

實驗室電子記錄本

ELECTRONIC LABORATORY NOTEBOOK (ELEGANCY, ELN, submitted)

<http://eln.iis.sinica.edu.tw/eln>

Digitalize Your Wisdoms

實驗室研究記錄數位化/雲端化



All information generated by Lab members

Migrate ELN to Cloud as multi-lab platform

Re-editing and Mining by Various Devices

Digitalization of Lab notebook from text, gif, raw data, even animations with functions of **full text search**, **backup**, **sharing** and **security** into server, notebook and even USB memory stick, Viewing/Editing them by web browsers on desktop or mobile devices.

將實驗室中所產生的各種紀錄，以電子化方式儲存於網路伺服器/筆記型電腦/USB隨身碟/雲端平台，並經由網路瀏覽器方便管理、分享、搜尋、備份、列印，及與研究伙伴線上討論相關問題

Several kinds of versions have provided on our website :

1. For group use: Linux-based version (**Live-DVD** with **myBLAST**, **Galaxy** & other bioinformatics tools based on **BioLinux**)
2. For small group/personal use: USB-ELN, windows/Mac version

線上網站提供多種 ELN 版本:

1. 大型實驗室群組版本: 相容於 Linux 平台環境(為可執行光碟片 Live-DVD 架構在 **BioLinux** 上，並已安裝 **myBLAST**, **Galaxy** 等生物資訊工具)
2. 中小型實驗室與個人單機版本: USB-ELN, 可相容於微軟視窗/麥金塔 作業環境

Access ELN in Various Devices

可利用多種平台設備連結使用



更多線上研究成果 (More outputs available) :



Primer design Assistant (**PDA**), for PCR primer design, *NAR* 2003, <http://dbb.nhri.org.tw/primer>, 聚合酶反應核酸引子線上設計平台



Unique Probe Selector (**UPS**), (*BMC Bioinformatics*, *BMC Genomic* 2010), <http://array.iis.sinica.edu.tw/ups> 快速病原檢測開發平台/檢測晶片與基因晶片線上設計系統



Database of Protein Interactome of *Helicobacter pylori* (**hp-DPI**), *Bioinformatics*, 2005, <http://dpi.nhri.org.tw/hp> 人類幽門桿菌蛋白質交互作用資料庫



Fly-DPI, Database of Protein Interactome of *Drosophila melanogaster*, *BMC bioinformatics*, 2006, <http://flydpi.nhri.org.tw> 果蠅蛋白質網路資料庫



POWER, phylogenetics web repeater, *NAR*, 2005, <http://power.nhri.org.tw> 線上生物巨分子親緣關係分析平台



myBLAST, a BLAST platform with customized databases and results management for your Desktop (submitted) 客製化高速序列比對平行化平台·可運行於個人電腦·自行建立資料庫·以條列方式解析大量結果·並能透過網路共享
Web version: <http://mybioweb.nhri.org.tw/myblast>, Windows/ MAC / Linux version :<http://eln.iis.sinica.edu.tw>



Aftergenbank, An updated, value-added data gateway of gene information derived from GenBank database, submitted, <http://aftergenbank.nhri.org.tw>, 以圖像化方式擷取特定基因特徵或物種之核酸或蛋白質序列·並提供下載與序列比對



Spotlight, Assembly of Protein Complexes by Integrating Graph Clusterings, *Gene*, 2013, <http://hub.iis.sinica.edu.tw/spotlight> 複雜網路中蛋白質複合體鑑別平台



Penaeus Genome Database (PAGE), *Marine Biotechnology*, 2011 <http://sysbio.iis.sinica.edu.tw/page>, 對蝦類基因體資料庫

系統生物與網路生物學實驗室 Laboratory of Systems Biology and Network Biology

台灣台北市南港區 115 研究院路 2 段 128 號

中央研究院資訊科學研究所

聯絡人: 林仲彥 博士

128 Academia Road, Section 2, Nankang, Taipei 115, Taiwan

Contact : Chung-Yen Lin Ph.D.

E-mail: cylin@iis.sinica.edu.tw

Website : <http://eln.iis.sinica.edu.tw>



中央研究院 資訊科學研究所
Institute of Information Science, Academia Sinica

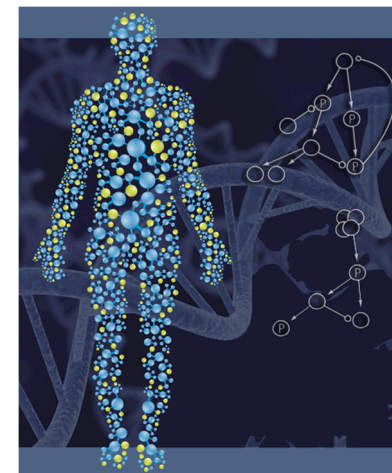


中央研究院 資訊科學研究所

INSTITUTE OF INFORMATION SCIENCE,
ACADEMIA SINICA, TAIWAN

以創新資訊技術來增進人類的生命品質

IT Innovations for Better Life



LAB OF System Biology & Network Biology
中央研究院資訊科學研究所 @iis, Academia Sinica, TAIWAN
系統生物學與網路生物學實驗室

合作單位(Collaborators) :



Microsoft





次世代定序結果基因表現比對與代謝網路之線上分析平台

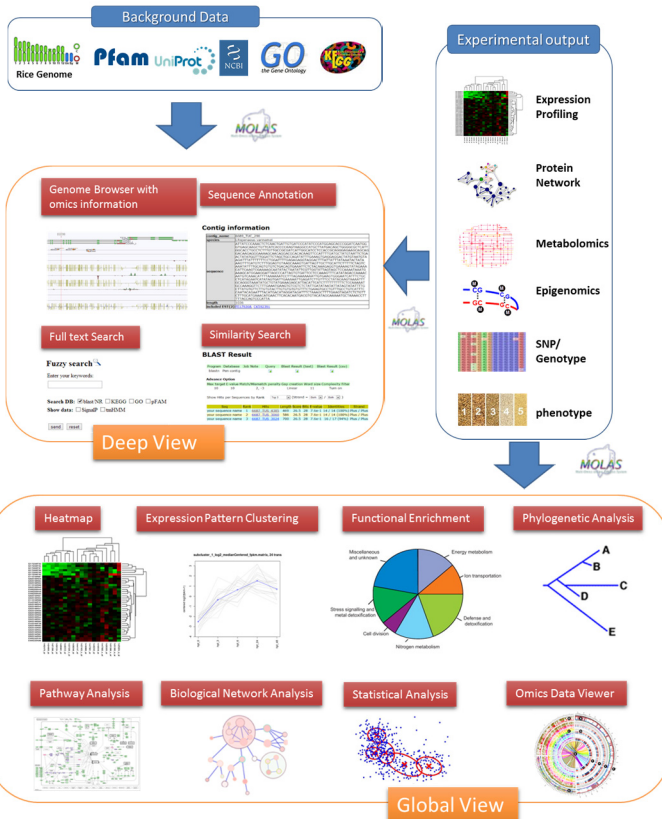
Multi-Omics onLine Analysis System (MOLAS)

<http://molas.iis.sinica.edu.tw>



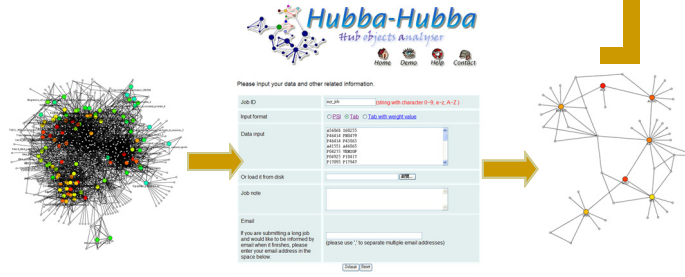
MOLAS is a web framework to decipher Omics data for model/ non-model organisms. By integration of public databases, expression profiling and self-developed programs with NGS tools, researchers can search in sequences or keywords, compare the differences among experiments, identify differential gene set for functional enrichment and map gene set on pathway to deep the analyses with more biological thinking without IT barriers.

MOLAS 乃為分析次世代定序基因表現概況的線上分析平台。內建多種生物資訊專用註解資料庫與分析工具。除了可應用於人類與小鼠等常見模式生物外。也可以應用於如鱒魚等非模式生物與環境基因體學之基因自動註解。並能透過線上 Web 介面。執行序列與關鍵字之搜尋。及差異性比對。功能群組分析。參與基因叢集分析及代謝網路之呈現。進而減少資訊技術所造成的障壁。快速建立解析生物醫學問題的線上平台。



新一代藥物標的鑑定系統： 複雜生物巨分子交互網路分析平台

<http://hub.iis.sinica.edu.tw/hubba>

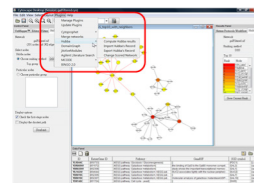


Hubba is a powerful prediction tool for hub/essential proteins with a user-friendly interface. Hubba can decipher the critical keys inside biochemical pathways and complex network, there will be significant clues to provide candidates for gene knockout and potential drug-targets for developing novel treatment in cancer cells and emerging pathogens. Here we also converted Hubba into cytoHubba, a Cytoscape Plug-in for Hub Object Analysis in Network Biology.

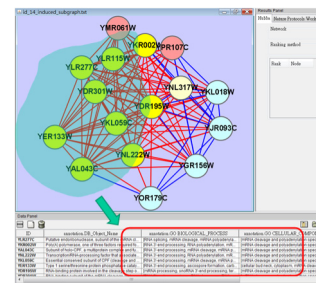
Hubba 線上分析平台。可用以分析生物複雜網路交互作用系統中的重要樞紐分子。以圖像化手法呈現重要性來對樞紐蛋白質排名。並顯示這些重要結點之間的關連性。協助辨識疾病細胞內與感染過程中的重要網路次模組。及特定基因群所關連的小網路。提供網路醫學研究與新的治療方法的開發。為了利用 Cytoscape 的輔助與其軟體能見度。與 cytoscape 平台其他 plug-in 的協助。我們將 hubba 變成 cytoscape 的一個分析模組。稱為 cytoHubba 得以提供更多生物學家對龐大的基因網路。採取更精關、便利的分析。進而提升生物網路分析的準確度。



YouTube: [cytohubba](http://www.youtube.com/cytohubba)
<http://hub.iis.sinica.edu.tw/cytohubba>
or Find it in Cytoscape



Compute the Hubba Score
綜合網路指數計算



Annotation for Selected proteins from others plug-ins in Cytoscape
利用其他 cytoscape 平台其他 plug-in 的協助。來註解所圈選的次網路成員

最佳化分子親緣關係高速分析平台

Phylogenetic Reconstruction by Automatic Likelihood Model Selector (PALM), (PLoS One, 2009)

<http://palm.iis.sinica.edu.tw>



Input Sequences

Input type: Sequence in FASTA format Aligned sequence in PHYLIP format

Sequence type: DNA Protein

Example File: [Text area]

Number of bootstrap data sets: [Dropdown menu] Print bootstrap information

Job Note: [Text area]

Enter your email: [Text area]

Advanced Option

Number of substitution rate categories: [Dropdown menu]

Starting Tree (check format): Build Biallelic tree User tree [Text area]

Model Selection Criterion: AIC AICc BIC LnL

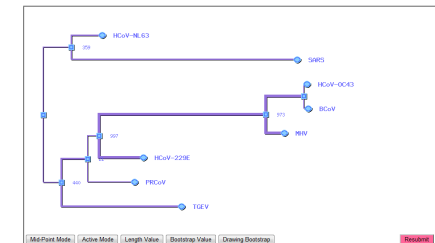
Optimize tree topology and branch lengths: Yes No

Submit [Button] | Learn [Button]

Current Status in Queue: There is no job in the queue.

© 2008 Systems Biology & Network Science Lab.
Institute of Information Science, Academia Sinica, TAIWAN.
Latest update: 2008/07/23/22

Best Model Selected	Blosum62
Model Selection Criterion	AIC
AIC	4516.39
LnL	-2249.19



Automatic phylogenetic analysis with model chosen -free approach according to the ranked score maximum likelihood in various criterion (AIC, AICc, BIC and LnL) and Interactive Tree visualization, 56 substitution models for DNA (JC69, GTR, etc.) and 112 substitution models (JTT, Blosum62, HIVb, etc.) for protein with paralleled mechanism

自動選擇最佳演化模型化之生物分子親緣關係分析平台。共有 56 種 DNA 演化模型及 112 種蛋白質演化模型。可供本系統同時評估。並提供互動式親緣樹檢視介面及平行化運算機制