

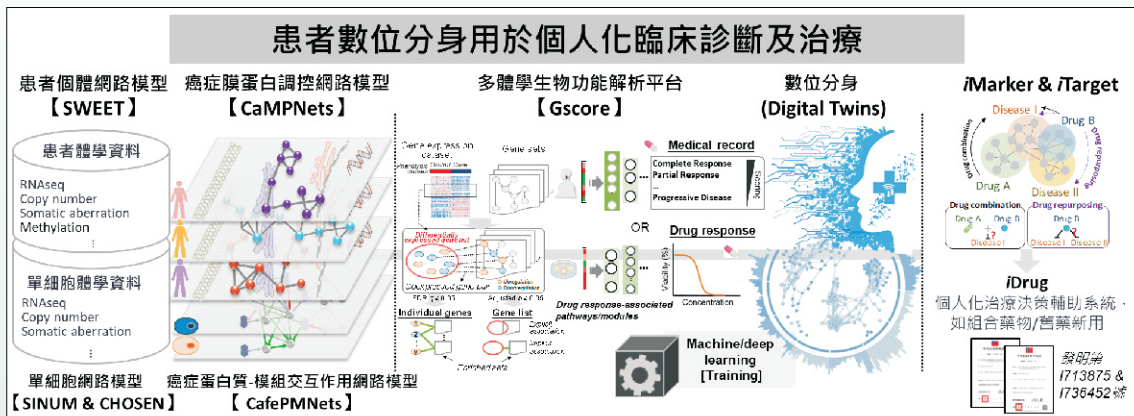


林峻宇 副教授

生物資訊及系統生物研究所
電話：03-5712121 轉 (O)59735 (Lab) 59737
E-mail：chunyulin@nycu.edu.tw
實驗室：網路醫學與系統生物實驗室
實驗室網頁：https://sysmed-net.lab.nycu.edu.tw/



研究興趣



網路醫學與系統生物實驗室 (MedSB.net) 致力發展以生物網路 (Biological Networks) 結合多體學 (Multi-omics) 資料來建構疾病調控網路模型，透過比對分析患者群體、單一患者個體 (Patient-specific)、乃至單細胞 (Single-cell) 和藥物基因組學 (Pharmacogenomics) 所建立之網路模型，我們專注於研發次世代精準醫療檢測技術及臨床治療決策的輔助工具。主要研究成果如下：

• 從基因/蛋白質間交互作用到疾病調控網路

隨著各種多體學資料快速增長，如何整合這些資料與生物網路來探討疾病機制成為當前的重點課題。然而絕大部分物種之交相互作用體 (Interactomes) 並不完整；靜態的網路無法反映細胞內的變動尚未被解決。為了解決上述問題，我們過去已發表多項新概念及新技術，例如：蛋白質間交互作用家族 (PPI family；發表於 *Nucleic Acids Research*, 2009) 和蛋白質模組家族 (MoNetFamily；發表於 *Nucleic Acids Research*, 2012)；透過映射不同物種之交相互作用實驗資料於特定物種，可精準預測蛋白質間交互作用、蛋白質模組及模組間交互作用，進而模擬真實細胞內的生物網路。

為了從全基因組表達譜資料中提取生物網路訊息，我們開發了單樣本網路推測方法來建立患者個人化的網路 (SWEET；發表於 *Briefings in Bioinformatics*, 2023)。SWEET方法可有效應用於辨識個人化藥物標靶及用藥預測，以及從網路層級對癌症進行類型/亞型預測與分類，進而促進個人化治療之開發以及相關臨床應用；例如：我

們與臺北榮民總醫院合作，應用並成功揭示頭頸癌病患的鐵依賴性死亡、上皮細胞間質轉化以及免疫特徵的相關性 (發表於 *Advanced Science*, 2023)。

至今，我們已應用所發展之概念及方法與國內外數個頂尖研究機構及公司合作，包含日本京都大學、澳洲 Monash 大學、Nvidia AI Technology Center (日本及新加坡)、三軍總醫院與台北醫學大學，例如：我們與北醫共同發展一個系統化整合模型，透過分析 15 種癌症並針對 2,594 個人類膜蛋白預測並建立其癌症膜蛋白調控網路 (CaMPNets；發表於 *Nature Communications*, 2019)；我們更透過此系統成功找到一個新穎抑制劑 (舊藥新用；已獲得兩項專利)，可有效抑制乳癌轉移發生。此外，我們與日本 NVIDIA 公司共同合作透過深度學習 (Deep Learning) 開發 AI 智慧演算模型，藉由分析腫瘤基因體大數據資料開發癌症亞型精準檢測技術，應用於患者癌症亞群及單細胞分類甚至是臨床資訊預測 (發表於 *Journal of Bioinformatics and Computational Biology*, 2019)。

• 構建患者數位分身應用於個人化臨床診斷及治療

近年來，我們團隊與三總及北醫攜手進行臨床試驗合作，透過患者個體或單細胞之多體學資料，以患者個體網路模型 (SWEET) 與開發中的單細胞網路模型 (SINUM & CHOSEN) 為基礎，結合機器/深度學習構建患者數位分身 (Digital Twin)，用於發展次世代精準醫療決策輔助系統，提供患者個人化疾病進程模擬、藥物療效預測以及預後評估。