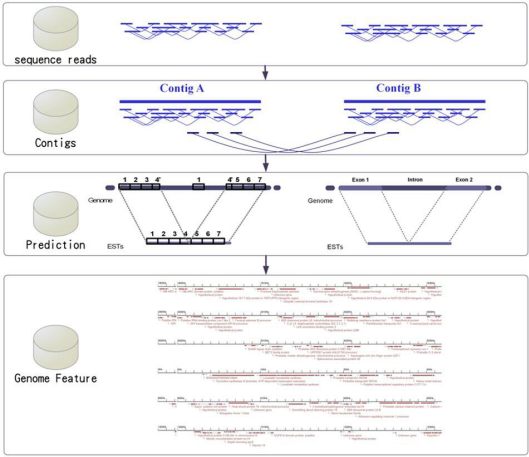
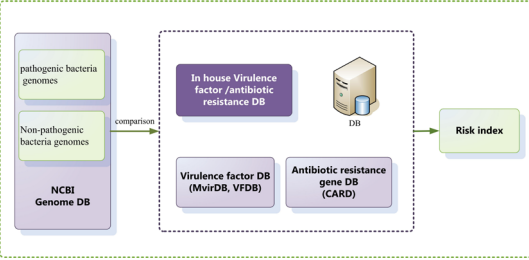
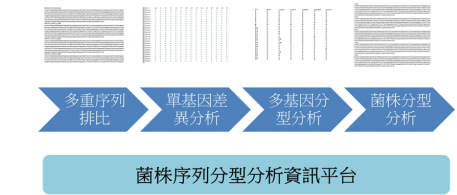


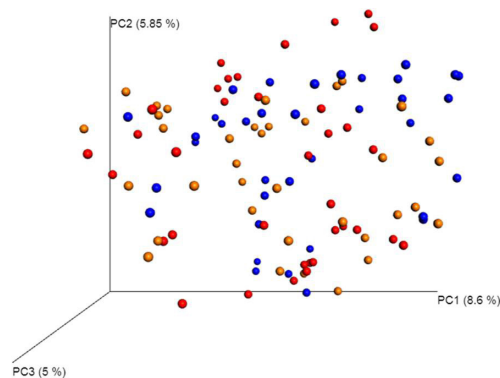
生物資訊

技術項目與說明	技術示意圖
1. 微生物基因體組裝解碼技術： 微生物種類繁多，型態及生活環境各異，根源於微生物基因體內帶的基因功能各異。基因體的解碼及註解有助了解微生物功能或病原菌致病機轉，對研究微生物功能及微生物生理生化是一強大工具。 1 de novo whole genome assembly 2 whole genome re - sequencing 3 gene finding 4 gene function prediction	
2. 微生物危害因子檢測技術： 從微生物的基因體序列中，分析是否具有致病性以及抗生素抗性之基因，以做為判斷此菌株是否安全的佐證資料。由基因體層次所建立的評估方法，可縮短傳統安全性評估所需的時間與成本，加速產品開發時程並建立食品安全防護機制。	
3. 菌株分型及鑑別技術： 多重基因座序列分型 (MLST) 利用序列鹼基差異形成菌株之身分辨識資料，常用於菌株之分型及鑑別。本技術利用資料分析法，協助分析常用之持家基因序列型，並以比較基因體技術，從基因體探勘潛在的分析標的，從而建立全基因體之分型鑑別標記。	資訊方法輔助菌株分型之技術平台 建構序列分型之資訊分析平台，協商用菌株之單基因型序列差異點及多重基因座序列分型(MLST)分析，產出之分型格式符合國際流通標準 (pubMLST)，未來可與國際研究社群進行資料交換，以擴充資料庫或成為序列分型比對標準。 

4. 菌相分析技術：

近幾年來透過新世代定序 (new generation sequencing; NGS) 等技術，可以得見微生物組與身體健康具有相當重要的關聯性。協助進行

- 1 樣本收集流程設計
- 2 NGS raw data 處理
- 3 OTU clustering 或 metagenome assembly
- 4 16S amplicon 序列或 metagenome 序列的分析流程
- 5 Metagenome prediction from OTU data
- 6 樣本差異分析



5. 分子構型模擬技術：

利用電腦之運算能力輔助模擬小分子化合物與受體間之交互關係，可加速有特定生理活性之化合物的開發時程。本技術利用定量構效關係 (QSAR)，從化合物的理化性質參數、結構參數，以數學和統計學手段定量小分子可能具有之生理活性。

電腦輔助選擇性植物雌激素篩選平台

