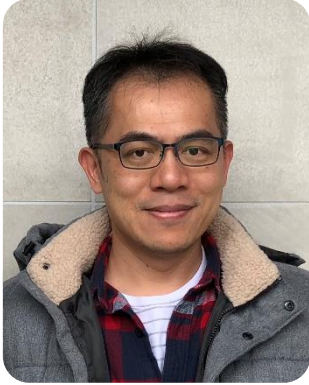


黃宣誠 教授

(生物醫學資訊研究所)



生物體內的各種反應過程是由生物分子間複雜的交互作用網路所交織而成。在系統生物學研究中，經常使用「網路」—數學上的定義是指由相連結的點所構成的圖—來表示生物系統各種成員如基因、蛋白質、化學分子、轉錄因子、非編碼核糖核酸之間的關係，提供我們簡潔有效的方式來呈現成員之間的各種關係。隨著基因體定序數據與大規模分子交互作用數據愈來愈多，網路分析技術已經被廣泛應用於生醫大數據分析，解析重要生物反應過程、探討疾病分子機制及輔助藥物開發研究。人類基因體序列中只有一小部分紀錄蛋白質編碼的基因，且轉錄出的核糖核酸有過半並不會轉譯成蛋白質，這些非編碼核糖核酸—如長鏈非編碼核糖核酸(lncRNA)與微核糖核酸(microRNA)—可以調控其他基因的轉錄與轉譯。由於這些非編碼核糖核酸與蛋白質編碼基因間的交互作用相當複雜且難以解讀，採用網路分析與建構數學模型提供我們闡明這些複雜動態變化的線索。藉由分析新興的單細胞定序巨量資料，讓我們可以解析在不同的細胞狀態中非編碼核糖核酸如何參與調控基因表現模式，且進一步理解生物網路調控的組織架構與動態功能。此外，透過整合大規模藥物基因體與疾病基因體數據，計算基因表現圖譜相似度與關聯網路，我們開發一系列計算與系統生物學分析方法，可找出具有新用潛力之已上市藥以及新穎癌症組合藥物治療。

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=33