

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：人工智慧肺癌篩檢 (II)

2026 年 5 月 6 日

本週健康智慧生活圈帶來四大面向健康科學新知,涵蓋傳染病監測與全球公共衛生、老化與免疫機轉新發現、癌症與精準醫療新工具,以及人工智慧精準肺癌篩檢,並以「血液循環 miRNA 非小細胞肺癌新穎標記」與「AI 多模態肺癌基因突變預測」作為本週深度專題。

在傳染病監測與全球公共衛生方面,台灣漢他病毒症候群警訊升高、日本麻疹疫情持續升溫,凸顯免疫防線與社區監測的必要;澳洲消除沙眼成為新典範,而全球瘧疾死亡不降反升,則反映真正缺乏不只是工具,而是穩定資金與跨國協調。

在老化與免疫機轉方面,研究揭示老化對男女免疫系統影響不同、CAR-T 療法首度突破罕見三重自體免疫疾病、胸腺健康成為終身免疫力關鍵指標,並透過人腦終生功能組織連續變化圖譜為發展預測奠定基礎。

在癌症與精準醫療新工具方面,基因密碼揭示減肥藥療效個體差異、嚴重瘧疾對兒童認知造成長期陰影、心臟內機械力被發現可抑制腫瘤生長,英國年輕成人癌症持續上升亦提示新興暴露因子的重要;AI 工具 FaceAge、多癌早期偵測

MCED、單細胞工具 scSurvival,以及癌症存活者再罹癌風險族群異質性分析,則共同推動風險分層與個人化追蹤的新時代。

本週專題聚焦人工智慧精準肺癌篩檢。在血液循環 miRNA 非小細胞肺癌新穎標記方面,研究指出肺癌型態正發生結構性消長,公共衛生威脅已從吸菸轉向環境污染與遺傳易感性,而循環 miRNA 具高度循環穩定性與非侵入性優勢,可同時應用於肺癌篩檢與診斷、存活風險分層、免疫治療監測以及治療反應追蹤四大領域,為傳統腫瘤標記與組織 PD-L1 檢測之外提供更具潛力的非侵入性替代或輔助方案。在 AI 多模態肺癌基因突變預測方面,研究團隊整合 CT 影像與臨床資料建立兩階段 AI 模型,可在不額外侵入性檢查下協助醫師初步判斷 EGFR 基因突變狀態,降低對高成本基因檢測的依賴,為肺癌精準診斷與個人化治療開創新方向。

健康科學週新知

- **台灣漢他病毒症候群疫情**

北市近期出現鼯鼠活動熱區，帶動台灣漢他病毒症候群的警訊升高。2017 年至今累計 45 例，2026 年至今已確診 2 例；患者以男性與 40 歲以上族群為主，兩者占比皆為 67%。今年兩起確診中，第一例為 1 月北市 70 多歲長者，發燒等症狀後病情惡化並死亡；第二例為 3 月新北 70 多歲有糖尿病史男性，出現發燒、肌肉痠痛與尿量減少且無接觸史，目前感染源仍在調查，顯示社區暴露風險值得關注。防疫上強調「四大鼠類活動熱區」的環境風險管理，包括避免鼠類進入、維持環境整潔與妥善清理可能污染區域等，降低人類暴露機會。

- **漢他病毒症候群**

漢他病毒為寄生於鼠類、以氣溶膠傳入人類呼吸道的單股負向 RNA 病毒，鼠是長期帶原者、人類多為意外宿主。主要傳播途徑包含吸入鼠尿、鼠糞或鼠垢乾燥後形成的氣溶膠，以及被鼠咬(較少見)；多數情況不會人傳人，但南美 Andes virus 株為少數例外。臨床表現可分為兩大類：HFRS（出血熱合併腎症候群）多見於亞洲與歐洲，典型症狀為發燒、出血傾向與急性腎衰竭；HPS（漢他病毒肺症候群）主要見於美洲，病程可快速進展至肺水腫，並可能出現呼吸衰竭與休克，致死率高（約 30 - 40%）。亞洲病例多與農業活動、軍事訓練及倉儲環境等暴露風險較高的情境相關。

- **日本麻疹疫情升溫**

在日本方面，麻疹疫情持續升溫。全國通報感染人數達 362 人，2025 年全年 265 人、年增 4.4 倍，擴散速度為近 10 年第二高（僅次於 2019）。本土群聚主要出現在東京新宿某小學，一週內感染人數由 18 人增至 47 人，顯示疫情可能由

海外旅遊帶入後在社區擴散；病例中位數年齡 27 歲（範圍 0 - 65 歲），成人為主而非典型兒童流行，男性占 67%。病毒基因型以 B3（63%）與 D8（37%）為主，呈現多重輸入來源；境外移入來源包含印尼、紐西蘭與印度等。病例多為未接種者，且接種 2 劑 MMR 者占比約 55%，提醒高傳染性下仍須強化免疫防線與社區監測。

- **澳洲成為第 30 個消除沙眼公共衛生問題國家**

公共衛生成就方面，澳洲成為第 30 個消除沙眼公共衛生問題的國家。澳洲自 2006 年推動國家沙眼管理計畫，依循 WHO 建議的 SAFE 策略，涵蓋篩檢、治療、臉部清潔與環境改善，並持續改善住房、用水與衛生等環境條件。成功關鍵在於將行動重點放在偏遠原住民與托雷斯海峽島民社區，由聯邦與州政府、社衛組織與地方共同合作；同時採取以社區資料為基礎的目標式治療，而非單純大規模投藥，強化介入的精準度與可持續性。

- **瘧疾死亡不降反升，缺乏資金與執行**

全球瘧疾死亡不降反升，核心問題在於資金與執行落差。全球瘧疾病例自 2018 年 2.38 億上升至 2024 年 2.82 億，死亡人數約 61 萬，2030 消除目標進展停滯。當前挑戰包括高風險地區（特別是非洲）疫苗覆蓋不足、疫苗需多劑接種且偏鄉與低收入家庭就醫與接種更困難，以及全球瘧疾防治經費不足——2023 年投入僅 40 億美元，低於 WHO 目標 83 億美元。三項核心方向：整合防治策略（疫苗、抗瘧藥、監測系統與社區動員並行）、擴大接種效益（若在中高傳播地區廣泛施打，疫苗有望至 2035 年避免約 50 萬人死亡），以及補上資金與執行缺口，強調真正缺乏的不只是工具，而是穩定資金、政府優先順序與跨國協調。

- **老化如何影響女性自體免疫風險**

最新研究顯示，老化對男女免疫系統影響不同。分析近千人 RNA 資料發現，女性隨年齡增長，免疫基因變化較大，發炎與殺手 T 細胞增加，較易進入自體免疫易感狀態，約 70 歲達高峰。男性則出現特定 B 細胞族群上升，與血液腫瘤風險相關，且變化時間較晚。結果指出，未來應發展性別客製化的老化健康與治療策略。

- **CAR-T 療法首度攻克罕見三重自體免疫疾病**

CAR-T 療法成功應用於自體免疫疾病。一名 47 歲女性同時罹患三種嚴重自體免疫疾病，對多種傳統治療無效。醫師以基因改造 T 細胞精準清除異常 B 細胞，治療後 14 個月症狀完全消失，無需再用藥且未見明顯副作用。此成果顯示 CAR-T 不僅可用於癌症，也為頑固型自體免疫疾病帶來突破性新治療方向。

- **胸腺健康＝終身免疫力與治療成效關鍵指標**

最新研究指出，胸腺健康是影響終身免疫力與疾病風險的重要指標。研究團隊透過深度學習分析 CT 影像，建立「胸腺健康分數」，發現胸腺功能較佳者，罹患肺癌與多種慢性疾病風險較低，死亡率也較低。結果亦顯示吸菸與發炎會影響胸腺狀態，女性整體表現優於男性。此發現有望作為免疫功能與治療成效的預測工具，推動精準醫療發展。

- **人腦終生功能組織連續變化**

研究描繪人腦功能連結從出生到老年的連續變化，發現三大皮質功能網絡成熟時間並不相同。感覺到關聯區、控制到內在表徵的連結在童年至青春期持續增強，約 19 歲達高峰；視覺到身體相關處理則約 5 歲成熟後逐漸下降。研究可望協助判斷個體何時偏離典型發展，並推動兒童與青少年腦部發展預測。

- **基因密碼揭秘：為何減肥藥對每個人效果不同**

以 semaglutide 為例指出，受試者平均減重約 10%，但有人可減重超過 25%，顯示藥效差異顯著。研究利用 DNA 檢測服務的資料，分析約 28,000 名使用減肥藥用戶，並結合用戶自述的用藥種類、服用時間、減重成效與副作用，再掃描基因組中數十萬種變異，找出與療效與不良反應相關的統計訊號。結果顯示，攜帶 GLP-1 受體特定基因變異者，在治療期間比無此變異者多減重 0.76 - 1.5 公斤；同時也辨識出兩組變異分別使嘔吐風險增加 57% 與噁心風險增加 36%。此外，若攜帶 GIP 受體特定變異者，使用 tirzepatide 後嘔吐風險較一般人高出 83%，凸顯基因差異可能同時影響減重效果與副作用風險。

- **嚴重瘧疾長期陰影：兒童認知發展受損**

每年感染超過 2.5 億人、死亡約 60 萬人，且多發生於非洲幼兒。研究關注腦型瘧疾與嚴重瘧疾造成的嚴重貧血，可能對兒童日後認知與學習能力造成長期傷害。設計上採長期追蹤，追蹤烏干達兒童最長達 15 年，並重新評估近 1000 名受試者；透過閱讀、數學、注意力與整體認知測驗，比較不同嚴重瘧疾經歷兒童的長期表現。主要發現為：腦型瘧疾與嚴重瘧疾貧血兒童，日後整體認知與學習表現較差，且影響可能持續多年；這種認知缺損約相當於 4 - 7 分 IQ 的損失，若大量兒童受影響，將形成公共衛生與教育負擔並衝擊社區發展。因此防治重點不只在降低死亡，也包含透過蚊帳、抗瘧藥物與瘧疾疫苗等策略，保護兒童長期腦部與學習能力。

- **心臟內機械力阻止小鼠腫瘤生長**

心臟因長期承受巨大的機械負荷，可能形成一種天然的「抗腫瘤環境」。研究為了回答「心臟為何幾乎不長腫瘤」，比較兩種小鼠心臟：一個正常跳動、承

受機械壓力；另一個移植後不參與循環、幾乎沒有壓力，並在兩者同時注入癌細胞。結果顯示到第 14 天，無壓力心臟幾乎被癌細胞佔滿；相反地，有壓力的心臟僅約被侵蝕 20%，顯示機械力可明顯抑制腫瘤擴張。

進一步分析發現，在小鼠移植模型中，負載與未負載心臟組織的腫瘤染色質狀態差異，與 Nesprin-2 蛋白有關。Nesprin-2 是核骨架與細胞骨架連接蛋白(LINC 複合物的一部分)；當植入小鼠心臟癌細胞中缺失 Nesprin-2 時，轉移性癌細胞會更大幅度擴張與增殖。未來可鎖定 Nesprin-2 或其他 LINC 複合物成分的互作關係，找出更特異地參與抑制癌細胞增殖的蛋白質，作為後續研究與潛在治療策略的方向。

- **年輕成人癌症上升：行為因子仍無法解釋**

英國年輕族群多種癌症發生率持續上升。研究顯示，傳統行為因子如吸菸、飲酒僅能歸因部分病例，無法解釋整體趨勢。肥胖是唯一持續上升的因子，與大腸癌年增 4.3% 顯著相關。專家建議應轉向研究 PFAS 或超加工食品等新興暴露因子，以釐清傳統風險因子之外的致癌真相。

- **AI 看臉算老化速度預測癌症存活**

研究指出，AI 工具 FaceAge 透過兩張就診照片計算「生理老化速度」即可預測癌症存活期。研究證實，老化速度越快者死亡風險越高，長期風險達 1.65 倍。此技術免抽血或複雜檢查，僅憑臉部特徵即可量化預後指標，為精準醫療提供更便捷且科學的評估新工具。

- **多癌早期偵測：新世代癌篩工具潛力與限制**

針對傳統癌篩僅能涵蓋少數癌種的局限，最新研究推出 MCED 多癌早期偵測技術。該技術整合 DNA 甲基化與蛋白質等多重生物標記，目標透過單次

抽血同時偵測 50 種以上癌症。實驗顯示，其整體敏感度達 64%，針對高致死癌種更達 68%，且偽陽性率低於 3%。此技術成功使 Stage I 早期偵測率提升 28%，展現重塑全球篩檢模式的潛力。

- **AI 看穿腫瘤：找出影響存活的關鍵細胞**

為破解癌症存活差異，新工具 scSurvival 利用 AI 逐一解析腫瘤內上萬個細胞，精準辨識抗癌「好細胞」與促癌「壞細胞」。研究證實，此技術能預測黑色素瘤免疫反應並區分肝癌風險組。這項突破讓醫師能洞察腫瘤內部，從單細胞層級為患者量身打造精準的個人化治療策略。

- **癌症存活性再罹癌：誰的風險正在上升？**

研究分析美國 336 萬名癌症存活性者發現，二度罹癌風險具高度族群異質性。數據指出男性風險增幅顯著，且 1935-45 世代風險最高；值得關注的是，女性肺癌存活性者的 SPC 風險在 40 年間飆升了 60%。專家強調，因應成因複雜的再罹癌威脅，醫療體系需發展風險分層與個人化追蹤策略，以有效應對持續增加的生存挑戰。

人工智慧精準肺癌篩檢

- **血液中的肺癌密碼—循環 miRNA**

最新研究指出，血液中的循環 miRNA 可作為非小細胞肺癌的重要非侵入性生物標記。其具高準確度 (AUC 0.90 - 0.98)，可區分肺腺癌與鱗癌，並透過

特定 miRNA 預測患者存活率，無需依賴腫瘤分期。此外，miRNA 亦能監測免疫治療反應，協助即時評估病情變化。此技術具低成本與高可行性，有望推動肺癌早期診斷與精準治療發展。

- **CT 影像結合臨床數據肺癌基因突變 AI 預測**

最新研究開發 AIPS 系統，結合 CT 影像與臨床數據，精準預測肺癌基因突變。透過 AI 自動偵測肺結節並分析多項影像特徵，大幅提升預測能力，AUC 由 0.6 提升至 0.9 以上，最高達 0.91。此技術可非侵入性評估 EGFR 等關鍵突變，降低對高成本基因檢測的依賴，為肺癌精準診斷與個人化治療提供新方向。

血液循環 miRNA 非小細胞肺癌新穎標記

根據近期發表於《英國癌症期刊》的一項長期趨勢研究，全球肺癌型態正發生結構性消長。研究數據顯示，肺腺癌（Adenocarcinoma）發生率在數十年間持續攀升，且常見於非吸菸者或弱吸菸者，主要致病因素指向空氣污染與 EGFR 基因突變。相比之下，過去與強烈吸菸高度相關的「肺鱗狀細胞癌」與「肺小細胞癌」，則隨全球吸菸趨勢下降而減少。專家提醒，儘管吸菸率降低，但肺腺癌的增加意味著公眾健康威脅已轉向環境污染與遺傳易感性，現代預防策略應更注重環境監測與非吸菸族群的定期篩檢。

研究指出，透過觀察 miRNA 釋放（miRNA Shedding）現象，科學家有望透過血液檢查實現更精準的肺癌偵測。該研究探討了腫瘤細胞如何透過凋亡、壞死或細胞間通訊釋放 miRNA。這些微小非編碼 RNA 具有極高的循環穩定性，最

終進入周邊血液循環中。研究假說證實，在非小細胞肺癌（NSCLC）組織中過度表達的 miRNA，會同步於患者血漿中呈現高濃度。這項發現意味著，miRNA 具備成為非侵入性標記的巨大潛力，未來臨床上僅需透過液態活檢，即可追蹤腫瘤狀態，為肺癌早期診斷與術後監測提供更簡便、精準的方案。

最新研究展示了一套嚴謹的「四階段驗證流程」，旨在將微小核糖核酸（miRNA）從海量數據轉化為具備臨床價值的診斷工具。該驗證體系從 TCGA 腫瘤基因資料庫擷取 LUAD 與 LUSC 組織中上調的 miRNA 開始，隨後進入臨床血漿世代分析，透過 qPCR 技術量化非小細胞肺癌（NSCLC）患者與健康對照組的血漿表現量。第三階段利用 CombiROC 生物資訊演算，精算 ROC 曲線下的面積（AUC）以篩選出最佳診斷組合，最後更通過超過 4,000 名 NSCLC 患者的巨量獨立世代交叉驗證。這套完整的驗證邏輯，讓 miRNA 標記能廣泛應用於肺癌的篩檢與診斷、存活風險分層、免疫治療監測以及治療反應追蹤四大領域，為患者提供全方位的臨床管理方案。

利用特定組合的循環微小核糖核酸（circulating miRNAs）面板，在辨識肺癌亞型上展現了極高的臨床準確度。研究針對肺癌兩大主要類型開發了專屬檢測面板：

- 肺腺癌 (LUAD)：採用 7 種循環 miRNAs 組合（如 miR-9-3p, miR-96-5p 等），驗證世代的曲線下面積（AUC）達 0.90，靈敏度與特異性分別為 83% 與 78%。
- 肺鱗狀細胞癌 (LUSC)：採用 9 種循環 miRNAs 組合（如 miR-130b-3p, miR-301a-5p 等），其驗證世代 AUC 高達 0.98，靈敏度更達到 92%。

值得注意的是，在此研究世代中，CEA（癌胚抗原）等傳統腫瘤標記並未能

呈現顯著差異。這項結果突顯了 miRNA 面板在靈敏度上的優越性，有望填補傳統檢測的不足，為肺癌患者提供更精準、可靠的非侵入性篩檢選擇。

透過血液中的「循環 miRNA」監測，能比傳統組織切片更準確地預測患者對 Anti-PD-1 免疫療法的反應。研究數據顯示，臨床上長期使用的「組織 PD-L1 表達量」作為預測指標仍具爭議性。在該研究中，組織 PD-L1 的表達高低與免疫檢查點抑制劑 (ICI) 治療後的「無惡化存活期」(PFS) 並無顯著相關性。

相對而言，循環 miRNA 展示了極強的預測潛力。研究識別出 10 個上調的 miRNA 與較短的 PFS 顯著相關。特別是高度表現 miR-183/96/182 與 miR-767/105 基因簇的「miRNA 高釋放者」，對免疫治療的反應普遍較差。這項發現證明，循環 miRNA 具備潛力成為組織免疫染色之外的「非侵入性替代」或「輔助預測」工具，協助醫師更精準地為肺癌患者制定治療策略。

最新研究指出，透過血液中的「循環 miRNA」表現量變化，能精準反映肺癌患者的腫瘤動態趨勢，並與傳統影像學檢查 (RECIST 1.1) 高度相關。研究核心發現顯示，當治療有效且腫瘤縮小時，血液中標記的 miRNA 濃度會顯著下降；反之，若疾病出現進展、惡化或復發，miRNA 濃度則會迅速回升或居高不下。相較於昂貴且具輻射風險的電腦斷層 (CT) 等影像檢查，利用 qPCR 技術進行的 miRNA 檢測具備「高頻率」與「低成本」的優勢。這項技術能為醫師提供即時的治療反饋，在影像學觀察到明顯變化前，先一步掌握疾病波動，為精準醫療下的動態療效評估提供強力支援。(Abdipourbozorgbaghi et al, Brit J Cancer 2024)

AI 多模態肺癌基因突變預測

為解決肺癌基因檢測侵入性高與資源不均問題，本研究提出 AI 多模態預測方法，結合胸部 CT 影像與臨床資訊，推估 EGFR 基因突變狀態。此技術有望在

無需額外侵入性檢查下，協助醫師初步判斷患者基因型，提升精準治療可及性，並降低醫療負擔。

研究建立兩階段 AI 模型，先由影像模型自動分割肺部並擷取結節特徵，再整合臨床資料進行基因突變預測。透過多模態資料融合與深度學習技術，模型能有效提升預測準確度，為肺癌精準醫療提供創新工具與發展方向。

本研究流程包含 CT 影像輸入、自動肺部切割與結節特徵擷取，並結合同齡、性別等臨床資料進行分析。系統透過隨機過採樣與模型訓練，最終輸出 EGFR 基因突變預測結果。此流程強化影像與臨床整合，有助提升診斷效率與準確性。

研究結果顯示，單用臨床資料預測 AUC 約 0.60，結合影像特徵後可提升至約 0.90，顯著增強模型效能。於不同測試族群中，模型 AUC 達 0.86 至 0.91，顯示其穩定性與泛化能力，證實多模態 AI 在肺癌基因預測上的應用潛力。

本研究展示真實案例，AI 系統透過 CT 影像分析結節特徵並量化惡性程度，結合臨床資料後預測 EGFR 突變機率。結果顯示該患者具高風險特徵，建議進一步基因檢測確認。此技術有助臨床快速判斷，提升個人化治療決策效率。(Ullas Batra et al., Lancet Regional Health, 2024)

以上內容將在 **2026 年 5 月 6 日(三) 09:00 am – 10:00 am** 以線上直播方式與媒體朋友、全球民眾及專業人士共享。歡迎各位舊雨新知透過 [健康智慧生活圈網站專頁](#) 觀賞直播！

- **健康智慧生活圈網站連結:** <https://www.realscience.top>
- **Youtube 影片連結:** <https://reurl.cc/o7br93>
- **漢聲廣播電台連結:** <https://reurl.cc/nojdev>



- **講者：**

陳秀熙教授、嚴明芳教授、林庭瑀博士

聯絡人：

林庭瑀博士 電話: (02)33668033 E-mail: happy82526@gmail.com