



專題報導

# 生物資訊


很多學者指出，21世紀會是生物科技突飛猛進的新世紀，它會帶領人類到一個嶄新的境界。而隨著科技的進展，現代生物學的範疇已變得極為廣泛，涵蓋分子生物學、細胞生物學、結構生物學、遺傳生物學、發育生物學等等。除了以傳統的生物、物理及化學為基礎外，「生物資訊學」這門新興的科學也會在生物科技領域發展上扮演極重要的角色。

由於數位化的生物資料愈來愈多，生物學家已可藉由生物資料庫的搜尋，得到更宏觀的見解，從以往個別的基因邁向目前以整個基因組進行研究。有人就形容早期的單一基因研究像用釣竿釣魚，一次一條，現在透過生物資訊學的研究，就像用漁網撈魚，效果自然強多了。

這次專題邀請到幾位專精生物資訊尖端研究的學者撰寫相關的文章。首先，台灣大學資訊工程學系趙坤茂教授的〈新興的生物資訊學〉，概略解釋了生物資訊學這個新興領域，同時也註解了它的起源及歷史。

陽明大學生物資訊研究所楊永正教授的〈由拼圖與迷宮談起—未來的生物資訊學〉，指出目前的生物學正累積一些觀察資料，科學家們正以玩拼圖和走迷宮的方式推測生命運作的模式，也指出了生物資訊學的功用及未來發展方向。

中央研究院生物醫學研究所林文昌研究員的〈表現基因標記資料庫—生物資訊的舞台〉指出，使用生物資訊技巧做基因資料探勘，有助於早日解開生命之書的奧



祕。文中提到表現基因標記資料庫的各種功用，並討論了表現基因標記資料庫資料的探勘實例。

台灣大學資訊工程學系呂學一教授的〈高密度片段的尋找—生物資訊學的問題重整〉，以一個實際的生物資訊問題，巧妙地把「生命科學」、「電腦」與「幾何」關聯在一起，讓讀者體會到藉由「問題重整」，往往可激發新的創意。

中央研究院基因體研究中心莊樹諄研究員的〈大海撈針—尋找基因的方法〉，討論了科學家如何進行基因體註解，並且探討基因體註解工具的分類與特徵，從而扼要地比較4種主流註解方法的優缺點，最後再介紹作者及其團隊所開發的註解工具。

交通大學生物資訊研究所盧錦隆教授的〈基因序列比對的演算法—動態規劃〉，介紹了生物資訊軟體開發時常會用到的一種演算技巧，稱為動態規劃，並以生物序列比對的實例，帶領讀者體會這種方法的設計技巧及效率分析。 □

專題報導特邀編輯

**趙坤茂**

台灣大學資訊工程學系

**顏嗣鈞**

台灣大學電機工程學系

