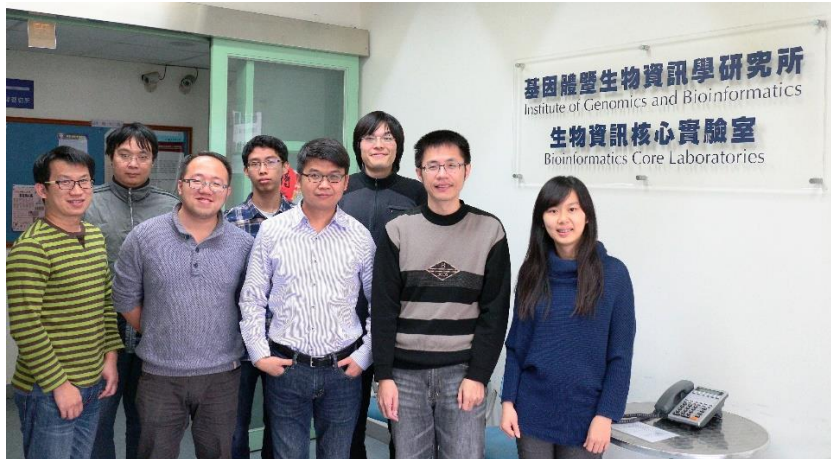


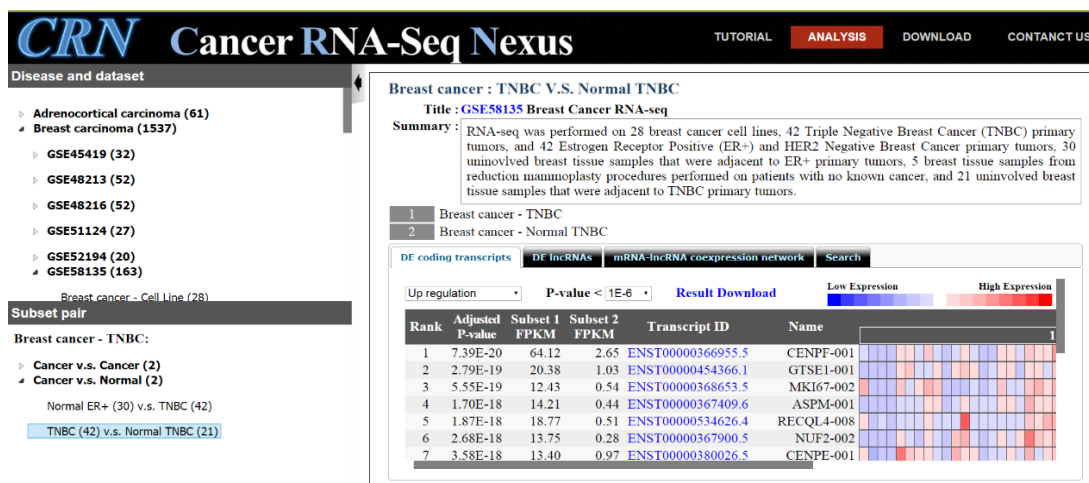
# 本所劉俊吉教授與博士班李建融同學 運用次世代定序大數據建構癌細胞基因表現量資料庫

正常細胞與癌細胞會有基因表現量的差異，基因表達可以運用在癌症診斷與個人化醫療。核糖核酸定序(RNA-Seq)是近年發展的革命性次世代定序(NGS)技術。中興大學基因體暨生物資訊學研究所劉俊吉副教授研究團隊運用了次世代定序大數據，建構了前所未有的癌症生物資訊資料庫。



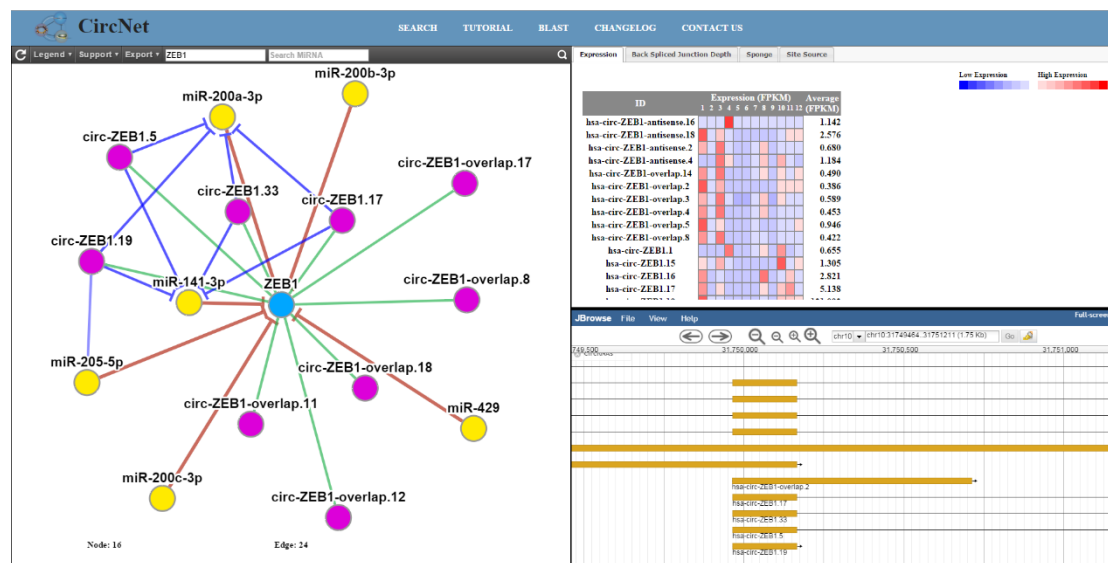
<上圖為研究團隊>

研究團隊與美國南加州大學合作，經歷二年的努力，建立了第一個大規模的癌症生物資訊資料庫：Cancer RNA-Seq Nexus <下圖>



(CRN<http://syslab4.nchu.edu.tw/CRN>)。這個大數據資料庫提供了前所未有功能：(1)大規模的癌症 RNA 數據，涵蓋了 30 種以上的癌症與 11,030 個 RNA 定序樣本。(2)包含了編碼及長非編碼 RNA (long non-coding RNA, lncRNAs) 表現量以及共表現網路。(3)視覺化呈現表現量、差異表現基因以及基因調控網路。本資料庫能夠提供生物醫學研究者一個重要資源，能藉此探討差異表現 isoform 以進行研究與預測以了解癌症調控機制或治療模式，幫助對癌症研究與個人化藥物治療產生新的假說，有助於未來癌症醫學與臨床研究。

另一方面，研究團隊也與交通大學團隊合作，使用大規模的 RNA-seq 數據，建立了第一個大規模的環形核糖核酸 (Circular RNAs) 資料庫 <下圖>



(CircNet <http://syslab5.nchu.edu.tw/CircNet/>)。本資料庫不僅擴展與探索最新的環狀 RNA 領域，而且提供了結合曾被發現和新發現之環狀 RNA 詳細的表現量分析。透過所提供之整合 circRNAs 與 miRNAs 和基因之間的調控網絡，將可能發現在人類疾病上更多新的調控機制，以提供生物醫學研究上最新而有潛力應用的資訊。

這二個資料庫均發表在國際權威的期刊 Nucleic Acids Research (SCI, IF 9.112)。

研究成果請參閱：

Cancer RNA-Seq Nexus <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/26602695>

CircNet <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/26450965>

中興大學系統生物學實驗室 <http://syslab.nchu.edu.tw/>