

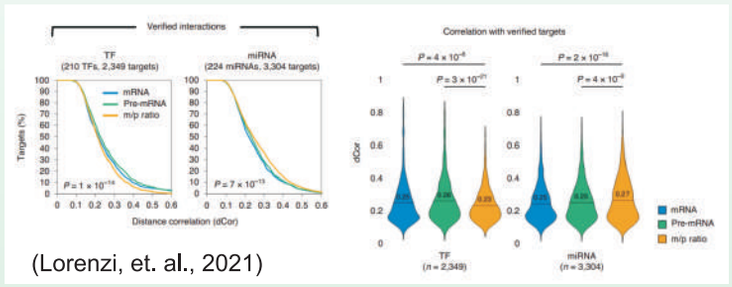
生物資訊及系統生物研究所
電話：03-5712121 轉 (O) 59734 (Lab) 59727
E-mail：dodochen@nycu.edu.tw
實驗室：Molecular Bioinformatics Lab
實驗室網頁：https://sites.goole.com/view/fullo fbeans

陳亭妏 教授

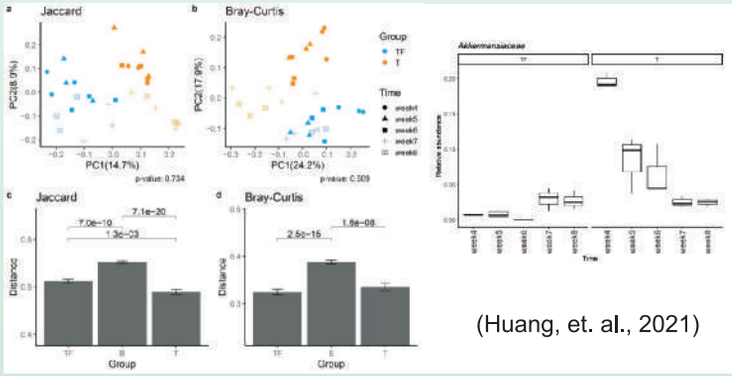
研究興趣

本實驗室研究主題為利用開放癌症基因體資料庫開發預測癌症預後、治療藥物相關之預測工具或相關資料庫。已經有許多癌症疾病相關的定序資料在公開資料庫中，藉由這些資料我們找到了與癌症後期發展相關的生物特徵，近期論文成果包括在2019年發表了的TACCO，是個整合型資料庫，提供了TCGA中的25種癌症中的1.差異表現RNA及微小RNA、2.上述差異表現RNA所參與之反應路徑分析、3.可預測癌症分群預測模組、4.可預測癌症預後的預測模組。在2019年發表於*The oncologist*的論文中發現了在口腔鱗狀上皮癌的病人癌組織樣本中MLLT3這個基因的拷貝數在口腔癌病人中常常是增加並伴隨著MLLT3這個基因的表現量上升，進一步的臨床資料分析更發現MLLT3的拷貝數量增加與口腔癌的侵襲性強弱呈現正相關，並且也與病人的整體存活率呈現負相關。實驗室持續進行泛癌症的研究，最近我們在TCGA資料庫33種癌症中找尋表現量與存活相關的基因，發現雖然在不同癌症中與存活相關的基因差異性很大，但是在分析這些基因所參與的生物反應途徑後發現，他們大多參與在與癌症發展相關的標誌反應路徑當中(*BMC genomics, 2022*)。

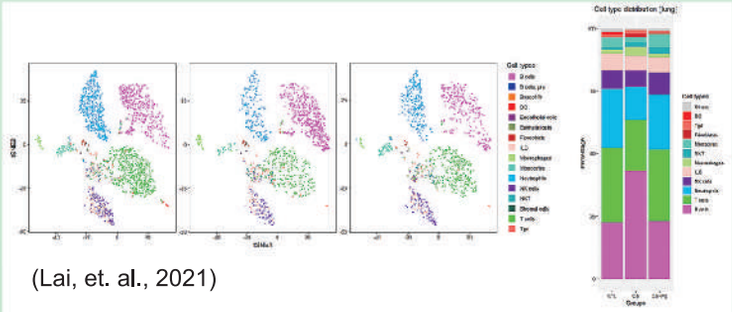
除了癌症研究之外，本實驗室亦參與在許多利用高通量分析技術的合作計畫，藉由開發或利用現有之生物資訊工具協助醫師或研究學者分析並解讀資料。例如近期與美國貝勒醫學院及比利時團隊合作發表於*Nature biotechnology*的文章探討了miRNA與Transcription factor (TF)在細胞內對標的基因的調控關係，證明了TF及miRNA分別在mRNA進行剪接前後進行調控；與中研院團隊合作發現攝護腺癌細胞株定植小鼠過程中造成腸道菌相，顯著改變，且在定植癌細胞小鼠中*Akkermansiaceae*科別的細菌相對豐富度會隨著時間降低，此研究發表於*Int J Mol Sci* (Huang, et. al., 2021)；與長庚大學賴信志教授團隊合作，近期發表在2021發表於Gut的合作計畫論文。此研究藉由抽菸引發慢性肺阻塞(COPD)的老鼠模型結合單細胞轉錄體定序、微菌相定序分析發現餵食益生菌*Parabacteroides goldsteinii* MTS01可減緩病徵，降低肺部的發炎現象。更進而發現*Parabacteroides goldsteinii* MTS01所生產之特定脂多醣具有抗發炎減緩COPD效果。我們的研究連結了腸道菌相與肺部疾病間關聯(肺腸軸)，並證實益生菌有做為預防或治療慢性肺阻塞之潛力。



(Lorenzi, et. al., 2021)



(Huang, et. al., 2021)



(Lai, et. al., 2021)