



台大生物資訊學與系統生物學

文・圖／歐陽彥正（資訊工程學系教授）

自從人類基因解碼計畫在 2003 年完成之後，生命科學與生醫科技的研究乃進入了一個全新的世紀。針對三萬五千個基因所記錄的遺傳訊息，以及這些遺傳訊息如何影響到我們的生理活動、心理活動、乃至於致病機制的研究才正要展開。而由於機制與訊息的複雜度以及資料的數量級，在在都使得未來生命科學與生醫科技的研究必須有效運用生物資訊的方法與軟體工具。

有鑑於此，台自大 91 年度起，即致力推動「生物資訊」領域的學程規劃與師資延攬。經過幾年努力已累積相當成果。師資方面合計新聘「生物資訊」領域教師 7 位（包括資訊工程系趙坤茂教授、農藝學系劉仁沛教授、電機學系莊曜宇教授、藥學系林榮信教授、生命科學系阮雪芬教授、動物科學技術學系林恩仲教授，以及生物產業機電工程學系陳倩瑜教授）。此外原有師資有 7 位投入「生物資訊」領域教學與研究工作（包括資訊工程系高成炎、歐陽彥正 2 位教授，流行病學研究所陳為堅、李文宗、蕭朱杏 3 位教授，醫學

『系統生物學與生物資訊學』學程

表 1：台灣大學『系統生物學與生物資訊學』學程

基礎課程 (必修 8 學分)	理工背景同學	生醫農背景同學	
	普通分子生物學(由生物技術學程負責開授) 生物技術核心實驗(由生物技術學程負責開授) 生物資訊學或生物資訊與計算分子生物學(2 選 1)	系統生物數學 計算機概論(台大共同教育課程) 生物資訊學或生物資訊與計算分子生物學(2 選 1)	
進階課程 (選修 6 學分)	系統生物學主軸	結構生物資訊學主軸	醫學生物資訊學主軸
	系統生物學 系統生物學專題討論(I)&(II) 基因網路重建演算法 基因體學 生技產品統計方法(I)&(II) 數學模擬與系統生物學 生物資訊學軟體應用 系統科學原理	結構生物資訊學 計算藥物學概論 生物資訊學演算法 生物序列分析演算法 生物資訊程式設計 生物資訊產業分析	遺傳流行病學原理 生物資訊之統計與計算方法 生物資訊學演算法 生物資訊程式設計 生物晶片技術概論 基因晶片方法與數據分析
特色課程 (選修 6 學分)	代謝工程學 生物系統模擬 生物系統鑑別 生物檢定統計法 基因體統計學	結構生物資訊學與 醫學生物資訊學特論 計算藥物學 生醫資料探勘演算法 藥物動力學模擬 藥物基因體學	結構生物資訊學與醫學生物資訊學特論 複雜性疾病之基因圖譜建構 基因體統計學 臨床藥品動態學 仿生醫學

工程研究所陳中明教授，生物產業機電工程學系周瑞仁教授）。因此已組成包括 14 名成員陣容之堅強之團隊。以 94 學年度為例，合計開授生物資訊相關課程 23 門共 60 學分。同時，台大將於 95 年度成立「生醫電子與資訊學研究所」以及「生物技術研究所」，繼續增聘優秀師資以及鼓勵現有師資投入，以進一步強化相關領域的教學與研究實力。

近年來，生命科學與生醫科技領域的另一項重要發展是「系統生物學」的興起。這方面的發展在國外最好的例子之一是哈佛大學已於醫學院下成立 Department of Systems Biology。「系統生物學」的主要面向之一是導入系統科學的數學理論與計算模型於生物醫學與生物科技現象之描述上，以建構精確的系統模型，並據以推導更複雜、更高層的生命醫學與生物科技現象之運作原理，並進一步與以實驗為基礎之生命醫學與生物科技研究相互搭配，創造生命醫學與生物科技研究更寬廣的進步空間。就這個面向而言，由於台大是一所綜合性大學，在生命醫學與生物科技領域計有醫學院、生物資源暨農學院、公共衛生學院、生命科學院等 4 個學院，理工領域則有理學院，工學院，電機資訊學院等 3 個學院。科系完整，陣容堅強，具備發展系統生物學的優越條件。因此，台大於 95 年度 2 月擴大原先『生物資訊學程』的規劃，進而設立『系統生物學與生物資訊學』學程。

『系統生物學與生物資訊學』學程的規劃包括三個主軸。除「系統生物學」外，又依據台大目前的基礎與特色選定「結構生物資訊學」以及「醫學生物資訊學」為發展重點。「結構生物資訊學」方面包括「分子結構分析與模擬」、「藥物基因體學」、「藥物動力學模擬」。至於「醫學生物資訊學」方面，則將充分發揮台大擁有一流臨床醫學研究團隊的特色，針對「疾病基因圖譜建構」建立一支國際級的研究團隊。表 1 所示

為台大『系統生物學與生物資訊學』學程之課程規劃。

研究導向

上述的學程規劃也相當程度呈現出台大研究團隊目前在『系統生物學與生物資訊學』領域的研究導向。而為達到研究卓越的目標，將致力推動兩項工作。第一是確實整合校內不同領域的研究團隊，針對生命科學與生醫科技最尖端的議題提出創新性的系統生物學與生物資訊模型。目前針對已有完整模型之系統生物學或生物資訊學問題，台大研究團隊在提出新的解決方法方面已具備國際級研究實力。因此若就 SCI 影響力係數介於 5 到 10 之間的期刊上發表論文的數量，台大與亞洲頂尖大學相較已不遑多讓。然而若要能進一步於泛科學界頂級期刊（如 Science 與 Nature 等）發表論文則須進一步強化跨領域整合，方能針對生命科學與生醫科技最尖端的議題提出創新性的系統生物學與生物資訊模型。也只有如此，吾人方能宣稱台灣大學在系統生物學與生物資訊學領域已躋身世界一流、亞洲頂尖。除上述不同領域研究團隊的整合外，台大亦可透過建立具獨特性的系統生物學或生物資訊學資料庫以及最先進的軟體來提高國際知名度。而這也是為達到研究卓越的目標所將致力推動兩項工作之一。事實上，台大的研究團隊近年來在研發最先進的生物資訊軟體方面已有相當成果。圖 2 及圖 3 所示為台大研究團隊在近兩年所研發完成之 MEDock 以及 ProteMiner 兩套生物資訊軟體的網站畫面。此 2 套生物資訊軟體的設計原理分別發表於 2005 以及 2004 Nucleic Acids Research Web Server Issue [1,2]。

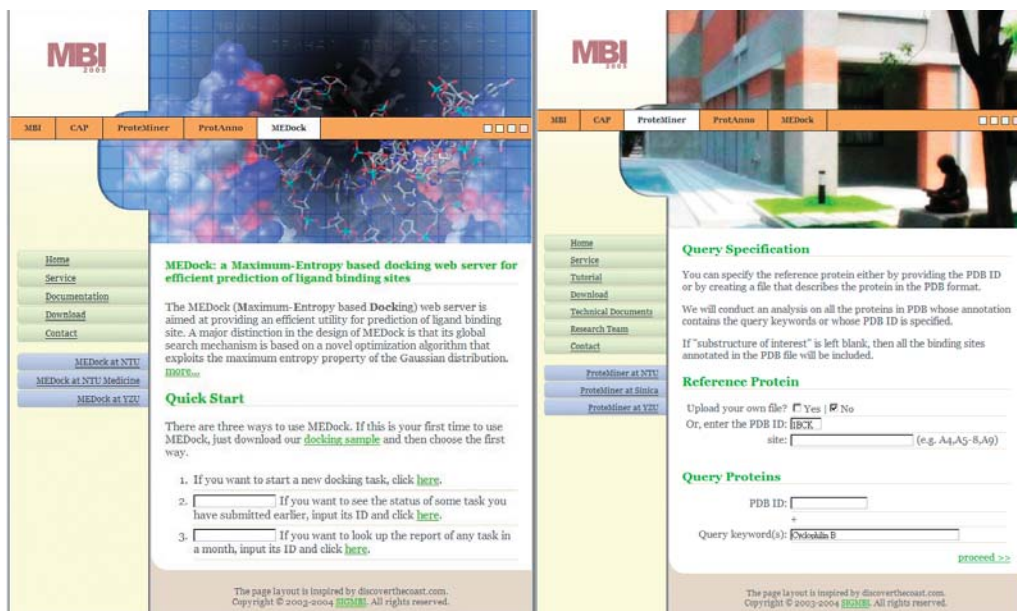
產學合作

在產學互動方面，目前行政院正積極推動「生



■ 左圖 2：台灣大學生物資訊團隊研發完成之 MEDock 軟體的網站畫面。

■ 右圖 3：台灣大學生物資訊團隊研發完成之 ProteMiner 軟體的網站畫面。



醫科技島」基礎建設，其中又包括三大計畫「國民健康資訊基礎建設整合建置計畫（NHII）」、「台灣人疾病及基因資料庫（Taiwan Biobank）」、以及「臨床試驗研究體系」。在這三項計畫中，「台灣人疾病及基因資料庫（Taiwan Biobank）」以及「臨床試驗研究體系」均需要學術界積極投入。依目前規劃，台大醫院將成為國家臨床試驗中心，而中研院、資策會、醫界聯盟、賽亞生技等團隊則將負責執行「建置台灣基因資料庫先期規劃（2005）與第一期計畫（2006-2009）」。

由於國家臨床試驗中心的三大工作重點之一是加強生醫轉譯研究（Translational Medicine），因此台大與資策會在醫學生物資訊學方面實具備密切合作的基礎。基於此背景，台大目前正積極與資策會洽談合作事宜，共同針對人才培育、技術推廣，以及國際交流等事項推動相關工作。

結語

總之，台灣大學在系統生物學與生物資訊學領域已建立相當堅強且完整的研究實力。未來若能發揮台大作為一所綜合性大學的特色，有效整合

校內不同領域的研究團隊，針對生命科學與生醫科技最尖端的議題提出創新性的系統生物學與生物資訊模型，則必然能夠在相關科技領域建立世界一流、亞洲頂尖的學術地位。**吳文策**（本文策畫／電機系連豐力助理教授）

參考文獻

- [1] Darby Tien-Hau Chang, Yen-Jen Oyang, and Jung-Hsin Lin, "MEDock: a Web Server for Efficient Prediction of Ligand Binding Sites Based on a Novel Optimization Algorithm", Nucleic Acids Research, Vol. 33, Web Server Issue, W233-W238, 2005.
- [2] Darby Tien-Hau Chang, Chien-Yu Chen, Yen-Jen Oyang, Hsueh-Fen Juan, and Hsuan-Cheng Huang, "ProteMiner-SSM: A Web Server for Efficient Analysis of Similar Protein Tertiary Substructures", Nucleic Acids Research, Vol. 32, Web Server Issue, W76-W82, 2004.

歐陽彥正 小檔案

畢業於本校資訊工程學系。1984 年於美國加州理工學院完成碩士學位，1988 年於美國史丹福大學完成博士學位。自 1989 年起即返回母校任教至今。近年來致力於生物資訊領域之研究，尤其著重於運用統計學習理論解決結構生物資訊學之問題。其研究團隊近兩年已研發出 MEDock、ProteMiner，以及 CAP 等 3 套生物資訊軟體，這些成果均發表於 Nucleic Acids Research 以及 Bioinformatics 等期刊。