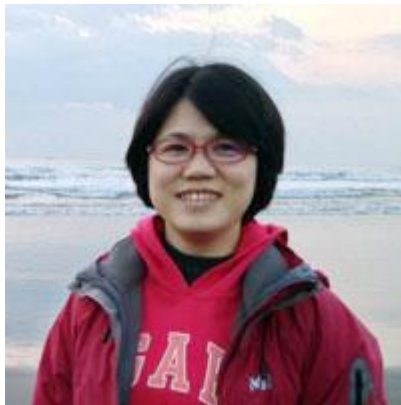
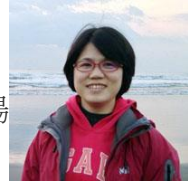


黃姿雯老師學術分享：以「細菌基因體序列」解決或減緩細菌抗藥性及可能散

播的機制

黃姿雯助理教授畢業於中山醫學大學醫事技術學系，隨後於國立陽明大學遺傳學研究所取得碩/博士學位，博士後研究訓練則分別在國立陽明大學基因體科學研究所，與財團法人國家衛生研究院的分子與基因醫學研究所完成。在國衛院期間，曾赴美國加州大學聖地牙哥分校生醫工程系進行合作研究內容；於 2015 年加入臺北醫學大學醫學系微生物及免疫學科。（編按）



黃老師的主要研究是以細菌基因體為基礎，進行基因體比較分析，並結合分子生物技術來了解細菌基本生理現象、多重抗藥性的基因背景，或抗藥性可能散播的機制等問題。細菌所引起的感染症，因其產生的多重抗藥性，導致可有效使用的抗生素越來越少，已是不容忽視的問題。尤其以近年發現的新興抗藥基因（如 NDM-1 基因），在各種細菌間散播，造成有越來越多的「超級細菌」出現。

運用基因體學方法來研究從臺灣分離含 NDM-1 基因細菌的 3 個案例。最早出現的 2 株為境外移入的「克雷伯氏桿菌」，發現是由各式各樣累積的抗藥基因在染色體或多個質體上成為超級細菌。其中 1 株超級細菌的 NDM-1 基因拷貝數不固定，且隨外在抗生素濃度高低而增減，甚至在無抗生素存在的條件下，NDM-1 基因會完全刪除。這個發現解釋了最初臨床上，原本攜帶此菌的病人在不服用抗生素一段時間後，已無 NDM-1 基因存在的分子機制。【左圖：黃姿雯助理教授】

而第 3 個案例是在執行細菌抗藥性常規監控中，意外在同一家醫院內，前後發現 2 株本土性的「不動桿菌屬」均攜帶 NDM-1 基因，且此基因在一個高度保留的質體上；此質體可藉由接合生殖方式散播到同一屬不同菌種。而文獻研究顯示在不同地區，不同菌種內均分離到此質體，推測不動桿菌屬為保存或傳播 NDM-1 基因的重要菌種。

目前次世代核酸定序技術已進入成熟階段，快速且相對低價取得細菌基因體序列不再困難，如何運用這樣的利器來解決或減緩細菌抗藥性的問題。現階段應用基因體資訊在臨床細菌流行病學研究，以瞭解醫療相關的細菌流行病學如抗藥性、菌株致毒性或其微演化等，試圖找出可能阻斷抗藥性細菌散播或治療的方向。（文/黃姿雯，醫學院醫學系微生物及免疫學科助理教授）【下圖：不同菌株來源所分離到含

【NDM-1 基因質體序列的比較分析圖】

