

2007 年「中央研究院年輕學者研究著作獎」得獎人著作簡評

莊樹諄 (中央研究院基因體研究中心)

代表作名稱：

1. Feng-Chi Chen, Chueng-Jong Chen, Wen-Hsiung Li*, and **Trees-Juen Chuang*** (2007). Human-specific insertions and deletions inferred from mammalian genome sequences. *Genome Research*, 17(1), 16-22. (SCI: 11.342)
2. Feng-Chi Chen, Sheng-Shun Wang, Chuang-Jong Chen, Wen-Hsiung Li and **Trees-Juen Chuang*** (2006). Alternatively and Constitutively Spliced Exons are Subject to Different Evolutionary Forces. *Molecular Biology and Evolution*, 23(3), 675–682. (SCI: 9.872)
3. **Trees-Juen Chuang***, Feng-Chi Chen, and Meng-Yuan Chou (2004). A comparative method for identification of gene structures and alternatively spliced variants. *Bioinformatics* 20, 3064-3079. (SCI: 4.926)

得獎簡評：

莊樹諄助理研究員的訓練背景為電子計算及資訊科學，在博士後研究期間進入基因體之跨領域研究，本次的系列論文集中在基因表現中，RNA 剪接(splicing)是一個重要的訊息傳遞機轉，因此 splicing 及 alternative splicing 在基因演化的機轉非常重要。如何在基因體內控制 splicing 及 AS 的調控序列，及演化的速率，經過計算 Ks(Synonymous)及 Ka(non- synonymous)在 exons 的變化率，發現 CSE(conserved spliced exons)及 ASE(Alternative SE)的序列中，ASE之 Ka 及 Ka/Ks 的值均比 CSE 高，顯示 ASE 的胺基酸演化速度較快，而 Ks 在 ASE 則近於 neutral 取代率，其資料及工具均相當良好，論文亦發表於國外優良期刊。

系列論文中第 1 篇為探討基因體內控制 splicing 及 AS 的調控序列，以及演化的速率；第 2 篇論文則比較尋找基因及剪接的核酸序列，發展出一個 Rosetta 軟體，可以用來快速分析及判讀大量資料庫內的序列，此外，亦發展出一個軟體介面與 Web 結合；第 3 篇則分析哺乳類基因體嵌入或刪除的序列，也都有實際廣用之價值。在基因體資訊之解讀(decoding)能力相當優秀，值得推薦。