

健康智慧生活圈線上直播

國際及台灣疫情監視/健康科學新知

專題: 精準健康微生物群 (IV)

陳秀熙 教授

2025-09-24 37週



資訊連結:

<https://www.realscience.top>

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 09/18-09/24 (W37)

- 國際及台灣疫情監視
- 健康科學新知
- 精準腸道健康微生物群
- 可解釋AI腸菌相分析
- 大型語言模型AI腸菌相分析

國際及台灣 疫情監視

西澳州政府發布麻疹警示

- 昆士蘭 Cairns：自 8 月 1 日以來已確認至少 9 例麻疹個案，其中多數與**境外旅遊** (巴里島返澳)有關。
- 昆士蘭 Gold Coast：近期新增確診個案，官方公布多個潛在暴露地點(健身房、超市、電影院、醫院急診室)，顯示出現**本土暴露**。
- 來源：目前確診個案多為境外移入，但因暴露地點廣泛，**已有社區傳播風險**。
- 重症與死亡：目前並無死亡或需長期住院的重症案例通報。

麻疹高度傳染，病人可在出疹前約 5 天就具傳染力。
可造成嚴重併發症，對 5 歲以下兒童與慢性病患者威脅最大

面向	措施	單位/地點
疫苗	檢查兩劑，未完整可補種	各州衛生單位；昆士蘭臨時診所
社區	公布暴露地點，提醒民眾自我監測	昆士蘭、西澳衛生廳
就醫	有症狀先電話通知再就醫	當地醫療機構
旅遊	出國前確認接種，返國注意症狀	衛生單位、旅醫門診

Health alert



美國加州麻疹致命腦部併發症個案

項目	內容
疾病名稱	Subacute Sclerosing Panencephalitis (SSPE) – 一種麻疹病毒多年潛伏後引發的大腦退化性疾病
個案情況	學齡兒童，在嬰兒期感染麻疹（當時尚未到可接種疫苗年齡），初期康復，但數年後發展 SSPE ，最後死亡。
潛伏期 & 路程	通常在初次感染麻疹後 2–10 年 出現症狀。
死亡時間	在被診斷為 SSPE 後，通常 1–3 年 內死亡。
疾病風險率	- 對所有麻疹患者，約 1 / 10,000 患 SSPE。 - 若在嬰幼兒期感染（未達疫苗接種年齡），風險提高至約 1 / 600。
無治療、無治癒	SSPE 被視為無法治癒 / 根治的疾病，治療主要是支持性的。

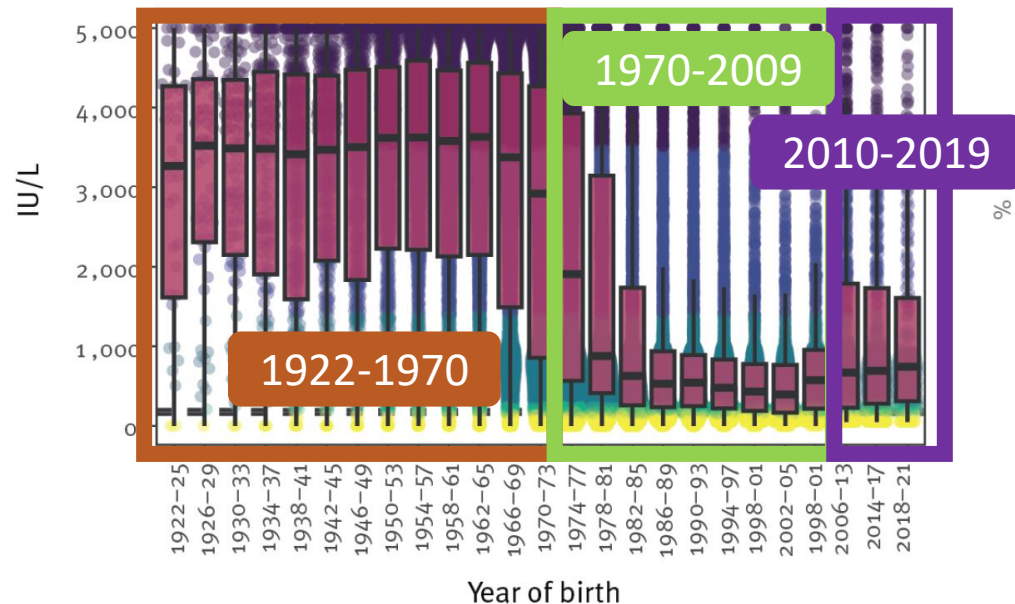


奧地利麻疹血清盛行率調查

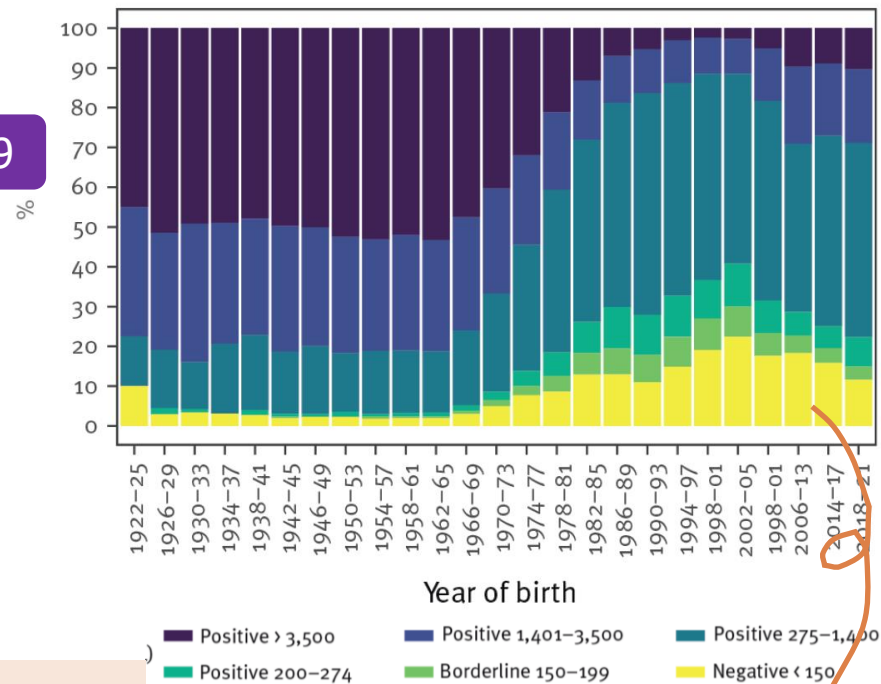
EuroSurveillance, 2025

不同出生年 (1922–2024) 麻疹 IgG 抗體濃度與血清陽性/陰性率

IgG 抗體濃度 (IU/L) 分布



血清陰性率/陽性率百分比



- 1970 年前出生 → 普遍自然感染麻疹
- 1990 年後出生 → 抗體濃度較低，部分完全沒有免疫
- 「靠疫苗獲得免疫的世代」中，存在明顯免疫缺口
- 疫情前後 (2016–2019 vs. 2020–2022 出生) 幼兒血清陰性率沒有差異
- 嬰兒母體抗體在 3 個月左右就幾乎消失，但常規疫苗接種要等到 9 個月。出現 3–9 個月的免疫空窗期

陰性

1970 年前出生者 → 約 2%。
1980–1989 出生者 → 約 12%。
1990–1999 出生者 → 約 13%。
2000–2009 出生者 → 約 20%。
2010–2020 後 → 約 16–17%。

2025年全球登革熱疫情



歐洲

馬德拉：首見 2 例本土病例，蚊媒驗出病毒。

法屬加勒比：低度至局部流行，以 **DENV-3** 為主。

法屬圭亞那：累計 246 例，近期為 **DENV-2**。

馬約特、留尼汪：病例數低，疫情穩定。

美洲

累計 >350 萬例，比 2024 同期降 69%，
仍高於 5 年均值，各型別都有流行。

西太平洋

寮國 4,712 例/1 死；越南 28,787 例/5 死；
新加坡 2,963 例；中國 1,257 例(較去年同期翻
倍)。

東地中海

阿富汗 595 例疑似，自 4 月以來增加。

非洲

累計 >9,800 例、20 死，
分布於 10 國

東南亞

孟加拉病例持續上升；印度部分地區下降；
泰國、斯里蘭卡、尼泊爾、馬爾地夫仍有疫情。

EU outermost regions reporting
cases and not visible in the main
map extent

- Guadeloupe and Saint Martin
- French Guiana
- Martinique
- Mayotte

Notification rate per 100 000 persons



登革熱全球化：疫情已從熱帶延伸至亞熱帶甚至歐洲，顯示氣候變遷與蚊媒分布擴張
血清型多元流行：多國同時有不同型別，增加二次感染 → 重症風險

廣東省屈公病境內本土疫情傳播

- 地點：中國廣東省江門市
- 病例數：截至 9 月 19 日，累計 1,714 例屈公病 (Chikungunya fever)
- 8月單週病例通報數趨緩，近期有回溫跡象 (8/31-9/6: 178例；最新一波:201例)
- 病例情況：目前全部為 輕症，未出現重症或死亡
- 疫情來源：疾病由 伊蚊 (Aedes mosquito) 傳播，屬於 境內本土疫情
- 官方措施：江門市政府已於 9 月 19 日啟動 三級公共衛生應急響應

面向	措施	單位/地點
疫情應對	啟動三級公共衛生應急響應	江門市政府
防蚊	加強病媒蚊監測、清除積水	當地衛生單位
健康宣導	民眾注意防蚊，出現發燒、皮疹、關節痛應就醫	當地醫院、社區

日本蜱蟲流行威脅

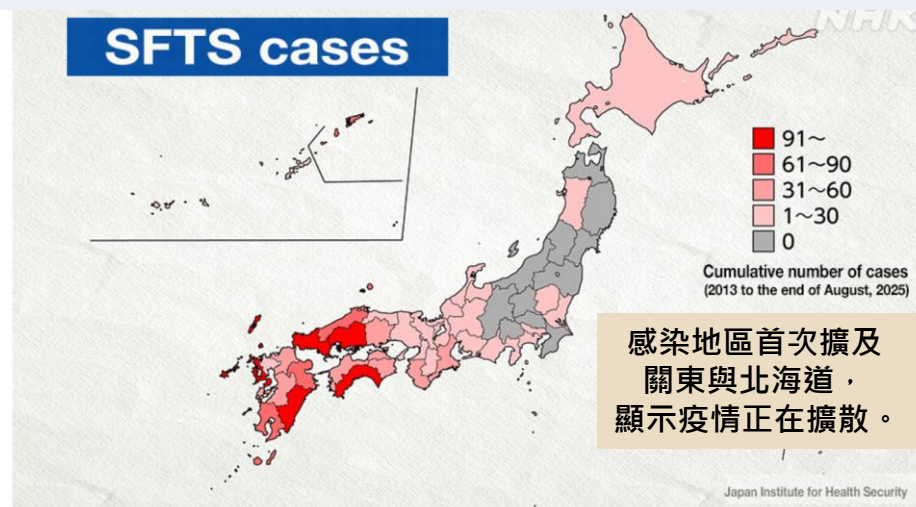
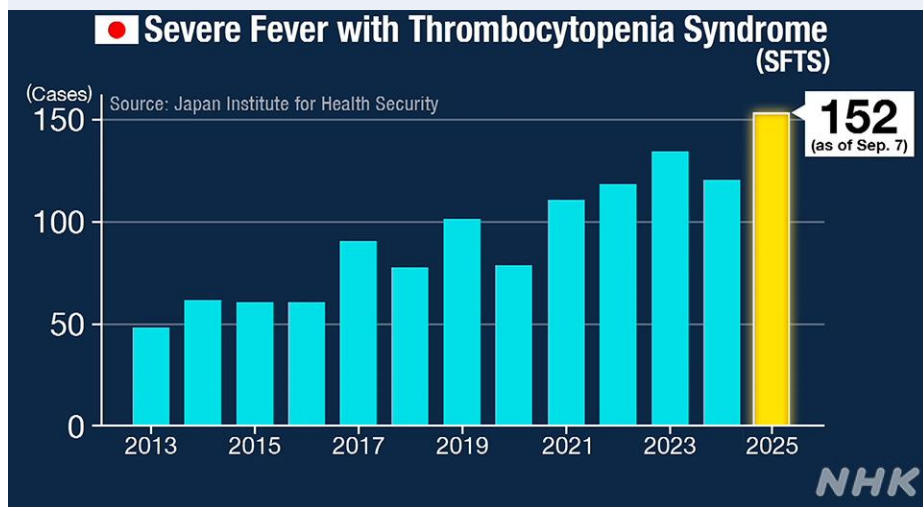
2025 年確診 152 例，是 2013 年日本首次出現以來的最高紀錄

首次出現在 **關東地區（含東京）與北海道**，顯示擴散範圍北移

臨床情況：嚴重病例會出現血小板下降 → 出血、意識障礙，致死率約 **10–30%**。

傳人風險：已有醫師因照護患者而感染，提示近距離接觸體液存在風險。

動物疫情：2017 至 2025 年 6 月，日本已有 **1113 隻貓、76 隻狗** 感染，其中 **貓死亡率 60%、狗 40%**。寵物可能將病毒傳給人（透過咬、抓傷或接觸體液）。



面向

措施

民眾防蚊蟲

避免前往草叢、山區；若被蜱叮咬，不要自行拔除，應就醫處理

健康監測

潛伏期約 2 週，出現發燒或不適應立即就醫

剛果第16波伊波拉疫情持續升溫

地點：剛果民主共和國南部 Kasai 省 Bulape 地區

疫情啟動：2025 年 9 月 5 日宣布新一波伊波拉疫情 (自 1976 年發現以來第16次)

病原體：Zaire 種 (歷史上最致命株)

疫情擴散：已從 2 個地區擴散至 4 個地區

WHO 2025/9/19 報告

確診病例：38 例

死亡：31 人 (致死率 $\approx 82\%$)

接觸者追蹤： > 900 人

疫苗接種： > 500 名醫護與接觸者已接種



WHO + 衛生部 + 國際合作夥伴 → 已派遣前線小組到 Kasai

強化疫情監測
(病例偵測與通報)

設立治療中心
(安全收治感染者)

提供防護裝備 (PPE)

培訓醫護
與前線人員

安全與有尊嚴的安葬
(避免傳染擴散)

社區動員：推廣早期通報與預防措施

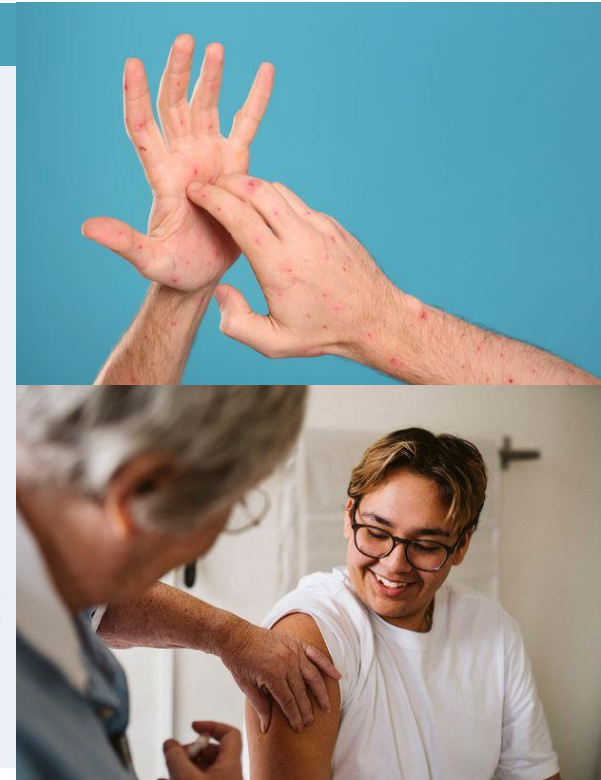
物資投入：WHO 已運送 14 噸緊急醫療物資
(PPE、檢驗設備、醫療用品)

英國M痘疫情威脅

截至 2025/9/11

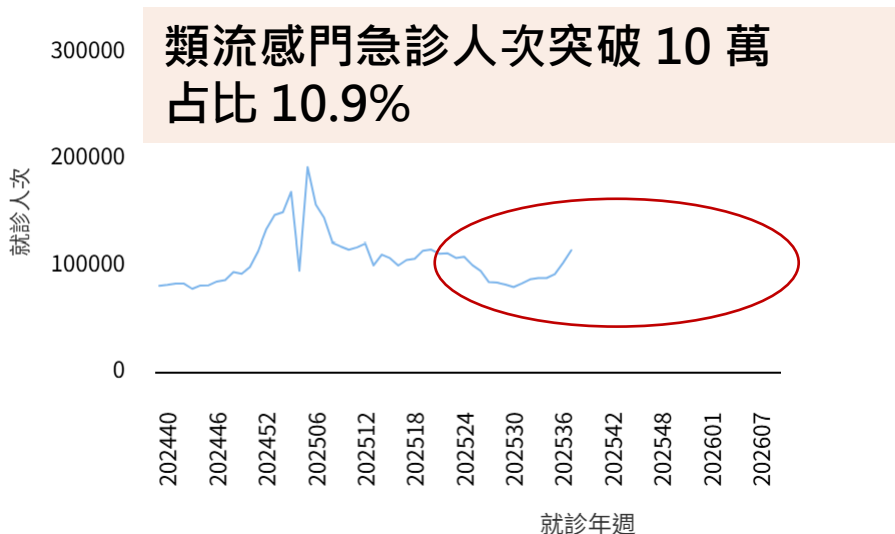
- 英國共 **16 例 Clade Ib mpox** (全在英格蘭)
- 大多病例與 **前往中非、東非旅遊或接觸史** 有關
- 這株 **Clade Ib** 傳染性比 2022 年流行的 **Clade IIb** 更高
- 2023–2025 年間，英國總共確診 **589 例 Clade IIb**，數量遠低於 2022 年大流行，主要因為 **疫苗接種率高**

防治面向	主要措施
疫苗接種	NHS 提供 mpox 疫苗 ，優先給予高風險族群 (包括與確診者密切接觸者、部分高風險社群)
醫療建議	若有症狀 + 曾去中/東非，應 立即撥打 NHS 111 大部分患者可在 4 週內康復 ，以支持性治療為主
個人防護	經常洗手 (肥皂或酒精乾洗手) 出現症狀時暫停性接觸，直到醫師確認無傳染風險 不共用床單、毛巾
社區防控	提高公眾警覺，提醒 性活躍族群特別注意症狀 ； 鼓勵與性伴侶討論健康狀況；回國後 3 週內留意症狀
國際旅遊建議	避免接觸野生動物或野味； 避免接觸看似不健康或死亡動物

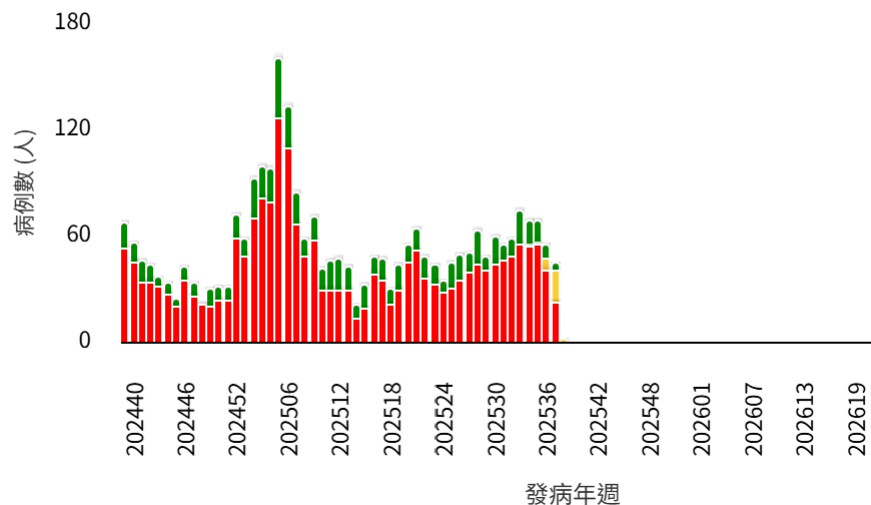


台灣提早進入流感流行期

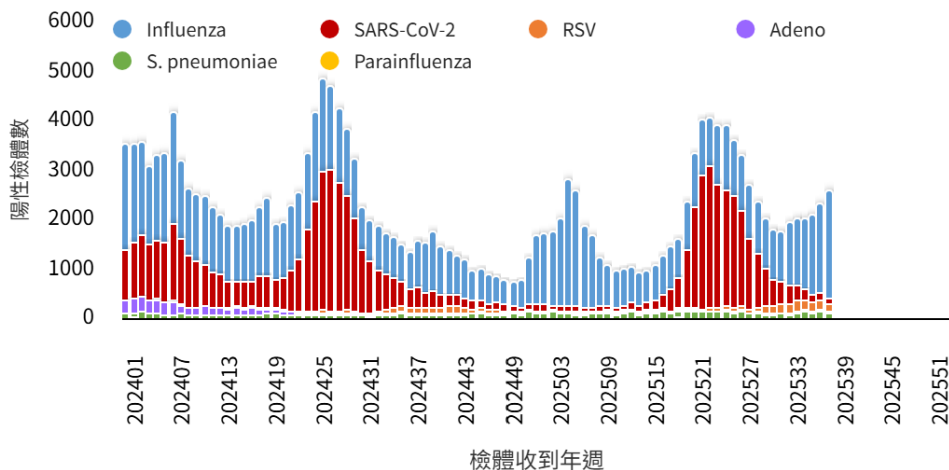
全國近兩年類流感門急診就診人次趨勢圖



全國流感併發重症本土及境外移入病例趨勢圖



實驗室傳染病自動通報系統 (LARS) 每週重點呼吸道病原體陽性檢體數趨勢圖



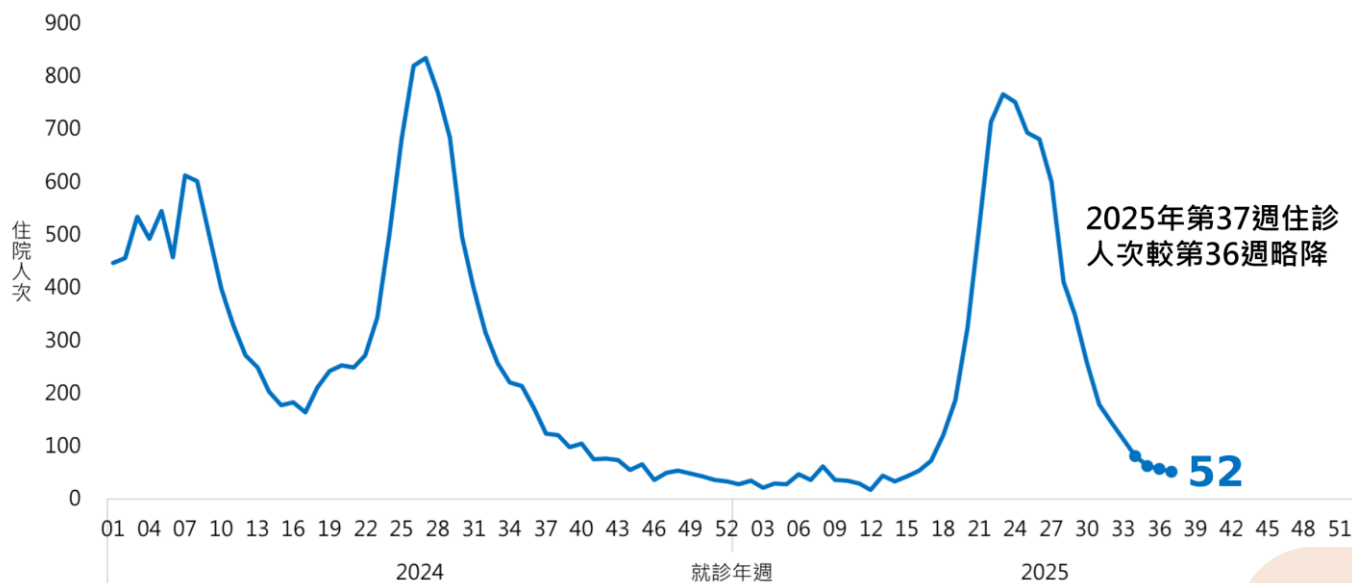
流感疫情動態

- 預估 9 月中旬起進入流行期，類流感就診將持續上升
- 往年多在 10 月後進入流行期，今年在第 38 週就突破，提早發生

影響因素

- 開學、學童密集接觸加速傳播
- 疫苗接種：10 月 1 日起流感與 COVID-19 疫苗將同步分階段施打

台灣COVID-19疫情監視: 重症個案略上升



2025年第37週較第36週

0-4歲：-18.2%

5-9歲：-30.3%

10-19歲：+8.4%

20-29歲：-21.2%

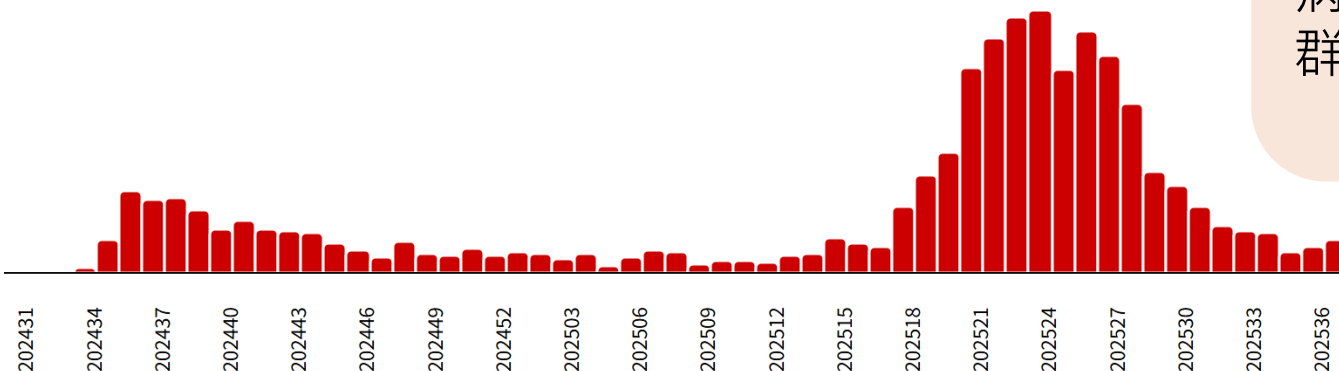
30-49歲：-31.2%

50-64歲：-28.0%

65+歲：-21.2%

全國新冠併發重症 本土病例及境外移入病例趨勢圖
(2024年1週-2025年39週)
[發病日 2023/12/31-2025/09/27]

疫情處低水平，惟仍新增新冠併發重症及死亡病例，須留意高風險族群 重症/死亡發生風險



健康科學新知

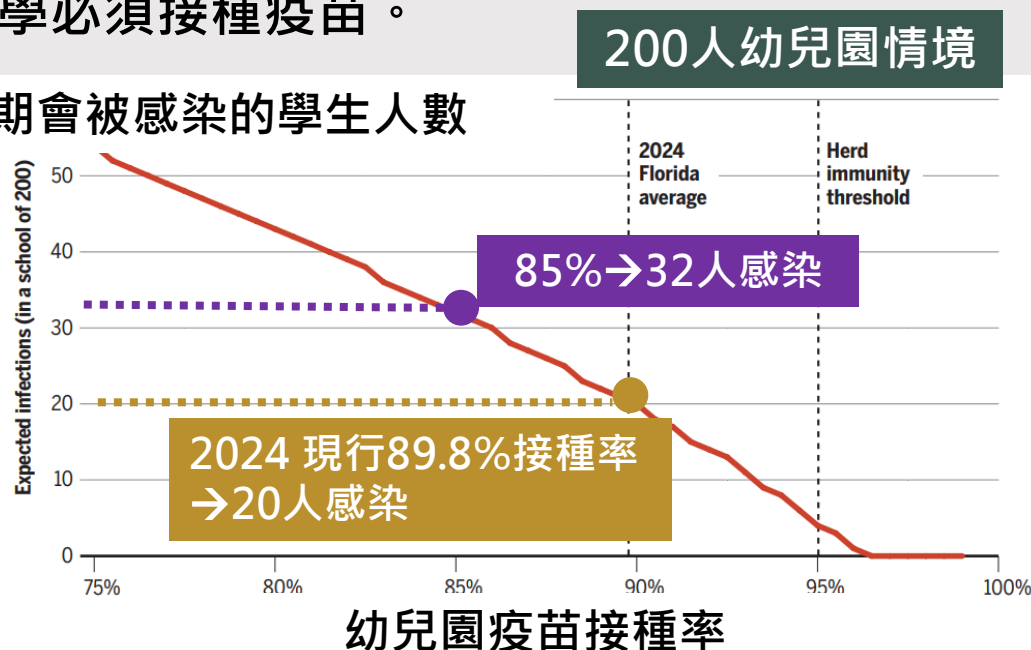
佛州計畫取消疫苗強制規定引發警示

佛州州長 Ron DeSantis 與州衛生署長 Joseph Ladapo 宣布計畫：
取消所有疫苗強制規定，包含學童入學必須接種疫苗。

佛州潛在風險

- 2024 佛州幼兒園麻疹疫苗接種率：89.8%
- 若達到 95% 接種率可形成群體免疫
- 模型推估
 - 當前 89.8% 接種率：
一名麻疹學童傳染給另一位同學機率為 85.5%
 - 接種率下降至 85%：
機率升高至 92.8%

預期會被感染的學生人數



- 佛州計畫挑戰兩百多年來疫苗公共衛生政策傳統。
- 科學證據顯示：取消學童疫苗強制，幾乎必然導致接種率下降、疫情增加。
- **麻疹**最可能首先爆發，並對免疫脆弱族群帶來高風險。

呼吸道病毒：隱藏癌症復發推手

Brooke P. Dresden & John F. Alcorn, Nature, 2025

□ 研究背景

➤ 癌症休眠：乳癌患者即使進入緩解期，仍可能有已轉移到其他器官的癌細胞，這些細胞進入不分裂的休眠狀態，但日後可能被喚醒而導致復發

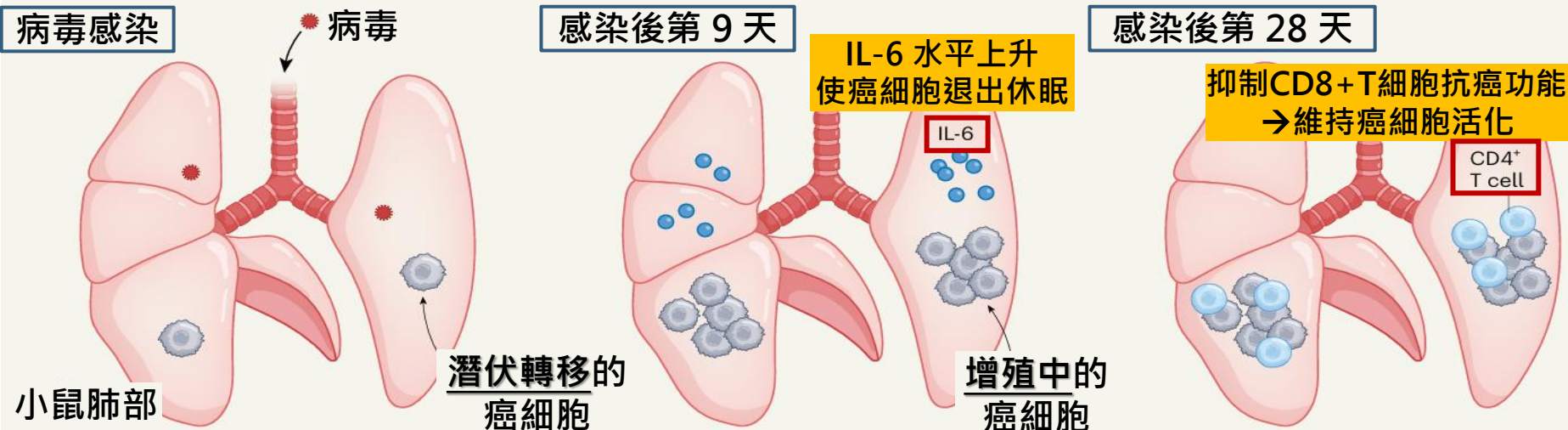
◆ 呼吸道病毒感染（如流感）會造成肺部強烈發炎反應 → 是否可能影響這些休眠癌細胞？

□ 實驗發現

A. 小鼠模型實驗：

✓ 乳癌轉移細胞在肺部休眠 → 感染呼吸道病毒後，休眠癌細胞被激活並開始增殖（可長達 9 個月）

B. 機制探討：



C. 臨床資料分析：使用 UK Biobank 與 Flatiron Health database，顯示癌症緩解中的患者若感染 SARS-CoV-2，其癌症死亡風險幾乎翻倍

➤ 呼吸道病毒感染不僅危害呼吸系統，也可能透過免疫與發炎路徑，導致癌症復發

OpenCRISPR-1 誕生：AI 生成 Cas9 蛋白

Pascal Notin, Nature, 2025

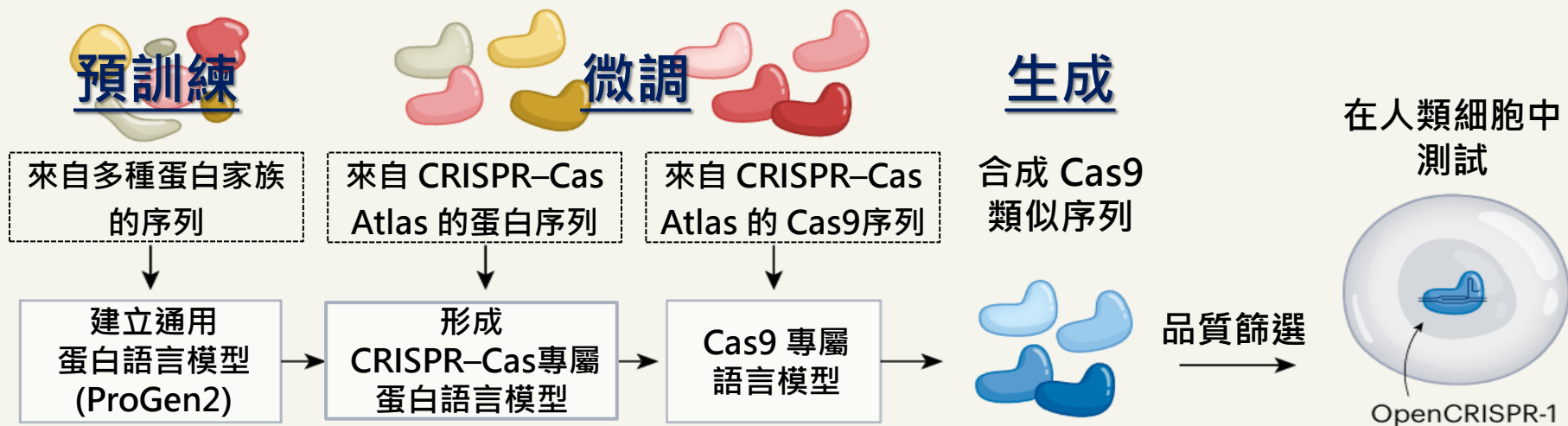
✓ 背景

- ◆ CRISPR-Cas9 是細菌免疫機制，2012 年被改造為基因編輯工具並應用於臨床
- 雖SpCas9基因治療獲准，但仍受限於off-target、免疫排斥、體積過大與PAM依賴

✓ AI 介入的突破 建立AI蛋白設計框架：Pretrain → Fine-tune → Generate → Filter

A. 方法：AI de novo 設計

💡自建 CRISPR-Cas Atlas資料庫，收錄 Cas9 序列數量是現有資料庫的 4 倍💡



B. 結果：OpenCRISPR-1 與SpCas9相比

- ✓ 保持相似on-target效率，但 off-target 減少 95% → 不會產生新的 off-target 模式
- ✓ 缺乏 SpCas9 的部分免疫原性表位 → 可能更「隱形」於免疫系統

可發展成閉迴路學習：AI 生成 → 測試 → 回饋再訓練，優化效率、專一性與免疫相容性

DNA甲基化描繪人體老化藍圖

Chris Simms, Nature, 2025

結合17種人體組織與1.5萬樣本描繪DNA甲基化隨年齡變化的完整圖景

研究背景

- DNA 甲基化 (DNA methylation) 是一種重要的表觀遺傳修飾，透過在DNA上添加或去除甲基基團，調節基因是否被「開啟」或「關閉」。
- 隨著年齡增長，DNA甲基化過程變得不再精確，導致基因表現失衡，進而影響細胞與器官功能，增加罹患心血管疾病、糖尿病、神經退化等與老化相關疾病的風險。

主要發現

組織差異：

1. 視網膜 (63%)、胃 (57%) 老化速度快。
2. 子宮頸 (39%)、皮膚 (48%) 相對較慢。
3. 骨骼肌、肺：甲基化隨年齡反而下降。

基因標記：

1. 發現跨器官的共同老化基因，如HDAC4、HOX、MEST。
2. PCDHG基因家族高甲基化→與腦白質減少、認知衰退相關。



臨床意義

這份研究揭示了老化並非平均分布，不同組織呈現不同的甲基化路徑與速度；同時也發現跨組織的共同老化標記基因，為未來抗衰老治療與生活干預提供了具體靶點。

糖尿病藥物展現抗老化效果

Nature | Vol 645 (2025)

臨床試驗驗證 Henagliflozin 的端粒延長作用

項目	Henagliflozin 組	安慰劑組
受試人數	69	73
端粒顯著延長比例	約 90%	約 66%
觀察週期	26 週	26 週
生活型態影響	有 (飲食、運動)	有 (飲食、運動)
額外效果	顯著抗老化作用	較弱

- Henagliflozin不僅能控制血糖與體重，還可能延緩細胞老化
- 糖尿病藥物在抗老化醫學與長壽研究中具潛力
- 未來需要更大規模與長期研究來驗證其臨床應用價值



利用生物資料庫推動醫學研究

Nature | Vol 645 (2025)

背景

- 資料庫能讓研究規模擴大數百倍
- 法規、成本、低利用率是挑戰
- FAIR 原則確保資源共享
- 成功案例：UK Biobank、All of Us

案例

- De Faria 用 UK Biobank 擴增研究規模 200 倍
- Castillo 獲得長新冠腦部影像，研究得以持續
- 全球研究者存取基金降低中低收入國家研究障礙

項目

小型生物資料庫

大型國家級資料庫



規模

單一實驗室/醫院

上萬～數十萬人



資料深度

臨床資訊詳盡

廣泛族群代表性



成本

較低

存取費高（部分補助）



可及性

限機構內部

全球可申請

潛力



生物資料庫是科研加速器與合作平台



選擇合適規模，並將其視為合作夥伴



合成資料在醫學研究潛力與風險

Synthetic data 合成資料:

- 數學模型或演算法生成、模仿真實世界資料統計特性
- 用於替代現實中難以取得的醫療資料
- 可用於假設建立、前期測試、模擬實驗結果
- 幫助低中收入國家進行醫學研究



合成數據有望改善醫療保健領域，
例如快速分析X射線。

道德與驗證問題

- 某些機構以合成資料免除倫理審查。
 - 若合成資料來自個人資訊，仍存在隱私外洩風險。
- **AI** 模型的結果必須能被獨立研究者驗證。

避免模型崩解 (Model collapse)

- 過多世代合成資料訓練，可能導致模型產生無意義結果
- 呼籲應報告標準與驗證機制(如演算法、參數、假設說明)

機會與責任並存

- 合成資料可促進研究創新與公平性。
- 但必須嚴謹處理倫理、驗證與風險，避免盲目相信電腦產出的結果。

精準腸道健康 微生物群



益生菌發展歷程



張吉仰副院長

- 益生菌百年以上歷史，最早在歐洲從發酵牛奶中發現-保加利亞乳酸菌被認為能促進健康、減少病變。
- **菌的功效多靠經驗累積與觀察**，例如腸胃變好、消化改善、便秘減少。常作為保養品或老人家改善腸胃不適的輔助選擇。
- 歐巴馬時代人類基因解碼啟動，**揭示人體並非單一個體**，而是與細菌、真菌、病毒等微生物共存共同體。其中部分有益菌證實能促進特定健康功能。
→ 研發出具有不同功能益生菌





AKK菌改善胰島素阻抗與代謝



張吉仰副院長

- 比利時Kenny教授團隊在代謝研究中發現，AKK菌可**改善胰島素阻抗，進而有助血糖控制**
- 研究發現活菌有效，**死菌效果更穩定且更顯著**
→ 死菌保留的膜蛋白或代謝產物為關鍵活性，活菌受環境影響較大
- 歐洲、台灣尚未全面核准作為一般益生菌販售。美國積極進行臨床與商品化，市場發展較快。現階段臨床應用多**仍在臨床研究階段**，非普及化常規治療。





個人化腸道菌相分析



陳秀熙教授 張吉仰副院長

只需要一份糞便檢體，即可進行腸道菌相分析，每個人腸道細菌種類差異大，越多樣化代表菌相越豐富，身體狀況越穩定，應變能力更好。

- ✓ 有些人菌相「年輕」或「老化」，**可能與外觀、健康狀況相關**。
- ✓ 已知**約10~20種疾病與特定菌相有關**，若檢測顯示特定致病菌比例高，代表相關疾病風險可能升高。
- ✓ 檢測後**可建立個人的微生物數位雙生模型**，協助健康評估與疾病風險追蹤。



腸道菌是人體隱藏的守護者



林詩璇

不可思議的腸道菌

MICROBIOTA: THE AMAZING POWERS OF THE GUT

杜斯科·艾利西
法國國家農業研究院

糞便打開了一扇新窗
讓我們了解人體生物學構造



我們生來就有許多微生物
協助人體各種機能運作

菌種多樣性關鍵：
一旦喪失多樣性，
疾病風險就會上升

抗生素影響巨大：
會直接殺死有益細菌

彷彿腸道裡有個
無人監督的藥師在配藥

一旦失去菌種多樣性
威脅就會提高

幼年時期使用抗生素，對生理
發展影響更嚴重
六個月大以前用抗生素，與過
重、過敏、哮喘等風險有關



抗生素專門殺死細菌

腸道菌是人體隱藏的守護者



林詩璇

腸道微生物檢測



驗血結果也是最差的

1/4

腸道微菌叢是很貧瘠的



像哈扎人這樣的非洲傳統部落
研究人員發現他們的菌種多樣性
遠超越西方人

- 非洲傳統部落的腸道菌多樣性更高，與大量攝取膳食纖維有關
- 部落研究顯示，多樣性與健康、甚至「決定性關鍵」密切相關



原始部落的研究
又成了決定性的關鍵



菌種多樣性幾乎是兩倍多



他們攝取大量的膳食纖維

菌群起跑點與風險因子：健康從腸開始



林詩璇

早期菌群建立

- 新生兒會透過產道、母乳獲得母親菌群。
- 出生初期接觸菌種，會對微生物叢造成終生影響。

環境與飲食影響

- 食物中**乳化劑**、**添加物**可能破壞腸道菌群與腸道屏障。引發腸道發炎、屏障滲漏，導致細菌進入血液，影響免疫與代謝。



他不會得到母體所有的消化細菌
就是剖腹產的盛行



在生命初始播下的菌種
對微生物叢有終生影響

罹患氣喘 第一型糖尿病
或肥胖的風險會略微提高



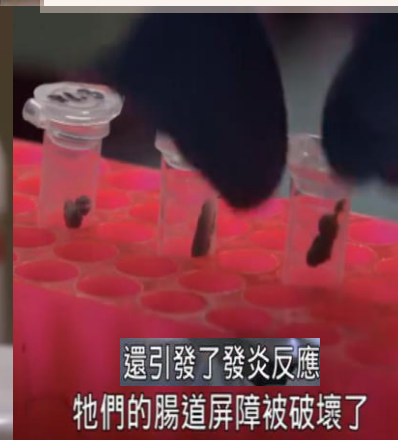
E433

研究人員開始懷疑
食物中新的化學添加物
有這些添加劑
才能融合油脂和非油脂固形物

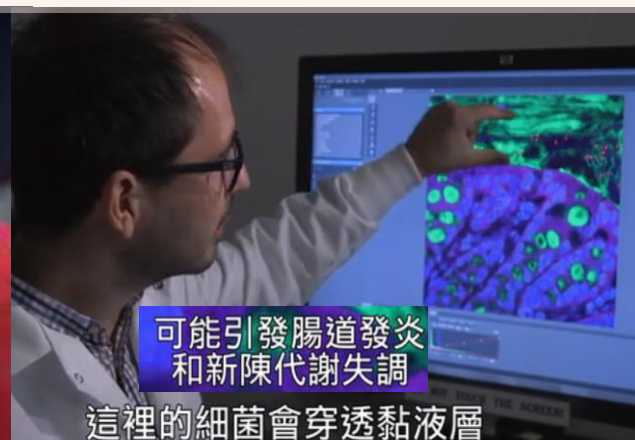


E466

它們是農食產業
廣泛使用的乳化劑

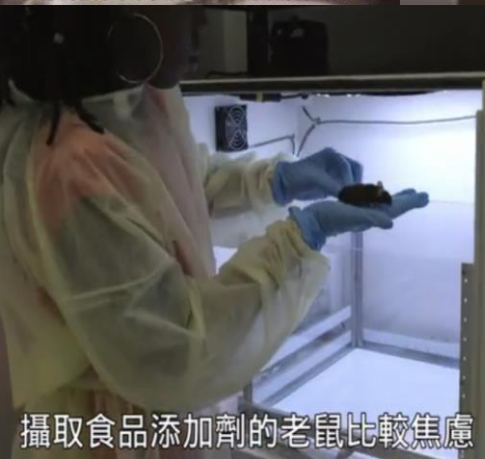


還引發了發炎反應
牠們的腸道屏障被破壞了



可能引發腸道發炎
和新陳代謝失調

這裡的細菌會穿透黏液層



腸道微生物叢的最新發現
就能改變現狀

腸道菌群異常與**腸道發炎、新陳代謝失調**
有關→ 腸道菌群異常可透過檢測觀察



比體重標準的人來得少
也就是說 肥胖者的腸道微生物叢
如果過重牽涉到遺傳和環境因素



它在正常人體腸道微生物叢內
占多數

我們選出普氏棲糞桿菌
我們觀察到**克隆氏症患者**
體內這種細菌明顯減少

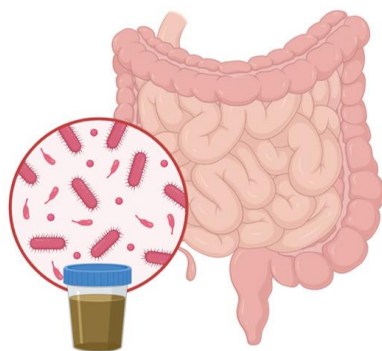
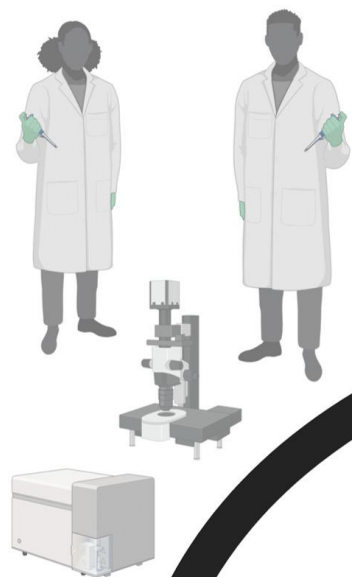


普氏棲糞桿菌確實有保護作用

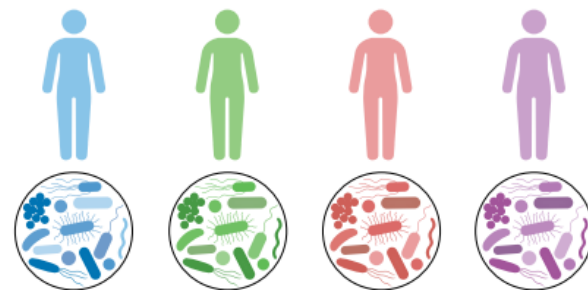
腸道菌群檢測個人化微生物介入



AI & LLM 個人化腸菌相分析



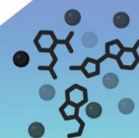
腸道菌



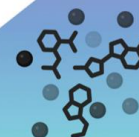
精準醫學

Multi-omics

Metagenomics
Metatranscriptomics
Metaproteomics
Metabolomics



機器學習



大型語言模型



可解釋AI腸菌相分析

AI/ML 模型挖掘腸菌相關鍵特徵



嚴明芳教授

Gut microbiome

機器學習

監督式學習
Supervised Learning

非監督式學習
Unsupervised Learning

半監督式學習
Semi-supervised Learning

以標記資料訓練

以非標記資料訓練

分類

Classification

迴歸

Regression

聚集

Clustering

環境

行動

回饋

狀態

模型代理

Multi-omics

Machine learning/
artificial intelligence

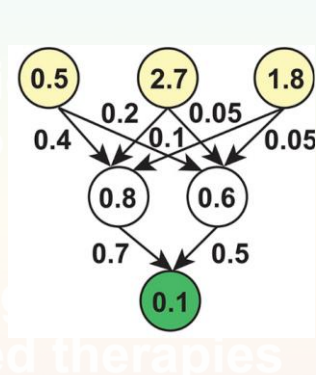
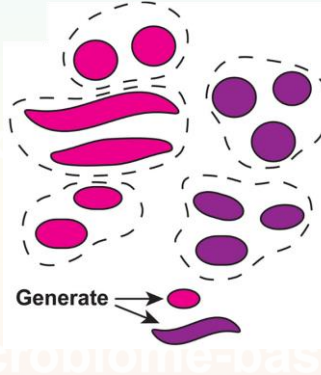
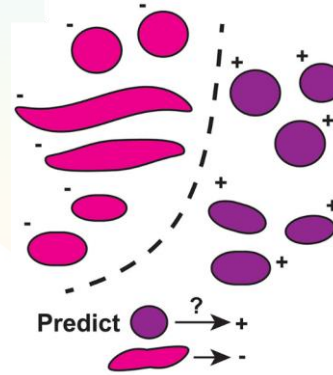


Integration of
large data streams

監督式學習

非監督式學習

深度學習



就只能把你的檢體
拿來跟一大群人做對比

就表示彼此的微生物群落很類似

可解釋AI腸菌相分析



嚴明芳教授

MDITRE Microbiome Differentiable Interpretable Temporal Rule Engine

演化樹

Phylogenetic tree

時間序列

Time-series

演化焦點

Phylogenetic focus

時間焦點

Temporal focus

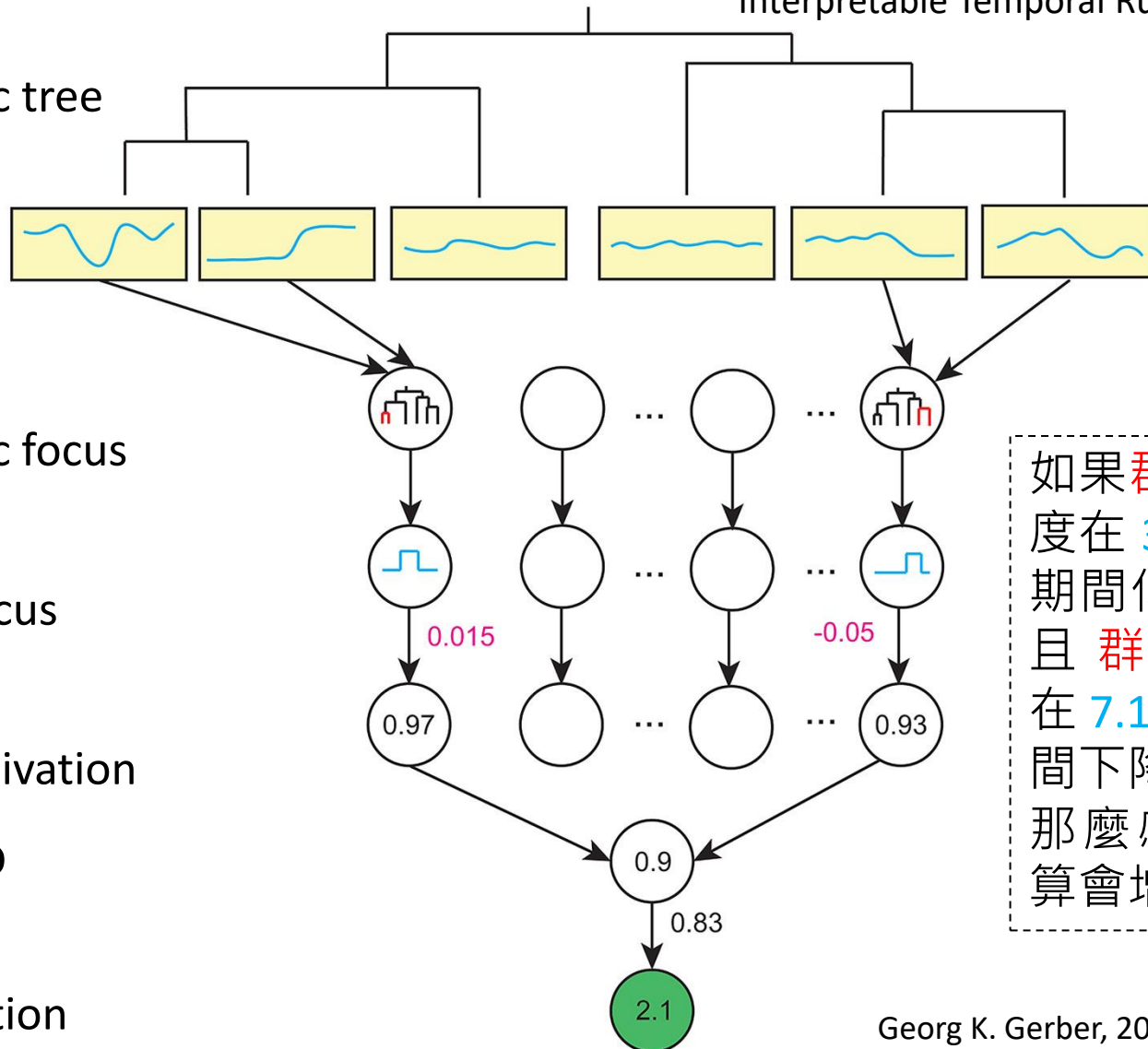
檢測器啟動

Detector activation

邏輯式 AND

Logical AND

預測 Prediction



如果**群集 A**的總豐度在**3.1**到**6.2**月份期間低於**1.5%**，而且**群集 B**的總豐度在**7.1**到**9.3**月份期間下降率高於**5%**，那麼感染復發的勝算會增加**2.1**倍。

MDITRE預測第一型糖尿病



嚴明芳教授

規則：**NO** T1DM

偵測器 1：第 155~477 天間，
所選菌群的平均斜率

> -0.0124%/天

且

偵測器 2：第 397~661 天間，
所選菌群的平均斜率

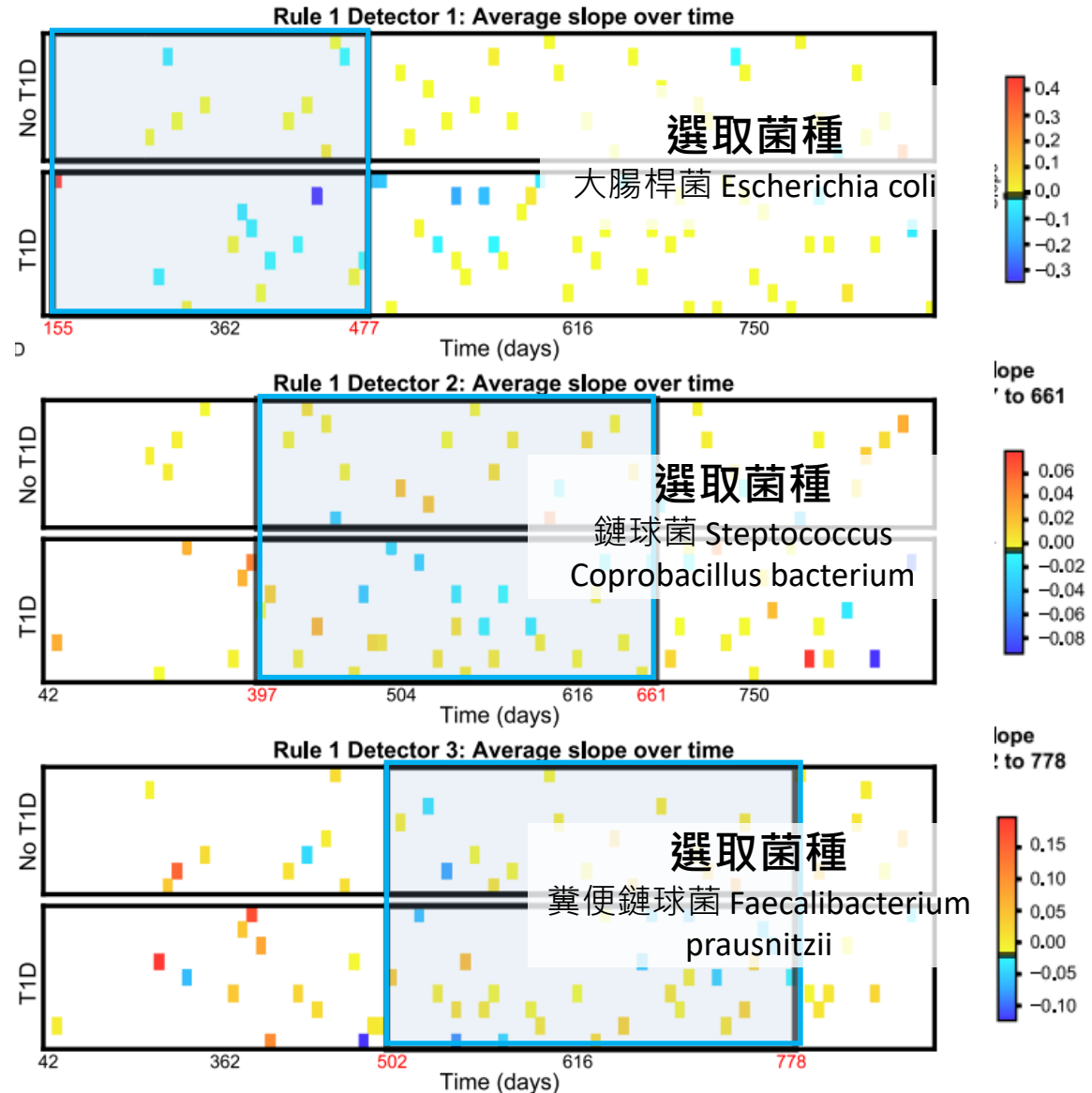
> -0.0063%/天

且

偵測器 3：第 502~778 天間，
所選菌群的平均斜率

> -0.0203%/天

三歲以下嬰兒 shotgun 代謝體定序腸道菌相



MDITRE預測第一型糖尿病



嚴明芳教授

3個偵測器都啟動

判斷為**非**T1DM

Activation of Rule 1 Detector 1



Activation of Rule 1 Detector 2



Activation of Rule 1 Detector 3



Conjunction activation of Rule 1



Ground truth labels of subjects





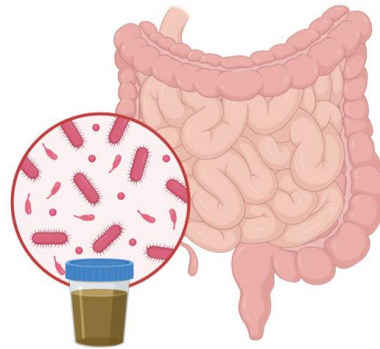
大型語言模型AI腸菌相分析

腸道菌與個人化健康



林庭瑤

Gut microbiome



腸道菌

微生物群資料庫

OB 小鼠腸道菌群

16S rRNA

腸道菌群數據具備
「高維度、大規模」

Precision medicine

機器學習



大型語言模型

消化

代謝

免疫

Machine learning/
artificial intelligence

Integration of
large data streams

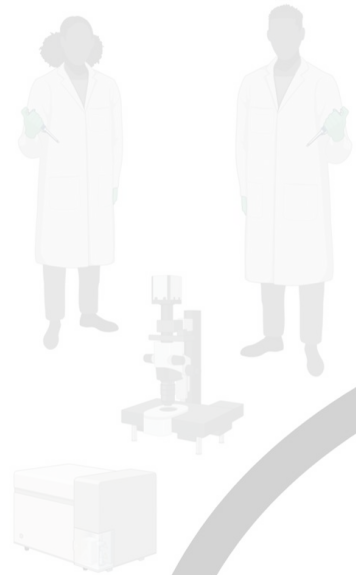
Multi-omics

Metagenomics

Metatranscriptomics

Metaproteomics

Metabolomics



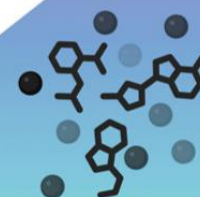
機器學習菌叢分析



林庭瑤

四種機器學習演算法
篩選差異菌種→找出
5 種與肥胖相關菌屬

機器學習

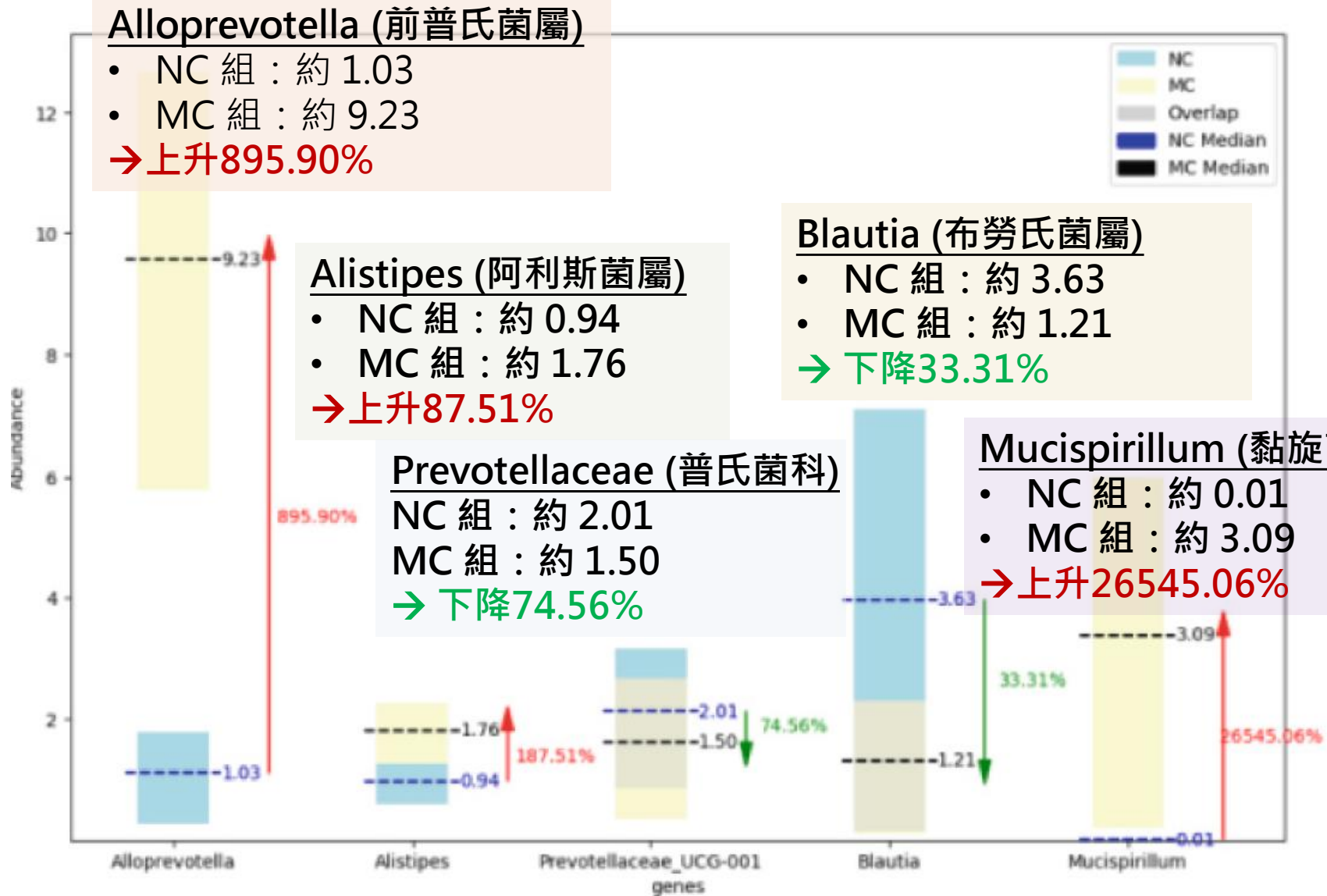


菌屬/群組	中文名稱	主要功能	可能意義
Alloprevotella	異普氏菌屬	產生短鏈脂肪酸 (SCFA)	可能促進肥胖與代謝異常
Alistipes	阿利斯特菌屬	參與氨基酸/膽汁酸代謝，與炎症相關	與肥胖、腸炎、抑鬱相關
Mucispirillum	黏膜螺旋菌屬	定殖於腸道黏液層，維持屏障	可能抵抗腸炎，調控免疫
Blautia	布勞氏菌屬	丁酸產生菌，具抗炎、保護作用	可能是肥胖的保護因子，減少時風險上升
Prevotellaceae_UCG-001	普雷沃氏菌科	與纖維發酵、碳水代謝相關	代謝調控角色未明確

肥胖核心菌屬豐度變化



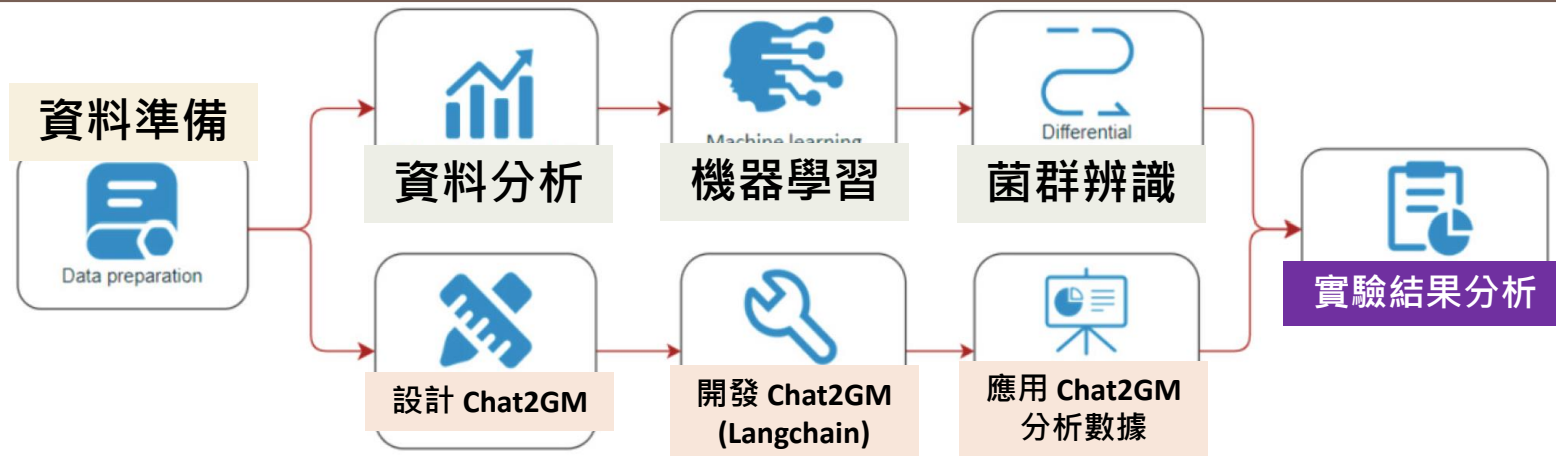
林庭瑀



大型語言模型菌叢分析



林庭瑤



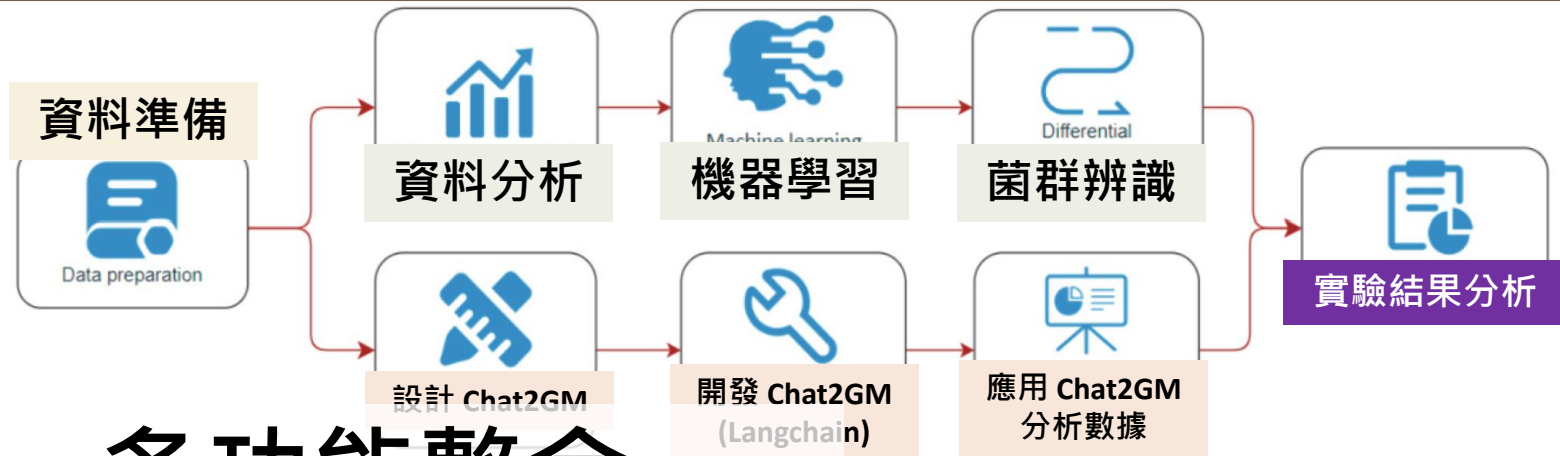
互動歷史(Prompt 紀錄) Chat2GM---請描述檔案中第一欄細菌的詳細資訊

The screenshot shows the Chat2GM interface. On the left is a chat history with prompts like 'The file contains intest...', 'bacteria, viruses, fungi', 'gut microbiota', 'How many rows and c...', 'Please describe the de...', 'Calculate the average ...', 'Please introduce the d...', 'I have uploaded the in...', 'The file contains intest...', and 'Please use machine le...'. The main chat area shows a prompt: '請描述檔案第一欄細菌詳細資訊' (Please describe the detailed information of the first column of bacteria in the file). Below the prompt, the response is: '檔案中第一欄細菌「Lachnospiraceae_NK4A136_group」共有 12 筆數據，其統計特徵如下：' (The first column of bacteria in the file is 'Lachnospiraceae_NK4A136_group', which has 12 data points, and its statistical features are as follows:). The response lists the following features: 平均值：6.6 (Average: 6.6), 標準差：4.8 (Standard deviation: 4.8), 最小值：1.1 (Minimum: 1.1), 第 25 百分位數：3.04 (25th percentile: 3.04), 中位數：5.37 (Median: 5.37), 第 75 百分位數：9.19 (75th percentile: 9.19), and 最大值：15.58 (Maximum: 15.58). On the right side of the interface, there is a section for '上傳資料' (Upload data) showing a file 'output.xlsx (10 KB)' has been uploaded. Below that is a section for '資料視覺化' (Data visualization) showing a box plot for 'Lachnospiraceae_NK4A136_group' with a y-axis ranging from 0 to 18.

大型語言模型菌叢分析



林庭瑤



多功能整合

互動歷史(Prompt 紀錄) Chat2GM --請描述檔案中第一欄細菌的詳細資訊

微生物菌
背景知識

請描述檔案第一欄細菌詳細資訊

檔案中第一欄細菌

「Lachnospiraceae_NK4A136_group」

共有 12 筆數據，統計特徵如下：

- 平均值：6.3
- 標準差：8
- 最小值：1.1
- 第 25 百分位數：3.04
- 中位數：5.37
- 第 75 百分位數：9.19
- 最大值：15.58

機器學習
數據分析
程式執行

上傳資料

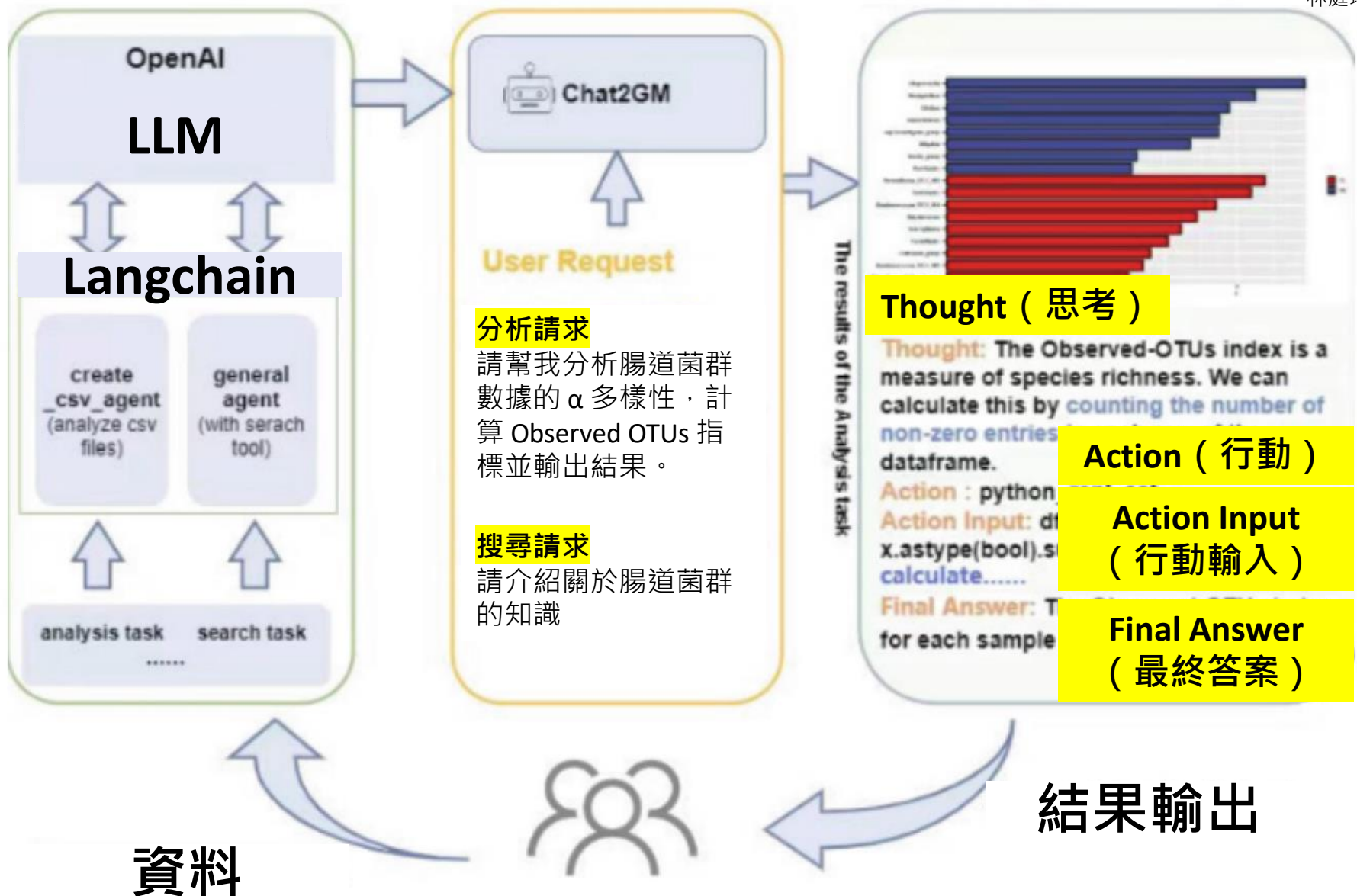
Please enter a message...

Lachnospiraceae_NK4A136_group

大型語言模型菌叢分析流程



林庭瑤



大型語言模型菌叢分析結果



林庭瑀

Data inspection — 數據檢視

請提供這份數據的基本資訊

這個資料框 (dataframe) 共有 **12** 筆樣本 (列) 和 **117** 個欄位。

除了一個欄位是 **int64** 型別之外，其餘欄位皆為 **float64** 型別。

整份資料中沒有缺失值，所有欄位都有 12 筆非空資料。

請列出資料檔案中前五欄位

- Lachnospiraceae_NK4A136_group
- Alloprevotella (異普氏菌屬)
- Bifidobacterium (雙歧桿菌屬)
- Lactobacillus (乳酸桿菌屬)
- Bacteroides (擬桿菌屬)

```
The data in the first five columns of the dataframe is as follows: |  
Lachnospiraceae_NK4A136_group | Alloprevotella | Bifidobacterium |  
Lactobacillus | Bacteroides | |---:|-----:|-----:|-----:|  
-----:|-----:|-----:|-----:| | 0 | 7.2311 |  
0.4019 | 0.866 | 1.3117 | 1.0779 | | 1 | 3.9401 | 0.2684 | 0.6122 | 2.0015 |  
0.703 | | 2 | 3.3133 | 1.7914 | 1.0134 | 1.689 | 0.8189 | | 3 | 2.0027 | 0.4 |  
4.4292 | 7.2248 | 2.4153 | | 4 | 6.7949 | 0.7737 | 0.3986 | 0.4055 | 1.1047 |
```

Diversity analysis — 多樣性分析

請幫我分析腸道菌群數據的 α 多樣性，計算 **Observed OTUs** 指標並輸出結果。

腸道菌群樣本的 **Observed OTUs** 指數如下：

- 樣本 0 : 80
- 樣本 1 : 87
- 樣本 2 : 69
- 樣本 3 : 79
- 樣本 4 : 66
- 樣本 5 : 72
- 樣本 6 : 77
- 樣本 7 : 75
- 樣本 8 : 67
- 樣本 9 : 76
- 樣本 10 : 81
- 樣本 11 : 77

健康智慧生活圈



顧問



<https://www.realscience.top>