



114數據所招生說明：生物資訊領域

陽明交大
NYCU

竹銘醫院
未來醫療4.0

博愛校區
工程與計算生物科學

生技產業
高價值研發



光復校區
ICT+
基礎科學

在分子層次實現
精準醫藥！

陽明校區
醫學與藥學

- 大數據AI與生技/生醫產業之跨領域鏈結
- 無生物背景可
- 賢齊樓－學術與產業兼備的基地
- 多元的教師群與生氣勃勃的研究/創業環境
- 跨足數據工程科學於精準醫藥、轉譯工程及永續科技的最佳途徑

多元教師群與豐富研究方向

- 楊進木教授 – 藥物設計、結構生物資訊、AI 精準醫學Omics
- 何信瑩教授 – 演化學習AI、最佳化演算法、智慧型計算
- 朱智瑋教授 – 統計機器學習、分子模擬、分子嵌入、藥物開發
- 尤禎祥教授 – HPC高速計算、酵素催化機制模擬、計算化學
- 黃兆棋教授 – 神經發育與再生
- 李宗夷教授 – 生物大數據與深度學習、腫瘤多體學與空間轉錄體
- 林勇欣副教授 – 計算演化生物學、計算基因學、分子演化
- 陸志豪副教授 – 結構生物資訊、藥物設計、系統生物與機器學習
- 羅惟正副教授 – 計算結構生物、生態學、生物工程
- 陳亭妘副教授 – 分子生物資訊、醫療大數據、微菌相工程
- 林峻宇副教授 – 網路醫學、AI 精準醫學Omics、系統生物



Jinn-Moon Yang
Dean (楊進木)

College of Biological Science
and Technology

Professor

Department of Biological
Science and Technology
Institute of Bioinformatics &
Systems Biology

E-mail: moon@nycu.edu.tw

- Study drug-protein-pathway-cellular processes-disease relationships
- Establish the links from basic research to translational medicine
- Integrate **artificial intelligence, big data, physico-chemical concepts, and biology** for "molecular interactions", "cell behavior" and "drug discovery principles"

Artificial intelligence

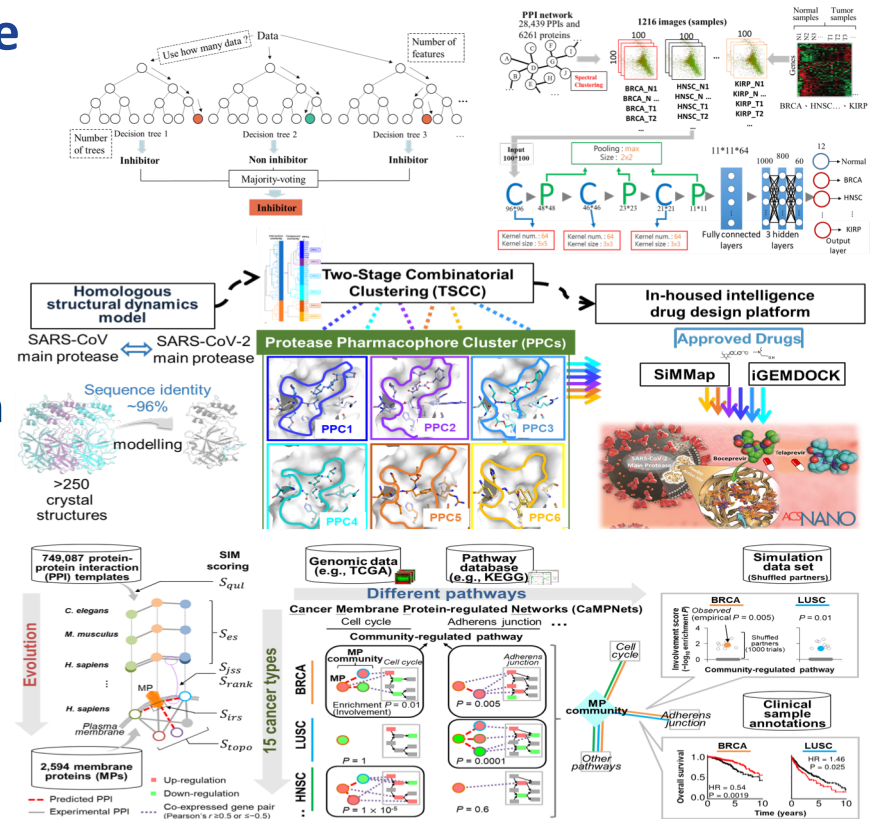
- Transformer
- RF for drug design
- GTP for structures

Drug Design

- GPT4 for Drug design
- iGEMDOCK
- SiMMap

Systems Biology

- CNN for cancers
- PPI search
- CaMPNet





何信瑩教授-智慧型計算實驗室

陽明交大
NYCU



賢齊館412室

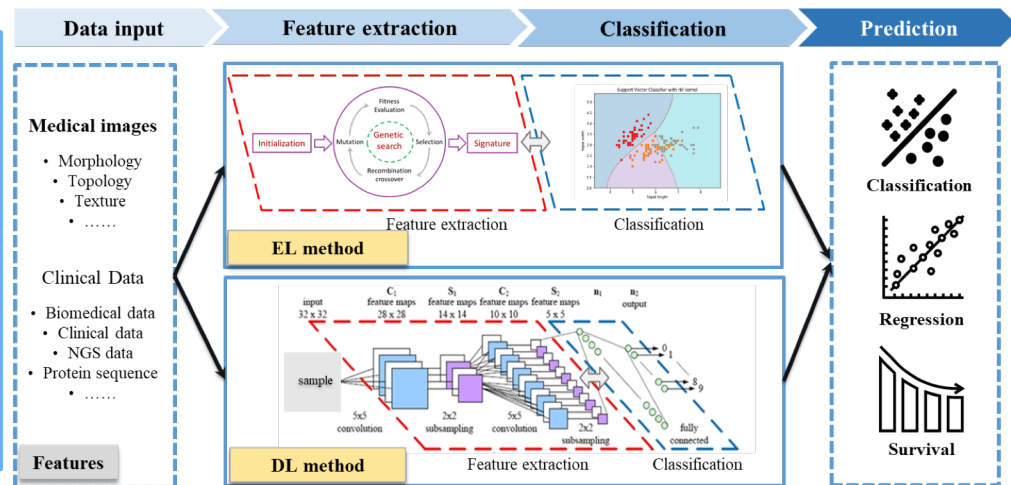


syho@nycu.edu.tw



03-5712121*56905

研究方向：
 人工智慧、演化學習 (Evolutionary Learning)
 、深度學習 (Deep Learning)
 、大數據分析 (big data analysis)、生物資訊學



2021國家學研新創獎、2022國家學研精進獎
肝癌診療決策支援系統

2022國家新創獎-生醫演化學習平台
智能血液透析決策輔助系統

學研合作進行專利佈局
AI健檢之冠狀動脈風險預測

斷層掃描影像圈註

- ✓ 自動圈註肝癌病灶區
- ✓ 醫學影像分析

確診病患預後評估

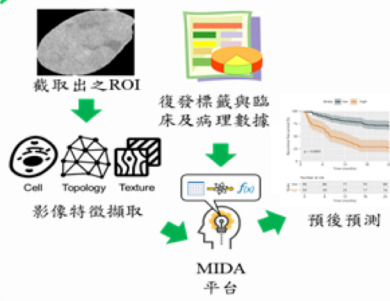
- ✓ 評估預後狀況
- ✓ 提供個人化診療資訊

Liver Cancer, 2021 IF:12.43

肝癌病灶區自動偵測



肝癌診斷治療預後預測



最佳化特徵組



透析前預測

透析參數模擬

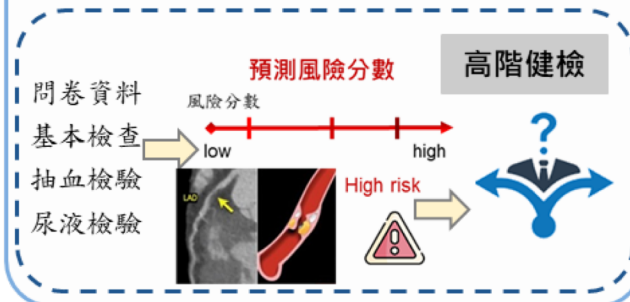
- ✓ 有效降低所需特徵數
- ✓ 及早預測併發症：透析中低血壓、貧血
- ✓ 預防併發症之參數參考

早篩冠狀動脈疾病

- ✓ 冠狀動脈疾病風險分數
- ✓ 高階健檢實施評估建議

專利佈局

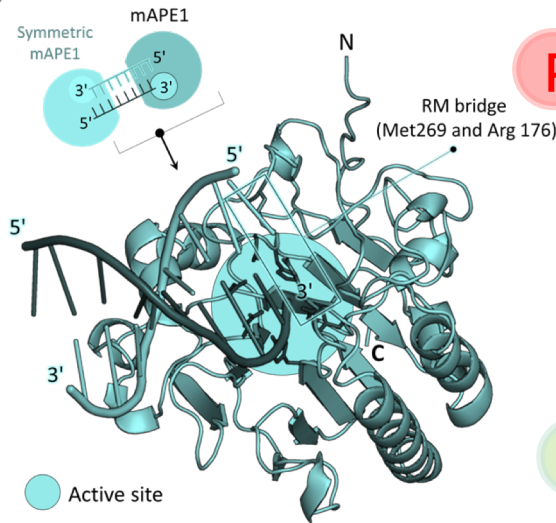
- ✓ 高階健檢實施評估系統





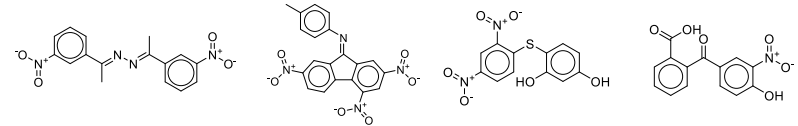
朱智瑋教授 – 生物系統模擬研究室

陽明交大
NYCU



Protein dynamics

Bigdata from X-ray, Cryo-EM, single-molecule FRET, NMR



動態耦合結構基礎藥物設計

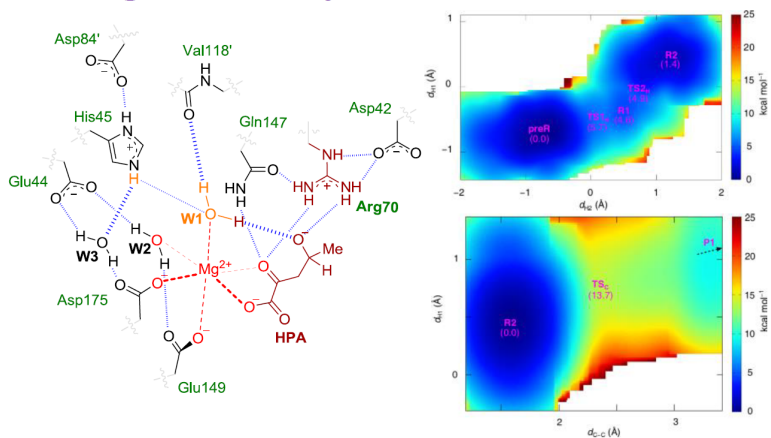
Dynamically coupled structure-based drug design

Protein allostery 與分子機制

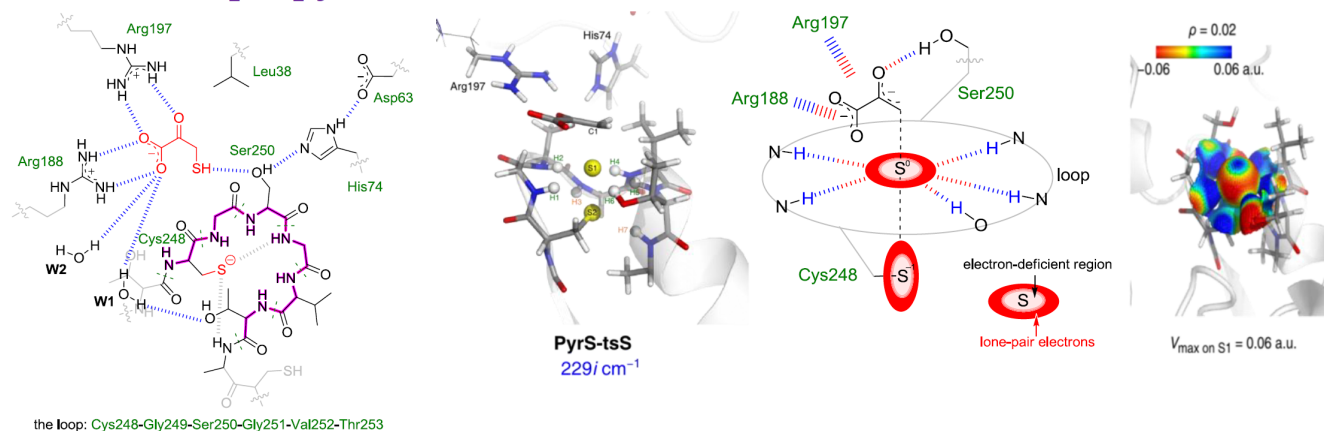
- 美國麻省理工化工博士、曾任教加州大學柏克萊分校及勞倫斯柏克萊國家實驗室
- 研究方向：統計機器學習、多層級分子模擬、統計力學、Molecular embedding and AI
- 應用領域：工程模擬、新藥發現、分子設計與工程、蛋白質動力學
- 賢齊樓417; jwchu@nycu.edu.tw; 56996
<https://sites.google.com/nctu.edu.tw/jwchulab>

尤禎祥教授 – 計算化學研究室

Catalytic Roles of Metal-bound Hydroxide and Arginine in Pyruvate Class II Aldolase



Mechanism of Persulfidation in Mercaptopyruvate Sulfurtransferase

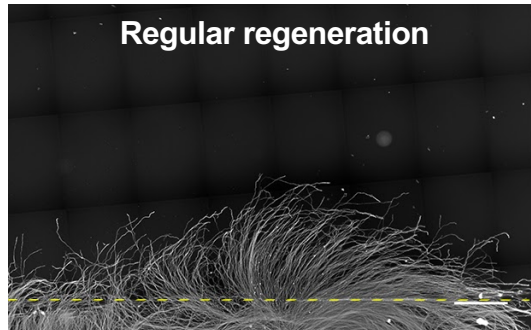


- 國立清華大學化學博士、曾任清華大學資訊系博士後研究員與日本京都大學合成暨生物化學系博士後研究員
- 研究方向：計算化學、物理化學、HPC高速計算
- 應用領域：酵素反應機構、化學分子與蛋白質設計、高速計算
- 賢齊樓416; jsyu@nycu.edu.tw ; 56962
<http://wild.life.nctu.edu.tw/~jsyu>

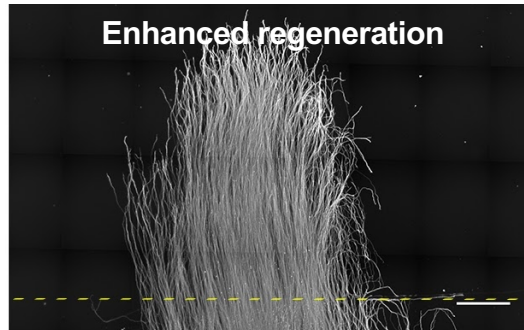


黃兆祺教授 – 神經發育與再生實驗室

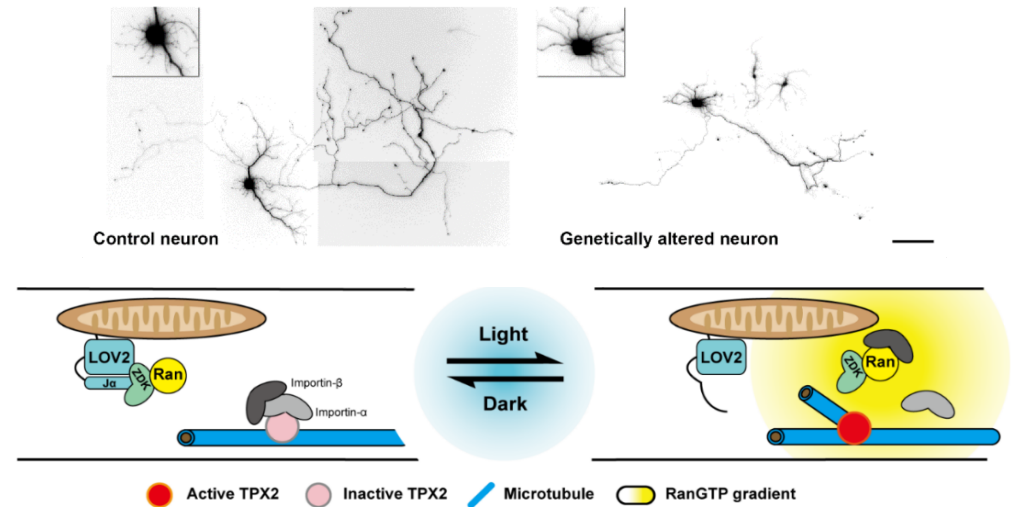
陽明交大
NYCU



Regular regeneration



Enhanced regeneration



- 美國康乃爾大學博士、斯克里普斯研究所及加州大學聖地牙哥分校博士後研究員。
- 研究技術：神經與細胞培養、分子與細胞生物學、光遺傳學、顯微照影與影像分析
- 應用領域：神經發育、神經再生、肌萎縮性脊髓側索硬化症(漸凍人症)、癲癇
- 賢齊樓616; hwangeric@nycu.edu.tw; 56968



李宗夷教授 — 生物大數據與深度計算實驗室

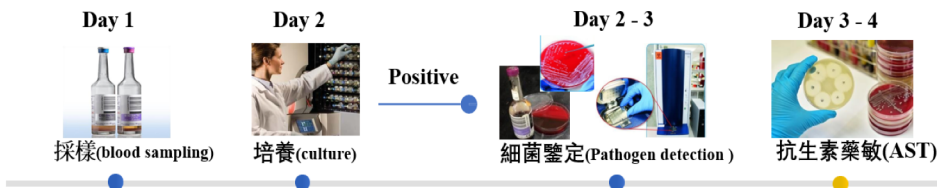
陽明交大
NYCU

- **教學經歷:** 香港中文大學醫學院生物資訊學程主任、瓦謝爾計算生物諾貝爾獎研究院校長青年學者、陽明交大生物資訊所教授
- **研究專長:** 生物大數據分析、深度學習、生物資料庫系統、生物資訊演算法開發、程式設計
- **研究領域:** 精準醫療、病原菌檢測、藥物設計、中草藥大數據
- **Office:** 賢齊樓317; leetzongyi@nycu.edu.tw; 56947
- **Web site:** <https://sites.google.com/view/biomics>

大數據驅動病原菌抗藥性快速檢測平台

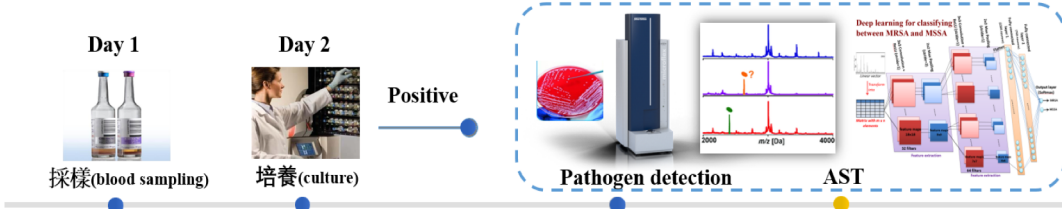
1. The commonly used bacterial resistance detection method - blood culture: **time-consuming and laborious**

目前常用的細菌耐藥檢測方法——血液培養: 費時費力



2. Our study of drug resistant pathogen detection method - mass spectrometry: **fast and accurate.**

我們研究的細菌耐藥檢測方法——質譜分析: 快速準確



Combine artificial intelligence (AI) and mass spectrometry (MS)

深度學習抗菌藥物生成與優化設計

BERT-based model structure

Pre-training dataset

C V D I G ... P G

7 25 8 13 11 ... 19 11

Embedding Layer

Transformer Encoding Layers

Averaged Backbone Output

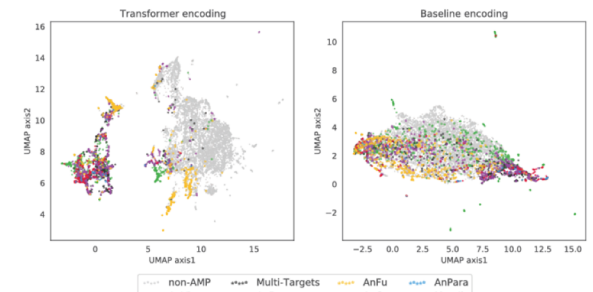
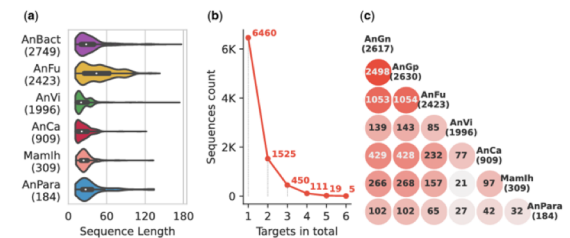
MLP

Mission 1: single-label classification (AMP versus non-AMP) OR Mission 2: multi-label classification (different targets)

Sequence Input

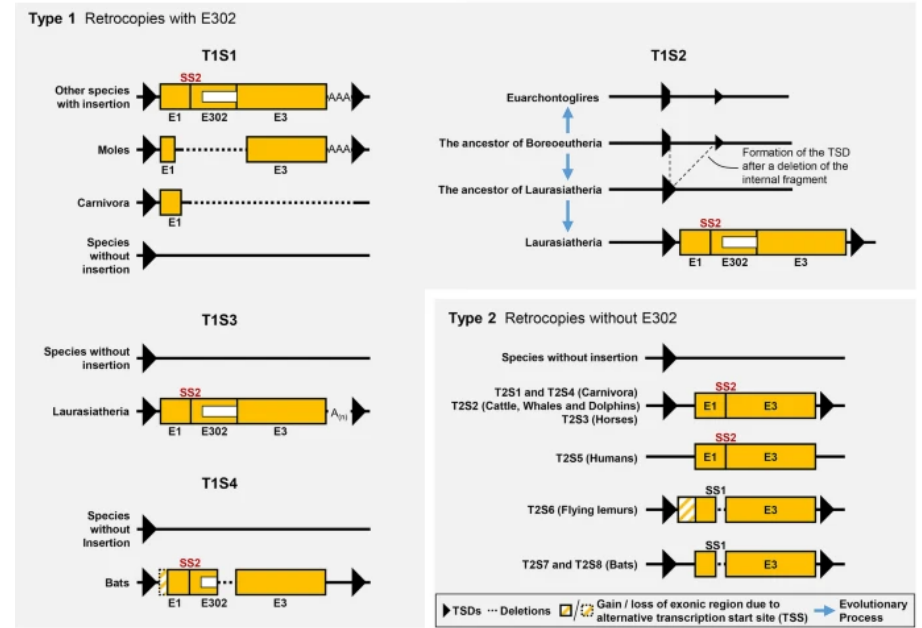
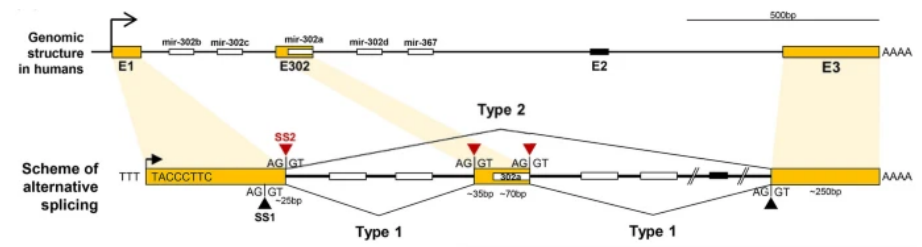
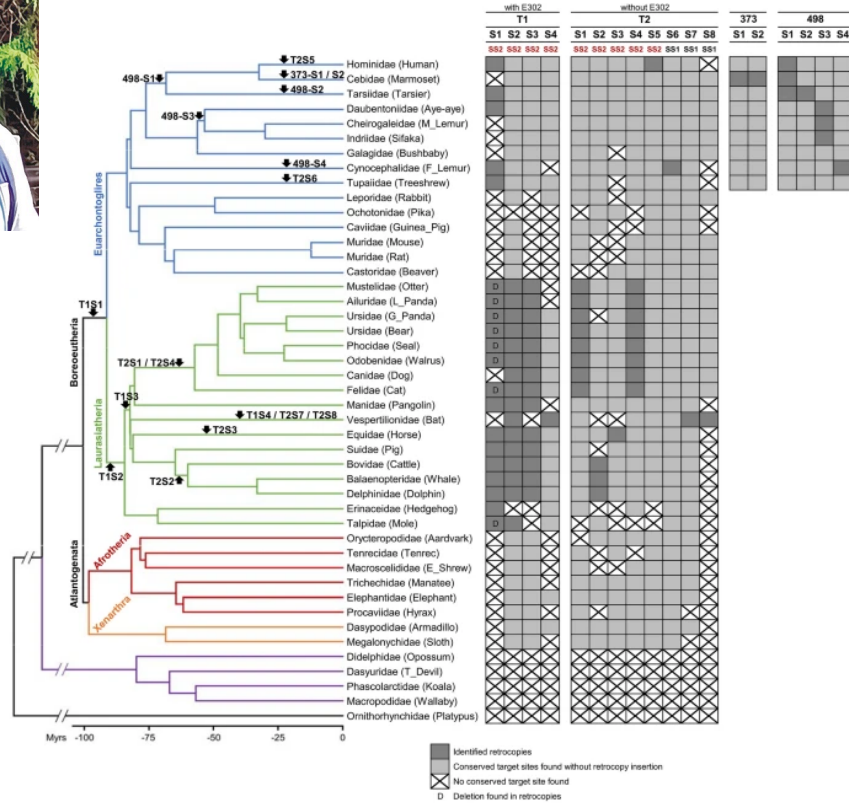
Pre-trained BERT backbone

Downstream neural network for classification





林勇欣副教授 - 計算演化生物學實驗室 陽明交大 NYCU



- 交通大學生物科技系博士
- 研究方向：計算演化生物學、計算基因學、分子演化
- 賢齊樓 415; yslin@nycu.edu.tw; 56960
<http://yslin.lab.nycu.edu.tw/>



陸志豪(Chih-Hao Lu) 副教授

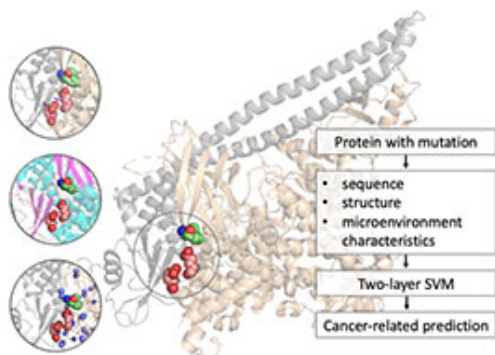
學歷：交大生物資訊所博士、交大資訊科學學士

研究專長：結構生物資訊、機器學習、計算生物、藥物設計

Email：chlu@nycu.edu.tw

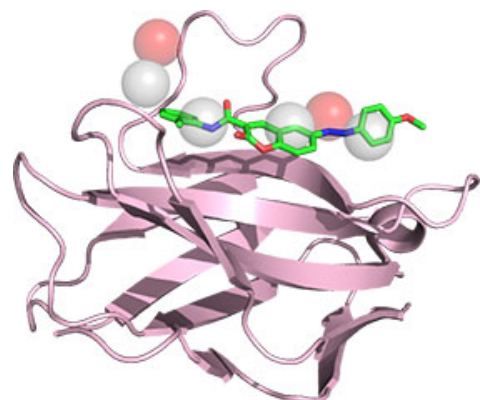
Office：賢齊樓423 分機56966

計算生物實驗室：<http://chlu.lab.nycu.edu.tw/>



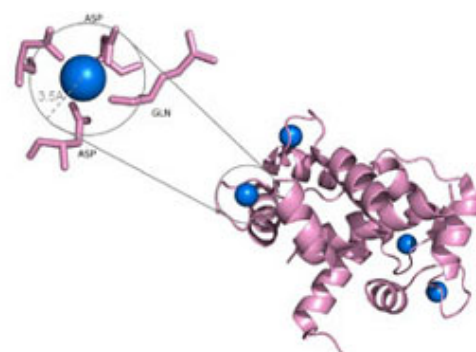
利用機器學習方法預測癌症相關氨基酸變異與其抗藥性

- CanSavPre
Scientific Reports
- Drug resistance
Pharmaceuticals



利用智慧型分子對接方法篩選新型潛力小分子藥物

- HA of influenza A virus
Scientific Reports
- PD1 Scientific Reports
- Mpro of SARS-CoV-2
Antiviral research (IF>10)



開發區域結構比對演算法偵測金屬離子的結合位置

- Prediction of MBS
PLoS One (cited=135)
- MIB Chemical Information and Modeling (cited=165)
- MIB2
Bioinformatics



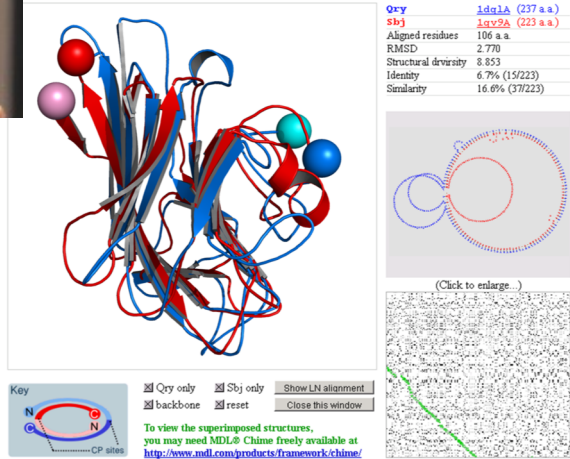
利用機器學習預測蛋白質的亞細胞位置與功能註解推估

- CELLO
Proteins (cited=1536)
- CELLO2GO
PLoS One (cited=385)



羅惟正副教授 – 工程與計算生物實驗室

陽明交大
NYCU

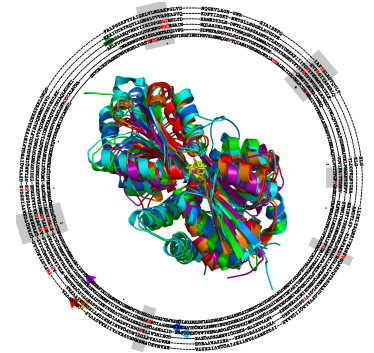


◀ iSARST

The world's fastest server for protein structural similarity searches.
全球最高效率蛋白質結構比對系統

CirPred ▶

The world's first structure prediction algorithm for circularly-permuted proteins.
全球首創蛋白質環型重組結構預測系統



- 國立清華大學生命科學學士、生物資訊與結構生物研究所博士
- 研究方向：電腦輔助蛋白質工程技術研發，蛋白質結構預測、分析、比對演算法開發
- 應用領域：酵素工程、生質能源、蛋白質藥物設計
- 賢齊館411; WadeLo@nycu.edu.tw; 56922
<http://10.life.nctu.edu.tw/>



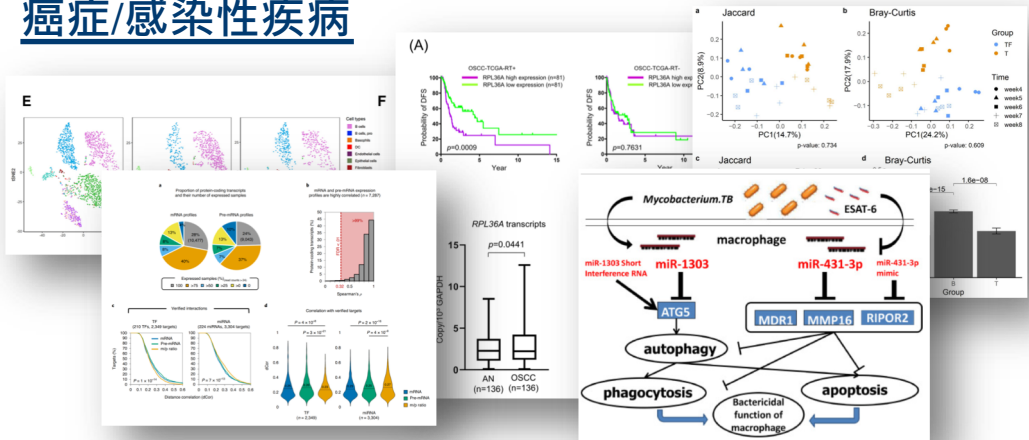
陳亭姘副教授

賢齊樓420; twc@nycu.edu.tw; 59734

<https://fullofbeans.lab.nycu.edu.tw/>

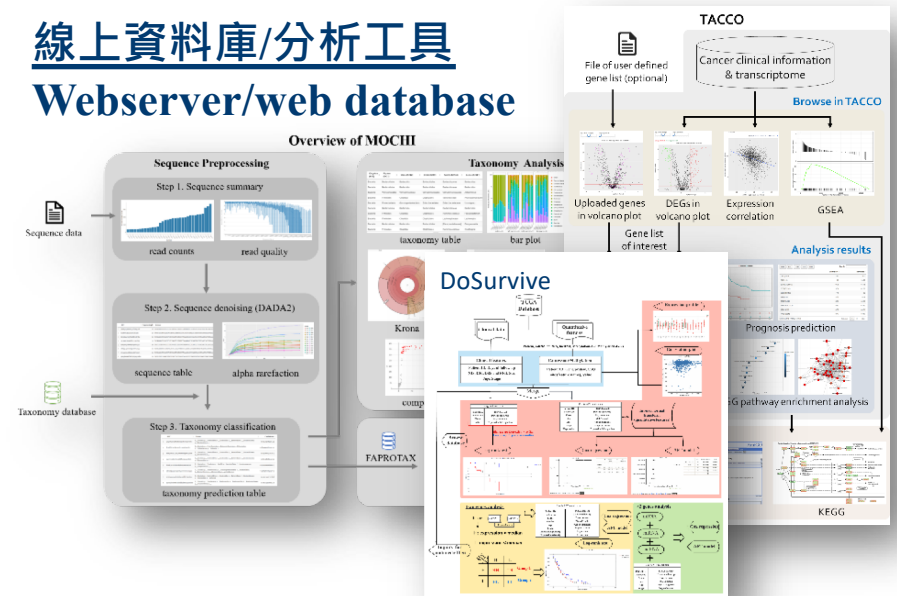
陳亭姘老師的研究興趣是發展整合多體資料分析策略找出疾病潛在偵測、治療標的。

癌症/感染性疾病



- 找出與口腔癌放療抗性發展相關之候選生物標誌。
- 證明益生菌可減緩慢性肺阻塞腸道、肺部發炎反應。
- 鑑定出開放性肺結核中參與發炎調控的miRNA。
- 辨識出腸道菌相中與膀胱癌發展相關之菌屬。
- ...

線上資料庫/分析工具 Webserver/web database

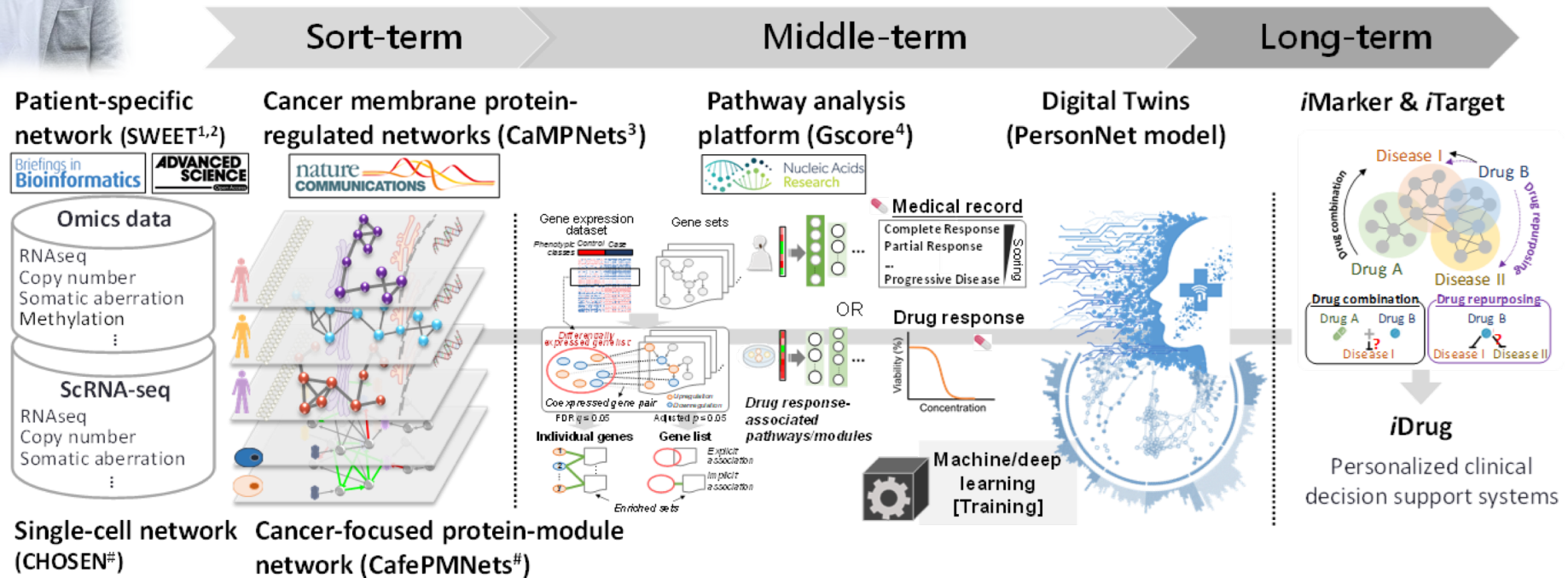


- 建構DoSurvive資料庫/線上分析工具，提供使用者進行存活分析。
- 建構微菌線上分析工具MOCHI。
- 建構TACCO資料庫，提供建構多變數存活及癌症期別預測模型生物標誌之線上分析工具。



林峻宇教授-網路醫學及系統生物實驗室

陽明交大
NYCU



- 國立交通大學博士、曾任日本京都大學生物資訊中心外國人特別研究員
- 研究方向：網路醫學、AI 精準醫學Omics、系統生物學、計算腫瘤學
- 應用領域：數位分身、藥物療效預測、醫療決策輔助
- 賢齊樓413; chunyulin@nycu.edu.tw; 59735
<https://sysmed-net.lab.nycu.edu.tw/>

