

黃彥華 助理教授

(生物醫學資訊研究所)



黃彥華老師為本校生物醫學資訊研究所助理教授，研究主軸為轉譯生物醫學研究。轉譯研究的意義，是要整合各種生醫相關研究技術與能量，以探索與疾病相關的基因及其致病機制，以期望能發展新的疾病診斷科技，並促進新藥及新療法的開發。在這個過程之中，生物醫學資訊學，扮演一個非常關鍵的角色，因為在轉譯醫學研究之中，常常需要大量使用高通量實驗方法，如新世代定序技術等，以大規模觀測疾病甚至是新藥研發用的分子生物特徵，以找出疾病、治療效果、與基因調控之間的關聯性。生物資訊分析、乃至於醫學臨床及研究資料整合，在轉譯醫學研究之中，將是不可缺少的一個部分。黃彥華老師研究主題，是以新世代定序技術 (NGS) 尋找人類致病基因、新物種巨量基因體及表現體定序資料註解及分析、癌症惡化及抗藥性的生物調控及反應路徑之研究。

在未來個人化醫療的時代，可能產生現在難以想像之巨量定序資料，如研究患病組織在病程及治療之中之系列變化，在基因體上可能產生大規模之結構變化、基因點突變數量上的累積、基因調控模式改變等等。傳統的計算流程、及分析結果呈現工具，是無法處理這麼大量而且複雜的資料型式。在未來定序的價格進一步下降，可能會在短時間之內，就會產生海量的全基因體及轉錄體定序資料。因此，在新世代定序資料分析及處理方面，黃彥華老師開發與已有之基因體資料庫瀏覽器 (如 Ensembl Genome Browser)，可以結合之新穎的整合分析及視覺化工具，已應用於探索罕見遺傳疾病的致病基因變異。另外，結合了遺傳演化的分析方法，也可以用來探新穎致病菌及院內感染菌的抗藥性基因及毒性因子之傳播及演化。

在癌症診斷及治療方面，目前最大的問題，在於癌細胞之轉移、與抗藥性之生成。黃彥華老師建立癌症細胞之基因表現調控路徑分析流程，以統合由各種高

通量實驗技術，所得到之癌症細胞之研究資料，如基因型變異、基因表現量變化等數據；並利用國際計畫所產生的巨量實驗資料，如 The Cancer Genome Atlas (TCGA)，和臺灣地區癌症病患樣本的實驗結果，相互比對，以尋找癌症組織與正常組織在基因調控機制上之差異，與預後不良之決定因子。

想進一步了解老師更多資訊，請參閱網站：

http://bmi.ym.edu.tw/wp/?page_id=8344