

計畫編號：CCMP95-RD-209

## 行政院衛生署九十五年度科技研究發展計畫

中醫藥人才培訓 IV—中醫藥基因體研究及其核心技術訓練

Development of Human Resources on Chinese Medicine IV  
-Genomic Approach to Chinese Medicine and Its Core  
Techniques Training Program

### 研究報告

計畫委託機關：行政院衛生署中醫藥委員會

計畫主持人：李美賢

研究人員：李美賢等

執行期間：95 年 06 月 20 日至 96 年 06 月 19 日

\* \* 本研究報告僅供參考，不代表本署意見 \* \*

行政院衛生署中醫藥委員會九十五年度  
研究計畫成果報告

中醫藥人才培訓 IV—中醫藥基因體研究及  
其核心技術訓練

**Development of Human Resources on Chinese  
Medicine IV -Genomic Approach to Chinese Medicine  
and Its Core Techniques Training Program**

執行機構：行政院衛生署中醫藥委員會

計畫主持人：李美賢

研究人員：李美賢等

執行期限：95年06月20日至96年06月19日

＊＊ 本研究報告僅供參考，不代表本會意見 ＊＊

編號：CCMP95-RD-209

## 中醫藥人才培訓 IV—中醫藥基因體研究及其核心技術訓練

計畫主持人：李美賢

臺北醫學大學

### 摘要

本計畫由臺北醫學大學主辦，結合中央研究院、台大等資源，舉辦學術研討會與相關核心技術研習會 (Workshop) 的併行以培訓中醫藥基因體學人才，加速推動台灣中醫藥基因體相關研究，使達成中醫藥科學化的長期目標。學術研討會的主旨是邀請中醫藥鑑定純化、中醫藥臨床研究、中醫藥輔助醫療、中醫藥資產保護與技術轉移、基因體醫學、蛋白體與結構基因體，及生物資訊等專家就主題「如何利用基因體學方法來加強並推動中醫藥研究」作切入性的分析及討論。計畫中除專題演講之外，並逐年設有基因體 (Genome)、蛋白體 (Proteome)、結構基因體 (Structural Genome)、生物資訊學(Bioinformatics)、系統生物學(Systems Biology)和代謝體(Metabolome)等核心實驗技術及數據統整分析的現場觀摩與實習，由全國選出多組代表參與，以確實達成技術訓練的宗旨，並積極加強推廣國內中醫藥基因體學相關的研究進展，以在國際上相關的中醫藥整合型研究佔有領先地位。大會參與人數與連線單位人數超過 200 人，參與 workshop 人數為 26 人。參與學員包括學術界、中醫藥與生技產業界、政府相關機構人員、中醫藥公會人員等。

關鍵詞：中醫藥，基因體，蛋白體

# **Development of Human Resources on Chinese Medicine IV -Genomic Approach to Chinese Medicine and Its Core Techniques Training Program**

**Mei-Hsien Lee**

**Taipei Medical University**

## **ABSTRACT**

This project aims to develop domestic human resources on Chinese medicine by organizing the academic conference on genomic approach to Chinese medicine as well as the workshop on genomic core technique training programs. The project is organized by the Taipei Medical University and Academia Sinica. The conference programs are focused on topics including “Genomic medicine, proteomics, structural genomics, bioinformatics, and systems biology approaches on Chinese medicine”, “Identification and purification of Chinese medicine”, “Clinical studies on Chinese medicine”, “Complementary and alternative healing practices on Chinese medicine”, “Intellectual property protection and technical transference on Chinese medicine”. In addition to the scientific conference, the experimental training programs are also provided year by year as core techniques related to genomic medicine, proteome, structural genome, bioinformatics, systems biology, and metabolome. There were over 200 participants attended the conferences and twenty-six participants participated the workshop. This project is developing domestic human resources on Chinese medicine, facilitating to elucidate the genomic medicine on Chinese medicine.

**Keywords :** Chinese Medicine , Genome, Proteome

## 壹、前言

為達成應用後基因體生物技術，即所謂系統生物學(Systems Biology)探討中草藥漢方對人體組織細胞作用之分子藥理分析及對新藥之藥效及毒性作篩選及評估，以達中藥現代科技化並加速與西醫藥理相輔相成。本計畫主旨是邀請中醫藥鑑定純化、中醫藥臨床研究、中醫藥輔助醫療、中醫藥資產保護與技術轉移、基因體醫學、蛋白體與結構基因體，及生物資訊等專家就主題「如何利用基因體學方法來加強並推動中醫藥研究」作切入性的分析及討論。本年度中醫藥基因體研究及其核心技術訓練計畫乃為跨校、跨領域、跨系所的整合型計畫，邀請國內外於中醫藥鑑定純化、中醫藥臨床研究、中醫藥輔助醫療、中醫藥資產保護與技術轉移、基因體醫學、蛋白體與結構基因體，及生物資訊等專家，進行國內於此方面有興趣之人員進行中醫藥基因體研究及其核心技術訓練之人才培訓，希望藉由此人才培訓之課程，讓更多人參與中醫藥基因體相關之研究，提升國內之研究風氣，並將相關成果推向國際舞台，讓中醫藥更受國際肯定。

本計畫除專題演講之外，並結合中醫藥與基因體 (Genome)、蛋白體 (Proteome)、結構基因體 (Structural Genome)、生物資訊 (Bioinformatics)、代謝體(Metabolome)實驗技術及數據統整分析的現場觀摩與實習，以確實達成技術訓練的宗旨。希望代表學員日後在其所屬單位及地區，有能力可繼續從事技術推廣教育之工作。本年度 workshop 重點在中草藥於生物晶片的原理與應用、全面性及專一性基因表現之分析與判讀與二維電泳及質譜儀的原理與應用。

## 貳、材料與方法

- 2006 年 / 8 月 各項經費規劃.講題調整、聯絡講員、會前準備，完成講員之聯絡、演講題目之調整、與講稿之收集。
- 2006 年 / 9 月 宣傳（完成宣傳網頁、宣傳單張、海報等事項，確認報名人員（如附件一、圖 1）。
- 2006 年 / 10 月 會前籌備會與大會（完成會前籌備工作、報名人員之確認、工作人員之訓練等、以及大會與 workshop 之舉辦）。
- 2006 年 / 10 月  
20 – 21 日 「中醫藥人才培訓 IV—中醫藥基因體研究及其核心技術訓練」研討會
- 2006 年 / 10 月  
23 – 27 日 「中醫藥人才培訓 IV—中醫藥基因體研究及其核心技術訓練」workshop
- 2006 年 / 11 月 會後檢討會議，檢討大會與 workshop 之優缺點，以提供下年度舉辦時之參考。
- 2006 年 12 月 ~  
2007 年 6 月 製作 DVD 與講義彙編 (DVD 之剪輯與製作等)、申請 GPN 與 ISBN 碼。

## 參、結果

本計畫主要是利用「大會專題演講」與「workshop 實作」進行中醫藥基因體之相關人才培訓。專題演講會議於九十五年十月二十、二十一日，假臺北醫藥大學 16 樓演講廳舉行；workshop 於九十五年十月二十三至二十七日舉行。

演講內容包括：林宜信主委「台灣中醫藥與基因體學之現況與未來發展方向」、林榮耀院士「現代國際中草藥之尖端研發」、以及中央研究院、臺灣大學、陽明大學、臺北醫藥大學、高雄醫學大學、國家衛生研究院、中國醫藥研究所、工業技術研究院的學者專家，包括：莊榮輝副院長、李宏謨主任、陳水田研究員、施子弼教授、蔡有光教授、歐陽彥正教授、張芳榮所長、曾錙翎組長、李宜融館長、黃奇英研究員、陳燕惠副教授、盧美光副研究員、阮雪芬副教授、許昭萍副研究員、楊棋明副研究員、徐麗芬副研究員、林順福助理教授、黃宣誠助理教授、林榮信助理教授等，就中醫藥、基因體與蛋白質體、生物資訊等議題，包括：「中草藥基原之 DNA 鑑定」、「穩定性同位素於中草藥品質與產地判識之應用」、「中草藥資源之多樣性與利用」、「治療糖尿病的中草藥研發」、「中草藥降血糖及糖尿病藥物之虛擬篩選」、「植物代謝產物體學：研究草藥成分與其生物活性的橋樑」、「應用人體組織幹原細胞系統評估中藥分子藥理之探討」、「單子葉植物的開發與應用」、「基因轉植植物篩選植物雌激素活性天然新資源」、「單核苷酸多型性在中藥開發之應用」、「微陣列資料分析之研究現況與挑戰」、「基因網路之建構與應用」、「基因網絡的建構與模擬—以果蠅的發育為例」、「以基因微陣列模式探討具抗肝纖維化療效之中草藥」、「蛋白質體抗體庫之製備與應用」、「中草藥之蛋白體研究」、「以蛋白質體學模式探討具抗肝纖維化療效之中草藥」、「探討靈芝多醣體於人

類單核球細胞之分子機制：從基因表現到網路建構」、「醣質體學於藥用植物白英脂多醣體之研究」等演講（附件二、圖 2）。

有關基因多型性/蛋白質體/生物資訊 workshop 實習課程方面，（一）基因晶片相關技術，包括：RNA preparation, DNA probe preparation, drug-treatment for reporter-harboring cells, prehybridization, array hybridization, reporter assay, array analysis 等；（二）蛋白質體/生物資訊/系統生物方面，包括：蛋白質體學介紹、蛋白質體學之實驗原理與方法、SDS-PAGE 實驗操作、IPG-IEF 實驗操作、蛋白質體學資料庫介紹、蛋白質身份鑑定實機操作、Bioinformatics 之介紹與實機操作、生物路徑分析軟體介紹等。由台北醫學大學張淑芬老師、中央研究院陳水田老師實驗室指導（附件三、圖 3）。

本計劃以「研討會」與「workshop」形式進行中醫藥基因體研究相關人才之培訓，其目的在結合中醫藥、基因體醫學、蛋白體學及生物資訊等專家，就「如何利用基因體學方法來加強並推動中醫藥研究」作切入性的分析及討論、實驗技術及分析的現場觀摩與實習，以確實達成技術訓練的宗旨。希望代表學員日後在其所屬單位及地區，有能力可繼續從事技術推廣教之工作。本年度之人才培訓課程，除了在臺北醫學大學舉行外，另外也與系統生物學虛擬實驗室研習會合作，在國家衛生研究院、陽明大學、長庚大學、交通大學、中興大學、成功大學、以及中正大學等 7 個地方透過視訊系統分享本研討會精彩的內容，讓中南部學員能就近上課，培訓更多中醫藥人才。參加研討會之學員 95 年 10 月 20 日出席北醫人數 173 人次、連線單位 81 人次，總計 254 人次；10 月 21 日出席北醫人數 198 人次、連線單位 72 人次，總計 270 人次。參加學員身份分布為：學校單位或老師 24.3%、研究生 15.6%、大學部學生 36.5%、研究員 3.4%、政府單位 6.1%、醫院(醫師.藥師) 2.3%、研究助理 4.2%、廠商 6.5%、其他 1.1%（附件

四、表 1)。95 年 10 月 23-27 日 workshop，參加人數為 26 人。參加學員身份分布為：研究生 31%、大學部學生 41%、研究員 11%、醫院(醫師.藥師) 3%、廠商 11%、其他 3% (附件五、表 2)。

有關人才培訓成效指標方面，學員的寶貴意見將提供大會下年度舉辦時的參考改進。課程滿意度之意見調查中，就下列幾項進行評估，非常滿意與滿意的比例如下：演講內容的難易度 43%、演講內容符合多數學員的需求 78%、演講內容對自己從事的業務有實質幫助 91%、演講內容可提升自己的能立即對未來有所助益 90%、演講內容符合自己報名參加本研討會的期望 96%、本研討會整體授課情形 98%、提供講義及相關輔助教材之適當性 96%、本研討會的上課場地 96%、本研討會的上課時間 93%、本研討會茶點及便當之提供與安排 100%。其餘學員表示沒意見(附件六、表 3)。並進一步針對各個講題內容進行滿意度調查，提供大會參考。並於研討會與 workshop 結束後，召開會後之檢討會議 (附件七、表 4)，針對研討會與 workshop 進行過程之優缺點進行討論，提供下依年度計劃進行時之參考，本年度研討會與 workshop 進行並未申請終身學習認證或是中醫藥相關學分認證。下年年度舉辦時，擬事先向中醫師公會、臨床醫學會等相關醫藥學會申請認證。

今年執行此計畫，為擴大成果，除了在會前分別編印大會與 workshop 講義內容，在取得演講者錄影授權之內容，將今年度培訓課程內容匯集成 DVD 及精要彙編，供從事中醫藥基因體人員參考。為傳統中醫藥理論尋求實證，促進中醫藥現代化與科學化，將完成 800 套 DVD 與 500 份精裝本精要彙編，送交中醫藥委員會。希望此 DVD(附件八、圖 4)及精要彙編(附件九、圖 5)對日後從事中醫藥基因體相關研究有所助益。

# Workshop 1 與 workshop 2 的成果說明

**Workshop 1**：包括基因晶片相關技術 workshop (台北醫學大學細胞與分子生物研究所張淑芬老師協助)

## Day 1

Lab introduction

RNA preparation

DNA probe preparation

Drug-treatment for reporter-harboring cells

Prehybridization

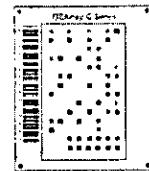
Array Hybridization

## Day 2

Reporter Assay

Array analysis

# Inflammatory Cytokines & Receptors Oligo-Array



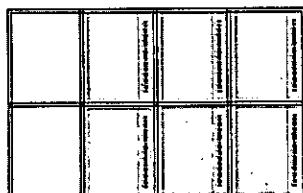
⇒ 113 key genes involved in the inflammatory response

**Low-density arrays (2.5x3.8 cm)**

**Gene-specific oligonucleotides (25 to 80 nucleotides)**

**Nylon membrane, non-contact printing**

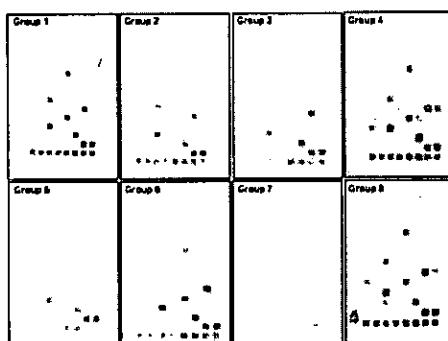
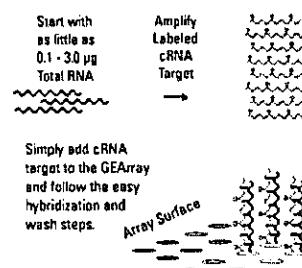
**Low cost; No special equipment required**



張淑芬 助教授/細胞分子生物研究所/台北醫學大學

## 實驗流程及結果

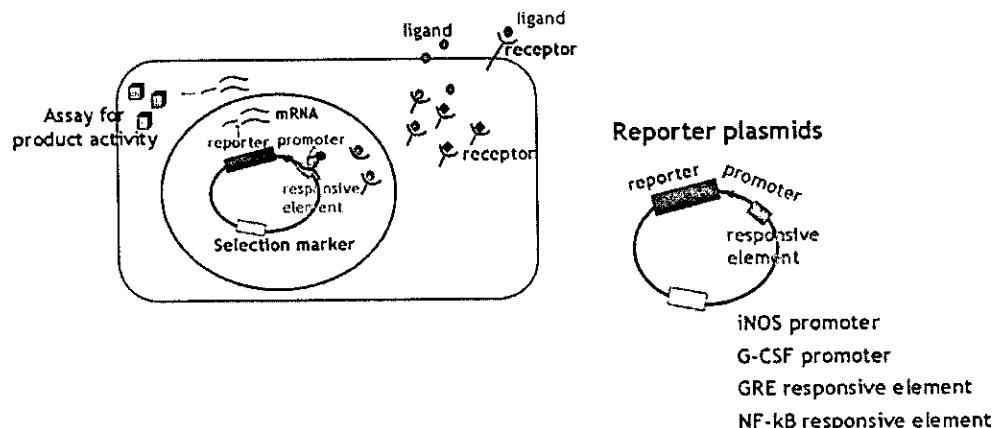
- Step1 Treatment macrophage cells with Chinese herbs
- Step2 Total RNA extraction
- Step3 Preparation of labeled cRNA
- Step4 Hybridization with array
- Step5 Washing and signal development
- Step6 Image acquisition
- Step7 Data analysis



張淑芬 助教授/細胞分子生物研究所/台北醫學大學

# Cell-based *in vitro* drug screening on gene promoter activity

⇒ High Through-Put Screening Assays  
Cell-based assay

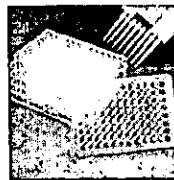


張淑芬 劉致堯/細胞分子生物研究所/台北醫學大學

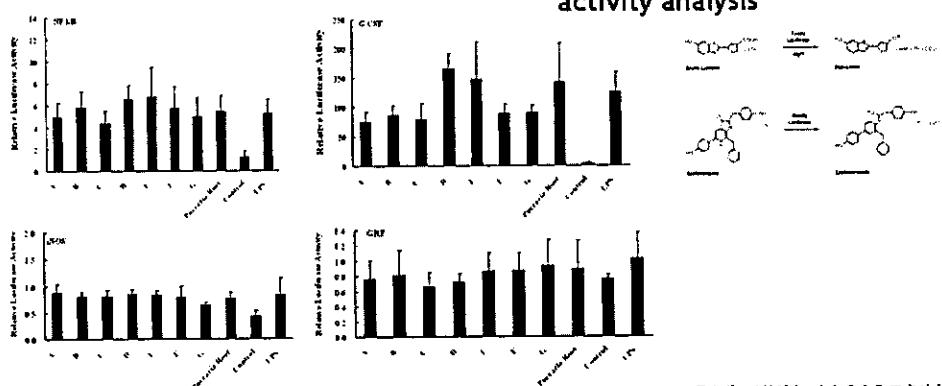
## 實驗流程大綱

Reporter plasmid -transfected cells  
grown in 96-well plates

→ Treated with various  
compounds  
↓ 24 hr



Reporter-Luciferase  
activity analysis



張淑芬 劉致堯/細胞分子生物研究所/台北醫學大學

**Workshop 2**：蛋白質體/生物資訊/系統生物學（由中央研究院生化所陳水田老師實驗室與台大生科系阮雪芬老師實驗室協助）

於實驗室中架設無線網路，請學員攜帶筆記型電腦，現場實際操作。

### **Day 3**

Part I: Proteomics (I)

蛋白質體學介紹（中研院生化所 陳水田教授實驗室）

實驗操作(一)：IPG-IEF 實驗操作

Part II: Bioinformatics

蛋白質體學資料庫介紹（台大生科系 阮雪芬老師實驗室）

實驗操作(二)：Bioinformatics 實機操作

### **Day 4**

Part III: Proteomics (II)

蛋白質體學之實驗原理與方法（中研院生化所陳水田教授實驗室）

實驗操作(三)：SDS-PAGE 實驗操作

實驗操作(四)：In gel digestion 實驗操作(I)

實例探討：中草藥應用於內皮細胞抗發炎之系統生物學研究（中研院生化所陳水田教授實驗室）

## Day 5

實驗操作(五)：In gel digestion 實驗操作(II)

實驗操作(六)：蛋白質身份鑑定實機操作

生物路徑分析軟體介紹與操作（台大生科系阮雪芬老師實驗室）

綜合討論

- Two-dimensional gel electrophoresis

IEF Procedure – use the IPG strips



Casting IPG on the second dimension



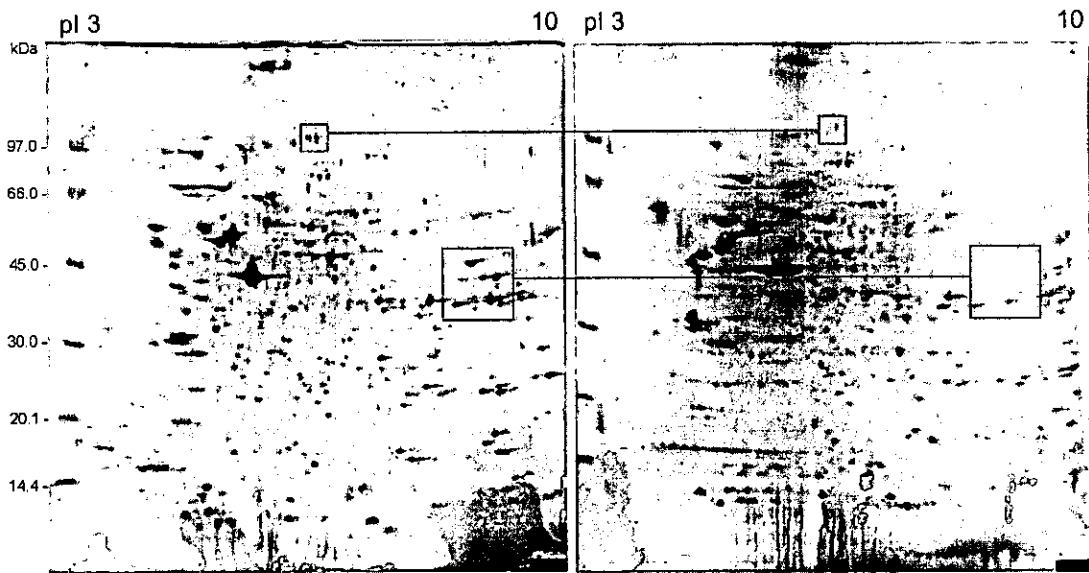
Coomassie Brilliant Blue Staining



- In-Gel digestion

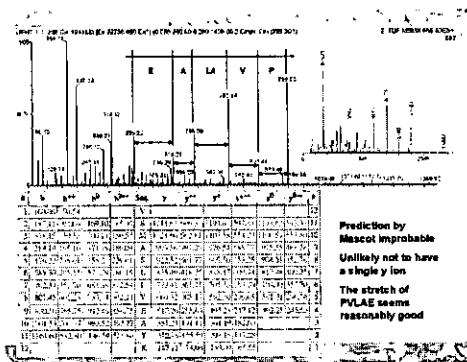
- MALDI or API-Q-TOF Mass for analysis

## Results



MALDI Mass for analysis

# 實際操作



### Peptide定性搜索

Peptide mass图谱法  
在MS/MS检测器分析肽类物质时，可直接得到肽类物质的质谱图。通过与已知蛋白的质谱图进行比较，可以鉴定出未知蛋白。

Peptide ID法  
通过测定氨基酸序列，结合已知蛋白的氨基酸序列，从而确定出未知蛋白。

Mass value法  
利用氨基酸的分子量之和，通过与已知蛋白的分子量之和进行比较，从而确定出未知蛋白。

数据库  
蒙特卡洛法  
结合不同数据库的氨基酸序列信息，通过统计学方法，从而确定出未知蛋白。

Peptide Mass Fingerprint

Y-axis: m/z  
X-axis: Intensity (%)  
Search term: Human  
Sequence: Human  
Sequence type: Human  
Database: Human  
Peptide mass: 120  
Mass tolerance: 10 ppm  
Retention time: 10 min  
Report file: 20.prt [View Report]

### Peptide定量搜索

石墨炉原子吸收光谱法  
在MS/MS检测器分析肽类物质时，可直接得到肽类物质的质谱图。通过与已知蛋白的质谱图进行比较，可以鉴定出未知蛋白。

Probability Based  
MASCOT MS/MS Ion Search  
通过测定氨基酸序列，结合已知蛋白的氨基酸序列，从而确定出未知蛋白。

Peptide ID法  
通过测定氨基酸序列，结合已知蛋白的氨基酸序列，从而确定出未知蛋白。

Mass value法  
利用氨基酸的分子量之和，通过与已知蛋白的分子量之和进行比较，从而确定出未知蛋白。

Database  
蒙特卡洛法  
结合不同数据库的氨基酸序列信息，通过统计学方法，从而确定出未知蛋白。

Peptide Summary Report

Y-axis: m/z  
X-axis: Intensity (%)  
Report file: 20.prt [View Report]

### Peptide定量搜索

石墨炉原子吸收光谱法  
在MS/MS检测器分析肽类物质时，可直接得到肽类物质的质谱图。通过与已知蛋白的质谱图进行比较，可以鉴定出未知蛋白。

Probability Based  
MASCOT MS/MS Ion Search  
通过测定氨基酸序列，结合已知蛋白的氨基酸序列，从而确定出未知蛋白。

Peptide ID法  
通过测定氨基酸序列，结合已知蛋白的氨基酸序列，从而确定出未知蛋白。

Mass value法  
利用氨基酸的分子量之和，通过与已知蛋白的分子量之和进行比较，从而确定出未知蛋白。

Database  
蒙特卡洛法  
结合不同数据库的氨基酸序列信息，通过统计学方法，从而确定出未知蛋白。

Peptide Mass Fingerprint

Y-axis: m/z  
X-axis: Intensity (%)  
Search term: Human  
Sequence: Human  
Sequence type: Human  
Database: Human  
Peptide mass: 120  
Mass tolerance: 10 ppm  
Retention time: 10 min  
Report file: 20.prt [View Report]

### Peptide定量搜索

石墨炉原子吸收光谱法  
在MS/MS检测器分析肽类物质时，可直接得到肽类物质的质谱图。通过与已知蛋白的质谱图进行比较，可以鉴定出未知蛋白。

Probability Based  
MASCOT MS/MS Ion Search  
通过测定氨基酸序列，结合已知蛋白的氨基酸序列，从而确定出未知蛋白。

Peptide ID法  
通过测定氨基酸序列，结合已知蛋白的氨基酸序列，从而确定出未知蛋白。

Mass value法  
利用氨基酸的分子量之和，通过与已知蛋白的分子量之和进行比较，从而确定出未知蛋白。

Database  
蒙特卡洛法  
结合不同数据库的氨基酸序列信息，通过统计学方法，从而确定出未知蛋白。

Peptide Summary Report

Y-axis: m/z  
X-axis: Intensity (%)  
Report file: 20.prt [View Report]

### Peptide定性搜索

石墨炉原子吸收光谱法  
在MS/MS检测器分析肽类物质时，可直接得到肽类物质的质谱图。通过与已知蛋白的质谱图进行比较，可以鉴定出未知蛋白。

Probability Based  
MASCOT MS/MS Ion Search  
通过测定氨基酸序列，结合已知蛋白的氨基酸序列，从而确定出未知蛋白。

Peptide ID法  
通过测定氨基酸序列，结合已知蛋白的氨基酸序列，从而确定出未知蛋白。

Mass value法  
利用氨基酸的分子量之和，通过与已知蛋白的分子量之和进行比较，从而确定出未知蛋白。

ICAT在此检测不全，样品未检测到任何蛋白表达量，可能与蛋白表达量过低或表达量过少有关。

Database  
蒙特卡洛法  
结合不同数据库的氨基酸序列信息，通过统计学方法，从而确定出未知蛋白。

Peptide Mass Fingerprint

Y-axis: m/z  
X-axis: Intensity (%)  
Search term: Human  
Sequence: Human  
Sequence type: Human  
Database: Human  
Peptide mass: 120  
Mass tolerance: 10 ppm  
Retention time: 10 min  
Report file: 20.prt [View Report]

### Peptide定量搜索

石墨炉原子吸收光谱法  
在MS/MS检测器分析肽类物质时，可直接得到肽类物质的质谱图。通过与已知蛋白的质谱图进行比较，可以鉴定出未知蛋白。

Probability Based  
MASCOT MS/MS Ion Search  
通过测定氨基酸序列，结合已知蛋白的氨基酸序列，从而确定出未知蛋白。

Peptide ID法  
通过测定氨基酸序列，结合已知蛋白的氨基酸序列，从而确定出未知蛋白。

Mass value法  
利用氨基酸的分子量之和，通过与已知蛋白的分子量之和进行比较，从而确定出未知蛋白。

Database  
蒙特卡洛法  
结合不同数据库的氨基酸序列信息，通过统计学方法，从而确定出未知蛋白。

Peptide Summary Report

Y-axis: m/z  
X-axis: Intensity (%)  
Report file: 20.prt [View Report]

### Peptide定量搜索

石墨炉原子吸收光谱法  
在MS/MS检测器分析肽类物质时，可直接得到肽类物质的质谱图。通过与已知蛋白的质谱图进行比较，可以鉴定出未知蛋白。

Probability Based  
MASCOT MS/MS Ion Search  
通过测定氨基酸序列，结合已知蛋白的氨基酸序列，从而确定出未知蛋白。

Peptide ID法  
通过测定氨基酸序列，结合已知蛋白的氨基酸序列，从而确定出未知蛋白。

Mass value法  
利用氨基酸的分子量之和，通过与已知蛋白的分子量之和进行比较，从而确定出未知蛋白。

Database  
蒙特卡洛法  
结合不同数据库的氨基酸序列信息，通过统计学方法，从而确定出未知蛋白。

Peptide Mass Fingerprint

Y-axis: m/z  
X-axis: Intensity (%)  
Search term: Human  
Sequence: Human  
Sequence type: Human  
Database: Human  
Peptide mass: 120  
Mass tolerance: 10 ppm  
Retention time: 10 min  
Report file: 20.prt [View Report]

### Peptide定量搜索

石墨炉原子吸收光谱法  
在MS/MS检测器分析肽类物质时，可直接得到肽类物质的质谱图。通过与已知蛋白的质谱图进行比较，可以鉴定出未知蛋白。

Probability Based  
MASCOT MS/MS Ion Search  
通过测定氨基酸序列，结合已知蛋白的氨基酸序列，从而确定出未知蛋白。

Peptide ID法  
通过测定氨基酸序列，结合已知蛋白的氨基酸序列，从而确定出未知蛋白。

Mass value法  
利用氨基酸的分子量之和，通过与已知蛋白的分子量之和进行比较，从而确定出未知蛋白。

Database  
蒙特卡洛法  
结合不同数据库的氨基酸序列信息，通过统计学方法，从而确定出未知蛋白。

Peptide Summary Report

Y-axis: m/z  
X-axis: Intensity (%)  
Report file: 20.prt [View Report]

### Peptide定序鑑定

- 右側結果欄顯示之部份。

- 蛋白Probability Based

Mowse Score中綠色區域代表  
可信度較高的搜尋結果，而  
綠色區域以外有一支分配234  
分的有效搜尋結果，可對應  
到下方氨基酸P24142的純  
蛋白質。

- 私有P24142檢驗氨基酸序  
列資訊。

●紅色區域為過之部份代  
表可信度較低之搜尋結果而此  
些 peptide 資料也可檢視  
序列化的資訊。

### Peptide定序鑑定

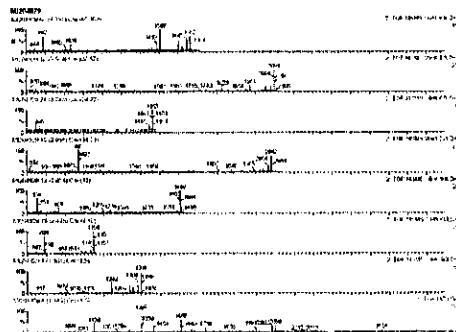
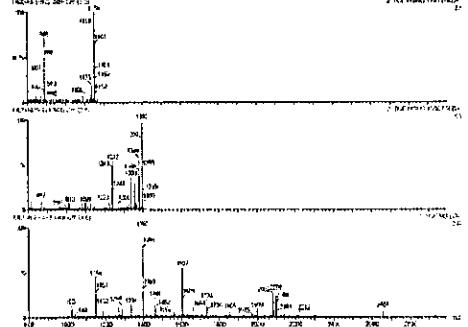
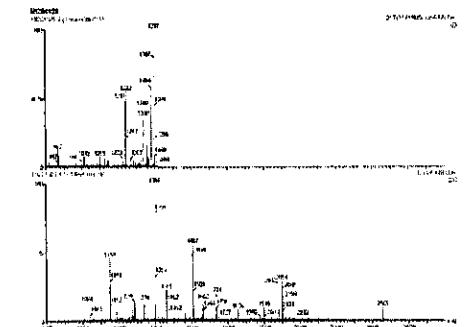
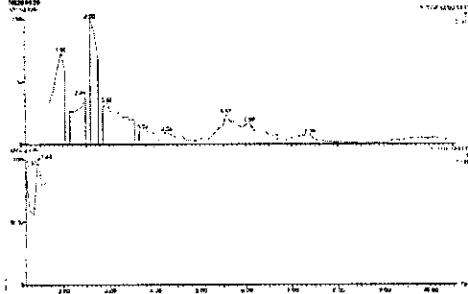
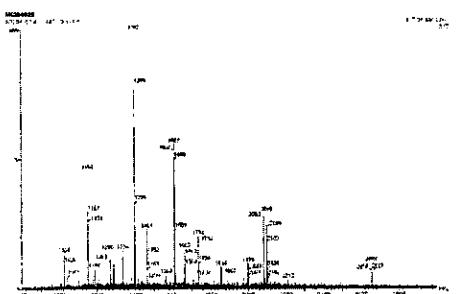
- 右側是搜尋結果之部份。

- 蛋白Probability Based

Mowse Score中綠色區域代表  
可信度較高的搜尋結果，而  
綠色區域以外有一支分配234  
分的有效搜尋結果，可對應  
到下方氨基酸P24142的純  
蛋白質。

- 私有P24142檢驗氨基酸序  
列資訊。

●紅色區域為過之部份代  
表可信度較低之搜尋結果而此  
些 peptide 資料也可檢視  
序列化的資訊。

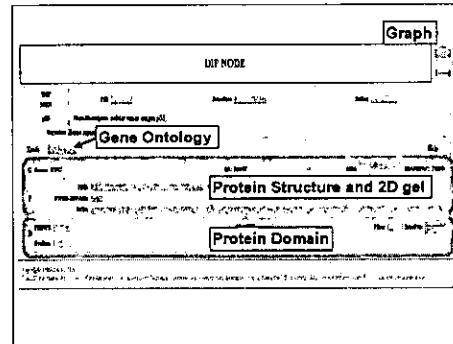
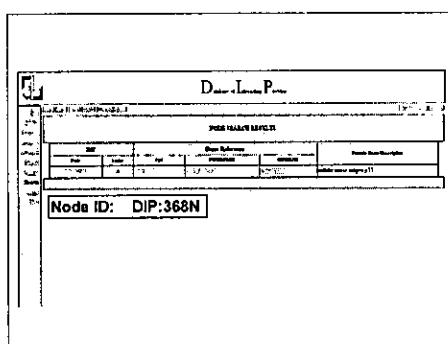
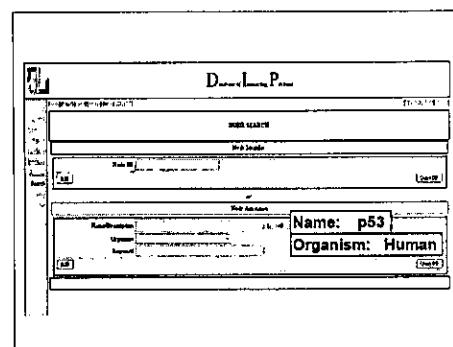
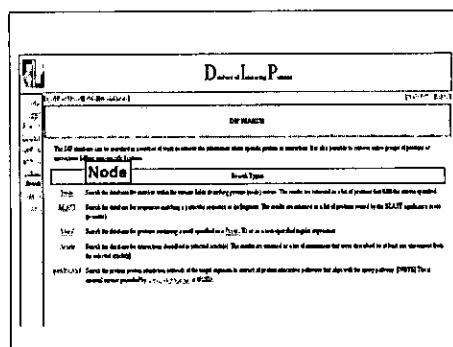
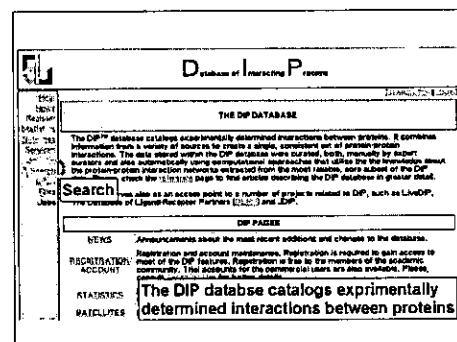


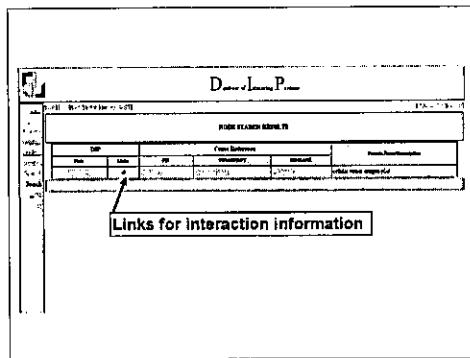
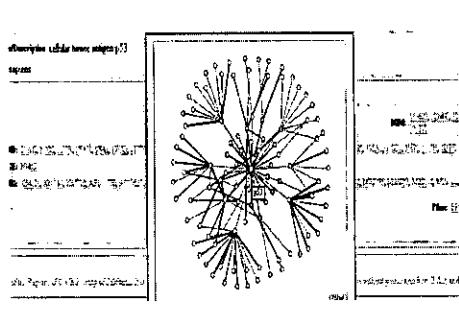
## Exercises

- What are the Swiss-Prot ID, Accession Number and Protein Name of your Protein?
  - What is the length of your Protein?
  - What is the Molecular functions of your Protein?
  - Please indicate the Mutation sites on your Protein.
  - Please list the post-translational modification types and sites of your Protein.

DIP (Database of  
Interacting Proteins)

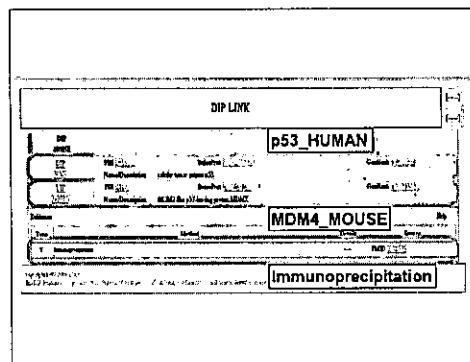
<http://dip.doe-mbi.ucla.edu/>





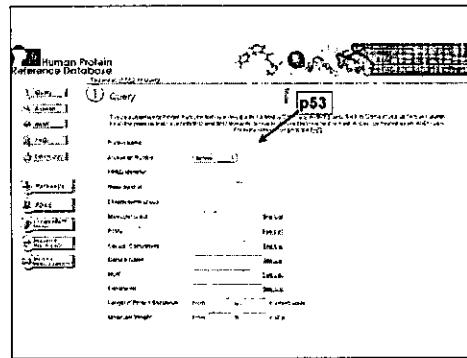
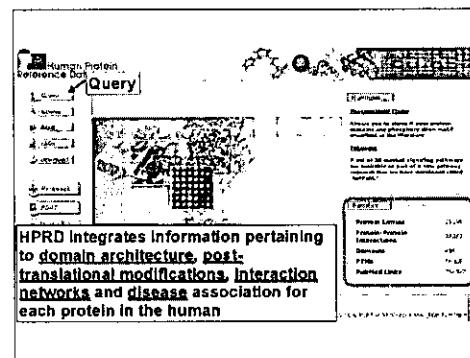
Interaction		Interactor	
Result	Type	ID	Description
1	Protein-protein	DIP_1	Direct contact, Co-localization, Co-expression, Co-function, Co-regulation
2	Protein-DNA	DIP_2	Co-localization, Co-expression, Co-function, Co-regulation
3	Protein-RNA	DIP_3	Co-localization, Co-expression, Co-function, Co-regulation
4	Protein-nucleic acid	DIP_4	Co-localization, Co-expression, Co-function, Co-regulation
5	Protein-protein	DIP_5	Co-localization, Co-expression, Co-function, Co-regulation
6	Protein-DNA	DIP_6	Co-localization, Co-expression, Co-function, Co-regulation
7	Protein-RNA	DIP_7	Co-localization, Co-expression, Co-function, Co-regulation
8	Protein-nucleic acid	DIP_8	Co-localization, Co-expression, Co-function, Co-regulation
9	Protein-protein	DIP_9	Co-localization, Co-expression, Co-function, Co-regulation
10	Protein-DNA	DIP_10	Co-localization, Co-expression, Co-function, Co-regulation
11	Protein-RNA	DIP_11	Co-localization, Co-expression, Co-function, Co-regulation
12	Protein-nucleic acid	DIP_12	Co-localization, Co-expression, Co-function, Co-regulation
13	Protein-protein	DIP_13	Co-localization, Co-expression, Co-function, Co-regulation
14	Protein-DNA	DIP_14	Co-localization, Co-expression, Co-function, Co-regulation
15	Protein-RNA	DIP_15	Co-localization, Co-expression, Co-function, Co-regulation
16	Protein-nucleic acid	DIP_16	Co-localization, Co-expression, Co-function, Co-regulation
17	Protein-protein	DIP_17	Co-localization, Co-expression, Co-function, Co-regulation
18	Protein-DNA	DIP_18	Co-localization, Co-expression, Co-function, Co-regulation
19	Protein-RNA	DIP_19	Co-localization, Co-expression, Co-function, Co-regulation
20	Protein-nucleic acid	DIP_20	Co-localization, Co-expression, Co-function, Co-regulation
21	Protein-protein	DIP_21	Co-localization, Co-expression, Co-function, Co-regulation
22	Protein-DNA	DIP_22	Co-localization, Co-expression, Co-function, Co-regulation
23	Protein-RNA	DIP_23	Co-localization, Co-expression, Co-function, Co-regulation
24	Protein-nucleic acid	DIP_24	Co-localization, Co-expression, Co-function, Co-regulation
25	Protein-protein	DIP_25	Co-localization, Co-expression, Co-function, Co-regulation
26	Protein-DNA	DIP_26	Co-localization, Co-expression, Co-function, Co-regulation
27	Protein-RNA	DIP_27	Co-localization, Co-expression, Co-function, Co-regulation

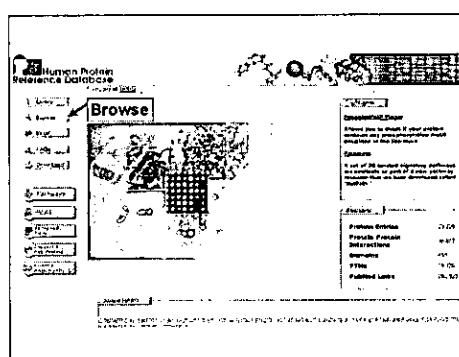
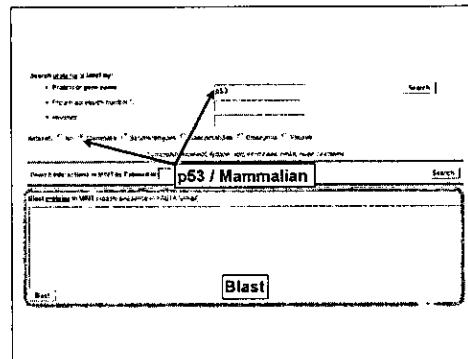
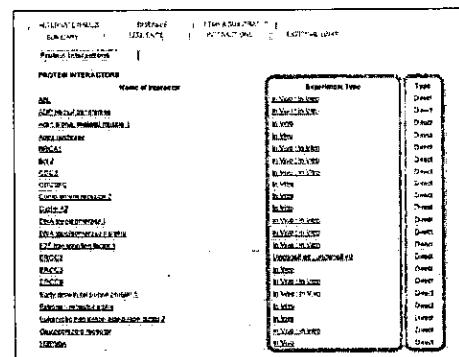
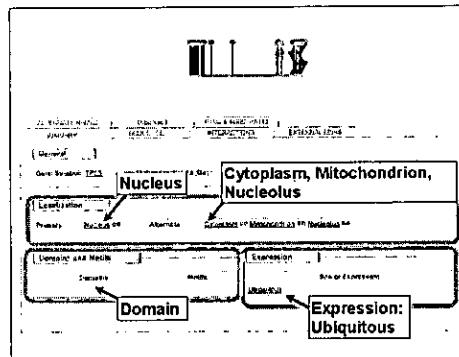
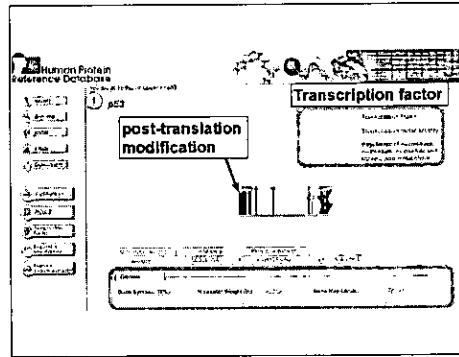
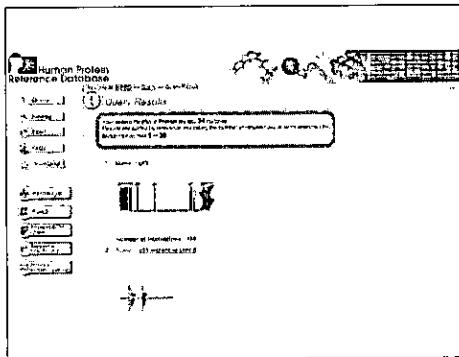
DIP SEARCH RESULTS		Interactor	
ID	Name	ID	Description
DIP_1	p53_HUMAN	DIP_1	Direct contact, Co-localization, Co-expression, Co-function, Co-regulation
DIP_2	MDM4_MOUSE	DIP_2	Co-localization, Co-expression, Co-function, Co-regulation
DIP_3		DIP_3	
DIP_4		DIP_4	
DIP_5		DIP_5	
DIP_6		DIP_6	
DIP_7		DIP_7	
DIP_8		DIP_8	
DIP_9		DIP_9	
DIP_10		DIP_10	
DIP_11		DIP_11	
DIP_12		DIP_12	
DIP_13		DIP_13	
DIP_14		DIP_14	
DIP_15		DIP_15	
DIP_16		DIP_16	
DIP_17		DIP_17	
DIP_18		DIP_18	
DIP_19		DIP_19	
DIP_20		DIP_20	
DIP_21		DIP_21	
DIP_22		DIP_22	
DIP_23		DIP_23	
DIP_24		DIP_24	
DIP_25		DIP_25	
DIP_26		DIP_26	
DIP_27		DIP_27	

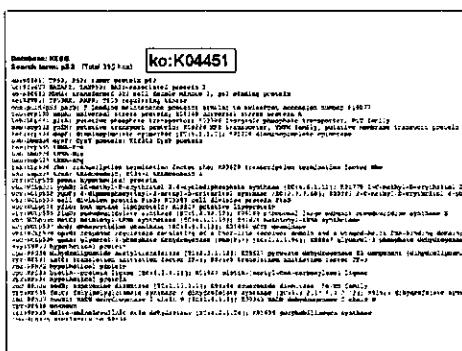
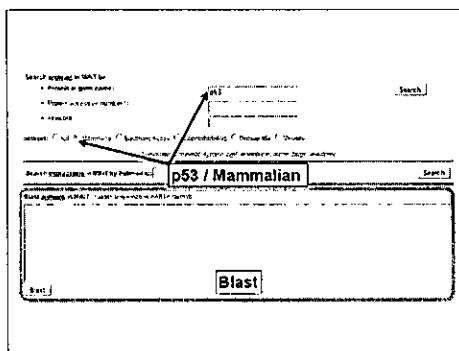
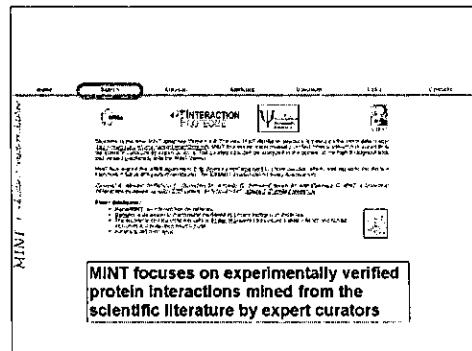
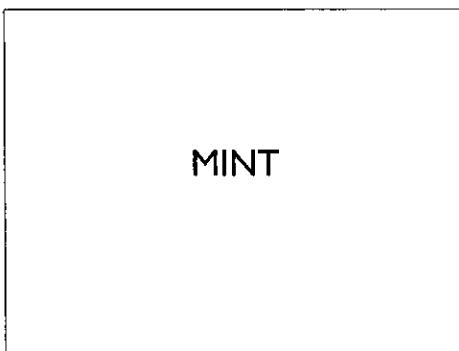
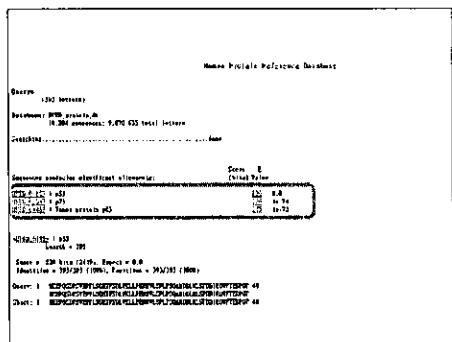
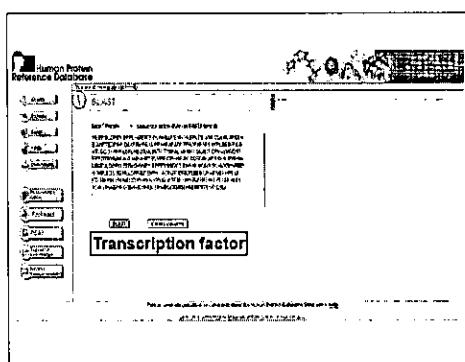
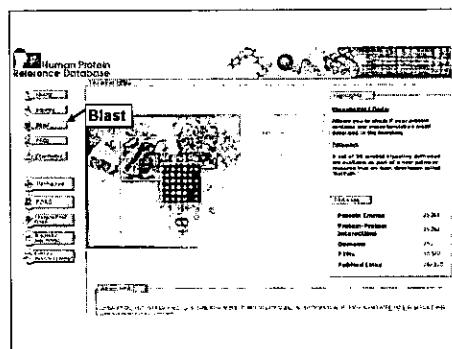
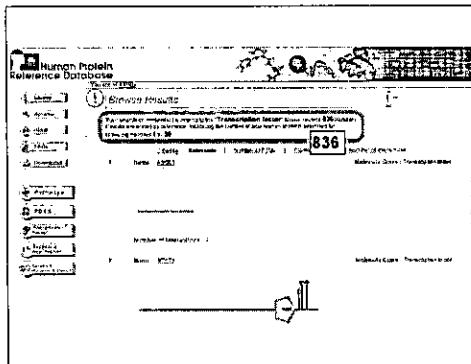


## HPRD (Human Protein Reference Database)

<http://www.hprd.org>

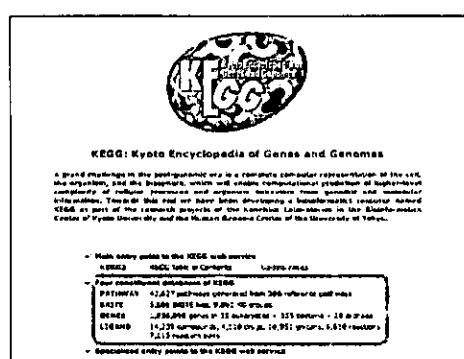
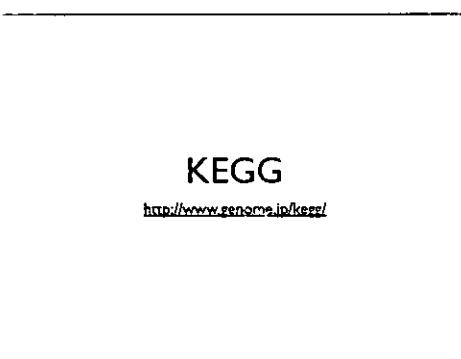
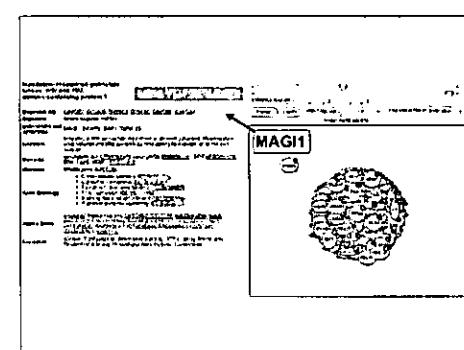
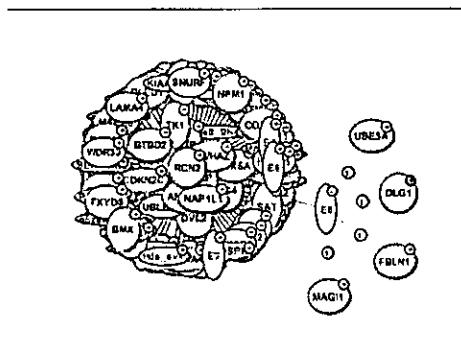
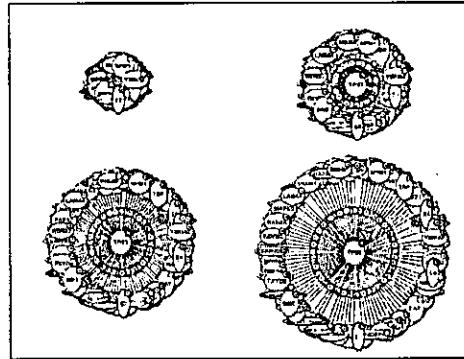
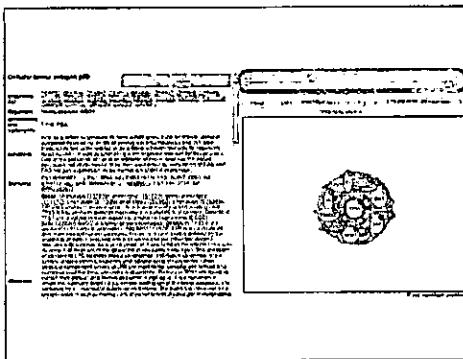






KEGG Pathway Database  
Pathway ID: hsa04010  
Pathway Name: Tissue response to oxygen deprivation  
Pathway Description: Tissue response to oxygen deprivation  
Pathway URL: <http://www.genome.jp/kegg/hsa04010.html>  
Pathway View: <http://www.genome.jp/kegg/hsa04010.html>

MINT View  
Cytoscape Network View  
KEGG Pathway ID: hsa04010  
Pathway Name: Tissue response to oxygen deprivation  
Pathway Description: Tissue response to oxygen deprivation  
Pathway URL: <http://www.genome.jp/kegg/hsa04010.html>  
Pathway View: <http://www.genome.jp/kegg/hsa04010.html>



**Search results for 'KRGZ' in the KEGIS web service**

KEGIS ID	KEGIS Name or Category	Update Value
<b>KRGZ</b>	KRGZ Radio of Central Asia	
<b>KEGIS</b>	KRGZ Information System	
<b>KEGIS</b>	KRGZ Information System	
<b>PATHWAY</b>	43,627 part-time personnel from 106 reference pathway	
<b>RADIO</b>	5,463 RADIO REG, 7,000: 10 annual	
<b>GENCO</b>	,616,658 private 35,000 employees + 355 nuclear + 28 ammonia	
<b>LICENSING</b>	1,133 companies, 4,113 sites, 16,951 persons, 6,810 reactors 7,115 recent cases	

**Specialized entity entry point in the KEGIS web service**

KEGIS Organization	Create	Organize	Go	Clear	(Example: <a href="#">KEGIS</a> )
<b>ZAG OYUNN REACTOR SYSTEM</b>	<b>[p53]</b>	Announcer			

**Quick search by SUBJECT**

Search [KEGIS]  [Go] (Example: [Announcer](#))

**Information**

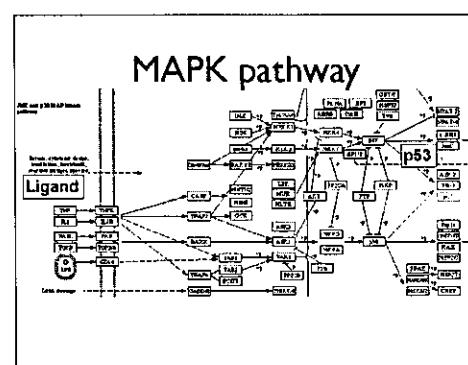
User Relations	KEGIS Territories	KEGIS	Generated
Relations	KEGIS Territories	KEGIS	777 entries
Total	Total	KEGIS-AP	1 day old

**Feedback**

Release notes	Disclaimer
KEGIS Database 40.0, October 2006 (plus daily updates)	

The screenshot shows the STRING software interface. At the top, there are tabs for Home, Download, Help/Info, and a logo for STRING. Below the tabs is a search bar with the placeholder "Search STRING". The main area displays a network graph where nodes represent proteins and edges represent interactions. A legend on the left identifies node types: Human proteins (green), Human metabolites (blue), Human small molecules (orange), and Human diseases (red). A tooltip for a green node provides detailed information: "Protein-protein interaction (PPI) (Homo sapiens) (Human)" with ID 17052. It lists various interaction partners and their details, such as "Protein-protein interaction (PPI) (Homo sapiens) (Human)" with ID 17053, which is "Interferon-induced protein 3 (IFI44L) (Human)" with a score of 0.999. At the bottom, there are buttons for "Save & Parameters", "Import", "Export", "Download", "Compress", "Help", "About", "Exit", and "Documentation".

Kegg		Home sapiens (human):7167		Pathway	
Entry	7167	CGD	2-oxopentenoate		
Gene name	PTGCR				
Description	2-oxopentenoate hydroxylase (2-hydroxyaciduria syndrome)				
KEGG	hsa04110	LXR/RXR activation	PPAR signaling pathway		
Pathway	hsa04110	LXR/RXR activation	PPAR signaling pathway		
	PATH:hsa04110	Cytokine-cytokine receptor interaction			
	PATH:hsa04110	Wnt signaling pathway			
	PATH:hsa04110	Hedgehog signaling pathway			
	PATH:hsa04110	Notch signaling pathway			
	PATH:hsa04110	Rheumatoid arthritis			
	PATH:hsa04110	Psoriasis			
	PATH:hsa04110	Alzheimer's disease			
	PATH:hsa04110	Macrophage activation			
	PATH:hsa04110	Glioma			
Class					
		Drug target			
DBSN		Dithranol, Ketaconazole			
Model		PTGCR	PTGCR		
		PTGCR	PTGCR		
		PTGCR	PTGCR		
Other Info		PTGCR	PTGCR		
		PTGCR	PTGCR		
		PTGCR	PTGCR		
Linkage		PTGCR	PTGCR		
Position		17q12-q13			
Alt Name		PTGCR	2-oxopentenoate		
		PTGCR	2-oxopentenoate hydroxylase		
		PTGCR	2-hydroxyaciduria syndrome		



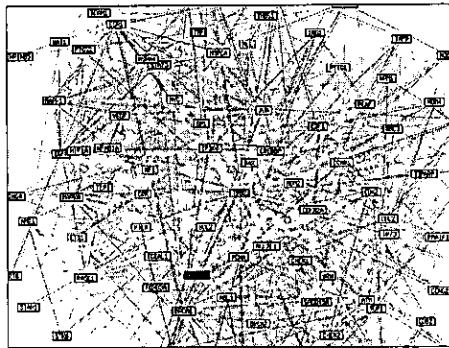
Kf <sub>CC</sub> COMPOUND: C00338		Compound	
Entity	C00338		
Name	(1E,3E)-hexapentaene		
Chemical Formula	C <sub>6</sub> H <sub>10</sub>		
Reaction	KO1934 KO1945 KO1956 KO1967 KP4477 K05054		
Pathway	PATH: map04101 MAPK signalling pathway PATH: map04102 Regulation of actin cytoskeleton		
Enzyme	2.4.1.44 2.4.1.180 3.2.1.141	2.4.1.54	2.4.1.73
Other DBs	PubChem: 3631		
LinkDB	All URLs		

 <b>KEGG PATHWAY Database</b> Woring diagram of molecular interactions, pathways, and cofactors
<p><b>KEGG2 KEG ID PATHWAY BRITE GENES SGDDB LIGAND DRUG DBEST</b></p> <p><b>Pathway Maps</b></p> <p>KEGG PATHWAY is a collection of manually drawn pathway maps representing our knowledge of the molecular interaction and reaction networks.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>1. Metabolism           <ul style="list-style-type: none"> <li>1.1. Carbohydrate Metabolism</li> <li>1.2. Lipid Metabolism</li> <li>1.3. Amino Acid Metabolism</li> <li>1.4. Nucleotide Metabolism</li> <li>1.5. Secondary Metabolism</li> <li>1.6. Xenobiotics Biodegradation and Detoxification</li> <li>1.7. Energy</li> <li>1.8. Cell Cycle</li> <li>1.9. Protein Processing</li> <li>1.10. Cellular Processes</li> <li>1.11. Human Disease</li> <li>1.12. Pathways in Disease</li> <li>1.13. Drug Development</li> </ul> </li> </ul> <p>of Search PATHWAY by [ <input type="text"/> ] [ Go ] [ Clear ]</p> <p>N: <input checked="" type="checkbox"/> D: <input type="checkbox"/> R: <input type="checkbox"/></p> <p><b>1. Metabolism</b></p> <p>1.1. Carbohydrate Metabolism  <math>\downarrow</math> Glycogen, Glycolysis, Pentose Phosphate Pathway, etc.</p> <p>1.2. Lipid Metabolism  <math>\downarrow</math> Fatty Acid Biosynthesis, Lipid Cycle, etc.</p> <p>1.3. Amino Acid Metabolism  <math>\downarrow</math> Glutamyl Cycle, Tryptophan Biosynthesis, etc.</p> <p>1.4. Nucleotide Metabolism  <math>\downarrow</math> Pyrimidine Biosynthesis, Purine Biosynthesis, etc.</p> <p>1.5. Secondary Metabolism  <math>\downarrow</math> Flavonoid Biosynthesis, etc.</p> <p>1.6. Xenobiotics Biodegradation and Detoxification  <math>\downarrow</math> Biodegradation of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons, etc.</p> <p>1.7. Energy  <math>\downarrow</math> Glycolysis, Citric Acid Cycle, etc.</p> <p>1.8. Cell Cycle  <math>\downarrow</math> Cell Cycle, Cell Division, etc.</p> <p>1.9. Protein Processing  <math>\downarrow</math> Proteasome, Endoplasmic Reticulum, etc.</p> <p>1.10. Cellular Processes  <math>\downarrow</math> Cell Death, Cell Differentiation, etc.</p> <p>1.11. Human Disease  <math>\downarrow</math> Alzheimer's Disease, Parkinson's Disease, etc.</p> <p>1.12. Pathways in Disease  <math>\downarrow</math> Amyloid Precursor Protein Processing, etc.</p> <p>1.13. Drug Development  <math>\downarrow</math> Cytokines, Chemokines, etc.</p>

KEGG LIGAND Database																			
STRUCTURE BUILDING BLOCKS OF LIFE IN THE CHEMICAL WORLD																			
<a href="#">HOME</a>	<a href="#">LIGAND</a>																		
<a href="#">ID</a>	<a href="#">DRUGS</a>																		
<a href="#">PATHWAY</a>	<a href="#">DIRECT</a>																		
<a href="#">BRITE</a>																			
<a href="#">GENE</a>																			
<a href="#">SSDB</a>																			
<b>LIGAND</b>																			
<a href="#">Chemical Entities and Reactions</a>																			
<p>KEGG LIGAND contains our knowledge on the chemical building blocks of reactions that are related to life. It is composed of three primary systems of COMPOUND, DRUG, REACTION, PATHWAY and ENZYME databases. It is built from the Entrez Nucleotide, but the others are stand-alone databases.</p>																			
<table border="1"> <thead> <tr> <th>Database</th> <th>Identifier</th> <th>Comments</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>COMPOUND</td> <td>C number, Chemical component ID, KEGG ID</td> <td>entry count 1000000</td> </tr> <tr> <td>DRUG</td> <td>D number, Drug structure</td> <td>10000 DRUGS</td> </tr> <tr> <td>REACTION</td> <td>R number, Reaction ID, Reactions</td> <td>10000 REACTIONS</td> </tr> <tr> <td>PATHWAY</td> <td>P number, Pathway ID, Pathways</td> <td>10000 PATHWAYS</td> </tr> <tr> <td>ENZYME</td> <td>E number, Enzyme ID, Enzymes</td> <td>10000 ENZYMES</td> </tr> </tbody> </table>		Database	Identifier	Comments	COMPOUND	C number, Chemical component ID, KEGG ID	entry count 1000000	DRUG	D number, Drug structure	10000 DRUGS	REACTION	R number, Reaction ID, Reactions	10000 REACTIONS	PATHWAY	P number, Pathway ID, Pathways	10000 PATHWAYS	ENZYME	E number, Enzyme ID, Enzymes	10000 ENZYMES
Database	Identifier	Comments																	
COMPOUND	C number, Chemical component ID, KEGG ID	entry count 1000000																	
DRUG	D number, Drug structure	10000 DRUGS																	
REACTION	R number, Reaction ID, Reactions	10000 REACTIONS																	
PATHWAY	P number, Pathway ID, Pathways	10000 PATHWAYS																	
ENZYME	E number, Enzyme ID, Enzymes	10000 ENZYMES																	
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Search LIGAND</a> <input type="checkbox"/> <a href="#">Help</a> <input type="checkbox"/> <a href="#">Log In</a>																			
<input checked="" type="checkbox"/> <a href="#">Send mail</a> <input type="checkbox"/> <a href="#">Ask mail</a>																			

## STRING

<http://string.embl-heidelberg.de/>



## 肆、討論

本計劃以「研討會」與「workshop」形式進行中醫藥基因體研究相關人才之培訓，其目的在結合中醫藥、基因體醫學、蛋白體學及生物資訊等專家，就「如何利用基因體學方法來加強並推動中醫藥研究」作切入性的分析及討論、實驗技術及分析的現場觀摩與實習，以確實達成技術訓練的宗旨。希望代表學員日後在其所屬單位及地區，有能力可繼續從事技術推廣教之工作。本年度之人才培訓課程，除了在臺北醫學大學舉行外，另外也與系統生物學虛擬實驗室研習會合作，在國家衛生研究院、陽明大學、長庚大學、交通大學、中興大學、成功大學、以及中正大學等 7 個地方透過視訊系統分享本研討會精彩的內容，讓中南部學員能就近上課，培訓更多中醫藥人才。參加研討會之學員 95 年 10 月 20 日出席北醫人數 173 人次、連線單位 81 人次，總計 254 人次；10 月 21 日出席北醫人數 198 人次、連線單位 72 人次，總計 270 人次。參加學員身份分布為：學校單位或老師 24.3%、研究生 15.6%、大學部學生 36.5%、研究員 3.4%、政府單位 6.1%、醫院(醫師.藥師) 2.3%、研究助理 4.2%、廠商 6.5%、其他 1.1% (附件四、表 1)。95 年 10 月 23-27 日 workshop，參加入數為 26 人。參加學員身份分布為：研究生 31%、大學部學生 41%、研究員 11%、醫院(醫師.藥師) 3%、廠商 11%、其他 3% (附件五、表 2)。

有關人才培訓成效指標方面，學員的寶貴意見將提供大會下年度舉辦時的參考改進。課程滿意度之意見調查中，就下列幾項進行評估，非常滿意與滿意的比例如下：演講內容的難易度 43%、演講內容符合多數學員的需求 78%、演講內容對自己從事的業務有實質幫助 91%、演講內容可提升自己的能立即對未來有所助益 90%、演講內容符合自己報名參加本研討會的期望 96%、本研討會整體授課情形 98%、提供講義及相關輔助教材之適當性 96%、本研討會的上課場地 96%、本研討會的上課時間 93%、本研討會茶點及便當之提供與安排 100%。其餘學員表示沒意見(附件六、表 3)。並進一步針對各個講題內容進行滿意度調查，提供大會參考。並於研討會與 workshop 結束後，召開會後之檢討會議 (附件七、

表 4)，針對研討會與 workshop 進行過程之優缺點進行討論，提供下依年度計劃進行時之參考，本年度研討會與 workshop 進行並未申請終身學習認證或是中醫藥相關學分認證。下年年度舉辦時，擬事先向中醫師公會、臨床醫學會等相關醫藥學會申請認證。

今年執行此計畫，為擴大成果，除了在會前分別編印大會與 workshop 講義內容，在取得演講者錄影授權之內容，將今年度培訓課程內容匯集成 DVD 及精要彙編，供從事中醫藥基因體人員參考。為傳統中醫藥理論尋求實證，促進中醫藥現代化與科學化，將完成 800 套 DVD 與 500 份精裝本精要彙編，送交中醫藥委員會。希望此 DVD(附件八、圖 4)及精要彙編(附件九、圖 5)對日後從事中醫藥基因體相關研究有所助益。

## 伍、結論與建議

- (1) 相關公文往返時間花費太多壓縮到會議前聯繫與宣傳的時間。
- (2) 少數講員太晚或不提供報告檔案，影響大會講義印製時間。擬落實繳稿期限制制度。
- (3) 完成研習會的人員，建議是否可頒發証書(或終身認證)或是可抵免學分之相關措施。下次擬事先向臨床醫學會等相關醫藥學會申請認證。
- (4) 視訊方面，有出現網路連線問題。可能請資管相關人員討論如何維護並詢問其它學校對視訊方面的反應。視訊夥伴學校反映因事前無法拿到大會講義，若遇到網路斷線，只能聽到聲音與看到現場錄製畫面（解析度差），聽講的效果極不理想。
- (5) 第一場 Workshop 等待實驗時間稍長。下次擬播放相關實驗教學影帶、安插零星實驗或實驗講解課程。
- (6) 研習會講義向國家圖書館報備登錄書號。
- (7) 會後提供各相關視訊夥伴學校一份會議 CD 與大會書籍。

## 誌謝

本研究計畫承蒙行政院衛生署中醫藥委員會(計畫編號 CCMP95-RD-209)提供經費贊助，使本計畫得以順利完成，特此致謝。

## 陸、參考文獻

1. 行政院衛生署中醫藥委員會九十三年度委辦研究計畫成果發表會暨中醫藥科技研討會，行政院衛生中醫藥委員會，2005。
2. 林宜信。九十四年度中醫藥研究計畫成果報告中英文摘要彙編，行政院衛生署中醫藥委員會，2005。
3. 林宜信。中醫藥基因體研究及其核心技術訓練 DVD 光碟書(一)，，行政院衛生中醫藥委員會，2005。
4. 林宜信。中醫藥管理法規彙編，行政院衛生署中醫藥委員會，2005。
5. 林宜信。台灣中醫藥發展策略與成果，行政院衛生中醫藥委員會，2005。



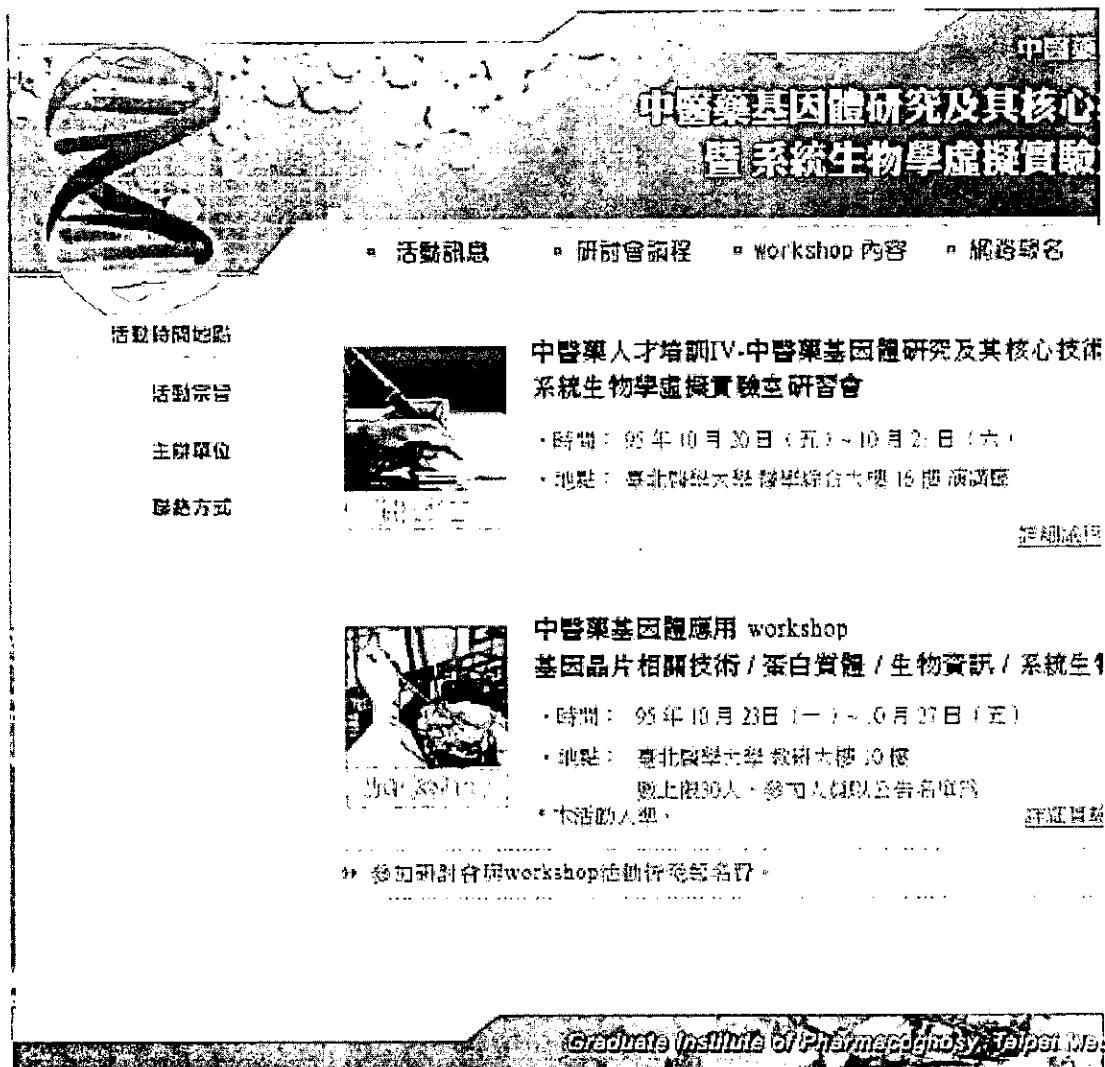
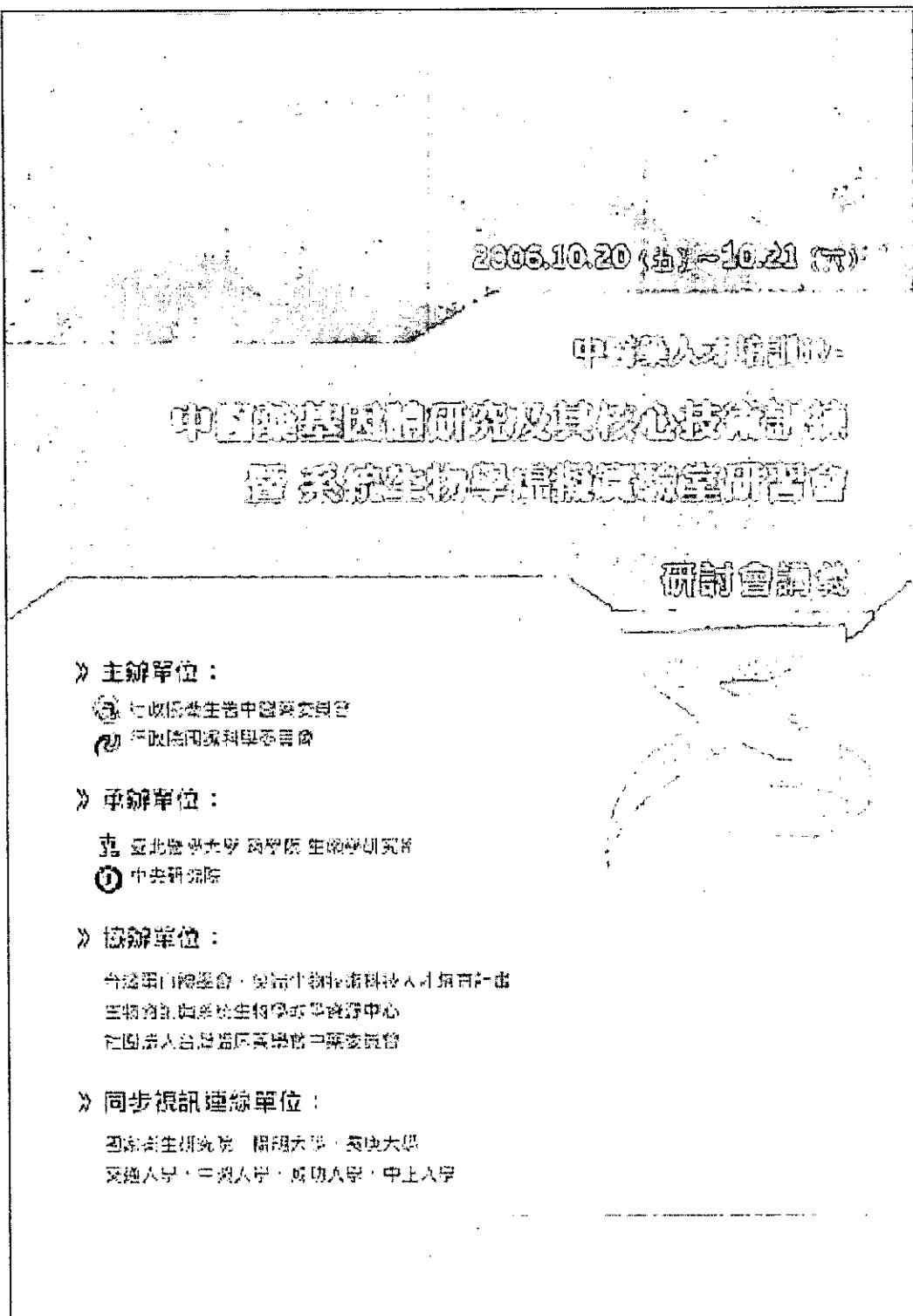


圖 1 研討會宣傳海報

## 【附件二】



「中醫藥人才培訓 IV－中醫藥基因體研究及其核心技術訓練」暨  
 「系統生物學虛擬實驗室研習會」

第一 天 研 習

95年10月20日(五)

08:30-09:00	學員報到	
09:00-09:10	開幕典禮	吳金樹 教授 (中央研究院) 致詞
SECTION I	主持人：許振義 教授 (國北師大)	
09:10-09:30	台灣中醫藥與基因體學之現況與未來發展方向	林首昌 主委・陳伯舟 社長 (行政院農委會中醫藥委員會)
09:30-10:10	現代國際中草藥之尖端研發	林昭輝 教授 (清大植物遺傳工程系 生物科學研究所生物化學研究組)
10:10-10:30	休息	：
SECTION II	主持人：吳金樹 教授 (中央研究院)	
10:30-11:00	區域中醫多型性在中西醫融合之應用	陳志鴻 教授 (臺灣大學 醫學院生物化學系)
11:00-11:40	以基因微陣列檢測中草藥抗肝癌活性之中草藥	黃元英 博士 (國家衛生研究院 分子與基因組學研究所)
11:40-12:20	以蛋白質螢光標記技術檢驗環孢素A濃度之中草藥	曾裕輝 和見 / 博士 (清大植物遺傳工程系 生物科學研究所生物化學研究組)
12:30-13:30	午餐	：
SECTION III	主持人：洪勝昌 副教授 (國北師大)	
13:30-14:10	臺灣百年校園用植物山藥多型性之研究	盧秉光 研究員 (中國醫藥大學 中藥及天然植物研究所)
14:10-14:50	從基因表現到藥物選擇	翁昭平 教授 (臺灣大學 生命科學系生物化學研究所生物化學研究組)
14:50-15:30	中草藥之蛋白體研究	鄒有光 教授 (清大植物遺傳工程系生物化學研究所，蛋白質研究中心)
15:30-15:50	休息	：
SECTION IV	主持人：閻針對 教授	
15:50-16:30	基因網絡之結構與應用	黃宜誠 教授 (清大植物遺傳工程系生物化學研究組)
16:30-17:10	基因網絡的結構與複製－以平地的豆科為例	許昭容 研究員 (中央研究院 生態所)
17:10-17:50	基因構造植物醫藥植物與農業生物天然新資源	錢玉華 所員 / 教授 (國立臺灣大學 生物農化研究所)

## 「中醫藥人才培訓 IV－中醫藥基因體研究及其核心技術訓練」暨

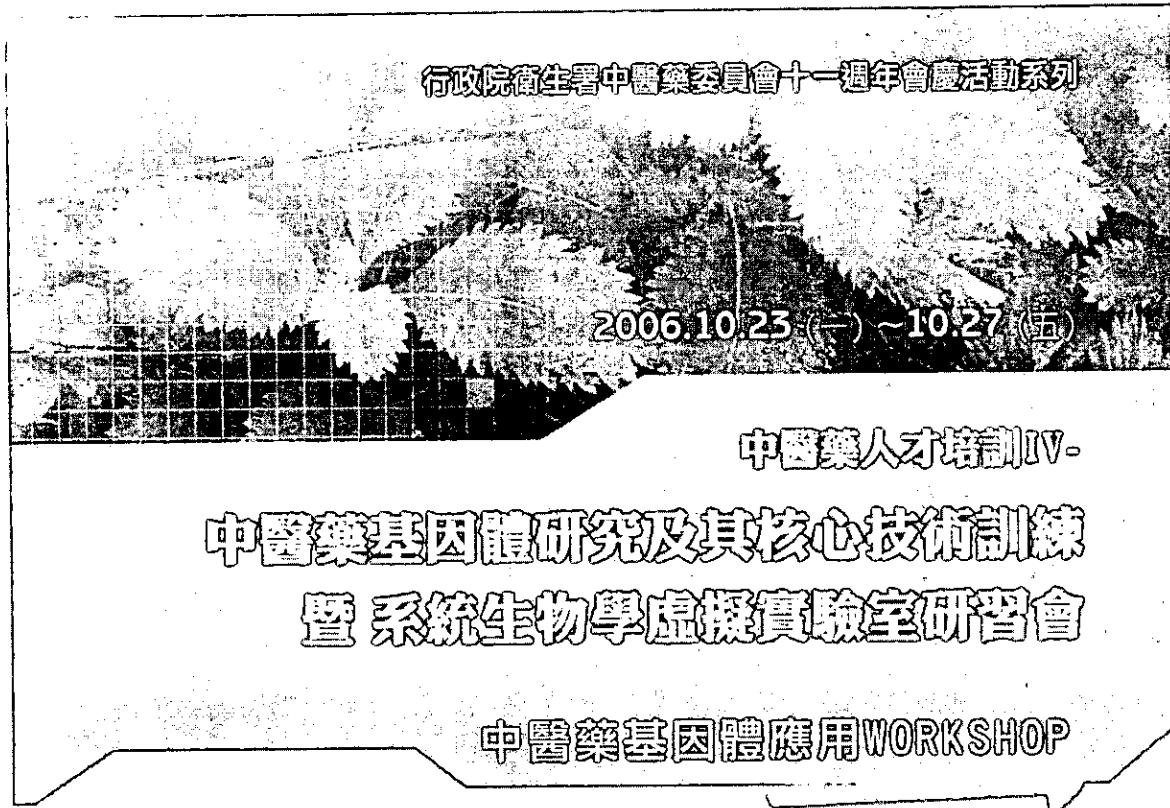
### 「系統生物學虛擬實驗室研習會」

第二天 講程

95年10月21日(六)

SECTION V 主持人：徐昭暉 所長 (淡北醫藥大學)	
09:30-09:50	新世資訊抗腫瘤之裝置與應用 王英輝 副所長 / 教授 (淡北醫藥 多功能學院)
09:50-10:30	複合性同位素及中草藥具質地判斷之應用 陳桂忠 研究員 (中大研究所 生物多樣性研究中心)
10:30-10:50	休 息
SECTION VI 主持人：鄒瑞昇 教授 (成功大學)	
10:50-11:30	量子實驗物的開發與應用 周文田 研究員 (中大研究所 生物化學研究所)
11:30-12:10	油煙癌因物的中草藥研究 李宏輝 教授 / 教授 (逢甲醫學院 醫藥及分子生物研究所)
12:10-13:30	休 息
SECTION VII 主持人：劉培昇 主任 (淡北醫藥大學及中大紀念醫院中醫科)	
13:30-14:10	基因人類基因幹草藥組成耗弱中藥分子 黃子堯 教授 (淡北醫藥大學 醫藥及分子生物研究所)
14:10-14:50	微排列資料分析之研究與民間挑戰 耿桂慶 正教授 (淡北醫藥 中大工程學院系暨研究所)
14:50-15:30	中草藥萬用度之DNA鑑定 林慶福 教授 (淡北醫藥 藥草藥茶營養研究所)
15:30-15:50	休 息
SECTION VIII 主持人：林漢和 教授 (中國醫藥大學 中西醫結合研究所)	
15:50-16:30	中草藥幹山藥及葛根經典的DNA鑑定 林順信 教授 (淡北大學 藥草植物研究所)
16:30-16:50	中草藥育種之多樣性質利用 李貴強 教授 (中國醫藥研究所 植生化)
16:50-17:30	植物代謝毒物篩選： 研究草藥成分與其生物活性的構效 劉麗君 研究員 (中央研究院 藥理生物技術研究所)
17:30-17:40	醫學學術中醫藥基因體研究概觀說明及研討 林貞信 三級 (行政院衛生署中醫藥司員)、李漢和 教授 (淡北醫藥大學 中西醫結合研究所) 莊伯青 藥農 (行政院衛生署中醫藥司員)、林國明 教授 (中國醫藥大學 中西醫結合研究所) 黃威真 術正 (淡北醫藥大學 防生化工系)、劉景升 三級 (淡北醫藥大學的臥室和記者會中醫科)

圖 2 研討會講義與流程



》主辦單位：

- ◎ 行政院衛生署中醫藥委員會
- ◎ 行政院國家科學委員會

》承辦單位：

- 崙 嘉北醫學大學 藥學院 生藥學研究所
- ① 中央研究院

》協辦單位：

- 台灣蛋白體學會 · 尖端生物技術科技人才培育計畫
- 生物資訊與系統生物學教學資源中心
- 社團法人台灣臨床藥學會中藥委員會

》同步視訊連線單位：

- 國家衛生研究院 · 陽明大學 · 長庚大學
- 交通大學 · 中興大學 · 成功大學 · 中正大學

圖 3 Workshop 講義

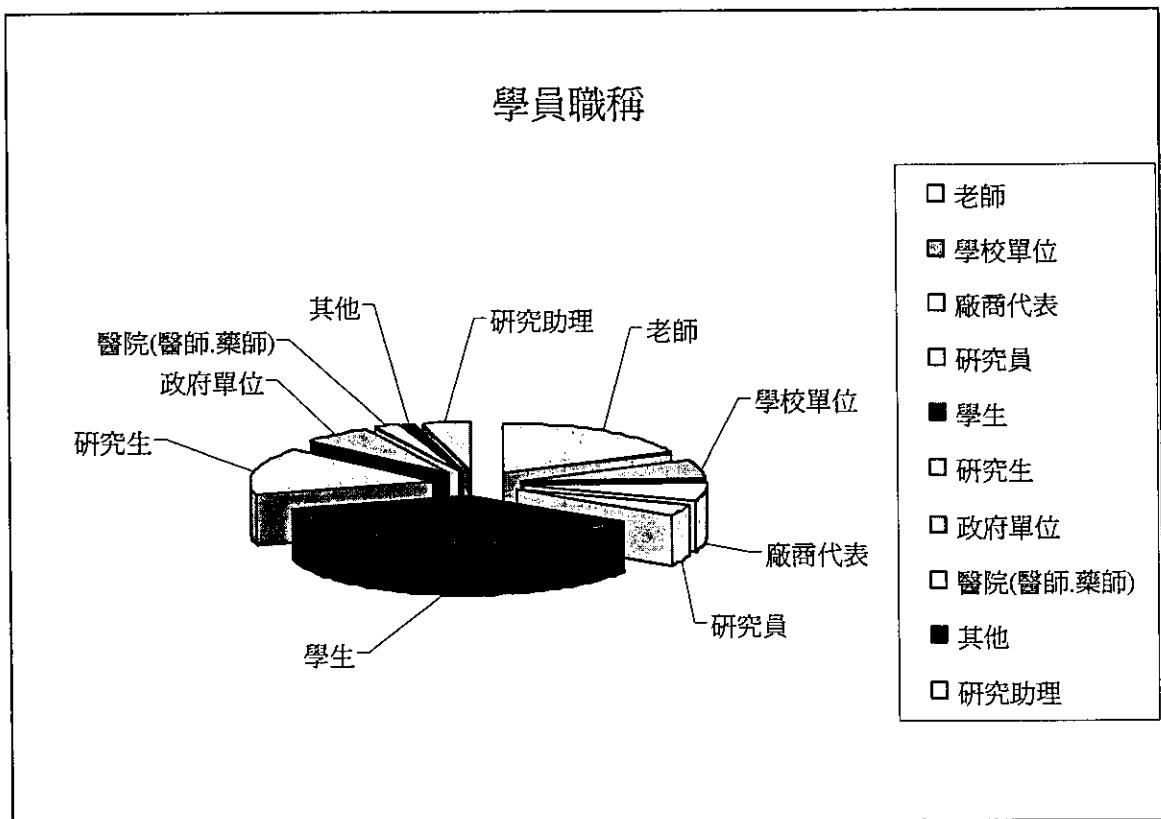
## 【附件四】

表 1 研討會報名人數分布

### 研討會

#### 學員身份

學員職稱	老師	學校單位	廠商代表	研究員	學生	研究生	政府單位	醫院(醫師.藥師)	其他	研究助理	
人數(%)	18.6	5.7	6.5	3.4	36.5	15.6	6.1		2.3	1.1	4.2



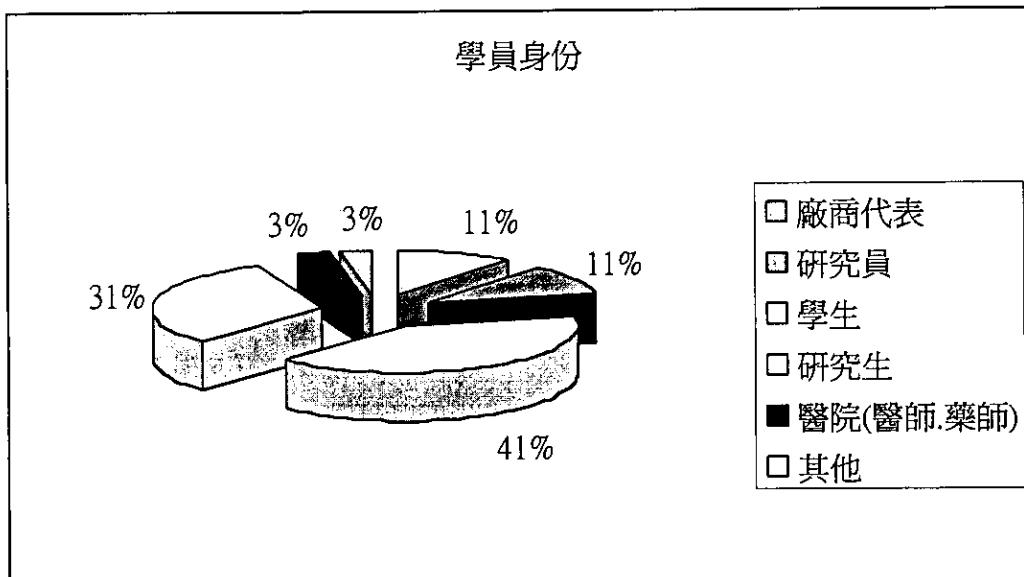
## 【附件五】

表 2 Workshop 報名人數分布

### Workshop

學員身份：

學員職稱	廠商代表	研究員	學生	研究生	醫院(醫)	其他
人數(%)	11%	11%	41%	31%	3%	3%



	單 位
學生	台北醫學大學、文化大學，中台學院，台灣大學、陽明大學、萬能科技大學、亞洲大學等
研究生	台北醫學大學細分所、醫研所、生藥所，海大食科所，台灣大學動物所、分子細胞研究所等
研究員	中央研究院生物多樣性中心、細分所
醫院	嘉義基督教醫院
廠商	汎泰儀器，博克科技有限公司、傑仕特公司等
其他	個人

## 【附件六】

表 3 研討會意見調查表

學員對研討會的看法：

評估項目	非常滿意 (%)	滿意 (%)	沒意見 (%)	不滿意 (%)	非常不滿意 (%)
演講內容的難易度	32	11	57	0	0
演講內容符合多數學員的需求	56	22	22	0	0
演講內容對自己從事的業務有實質幫助	22	69	9	0	0
演講內容可提升自己的能立即對未來有所助益	35	55	10	0	0
演講內容符合自己報名參加本研討會的期望	33	63	4	0	0
本研討會整體授課情形	35	63	2	0	0
提供講義及相關輔助教材之適當性	48	48	5	0	0
本研討會的上課場地	47	49	4	0	0
本研討會的上課時間	40	53	4	2	0
本研討會茶點及便當之提供與安排	54	46	0	0	0

學員對研討會依授課主題，對其演講內容的興趣極滿意程度：

演 講 主 題	非常有 興趣	有興趣	沒意見	沒興趣	非常沒興趣
1.台灣中醫藥與基因體學之現況與未來發展方向	27	69	4	0	0
2.現代國際中草藥之尖端研發	45	52	3	0	0
3.單核酸多型性在中藥開發之應用	26	63	11	0	0
4.以基因微陣列模式探討具抗肝纖維化療效之中草藥	25	62	13	0	0
5.以蛋白質體學模式探討具抗肝纖維化療效之中草藥	25	67	8	0	0
6.醣質體學於藥用植物白英脂多醣體之研究	19	67	15	2	0
7.探討靈芝多醣體於人類單核球細胞之分子機制:從基因表現到網路建構	22	69	9	2	0
8.中草藥之蛋白體研究	27	63	10	0	0
9.基因網路之建構與應用	23	64	13	0	0
10.基因網路建構與模擬-以果蠅的發育為例	13	64	23	0	0
11.基因轉植植物篩選植物雌激素活性天然新資源	30	60	10	0	0
12.蛋白質體抗體庫之製備與應用	23	67	10	0	0
13.穩定同位素於中草藥品質與產地辨識之應用	29	65	6	0	0
14.單子葉植物的開發與應用	25	60	15	0	0
15.治療糖尿病的中草藥研發	42	52	6	0	0
16.應用人體組織幹原細胞系統評估中藥分子藥理之探討	26	64	10	0	0
17.微陣列資料分析之研究現況與挑戰	29	51	20	4	0
18.中草藥基原之DNA鑑定	32	62	6	0	0
19.中草藥降血糖及糖尿病藥物之虛擬篩選	38	57	6	0	0
20.中草藥資源之多樣性與應用	37	59	4	0	0
21.植物代謝產物體學:研究草藥成分與其生物活性的橋樑	37	53	10	0	0

## 【附件七】

表 4 研討會與 workshop 檢討報告

### 台北醫學大學中醫藥人才培訓研習會檢討報告

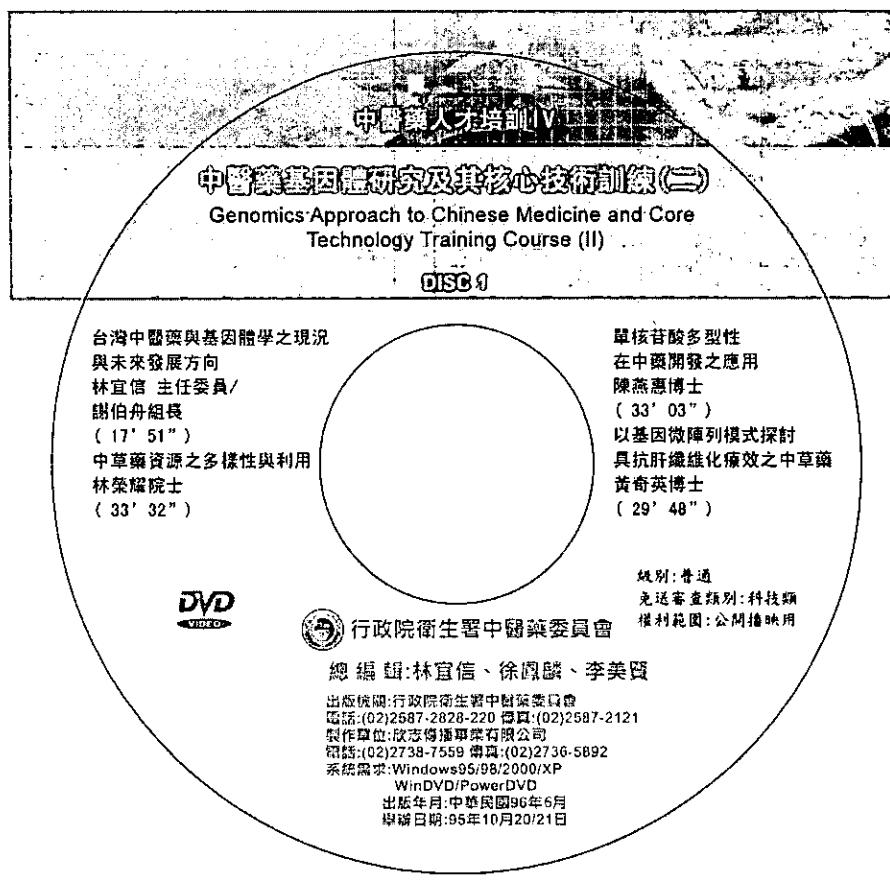
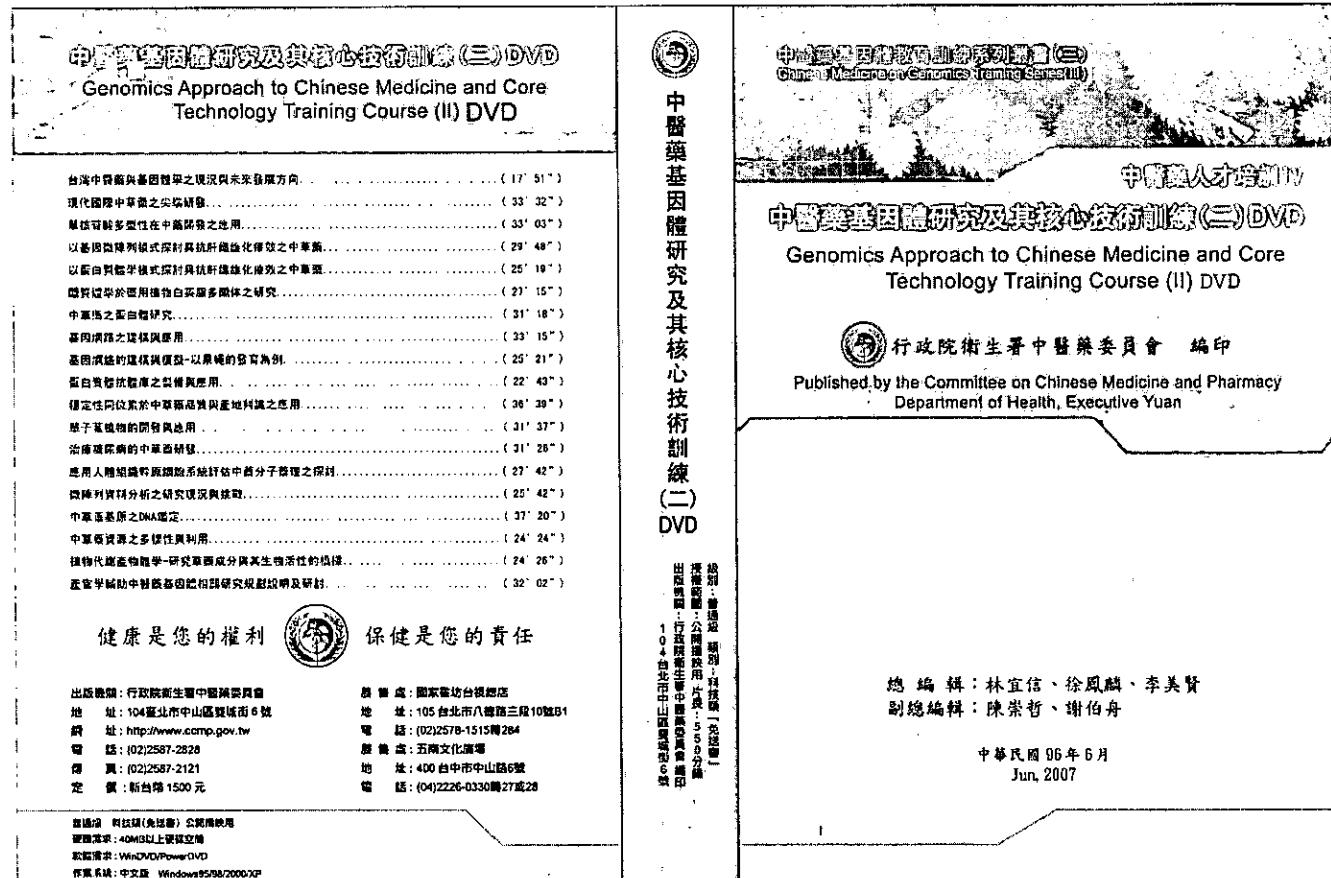
2006/10/31

#### 一、討論事項：

##### 1. 本次中醫藥人才培訓暨系統生物學虛擬實驗室研習會\_檢討與建議

- (1) 本次使用網絡報名，由於沒有印看報名完成之機關，使許多人不知道報名是否完成，導致許多人到現場又重新報名一次，建議下次應立四報名完成之機關。
- (2) 人數無預期的多，可能與時間點位於學期中有關，建議下次可能改為春假末、課業前舉辦。
- (3) 相關公文往返時間花費太多壓縮到會議前兩星期與宣傳的時間。
- (4) 少數講員太晚或不提供錄音檔案，影響大會錄音印製時間，下次擬落實錄音檔定期限制度。
- (5) 完成研習會的人員，建議是否可確認證者(或終身憑據)或是可報名學分之相關措施。下次提案先向臨床醫學會等相關醫學學會申請認可。
- (6) 宣傳期太短，一些學校只有海報發貼無相應全文宣傳。
- (7) 提供許多，有出現網格連線問題，可能請音響相關人員討論如何能避免向問其它學校對視訊方面的反應。
- (8) 視訊轉播學校反映因事務無法拿到大會轉播，若遇到網絡斷線，只能聽錄音與畫面對現場錄製畫面（解說產生），聽錄的效果極不合理。
- (9) 研習會在求會場討論比較熱絡，利用視訊人員比較沒有機會發言，下次可能向視訊人員優先發言。
- (10) 下次最觀相關會議評估是否納入同步視訊會議。
- (11) 第一場 Workshop 寫接實驗時間過長，下次擬將過渡實驗教學移至安插零星實驗或實際訓練課程。
- (12) 傳播近期內放置網絡上連結下載。
- (13) 研習會場義南醫家圖書館報備登錄審批。
- (14) 會後提供各相關學院轉存學校一份會議 CD 與大會書稿。
- (15) 研討預期在 11 月底前整理好。

## 【附件八】





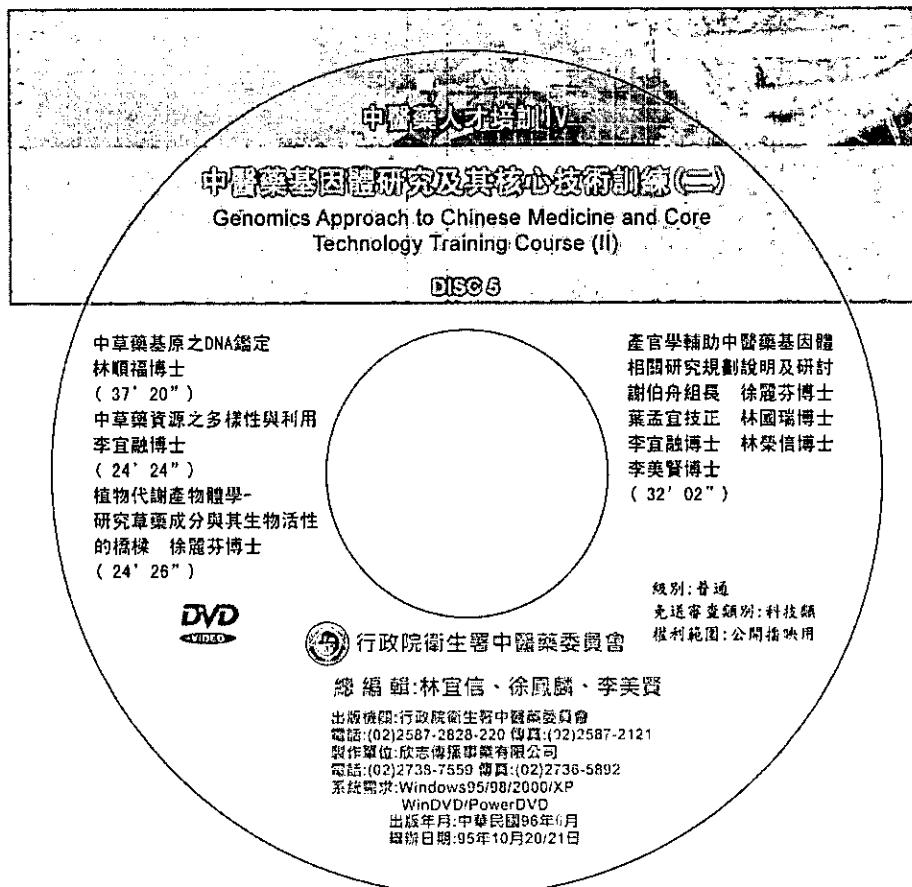


圖 4 研討會 DVD 光碟

## 【附件九】

**Genomics Approach to Chinese Medicine and Core Technology Training Course (II) Thesaurus**

目 錄

**S 研討會 演講議題 / 講者**

台灣中醫藥與基因體學之現況與未來發展方向 / 林宜信 主委、謝伯齊 副總長  
現代國際中草藥之尖端研發 / 林榮耀 院士  
草本苷酸多型性在中藥開發之應用 / 陳燕慈 教授  
以基因微陣列模式探討異抗肝臟細胞化療效之中草藥 / 黃奇英 博士  
植物體學於藥用植物美濃多醣體之研究 / 蘆美光 研究員  
中草藥之蛋白體研究 / 葉光亮 教授  
基因網路的結構與模擬-以果蠅的發育為例 / 許昭萍 研究員  
穩定性同位素於中草藥品質與產地判識之應用 / 楊樸明 研究員  
單子葉植物的開發與應用 / 陳水田 研究員  
治療糖尿病的中草藥研發 / 李宏謀 所長/教授  
應用人類組織特原細胞系統評估中藥分子藥理之探討 / 楊子鈞 教授  
微陣列資料分析之研究現況與挑戰 / 歐陽序正 教授  
中草藥資源之多樣性與利用 / 李宜融 館長  
植物代謝產物體學：研究草藥成分與其生物活性的機理 / 陈麗芬 研究員

**S Workshop 內容 / 講師**

蛋白質體學介紹 / 曾湘文 博士  
蛋白質體學之實驗原理與方法 / 曾湘文 博士  
中草藥應用於肉瘤細胞抗發炎之系統生物學研究 / 曾湘文 博士  
蛋白質身分鑑定實機操作 / 陳泰源 博士  
生物路徑分析軟體介紹 / 阮雪芬 教授、陳正寶 國士

健康是您的權利 保健是您的責任

行政院衛生署中醫藥委員會編印

出版機關：行政院衛生署中醫藥委員會  
地址：104 台北市中山區延平南街 6 號  
網址：<http://www.compp.gov.tw>  
電話：(02)2587-3228  
傳真：(02)2587-3121  
定價：新台幣 350 元

發售處：國家圖書局販賣部  
地址：105 台北市八德路三段 10 號 B1  
電話：(02)2578-1515 號 284  
發售處：五角文化廣場  
地址：400 台中市中山路 6 號  
電話：(04)2226-0330 號 27 號 28

ISBN 450960149

Genomics Approach to Chinese Medicine and Core Technology Training Course (II) Thesaurus

總編輯：林宜信、徐鳳麟、李美賢

行政院衛生署中醫藥委員會 編印

Published by the Committee on Chinese Medicine and Pharmacy  
Department of Health, Executive Yuan

西元二〇〇七年六月  
June, 2007

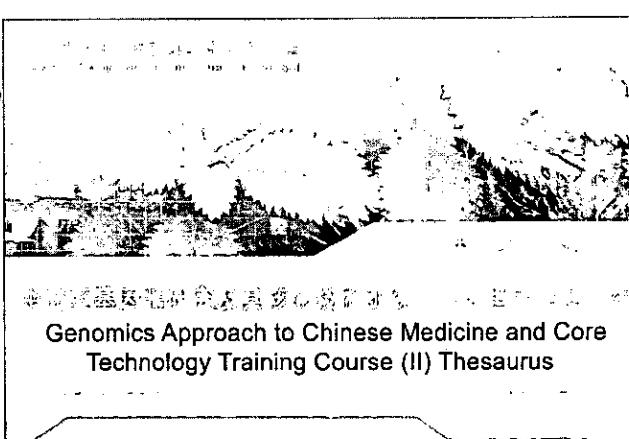


圖 5 研習會精要彙編