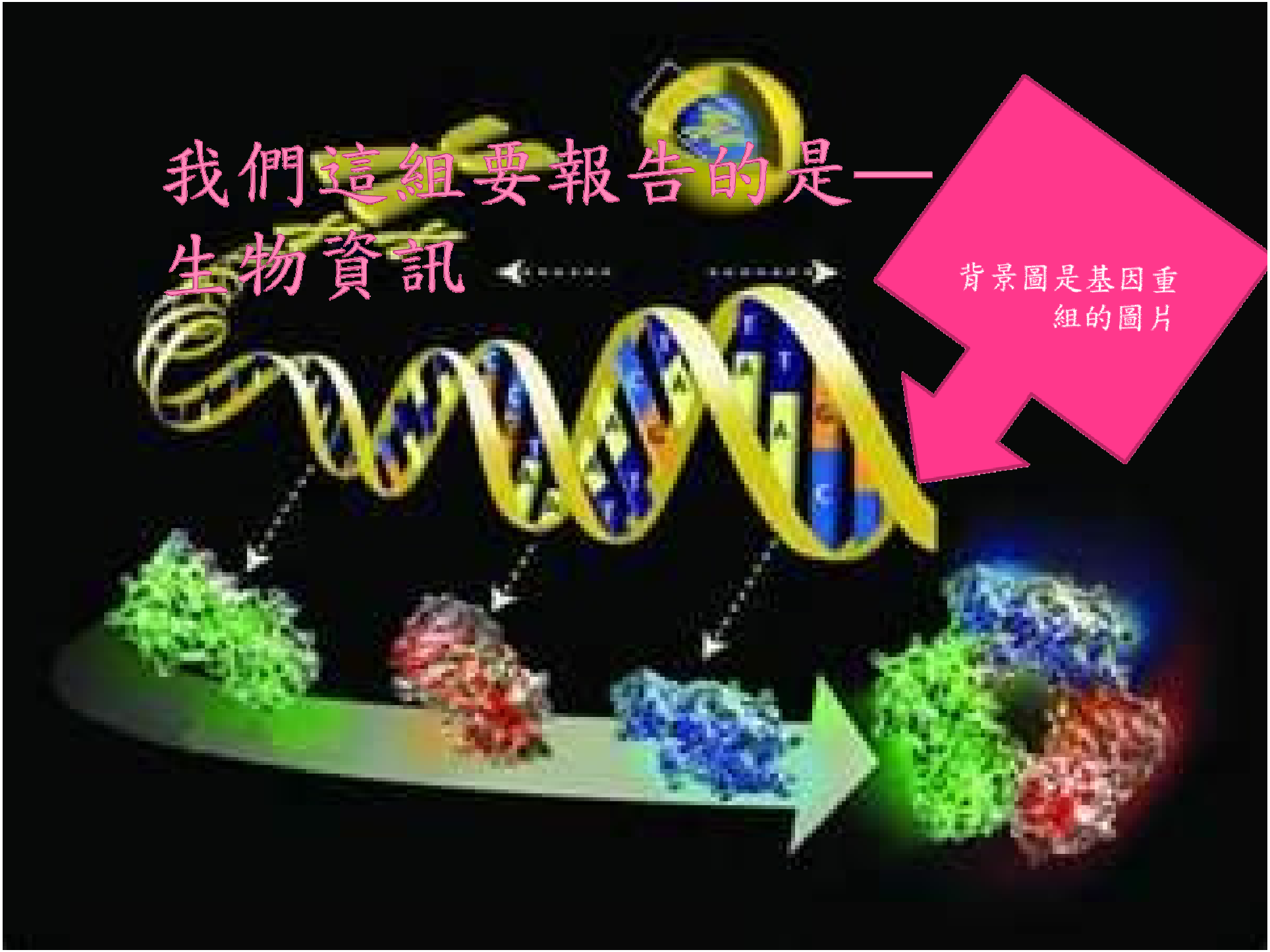
我們這組要報告的是—
生物資訊



背景圖是基因重組的圖片

何謂生物資訊??

- 生物資訊是一個整合性的系統，包括了資料庫管理、資料擷取、資料庫存、分析引擎之發展及網路使用介面，包括下列:

(1) 演算法	(7)設計與模擬作業
(2) 圖像及訊號處理	(8)數值分析
(3) 電腦架構及資料庫管理	(9) 統計學
(4) 電腦語言	(10) 軟體工程及自動化等多重領域
(5) 程式設計	(11) 分子生物學
(6) 人工智慧及訊息理論	(12) 生物化學

(13) 遺傳學

(14)物理化學

(15) 結構生物學

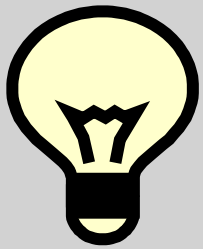
(16) 演化生物學

(17) 核磁共振學

(18) 基因體學

(19) 蛋白體學

(20)計算物理學

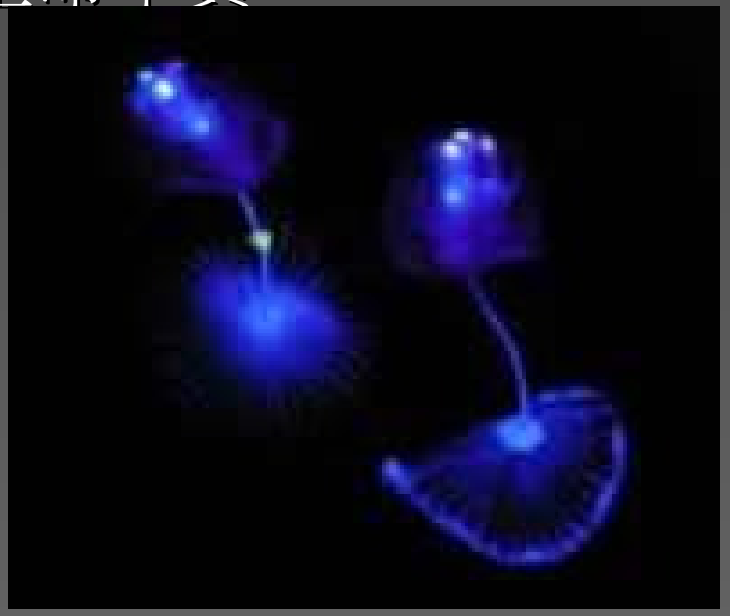


而在這個資訊系統裡逐漸的發展出另一科系--

生物資訊學

- 終極目標：了解生物特性及生命本質





- 重要的子領域：
  - 大量資料的分析演算法及統計方法
  - 各種生物序列, 結構, 功能及演化的分析與解釋
  - 管理及使用各種型態資訊的軟體工具

生物相關資料的累積迅速，資料量非常大，亟需電腦協助分析

簡單來說

- 就是用資訊等技術，解決生物學上無法達成的成就或實驗，在完成實做後以資訊程式架設在網路平台供大家參觀!!

生物資訊學之應用

- 生物資訊學所應用之範圍相當地廣泛，包括下列等領域:

數據取得及處理	基因定位	基因體圖譜及比較
分子模型構築及模擬	DNA及蛋白質序列及結構比較	大分子結構預測及藥物設計
	分子演化	

- 目前快速進展之人類基因體計劃是生物資訊快速累積的主因。
- 大量的DNA序列需經過contig組合分析才能定案，接下來的基因定位/功能研判需利用精準有效的排序比較分析方能完成。在這方面，EMBL-EBI與Sanger Institute共同建立了Ensembl Genome Browser，將定序完成的大量序列加以組合，期望得到完整的基因體序列並利用GENSCAN軟體將exon與intron加以區分，來預測基因之所在。
- 最後，並將整理分析之結果存放於Ensembl database，成爲網路生物資源

生物資訊學的實例

- 生物資訊學利用應用數學、資訊學、統計學和計算機科學的方法研究生物學的問題，然而目前的生物資訊基本學上只是分子生物學與資訊技術的結合體(事實上，生物資訊學之發展與分子生物科學及網路科技是密不可分、同步進行的)
- 舉例:EMBL的 Nucleotide Sequence Database,SWISSPROT的 Protein Sequence Database 與電腦註解的TrEMBL
- ENSEMBL的自動註解的真核生物基因體資料庫
- National Library Medicine(NLM)的 MEDLINE 爲生命科學與醫學文獻的資料庫，涵蓋 4000 生物醫學期刊，超過 1000萬個生物醫學文獻引索
- InterPro (IntegratedResource of Protein Domains and Functional Sites)資料庫包含蛋白質家族、功能區(domain)、功能位置等資訊
- Pfam 包含對蛋白質區域多重序列比對，利用Hidden Markov Models (HMM)對蛋白質家族的分類
- PROSITE 爲蛋白質序列形式(pattern)的資料庫

- PRINTS 爲蛋白質指紋圖譜資料庫
- USPO—PRT 收集 10280（截至 2001年 3 月 2 日）美國專利的蛋白質序列
- PRODOM是蛋白質區域資料庫 (Protein DomainDatabase)
- DSSP (Definition of SecondaryStructure of Proteins)， HSSP，FSSP 爲結合蛋白質一級、二級、三級結構的資料庫
- PDB 收集蛋白質與 DNA 三級構造等
- SCOP,CATH爲蛋白質結構分類資料庫

- 以上這些都含概在生物資訊學的領域裡頭!!

有關生物資訊的重要軟體程式

- 1.GCG: GCG (Genetics Computer Group)是生物資訊界最廣爲人知的分子序列分析軟體套裝。最初是在美國威斯康辛大學麥迪遜校區(University of Wisconsin-Madison)內發展，最後脫離出來成爲一家公司，其間曾經是Oxford Molecular 的分支機構
- 目前GCG由Accelrys公司所併購，命名爲Accelrys GCG GCG 套裝包括了超過130 個分析程式，可以分成序列比對、資料庫搜尋、演化分析、限制酶裂解圖譜、特殊序列片段辨識、PCR引子設計、蛋白質分析、核酸二級結構、轉譯等。

除了分析程式外，GCG同時也提供多種生物資料庫，例如：

(1)核苷酸相關的GenBank

(2) RefSeq

(3)與蛋白質相關的GenPept 、 PIR-Protein 、 UniProt 、PROSITE 、Pfam ，以及REBASE等資料庫。使用者可以輸入自己實驗的分子序列，或是從這些資料庫取得分子序列，再利用GCG 套裝分析軟體分析這些序列。

- 2.Pfam:PFAM是一個手動策劃的集合，可以通過網絡和平面文件的形式的蛋白質家族。基因組項目，包括人類和蒼蠅，PFAM廣泛使用爲大型功能註釋的基因組數據。周圍PFAM家庭的多序列比對的重要工具，了解蛋白質的結構和功能，形成二級結構預測，折疊識別，系統發育分析和突變設計的基礎技術。
- 如:PFAM（6.6）的最新版本，包含了3071個家庭，有69%的序列的匹配，並覆蓋49%的序列數據庫中的殘留物。

PFAM項目分爲以下四種方式之一：

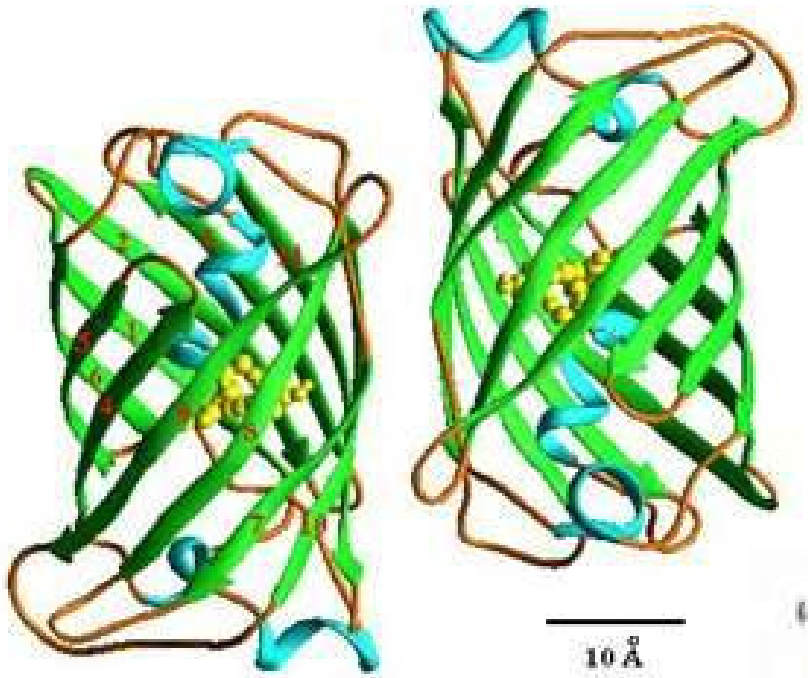
(1) • 家庭：集合相關蛋白

(2) • 域名：可以發現在多種蛋白質上下文其中的一個結構單元

(3) • 重複：一個簡短的單位形成穩定的結構是不穩定的孤立的，而是存在多個副本時

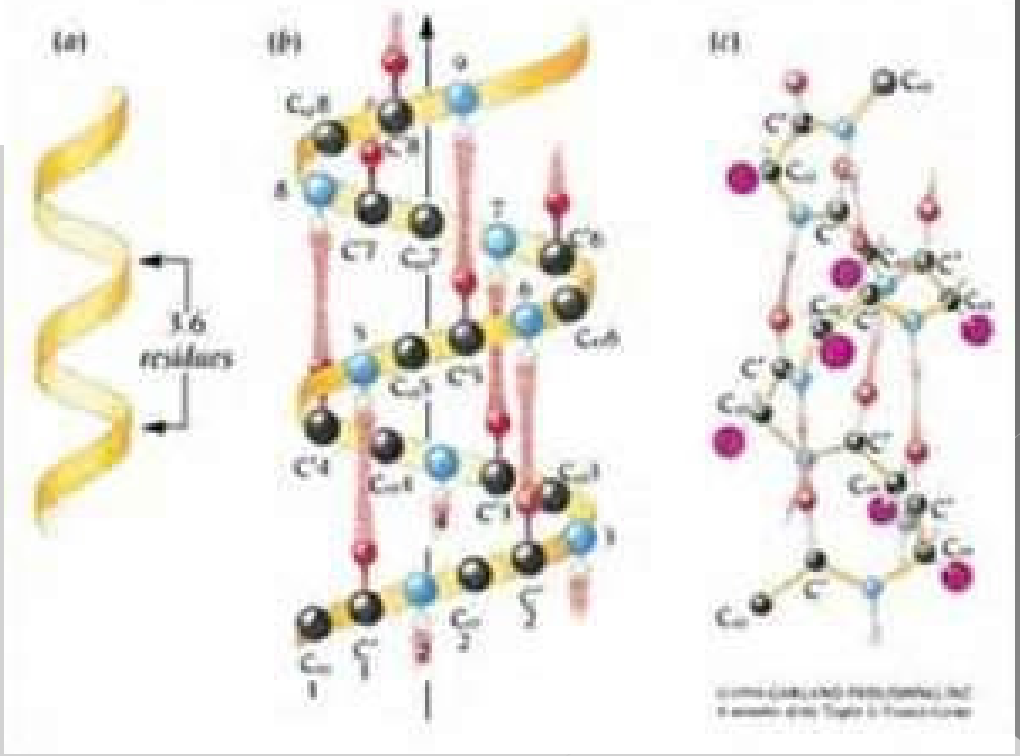
(4) • 母題：一個簡短的單位外發現的球狀域

- 3.SCOP:SCOP是一個蛋白質結構分類資料庫
- 簡介:幾乎所有的蛋白質與其它蛋白質結構的相似性，在一些情況 下，都有一個共同的進化起源。SCOP數據庫，通過人工檢查和教唆的電池自動化的方法，目的是提供一個詳細和全面的描述的結構是已知的所有蛋白質的結構和進化關係。因此，它提供了所有已知的蛋白質折疊了廣泛的調查，任何特定的蛋白質的近親屬的詳細信息，並爲今後的研究和分類的框架。



這張是蛋白質的立體結構圖!!(只有外觀)

這張(結構圖) 的結構成份有畫出!!(內部)



- 4.SINGLE SCAN:查找並列出出版的信號序列與輸入DNA序列的同源性。使用SIGSCAN 4.05版套件由博士開發的程序進行 分析。丹 Prestridge，SIGSCAN信息保持在 先進的生物科學計算中心，美國明尼蘇達大學..此的WWW信號掃描的基礎上實現的WEB版本

生物資訊學的歷史推展

- 於1972年時，逐漸有基因重組技術的問世後，開始了現代分子生物科學的蓬勃發展。
- 於1980年代中期開始漸漸成形，陸續成功之生物科技產業，更為人類帶來了莫大的福祉與震憾。
- 美國國家衛生院NIH於1982年建立了GenBank，初期由Los Alamos National Lab運作，1987年轉由IntelliGenetics經營。NIH亦於1984-1989委託IntelliGenetics成立Bionet，將生物資訊網路化。然而直到1988年建立了NCBI (National Center for Biotechnology Information)，才得以更穩健的推展生物資訊。
- 1990年代開始之人類基因體計劃，則將生命科學推向更廣的角度，並產生了大量的DNA序列資訊。

生物資訊學的特性與內容

- 特性:生物資訊學之主要工作可分爲三大部份-

(1) 生物資料庫及網站之建立

(2) 生物資訊的搜尋

(3) 生物資訊的分析

其中值得注意的是，除了生物資訊原始數據之取得以外，生物資料庫如何建立，搜尋與分析方法的設計原理等，均爲資訊科學之專業領域，但其目的在於快速解析生物學上複雜的種種問題!!

內容:生物資訊的內容可略分爲四類

(1)

- 有關生物之結構、形態、顏色等巨觀及微觀之資訊。這些傳統生物學之資訊對於生物分類 演化與欽緣關係之比較研究很有助益。這類資訊的發展亦促成了數位化標本館的實現，將許多不易維持的實體標本，以數位圖形資訊加以取代。

(2)

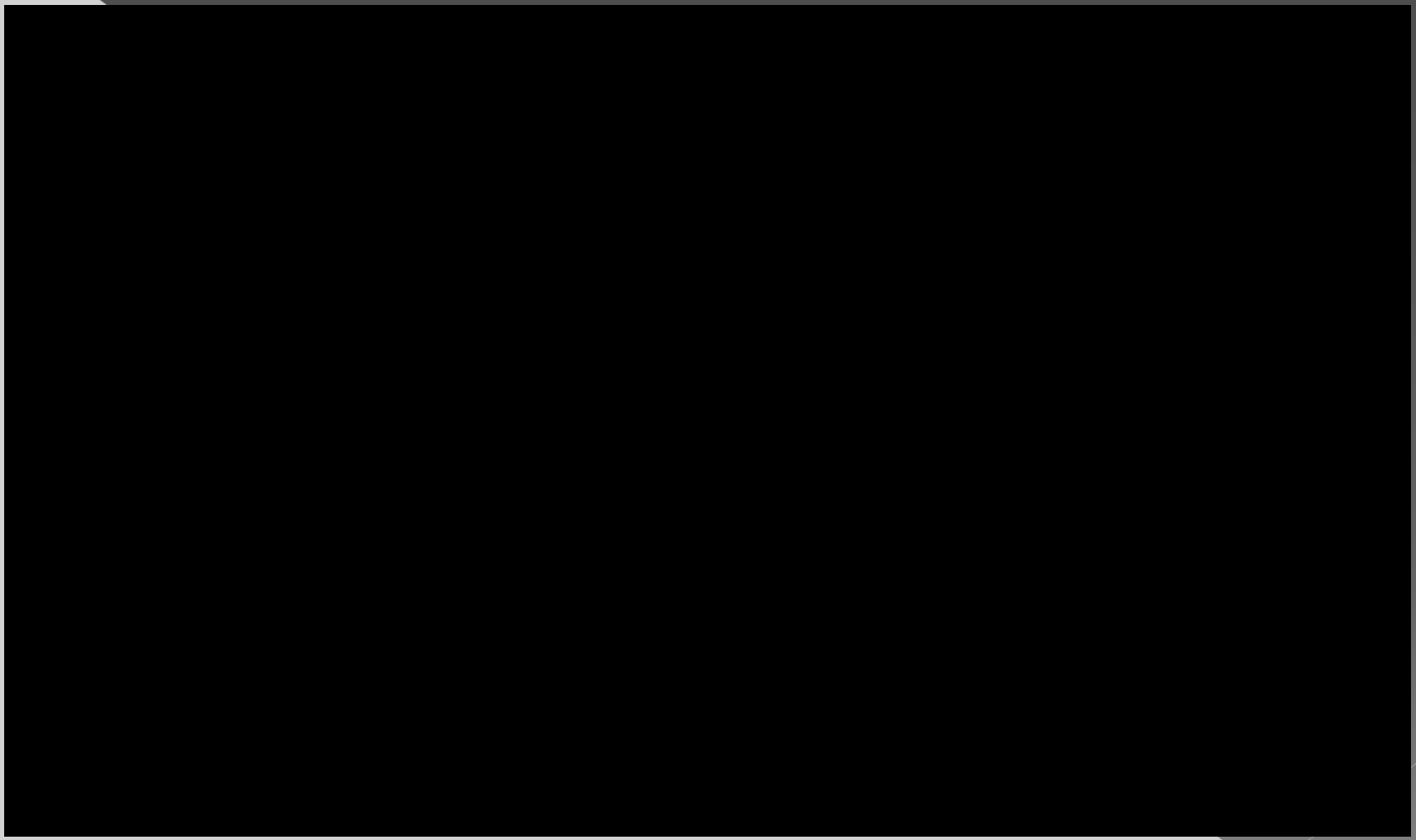
- 生物遺傳物質DNA及基因體(生物所具有之遺傳物質之總和，稱為基因體genome) DNA序列及其特性的資訊。在序列資訊中，以基因註解及尋找致病基因最受重視。此外，基因splicing之模式，基因調控機制之結構，亦都是分子生物學的核心問題。

(3)

- 生物大分子如蛋白質及碳水化合物結構與特性之資訊。蛋白質是扮演生命現象的要角，其結構與功能之解析一向是生物化學的重心。如何從序列資訊預測蛋白之二級結構，motif及domain，甚至3D結構，都期望能由生物資訊軟體加以解析。

(4)

- 其他有關生物之生化、生理、遺傳、演化等之特性。其中生物的各種生化反應途徑(pathway)是生物化學的基礎。其比較分析則有助於基因解碼及比較基因體學之研究。



DNA重組—影片

咱們的心得-詹XX

做完了這次的POWER POINT後，讓我學到很多有關生物資訊的知識、技術；讓我知道很多有關生物資訊的網站、用意，其中讓我最深刻也最好奇的是DNA的重組技術，這項技術能使病患在短時間內得到身體缺乏的功能，令我嘆為觀止。

- 人類藉由滿足自己的慾望而進而發展了科技，人類必先依照自己最大的慾望去進行發現與創新，而生物科技這門技術能使我們探究自己生體裡的奧妙，使我們更加了解自己的自然界定位。

以上資訊之提供來源

- 國家生物研究院
  http://bioinfo.nhri.org.tw/index.html
- YAHOO知識家-生物資訊
  http://tw.knowledge.yahoo.com/question/question?qid=1005032606047&q=1405111617882&p=%E7%94%9F%E7%89%A9%E8%B3%87%E8%A8%8A%E4%BB%8B%E7%B4%B9
- YAHOO知識家-RFAM
  http://tw.knowledge.yahoo.com/question/question?qid=1405111617882

- 中央研究院
  http://lsl.sinica.edu.tw/Bioinformatics/relatedsites.php
- BioPC.Net
  http://www.biopc.net/Index.htm
  國家高速網路及計算中心
  http://bioinfo.nchc.org.tw/modules.php?name=AddPage&addpage=seqweb
  SCOP
  http://scop.mrc-lmb.cam.ac.uk/scop/

It’s The End of The Report
Thanks for Watching~~