



中研院訊

Academia Sinica Newsletter



第 1773 期 | 2022 年 09 月 08 日發行



本期目錄

當期焦點

- 01 「心繫 Fata'an」共作展 9 月開幕 阿美族馬太鞍部落攜手中研院民族所 喜迎 60 年文物返鄉展出
- 04 本院邱子珍特聘研究員獲美國植物生物學會海外終身通信會員獎

學術活動

- 05 活動報名〉111 年知識饗宴—錢思亮院長科普講座「從防癌到長壽：解鎖共同機制」
- 07 活動報名〉《巨震創生：九二一震災的風險分析與制度韌性》新書座談會
- 09 活動報名〉周大紓紀念研討會——A New Era: Organic Chemistry at the Interface of Biology

漫步科研

- 10 TRAX 藉由調控微核糖核酸 進而影響亨丁頓氏舞蹈症的病程發展
- 11 對抗急性骨髓性白血病之嶄新標靶治療
- 12 【專欄】尋找潛藏在基因體海洋中的大秘寶：非典型轉譯蛋白

生活中研

- 17 捐血活動公告
- 18 新進人員介紹——資訊科學研究所王建堯助研究員
- 20 人事動態

編輯委員

湯雅雯、林于鈴、吳岱娜
賴俊儒、陳玉潔、吳志航
林千翔、陳禹仲、曾國祥

編輯

陳竹君、黃詩雯、陳昶宏

電話

02-2789-9488

傳真

02-2785-3847

信箱

wknews@gate.sinica.edu.tw

地址

11529 臺北市南港區研究院路二段 128 號

本院電子報為同仁溝通橋樑，隔週四發行，投稿截止時間為前一週星期四下午 5:00，若逢連續假期則提前一天截稿，歡迎同仁踴躍賜稿。

「心繫 Fata'an」共作展 9 月開幕 阿美族馬太鞍部落攜手中研院民族所 喜迎 60 年文物返鄉展出

典藏超過六十年，源自花蓮阿美族馬太鞍部落（Fata'an）的文物，即將返鄉展出！由花蓮縣光復鄉大馬太鞍社區發展協會及本院民族學研究所共同舉辦的「心繫 Fata'an」共作展，於今（2022）年 9 月 3 日於花蓮縣光復鄉開幕，現場舉行祈福儀式、吟唱古調及導覽參觀。此次展覽預計以 48 件文物，搭配研究人員的手稿與影像紀錄，帶領眾人穿梭時空與文化斷層，重溫 1950 年代馬太鞍的生活樣貌，也將是本院民族所博物館歷來文物最多、展期最長的共作展（圖一）。本院民族所所長張珣、博物館主任郭佩宜、策展人黃宣衛研究員與劉璧榛副研究員，以及多位研究人員均一同出席。



圖一：中研院民族所博物館與馬太鞍部落共作展「心繫 Fata'an」海報

「心繫 Fata'an」共作展由馬太鞍部落、本院民族所黃宣衛研究員及劉璧榛副研究員共同策展。藏品源自 1956 至 1961 年間，本院民族所創所所長凌純聲帶領研究人員及學生多次拜訪馬太鞍部落進行田野調查。時逢部落文化變遷劇烈時期，當時的大頭目何有柯、耆老連再芳、張阿湖不吝與研究團隊講述傳統文化，包括祖先傳承下來的神話傳說、歷代神譜與家族系譜，甚至示範工藝技術及其知識。藉由部落年輕人陳阿順、吳阿民與王文龍的翻譯協助，研究團隊得以留下文字及影音紀錄，並將文物帶到本院民族所典藏。六十多年來，本院民族所與馬太鞍亦有多次合作研究，更促成此次文物返鄉展。即使過程中歷經疫情波折，但在馬太鞍部落整合各方團體鼎力協助下，終將開幕。



圖二：漁簾捕魚，1958，凌曼立拍攝。

Palakaw 傳統捕魚技藝工法中，使用魚簾驅趕魚蝦入 Lakaw（拉告）池棲息，以後再以魚網捕撈。

此次展覽六大展區將從不同面向追溯馬太鞍的歷史與文化流變，展品還包括取得「原住民族傳統智慧創作專用權」的珍貴文物。「枝開散葉的樹豆文化圈」講述部落 Fata'an（樹豆）名稱起源故事。「與自然共生的智慧」介紹馬太鞍族人生活中的漁獵工具，包括 Palakaw（巴拉告）傳統捕魚技藝（圖二）以及各種生活器具。「榮耀的領袖與祭司」以馬太鞍末代 Afelo'ay（領袖）與 Sapalengaw（總祭司）的大禮冠盤帽（O pakowawan no Sapalengaw no Fata'an a niyaro'）及衣物（圖三），帶領大家認識 1950 年代的馬太鞍社會組織。在「裙擺舞動中的性別關係」展區裡，還有馬太鞍男子在 Ilisin（年祭）傳統祭儀舞蹈穿著的 Fohkad（五片流蘇裙），是本次展覽一大亮點（圖四）。



圖三：部落領袖大禮冠帽

Pakowawan（大禮冠盤帽）象徵大頭目兼祭司的氣勢威望與崇高的領導地位，僅在主持重要祭儀時穿戴。帽前鑲有貝殼串與山豬獠牙，象徵海洋與陸地，盤帽周圍的大冠鷺羽毛，則代表保衛部落的男性年齡階級，帽子後方紮有人髮。



圖四：五片流蘇裙 Fohkad

Fohkad 有五片雙層布條，長度在膝蓋至腳踝之間。藍、白、紅三色布條象徵太陽的光芒。著盛裝跳舞時布條及流蘇隨處飄動，增加男性的流動美感。

「共作影片」及「合作研究的相繫」則展出本院民族所多年來與馬太鞍部落的合作紀錄及研究成果。最後的展區將展出 Kakitaan 祭司祖屋模型（圖五）讓大家有機會親眼目睹當時耆老們用傳統工法手製的 Kakitaan 模型，及其屋內的 11 根樑柱，屋柱繪有祖先起源神話與歷代英雄臉譜，還留下歷史故事，具體說明獵首祭、男性會所與男性婚入女方家的制度。祖屋可說是馬太鞍傳統社會組織、宇宙觀與信仰的縮影，但在部落已不見本體，因此這個祖屋模型將提供近來部落文化復振重建的參考。



圖五：Kakitaan 祭司祖屋模型（含柱 1）。

此柱（柱 1）較高，支撐整個大樑的組屋結構，意義也最重要。柱上是人類最早的祖先人像，右側男子叫 Piroykaraw 左為女子 Marokirok。相傳古代洪水時，兩人乘坐其腳下的矩形長木臼（dodang），作為船，漂流至 Cacora'an 山，等水退後二人下來馬太鞍定居。

本院民族所張珣所長表示，民族所博物館自 2017 年起，鼓勵藏品來源地區的原住民團體和民族所內研究人員合作，提出「共作展示案」，讓藏品返回原鄉展出。第一至三屆共作展分別與苗栗泰安和宜蘭南澳的泰雅族，以及屏東排灣族佳平部落合作，以促成典藏文物與原住民部落重新連結，透過共同合作反映與記錄當代文物詮釋，更進一步貼近原住民的聲音。

「心繫 Fata'an」展期自 2022 年 9 月 3 日至 2023 年 3 月 4 日止，每週三、五、六上午 10 點至下午 4 點開放免費參觀，地點為花蓮縣光復鄉光華街 1 號（花蓮縣舊消防局光復分隊）。

本院邱子珍特聘研究員獲美國植物生物學會海外終身通信會員獎

本院邱子珍特聘研究員 榮獲 美國植物生物學會 海外終身通信會員獎



本院農業生物科技研究中心邱子珍特聘研究員榮獲美國植物生物學會（American Society of Plant Biologists, ASPB）頒授 2022 年海外終身通信會員獎（Enid MacRobbie Corresponding Membership），以肯定其於植物學界長期的傑出研究成果與貢獻。

邱子珍特聘研究員研究領域為植物營養，專注於植物感應磷肥之基因調控，她的研究團隊揭露微型核糖核酸（microRNA）是調控細胞內磷酸鹽恆定的重要因子。海外終身通信會員獎由美國植物生物學會頒予，表彰在植物科學研究上具有傑出成就的外國科學家。得獎人係由該學會提名、並由全體會員通訊投票選出。邱特聘研究員是今（2022）年三位得獎人之一。

美國植物生物學會為全球最具影響力的植物學相關學會，約 4 成的學會會員為海外會員，並發行植物學領域重要期刊，包括《植物細胞》（*The Plant Cell*）、《植物生理學》（*Plant Physiology*）與 *Plant Direct*。該會對於植物科學研究及教育的推廣不遺餘力，並長期關注全球植物相關議題，包括糧食安全、基改作物、作物產量、生質能源、環境保護與永續發展等。

相關連結：<https://aspb.org/awards-funding/aspb-awards/corresponding-membership/>

活動報名〉111 年知識饗宴—— 錢思亮院長科普講座 「從防癌到長壽：解鎖共同機制」

主講人：劉 昉院士

主持人：劉扶東副院長

時 間：111 年 9 月 27 日（星期二）19 時至 20 時 30 分

地 點：本院生物醫學科學研究所 B1C 會議室

報名網址：<https://tinyurl.com/2g8c6fky>

1. 歡迎於 9 月 25 日前報名參加現場演講，注意事項如下：

- (1) 本次活動採線上報名制，不接受電話或其他方式報名。
- (2) 報到將以報名時登記之身分證字號為辨識依據，請事先備妥相關證件。
- (3) 現場開放 30 位入場名額，活動當日 18 時於會場接待處開始登記，額滿為止。
- (4) 本院保留更改活動及報名資格權利，若因故無法出席，請於 9 月 25 日前自行於線上取消報名。當年度科普演講及藝文活動共計 2 次無故未報到者，將暫停其報名權限 1 年，自最近一次未報到之活動日期起算。
- (5) 防疫期間敬請全程配戴口罩，並配合場館防疫措施。

2. 參加現場演講者將提供：

- (1) 填答完成線上問卷禮品每人 1 份。
- (2) 學生憑證領取《科學人》雜誌過刊每人 1 本（數量有限送完為止）。
- (3) 活動期間免收停車費（請主動告知警衛）。
- (4) 公務人員簽到可獲得終身學習認證及研習時數 1 小時，教師 1.5 小時。

3. 影音直播網址：https://youtu.be/0ged4lO_wdM（觀看直播無須報名，演講影片將留存於網頁上）。

洽詢專線：院本部秘書處吳小姐，(02)2789-9726



中央研究院知識饗宴 | 錢思亮院長科普講座

從防癌到長壽：解鎖共同機制

From Cancer Prevention to Aging: Unlocking a Common Mechanism

主講人 | 劉 防院士

主持人 | 劉扶東副院長

111 / 9 / 27
星期二 | 晚上 7:00-8:30

本院生物醫學科學研究所B1C會議室
臺北市南港區研究院路二段128號

洽詢專線：院本部秘書處 (02)2789-9726

請報名 線上直播

活動報名〉《巨震創生：九二一震災的風險分析與制度韌性》新書座談會

由本院社會學研究所林宗弘研究員等學者所主編之《巨震創生：九二一震災的風險分析與制度韌性》一書於今（2022）年 9 月出版，並辦理新書座談會，活動訊息如下，歡迎報名參加。

時間：2022 年 9 月 30 日（星期五）14 時 30 分至 17 時

地點：本院人文社會科學館南棟 8 樓 802 會議室

講者群：林宗弘（本院社會學研究所研究員）

陳亮全（國立臺灣大學建築與城鄉研究所兼任教授）

劉季宇（國家實驗研究院國家地震工程研究中心研究員）

林冠慧（國立臺灣師範大學環境教育研究所助理教授）

陳淑惠（國立臺灣大學心裡學系暨研究所特聘教授）

主持人：陳志柔（本院社會學研究所研究員兼所長）

與談人：瞿海源（本院社會學研究所兼任研究員）

李香潔（行政院國家災害防救科技中心體系與社經組組長）

主辦單位：本院社會學研究所

報名網址：<https://forms.gle/sdynnS1kRhKjGdN6A>

聯絡人：梁小姐，02-26525172

新書座談會
2022 09 / 30 (五)
14:30 - 17:00
中央研究院人文館南棟
8樓802會議室

創生 巨震
九二一震災的風險分析與制度韌性

作者群（依文章順序排列）
林宗弘 中央研究院社會學研究所研究員
陳亮全 臺灣大學建築與城鄉研究所兼任教授
劉季宇 國家實驗研究院國家地震工程研究中心研究員
林冠慧 臺灣師範大學環境教育研究所助理教授
陳淑惠 臺灣大學心理學系暨研究所特聘教授

主持人
陳志柔 中央研究院社會學研究所研究員兼所長

與談人
瞿海源 中央研究院社會學研究所兼任研究員
李香潔 行政院國家災害防救科技中心體系與社經組組長

主辦單位：中央研究院社會學研究所
臺大出版中心
聯絡人：梁小姐 02-26525172
信箱：as0200802@gate.sinica.edu.tw

新書簡介：

九二一震災是臺灣災害科學發展與政策改革的里程碑，然而其過程與後果還有待完整研究。為什麼有些地方的災損較嚴重？為什麼有些受災社區能夠成功復興？重建政策與制度創新的績效如何？這些問題有待更深入的解答。

本書為國家地震工程研究中心、中央研究院、國立臺灣大學與師範大學等學者合作的成果，回顧臺灣地震科學，特別是九二一地震之後的研究發展，也重訪了當年的災民與受災社區的現況。全書分為四個部分：第一部分為震災研究導論，提出國家能力與公民社會動員與合作，能夠提升制度韌性的理論；第二部分解構地震風險，介紹危害度、暴露度與脆弱度等概念與其在集集地震的實際運用；第三部分運用韌性的概念，探討九二一地震後的房屋重建、社區重建以及心理重建經驗的啟示；第四部分「面對下一場巨震」分析臺灣的防救災制度的歷史變遷，據此我們也提出對未來防災公共策略與法律制度改革的建議。

書籍連結：<https://reurl.cc/ER6Kbm>

注意事項：

1. 本座談會開放現場參與及線上臉書同步直播，直播網址 <https://www.facebook.com/iosacademiasinica/>
2. 為因應防疫措施，與會前兩週內如曾有呼吸道症狀或發燒者，請避免參加活動。
3. 請現場參與來賓自備口罩並於活動中全程配戴。

活動報名〉周大紓紀念研討會—— A New Era: Organic Chemistry at the Interface of Biology

講題：Activity-Based Proteomics: Target and Ligand Discovery on a Global Scale

時間：2022 年 9 月 17 日（星期六）8 時 30 分

地點：本院化學研究所周大紓講堂

主講人：Professor Benjamin F. Cravatt（美國斯克里普斯研究院化學研究所）

主持人：吳台偉所長（本院化學研究所）

主辦單位：本院化學研究所

活動網址：<https://tschou.chem.sinica.edu.tw/20220917/>

報名網址：<https://seminar.chem.sinica.edu.tw/registration.php?cid=36>

Webex：<https://asmeet.webex.com/asmeet/j.php?MTID=mcd5bffc57dddb8ed915a69f914eaf0>

連絡人：鄭淑芳，（02）5572-8656，sfcgate@gate.sinica.edu.tw



2022
09.17

周大紓紀念研討會
Ta-shue Chou Lectureship Award Symposium

A New Era: Organic Chemistry
at the Interface of Biology

Benjamin F. Cravatt

Department of Chemistry and
Skaggs Institute for Chemical Biology
Scripps Research

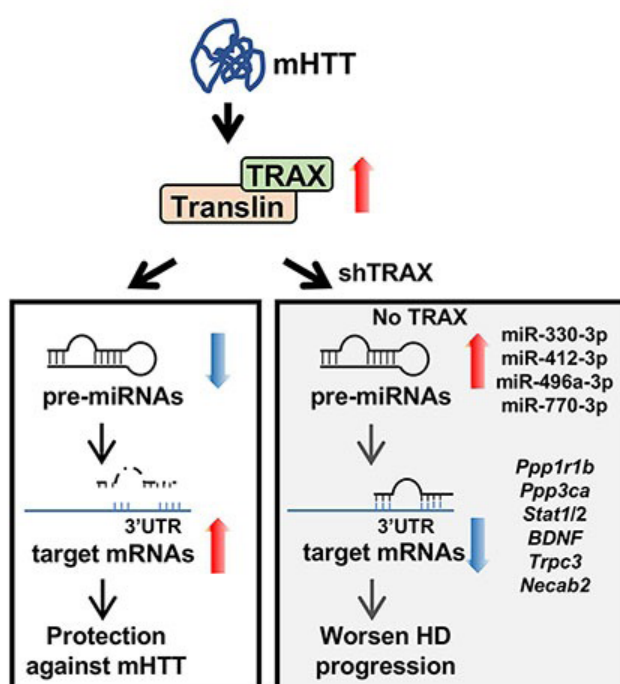
Activity-Based Proteomics –
Target and Ligand
Discovery on a Global Scale

TRAX 藉由調控微核糖核酸 進而影響亨丁頓氏舞蹈症的病程發展

亨丁頓舞蹈症（HD）是一種遺傳性神經退化性疾病，由於 CAG 三核苷酸重複序列在 huntingtin 基因擴增，進而損害多種細胞機制並導致神經退化。TRAX（Translin-associated protein X）已知能調控 miRNA 降解。本院生醫所特聘研究員陳儀莊團隊發現，當 HD 發病時，TRAX 在 HD 患者和 HD 小鼠腦中的表現量都有明顯增強。本篇研究證實 TRAX 對 HD 具有保護作用，抑制 TRAX 會改變 HD 小鼠腦中 miRNA-mRNA 的調控，並加速 HD 小鼠發病。研究成果於今（2022）年 8 月刊登在《運動障礙》（*Movement Disorders*）。

研究說明：<https://www.ibms.sinica.edu.tw/ch/news/2022-443.html>

論文全文：<https://movementdisorders.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/mds.29174>



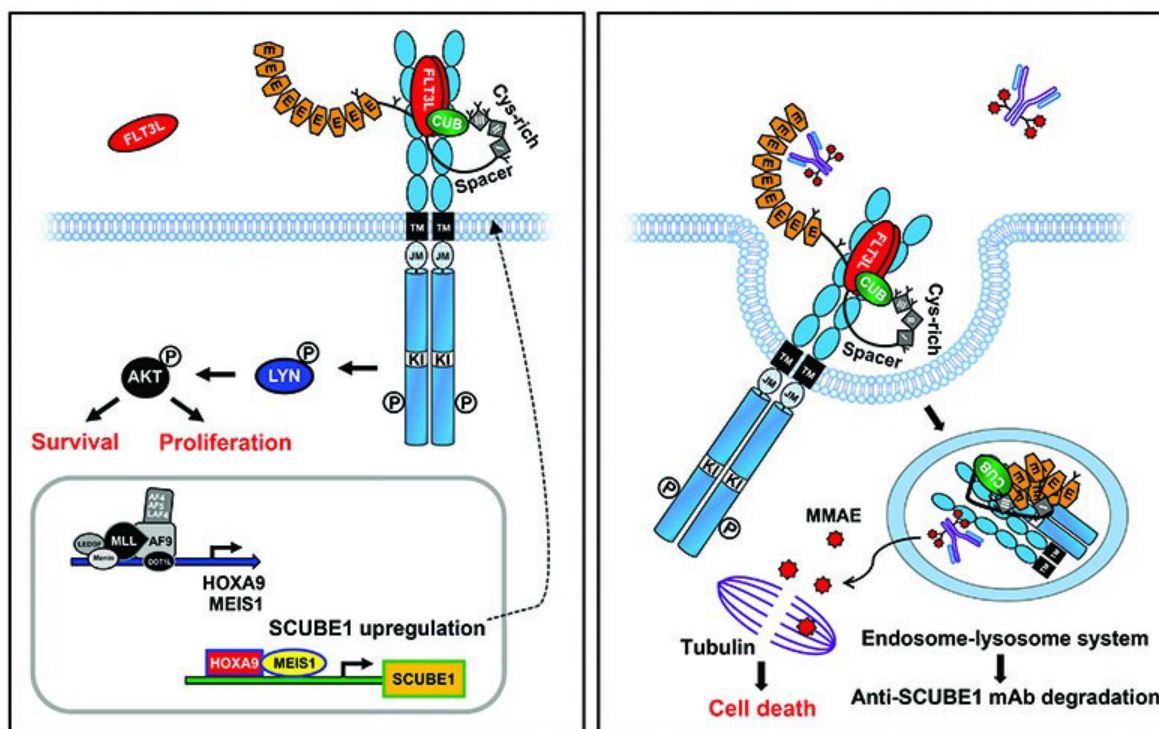
對抗急性骨髓性白血病之嶄新標靶治療

白血病能藉由化療獲得改善，但 MLL 基因重排 (MLL-r) 白血病患者對於化療的成效與預後都不佳。本院生醫所研究員楊瑞彬團隊研究指出，SCUBE1 於 MLL-r 白血病之病理功能上扮演關鍵角色。SCUBE1 為 FLT3 輔受體 (co-receptor)，能增強 FLT3 配體與受體之結合能力，活化下游 LYN-AKT 訊號，進而促使血癌細胞存活與增生。

研究也發現，當 SCUBE1 抗體結合抗有絲分裂藥物 MMAE，能有效毒殺 MLL-r 血癌細胞，此顯示 SCUBE1 極具潛力，可作為 MLL-r 白血病免疫治療之標的。本研究成果已於今 (2022) 年 8 月刊登在國際期刊《血液學》(Haematologica)。

研究說明：<https://www.ibms.sinica.edu.tw/ch/news/2022-444.html>

論文全文：<https://haematologica.org/article/view/haematol.2022.281151>



【專欄】尋找潛藏在基因體海洋中的大秘寶：非典型轉譯蛋白

作者：方振丞博士後研究員、劉明容助研究員（本院農業生物科技研究中心）

生物基因體以 DNA 的形式攜帶遺傳訊息，生物會選擇性地擷取特定 DNA 片段，將其轉錄成 RNA，再將 RNA 轉譯成蛋白質。而具有生理功能的蛋白質則在生物體中進行著各式各樣的反應，維持生物體的生理機能。由此可知，蛋白質對於生物體的重要性。

但是大家是否知道，在如同茫茫大海的基因體中，蛋白質是如何從 RNA 中被定義出來的呢？答案是：生物資訊學家在訊息 RNA 上尋找起始密碼子 AUG 與其相互距離最遠的終止密碼子（UAG、UAA、UGA），來定義蛋白質的轉譯區間，且此轉譯區間必須大於一百個胺基酸，而且區間之間不可以相互重疊（圖一 A）。

然而，生物體是否真的按照科學家所定義之區間產生典型的蛋白質呢？亦或是如同訊息 RNA 一樣會有選擇性轉錄作用的發生？另外，起始密碼子一定會是 AUG 嗎？如果真的有跟目前定義不同的非典型蛋白質產生，它們是否具有生理功能與意義呢？關於蛋白質的定義，還有許許多多的疑惑困擾著科學家們，今天就讓我們一起徜徉在基因體海洋中，揭開蛋白質的神秘面紗吧！

藏寶圖：利用核糖體定序分析技術找出轉譯起始點

想要在汪洋大海中尋寶，若能有藏寶圖想必能事半功倍。

在 2009 年以來，Ingolia 與 Gao 博士為主的科學家們，建立核糖體定序分析技術，利用「lactimidomycin (LTM) 轉譯抑制劑」，抑制轉譯作用在剛起始的階段，讓核糖體累積在訊息 RNA 上的轉譯起始位置，再搭配「puromycin (PMY) 轉譯抑制劑」，將已經進入轉譯延長階段的核糖體解開，讓核糖體只能佔據在轉譯起始位置，最後再透過 RNA 定序找出核糖體所佔據的轉譯起始序列（圖一 B）。「cycloheximide (CHX)」則為另一種轉錄抑制劑，可以將轉譯作用抑制在剛起始及已經進入轉譯延長階段的核糖體，可以幫助我們定義出整體的轉譯區間（圖一 C）。經由 LTM 與 CHX 兩者訊號比較，可以讓我們更準確的定義訊息 RNA 上的轉譯起始點與轉譯區間。

透過核糖體定序分析技術，科學家們發現，在哺乳類動物細胞中，有許多轉譯起始點並不位於典型定義的起始位置，而且，除了起始於 AUG 密碼子之外，也會起始於跟 AUG 相差一個核酸的密碼子，像是 CUG、ACG 等

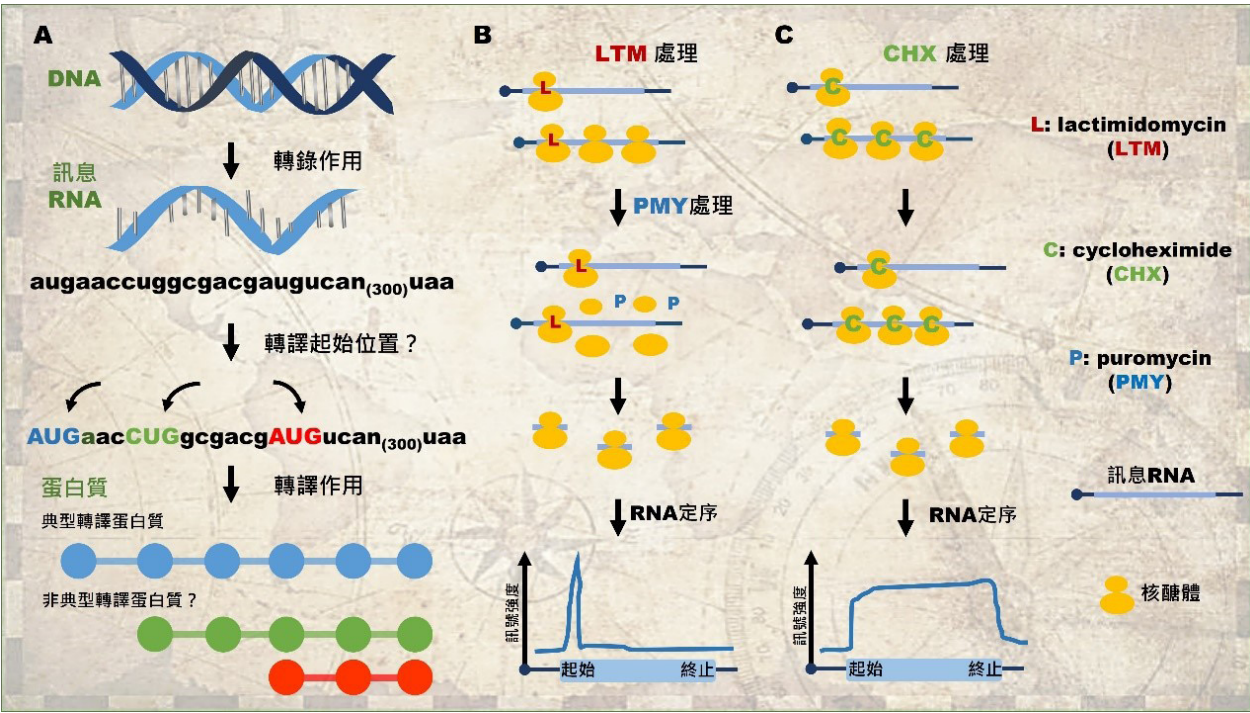
等。此外，轉譯起始點的位置，不只會位於傳統認知的編碼區，還會位於 5 端與 3 端非編碼區。

最重要的是，這些非典型起始位置所轉譯的蛋白質，在生物體中確實會表現出來，並且具有生理功能。例如：促進癌症細胞生長的「*FGF2* (*fibroblast growth factor2*) 基因」與抑制癌症細胞生長的「*c-myc* 基因」，皆具有一個位在 5 端非編碼區的 CUG 非典型轉譯起始點，並且會轉譯出與典型蛋白質功能相異的蛋白質異構體。

有趣的是，外在環境的刺激會改變轉譯起始位置，進而轉譯出功能相異的蛋白質。以

「*MRPL18* 基因」為例，當細胞處在正常環境時，*MRPL18* 會使用典型 AUG 起始點轉譯蛋白質，並且蛋白質會被傳送到粒腺體內組成核糖體，進而幫助蛋白質的合成。但是，若細胞處在高溫逆境中，*MRPL18* 基因則會使用下游非典型轉譯起始點 CUG 轉譯蛋白質，並將此非典型轉譯蛋白質送至細胞質組成特殊形態的核糖體，用來幫助轉譯 HSP70 熱休克蛋白，進而幫助細胞維持體內環境的穩定並抵抗高溫逆境。

綜合以上的結果，有了核糖體定序分析技術這張藏寶圖，我們發現了一片有別以往認知的新大陸，對於生物體的生理機制與基因轉譯的調控，有了更進一步的認識。



圖一：核糖體定序分析技術，幫助定位轉譯起始點。

植物航道中的大秘寶

由於植物無法移動的特性，因此，相對於動物而言，植物更需要透過調控自身蛋白質表現，來因應外在環境的刺激，用以維持生理的穩定。

劉明容博士實驗室於 2020 年透過核糖體定序分析技術，在番茄與阿拉伯芥中，發現超過 50% 的轉譯區間起始於非典型定義位置。如同動物一樣，植物轉譯起始密碼子，可以起始於與 AUG 相差一個核酸的密碼子，例如 CUG 與 ACG，並且發現轉譯起始位置分布於 RNA 的各個位置（5 端非轉譯區、轉譯區、3 端非轉譯區）。另外也發現在有些訊息 RNA 上，透過不同轉譯起始點所產生的蛋白質，表現於不同位置。這樣的研究結果可能代表著，不同轉譯起始點所轉譯的蛋白質，具有不同的生理功能。

另一方面，對於植物而言，植物病毒的入侵將嚴重地影響到作物的產量與質量。因此，若能完整地定義出植物病毒的蛋白質，將有助於植物在抵抗病毒上的應用與發展。以「番茄黃化捲葉病毒（TYLCTHV, genus *Begomovirus*）」為例，其為單股 DNA 病毒，在其 DNA-A 及 DNA-B 基因體上，各具有六個（*AV1*、*AV2*、*AC1-AC4*）及兩個（*BV1*、*BC1*）原始定義基因。這些基因所轉譯出來的蛋白質，在病毒感染植物宿主的過程中，扮演著重要的角色。

透過核糖體定序分析，研究團隊更進一步發現額外 17 個起始於 AUG 與非 AUG 的非典

型轉譯起始點，並發現一直以來，對於 *AV2* 與 *BV1* 基因的轉譯起始位置，定義是錯誤的，將原始定義之轉譯起始點突變，並不會影響到病毒的致病性；反之，若將新找到的非典型轉譯起始點突變，會抑制 *AV2* 與 *BV1* 蛋白質表現，進而降低病毒的致病性。

此外，研究團隊也找到一個尚未被發現的非典型轉譯起始點，其可轉譯出 *BV2* 蛋白質，並且轉譯區間被隱藏在 *BV1* 的轉譯區間內，將此非典型轉譯起始點突變會影響到病毒的致病性。基於 *BV2* 蛋白質分布在細胞的內質網與原生質絲，而內質網與原生質絲是病毒複製及病毒粒在細胞間傳播的必經之地，因而推測 *BV2* 蛋白質可能參與在這兩項病毒的生理過程，進而幫助病毒在宿主中，完成完整的生命週期。

綜合以上結果，我們可以得知藏寶圖也適用於植物與植物病毒這兩個領域，用來探索非典型轉譯蛋白質的位置。此外，植物與植物病毒的非典型轉譯蛋白質皆具有生理功能。由此可見，生物體藉此增加蛋白質的調控與組成的多樣性，用來維持體內的恆定，抵抗外在的環境刺激。

寶藏的由來？

透過核糖體定序分析技術，我們找到了許多非典型轉譯蛋白。但是，關於生物體如何辨認、決定、甚至如何調控轉譯起始點，至今仍不清楚。若能更進一步地釐清轉譯起始點的調控機制，將有助於瞭解生物體內的運作情形，進而提升生物體抵抗外界刺激，維持體內恆定

的能力。

目前針對辨認轉譯起始點的研究方向，主要著重在特定的 RNA 序列與轉譯起始複合體（preinitiation complex；PIC）兩大主軸（圖二）。在特定的 RNA 序列上，Kozak 博士提出的 Kozak 序列，指出在起始位置前方的第三個核酸是 A 或 G，而後方第四個位置是 G，將會有效地提升核糖體與轉譯起始點的結合，進而提升轉譯效率。此外，在動物細胞中也發現，一連串的 GGGGCC 重複性序列會造成核糖體直接進行轉譯作用，產生非典型轉譯蛋白質，並發現其與生物體神經方面的疾病有關，像是一般較為人熟知的漸凍人症狀等等。

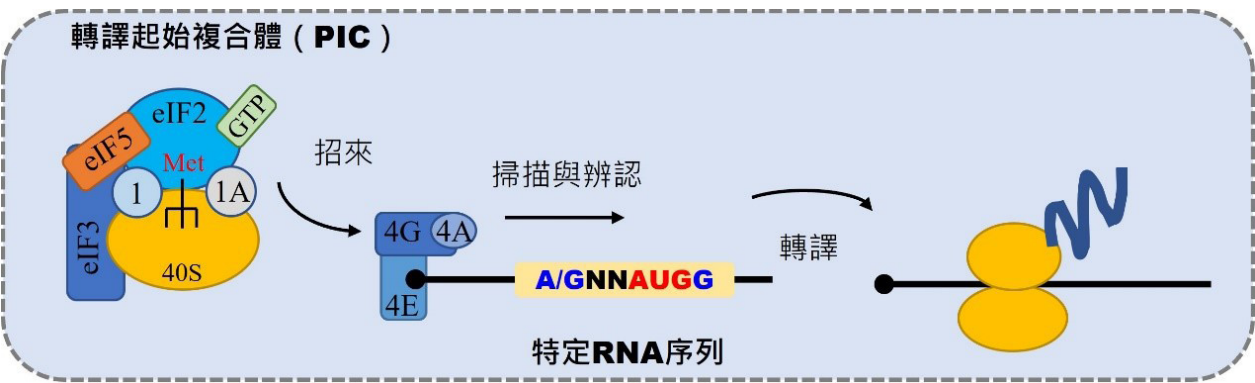
另一方面，轉譯起始複合體被發現參與在轉譯起始點的辨認上。其中，由 eIF4A、eIF4E、eIF4G 次單元所組成的 eIF4F 複合體，負責結合到要進行轉譯的 RNA 上，然後招來由 eIF1、eIF1A、eIF2、eIF3、eIF5 次單元所組成的轉譯起始複合體，在 RNA 序列上進行掃描與辨認起始密碼子，進而進行蛋白質的轉譯（圖二）。有研究指出，大量表現 eIF1 次單元可以有效地提升由 AUG 起始密碼子

所進行的轉譯作用，而與 eIF2 次單元相似的 eIF2A 與 eIF2D 次單元，則參與在由非 AUG 起始密碼子所進行的轉譯作用中。

神秘面紗只揭開了一角

關於轉譯起始點的調控機制，其實尚未釐清，在特定的 RNA 序列上，除了 Kozak 序列外，是否還有其他特殊的序列與轉譯起始點的辨識有關，或是否具有專屬於特定轉譯起始密碼子的 RNA 序列，抑或是，是否具有專屬於特定環境刺激所辨認的 RNA 序列，這些疑問都尚待進一步的分析。在轉譯起始複合體的部分，在不同的環境刺激中，是否會引起不同的次單元表現，進而影響轉譯起始點的選擇呢？

另外，轉譯起始複合體中的次單元究竟是如何影響到轉譯起始點的選擇？除了上述所提到會影響到轉譯起始點選擇的次單元外，其他次單元是否也參與其中？而非典型轉譯蛋白質在各種生理反應中又扮演著什麼樣的角色呢？在探索非典型轉譯蛋白質的功能上，我們任重道遠。



圖二：調控轉譯起始點的兩大方向：特定 RNA 序列與轉譯起始複合體。

期望未來能破解上述問題，得到的答案應可促使我們更加清楚生物體如何調控蛋白質的轉譯，以及對於現存許多棘手的農作物逆境困境及病害上，提供更好的解藥。除此之外，目前關於非典型轉譯蛋白質的研究，大多集中在哺乳類動物與酵母菌中，在植物及其他農作物是否利用相同的調控機制，或是具有獨特的調控路徑都值得我們去探討，尤其是在糧食作物上，其將有助於幫助植物抵抗目前多變的環境刺激，進而解決糧食危機。

延伸閱讀

1. Gao, X., Wan, J., Liu, B., Ma, M., Shen, B., and Qian, S.B. (2015) . Quantitative profiling of initiating ribosomes in vivo. *Nat Methods* 12, 147-153. 10.1038/nmeth.3208.
2. Li, Y.R., and Liu, M.J. (2020) . Prevalence of alternative AUG and non-AUG translation initiators and their regulatory effects across plants. *Genome Res* 30, 1418-1433. 10.1101/gr.261834.120.
3. Chiu, C.W., Li, Y.R., Lin, C.Y., Yeh, H.H., and Liu, M.J. (2022) . Translation initiation landscape profiling reveals hidden open-reading frames required for the pathogenesis of tomato yellow leaf curl Thailand virus. *Plant Cell* 34, 1804-1821. 10.1093/plcell/koac019.
4. Kearse, M.G., and Wilusz, J.E. (2017) . Non-AUG translation: a new start for protein synthesis in eukaryotes. *Genes Dev* 31, 1717-1731. 10.1101/gad.305250.117.

捐血活動公告

歡迎同仁攜帶具有身分證字號和相片之證件，於下述時間及地點響應捐血活動。並請全程配戴口罩、保持社交距離，配合體溫量測與手部清潔消毒。

捐血時間：2022 年 9 月 27 日（星期二）9 時 30 分至 16 時 30 分

捐血地點：本院學術活動中心前廣場

主辦單位：臺北捐血中心、中央研究院

新進人員介紹—— 資訊科學研究所王建堯助研究員



資訊科學研究所助研究員

王建堯

新進人員介紹

X

快問快答

王建堯先生於國立中央大學取得資訊工程博士學位，曾任本院資訊科學研究所博士後研究學者。其研究專長為機器學習、深度學習、多媒體訊號處理，以及電腦視覺。

王博士在大學時期設定了一個目標，想做出能夠被大眾使用且覺得好用的產品。因此，他在大學時期鑽研硬體知識，探討真正能被用於實際生活的技術需要符合哪些條件；並於研究所時期開發基於機器感知的軟體系統，嘗試讓機器能夠分析與理解感測器接收到的各類型訊號。

王博士近年研究方向主要著墨於電腦視覺，曾開發數套受歡迎的電腦視覺方法，王博士表示，他熱愛自己的研究，並對研究成果能幫助到很多人感到開心。

王建堯博士自 2022 年 7 月起於資訊科學研究所擔任助研究員一職。

× 快問快答 ×

Q. 用一句話形容自己的研究？

A. 以創新的方式，引入科學的方法，解決實際應用的問題。

Q. 除了做研究以外的興趣？

A. 喜歡悠閒地做任何事情。像是睡覺、躺在海邊的沙灘、躺在山坡的草皮……

Q. 學術路上影響自己最深的一句話？

A. 用最簡單的方法，解決困難的問題，這樣的方法就是一個好方法。

人事動態

1. 童永昌先生奉核定為歷史語言研究所助研究員，聘期自 111 年 10 月 1 日起至 117 年 7 月 31 日止。