

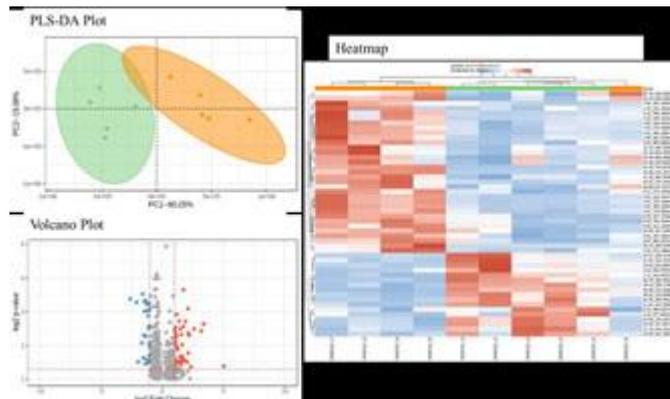
資訊處串連研究發展處建置代謝體資料分析平臺



臺北醫學大學為完善生物醫學整體研究，資訊處研究資訊組串連研發處共同儀器中心於 2019 年 4 月初建置代謝體資料分析平臺；透過共同儀器中心發展代謝產物測定流程，利用 TOF-MASS (time-of-flight mass spectrometry)，對樣本進行定性與定量分析，可獲得代謝體訊號。

近年來為更完整探索生物體運作機制，基因體學 (Genomics)、轉錄體學 (Transcriptomics) 與蛋白質體學 (Proteomics) 已被廣泛利用於各研究中，隨著高通量生物技術之快速發展，代謝產物研究成為熱門的研究方向。代謝體學 (Metabolomics) 是研究小分子，例如：生物體內的基質與一級和二級代謝產物，而且這些小分子易受到基因與環境的變化而改變。因此，相較於其他體學，代謝體研究更能反應出環境變化對生物體的影響。目前代謝體學研究，多使用質譜儀進行定量與定性分析。在質譜儀產生資料後，須透過資料前處理 (去除雜訊)、統計與圖像化表示等方式加以闡述，方能有良好的研究成果表現。

研究資訊組為此建置代謝體資料分析平臺，透過統計與圖像化表示，方便校內師生瞭解並闡述其研究之結果。例如，透過 PLS-DA 繪圖，可了解不同比較組別是否具有差異表現的代謝產物；並運用 volcano plot 與 heatmap，可找尋有差異代謝產物；MASS Spectrum 繪圖，可直接觀看不同



比較組別中有差異代謝產物；運用交集或聯集方式，可找尋不同比較組別中，是否具有特定代謝產物，或多套相同實驗樣本中是否具有相似代謝產物。【右圖：PLS-DA (左上)、Volcano (左下) 與 Heatmap (右) 的繪圖，可方便找尋不同群組中有差異帶謝產物】

在表格當中，除了代謝產物預測外，亦提供 HMDB (Human Metabolome Database) 與 KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) 對應的化合物編號，可藉由 HMDB 資料庫編號，查找相關資訊，也可透過此分析平臺查詢 KEGG pathway。此外，在分析平臺中，所有圖表皆可下載，並進行後續分析。例如，運用表格中的化合物列表，搭配生物途徑分析軟體 IPA 與 MetaCore 進行更進一步 pathway enrichment analysis，此流程平臺之建立將有助於北醫大在代謝體研究領域之深入發展。(文/資訊處) 【下圖：代謝體資料分析平臺具有資料管理、資料視

覺化與表格下載等功能】

