

資訊處開設「生醫資訊應用軟體」系列課程，提升北醫大實驗室資料分析能力



資訊處研究資訊組自 102 學年度（2013 年 8 月）起開設「生醫資訊應用軟體」系列課程，選擇目前世界上常用且功能強大的分析軟體，定期邀請具多年使用經驗的專業團隊至校內講課，以提升一校三院各實驗室的資料分析能力。

至目前（2014 年 5 月）為止已成功開辦：IPA 整合分析軟體暨資料庫（Ingenuity Pathways Analysis）、基因體視覺化分析軟體（Integrative Genomics Viewer, IGV）、生物晶片與次世代定序資料分析平台（GeneSpring GX）、分生實驗軟體（DNASTAR Lasergene），與全基因組分析軟體（Golden Helix）等課程，其中約 70% 的學員為實驗室主持人或臨床醫師，可見一校三院對於資料分析的強烈需求。【圖：生醫資訊應用軟體系列課程上課實況】



以次世代定序或生物晶片資料分析為例，整體分析步驟可分為基礎分析（primary analysis）、進階分析（downstream analysis）、統合分析（meta analysis）3 個層次。

- 1.基礎分析：以實驗儀器產生的原始資料進行運算，產生如 SNP variant call 或 heat map 等簡單統計圖表，此步驟運用實驗儀器廠商所附帶提供的軟體即可完成，若為外包實驗，則外包廠商多半會免費幫忙完成基礎分析工作，故並非問題所在。
- 2.進階分析：使用基礎分析所產生的結果，依個別實驗之目的進行更深入之分析，例如：GWAS、haplotype analysis、differential expression analysis、alternative splicing analysis 等，此部分若有強大的工具軟體協助，則各實驗室將有能力自行分析資料，可大幅提升研究產出效率。
- 3.統合分析：通常需要對應實驗結果於外部資料庫，例如：gene set enrichment analysis（GSEA）等，並且與臨床資料或文獻資料交互驗證，因此需要串聯強大的整合資料庫工具，或是透過與專業分析團隊的合作來

達成。【下圖：以工具軟體對人類基因體 SNP 進行 GWAS 分析】



目前研究資訊組的規劃以開設「進階分析」所需的軟體課程為主，以期能提升各實驗室本身的資料分析能力。在「統合分析」方面，亦將於 103 學年度採購 IPA 整合分析軟體暨資料庫的群體授權，提供給各實驗室及本校生物資訊核心設施等單位使用。若您對資料分析工具軟硬體有任何需求或建議，非常歡迎與研究資訊組聯繫，本組將會對一校三院進行需求調查，

並依調查結果辦理開設訓練課程或統一採購等事宜。（文/張祐誠，資訊處研究資訊組組長、醫資所助理教授）【圖：約 70% 的學員為實驗室主持人或臨床醫師】