

王禹超 副教授

(生物醫學資訊研究所)



王禹超老師是生物醫學資訊研究所副教授，研究領域有三個方向：(1)系統化分析高通量體學資料，包含基因體、轉錄體、蛋白質體等資料，以系統生物學及資料科學的角度，探討疾病的致病機制。(2)利用資料探勘、機器學習等生醫資訊方法鑑別診斷性及預測性生物標記，協助醫師解決臨床上實際所面臨的問題，希望可以達到精準醫學的應用及實踐。(3)對生物系統進行

數學建模，以系統模擬方式探討生物體內組成分子之間的交互作用及其對生物體表現型的影響。近期研究主題聚焦於鑑別癌症免疫療法藥物療效的基因預測指標，藉由次世代定序所得到突變資料的分析，王老師的研究團隊提出了一個演算法，建立僅僅由數十個基因所構成、可以準確估計腫瘤整體突變負擔並預測免疫療法療效的突變負擔估計模型[1]。未來可以用突變負擔估計模型中的基因設計成一個目標定序的模組，因為這個模組中只包含數十個基因，所以可以大幅降低計算突變負擔及預測免疫療法藥物療效的成本與技術門檻，也能更快得知檢測的結果，會比外顯子定序更符合臨床應用的需求，也更有希望成為臨床常規的檢驗以協助臨床醫師進行診斷治療。此研究成果獲得 Nature 臉書報導([臉書連結](#))。

[1] Lyu GY, Yeh YH, Yeh YC, Wang YC, “Mutation load estimation model as a predictor of the response to cancer immunotherapy” *npj Genomic Medicine*, 3:12, 2018.

Selection of nonsynonymous point mutations and construction of mutation matrix

Number of genes	Number of patients			
	TCGA-05-438Z-01	TCGA-67-6217-01	TCGA-73-4658-01	...
NOTCH4	0	2	1	...
PXDNL	1	0	0	...
IRP2	1	0	1	...
...

Nonsynonymous point mutation
Nonsense Mutation
Nonstop Mutation
Missense Mutation

Selection of candidate genes

Mutation frequency ≥ 0.1

Wilcoxon rank sum test
Bonferroni corrected
 p -value < 0.05

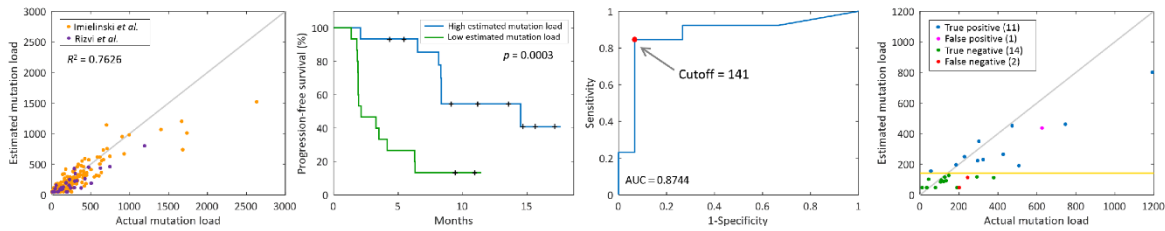
CDS length $\leq 15,000$

0
4
8
30
47
13,153
Candidate genes

Construction of mutation load estimation model

$$\hat{y} = 69 \cdot \text{PXDNL} + 64 \cdot \text{NOTCH4} + 59 \cdot \text{CSMD2} + \dots + 27 \cdot \text{PAPPA2} + 23 \cdot \text{ZFXH4} + 47$$

- Least squares parameter estimation
- Bayesian information criteria (BIC) for model selection



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=6981