

**「中華民國 105 年度行政院衛生福利部
所屬醫院醫事人員出國進修計畫」**

**參加2016年美國微生物年會暨抗微生物
製劑國際會議 [2016 ASM Microbe and
Interscience Conference on
Antimicrobial Agents and
Chemotherapy (ICAAC)] 與美國微生物
學會研究技術工作營 (ASM
Pre-Meeting Workshops) 心得報告**

服務機關：衛生福利部豐原醫院內科部感染科

姓名職稱：王唯堯 主治醫師

派赴國家：美國麻塞諸塞州波士頓市

出國期間：中華民國 105 年 06 月 15 日至 06 月 22 日

報告日期：中華民國 105 年 07 月 21 日

(2016 年美國微生物年會暨抗微生物製劑國際會議)

目 錄

	頁 碼
壹、研究背景與參與國際會議目的.....	3-5
貳、會議過程	
一、大會第一日主要議程	5-6
二、大會第二日主要議程	6
三、大會第三日主要議程	7
四、大會第四日主要議程	7
五、大會第五日主要議程	8
參、參與會議心得（對應會議過程）	
一、分子生物學基因分型與表現分型成果分享.....	8
二、臨床微生物學的最新進展.....	8-9
三、傳統與新型檢驗方法的比較	9-10
四、臨床感染症的最新人體試驗結果.....	10-11
肆、回單位後報告，建議事項，和預期貢獻：.....	11-12
伍、附件資料.....	13
一、出國參加會議日程表-----	.13-14

壹、研究背景與參與國際會議目的：

職王唯堯醫師，自中華民國 99 年 11 月 1 日起任職於衛生福利部豐原醫院內科部感染科，擔任主治醫師一職，同時擔任院聘感染控制室主任。職於 101 年 6 月自國防醫學院醫學科學研究所畢業，取得博士學位，於 102 年與 103 學年度擔任弘光科技大學健康事業管理系暨研究所與中臺科技大學醫學檢驗生物技術系兼任助理教授與授課，以及在 103 年 1 月取得教育部審核通過的助理教授證書。職於博士班研究主題為國際各主要地區與台灣地區具抗藥性的金黃色葡萄球菌 (methicillin-resistant *S. aureus* - MRSA) 的分子流行病學與抗藥性資訊，確定台灣地區不同地區所分離的 MRSA 菌株之各種基因分型和表現型的相關性，探討自台灣地區與世界各地自臨床分離的多重抗藥性金黃色葡萄球菌株，抗藥性基因變異與產生的相對應蛋白質功能的相關性，並與國際著名期刊與國際學術會議所報告的相關資料比較和在國際學術會議中與研究類似主題的學者相互討論交流意見，並嘗試尋找台灣地區 MRSA 菌株的基因型和表現型的演化模式。研究背景為 1990-2012 年台灣地區的 MRSA 的發生率佔所有金黃色葡萄球菌已達 60% 至 80%，比起全球各地的抗藥性比率高出許多，根據衛生福利部疾病管制署的台灣地區醫院院內感染抗藥性細菌追蹤研究 (Taiwan Nosocomial Infection Surveillance – TNIS) 發現，台灣地區在加護病房院內感染分離的 MRSA 菌株佔臨床分離的金黃色葡萄球菌超過 80% 以上，並持續對其他種類抗生素具有多重抗藥性，特別是第一線的抗 MRSA 藥物如萬古黴素 (vancomycin) 和提克黴素 (teicoplanin) 等，且臨床試驗發現這些具有多重抗藥性的 MRSA 菌株感染於使用抗生素治療時有較高的治療失敗比率。且近年台灣之社區感染 MRSA 的盛行率亦逐年增加。造成 MRSA 對 2,6-二甲氧基苯青黴素抗藥性抗藥性的基因 *mecA* 被發現位於葡萄球菌夾式具抗藥基因染色體 (staphylococcus cassette chromosome *mec*; SCC*mec*) 中，依據 SCC*mec* 中相關基因的位置 (IS1272、*mecRI*、*mecI*) 和 *mecA* 基因表現的調節基因 *ccr* (cassette chromosomal ricombinase) 種類的組合可將

SCCmec 分為 I 至 XI 型 (截至目前共有 11 種 SCCmec 分型)。根據國外文獻報告，院內感染 MRSA 菌株大部分屬於 SCCmec type I、SCCmecII，和 SCCmecIII，與原先台灣地區文獻報告類似。但台灣地區所分離的 MRSA 菌株的分子生物學分型的社區感染菌株多為 SCCmec V_T，與國外的 MRSA 社區感染菌株多為 SCCmec IV 和 SCCmec V 有所不同，且台灣地區分離的醫療機構相關的 MRSA (healthcare-associated MRSA – HA-MRSA) 的分型多為 SCCmecII-ST5-*spa* t002 和 SCCmecIII-ST239-*spa* t037，和歐洲與北美醫療機構分離的 HA-MRSA 菌株分型部分相同，代表台灣地區大多數的 HA-MRSA (SCCmecII-ST5-*spa* t002 和 SCCmecIII-ST239-*spa* t037) 來自於歐洲和北美地區，具備大規模在世界各地散布的能力。職於 2008 年參加由台灣大學醫學院附設醫院薛博仁教授 (現為台灣醫院感染管制學會理事長) 所主持的台灣地區抗藥性菌株監測與追蹤的大型研究計畫 (共 22 家大型醫院參與研究 – Tigecycline *In-Vitro* Susceptibility in Taiwan – TIST, 2006-2010)，負責自無菌部位分離的 MRSA 菌株的基因型與抗藥性表現型的相關性研究。職為了解國外對於 MRSA 的分子生物學研究的最新進展，因此固定每年參加大型國際學術會議，如在美加地區舉行的 ICAAC 和在歐洲舉行的歐洲臨床微生物暨感染症會議 (ECCMID)，特別對格蘭氏陽性細菌包括 MRSA 等分子生物學的最新資訊充滿興趣，並熱切參加學習新的研究理論與實驗技術，並定期於上述會議以口頭和海報論文發表個人的研究成果，自 2008 至今已超過 8 年。職於 105 年 4 月至荷蘭阿姆斯特丹市舉行的第 25 屆歐洲臨床微生物暨感染症會議發表一篇傳統海報論文與一篇電子海報論文 (e-poster)，並與各國專家學者討論個人與他人發表的學術論文，收穫堪稱豐富。

職至本院到職後與胸腔內科主任黃建文醫務秘書合作建立共同實驗室，並於 101 年 3 月 1 日啟用，持續執行的由職和中山醫學大學微生物暨免疫學研究所曹世明副教授共同主持台灣地區抗藥性菌株監測計畫 (TIST) 中的子計畫 (台灣地區自無菌部位養分離的

抗藥性金黃色葡萄球菌菌株的分子生物學分型與各種表現型的相關性與演化趨勢)。

103-105 年度執行 MRSA 的 oxacillin 低抗藥性與社區有關 MRSA 菌株 (community-associated MRSA – CA-MRSA) 和鹽分促進 CA-MRSA 對 oxacillin 抗藥性的研究，並向在美國麻塞諸塞州波士頓市舉行的 2016 年美國微生物學會年會 (2016 ASM Microbe) 暨第 56 屆抗微生物製劑國際會議 [56th Interscience Conference on Antimicrobial Agents and Chemotherapy (56th ICAAC)] 投稿一篇論文並蒙錄取以海報方式發表。此為國際上規模最大的抗微生物製劑和微生物學與臨床感染症的國際學術會議，每年參加人數多達一萬餘人，參加人員多為國際知名的學者和教授和研究機構的專家，故參加該次國際性會議以便吸收相關微生物學與臨床感染症的新知與研究方法，並藉由大型國際學術會議與國際研究團隊與學者作廣泛的意見交流，並與台灣地區的研究成果結合，提供台灣地區 MRSA 的基因分型和各種表現型包括抗藥性資料的追蹤與選用適當抗生素的參考，並且分子生物學研究日新月異，學習相關新型研究技術，充實本職學能和發現台灣特有的 MRSA 基因型與表現型，亦是職未來研究方向。

職的專業為臨床感染症與臨床微生物學，以及院內感染控制和抗生素合理使用等，亦對微生物分子流行病學和新型實驗技術等研究範圍充滿興趣，職預計這對台灣醫療院所群突發事件的調查與建立分子生物流行病學資料庫，和減少微生物散播的災害防制有重大影響，因此這是職持續學術研究和投稿，和參加此次國際性學術會議的動機。

貳、會議過程 (105 年 06 月 16 日至 06 月 20 日)：

1. 大會第一日 (6 月 16 日) 全日的議程為美國微生物學會研究技術工作營 (ASM workshop)，共有 24 種工作營可供選擇 (位於 2016 ASM Microbe 大會會場 –麻塞諸塞州波士頓市國際會議中心)，內容為臨床感染症的回顧與分析、世界各地各種微生

物之分子生物學分型與表現型分型的報告、新型臨床微生物學檢驗與鑑定技術、新興傳染性疾病的流行病學調查與防治方法，以及微生物學和臨床感染症的相關性的研究等。職申請使用雷射導引分析多重抗藥性菌株的快速鑑定與表現型分型的工作營 (MALTI-TOF)，特別針對院內感染常見且有重大影響的菌株，如 MRSA 與對萬古黴素 (vancomycin) 具抗藥性的腸球菌 - vancomycin-resistant enterococci (VRE) 的快速鑑定與各種分子生物學分型吸收相關新知，並在工作營研討會中發言，針對格蘭氏陽性菌和陰性菌如 *Klebsiella pneumoniae* carbapenemase (KPC) 的相關研究內容請教主持人與參加學員，獲益良多。

2. 大會第二日 (6 月 17 日) 上午為國際著名軟體公司微軟公司 (Microsoft) 總裁 下午的議程為專長為臨床感染症各領域專家學者的演講，內容包括原各地區的流行病和新興浮現如去年年中於韓國地區流行的中東冠狀病毒呼吸道症候群 (Middle-East Respiratory Syndrome Coronavirus – MERS-CoV) 和自 2013 年底至去年於西非地區爆發的伊波拉病毒感染 (Ebola virus – EBV) 並散播至世界各地的分子生物流行病學、臨床表現，和預後因素的探討，同時並有相關議題的海報與口頭報告研究團隊的最新研究成果。職在此次大會發表的一篇論文主題為與中山醫學大學微生物劑免疫學研究所合作的研究，內容為 543 株在中山醫學大學附設醫院分離的 MRSA 臨床菌株的分子生物流行病學和表現型的變異，其中著墨於不同檢體分離出的 MRSA 對萬古黴素和 oxacillin 的抗藥性與特定的分子生物流行病學 (低抗藥性與 CA-MRSA 菌株有關，而高抗藥性和 HA-MRSA 密切相關，於規定時間 (中午 12:00 至 14:30 分) 以海報 (No. 450) 發表和接受在場學者和研究團隊的詢問，並適時回答參加人員所詢問的相關問題如台灣地區具抗藥性金黃色葡萄球菌的分子生物分型分布和抗藥性的機轉，並分享研究心得。

3. 大會第三日 (6月18日) 上午的議程多著重最近5年的分子生物新型技術的介紹，其中最吸引研究人員眼光與焦點的是 CRYSR/Cas9 技術，是早期來自細菌中所發現的免疫系統將造成基因組編輯工具。在細菌遭受如病毒或噬菌體的感染後，這個問題對於食物工業產生的衝擊是很大的，例如嗜熱鏈球菌 (*Streptococcus thermophilus*) 是主要是用來產生優酪乳或起士。當嗜熱鏈球菌受到噬菌體的感染將嚴重減少優酪乳與起士的產量。因此在 2007 年杜邦公司 (DuPont) 發現了一種方法來解決嗜熱鏈球菌受噬菌體感染的問題，也就是 CRISPR (Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats) 系統。
4. 大會第四日 (6月19日) 的議程著重於各種微生物抗藥性比率的分布變化、常見抗藥性基因分布、微生物演進、各種分子生物學分型方法的結果與比較各種分子生物學分型方法的鑑別能力，以及新型抗微生物製劑的研發成果 (含安全性試驗與動物試驗結果) 等，同時並有相關議題的海報與口頭報告研究團隊的最新研究成果。下午則是各類病毒研究的最新進展，特別為人類免疫不全病毒 (human immunodeficiency virus – HIV) 的研究成果，內容包 HIV 於世界各地的抗藥性比率的分布變化、HIV 抗藥性基因的發現鑑定與分布比率、各種治療反轉錄病毒感染的抗病毒藥物 (雞尾酒療法) 的與人體試驗結果，以及各種檢驗病毒方法研發成果等。另有針對各種世界上流行疾病的微生物的各種檢驗方法，並包括與傳統微生物學檢驗方法 (直接染色、快速抗原檢定、微生物培養，和病理診斷等) 的比較，重點為各種已開發和新開發的分子生物學診斷方法與傳統檢驗方法的比較，嘗試是否可以取代傳統檢驗方法 (提昇檢驗方法的敏感度與特異度)。職認真參加會場專題演講和海報論文討論 MRSA 的基因型和表現型研究，對 oxacillin 和萬古黴素具低抗藥性但具有 *mecA* 基因的 MRSA 和各國專家學者有密切意見交流，已研擬新的研究方向和目標。

5. 大會第五日 (6月20日) 的議程主要為各種抗微生物製劑的研發與動物實驗 (animal studies), 以及臨床試驗 (clinical trials) 在人體實驗的成果發表, 並與世界各地區微生物抗藥性分布作一有效連結和制定臨床感染症治療準則作完整的事前準備工作, 並包含醫療院所感染性疾病群突發事件的調查模式和處理模式與分子生物學分型結果預測感染途徑和追蹤感染者的研究。

叁、參與會議心得：

1. 職於國防醫學院醫學科學研究所就讀期間和本院共同實驗室的研究主題為台灣地區 MRSA 分子生物分型與表現分型的鑑定和相關性研究, 近年並參與由台灣大學醫學院附設醫院實驗診斷科薛博仁教授主持的台灣地區抗藥性微生物監測計畫 (TIST), 與此次國際會議的數項研究主題有重要的相關性。職除了參加大會舉辦的專家學者對於各種分子生物分型方法的最新進展的演講外, 更多的收穫在於海報展示期間, 與世界各地研究 MRSA 和 VISA 的分子生物流行病學的專家學者們進行熱烈的討論與意見交流, 了解國際相關研究的最新成果, 和國際 MRSA 的分子生物流行病學資訊, 並與台灣地區的 MRSA 菌株分子生物流行病學和表現型等資料執行比對, 這可供職和其他研究團隊對於台灣地區相關分子生物學資訊與世界其他地區相關資訊差異的後續研究 (如 MRSA 演化機制與抗藥性基因散佈機轉等), 和日後台灣地區制定治療 MRSA 和 VRE 感染準則的重大參考依據。
2. 先前傳統實驗室的臨床微生物鑑定和培養均需要專業的微生物學技師的人工操作與判讀, 並需要 2 至 3 天的工作天始能完成, 特殊微生物更需要 1 至 2 週才能完成判讀與藥物敏感度試驗報告。此次大會展示多種公司研發的微生物接種與培養判讀的自動化分析儀, 對於自無菌部位取得的液體檢體 (如尿液、腹水、肋膜積水、膿液、腦脊髓液、和關節腔液等) 均可快速且大量的篩檢和鑑定, 並減少人工操作因此減

緩報告發放的速度和判讀錯誤的機會，且因此改善實驗室對於微生物接種與培養的流程的標準化作業，缺點在於購置與維護成本較高，且需有專業醫學檢驗師和工程師維護儀器品質與報告品質，這是未來臨床微生物實驗室與共同實驗室需面對的問題之一。

3. 職於第三天參加新型研究技術的研討會，特別是最近兩年最熱門的 CRISPR/Cas9 (基因編輯平台) 技術深感興趣。傳統以遺傳學常使用的模式，如黑腹果蠅 (*Drosophila melanogaster*) 為例，依據基因體定序，共有超過 15,000 個基因，過去研究突變基因對於生物體的影響，需要使用如 EMS 突變劑或跳躍子跳躍或同源互換的方法才能完成部分研究，需要花費漫長時間才有可能得到目標基因突變株果蠅，並進而分析該基因的功能特性。如此耗時耗力，研究產能極為緩慢，研究成果亦為少量。此 CRISPR/Cas9 為 2012 年發展的新型基因編輯平台技術，只要得知目標基因序列，即可設計並合成專門便任該基因的導引 RNA 表現載體 (carrier)，於表現出專一導引的 RNA 載體後，Cas9 即可快速專一作用，直接剔除目標基因。研究者僅需花費少量時間與精力即可得到目標基因剔除的突變果蠅 (或其他微生物)，其效率和產量為先前研究所難以望其項背。在 2013 年 2 月開始，研究人員陸續將 CRISPR 進行改造，讓此工具可以有效辨識與剪切特定的 DNA 序列，並成功將此技術應用於細胞、小鼠、大鼠、斑馬魚、細菌、果蠅、酵母菌、線蟲或農作物中進行基因組編輯工作。CRISPR 分為三種類型。第一型是透過 Cascade:crRNA 複合體去辨識互補的 DNA，再經由 Cas3 核酸酶進行 DNA 降解。而第三型與第一型較為類似，一個包含 Csm 或 Cmr 蛋白與 Cas6 蛋白的複合體與 pre-crRNA 結合並且加工處理 pre-crRNA 形成 crRNA，透過這樣複雜的複合體來辨識與降解互補的 DNA 序列。然而第二型的 CRISPR/Cas9 系統無須產生一個複雜的蛋白複合體，僅透過 Cas9

蛋白結合由 crRNA 與 tracrRNA 形成的 pre-crRNA 就可以讓 RNase III 加工形成成熟的 crRNA，使得 Cas9/ tracrRNA:crRNA 複合體可以去辨識與切割互補的 DNA。由於第二型 CRISPR 系統的簡易性與方便性，因此於 2013 年被開發並廣泛應用在各種不同物種的基因剔除研究上。第二型 CRISPR/Cas9 系統相較於其他兩類型來說，沒有複雜的蛋白複合體結構顯得簡單許多，但是仍須具備 crRNA 與 tracrRNA 才能進行 DNA 辨識，因此 Martin Jinek 與 Krzysztof Chylinski 等人嘗試將 crRNA 與 tracrRNA 相接形成嵌合體 (single chimeric RNA or guide RNA) 並且成功保留其 DNA 辨識與切割的活性。後來經過 Woong Y Hwang 等人改良延長 tracrRNA 的三端序列則可有效在斑馬魚胚胎中進行基因標靶剔除。

第二型 CRISPR/Cas9 應用在基因工程上，主要透過一個來自於化膿性鏈球菌 (*Streptococcus pyogenes*) 的 Cas9 蛋白與一個 gRNA 形成一個複合體，該複合體會與互補的 DNA 進行辨識。辨識 DNA 序列最主要的是透過 gRNA 前端 (5 端) 的 20 nt 長度的序列，稱之為 Protospacer。緊接在後的三個核苷酸序列 (NGG) 則稱之為 Protospacer adjacent motif (PAM)，主要是讓 Cas9 辨識並且切割 DNA。目前發現在細胞實驗中，野生型 Cas9 存在較高的脫靶可能性，主要原因是當 Protospacer 的 5 端序列約 5-7 bps 的核苷酸產生變異時，野生型的 Cas9 蛋白仍然可以對 DNA 進行辨識與切割。但是對於動物胚胎打靶時，由於脫靶嚴重的胚胎將無法正常發育，因此篩選到的動物個體脫靶問題較不明顯。

4. 第四日與第五日大會議程多為院內感染常見菌株的抗藥性發展演化與與新型抗微生物製劑的人體試驗最新結果，職詳細閱讀並聽講對於 VRE、MRSA 和 vancomycin-intermediate *Staphylococcus aureus* (VISA) 感染的最新動物和人體試驗結果。除了傳統的 glycopeptides (如 vancomycin 和 teicoplanin) 外，尚有 dosavancin、

daptopristin/quinopristin，和 posaconazole 等新藥研發與上市，其中的動物與人體試驗結果呈現令人激賞的治療效果，對於 MRSA、VISA 和 VRE 的感染治療模式與病人預後分析等，應會有重大影響。

5. 本次國際學術會議中針對醫療院所群突發事件的調查方法與分子生物學鑑定方式與分型結果與台灣地區群突發事件的結果有所不同，特別是美國和歐洲國家科學研究主管機關和研究機構願意大量補助相關分子生物流行病學與臨床影響的研究，研究成果並作為國家執行多重抗藥性菌株的篩檢與感染控制的參考，如醫療院所感染群突發病人的臨床表現與分子生物學資訊，如困難梭狀芽孢桿菌 (*Clostridium difficile*) 引起的感染性腹瀉，歐美國家早已先於台灣數連使用蛋白質體學圖譜 (MALDI-TOF) 取代聚合酶連鎖反應 (PCR)，快速鑑定與分析流行病學分型和判定院內感染群突發的依據。這可提供台灣地區研究類似主題的學者作為研究方法與實驗結果分析參考。

肆、回單位後報告，建議事項，和預期貢獻：

職於105年6月22日返抵國門後，隨即整理相關大會演講者的報告內容與相關學者交流研究的心得報告，並於105年6月28日上午9:00於中山醫學大學微生物暨免疫學研究所的4705會議室和6月30日上午11:00於本院第七會議室舉辦的共同實驗室會議，利用60分鐘的時間對研究室所有同仁報告此行發現與心得，針對世界各地MRSA臨床菌株的基因型和表現分型的資訊，與台灣地區的結果差異做出完整的心得報告，並報告最新生物科技研究技術 (MALDI-TOF and CRISPR-Cas9) 對於近期與未來微生物分子生物學和生物醫學等的可能影響。中山醫學大學微生物暨免疫學研究所教授和研究生，以及本院共同實驗室同仁對於最新生物科技研究技術 (MALDI-TOF and CRISPR-Cas9) 內容，以及是否可以應用於本院研究計畫 (台灣地區MRSA抗藥性菌株的分子流行病學) 具有濃郁興

趣，屢屢提出問題詢問，實驗室全體同仁咸認上述兩種新型研究技術對於MRSA分子生物學分型與表現型的特異性的研究可能有快速和重大的突破性進展，這有待實驗室同仁設計相關實驗證實有關假設，與國外相關研究成果結合。對於此次大會議程的內容豐富，建議本院提撥研究計畫內的一定比率的經費，補助同仁執行相關醫學研究和至國外參加學術會議與發表論文，並對學術研討會的重要內容建立資料庫，提供本院和其他合作單位如中山醫學大學微生物暨免疫研究所和中興大學生命科學院等同仁制定後續的研究計畫和發表研究成果的重要支持。

此次參加大會的所見所聞，預期對於本院的共同實驗室的研究主題（台灣地區 MRSA 基因分型與表現分型與醫療器械相關感染群突發的分子生物學特性與表現型相關性等）和合作單位（中山醫學大學微生物暨免疫研究所和中興大學生命科學院）的未來研究計畫重大和深遠的影響，實驗室主持人與實驗室研究團隊將針對國際相關研究團隊於此次大會發表的成果，參考納入本院共同實驗室今年和明年的研究計畫內容，並可對國際與台灣地區相關分子生物分型與表現型相似程度與差異性多所著墨和討論分析，將相關研究成果整理，於近期內陸續發表於國內外學術研討會和國際期刊。

伍、出國參加會議日程表：

衛生福利部豐原醫院出國參加學術會議每日行程表					
出單	人員位	內科部感染科	級職	主治醫師	姓名 王唯堯
會議名稱	2016年美國微生物年會暨抗微生物製劑國際會議 [2016 ASM Microbe and Interscience Conference on Antimicrobial Agents and Chemotherapy (ICAAC)] 與美國微生物學會教育工作營 (ASM Educational Workshops)		會議地點	美國麻塞諸塞州波士頓市 (Boston, Massachusetts, U.S.A.)	
日數	日期	行程內容 (詳述航空公司班次時間、會議行程、論文展示等)			備考
1	105-06-15 -105-06-15 (台北 - 日本東京)	桃園國際機場 - 日本東京成田國際機場。 DL-166 Jun 15 ^h 0940 TPE/Jun 15 ^h 1410 NAR 抵達。 今日搭乘美國達美航空公司班機飛抵日本東京成田國際機場。			
1	106-06-15 -105-06-15 (日本東京 - 美國紐約市 - 麻州波士頓市)	日本東京成田國際機場 - 美國紐約甘迺迪國際機場。 DL-172 Jun 15 ^h 1555 NAR/Jun 16 ^h 1600 JFK 抵達。 今日搭乘美國達美航空公司班機於東京成田國際機場轉機抵達美國紐約甘迺迪國際機場，再於當晚搭乘美國快捷火車 (Amtrak) 抵達麻塞諸塞州波士頓市。			
2	105-06-16 (美國麻州波士頓市)	美國麻塞諸塞州波士頓市 (AM 8:30- PM 5:30)。 全日參加美國微生物學會教育工作營，晚間參加醫學會議 (場地均位於 2016 ASM Microbe 大會會場)。			
3	105-06-17 (美國麻州波士頓市)	美國麻塞諸塞州波士頓市 (AM 8:30- PM 5:30)。 全日參加醫學會議 (54 th ICAAC 大會會場) 並於當日發表一篇海報論文 (2016 ASM Microbe 大會會場)。			
4	105-06-18 (美國麻州波士頓市)	美國麻塞諸塞州波士頓市 (AM 8:30- PM 5:30)。 全日參加醫學會議 (2016 ASM Microbe C 大會會場)。			
5	105-06-19 (美國麻州波士頓市)	美國麻塞諸塞州波士頓市 (AM 8:30- PM 5:30)。 日參加醫學會議 (2016 ASM Microbe 大會會場)。			
6	105-06-20 (美國麻州波士頓市)	美國麻塞諸塞州波士頓市 (AM 8:30- PM 3:30)。 全日參加醫學會議 (2016 ASM Microbe 大會會場)。			

7	105-06-21-105-06-22 (美國麻州波士頓市 - 紐約市 - 日本東京)	美國麻塞諸塞州波士頓市 - 美國紐約甘迺迪國際機場 - 日本東京成田國際機場。 DL-473 Jun 21 st 1202 JFK/Jun 22 nd 1445 NAR (+1) 抵達。 今日於美國麻塞諸塞州波士頓市搭乘美國快捷火車 (Amtrak) 抵達紐約市，再搭乘達美航空公司班機至日本東京成田國際機場轉機。	
8	105-06-22-105-06-22 (日本東京 - 台北)	日本東京成田國際機場 - 桃園國際機場。 DL-167 Jun 22 nd 1615 NAR/Jun 22 nd 1915 TPE 抵達。 今日於日本東京成田國際機場搭機抵達桃園國際機場 (105 年 06 月 22 日下午 7 點 15 分抵達桃園國際機場)。	