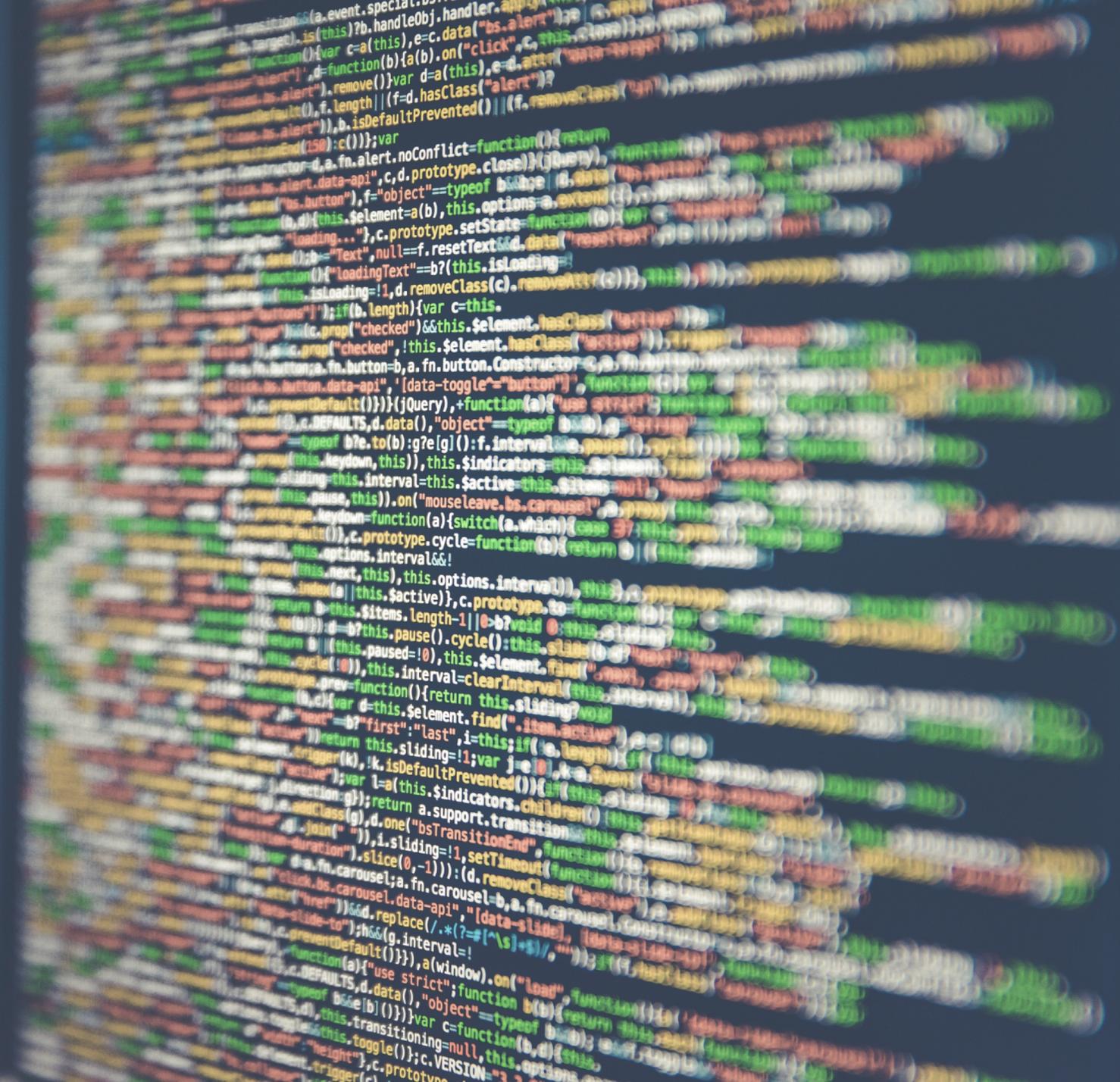


Bioinformatics in J&H Laboratory



藥物擾動預測

透過大量的資料庫資料，以及實驗數據，實驗室利用這些資料去做進一步的運算。透過不同數學的模型計算。計算出當藥物加入到細胞株時，所造成的基因擾動，希望藉由此方法，可以找到用藥的新契機。也期許未來科學家可以利用這種預測方法，找尋更有潛力的藥物。



Prediction of
Drug-Perturbation

A dark, textured background featuring a white pentagonal outline. Inside the outline, the text "Microbiome in Breast Cancer" is written in white. The background texture consists of numerous vertical, cylindrical structures that resemble bacterial cells or fibers, rendered in shades of blue and purple.

Microbiome in Breast Cancer

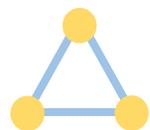
乳癌菌相分析

利用TCGA龐大的癌症資料庫，實驗室利用RNA-Seq以及microRNA等資料，去做乳癌菌相的分析。希望可以透過此研究，發現有可能造成乳癌惡化，或者乳癌抗藥等細菌。期許在未來的乳癌治療中，可以增添新的治療契機。



Programming

在這裡你們將會學習到
基本的程式語言
包含現在最熱門的Python, R



Systems Biology

在這裡，你將可以接觸到
最新的生物資訊的研究方向，
並應用在自己的研究中



High Throughput Techniques

你們可以操作到許多未曾接觸的
高通量定序資料
包含：RNA-Seq, microRNA



Data Analysis

大量的高通量資料
可以利用不同的資料科學手法
進行大量的分析