

重點發展項目 ¹	發展現況 ²	最終目標 ³	今年度展示成果
林峻宇助理教授團隊開發患者個體及單細胞癌症調控網路智慧分析平台	相關技術已發表 4 篇國際期刊論文，例如 <i>Nat. Commun.</i> 2019, <i>JBCB</i> 2019, <i>Cancers</i> 2020；110 年亦有技術發表 <i>BMC Bioinformatics</i> , 2021	辨識癌症患者亞型與個人化預後標記，並進行個人化治療策略之開發	相關技術—加權最小反饋頂點集，主要應用於人類癌症基因之檢測，可善了基因差異表現分析的低準確性，並減少了純網路分析的不穩定性
何信瑩教授團隊發展並優化創新生醫演化學習平台及其智慧醫療應用	<p>1. 演化學習平台已由學術基因體和轉錄體的癌症和疾病資料庫獲得效能驗證，已發表多篇論文。</p> <p>2. 整合肝癌患者的臨床生化值和電腦斷層影像，建立可解釋的個人化臨床放射學模型，發表在 <i>Liver Cancer</i> (IF=11.740)，為該期刊第一篇 AI 預測論文。</p>	將生醫演化學習平台優化和自動雲端化，提供學術研究和產學合作服務	以「生醫演化學習平台:肝癌診療決策支援系統」榮獲 2021 第 18 屆國家新創獎之學研新創獎
柯泰名助理教授團隊發展新穎癌症免疫基因體研究平台	相關技術 2019 年已獲得 2 篇國際大型學獎項 (日本癌醫學會 JCA-CHHAO Award)、並以相關技術參與癌症治療研發團隊在 2020 年獲得第 17 屆國家新創獎	透過基因體特徵提供腫瘤免疫治療之有效評估方式	已建立相關多種可應用於轉譯醫學之平台技術
周雅菁博士與吳妍華教授團隊鑑定早期非病毒性肝癌的重要基因及對肝癌病人的影響	分析在肝癌組織的病理切片中之 gene X 的蛋白質表現量及功能性探討，並利用分子生物學及細胞生物學等實驗方法來研究調控 gene X 的因子	篩選可能抑制 X 基因的專一性抑制劑，希望能發現針對早期非病毒性肝癌的新穎藥物	利用免疫組織染色偵測早期非病毒性肝癌組織中 gene X 的蛋白質表現量及發現 HIF1- α 為主要調控機制，而且研究 gene X 之生物功能
陳亭奴助理教授團隊系統性分析開放資料庫資	藉由 TCGA 之轉錄體、臨床治療、存活等相關資	建立泛癌症之潛在生物標誌基因資料庫。	今年已藉由該套分析方法找到基因 RPL36A 之表現

料,找尋基因表現量與治療預後相關之潛在生物標誌	料分析 33 種不同癌症中之潛在生物標誌基因	並挑選最具潛力之標的於細胞株上驗證	量與口腔癌病人接受放療後發展出抗性相關,該計畫之成果已發表於 <i>Cancers</i>
高智飛助理教授團隊:建立果蠅認知功能評量分析平台,篩選具有神經保護功能化合物	已完成果蠅認知功能評測方法的建立,並將相關研究發表於 2021, <i>npj Aging and Mechanisms of Disease</i> , 目前團隊已篩選到一個具有神經保護功能潛力之化合物,正在進行後續相關驗證及應用	篩選出具有神經保護功能化合物,評估分析對於不同神經退化疾病的預防或減緩的效果,並探討藥效機轉	果蠅認知功能評測平台及相關研究的論文發表 (2021, <i>npj Aging and Mechanisms of Disease</i>)
蕭育源教授團隊建立 SEC-MALS 以及單分子顯微鏡...等研究藥物對蛋白質巨觀與微觀動態影響機制之研究平台	於 109-110 年引進並購買由美國普林斯頓大學楊皓教授所開發之單分子動態顯微鏡,於 110 年購買蛋白質與生物高分子特性量測分析系統 (SEC-MALS),這兩個貴重儀器分別可用於研究蛋白質的微觀與巨觀的動態改變,因此可以應用於了解藥物或抑制劑對於蛋白質的動態影響之機制研究,彌補傳統結構生物學的不足,對於藥物或抑制劑的作用機理提供更多面向(動態面向)的闡述	此儀器可提供超高時間解析度的動態分析,可以量測各種蛋白質本身或蛋白質與核酸間的動態行為,也可了解抑制劑或藥物對於蛋白質結構與動態的影響,進而了解抑制劑的抑制機制,將有助於設計並且開發下一代高效藥物	SEC-MALS 系統已經安裝完成並開始使用,楊皓教授所開發之單分子動態顯微鏡的所有組件已經購買完成並組裝中,預計先測試 TCIs 靶向抑制劑對蛋白質動態之影響,將其視為動態影響之模式抑制劑來確立此儀器之動態量測之成效
莊碧簪副教授以秀麗隱桿線蟲嗅覺學習記憶平台,探討成人早老症 (Werner syndrome) 的分子致病機制	線蟲的嗅覺感覺神經元在持續暴露於同一種氣味約 80 分鐘後,會學習忽略這氣味,進而導致約兩小時的長期記憶形成。這平台可以快速解析感覺神經元與行為可塑性即時動態反應過程。運用	找出成人早老症的分子致病機制,致力研究未來篩選小分子藥物的治療方法。	研究成果發現秀麗隱桿線蟲將人類 WRN 同源蛋白質功能區域表達為兩種不同的蛋白:具有 3'-5'核酸外切酶結構域的 MUT-7 蛋白質和具有解旋酶結構域的 CeWRN-1 蛋白質。成人早老症致病蛋白 WRN 的核酸

	<p>這平台搭配螢光蛋白再構成法 (Bimolecular fluorescence complementation)，發現成人早老症致病蛋白與重要的 siRNA 分子機制調控。</p>		<p>外切酶和解旋酶結構域可能具有協同作用，促進 siRNA 依賴性加載到異染色質複合物中。若是失去調控 siRNA 機制會造成神經元的可塑性降低，可能造成疾病生成的因素之一。此研究成果已發表在國際期刊 <i>eLife</i> 2021 與 <i>Cells</i> 2021</p>
<p>楊裕雄教授團隊合作與農試所合作開發農業病菌檢測平台，發展以延伸閘極電晶體檢測瓜類果斑病的病原菌 <i>acidovorax avenae</i> subsp. <i>citrulli</i> (Aac)</p>	<p>瓜類細菌性果斑病 (bacterial fruit blotch, BFB)，是全世界瓜類栽培的重要病害，此菌已被歐盟，以色列，日本等多國列為重要的農業檢疫病原。在台灣，瓜類細菌性果斑病感染西瓜、甜瓜、苦瓜及南瓜等重要經濟作物</p>	<p>發展以快速、高靈敏性、免標示與低成本的自動化組裝的延伸閘極電晶體，將 DNA 探針固定於晶片上，以檢測存在瓜果種子內的瓜類果斑病的病原菌</p>	<p>以延伸閘極場效電晶體作為細菌核酸感測元件，具有高度專一性與高度靈敏度，已可檢測到低濃度 (aM, 10^{-18}M) 的瓜類細菌性果斑病菌的 PCR 產物</p>