

基於 NODE.JS 實作 MITOFATES

C-22

粒線體蛋白質序列預測網頁服務

IMPLEMENTATION OF A WEB SERVICE FOR
MITOFATES MITOCHONDRIAL PROTEIN
PREDICTION BASED ON NODE.JS

指導教授賀保羅 教授

專題成員余奕廷、游信彥

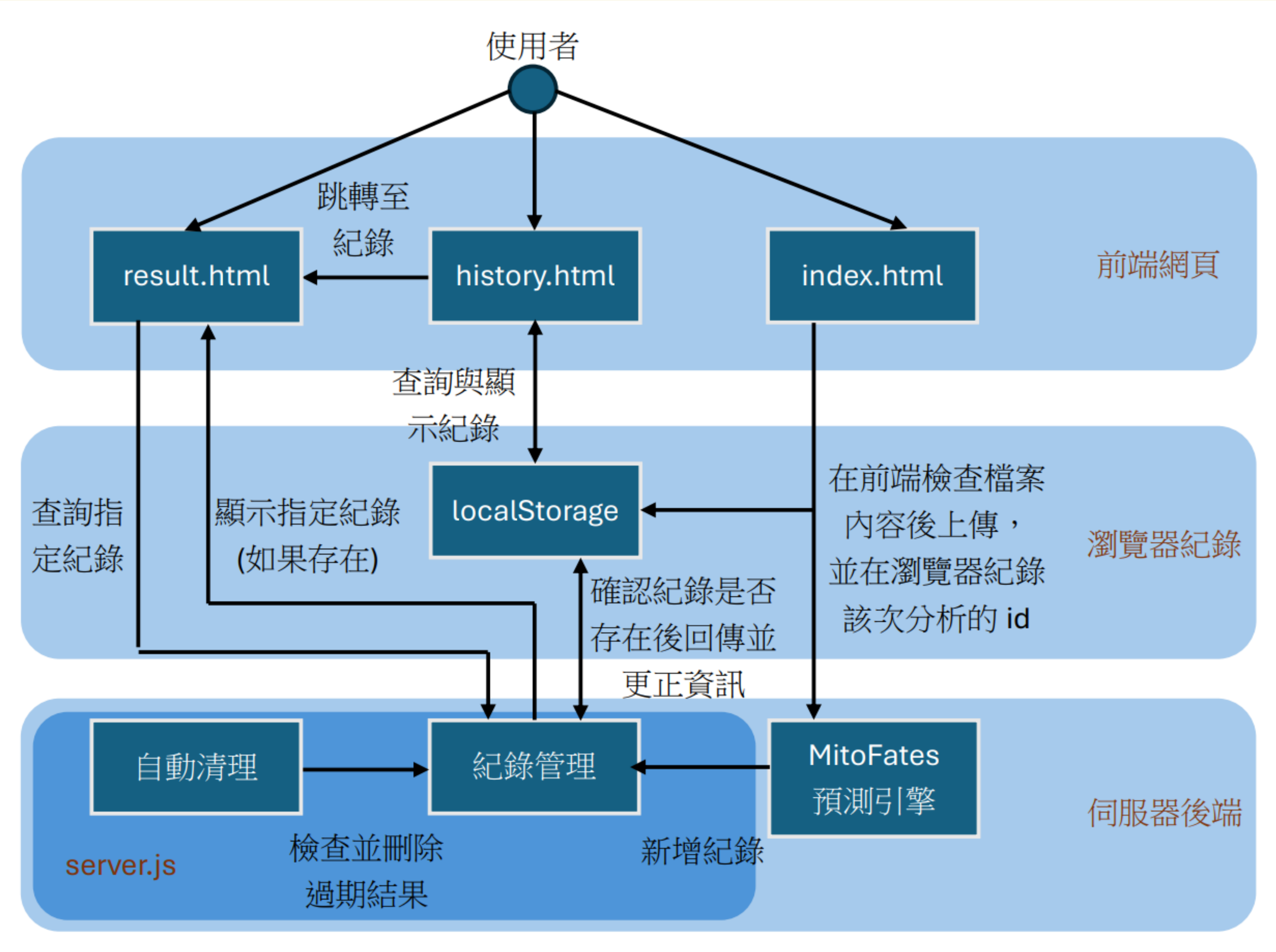
研究動機與目的

許多由細胞核編碼的蛋白質，依賴粒線體標靶序列 (MTS) 作為導航信號，才能進入粒線體內部，MitoFates模型為預測MTS的網頁工具。

由於 MitoFates 網站缺乏維護且維護不易，本專題運用 JavaScript 與 Node.js ，對系統與網站進行了全面的重新架設與優化。

此專題核心目標在於提升既有工具的可存取性、部署效率與用戶體驗，同時確保其核心演算法的準確性。

系統架構圖



技術亮點

前端預處理
Front-End Preprocessing



誤傳檔案的例子



檔案過大的提示

未來展望

申請固定IP
從租用網域改成向系所或計網中心申請固定實體 IP，並同時強化伺服器資安架構

視覺化提升
提供更多的動態視覺化輔助，如繪製 SVM 的密度分佈圖，支援導出向量圖格式，第一時間提供決策數據。

成果展示

MitoFates 蛋白質預測服務

輸入範例序列 (Example) 清除內容

分析紀錄

上傳 FASTA 檔案：
選擇檔案 未選擇任何檔案

蛋白質序列預覽 (FASTA 格式):
請上傳檔案，或從在此處上傳自製序列

選擇預測模型 (生物類別):
Fungi (預設)

提交並執行分析

MitoFates 14天內歷史記錄

任務 ID: 92ec2d65dc600746
分析時間: 2026/5/25 下午6:45:43
生物類別: fungi

查看結果 刪除記錄

返回重新分析 刪除歷史記錄

MitoFates 分析報告

注意：報告內容只會保留14天

任務 ID: 92ec2d65dc600746
分析時間: 2026/5/25 下午6:45:43
生物類別: fungi

Sequence ID	Probability of presequence	Prediction	Cleavage site (processing enzyme)	Net charge	Positions for TOM20 recognition motif (delimited by comma)	Position of amphipathic alpha-helix	BHHPPP	BPHBHH	HBHHBB	HBHHBB	HHBB
YDR178W-P37298	0.996	Possessing mitochondrial presequence	-	0.000	71-75	2-11-high	22-27	5-10	-	-	-

返回重新分析 下載結果(json) 分享結果

專題連結



網站連結



GITHUB