



李宗夷 教授

生物資訊及系統生物研究所

電話：03-5712121 轉 (O) 56947 (Lab) 56948

E-mail：leetzongyi@nycu.edu.tw

實驗室：生物大數據與深度計算實驗室

實驗室網頁：<https://sites.google.com/view/biomics>



研究興趣

近年來生物技術的進步與快速發展，使得高通量生物實驗設備(如：次世代定序、質譜儀等)可在短時間內產生非常巨量的生物資料，因此李宗夷教授創立了「**生物大數據與深度計算實驗室** (BiOmics Laboratory)」，由李宗夷教授擔任實驗室之指導教授，實驗室以培育資訊、生物、統計、工程等跨領域專業人才為宗旨。實驗室的研究方向著重在結合「大數據分析」與「深度學習」方法，專注於生物大數據、癌症多體學及智慧醫療相關研究，包含生物大數據分析、多體學深度學習計算、癌症生物標誌、病原菌抗藥性分析、多肽藥物設計、單細胞轉錄體與空間轉錄體、系統生物學、機器學習與深度學習在智慧醫療應用等主題，並結合大數據分析技術與深度學習方法建構高效能及高穩定度之生醫資料庫與智慧型生物資訊分析系統。

李宗夷教授已累積超過十年的臨床合作經驗，研究團隊以多體學研究為基礎，整合醫療單位採集檢體、臨床檢測數據、癌症基因體資料庫，並結合次世代定序與高通量蛋白質譜技術所產生的生物大數據，提供更為精準的疾病診斷與致病生物標誌檢測，並且與多家醫院、醫療中心合作，為病患進行個人化醫療的相關檢測。特別是與林口長庚醫院檢驗科合作開發病原菌檢測技術，結合機器學習方法與質譜儀之高解析度蛋白質譜圖(MALDI-TOF MS)，可針對醫院常見的病原菌(如金黃色葡萄球菌、大腸桿菌、綠膿桿菌、肺炎鏈球菌、糞腸球菌等)進行菌種鑒定，準確度高達98%以上。

AI-driven Innovative Clinical Testing

1. The commonly used bacterial resistance detection method - blood culture: **time-consuming and laborious**



2. Our study of drug resistant pathogen detection method - mass spectrometry: **fast and accurate, 5-10 minutes**



圖1. 結合人工智慧與質譜分析的病原菌抗藥性快速檢測技術

長期以來由於抗生素的濫用導致病原菌抗藥性問題日趨嚴重，使得多重抗藥性病原菌的感染成為臨床患者病情迅速惡化和死亡的首要威脅因素，已經受到全球衛生組織高度關注。解決抗生素抗藥性的一個關鍵是合理的用藥。而精準且快速地檢測臨床致病菌是醫生能夠針對性用藥、快速控制感染以及有效逆轉病情的前提。因此我們**已累積收集了超過十萬筆病人的病原菌抗藥素敏感測試數據**，並結合深度學習

方法進行細菌抗藥性分析，如圖1所示，相較於傳統血液培養的檢測方法，結合人工智慧(AI)與質譜分析的病原菌抗藥性快速檢測技術可幫助臨床醫師達到早期診斷與精準用藥的目標。研究團隊已發表超過10篇病原菌抗藥性檢測的文章在國際頂尖期刊，並且開發[基於高分辨質譜的病原菌耐藥性快速檢測技術]，於2021年獲得中華民國發明專利，同時也已向美國申請發明專利。

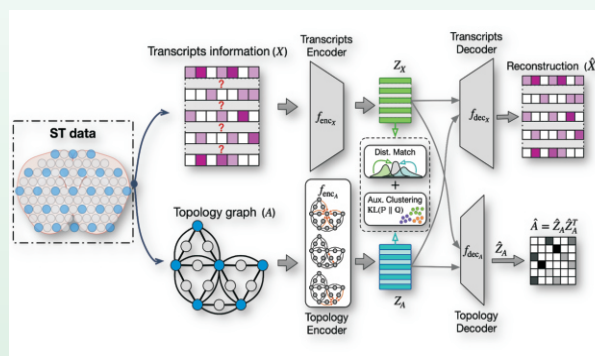


圖2. 空間轉錄體深度學習分析架構

過去幾年受延攬人帶領研究團隊結合大數據分析與深度學習方法(圖2)，針對多體學、單細胞定序與空間轉錄體數據開發各種系統生物學方法與分析平台。有鑑於蛋白激酶作用於癌症之重要性，我們更將研究方向著重於蛋白質磷酸化調控與訊息傳遞網路於癌症之研究，藉此發展出一套系統生物學方法RegPhos [Nucleic Acids Research, 2011]來幫助生物學家找到蛋白激酶(kinase)與受質蛋白(Phosphorylated substrate)間之調控網路，進而分析人類癌症之發生機制。有鑑於磷酸化於細胞分子生物學與癌症之重要性，過去已發表超過10篇磷酸化相關研究論文於SCI國際期刊，其中，包含磷酸化位置分析工具KinasePhos [Nucleic Acids Research 2005, 2007; J. Comp. Chem. 2006]；磷酸化網路分析方法RegPhos [Nucleic Acids Research 2011; Databases, 2016]；植物磷酸化位置辨識及相關分析PlantPhos [BMC Bioinformatics 2011]；病毒磷酸化位置辨識及相關分析[PLoS ONE 2012]。**蛋白質磷酸化與訊息傳遞網路相關研究論文已經被引用超800次**。近期研究團隊針對人類已整理600多個蛋白激酶和相關磷酸化作用位點，針對蛋白激酶間的進化研究和磷酸化底物特异性分析已有新的進展，相關研究成果已發表在Genomics, Proteomics & Bioinformatics期刊 (SCI IF: 7.691)。過去兩年積極與哈佛醫學院的Alexander G. Marneros教授和UCSD史允中教授合作磷酸蛋白體相關研究，成果已發表於PNAS (SCI IF:12.777) 和Cell Reports (SCI IF:9.995)。