

出國報告（出國類別：進修）

英國劍橋大學血液病理與分子病理進修心得

服務機關：台中榮總病理檢驗部

姓名職稱：李欣倪主治醫師

派赴國家/地區：英國/劍橋

出國期間：2025 年 7 月 1 日至 2025 年 9 月 30 日

報告日期：2025 年 10 月 31 日

摘 要

分子病理精準醫療在診斷與治療淋巴腫瘤疾病在近年來有重大突破。藉由次世代基因定序分析淋巴瘤基因的變異，可以正確對腫瘤進行診斷分類，並預測預後，甚至可做為未來用藥的依據。因此本次到劍橋大學---現代基因學的发源地進修，學習實驗室如何分析變異基因，並提出生物學上的假說與證明證據；也了解英國臨床業務中如何把螢光原位雜交應用在血臂腫瘤診斷。希望藉由此次的進修經驗，改善本院目前對血液腫瘤診斷流程的不足；也期待與國外實驗室的長期合作，創造未來更多研究的可能。

關鍵字：淋巴瘤，螢光原位雜交，次世代基因定序

目 次

一、	目的	1
二、	過程	1
<u>三、</u>	心得	4
<u>四、</u>	建議事項	6
	(一). 增加螢光原位雜交(FISH)在血液腫瘤疾病的診斷。	
	(二). 與研究部合作或與相關廠商簽約，開發診斷血液腫瘤次世代基因序列定序，應用在臨床診斷，預後預估及治療指引。	
	(三). 開設生統與統計程式學習課程。除了理論型的課程，建議加入實習課程，例如軟體使用與程式寫作。	
	(四). 向國內外專家學習並深化之間合作關係，共同發表論文。	
	(五). 改善院內存放病理蠟塊檢體場所環境，避免珍貴檢體因 DNA 降解太快而導致之後研究不易。	
五、	附錄	8

一、 目的

本次進修的目的在學習如何從檢體萃取 DNA，分析 DNA 品質再到進行一連串的基因放大與配對分析，對淋巴腫瘤或血液相關腫瘤進行分析與診斷分類，並預測其預後或對藥物的反應。其中對於個別基因的分析與生理機轉的假說與印證，是研究血液腫瘤病理的重要一環。藉由此次進修過程，更能全面了解次世代基因定序在血液病理診斷上的重要與應用，也了解英國在類比我國全民健保的架構下，如何帶入這樣尖端的醫療技術在診斷上。

二、 過程

這次能來到劍橋進修，主要要感謝奇美醫院病理科莊世松主任的推薦。莊主任是台灣血液病理的翹楚，也是世界級的專家(WHO 血液腫瘤第五版的作者之一)，他和劍橋大學血液病理杜教授(Prof. Ming-Qing Du)是好朋友，因此有這個榮幸能來觀摩並參與這個世界頂級學術單位的實驗室運作。因為和莊主任有研究上的合作關係，因此此次也從台灣寄了一些檢體到劍橋來做基因定序分析，希望能從當中找到基因變異，並解釋疾病的成因；也從過程中學習基因定序的步驟和方法。

本次參訪的實驗室位於劍橋大學醫院 Addenbrooke's Hospital 內，Addenbrooke's Hospital 是劍橋最大的醫院，有三百多年的歷史，一直以來，都是劍橋醫學研究的重鎮。除了富學術盛名的大學醫院，劍橋也是多個享譽國際生技公司的所在地，例如：阿斯特捷利康(AstraZeneca)的總部就在劍橋，而且就在 Addenbrooke's Hospital 旁邊的園區，附近也有許多正在興建中及規劃好的醫藥科學建設。

(一) 病理實驗室檢體處理

1. DNA 萃取

一開始從福馬林固定的切片檢體，圈選出腫瘤和非腫瘤區，並估算腫瘤細胞比例。之後用顯微切割術(Microdissection)方法把腫瘤和非腫瘤區分開處理。之後把切割下的組織用 proteinase K 分解，加入 buffer 並經過一次次的洗滌把 DNA 萃取出來。

2. 分析 DNA 濃度與品質

萃取出的 DNA 用 Qubit 確認濃度，得知 DNA 在每個檢體大致含量，推測之後要放入多少才足夠基因分析。DNA 品質則由 qc-PCR 跑膠得到大概的狀況。一般來說，檢體存放越久，DNA 降解(degradation)的狀況越明顯；但若存放檢體場所環境不適合，也可能造成 DNA 快速降解的情形，如此一來，寶貴的檢體之後若想要做基因分析可能會因存放不良而受影響。本批檢體包含了來自台中榮總以及奇美醫院的檢體；整體來說，台中榮總的檢體 DNA 降解的情形較為嚴重，一兩年前的檢體也有降解很嚴重的；反之，奇美醫院的檢體保存相較來說是比較合

適的，即使五六年左右的檢體，DNA 保持的程度都還算完好。

3. 基因放大

因要進行基因定序與分析，萃取出 DNA 必須先經過一番處理：在將 DNA 樣品片段化 (fragmentation) 後，會接上轉接子，以便 DNA 片段能夠附著在定序儀的晶片上，並為後續定序打上標籤(barcode)，同時也標示樣本的來源，接著放大函式庫 (Library Amplification)，以利後續基因分析。實驗室進行到 barcode 的步驟，接著就交由廠商幫我們做接下來 library 和產出基因定序的資料。

4. 分析

廠商基因定序資料出來後，會交由實驗室的 Bioinformatics 博後做基因資料篩選與分析，之後會把 bam file 交給負責此實驗的人做後續分析與解釋。在這個部分，我從實驗室的博後 Dr. Myrsini 那學到很多；有別於以往我們把檢體送到外部廠商，回來的就是一份已經整理好的基因分析報告以及可能可行的治療，對於過程中的分析流程一概不知；Dr. Myrsini 則是用實際操作的方式，一步步帶著我和其他的研究員學習如何在 igv 這個軟體中，檢視是否是真的基因變異，還是只是生殖細胞性突變(germline mutation)和假的瑕疵(artifact)。分析過程中，還得隨時參照不同人種可能會有的常見變異，做出是否為真腫瘤變異的判斷。以往我在線上和實體上過許多關於次世代基因定序的課程，對於原理雖然有初步的了解，但要跨足到應用面，會覺得有點隔靴搔癢，不太知道要如何去實際操作；在博後這樣手把手的實際演練後，雖然有些變異還是會不太確定是真是假，但在看到 igv 的分析圖形後，對於基因變異的真偽以及要如何解讀，其實有更深一層的認識，至少在看到這些密密麻麻的基因時，好像不會那麼無知與緊張不知如何下手與解讀，在看廠商回覆的基因檢測報告時，也不再那麼沒有頭緒了。

(二) 實驗室討論會

每個星期二早上九點開始，是實驗室的研究會議，實驗室的成員會把每個星期的研究進度製成 ppt 檔報告，會議通常會進行約二個小時半至三小時，非常認真且扎實地討論每個實驗目前的結果進度，以及所遭遇到的問題。和傳統一直待在實驗室做實驗(wet lab)的情況不同的是：次世代基因定序研究牽涉到許多後續分析 dry lab 的工作，因此實驗室的成員幾乎不會每天出現，而是待在自己習慣舒服的地方像是家裡或圖書館進行工作，而這種 work from home 的模式，其實在英國很普遍也被大眾接受。杜教授因為常常會需要出國到各地演講，因此工作地點也很彈性，也會用視訊和大家進行會議，或是對於實驗有那些無法解答的疑惑，也隨時可以用線上的方式問他。

實驗室的討論會應該是我覺得此行收穫非常多的地方，從一開始像鴨子聽雷，不知道重點在哪，到要離開前對每個人的實驗多多少少知道在做些什麼，其實是很大的進步。對於專注在臨床診斷的病理科醫師而言，顯微鏡下的細胞及組織型態是我們

比較在意的事，對照 WHO 每個疾病的診斷依據和標準，做出最適切的診斷是重點；但對研究而言，每個基因及致病機轉都有需要假設及好好詮釋的意義。杜教授在討論會上曾說：雖然每個實驗室發現的基因變異，甚至 WHO 和 ICC 這兩個不同系統對血液腫瘤的診斷條件不盡相同，但他覺得最終都得回歸到是不是能用病生理的方式，邏輯性地去解釋疾病的成因，並找出可能阻斷疾病成因的方法，這才是他做研究的目的。因此他會去探究每個個案個別的基因變化轉位突變，並給一個合理的說法，希望藉此能把血液腫瘤疾病更加精準的歸類，更準確地預測預後和對藥物的反應。而他分析數據和結果的方法也不拘泥在統計或圖表，會在適當時機使用大數據或 AI 模型找出關聯性或顯著點。

討論會的重點不在於施加壓力在實驗室的成員，認為一定要產出多少數據才算認真工作，而是真的大家一起討論，一起解決問題。因為每個人擅長的部份不同，有些人善於分析數據，有些人讀很多 paper，有些人對每個基因的功能和分生熟悉，因此這樣的腦力激盪，可以互相支援，也可以互相分享自己所知所學，而讓實驗室運作更順暢。

(三) 參觀血液腫瘤科螢光原位雜交實驗室

臨床單位相較於研究單位的經費和預算其實相差非常懸殊，因此研究單位有時候就得到臨床單位使用他們剩餘的試劑和抗體。

實驗室的博後因為有時會到醫院的臨床單位去借用剩餘的螢光原位雜交(FISH)試劑，我也因而有機會去參觀 Addenbrook's Hospital 血腫科的螢光原位雜交(FISH)實驗室，整個實驗室配置上百人，空間也是我們實驗室的十幾倍大。每個步驟都有訓練有素的人執行和判讀，在英國臨床實驗室執業，每個步驟都需要經過訓練並考核核可才可上線，也得嚴格遵守實驗室的生物安全規範和人體研究的倫理，因此可以看到他們作業區的整齊規劃和動線；相較於本院本部的分生實驗室，受限的空間和人員的配置，真的是大大不如人家。

(四) 參加歐洲病理學會年會

每年歐洲病理學會都會在九月初的某一週由一個歐洲城市舉辦，在疫情前我有時也會參加這個歐洲最大的病理盛會。今年剛好人在英國，距離舉辦的城市維也納大約兩小時左右的飛機，因此也決定去參加。

第三十七屆歐洲病理會議(European Congress of Pathology)今年輪回第一屆主辦國—奧地利舉行，會期為期五天，從九月六日到九月十日，大會今年主軸是 Tradition meets Future，因此，可想而知，是希望結合以往傳統顯微鏡細胞組織型態，以及現代次世代基因定序和大數據人工智慧，幫助病理診斷能有更大的突破和進展。

大會的主題包羅萬象包山包海，從各個系統到各種演講類型(paper, keynote lecture, 海報等等)，幾乎不太可能全部聽完。雖然平常做的是 General pathology，但選擇了婦科

和血液病理的次專，所以大部分會找跟這些主題相關的課程演講去聽。當然其中不乏使用次世代基因定序以及大數據的方式在分析各種血液科腫瘤，以及越來越多免疫功能因受外在感染或用藥等等因素，導致淋巴組織組織型態上的變化，卻被誤認為是惡性腫瘤的實例分享，另外，也有血液腫瘤科臨床醫師分享嵌合抗原受體 T 細胞療法(CAR-T)，在臨床上導致的副作用和病理變化等等，提醒我們對於未來在臨床上遇到越來越多這類人為因素介入的案例，必須提高警覺以免誤判。

另外，也有婦癌科的臨床醫師發現：手術品質的好壞，其實是婦癌病人預後的決定因子，因此，他們(奧地利)的婦癌手術醫師，還得有特別的認證，希望能讓病人都能得到良好的手術品質和良好的結果和拉長存活率。因為長期和本院婦科開會，其實知道本院在婦癌這方面也是引領國際，特別是末期婦癌，存活率都比其他的醫院和國家來得好，所以聽到其他國家也有相同的結論，就覺得很驕傲也與有榮焉。

三、心得

本次的參訪受益良多。雖然早就知道英國劍橋以純理論醫學著名，且對於基因學的研究也出了不少諾貝爾獎的巨擘如最有名的華生克立克，發現 DNA 的雙股螺旋結構。在更深入了解其歷史演進後，更是驚艷於劍橋學者的創造力與勇於做夢並實踐的精神。

除了華生克立克得到諾貝爾獎的勵志故事外，在劍橋待的這段時間，剛好遇上大學和民間合作的「劍橋科學大發現」的展示，因此在市中心的大型百貨公司和購物中心都有展出劍橋百年來對於科學及基因研究方面有重大進展的校友生平，配合上尋寶遊戲，更讓人對於這個八百多年的大學對於基因科學上的貢獻感到敬佩。除了剛提到的華生克立克，不得不提到在 DNA 結構發現上也同樣具有相當貢獻的女性科學家—富蘭克林，雖然最後因為早逝而無法共享諾貝爾獎的桂冠，但她提出的 DNA 架構雛形其實正是華生克立克模型的基礎，而這位偉大的女性，也是劍橋化學系的校友之一。

在發現了 DNA 結構後，後續人們對於基因研究又往前跨進了一大步，特別是在桑格定序(Sanger sequence)這個定序基因的方法被廣泛使用後，而桑格其實也是劍橋的校友之一，他的定序方法幾乎主宰了整個二十世紀末期及二十一世紀初期人類的基因定序，一直到目前，若是需要小片段的定序，桑格定序還是很好用的方法。

劍橋大學接下來劃時代的發明應該屬次世代定序了。在還沒到劍橋進修之前，我一直以為次世代基因定序是美國的產物，因為他們做的最多也最好，至少檯面上說得出名字的大公司幾乎都是美國大企業。直到到劍橋進修，才發現原來英國劍橋才是次世代基因定序的起源地，大約二十年前，劍橋化學系的研究團隊有這樣瘋狂的發想，覺得桑格定序方法雖好，但無法一次做大量基因定序，因此想出了當時幾乎沒人想到或可行的方法來實驗這個計畫的可行性，當時也因經費不足而請劍橋大學幫忙牽線成立公司，讓產品未來可以商業化，也因此有了目前次世代基因定序翹楚 Illumina 的前身 Solexa，最後 Solexa

因為財力比不上美國生技公司 Illumina，因此把公司賣給了 Illumina，Illumina 最後把這項技術發揚光大，也成為目前次世代基因定序方法的主流。而原本在 Solexa 的員工則有一大部分後來幫忙開發另一種定序方法—Ion torrent，也成為次世代基因定序的第二大流派。了解這些歷史經過除了覺得很有趣，也讓我覺得很欽佩劍橋大學的研究能量，雖然最後成功商業化賺到錢的不全然是他們，但他們的研發真的很強！不愧能成為世界前幾名的名校，而我也覺得很幸運能在這基因定序的重要發源地學習血液腫瘤基因定序，真的是太榮幸了！

進修的過程除了學習到次世代基因定序的每個步驟和原理，自己也實際參與了動手做，從蠟塊切片檢體到萃取分析 DNA，甚至到之後基因放大都是在自己手上完成，而之後分析的工作也會由帶我的博後和研究生繼續接手，我們也約好等資料出來後，要在線上討論後續分析的結果，之後撰寫並發表論文，希望能有好成果。

這段時間除了學術上的學習和經歷，也讓我體驗到英國的學術氛圍，不躁進不匆忙；但每個人都很有思想。和台灣全民健保制度類似的英國健保，創造出的不是大量的病患和無止盡的醫療服務，而是悠閒有品質的診斷和研究。雖然英國健保一直被人詬病等太久無效率，但另一方面來說，其實是保障了醫護的生活品質，落實的分級制度也阻卻了大量病患往高層醫學中心求診，因此臨床工作者若是對研究有興趣，也可以比較游刃有餘地從事教學研究等工作，所以每年在世界大學評比中都能名列前茅。英國人(或說大部分的西方人)很重視思考的過程，他們很喜歡聊天，除了工作和研究上各面向，他們也很喜歡天南地北跟人分享自己的想法和觀點，我覺得這是和亞洲人比較不一樣的地方。藉由聊天，可以多了解了各地的文化和習慣，也可以在聊天的過程中，反思自己的觀點。以往對於其他文化上的刻板印象，也在這段時間得以好好修正。雖然以前總被警告盡量不要跟外國人談論宗教政治等方面的議題，但待在英國的這段時間，其實發現實驗室的人聊起這方面議題的時候，心態方面其實是很開放的，也很樂於分享他們的所見所聞，以及他們以往所受的教育觀點，所以真的覺得交到很多可以好好分享經驗和想法的好朋友。

劍橋是個大學城，離倫敦只有約一小時的火車車程；比不上倫敦的繁華，但整體治安是很好的，走在路上即使不認識的路人也會互相打招呼，人人臉上掛著微笑，上下班時間幾乎是跟一群走路或騎腳踏車的學生們一起優游在漂亮的建築和綠地中，路上抽菸的人也相較西方大城市少得多，整體來說是非常宜居和舒服的環境。英國因為非常重視城市永續發展，因此許多城市早就制定法律禁止過度開發，保留大量綠地和古老建築，因此，走在每條馬路上，都像走在綠色隧道一樣，兩旁總有漂亮的參天大樹以及漂亮的家戶花園，更不用說市中心地標級的康河景致。參訪的時間適逢暑假，每天都有非常多的遊客來到這美麗的城市，體驗徐志摩在康橋泛舟的閒情雅致；各個學院間也有獨特的鎮院之寶：牛頓的蘋果樹、達爾文的進化論手稿、徐志摩的詩碑等等。

之前因為讀研究所的關係，在英國住了蠻長一段時間，所以對英國的食衣住行一切生活並不會感到太陌生，反倒像是回到第二故鄉般的親切，所以倒是跳過了對日常生活的摸

索期，也很自然而習慣的適應了英國腔的英文、英國的物價、英國的食物和變化莫測的天氣。假日也常常坐著火車到處旅遊，欣賞各地不同的風景和建築，也趁這段期間拜訪了多年不見的好朋友以及博士班時期的指導教授，也從他們的經驗分享對於人生有不一樣的看法和想像。很感謝這段珍貴的進修經歷，不但對於學術方面有更深一層的學習，也讓我得到身心靈各方面的養分與滋潤。

四、建議事項

(一) 增加螢光原位雜交(FISH)在血液腫瘤疾病的診斷。

WHO 第五版血液腫瘤疾病診斷的條件，多以結合臨床、病理組織型態以及分子基因變化作為診斷依據；然而目前本院在病理診斷血液疾病所依靠的工具，仍然停留在依靠病理型態以及免疫組織化學染色，把血液腫瘤大約粗略分為侵襲性(aggressive)和和緩性(indolent)。而最常見的瀰漫性大 B 細胞淋巴瘤(diffuse large B cell lymphoma)還停留在區分是否為生發中心型(germinal center B)或非生發中心型(non-germinal center B)，雖然以往觀念認為生發中心型在做完 R-CHOP 後，預後較非生發中心型好，但其實近年研究發現，不應該只把瀰漫性大 B 細胞淋巴瘤簡略分為這兩類去決定預後。生發中心型瀰漫性大 B 細胞淋巴瘤也有一部分預後非常差，被分出來稱為高度侵襲性大 B 細胞淋巴瘤(high-grade B cell lymphoma)或分生上高度侵襲性大 B 細胞淋巴瘤(molecular high-grade B cell lymphoma)，這類的淋巴瘤通常同時具有 BCL-2 和 MYC 的轉位，有時甚至有 BCL-6 基因的轉位，而轉位的位置，轉位後接到哪個地方，其實也都與治療效果和預後有關，如果只是一味地把這樣的疾病簡單分成幾大類，有可能會錯估病人的療效和預後，也沒有辦法有效治療病人。

另外，本院因為診斷多倚賴病理型態以及免疫組織化學染色，一些需要靠螢光原位雜交(FISH)做診斷的血腫疾病，多只能靠臨床資訊以及免疫組織化學染色推估可能是這樣的腫瘤，因此常無法做出明確診斷，只能以 Comment 方式寫在報告中，例如多數(90%)濾泡性淋巴瘤(follicular lymphoma)有 t(14;18)轉位牽涉到 *BCL-2* 基因，被套區細胞淋巴瘤(mantle cell lymphoma)有 t(11;14)轉位牽涉到 *CCND1* 基因，以及伯基特淋巴瘤(Burkitt lymphoma)有 t(8;14)轉位牽涉到 *c-myc* 基因等等，雖然有對應的免疫化學染色可用，但免疫化學染色其實無法百分之百呈現基因轉位的結果，因此，在遇到這些血液腫瘤時，其實還是以螢光原位雜交(FISH)做為診斷依據較為有信心，也是診斷的 gold standard。

在劍橋的這段時間，除了跟實驗室裡的博士後研究員及博士生學習次世代基因定序的方法，還會跟來自阿拉伯的血液病理科醫師 Lulwa Alshammari 聊到她們在診斷上使用的方法，這才驚訝地發覺：原來在阿拉伯，使用螢光原位雜交(FISH)做血液腫瘤診斷早就行之有年，也很汗顏在健保的規範下，很多其實是診斷必須的檢驗，卻沒有適當地執行。因此希望能在未來診斷的過程，遇到病理型態和免疫化學染色符合的血液腫瘤，能再加以螢光原位雜交(FISH)確認，讓診斷更加完整且有信心。

- (二) 與研究部合作或與相關廠商簽約，開發診斷血液腫瘤次世代基因序列定序，應用在臨床診斷，預後預估及治療指引。

英國雖然和台灣一樣有類似全民健保的制度—NHS (National Health Service)，但對於診斷研究的進展和開發卻是不遺餘力。一開始對於他們對於幾乎每個血液腫瘤幾乎都能進行螢光原位雜交(FISH)以及次世代基因定序感到不可思議，因為這樣對每個病人的診斷幾乎都得投入相當程度的時間和金錢，但他們似乎習以為常。除了每個醫學中心或大學醫院幾乎都會申請或多或少的研究經費，或和國家及其他單位合作，開發自己的基因模組(panel)，而每個案例幾乎都會進行多輪的研究與基因定序，試圖找出某個疾病的相似和相異處，也對每個案例單獨分析，希望能有個人化及精準化的診斷和治療計畫。雖然目前在台灣的我們，在病理臨床實務上似乎有困難，但或許也能藉由多和研究部合作，開發屬於自己的常見基因模組，如此除了可以讓診斷更確實，讓治療更加有效，也可以藉此得到許多研究素材，可說是一舉多得。

除了和學術單位合作之外，有時也得藉由與廠商的合作來達成這樣的結果。實驗室的博後跟我說：他們如果想做任何研究，其實都會很有行動力地去找廠商談，並從多家比較中，找到性價比最高的去使用。我覺得我們的行動力常常會因外在環境因素，像是健保限制或是公家單位流程的繁瑣，受到不小的阻礙，所以最後無法把構想的做出來，這是比較可惜，也或許是可以未來改善的方向。

- (三) 開設生統與統計程式學習課程。除了理論型的課程，建議加入實習課程，例如軟體使用與程式寫作。

在與實驗室博後一起做實驗及分析數據的過程中，我驚訝地發現：他們的生物統計學得很紮實，可能是英國學制的關係，他們從高中決定要選擇生物和醫學相關科系，就會特別加強生物統計的學習；另外，每個人或多或少都會寫一些簡易的程式，如此一來，他們在分析數據和做統計圖方面，就會具有一定的優勢。

本院教學部近年來也推出一連串的課程，內容包含生物統計、AI 和程式寫作，雖然我也上過不少課程，但距離實際應用其實還是差了一大截，每次看到授課老師(通常是陽交大的教授或本院生統組的同仁)靈活地用著各種軟體，分析各種資料，並做出一張張的美圖，都會覺得很羨慕，也覺得自己如果習得這一身功夫，或許在研究路上就會走得比較順遂，也比較不會因為統計分析錯誤得到不對的結果。因此，會建議除了開設授課式的課程，能夠有更多習作的機會，如此一來，對於軟體使用以及程式寫作或許就會有初步的程度與應用。

- (四) 向國內外專家學習並深化之間合作關係，共同發表論文。

近年本院重視與國內外專家學者交流，除了與各大學間的研究合作外，也鼓勵各部門同仁到國際知名醫療或研究單位觀摩學習，這無疑是走入世界頂尖醫療的一大步，而我想大部分學成歸國的人，應該在各方面都收穫滿滿。

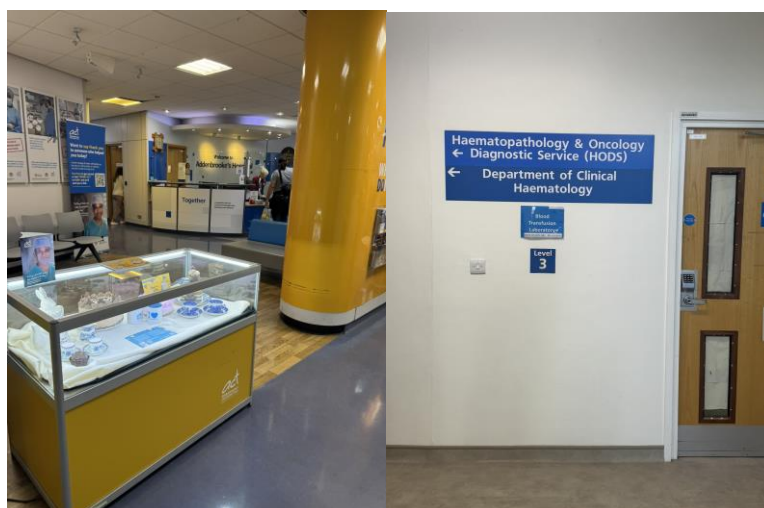
如同這次到劍橋實驗室進修，除了能在世界頂級學術重鎮學習技術與觀點，更重要的是與這些世界知名的學術巨擘建立合作關係，之後或許有更多研究發展的可能。我自己是帶了一個小 project 去做，而這其實也得感謝一直和劍橋那邊有合作的奇美醫院莊世松教授，才能讓這樣的計畫成真。後續的分析工作還需仰賴劍橋實驗室那邊的人接手幫忙，因此這樣的合作連結應該還會持續下去。而在每次實驗室會議的討論中，我看到了一個成功的實驗室是如何去經營與領導，對於細節的重視與不斷反覆地求真過程，更是令人佩服。也希望醫院能讓這樣鼓勵與國內外專家研究與合作的風氣延續下去。

(五) 改善院內存放病理蠟塊檢體場所環境，避免珍貴檢體因 DNA 降解太快而導致之後研究不易。

在我的實驗裡，萃取 DNA 的過程中，發現本院的檢體 DNA 降解的情形嚴重；相較於奇美醫院的檢體保存，我覺得我們可能必須要詢問或觀摩一下別人的作法。因為每個檢體取得不易，也都是很重要的研究素材，若是因為保存不良，導致後續無法從中得到好品質的 DNA，會讓有意義的研究受到阻撓，非常可惜。

之前科內也有同事要做研究，從我們蠟塊中萃取出來的 DNA 也是降解非常嚴重，跟我這次拿到的這批檢體的發現其實類似，相較於其他醫院檢體 DNA 能維持一定品質，促使我們想到可能是我們的儲存環境或檢體固定的方法需要做調整改善。雖然檢體存放這個步驟聽起來好像非常基礎沒什麼大學問，但是卻是影響後續實驗和結果的關鍵步驟，因此應該是當前最需要改進的地方，也才不會枉費我們有這麼多的檢體和資源，但最後卻都不能用或無法做出好的結果。

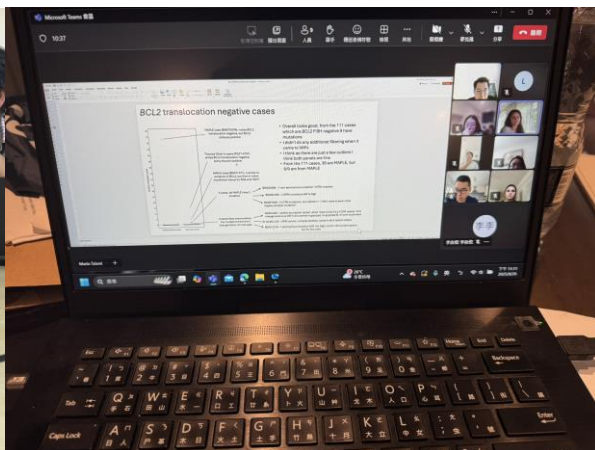
五、 附錄



Addenbrooke's Hospital 大廳 實驗室入口



星期二早上實驗室進度討論會



線上舉行實驗室討論會



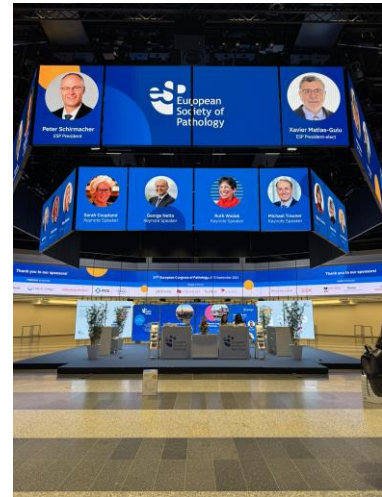
PCR room hood



試劑



實驗室烤肉 party



歐洲病理學會年會



離開前的蛋糕 party