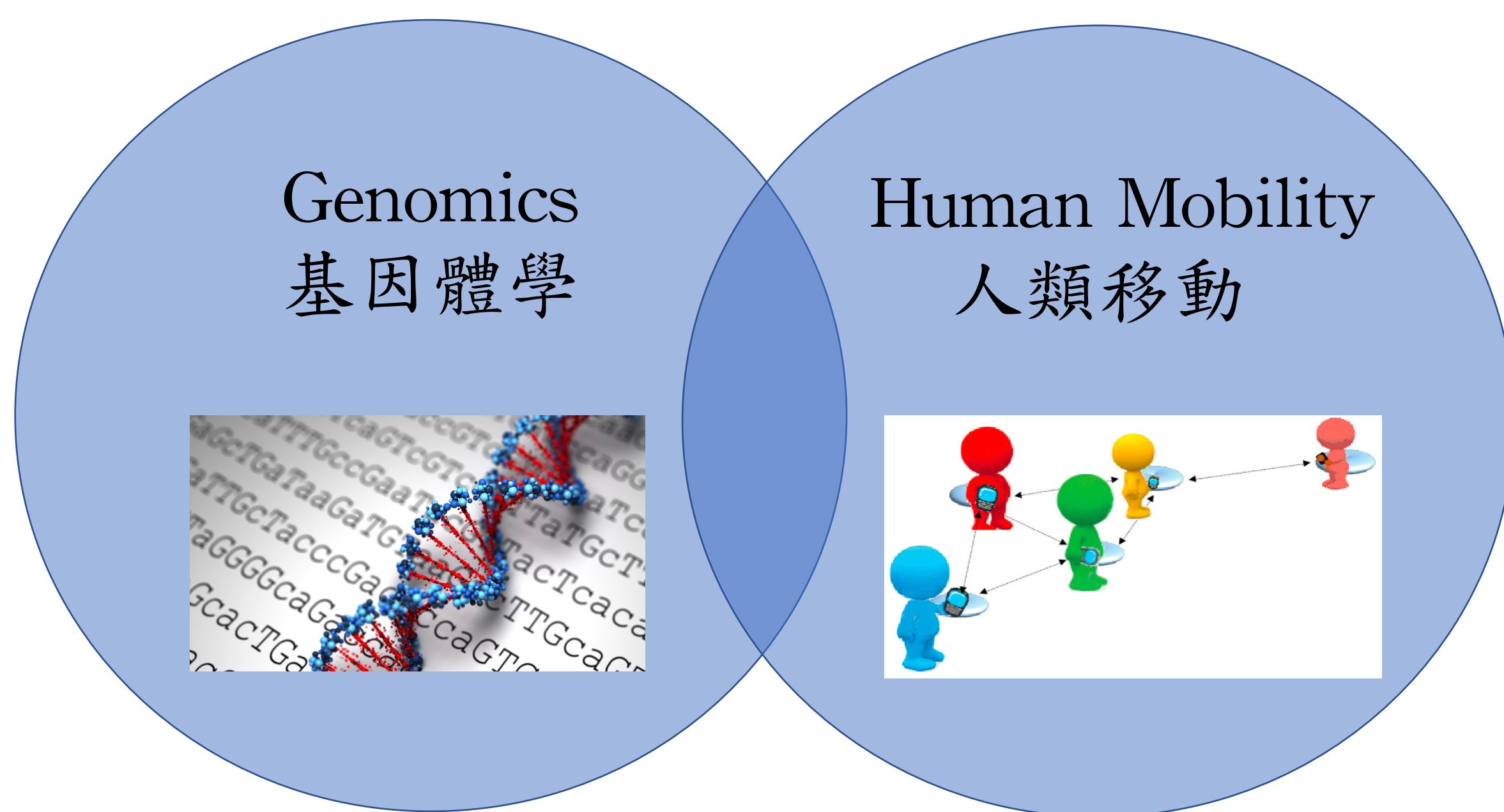


病原體演化實驗室 Pathogen Evolution Laboratory

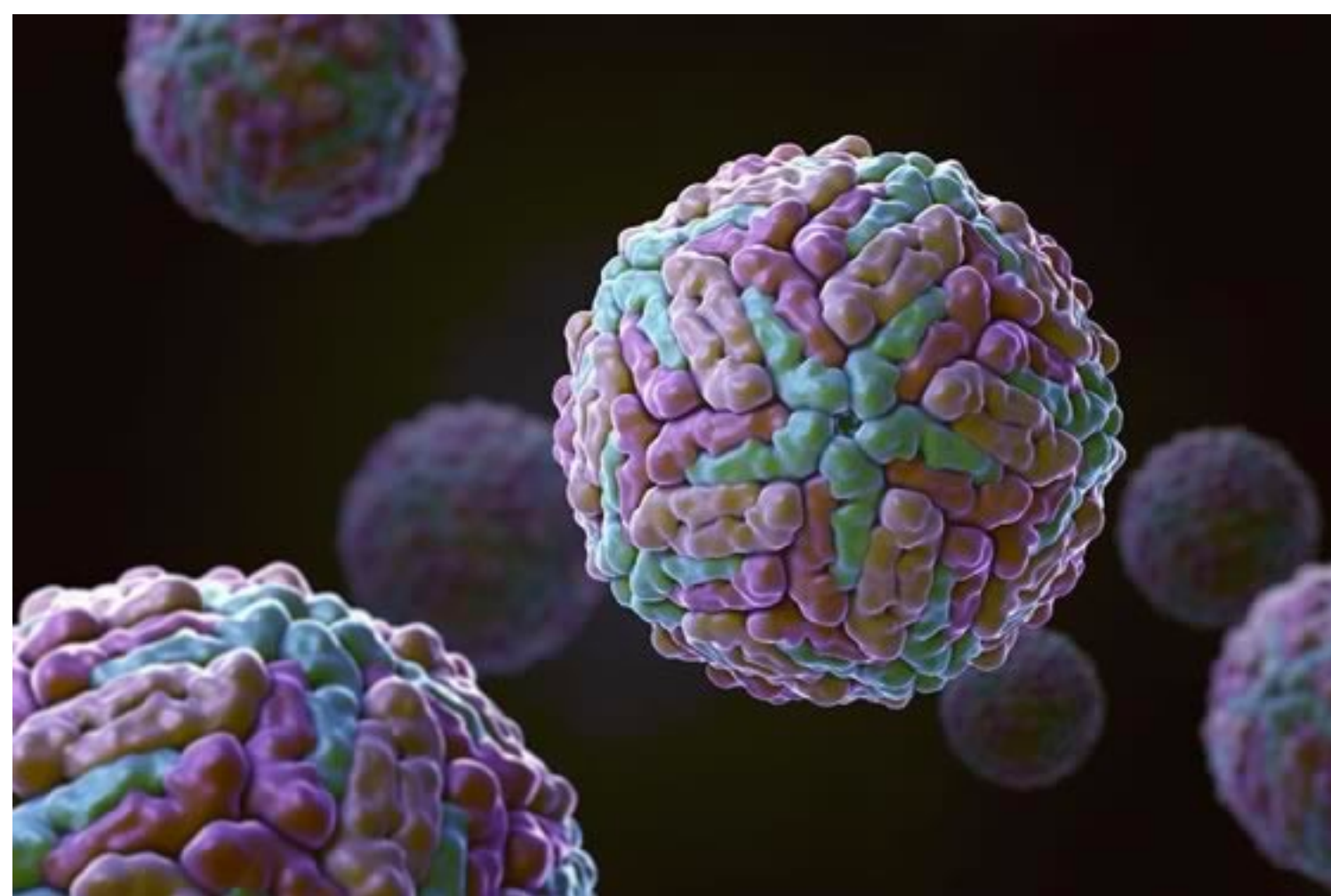
張筱涵老師

病原體傳播 Pathogen Spread

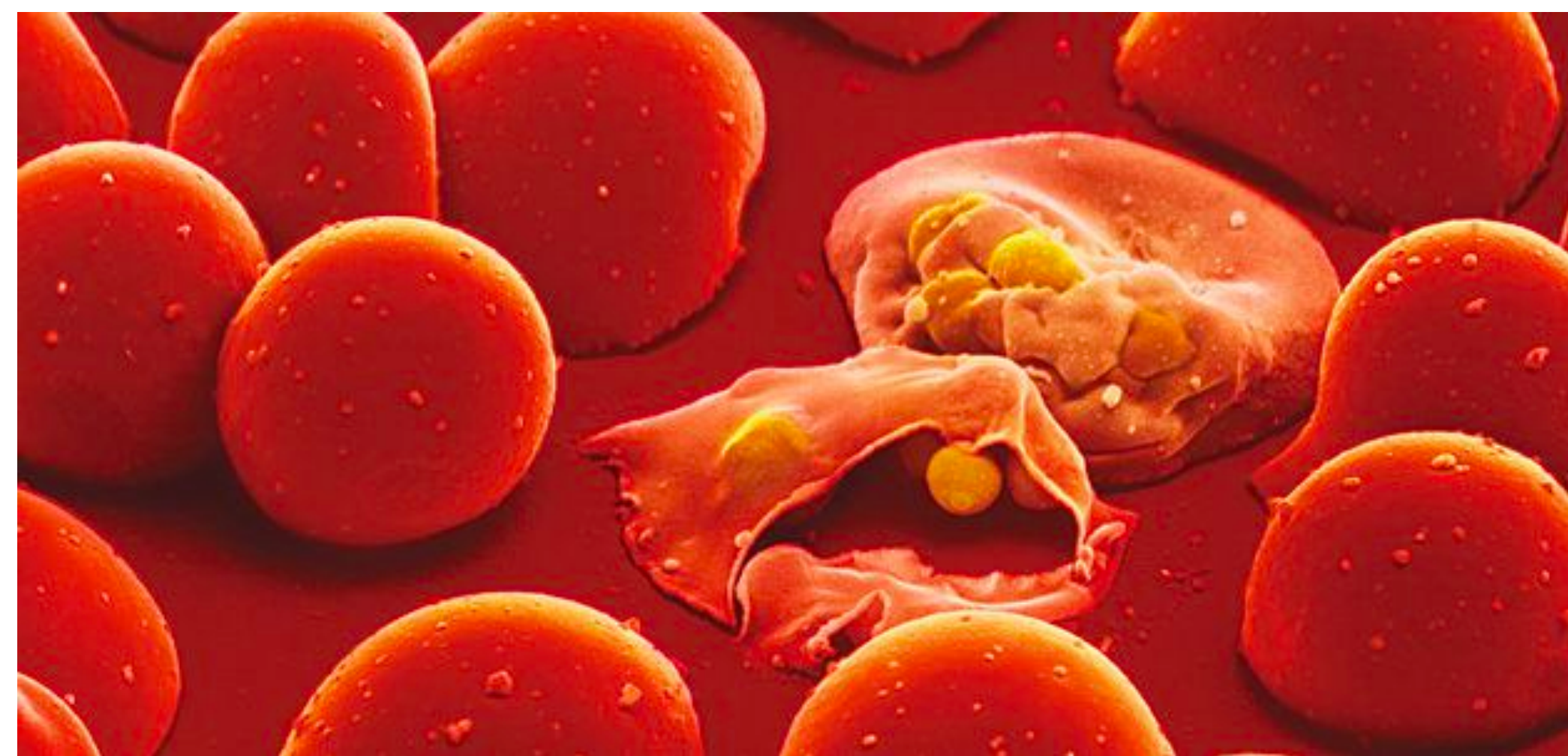


我們利用生物資訊與統計的方法分析基因體內的訊號，並結合人類移動的資料，以了解病原體如何傳播。這些結果能為制定公共衛生政策提供有用的見解。

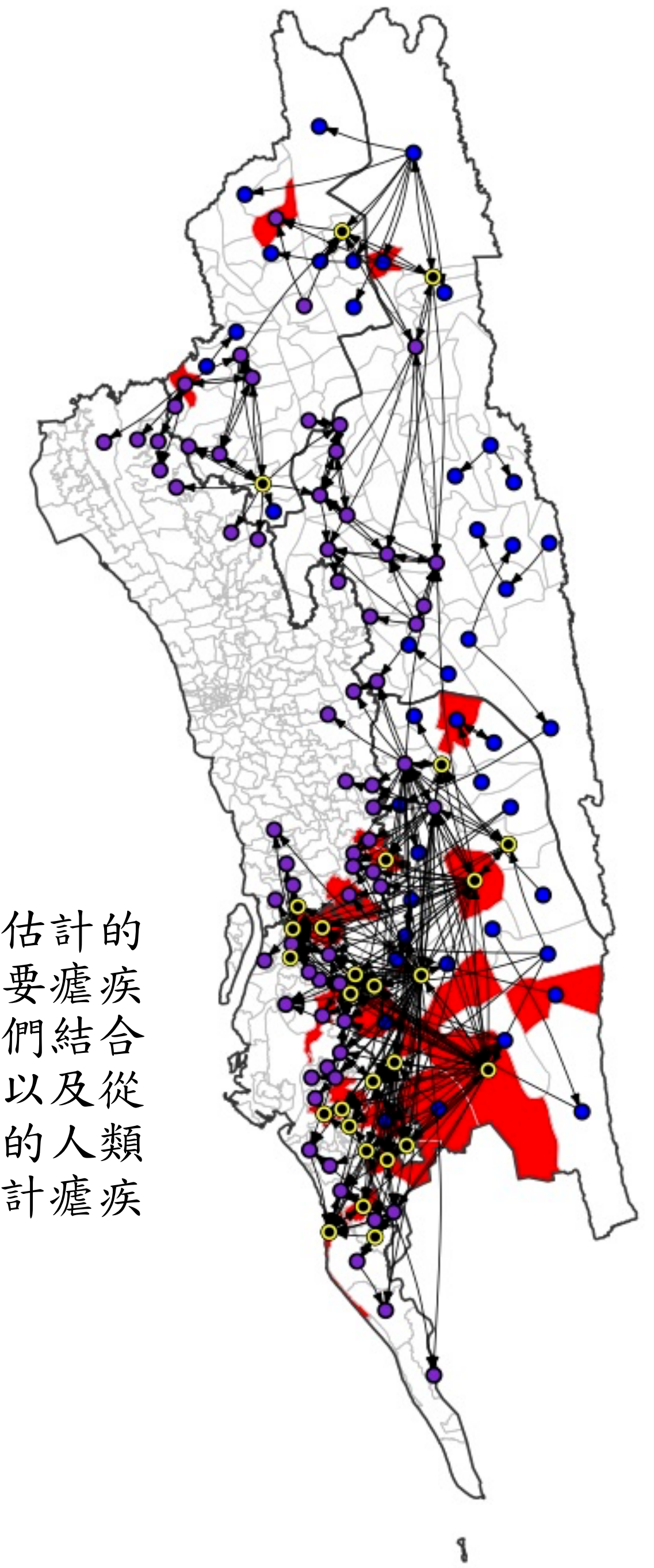
我們研究的病原體包含登革熱病毒、茲卡病毒、瘧原蟲、流感病毒，以及結核桿菌。



登革熱病毒 (Dengue virus)

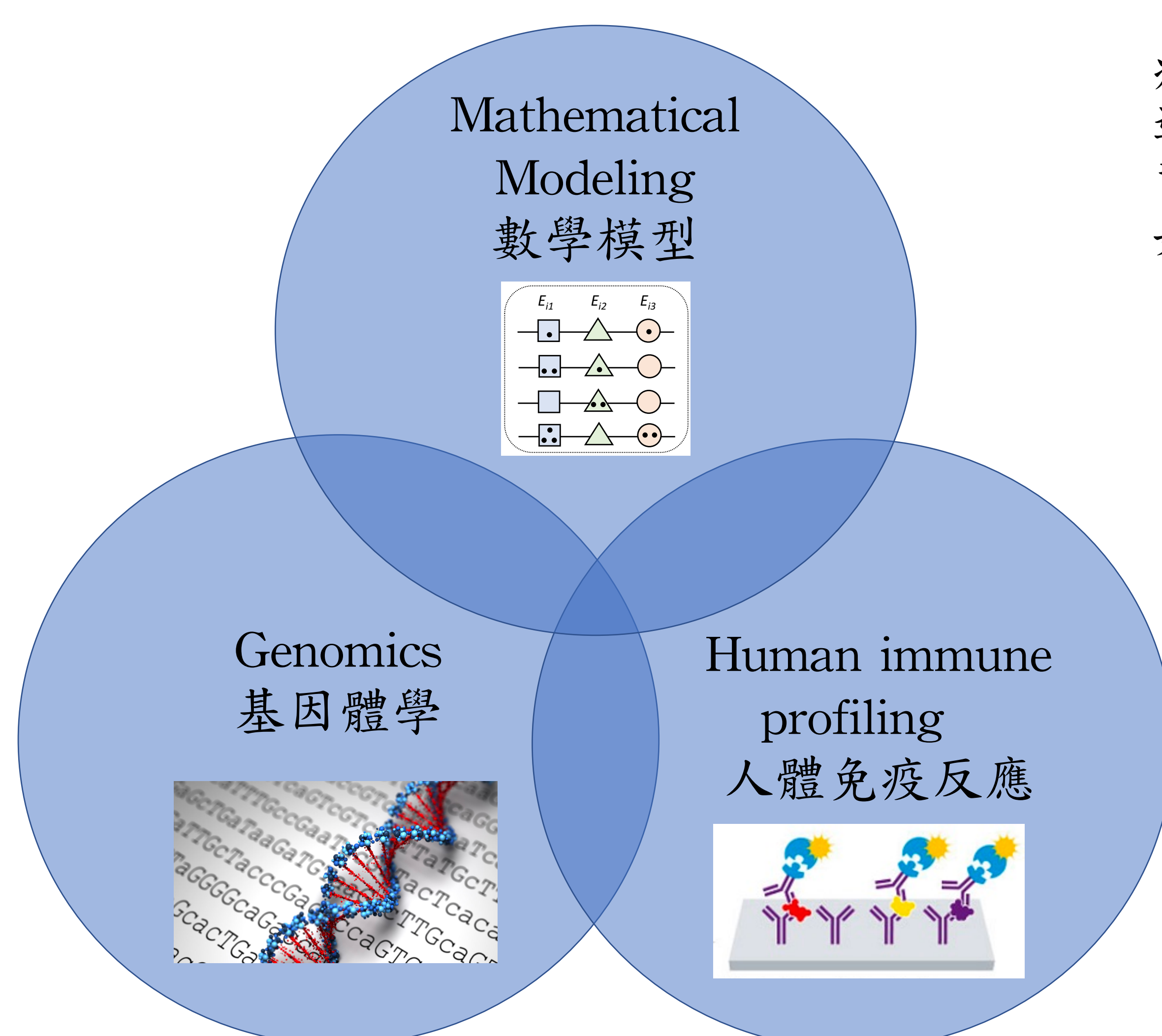


瘧原蟲 (Malaria parasites)

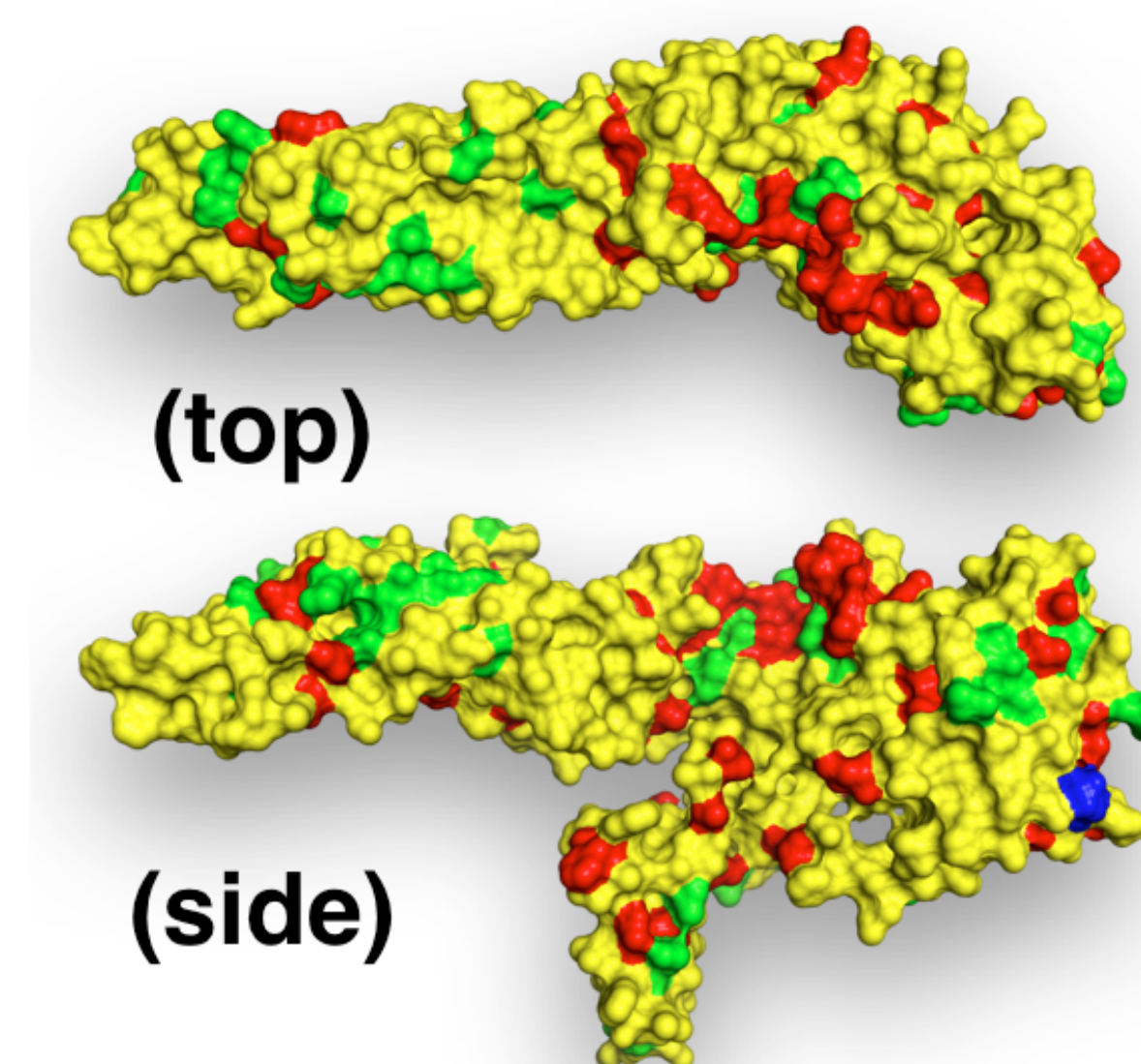


右圖為我們所估計的在孟加拉的主要瘧疾傳播路徑。我們結合瘧原蟲基因體以及從手機訊號推測的人類移動模式來估計瘧疾的傳播。

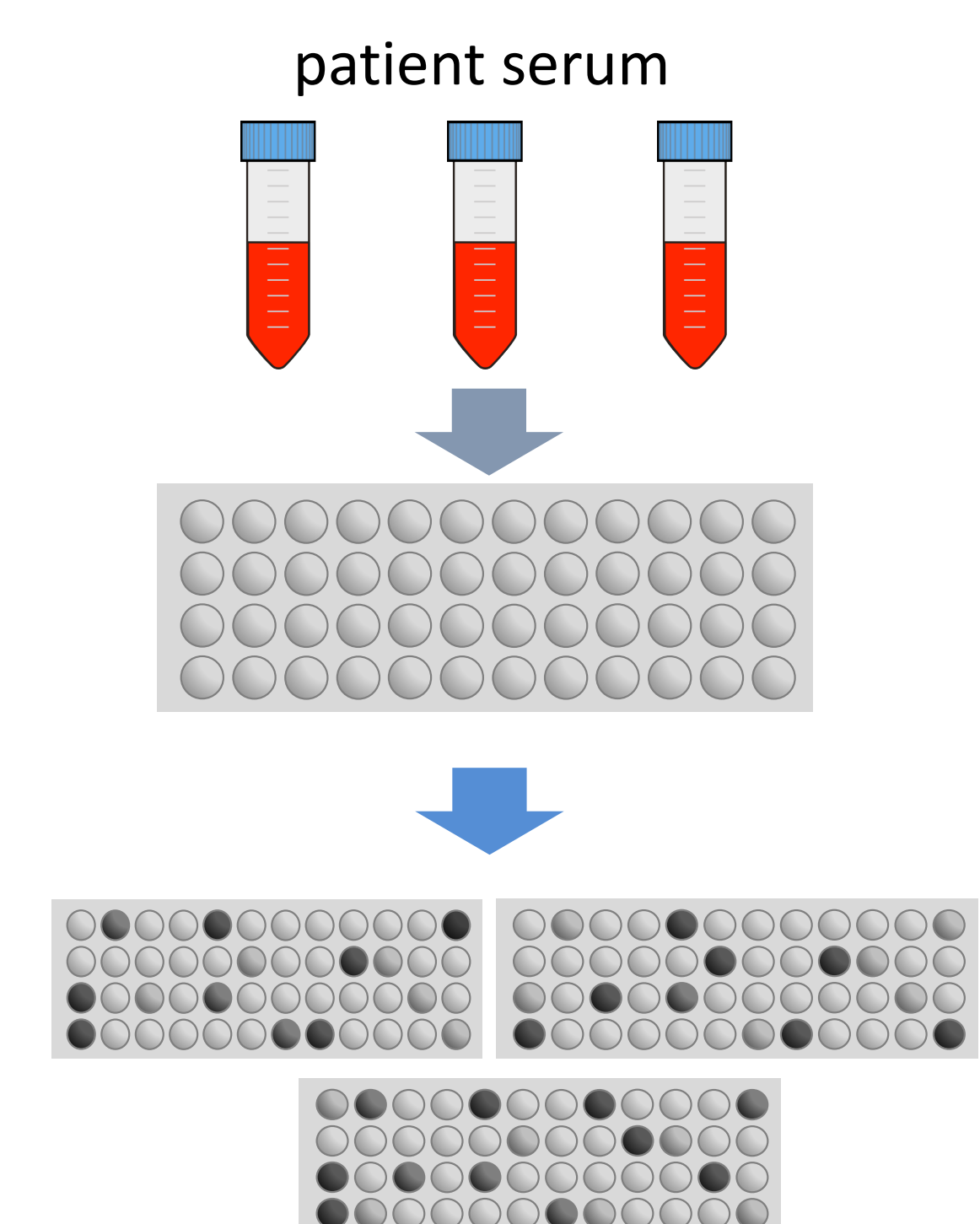
病原體自然選汰 Pathogen Natural Selection



病原體的演化與宿主息息相關。我們透過分析病原體基因體與人體免疫反應的資料，並結合數學模型，來研究病原體如何演化以對抗人類免疫反應。



上圖：我們分析基因體並結合結構生物學的資訊找出登革熱病毒與茲卡病毒間較不易發生交叉免疫反應(cross reactivity)的區域。



上圖：我們利用高通量蛋白質晶片得到不同病人的免疫反應資料。

聯絡方式 Contact Information

非常歡迎對資料分析、基因體學，或病原體演化有興趣的學生加入我們的團隊！

Website: <https://sites.google.com/view/hsiao-han-chang>

Email: hhchang@hsph.harvard.edu