



《尊重智慧財產權，請使用正版教科書，勿非法影印書籍及教材，以免侵犯他人著作權》

開課班級: 碩動疫科技一A

授課老師: 張立鑫

學分數: 2

課程大綱:

本課程專為碩士班新生設計，目的是介紹如何應用生物資訊學方法來研究基因調控。我們將從一個核心問題出發：如何利用計算工具與高通量數據，解碼同一套基因組如何指導細胞產生多樣性與應對環境？課程將從基因調控的基礎生物學概念切入，但迅速將重點轉移到相關的計算方法與數據分析策略。學生將學習處理與分析關鍵的基因體學數據，包括 RNA-seq、ATAC-Seq 與 ChIP-Seq。課程強調數據處理流程 (pipeline)

的邏輯、統計模型的應用、數據視覺化的技巧，以及如何從複雜的數據中萃取生物學洞見。本課程不需要學生具備深厚的程式設計背景，但會引導學生使用 R 等工具進行基本的數據分析，目標是為學生建立一個以計算為核心的現代基因調控研究框架。

outline:

This course is specifically designed for incoming master's students and serves as an introduction to the application of bioinformatics methods in the study of gene regulation. We will start from a central question: How can we leverage computational tools and high-throughput data to decipher how the same genome directs cells to generate diversity and respond to the environment? The course will begin with the fundamental biological concepts of gene regulation but will quickly shift its focus to relevant computational methods and data analysis strategies. Students will learn to process and analyze key genomics datasets, including RNA-seq, ATAC-seq, and ChIP-seq. Emphasis is placed on the logic of data processing pipelines, the application of statistical models, data visualization techniques, and how to extract biological insights from complex data. While this course does not require a deep programming background, it will guide students in using tools like R for basic data analysis. The objective is to establish a computation-centric framework for students to engage in modern gene regulation research.

教學型態:

課堂教學

成績考核方式:

平時成績:60%

期中考:20%

期末考:20%

其它:%

本科目教學目標:

本課程結束時，修課學生應具備以下能力：

- 解釋基因調控的生物學問題如何轉化為可分析的數據問題。
- 描述 主流基因體學技術 (RNA-Seq, ATAC-Seq, ChIP-Seq) 的數據特性、格式 (FASTQ, BAM, BED) 與品管 (QC) 的重要性。
- 執行一個基本的 RNA-Seq 差異表現基因分析流程，並以熱圖 (Heatmap) 和火山圖 (Volcano Plot) 進行視覺化。
- 操作 基因組瀏覽器 (如 UCSC Genome Browser)，整合並解讀不同來源的基因體學數據 (如基因註釋、ChIP-Seq peaks)。
- 開闡 Peak calling 與 Motif analysis 的基本概念，並應用於尋找潛在的轉錄因子結合位點。
- 批判性評估文獻中基因調控相關的數據分析方法，並理解其前提與限制。

參考書目:



課程進度表：

週次	起訖月日	授課單元(內容)	備註
第1週	9.08~9.15	為何需要基因調控？—一個資訊學的觀點 細胞分化作為一個「資訊狀態」問題。介紹 課程所需的計算環境：R/RStudio, Bioconductor。介紹公開數據庫 (GEO, SRA, Ensembl) 的重要性。	8日正式上課。8~12日課程加 退選，轉學(系)生、復學生及 延修生選課，雙主修、輔系 申請，12日申辦抵免學分截 止日
第2週	9.15~9.22	資訊的流動：中心法則與基因註釋 Central Dogma。生物資訊的關鍵：基因註釋 (Gene Annotation) 的格式 (GTF/GFF)，以及如何在程式中操作這些資 訊。	
第3週	9.22~9.29	基因的「開」與「關」：數位訊號與類比訊 號 從生物學的開關 (Operon, TF) 到數據上的訊號。介紹基因表現的測量：從 類比訊號 (qPCR) 到數位訊號 (Sequencing read counts)。	28日(日)孔子誕辰紀念日/教 師節(放假),29日(一)補假
第4週	9.29~10.06	生物資訊的基石：次世代定序數據 (NGS) NGS 原始數據格式 (FASTQ)，品質控制 (QC) 的重要性與工具 (FastQC)。介紹序列比對 (Alignment) 的概念與工具 (e.g., STAR, BWA)，以及比對結果 (BAM/SAM 格式)。	29日成績優異提前畢業者提 出申請截止日
第5週	10.06~10.13	從序列到洞見：RNA-Seq 差異表現分析 基因定量 (Quantification) 的概念。介紹計數矩陣 (Count Matrix)。使用 R/Bioconductor (e.g., DESeq2) 進行差異表現分析。火山圖 (Volcano Plot) 與熱圖 (Heatmap) 的繪製與解讀。	6日(一)中秋節(放假)，10日(五)國慶日(放假)
第6週	10.13~10.20	蛋白質層級的驗證與蛋白質體學數據 Western Blot 作為 RNA-Seq 結果的驗證。蛋白質體學數據的特性與挑戰 , 與轉錄體數據整合的初步概念。	14日學生宿舍安全輔導暨複 合式防災疏散演練。18日多 益測驗
第7週	10.20~10.27	尋找調控「開關」：ATAC-Seq 數據分析 ATAC-Seq 數據的 QC 與比對策略。Peak Calling 的原理與實作 (e.g., MACS2)。使用基因組瀏覽器 (UCSC Genome Browser) 視覺化開放染色質區域。	24日(五)補假，25日(六)光復 暨古寧頭大捷日(放假)。
第8週	10.27~11.03	誰在控制「開關」？ChIP-Seq 數據分析 ChIP-Seq 數據的 Peak Calling 與 QC。訊號峰的註釋 (Peak Annotation)：這個調控區域可能影響哪個基 因？介紹 Motif Analysis 的概念，從序列中尋找轉錄因子的結合模式	30日校課程委員會



		。	
第9週	11.03~11.10	表觀遺傳學數據分析入門 DNA 甲基化與組蛋白修飾。介紹 Bisulfite-Seq 數據的原理與分析挑戰。如何在基因組瀏覽器上觀察表觀遺傳訊號。	3~9日期中考試
第10週	11.10~11.17	期中複習：設計一個基因調控的計算分析流程 案例挑戰：給定一個生物學問題 (如藥物處理後的細胞反應)，設計一個包含 RNA-Seq 和 ATAC-Seq 的實驗，並規劃出完整的生物資訊分析流程 (從 QC 到最終出圖)。	13日教務會議,16日教師期中 成績上網登錄截止日
第11週	11.17~11.24	基因編輯從小鼠模型到CRISPR革命簡介基 因編輯的歷史，從ES細胞與同源重組到CRI SPR的發展	
第12週	11.24~12.01	案例分析 I：用 TCGA 數據探索癌症基因調控 介紹癌症基因體圖譜 (The Cancer Genome Atlas, TCGA) 資料庫。實作一個小型專案：下載特定癌症 的 RNA-Seq 數據，找出與正常組織相比的差異表現基因 ，並進行功能富集分析 (GO/KEGG)。	24~28體育運動週。24日校園 路跑。27日運動大會夜間開 幕，28日運動大會活動，29 日101週年校慶活動日，照常 上班
第13週	12.01~12.08	案例分析 II：發育過程中的動態調控網絡 時間序列數據 (Time-series) 的分析概念。如何整合多組學數據 (e.g., RNA-Seq + ATAC-Seq) 來推斷發育過程中的基因調控網絡。	
第14週	12.08~12.15	案例分析 III：從全基因組定序發掘調控區突變 介紹全基因組定序 (WGS) 數據。如何利用 WGS 數據鑑定非編碼區 (non-coding regions) 的變異，並評估其對基因表現的潛在影響。	12日申請停修課程截止日
第15週	12.15~12.22	12/17 基因編輯的數據分析：CRISPR Screen CRISPR/Cas9 不僅是編輯工具，更是篩選工具。介紹 CRISPR screen 的實驗設計與數據分析流程，如何從定序數 據中找出影響細胞存活的關鍵基因。	
第16週	12.22~12.29	基因調控的工具化：RNAi RNAi 的原理與應用。以 RNA 為基礎的藥物開發。	22日校務會議。25日行憲紀 念日(放假)
第17週	12.29~1.05	未來的挑戰與展望：單細胞與空間維度 單細胞 RNA-Seq (scRNA-Seq) 的數據特性與分析核心 (降維、分群)。空間轉錄體學 (Spatial	1日(四)開國紀念日(放假)



		Transcriptomics) 如何在組織原位保留空間資訊。AI/ML 在預測基因調控網絡中的應用。	
第18週	1.05~1.12	期末考	5~11日期末考試，10~11日 學生退宿