健康智慧生活圈

# 健康智慧生活圈線上直播

## 國際及台灣健康科學週新知

## 專題: AI 精準睡眠健康 | 【智慧安眠】


陳秀熙 教授


2026-11-11 45週

資訊連結:
https://www.realscience.top


陳秀熙教授、嚴明芳教授、許辰陽醫師、林庭瑀博士、
劉秋燕、林家妤、董家維、陳虹彣、邱士紘、甘芳瑜

# 健康智慧生活圈

https://www.realscience.top

**Youtube影片連結: https://reurl.cc/o7br93**

**漢聲廣播**
**生活掃描健康智慧生活圈: https://reurl.cc/nojdev**

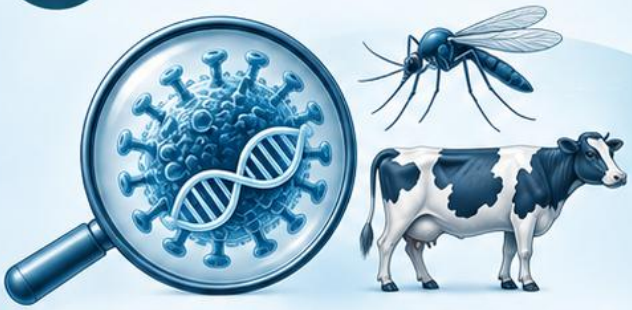
**新聞稿連結: https://www.realscience.top**

# 本週大綱 11/05-11/11 (W45) | 【一週速覽】

- 健康科學週新知
- AI 精準睡眠健康
- 睡眠基礎模型預測未來疾病
- AI 睡眠腦波預測健康訊號

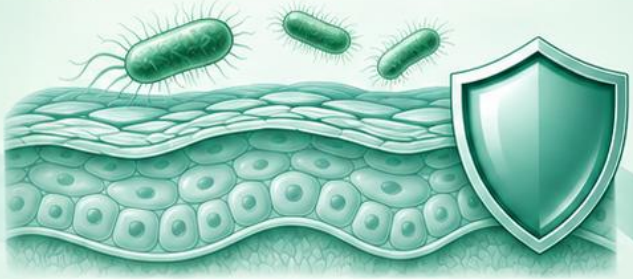
# 科學新知總攬｜【掌握新知】

## 01 風險在哪裡？



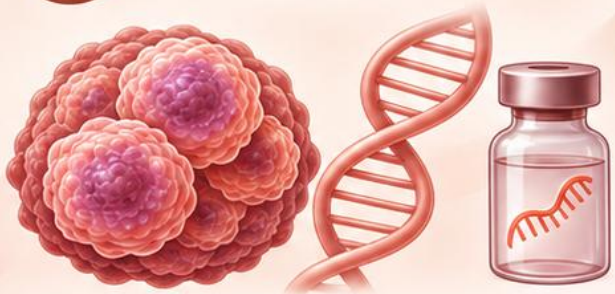
病毒變異、跨境病媒與人畜感染
醫療可近性與疫情通報偏差

## 02 身體如何應對？



免疫健康指標與皮膚共生菌
風濕病免疫重置與停藥緩解

## 03 從哪裡介入？



腫瘤免疫、雙靶點與 mRNA 疫苗
胚胎鹼基編輯與粒線體介入

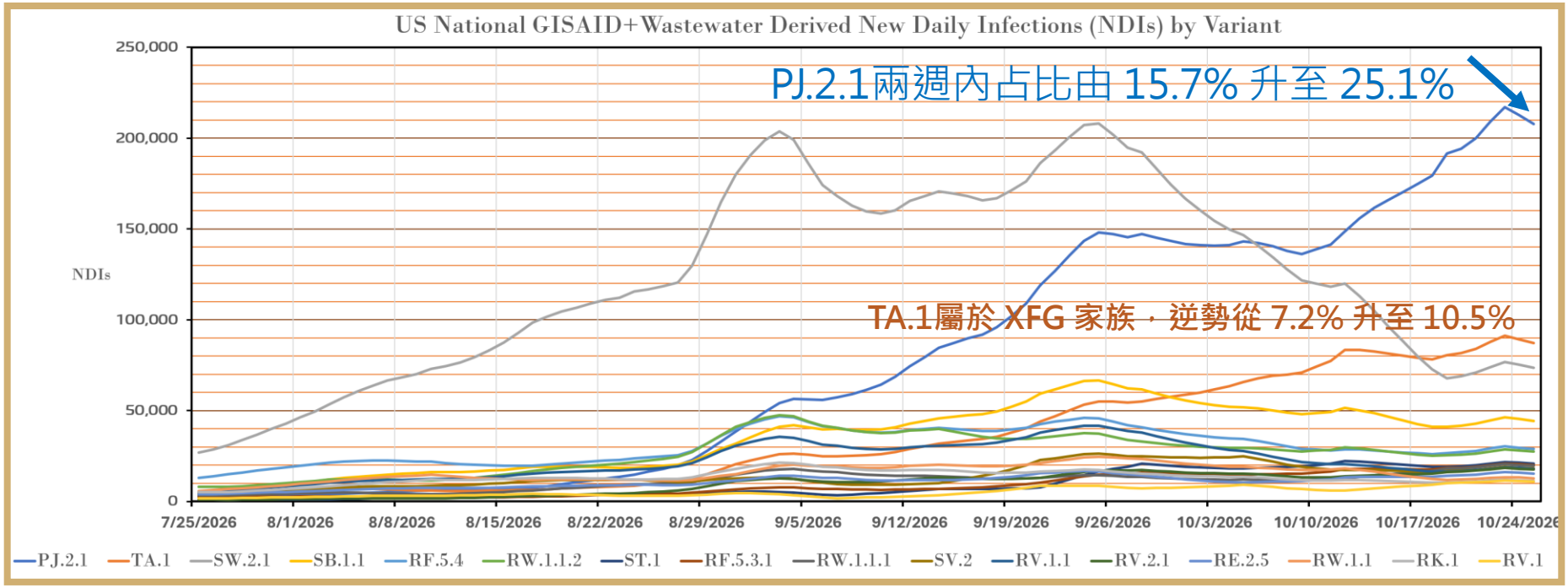
## 04 誰可能受益？



免疫挑戰與青少年腦部發育
迷幻藥物試驗與精準精神醫學

# 美國 COVID-19 變異株消長: PJ.2.1 快速崛起 | 【變異警訊】

| 25.1% | 10.5% | 41.5% |
|---|---|---|
| PJ.2.1 | TA.1 | XFG 家族 |
| ↗最大單一譜系 | ↗持續上升 | ↘整體下降 |




**PJ.2.1 的快速增長，可能與免疫逃脫能力有關，仍需進一步驗證**

# 德國機場瘧疾3死 基因分析揭露三波境外移入｜【跨境防瘧】

## 疫情概況：8例感染、3人死亡

| 7 月 | 8 月 | 9 月 |
| --- | --- | --- |
| 5 例 | 1 例 | 2 例 |
| 機場相關工作者 | 機場相關工作者 | 機場相關工作者 |

8 人皆未曾前往瘧疾流行區，也沒有接受輸血。病原體為惡性瘧原蟲（Plasmodium falciparum）

## 基因分析：三個獨立感染群聚

- 瘧原蟲全基因體分析發現 3 個群聚，分別對應 7、8、9 月病例
- 群聚內基因相近，群聚間差異明顯
- 推測為 3 次獨立的境外病媒蚊移入，可能源自西非
- 未見當地持續傳播的證據

## 公共衛生警訊

- **機場瘧疾：感染瘧蚊可能隨飛機跨境傳播。**
- 無旅遊史仍可能感染，機場工作者與周邊居民須注意。
- 加強病媒蚊監測，不明原因發燒應及早檢驗瘧疾。

**不只由旅客移入，病媒蚊也可能隨航空運輸跨境；基因定序與早期診斷是重要防疫工具**

# 紐西蘭百日咳疫情升溫 奧克蘭學校傳出病例｜【百咳警戒】

## 疫情概況：校園傳播增加

**21** 所
近一個月通報學校

**37** 例
奧克蘭近3週病例

- 奧克蘭百日咳病例於學校假期後上升
- 今年1至2月，紐西蘭其他地區曾在6週內通報 132例

## 百日咳感染風險

- 百日咳（Pertussis）透過咳嗽、打噴嚏傳播
- 可能出現持續劇烈咳嗽、呼吸困難
- 嬰幼兒為高風險族群，感染可能導致嚴重併發症



## 公共衛生防治措施

- 按時接種疫苗：紐西蘭嬰兒自出生6週開始接種
- 孕婦接種疫苗：協助保護新生兒
- 出現症狀應留在家中，避免接觸嬰兒及免疫低下者

**及時接種疫苗、落實症狀監測，是保護嬰幼兒與防止社區傳播的關鍵**

# 美國 H5N1 禽流感再傳死亡｜乳牛場群聚感染引發警戒｜【禽流警戒】

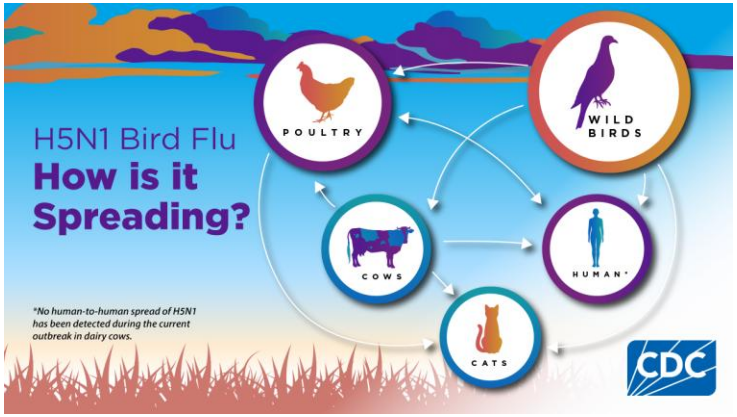
**1 例**
美國2026年首例禽流感死亡

**3 例**
華盛頓州亞基馬郡人類感染

**33 場**
當地乳牛群檢出H5N1

## 乳牛疫情擴散

- 華盛頓州一名有潛在疾病的居民，接觸感染乳牛後確診 H5N1，10月31日通報重症住院，11月1日死亡
- 3名感染者均有感染乳牛暴露史




## 病毒定序與公共衛生風險

- CDC基因分析：未發現已知會增加病毒傳播力或致病嚴重度的變異
- 尚無美國境內人傳人證據，一般民眾感染風險仍低
- 乳牛場工作者屬高風險族群，應落實防護裝備、症狀監測與接觸者追蹤

**H5N1持續由乳牛傳播至人類，尚無人傳人證據，須加強畜牧場防疫與人畜共通疾病監測**

# Shamonda 牛隻病毒｜【新疫監測】

**由蠓叮咬傳播的動物病毒**　與牛隻常見的 Schmallenberg 病毒屬於同一個病毒種

## 病原分類

- 正布尼亞病毒屬
- 辛布（Simbu）血清群
- 與施馬倫貝格病毒同一個種
- 近親：赤羽病毒

## 傳播途徑

- 主要由庫蠓叮咬傳播
- 動物之間不會直接傳染
- 可由母體傳給胎兒
- 尚無人傳人證據

## 動物症狀

- 牛：發燒、腹瀉、泌乳下降
- 流產與胎兒先天畸形
- 馬：神經症狀
- 也見於綿羊、山羊、羊駝

## 病毒來歷

| 1965 | 2015–16 | 2026 年 7 月 | 2026 年 10 月 |
|---|---|---|---|
| 奈及利亞 | 日本 | 歐洲 | 法國 |
| 首次自牛隻分離出病毒 | 小牛先天畸形群聚確認具致畸胎性 | 瑞士、德國、法國牛隻首次檢出 | 全球首例人類感染免疫低下病患死亡 |

**過去六十年只見於動物，2026 年 10 月出現全球首例人類感染**

# Shamonda 病毒擴散歐洲｜世衛組織傳播期間進行評估｜【跨境防疫】

| 全球首例人類感染死亡 | 英國牧場首次檢出 | 歐洲檢出動物感染 |
| --- | --- | --- |
| **1 例** | **2 處** | **14 個國家或地區** |
| 法國，2026 年 10 月 | 威爾斯、英格蘭，2026 年 11 月 | 資料日期：2026 年 10 月 22 日 |

## 歐洲動物疫情擴散

- 2026 年夏季首次在歐洲發現，7 月底於瑞士、德國南部與法國東部牛隻確認
- 至少 14 個國家或地區檢出動物感染，11 月 2 日英國本島首次檢出
- 主要感染牛隻，也見於馬、綿羊、山羊及羊駝
- 歐洲流行兩個變異型：Shamonda-Europe 1 與 Shamonda-Europe 2

## 公共衛生警訊

- 人類感染風險尚不明確，單一病例不足以評估一般人風險
- 人類感染途徑未確認，病媒傳播為合理假設但尚無證據
- 目前無疫苗也無特效藥，預防以減少蠓叮咬與牧場生物安全為主
- 世衛組織呼籲以 One Health 整合人類、動物及病媒監測

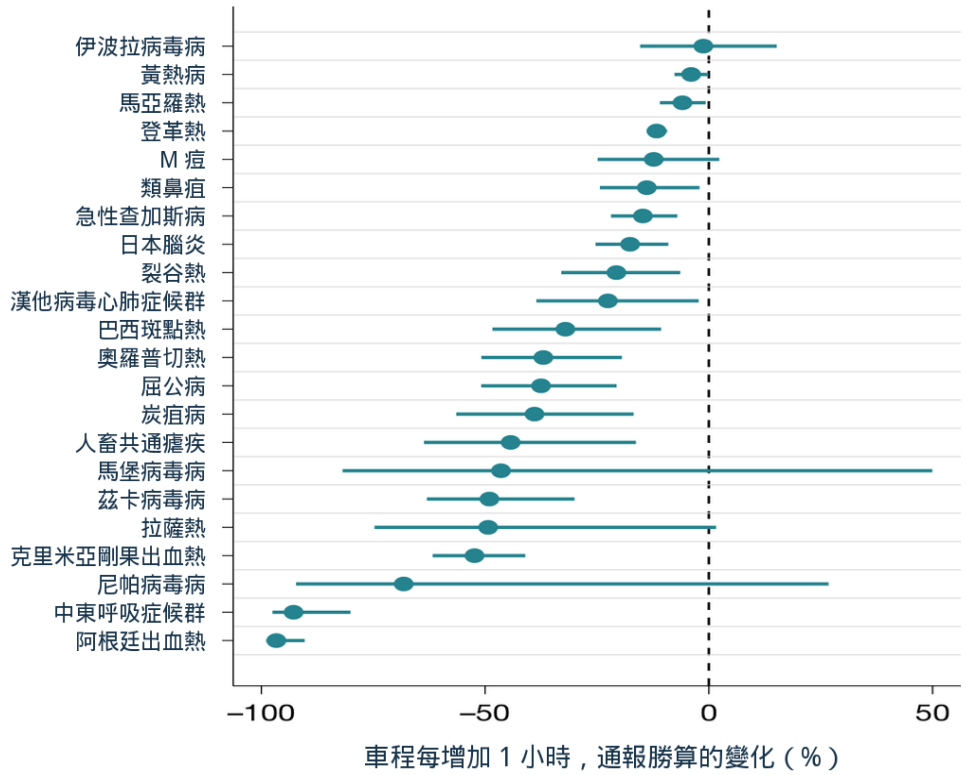
**人類感染途徑尚未確認，動物廣泛流行不等於人類風險升高**

# 醫療可近性與新興傳染病通報｜【防疫無界】

## 整合 32 種疾病、58,319 筆疫情紀錄，檢驗 16 項人為與環境因子

### 車程增加與疫情通報勝算的變化

22 種疾病的後驗平均值與 95% 可信區間




### 地景與風險

人、家畜與森林或破碎生態系交錯處，常有較高的模型估計風險

### 不同病種的風險因子

數種病媒傳染病共享相關因子，直接傳播的人畜共通病共通因子較少

### 方法

貝氏地理空間模型，整合 100 個子模型，納入空間效應及偵測共變數

**車程每增加 1 小時**
**通報勝算下降幅度中位數為 32%。**

*Gibb 等，Nature 658，2026*

## 評估地景與疫情風險時，需要把偵測與通報偏差納入模型

# 免疫健康臨床指標｜【免疫解碼】

### 心血管系統

**血壓**

可用來評估心血管風險

### 代謝系統

**血糖**

診斷糖尿病的關鍵依據

### 免疫系統

**?**

目前沒有對應的常規指標

## 臨床評估需求

免疫生物年齡可能與神經退化、癌症及死亡風險有關。

同齡者對感染或疫苗的反應也可能不同。

## 研究方向

2024 年已有機器學習整合多項測量，產出單一指標。

但仍限於研究階段，尚未成為常規檢查。

**先立規範**　免疫狀態會隨時間改變，不像基因固定，同意與防止歧視的標準必須先訂好

*Aerts HJWL 等 · Nature Comment · 2026*

**提議縱向追蹤免疫狀態，並驗證指標能否改善臨床決策**

# 風濕免疫疾病從長期壓制走向免疫重置｜【免疫重啟】

**免疫系統誤攻自己的關節，現有藥只能持續壓制，停藥多半復發**

類風濕性關節炎、乾癬性關節炎、
全身性紅斑狼瘡、全身性硬化症等




越往右，攔截的位置越接近病根

**現況**　許多患者停藥後復發，需要長期治療

**新方向**　部分難治患者已有停藥緩解訊號

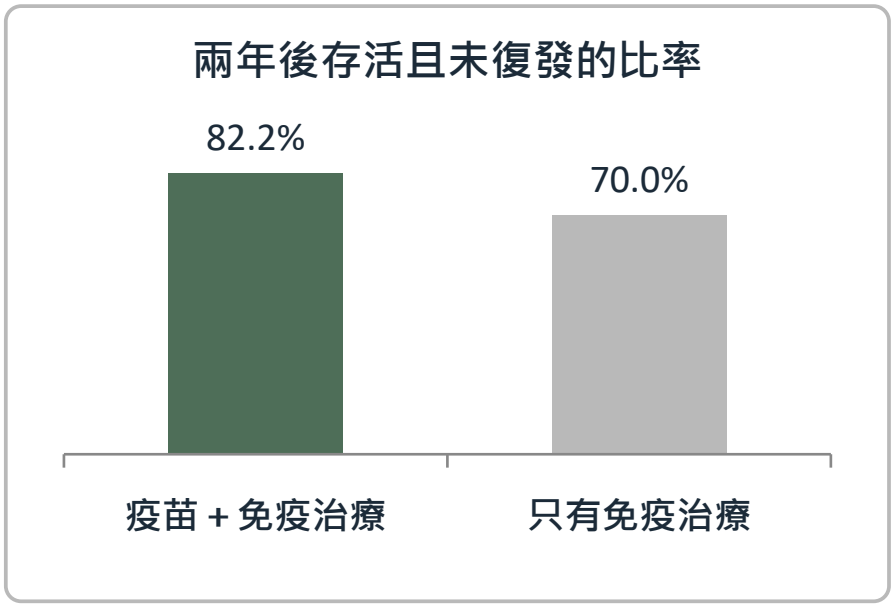
*Krönke G 等，Nature Review，2026*

**前三層都是壓制，免疫重置第一次讓停藥後緩解成為目標**

# 個人化mRNA 疫苗改善黑色素瘤預後｜【疫苗新篇】

## 依每位患者的腫瘤突變，製作專屬的新抗原 mRNA 疫苗

切除腫瘤 → 定序找出突變 → 選出最多 34 段新抗原 → 製成 mRNA 疫苗 → 約 6 週完成




### 試驗規模與成效

1,137 名已切除腫瘤且復發風險高的患者

兩組都用免疫檢查點抑制劑，其中一組加疫苗

兩年無復發存活率相差 12.2 個百分點

仍待釐清　整體存活效益，以及新抗原與 mRNA 載體各自的貢獻

*Kaiser J, Science News, 2026*

**第三期試驗顯示兩年無復發存活較佳，整體存活效益仍待追蹤**

# 人類早期胚胎鹼基編輯｜【基因新境】

## 兩項研究分別檢驗 NANOG 的發育功能與 PCSK9 編輯的安全性

### 核酸酶編輯



雙股斷裂可能造成大片缺失或染色體異常

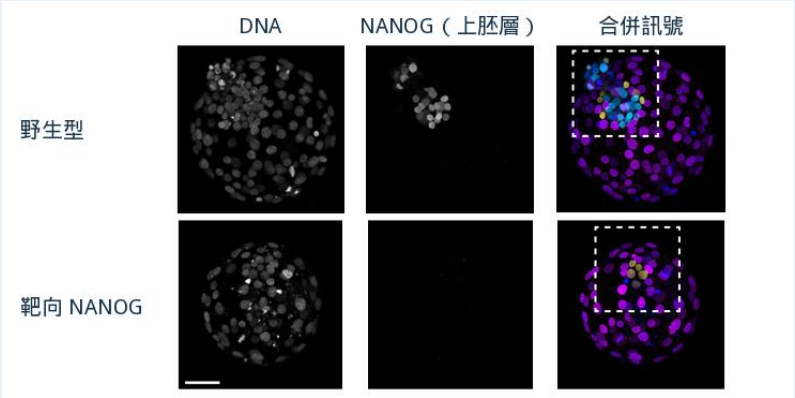
### 腺嘌呤鹼基編輯



改寫特定鹼基，通常不直接造成雙股斷裂

### 1 NANOG 與上胚層分化

干擾 NANOG 後，上胚層分化受損。




### 2 PCSK9 編輯與發育安全

受精時導入蛋白質編輯器，實驗胚胎可發育至囊胚期。

未檢出插入或缺失，但仍有少數染色體斷裂或異常。部分非目標編輯呈嵌合。

改用 mRNA 遞送時，較常出現胚胎發育停滯。

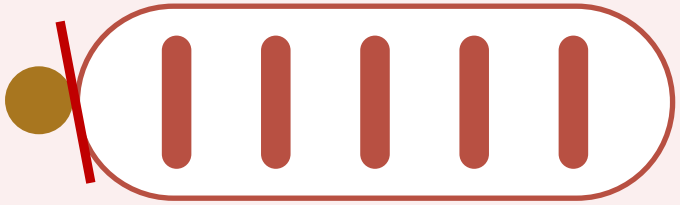
*Bower、Jerabek 等及 Khodeer、Pasque 評論，Nature 658，2026*

**鹼基編輯可用來研究胚胎基因功能，仍須評估染色體與發育風險**

# BD2 改善細胞模型粒線體功能｜【粒線曙光】

研究以小分子 BD2 活化粒線體還原壓力反應中的泛素連接酶

### 粒線體功能受損



FNIP1 阻礙粒線體蛋白輸入

**電子傳遞鏈功能受損**

BD2

### BD2 介入後



改善粒線體蛋白輸入與電子傳遞鏈功能

**提高疾病模型的神經元存活**

### BD2 的作用機制

BD2 使 BEX 蛋白離開 CUL2–FEM1B

促進 FNIP1 等多種天然受質降解

### 疾病模型與證據

Friedreich 共濟失調與 COX 缺乏的神經元模型均有改善。證據來自細胞實驗。

*Chandrasekhar S 等，Science，2026（Hegde RS 評論）*

**BD2 促進多種天然受質降解，並改善細胞模型中的粒線體功能**

# 迷幻藥物治療後期試驗進展｜【治療新途】

**2024　監管決策**

美國 FDA 未核准 MDMA 輔助治療 PTSD 的申請

**2025–26　研發進展**

FDA 定稿試驗指引，AbbVie 與 Eli Lilly 投資相關開發

**2026　後期試驗**

報導指出，LSD 類口服藥的後期試驗降低廣泛性焦慮症狀



## 候選療法的改良方向

- 縮短作用時間與監測時數
- 探索降低致幻強度的藥物
- 研究不致幻候選藥物

## 試驗設計與解讀限制

- 受試者常能猜出是否用到活性藥物
- 心理治療與藥物的效應難以拆分

*Peeples L, Nature News Feature, 2026*

**後期試驗出現療效訊號，致幻體驗對療效的貢獻仍待釐清**

# 青少年皮質發育與後續焦慮、憂鬱｜【青春心事】

空間分析

**皮質厚度與後續症狀的**

區域關聯

時間分析

**皮質厚度與後續症狀的**

年齡關聯

## 皮質變薄減速的時間因腦區而異

**感覺區**

如視覺皮質

**約 13 歲減速**

**其他區域**

減速時間

**依腦區而異**

**額葉區域**

涉及計畫與情緒調節

**約 16 歲減速**

約 9 歲時感覺皮質較厚，與約 13 歲的焦慮及憂鬱症狀相關。

部分額葉區域的相關性約在 11 歲出現。

*Clauss JA et al., bioRxiv 預印本，2026（Nature News 報導）*

**近 1.2 萬名兒童、約 3 萬次掃描，追蹤皮質變薄的時序**

# 精準精神醫學：個人化心理健康照護｜【精準護心



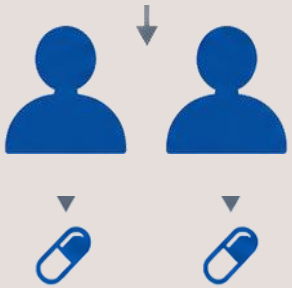
林家妤 講師

Adam, *Nature*, 2026

## 從症狀導向的診斷，走向以多元資料與 AI 支持的個人化治療

### 現況與挑戰

相同診斷
（如：憂鬱症）



**治療常需反覆嘗試**

- 主要依賴症狀與臨床病史進行診斷
- 診斷分類較廣、異質性高
- 治療反應因人而異，常需多次調整才能找到合適方案

### 精準精神醫學的核心架構

**數位表型**
- 睡眠、活動、語音、位置等日常行為與生理資料

**遺傳生物標記**
- 基因變異、多基因風險評分

**腦部影像**
- MRI、fMRI、腦部功能與神經連結

**臨床與社會環境資料**
- 症狀評估、病史、共病，及社經、文化與環境因素




AI 整合多元資料&
預測個別治療反應

個人化
治療選擇

### 潛在臨床價值

- 依個人特徵匹配治療
- 超越廣泛診斷分類
- 有改善治療結果的潛力

### 目前的限制

**臨床驗證不足**
- 生物標記與 AI 模型的臨床效益仍需證實

**可重現性待提升**
- 資料來源及分析方法不一致

**隱私與情境考量**
- 敏感個資、社會與環境因素

# AI 精準
# 睡眠健康

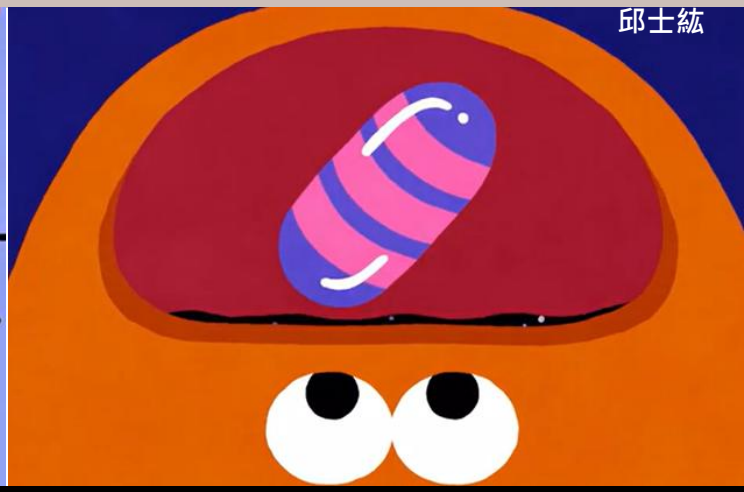
# Headspace Guide to Sleep 睡眠指南｜【安睡有方】



邱士紘







安眠藥在短期急救或極度焦慮時確實能發揮作用



安眠藥引導出的睡眠，與人類自然發生的深層睡眠和快速動眼期（REM）並不完全相同







透過心理調適與習慣重建，找回大腦自發入睡的能力

# 睡得著，不等於睡得好｜【好眠有道】



李朝雄 醫師



張榮珍 教授

## ① 先分清楚失眠類型

- 原發性失眠：以睡眠問題本身為主
- 共病性失眠：常伴隨焦慮、憂鬱、疼痛或其他疾病
- 原因不同，治療與用藥也不同




## ② 睡眠不只是開機、關機

- 睡眠牽涉睡著與醒來的轉換
- 也和生物時鐘、睡眠節律有關
- 目標是：晚上能睡，白天能清醒生活




## ③ 安眠藥不是越強越好

- 快速入睡，不等於睡眠真的恢復正常
- 只靠強力鎮定，未必能調整節律
- 部分藥物可能伴隨夜間起床、夢遊樣行為




## ④ 選藥要配合睡眠機制

- 治療不只是把人弄睡
- 睡醒轉換型問題 → 處理入睡需求
- 生物時鐘失調 → 更重視節律調整
- 醫師會依共病、年齡與個人狀況評估




**好的失眠治療，不是藥效越強越好，而是讓睡眠更接近自然的生理節律。**

# 智慧手錶說你睡不好，別急著焦慮｜【數據迷思



李朝雄 醫師



張榮珍 教授

## ① 數字不等於診斷

深睡時間、睡眠分數
可作為參考，
但不能單靠一個
數字判定失眠。




- ✓ 深睡時間
- ✓ 睡眠分數
- ✗ 不能直接診斷失眠



## ② 監測的目的，是改變後續處置

若知道結果後
沒有改變治療方式，
監測的實際價值
就有限。




## ③ 有些睡不好不是單純失眠

肥胖、呼吸道問題或
夜間缺氧，可能與
「睡眠呼吸中止症」
有關。



肥胖



呼吸道問題
(如鼻塞)




夜間缺氧



## ④ 真有疑慮，可進一步做睡眠檢查

正式睡眠中心能更完整觀察
睡眠週期、呼吸與生理狀態，
找出真正的問題。



**可觀察的項目**

- 睡眠週期
  (淺睡／深睡／REM)
- 呼吸狀況
  (是否有中止)
- 生理指標
  (血氧、心率等)



**不要被睡眠分數綁架；真正重要的是白天的精神與是否存在需要治療的問題。**



# 睡眠基礎模型預測未來疾病｜【睡眠預知】

## 多模態睡眠資料

多項睡眠生理檢查
(polysomnography, PSG)




LOO 對比學習
(Leave-one-out)

PheWAS 式全疾病評估

**SleepFM**
睡眠基礎模型

預測

- 神經：失智 巴金森
- 心血管：心衰竭 中風
- 腎臟：慢性腎臟病
- 全死因死亡

# AI 睡眠腦波預測額外健康訊號｜【腦波識疾】

## 整晚睡眠腦波



**11,261**
**晚睡眠紀錄**
預訓練資料庫

## 兩種學習方式

### 五階段監督學習
依人工分期標註訓練

### 自我監督學習
從腦波本身學習



以淺睡第二期（N2）為例

## 健康相關線索



年齡



肥胖



睡眠呼吸中止

**加入腦波細分型態後，三項健康特徵的辨識力提升**
臨床應用仍需前瞻驗證



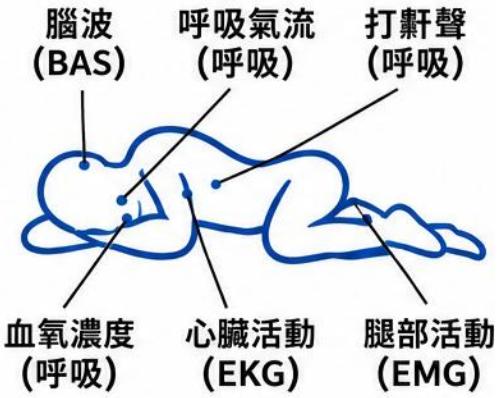
# 睡眠基礎模型預測未來疾病

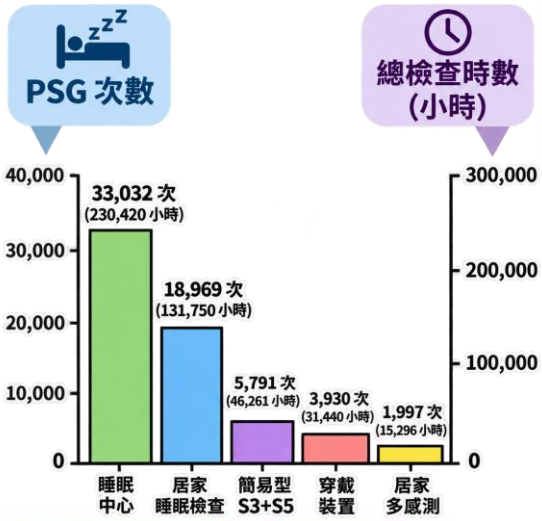
# 多導程睡眠檢查 PSG 與多模態睡眠訊號



嚴明芳教授

大量且不同世代資料
- 超過 65,000 名參與者
- 超過 585,000 小時




**BAS 腦波**
EEG + EOG

**EKG 心電圖**
心臟活動

**EMG 肌電圖**
腿部活動

**呼吸**
呼吸氣流與
血氧濃度

**睡眠訊號可反映多種睡眠相關事件：**
睡眠分期、呼吸中止、打鼾聲、腿部活動與心血管反應等。

**基礎模型 (Foundation Model) 架構**
大量未標註的睡眠資料進行預訓練，
學習多模態的通用表徵。

自監督式學習
(self-supervised learning)

1. 通道不限基礎模型
2. LOO 對比學習
3. PheWAS 式全疾病評估
4. 遷移學習與標準任務

➔ 睡眠訊號預測疾病發生

*Thapa et al. Nat Med 2026;32:752-762*

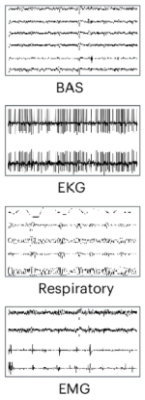
# 睡眠基礎模型深度學習預訓練與微調｜【深度學眠】



嚴明芳教授

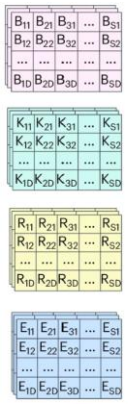
## 模型架構：預訓練

腦波 (BAS)
心電圖 (EKG)
呼吸訊號
肌電圖 (EMG)



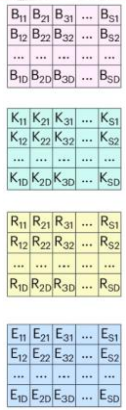

一維卷積編碼器

通道特定嵌入向量 (C × S × D)



通道池化式 Transformer 區塊

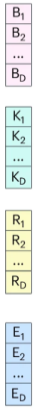
通道池化後嵌入向量 (S × D)



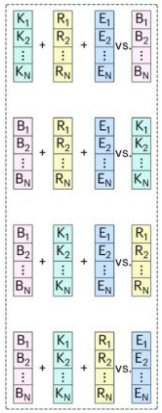
時間 Transformer 區塊

時間池化式 Transformer 區塊

模態嵌入向量 (D)



留一法對比學習 (CL)



**1D CNN**
擷取時域訊號特徵

**通道池化**
整合通道內的時序資訊

**時間 Transformer**
建模長期依賴

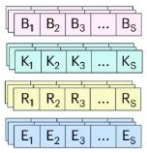
**時間池化**
獲得模態向量

四種模態來自同一位受試者，並以 **Leave-one-out (留一法) 對比學習**進行預訓練。

## 微調：凍結嵌入 + 輕量預測頭

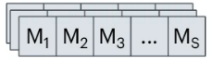
模態嵌入向量

腦波 (BAS)
心電圖 (EKG)
呼吸訊號
肌電圖 (EMG)



模態池化區塊

個體層級嵌入向量



長短記憶網路 (LSTM)

年齡 + 性別

全連接層

**任務**
- 睡眠分類
- 睡眠呼吸中止診斷
- 疾病預測

**嵌入凍結**
固定預訓練的特徵
(4 × 6,480 × 128)

**模態池化**
整合模態表徵
(6,480 × 128)

**LSTM 時序模型**
擷取長期時間依賴
(Hidden: 64)

**加入個體特徵**
年齡與性別
(2 維)

**輸出任務**
睡眠分類、呼吸中止
與疾病預測

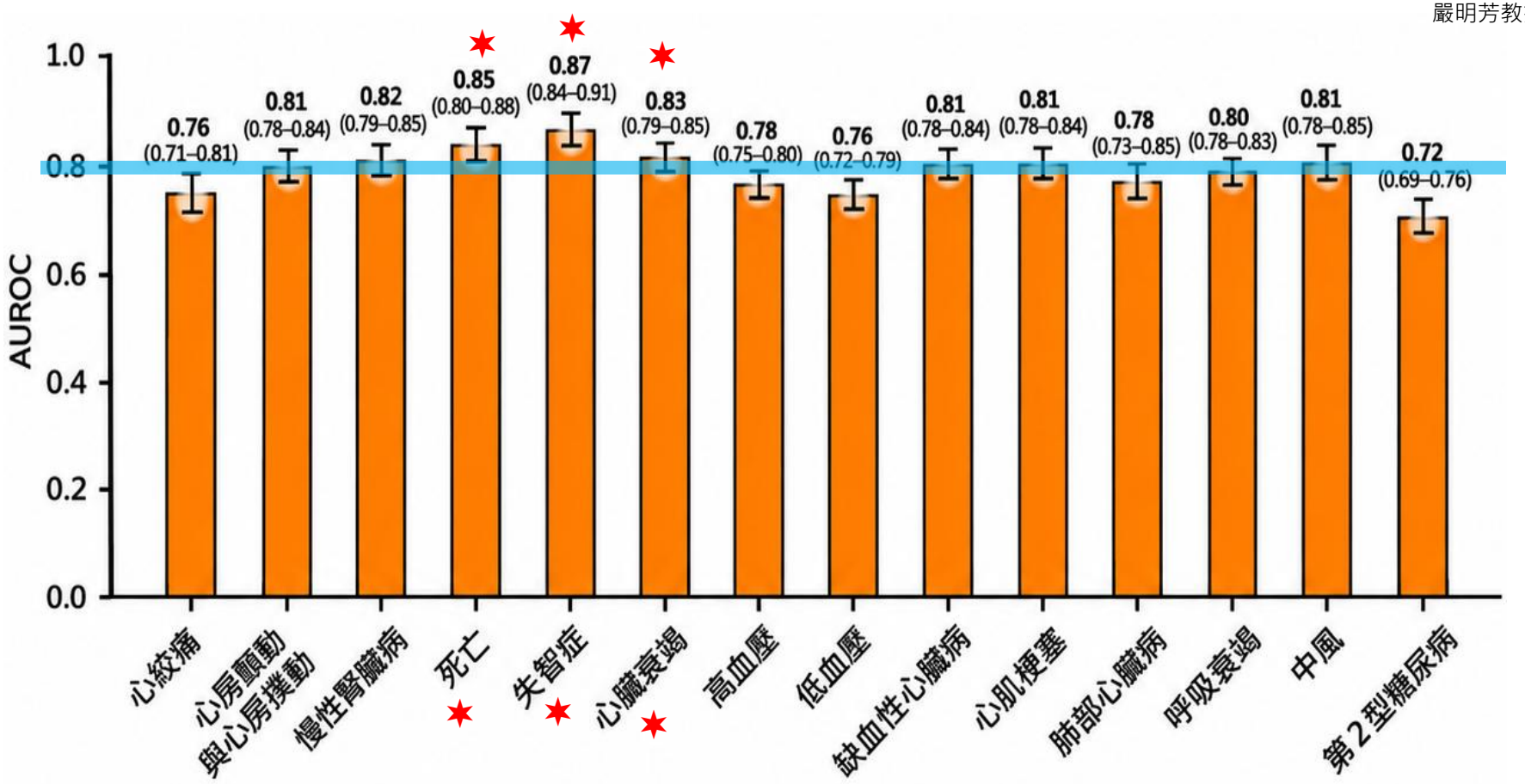
預訓練**一次**，下游任務可透過輕量微調（只訓練少量參數）達成**多種睡眠相關預測**。

*Thapa et al. Nat Med 2026;32:752-762*

# 多種臨床重要疾病具高預測力｜【預測先機】



嚴明芳教授




- 利用史丹佛睡眠門診約 5000 人一夜 PSG 資料，預測檢查後 6 年內新發疾病風險
- 14 種臨床重要疾病 AUROC 介於 0.72 至 0.87，其中失智症 0.87、死亡 0.85、心臟衰竭 0.83 最佳，
- 一夜睡眠訊號可提早辨識未來多種疾病高風險族群。

*Thapa et al. Nat Med 2026;32:752-762*

# 時間/場域外推驗證｜【跨域驗證】



嚴明芳教授

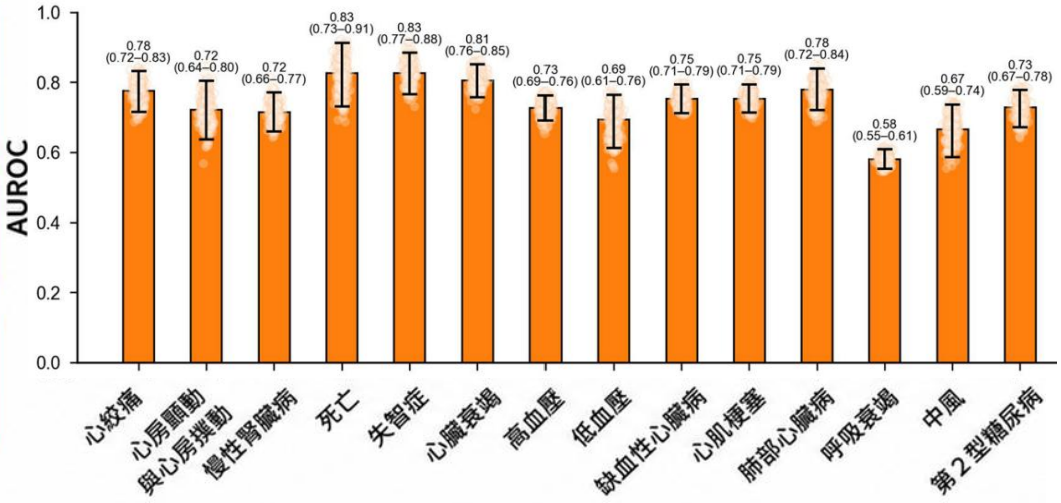
## 時間外推驗證　訓練 2020 年前 → 測試 2020 年後




**0.83** 死亡 AUROC

**0.81** 心臟衰竭 AUROC

**0.83** 失智症 AUROC



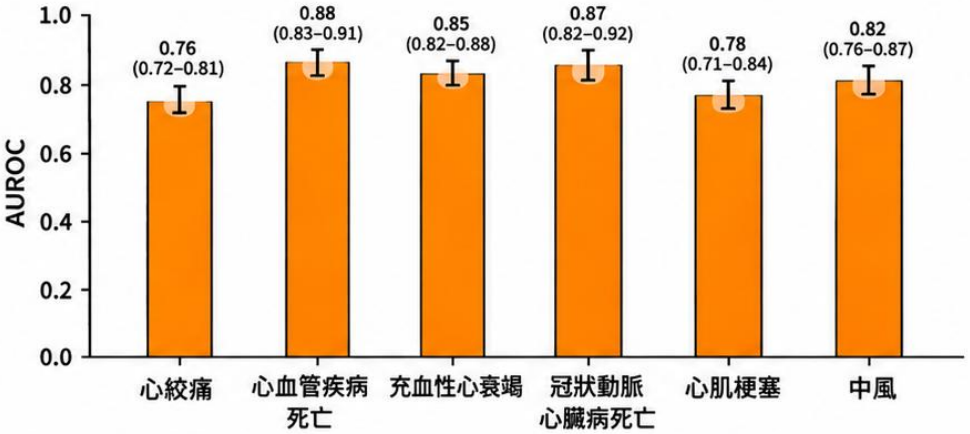

## 跨站遷移：睡眠心臟健康研究外部世代




**0.88** 心血管死亡 AUROC

**0.85** 充血性心衰竭

**0.82** 中風 AUROC




*Thapa et al. Nat Med 2026;32:752-762*



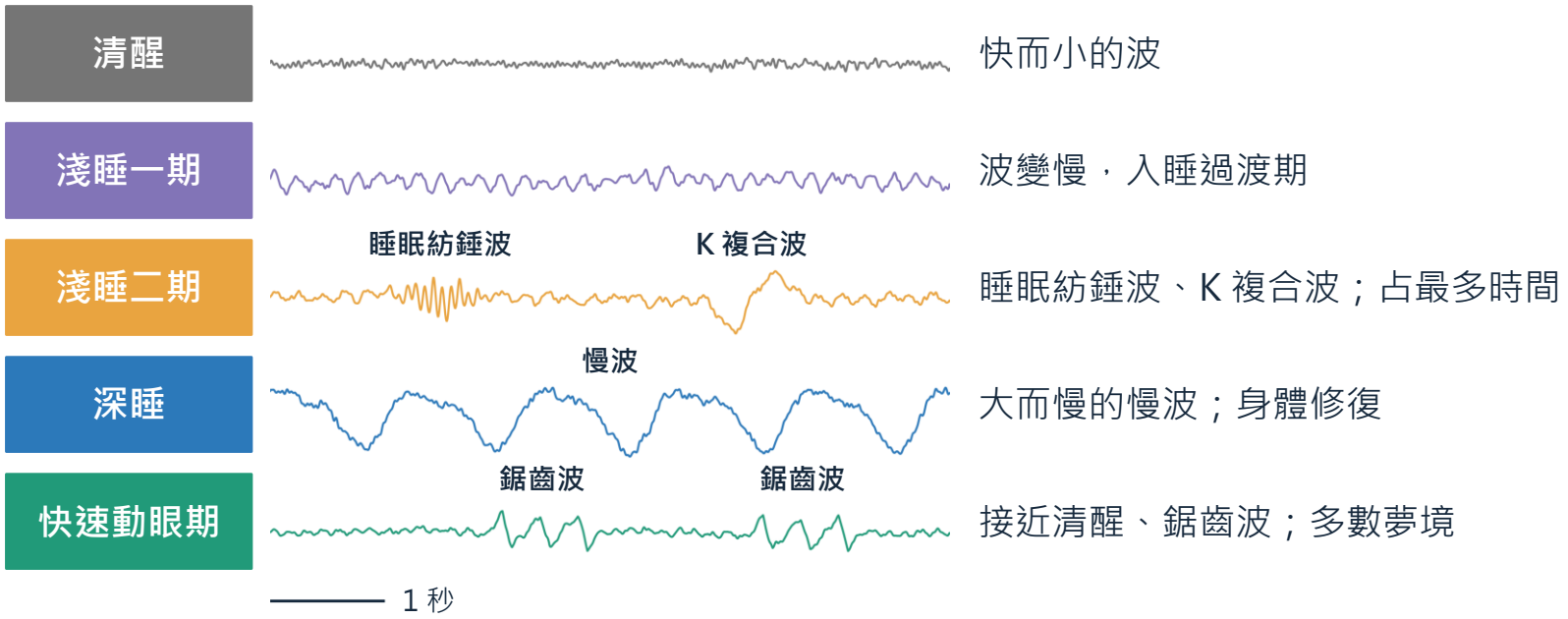
# AI 睡眠腦波預測健康訊號

# 傳統五階段睡眠分期 ｜【分期侷限】



林庭瑀

## 技師每 30 秒判讀一段腦波，同一期內的差異被抹平




整晚約 960 段 → 每段 1 個標籤 → **只剩各期比例**

報告結果（健康成人大約比例）




**示意：報告比例相同的兩個人**




**比例一樣、健康不同 → 差異藏在腦波細節裡**

**關鍵：被分期捨棄的細節中，可能含有健康資訊**

# AI 腦波模型｜【雙模較量】



林庭瑀

不是教 AI 分期，而是找出分期之後被捨棄的資訊

研究目的：檢驗 AI 直接從腦波學到的資訊，是否超出五階段分期

| 睡眠紀錄 | 受試者 | 只用 |
| --- | --- | --- |
| 11,261 晚 | 7,201 人 | 1 條腦波 |

## AI 自學模型（自我監督）

- 不給技師的分期答案
- 腦波先自動分成數百種型態
- 遮住一段腦波，讓 AI 猜是哪一種

## AI 分期模型（對照組）

- 以技師判讀的五期當答案
- 學會分辨五期
- 代表傳統報告能提供的資訊

**若 AI 甲讀出的健康線索明顯較多 → 代表這些線索被分期遺漏**

| ① 能辨識什麼 | ② 比分期多了什麼 | ③ 多出來的在哪 |
| --- | --- | --- |

**唯一差別：學 5 種分期，還是學腦波自身的數百種型態**

# AI 腦波模型辨識度｜【一夜知健】

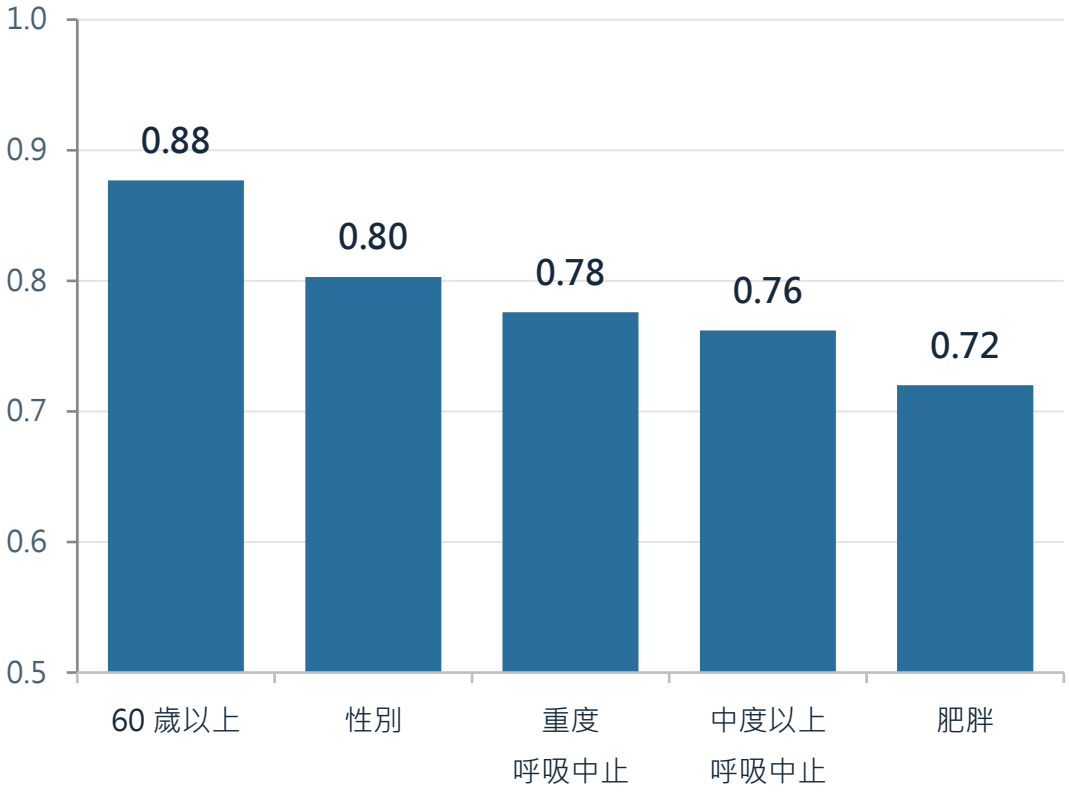


林庭瑀

## 先確認：只用一晚腦波，能辨識出哪些健康特徵

① 能辨識什麼　② 比分期多了什麼　③ 多出來的在哪、是否有用

### 自學模型的辨識力（曲線下面積）




### 怎麼看這個分數

1.0：完全分得開
0.5：等於亂猜
0.7–0.8：中等
**0.8 以上：良好**

### 辨識年齡與性別→驗證

答案確定，適合當檢驗題
腦波本就隨年齡、性別改變
**辨識得出 = 讀到真實生理訊號**

**一晚腦波確實含有年齡、呼吸中止與肥胖的線索**

# AI 讀腦波得到訊息更充足｜【資訊加值】



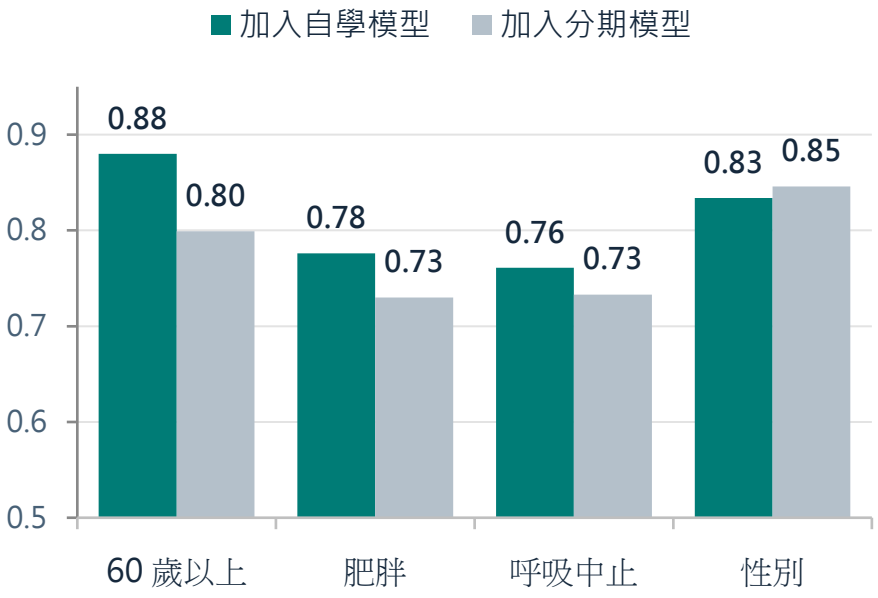
林庭瑀

## 先扣除分期比例、腦波頻譜與背景資料已提供的資訊

① 能辨識什麼　**② 比分期多了什麼**　③ 多出來的在哪、是否有用

### 比較一｜扣除傳統資訊後的辨識力

兩組都先放入：背景資料 + 分期比例 + 腦波頻譜
再分別加入自學模型或分期模型的分數

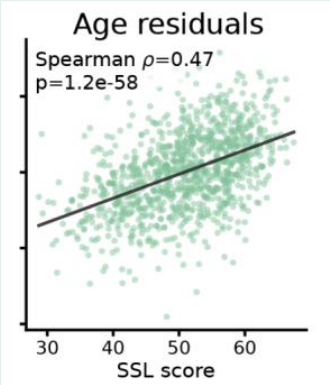



**年齡、肥胖：自學顯著較佳｜呼吸中止、性別：不顯著**

### 比較二｜剩餘年齡分析

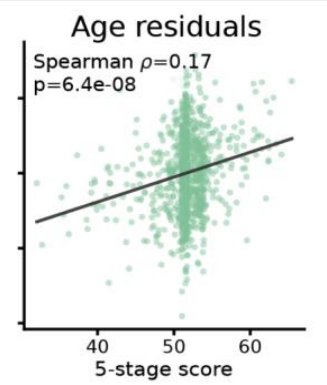
① 用傳統資訊預測年齡
② 剩餘年齡 = 實際年齡 − 預測年齡
③ 看模型分數與剩餘年齡的相關
例：都猜 50 歲，實際 40 與 60 歲

**自學模型**




**相關 0.47**
往右上：抓得到

**分期模型**




**相關 0.17**
直柱狀：抓不到

## 分期模型抓不到的年齡與肥胖訊號，自學模型抓得到

# AI 同一分期內之不同型態 ｜【腦波細觀】



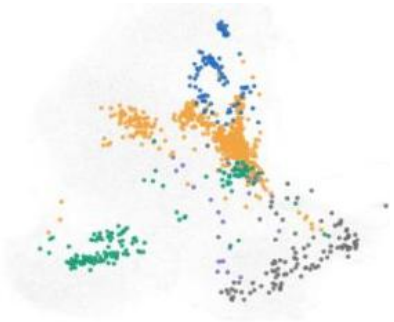
林庭瑀

## 以腦波地圖與分群計數，找出多出來的資訊在哪裡

① 能辨識什麼　② 比分期多了什麼　**③ 多出來的在哪、是否有用**

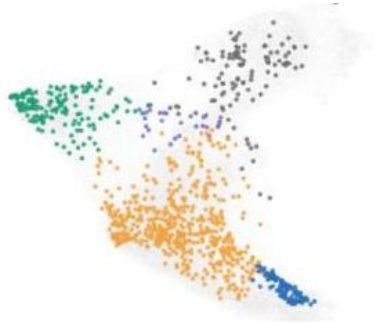
**腦波地圖怎麼看：每點 = 一段 30 秒腦波 | 越近 = AI 認為越相似 | 顏色 = 技師分期**

### 自學模型



同色分成好幾團
→ 能區分同一期內的型態

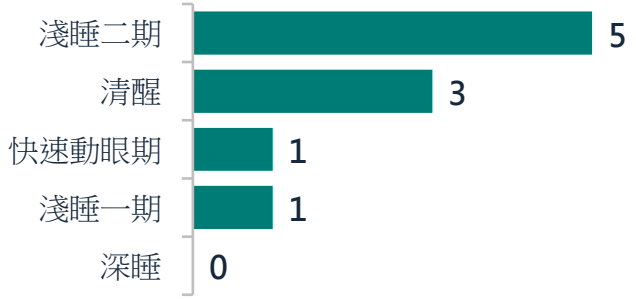
### 分期模型



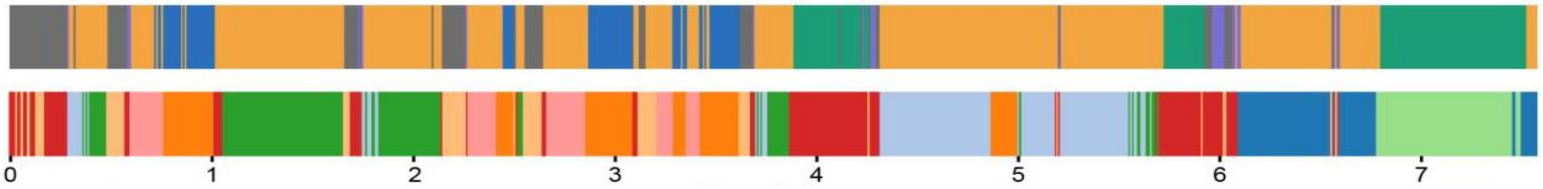
每色各聚一大片
→ 只學到五期

### 分群計數：每人一晚分出幾群（中位數）

| 自學模型 | 分期模型 |
|---|---|
| 11 種 | 5 種 |




### 同一晚時間軸




**自學模型把同一期再細分，集中在淺睡二期與清醒**

# 淺睡二期內型態與睡眠呼吸中止關聯 ｜【呼吸關聯】



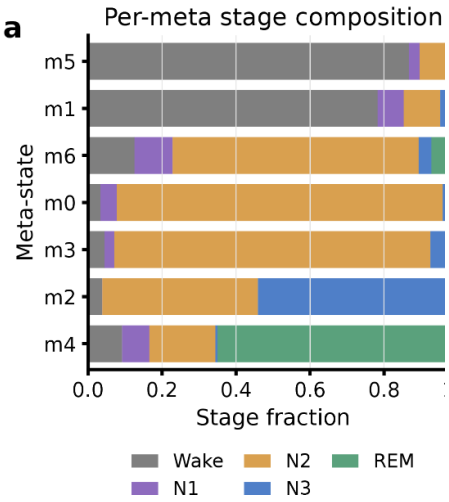
林庭瑀

## 整理成 7 種共通類型後，檢驗其與疾病的關聯及預測加值

① 能辨識什麼　② 比分期多了什麼　**③ 多出來的在哪、是否有用**

### 共通類型與睡眠呼吸中止

每人各自分群，編號不通用（如各班自訂組別）
→ 再歸成全體共通的 7 類，才能跨人比較



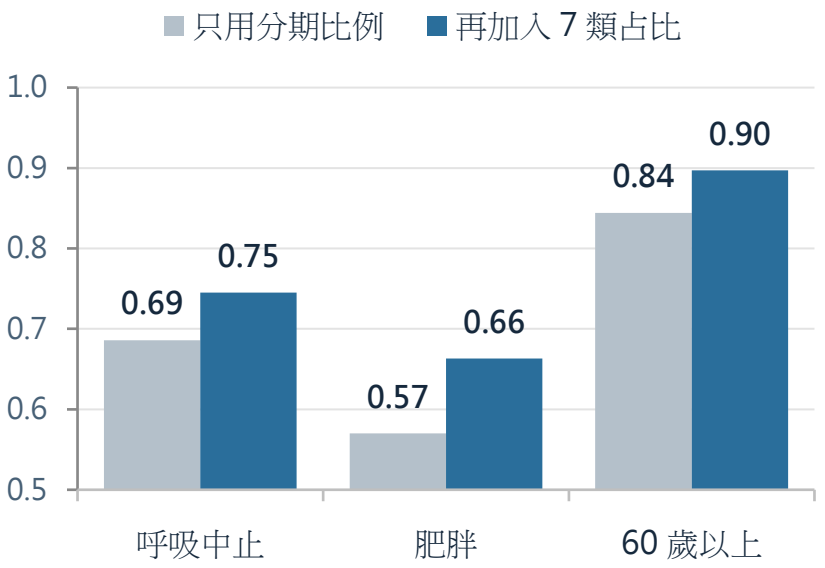

**m6 +0.325**
呼吸中止越重越多

**m0 −0.184**
呼吸中止越重越少

**m3 −0.184**
呼吸中止越重越少

**m6、m0、m3 技師都判為淺睡二期**
**合併成同一期 → 方向相反的訊號互相抵消**

### 加入 7 類占比後的辨識力




**提升：肥胖 +0.09、呼吸中止 +0.06、年齡 +0.05**
性別幾乎不變；重做 10 次皆有提升
**拿掉淺睡二期類型 → 提升明顯縮小**

**同屬淺睡二期的型態方向相反；加入後可提升辨識力**
















# 健康智慧生活圈

https://www.realscience.top