

基於 NODE.JS 實作 MITOFATES 粒線體蛋白質序列預測網頁服務

組別 C-22

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。

Query sequence

Paste single letter amino acid sequence(s) in single or multi FASTA format.

Or, upload a file in FASTA format.

Limitation: At most 2,000 sequences per submission.

[Sample sequence](#)

Browse... No file selected.

Organism

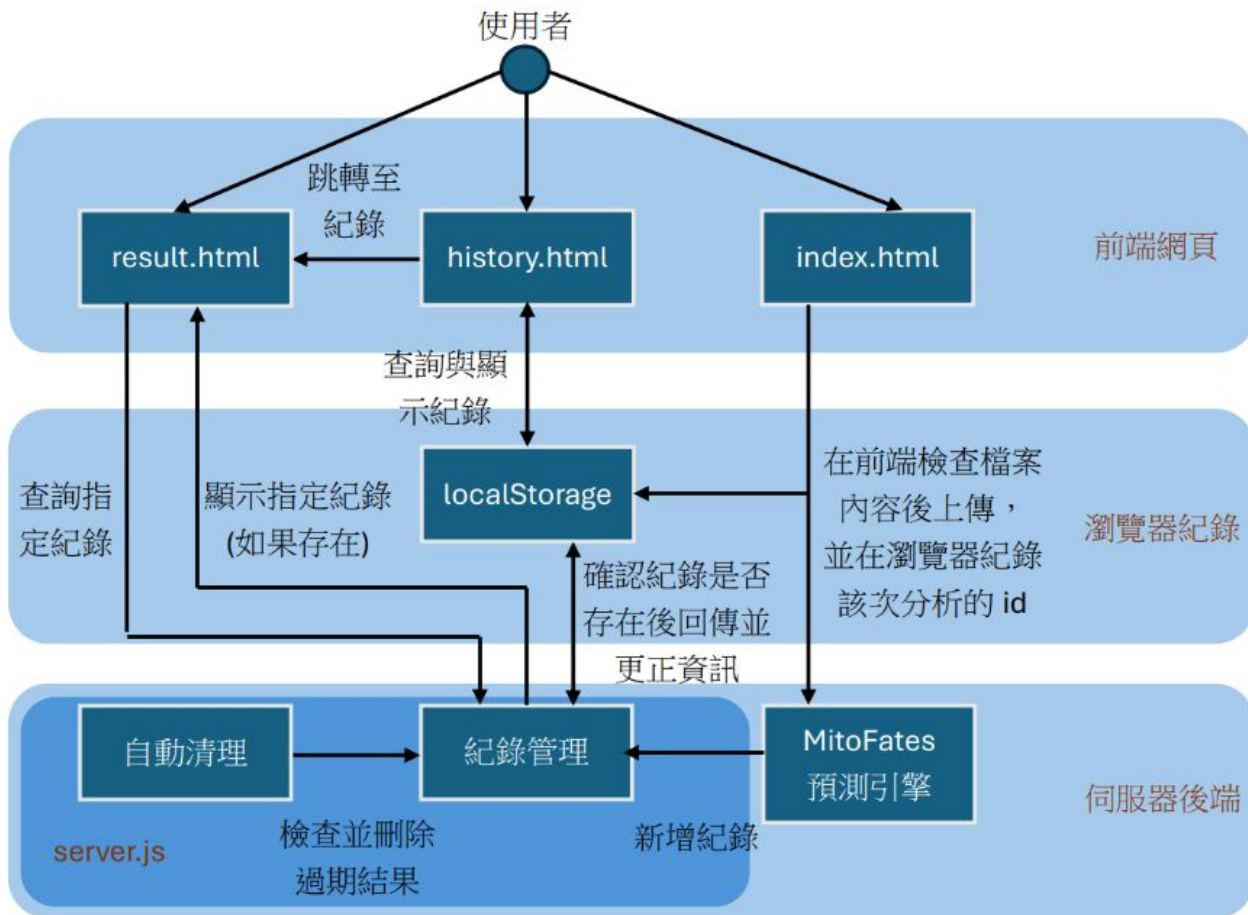
fungi ▾

Submission

Submit

Clear

系統架構圖



成果展示

MitoFates 蛋白質預測服務

填入範例序列 (Example)

清除內容

分析記錄

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，或是在此貼上蛋白質序列

選擇預測模型 (生物類別)：

Fungi (真菌)

提交並執行分析

MitoFates 分析報告

注意：報告內容只會保留14天

任務 ID: 8b7c548a750c7532
分析時間: 6/10/2026, 3:09:19 PM
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	H
YDR178W-P37298	0.991	Possessing mitochondrial presequence	36(MPP), 44(Oct1)	0.194	33-37	9-18-high	-	-	8-13	-
YJR100C-P47140	0.973	Possessing mitochondrial presequence	24(MPP), 32(Oct1)	0.250	9-13	1-13-high	-	-	-	-

← 返回重新分析 下載結果(json) 分享結果

MitoFates 14天內歷史記錄

任務 ID: 8b7c548a750c7532
分析時間: 6/10/2026, 3:09:19 PM
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

核心功能 - 預覽與編輯功能

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：

Browse...

example.fasta

蛋白質序列預覽 (FASTA 格式):

```
>YDR178W-P37298
MMLPRSMKFMTRRI FHTATVRAFAQSTAKKSLTIPFLFVLQKPGGVRGTPNDAYVPPENKLEGSYHWMYMEKIFALSVVPLATTAMLTGPLSTAA
DSFFSVMLLGICYMEFNSCIDYISERVYGVVHKYAMYMLGLSAVSLFGIYKLETENDGVVGLVKSLWDSSEKDNSQKIEAKK
>YJR100C-P47140
MHRTAIFLTYSRCMRNFSTLSKTLTVSSGKVI RNPFRVIREKNQITKAPSVKAFKENSNGIIVKHDPDIATTILNEPTVIERQIEFMNVFLGFE
QANRYAIMDVNGNKIASMMERDFSITKAIMRQFYRLHRPFLVDVFDNWGNVIMTIKRPFSFINSHIKTII PPSAYVDNGSDSTHYHDGKEGTTVGET
IQNWHLWRRRYELFQKDGVEGSTFDQFGKIDAPFLSFDFFVTADGKIMASVDRNWWVGLGREMFTDTGVYVVRFDSSQRCFDNIYPTMLSSQVLTLD
QRAVLLANAVSIDFDYFSRHSRQTGGFLSFGGGYDE
>YPR025C-P37366
MTDIIQLNGKSTLDTPSATMSAKEKEAKLKSADENNKP NYKRISDDDLYRHSSQYRMWSYTKDQLQEKRVDTNARAIAIYEENLLKFREAHNLTEEE
IKVLEAKATDITMEEFLDUMEVAKKQVITACHIMIDPEVUATATSEFDEEFLNSUMOTDKSTUPTTETLACKSENVETISUDSEAKAKSTDDSV
```

選擇預測模型 (生物類別)：

Metazoa (動物)

提交並執行分析

- 輸入框同時也是檔案預覽，允許使用者直接在網站上對上傳內容做編輯
- 本專案不限制上傳檔案的副檔名，就算沒有事先重新命名檔案也能使用

核心功能 - 歷史紀錄

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

- 利用瀏覽器內建的 LocalStorage 實作了14 天內的歷史紀錄
- 支援單一紀錄刪除與一鍵完全清空

核心功能 - 結果分析頁面

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
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

- 圖像化預測機率顯示
- 允許使用者用網址分享結果以及下載成json格式

專題亮點 - 前端預處理

MitoFates 蛋白質預測服務

填入範例序列 (Example)

清除內容

分析紀錄

上傳 FASTA 檔案 :

Browse...

example.fasta

蛋白質序列預覽 (FASTA 格式):

```
>YDR178W-P37298
MMLPRSMKFMTRRI FHTATVRAFQSTAKKSLTIPFLFVLQKPGGVRGTFNDAYVPPENKLEGSYHWYMEKIFALSVVPLATTAMLTTGPLSTAA
DSFFSVMLLGICYMEFNSCITDYISERVYGVVHKYAMYMLGLGSAVSLFGIYKLETENDGVVGLVKS LWDSEKDNSQKIEAKK
>YJR100C-P47140
MHRTAIFLTYSRCMRNFSTLSKSLTVSSGKVI RNPFRVIREKNQITKAPSVKAFKENSNSGIIKVHDP IATTILNEPTVIIERQIEFMNVFLGFE
QANRYAIMDVNGN KIASMMERDFSITKAIMRQFYRLHRPFLVDVFDNWGNVIMTIKRPFSFINSHIKTIIPPSAYVDNGSDSTHYHDGKEGTTVGET
IQNWHLLWRRRYELFQKDGVEGSTFDQFGKIDAPFLSDFDFPVTADGKIMASVDRNWVGLGREMFTDTGVYVVRFDSSQRCFDNIYPT EMLSQVLTLD
QRAVLLANAVSIDFDYFSRHSRQTGGFLSFGGGYDE
>YPR025C-P37366
MTDIQLNGKSTLDTPSATMSAKEKEAKLKSADENNKP PNYKRISDDDL YRHSSQYRMWSTKDLQLEKRVDTNARA IAYIEENLLKFREAHNLTEEE
IKVII EAKATDITMEFEI DUMEVAKKUVIACHINI DFEINATAISFEDEFEIENSUMC IODKSIUHTTIELACKSENVETISUNSEAKAKSTDDSV
```

選擇預測模型 (生物類別) :

Metazoa (動物)

提交並執行分析

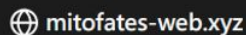
- 檔案上傳與文字解析皆在網頁前端完成，只有文字內容會被送到後端，從源頭阻絕上傳惡意檔案的資安風險
- 流暢度防禦機制：檔案過大時跳出警告並停止解析輸入框，以維持網頁穩定

專題亮點 - 前端預處理

上傳 FASTA 檔案：

Browse... 1053949_0.png

蛋白質序列預覽 (FASTA 格式):

[illegible]

檔案大小大於100KB，請檢察上傳檔案是否正確。
為了維持網頁順暢，檔案內容將不會完整預覽。

OK

專題亮點 - 自動清除腳本

```
const CLEANUP_INTERVAL = 60 * 60 * 1000;
const EXPIRATION_TIME = 14 * 24 * 60 * 60 * 1000;

setInterval(() => {
  console.log(' ⚡ 執行背景清理：正在掃描過期任務...');
  fs.readdir(RESULTS_DIR, (err, files) => {
    if (err) return;
    files.forEach(file => {
      const filePath = path.join(RESULTS_DIR, file);
      fs.stat(filePath, (err, stats) => {
        if (err) return;
        if (Date.now() - stats.mtimeMs > EXPIRATION_TIME && file !== '.gitkeep') {
          fs.unlink(filePath, () => console.log(' 🗑 已刪除過期任務：${file}'));
        }
      });
    });
  });
}, CLEANUP_INTERVAL);
```

- 每小時例行執行腳本，刪除 14 天前 JSON 分析結果檔案
- 雙端動態清理：查看歷史紀錄時，若實體檔案已不存在，前端會自動從 LocalStorage 中移除該記錄

未來展望

- **申請固定 IP:** 向系所或計網中心申請正式的固定實體 IP, 並進一步加強系統與伺服器的資訊安全架構, 在學校網域的防禦框架下, 徹底阻絕惡意攻擊且保障硬體安全。
- **視覺化提升:** 提供更多的動態視覺化輔助, 例如: 繪製 SVM 得分在統計模型中的密度分佈圖, 支援導出向量圖(SVG/PDF)格式等。

謝謝大家