

國立成功大學模組化課程

開課學年度/學期：114 學年度第 1 學期

領域：自然與工程科學

以生物資訊工具尋找潛在功能酵素：以 PETase 為例

Discovering Potential Functional Enzymes Using Bioinformatic Tools: The Case of PETase

教師

任職單位

畢業學校

黃兆立

國立成功大學

國立成功大學

Clhuang65535@gmail.com

熱帶植物與微生物科學研究所

類別

學分數

開課人數

其他注意事項

自然與工程科學

1

12

學生需自備筆電

先修課程或先備能力

無

課程難易度

☐ 難 ☒ 中偏難 ☐ 中偏易 ☐ 易

建議修課學生背景

理學院、工學院、生科院、電資學院、醫學院

教學方法

講授 25%，實作 50%，報告 25%

評量方式

作業 45%：第一、二、三天繳交作業，各 15%。

報告 45%：最後一天進行口頭報告，每位學生準備 10 分鐘報告，內容須包含

1. 用以基因預測與註解的資料來源與背景介紹
2. 挑選可能具潛在應用價值的基因序列至少 3 條
3. 進行結構預測的方法並以圖像化工具輔助說明各序列之結構差異
4. 分子對接結果比較並據此推測何者為最具活性潛力之基因序列

報告內容由授課老師進行評分，給分依據如以下項目：內容完整性 50%、簡報編排 20%、口頭說明 20%、臨場表現 10%。

出席率 10%

學習規範

無

課程概述

由於 99% 以上的環境微生物仍未被分離培養，環境中的 DNA 常帶有未知微生物的基因體資訊，其中蘊含著許多具潛在應用價值的酵素基因。藉由生物資訊工具的蓬勃發展，現在科學家已經可以發掘並註解這些具潛在功能的酵素基因，以 AlphaFold 預測其蛋白質結構，並透過分子對接模擬來評估其可能的酵素活性。本課程將透過從環境中尋找潛在可分解 PET 塑膠的 PETase 基因，以專題導向學習模式讓學生了解如何利用生物資訊工具來完成上述分析，從探索未知中獲取相關的專業知識。

關鍵字：基因預測、蛋白質結構、分子對接、生物資訊工具

課程概述(英文)

國立成功大學模組化課程

開課學年度/學期：114 學年度第 1 學期

領域：自然與工程科學

Given that over 99% of environmental microorganisms remain uncultured, environmental DNA often harbors genomic information from unknown microbes, containing numerous enzyme genes with potential applications. With the rapid advancement of bioinformatic tools, scientists can now discover and annotate these potentially functional enzyme genes, predict their protein structures using AlphaFold, and evaluate their potential enzymatic activities through molecular docking simulations. This course will adopt a project-based learning approach, focusing on the identification of potential PET-degrading PETase genes from the environment. Students will learn to utilize bioinformatic tools to complete the aforementioned analyses, acquiring relevant professional knowledge through the exploration of the unknown.

Keywords : Gene prediction; Protein structure; Molecular Docking; bioinformatic tools

課程進度

日期	時間	進度說明
2025/9/1(一)	9:00-10:00	基因體學基礎知識講解
	10:00-12:40	基因預測與註解實習
2025/9/2(二)	9:00-10:00	蛋白質結構基礎知識講解
	10:00-12:40	蛋白質結構預測分析與圖像化實習
2025/9/3(三)	9:00-10:00	蛋白質功能基礎知識講解
	10:00-12:40	分子對接軟體實作與結果判讀
2025/9/4(四)	9:00-12:40	潛在 PETase 功能基因探索專題實作
2025/9/5(五)	9:00-11:40	學生口頭報告
	11:40-12:40	綜合討論

課程學習目標

1. 了解基因預測與註解的原理。
2. 了解蛋白質結構與其功能的關聯。
3. 了解如何從未知基因體中找到具應用潛力的基因序列。

課程的重要性、跨域性與時代性

此課程的重要性在於引導學生了解如何發掘具有應用潛力的酵素基因，將生物技術的發展導向生物降解、生物能源、農業及醫藥等領域的應用，進而探索未知的生物資源。在時代性方面，課程緊跟 AI 技術、基因體學及生物資訊學的發展趨勢，並與聯合國永續發展目標相呼應，培養學生的社會責任感。跨領域性方面，課程融合生物學、資訊科學、環境科學等多個學科，並將科研與產業應用結合，培養學生的創新創業精神。透過此課程，學生將能掌握前沿的跨域生物科技知識與技能，為未來的研究與應用奠定堅實的基礎。

其他備註

參考書目：

Effendi et al. (2024) Exploring PETase-like enzyme from shotgun metagenome and co-expressing Colicin E7 in Escherichia coli for effective PET degradation

國立成功大學模組化課程

開課學年度/學期：114 學年度第 1 學期

領域：自然與工程科學

本課程若因天災等不可抗力之因素或中央、地方政府公告停課，授課教師需依情況依建議補課方式調整課程進度與補課；若需使用假日、國定假日補課，則需與所有修課學生達成共識方能用例假日補課。

建議補課方式：

1. 線上授課方式補課；
2. 當預期可能會因天災(颱風、超大豪雨…等)宣佈停課時，建議老師先行調整加快課程進度或預先增加可能天氣預警之前幾次課程時數；
3. 停課後隔天起延後下課，補足停課延誤的進度；若停課超過 1 天，則在開始上課後延後下課補課，或當週星期六、日補課；
4. 更改課程授課方式，例如：DEMO 改以考試、報告、作業取代。