



## 廖本揚

國家衛生研究院群體健康科學研究所研究員

### 得獎著作：

- ✿ Andrew Y. Chang and **Ben-Yang Liao\***, 2017, "Recruitment of histone modifications to assist mRNA dosage maintenance after degeneration of cytosine DNA methylation during animal evolution", *Genome Research*, 27(9): 1513-1524
- ✿ Meng-Pin Weng and **Ben-Yang Liao\***, 2017, "modPhEA: model organism Phenotype Enrichment Analysis on eukaryotic gene sets", *Bioinformatics*, 33(21): 3505-3507
- ✿ **Ben-Yang Liao\*** and Meng-Pin Weng, 2015, "Unraveling the association between mRNA expressions and mutant phenotypes in a genome-wide assessment of mice", *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 112(15): 4707-4712

### 得獎簡評：

廖本揚博士畢業於密西根大學，2008 年加入國家衛生研究院擔任助研究員，2013 年升等為副研究員。三篇代表性著作是有關基因調控的機轉和演化。2015 年 *PNAS* 論文是第一個由基因體分析證明基因表現的位置與其功能的關連性的研究。2017 年 *Genome Research* 論文研究基因複製後基因劑量重新平衡的表觀遺傳機制。廖博士和他的同事在早期的研究中發現，在基因複製中胞嘧啶 (cytosine) 甲基化對於調降基因表現扮演重要的角色。但並非所有動物都有胞嘧啶甲基化酶，在 2017 這篇新的論文中，廖博士發現沒有胞嘧啶甲基化酶的物種會用組蛋白 (histone) 修飾來代替，因此不同的物種會使用不同的方法來解決基因調控上相同的問題。2017 年 *Bioinformatics* 的

論文，廖博士建立一個網站，提供研究人員分析二組基因組對於一個特定突變表現型是否豐度的表現量會有不同，這個分析可以用於模式生物，例如：人、小鼠、斑馬魚、果蠅、線蟲、酵母菌，以及其他幾種非模式生物。這三篇論文顯示廖博士是一位傑出的科學家，他的研究涵蓋了從解決基本的演化問題到資源 / 工具的發展。這些論文集具有原創性、創新性、及科學影響力，有助於瞭解分子演化過程中真核生物基因在表觀遺傳上如何被調控。

### 得獎人簡歷：

廖本揚博士於 1998 年畢業於國立臺灣師範大學生物學系；於 2002 年取得臺灣大學動物學碩士後，2004 年赴美國深造。廖博士於 2008 年取得美國密西根大學安娜堡分校生態與演化生物學博士學位，隨即返國任職於國家衛生研究院群體健康科學研究所，擔任助研究員。因其在基因體學以及生物資訊學領域的研究成果，廖博士於 2013 年獲頒「102 年度國衛院年輕學者學術成就獎」，並於同年升等為副研究員。2015 年廖博士因為在演化生物學上的研究成果，獲頒「科技部 104 年吳大猷先生紀念獎」，並於 2018 年升等為研究員。廖博士的研究主軸在利用巨量生物資料，探究哺乳動物基因調控的機制，以及物種型態、生理以及行為等特徵演化背後的分子基礎。除此之外，因多數人類基因的功能尚不明確，廖博士亦致力於發掘能夠預測基因功能的生物分子特性，以及開發功能性基因體研究所需的生物資訊工具。

### 得獎著作簡介：

我們獲獎的三篇著作，分別代表在下列三項研究目標所取得的進展：（一）瞭解基因調控演化的機制；（二）探索基因表達特性和表型之間的關聯及演化上的連動關係；（三）開發能夠運用於上述兩項課題的分析工具。

- （一）真核生物的基因體內有一類型的基因在表達量發生異常改變時，會對細胞的正常生理活動造成嚴重的負面影響。我們以重複基因為模型，透過跨物種基因體、轉錄體及表觀基因體的比對，發現表觀遺傳的調控在基因總體劑量的維持上扮演關鍵角色。此研究亦揭露了不同表觀遺傳機制在演化上的互補作用。
- （二）為探索基因表達特性和基因功能之間的關聯，我們比對小家鼠基因的突變表型與基因轉錄圖譜，發現 mRNA 轉錄活性越高、越有組織專一性、越在胚胎早期表達及調控演化上越具備保守性的基因，越能夠經由其 mRNA 的轉錄活性預測其在該組織的突變性狀。此觀察到的趨勢有助於我們未來透過基因 mRNA 表達的特性來發現基因的功能。

- (三) 高通量分析技術廣泛使用於近代生物學及生物醫學研究中；這些研究所產出的初步結果常以基因群的方式呈現。為詮釋基因群背後的生物意義，我們發展出名稱為 *modPhEA* 的線上工具。此整合表型資料庫之工具，不僅能夠廣泛應用於基礎生物學及生物醫學研究，亦免費開放給全球研究人員使用。

### 得獎感言：

感謝中央研究院設立這個獎項，鼓勵年輕的研究人員投入基礎科學研究。我們團隊過去在所專注的課題上能夠取得一些進展，所仰賴的是國衛院以及科技部在環境以及經費上持續的支持，以及研究團隊中每一位成員的努力。最後，我要特別感謝家人一路以來的幫助。他們的支持，使我得以無後顧之憂地享受在每一個學習以及探索的過程。