratuitously subscribing you. This is a public list, which means that the members list is openly available (but we obscure the addresses so they are not easily recognizable by spammers).

Your email address:

You must enter a privacy password. This provides only mild security, but should prevent others from messing with your subscription. Do not use valuable passwords! Once a month, your password will be emailed to you as a reminder.

Pick a password:

Reenter password to confirm:

Would you like to receive list mail batched in a daily digest?

No Yes

Subscribe

Seedlist Subscribers

Click here for the list of Seedlist subscribers:

Visit Subscriber list

To change your subscription (set options like digest and delivery modes, get a reminder of your password, or unsubscribe from Seedlist), *either* enter your subscription email address:

Edit Options

... *or* select your entry from the subscribers list (see above).



基本假設(二)

每個學校條件不同,所以需求也不同
本計畫希望能提供不同層次的協助

已有基礎者

- 協助夥伴學校建立校內的生物資訊教學設施
 - 目前提供
 - 資料庫鏡像服務 – [Bio-mirror](#)
 - 應提供,但限於人力不足,目前未提供 (生物資訊學程或研究所碩士班畢業生應有此能力)
 - 生物資訊軟體(*e.g.* Blast)的安裝
 - [Jemboss](#)系統管理員訓練
 - [SRS](#)系統管理員訓練
 - ..., *etc.*

<http://bio-mirror.ym.edu.tw/>

Bio-Mirror

Taiwan site started from November, 2001.

A public service in Taiwan site for high-speed access to
biosequence data endorsed by APAN and APBionet

This is a world Bioinformatics public service for high speed access to up-to-date biological sequence databases. These databases have been growing so rapidly that distribution is hampered by exiting Internet speeds.

The Bio-Mirror project provides high-speed access to larger databases, some of which exceeding 10 Gigabytes. Project sites are connected with Internetll ingrastructure of vBNS, Abilene, TransPAC, and the Asia-Pacific Network (APAN).

Data repository

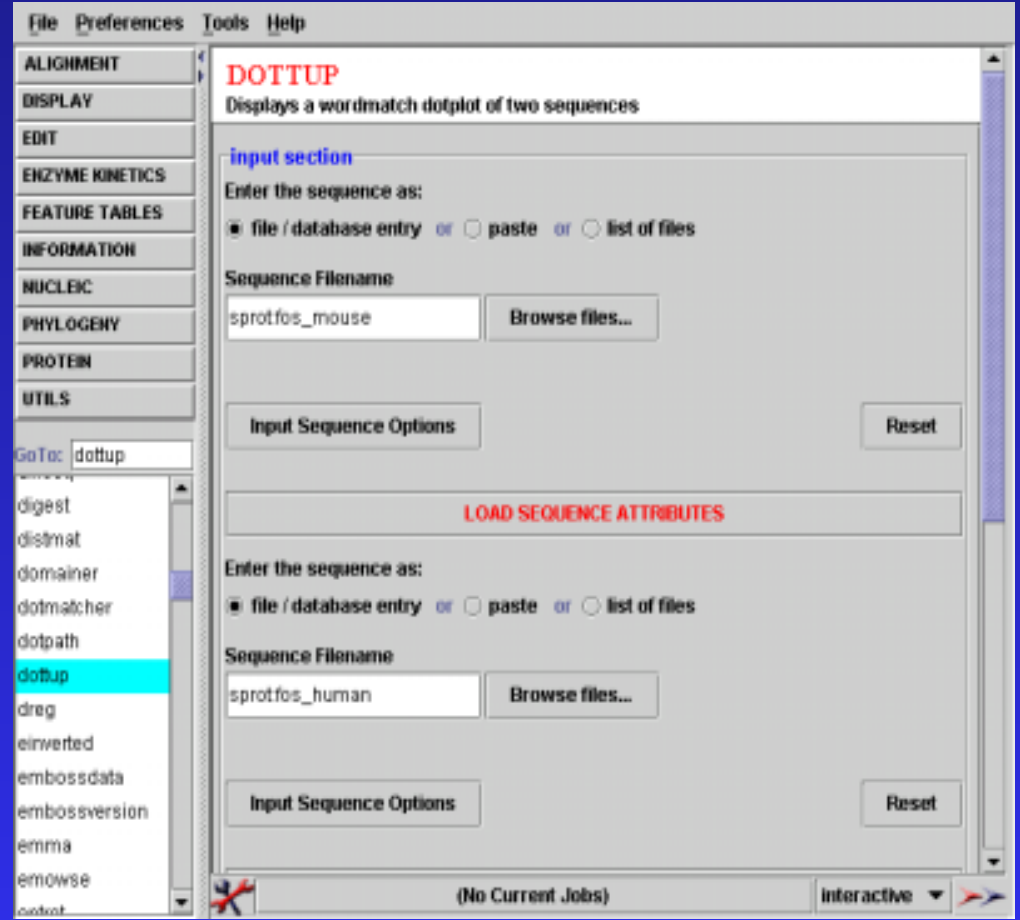
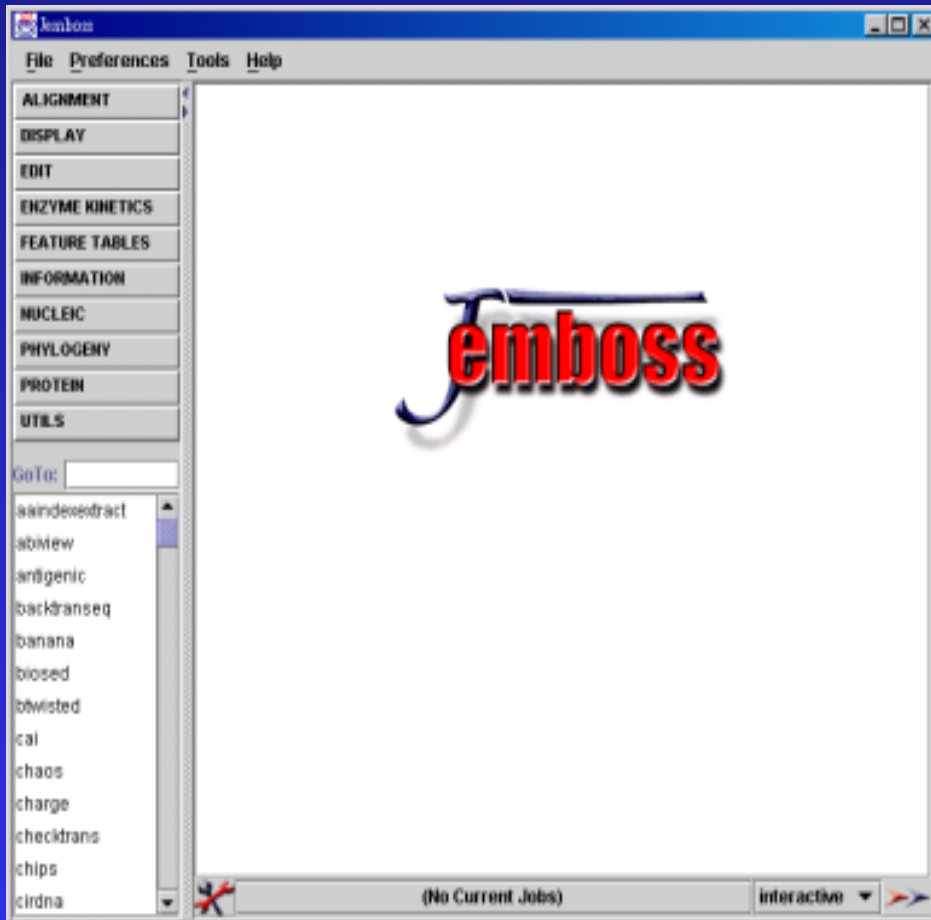
- DNA databanks
- DDBJ
- EMBL
- GenBank
- Protein databanks
- PIR
- Swiss-Prot
- Trembl
- Domain databases
- Blocks
- InterPro
- Pfam
- Prosite
- ... *etc.*

DataBanks

Local FTP	Home site	Description
Blast	NCBI	NCBI's sequence similarity search tool
Blocks	NCBI	Highly conserved regions of proteins
DDBJ	NIG	DNA Data Bank of Japan
EMBL	EBI	The EMBL Nucleotide Sequence Database
Enzyme	ExPASy	Enzyme nomenclature database
GenBank	NCBI	GenBank Sequence Database
InterPro	EBI	Integrated Resource of Protein Domains and Functional Sites
Meowgenes	IUBIO	Eukaryote Genes Summary Databank
PDB	RCSB	Protein Data Bank
Pfam	WUSTL	The Pfam database of protein domains and HMMs
PIR	NBRF	Protein Information Resource
Prosite	ExPASy	Database of protein families and domains
Rebase	REBASE	The Restriction Enzyme Database
RefSeq	NCBI	NCBI Reference Sequences
Rice	NIAR	Rice genome project cDNA from AFFRC
SRS Databanks	EBI	List of active SRS databases around world
SWISS-PROT	ExPASy	Annotated protein sequence database
Taxonomy	NCBI, EBI	NCBI and EBI Species names
TrEMBL	EBI	A supplement to SWISS-PROT
UniGene	NCBI	Unique Gene Sequence Collection for Human, Mouse, and Rat



Jemboss



十一月初級課程由英國HGMPRC仔細解說Jemboss使用
十二月台中研習會簡介Jemboss的入門使用法



Data Warehouse: SRS6

TOP PAGE QUERY RESULTS SESSIONS VIEWS DATABANKS HELP

Reset Quick Search All Entries

show all + collapse all -

- Sequence
 - EMBL GENBANK SWISSPROT SWISSNEW SPTREMBL
 - REMTREMBL TREMBLNEW
- SeqRelated
 - PROSITE PROSITEDOC PRINTS PFAMA
 - PFAMB SWISSPFAM PFAMHMM PFAMSEED
 - PRODOM GENETICCODE UNIGENE UNISEQ
 - UNIEST
- TransFac
 - TFSITE TFCLASS TFMATRIX TFGENE
- User Owned Databanks
- Application Results
- Genome
 - LOCUSLINK
- Mutations
 - OMIM
- Metabolic Pathways
 - PATHWAY

Query forms

Standard

Extended

bookmark this link to return to your session

If you find problems or have suggestions please mail the [SRS administrator](#)

SRS7將可執行EMBOSS 程式, 在測試完成後將開放



生物資訊人才培育計畫

- 種子教師服務網頁
 - <http://biomed.ym.edu.tw/seed/>
- 教學資源
 - <http://biomed.ym.edu.tw/bi/>
- 種子教師交流網
 - <http://biomed.ym.edu.tw/instructor/>

歡迎引用資源網站上的資料,但請 教學生如何重視智慧財產權

引用資源網站上資料的方法

本計畫由教育部科教處所支持之生物資訊人才培育計畫

– <http://binomed.ym.edu.tw/seed/>

– <http://biomed.ym.edu.tw/bi/>