

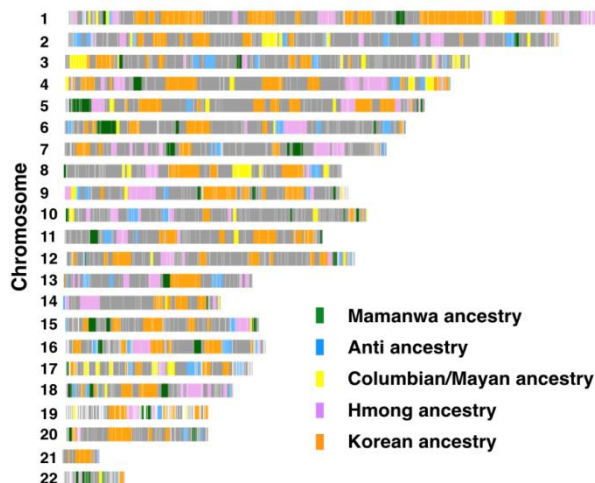
可文亞 助理教授

(生命科學系暨基因體科學研究所)

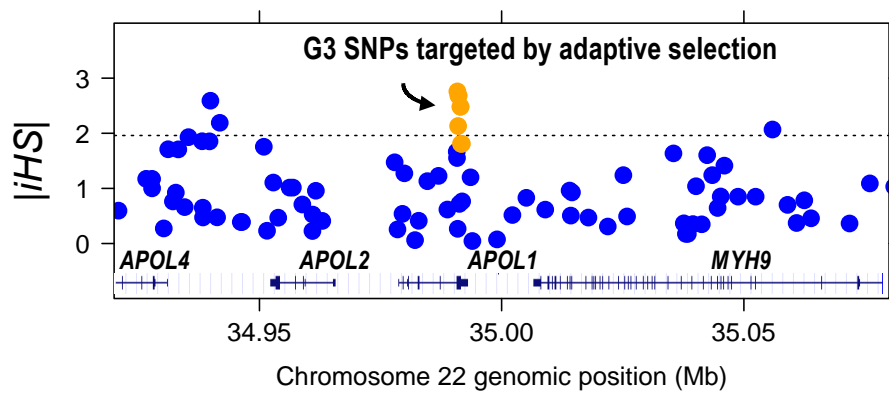


可文亞是生命科學系暨基因體學研究所助理教授。主要的研究領域包括：族群遺傳學、演化基因體學及保育遺傳學。台灣即將邁入精準醫學(Precision Medicine)的新紀元，精準醫學提倡建立個人的基因體資料與其他健康相關的資訊，其醫療作為將針對個人做精確化的疾病預防與治療。其中建立疾病的基因病因資料庫將對精準醫學的成效扮演著關鍵性角色。

有鑒於此，許多國家已先後啟動群體基因體計畫來尋找族群中低頻度遺傳變異 (genetic variant)。其中，以台灣族群為主的台灣人體生物資料庫 (Taiwan Biobank) 也已快速展開，並計劃要建立三十萬人的基因資料庫，期能夠找出所有和疾病相關的遺傳變異。可文亞助理教授所帶領的族群基因體實驗室將族群遺傳及演化學的理論，運用到台灣人體生物資料庫的基因體資料分析，建構出個人基因體上不同區塊的遺傳起源。以提升 GWAS (Genome Wide Association Studies) 的統計力。另外，演化學上提出在自然選擇(natural selection)的壓力下，族群存中有許多演化適應上優勢但卻對健康有害的遺傳變異。他與他的團隊亦致力開發和運用統計方法來尋找被自然選擇力所作用的遺傳變異。目前主要的研究主題為：(1) 台灣人類族群的遺傳起源與演化適應。(2) 發展統計方法來偵測自然選擇在基因體所留下的印痕(genomic signatures of natural selection)。(3) 台灣狐蝠保育遺傳學的研究。



【圖一】 回溯祖先起源在基因體上的區塊分佈 (Tracts of local ancestry)。此圖為我們研究日本人起源的計畫下，一位抽樣個體的 22 條體染色體祖先來源的區塊分部 (haploid only)。不同顏色代表不同的祖先來源。其中不同祖先的區塊的長度分佈亦反映了族群遷徙的時間。



[圖二] 偵測演化適應過程中被自然選擇力 (Natural Selection) 作用的遺傳變異。我們發現 APOL1 基因上的 G3 haplotyp 在演化過程中被自然選擇了下來。我們推測個體帶有這些遺傳變異能夠抵抗導致非洲睡眠病的錐蟲傳染 (trypanosomiasis)，但是可能會使該個體容易罹患慢性腎臟病。圖中 Y 軸 $|iHS|$ 為偵測自然選擇力的統計值。統計顯著臨界值為 $|iHS| = 1.96$ (Ko. et al. 2013 Identifying Darwinian Selection Acting on Different Human APOL1 Variants among Diverse African Populations. The American Journal of Human Genetics 93:54–66).

想進一步了解老師更多資訊，請參閱網站：

<https://dls.ym.edu.tw/faculty/faculty-member/wenko.html>