

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：AI 人工智慧胃癌防治 (I)

2026 年 8 月 12 日

本週健康智慧生活圈聚焦國內外疫情、免疫與基因治療新知，以及醫療人工智慧走向自主疾病管理所帶來的評估課題。專題則回顧馬祖胃癌防治經驗，說明如何結合幽門螺旋桿菌篩檢與 AI 風險分層，推動精準預防。

國內新冠疫情持續升溫，PQ.16.1.1 已成為主要流行變異株，香港與其他亞洲地區也觀察到相似趨勢。世界衛生組織已將其列為監測中變異株，現有資料顯示其具有傳播及部分免疫逃脫優勢，但尚無明確證據顯示會增加重症或影響抗病毒藥物與檢測。由於重症仍集中於高齡、慢性病及未接種當季疫苗者，高風險族群應持續留意症狀並及早就醫。臺灣近期超額死亡呈上升趨勢，可能同時受到季節、流行疾病及間接因素影響。其他傳染病方面，登革熱則有境外移入與零星本土傳播；澳洲 H5 禽流感病例增加，但仍侷限於野生鳥類，對人類健康風險維持低度。飲食飲水衛生、防蚊、病例通報與動物疫情監測仍不可鬆懈。

感染與免疫研究帶來新的防治方向。長效型 HIV 暴露前預防藥物可望降低每日服藥負擔，但普及仍受供應、資金、污名與使用意願影響。STING 蛋白突變圖譜則顯示，單一突變即可改變干擾素與自噬反應，為精準免疫調節提供基礎；個人化基因治療在少數嚴重癲癇個案中改善發作與生活功能，但仍需長期追蹤安全性與療效。醫療 AI 正從輔助問答走向可執行任務的智慧代理。AMIE 可蒐集病情並形成疾病管理計畫，MIRA 則能在模擬病歷環境中自主問診、安排檢查及

提出診斷處置。兩者雖在部分模擬情境中展現良好表現，仍不能直接等同真實臨床效益。未來評估需納入不同醫院、族群、人機互動與病人結果，並建立可跨模型版本使用的標準及責任分級制度。

胃癌精準防治的關鍵，是在癌症形成前辨識可介入風險。幽門螺旋桿菌常在年輕時感染，可能在家庭中傳播，之後逐步造成慢性胃炎、胃黏膜萎縮與腸化生。馬祖過去受交通、醫療資源與飲食保存條件限制，曾是胃癌高風險地區；臺大團隊長期推動社區篩檢、根除治療與追蹤後，當地胃癌發生已明顯下降，成為高盛行地區的重要參考。馬祖經驗也延伸為以同一份糞便檢體篩檢大腸癌與幽門螺旋桿菌的二合一模式，有助提升便利性並運用既有社區資源。未來可再以 AI 整合年齡、家族史、飲食、生活型態、胃部病史及幽門螺旋桿菌基因與毒性特徵，辨識不同疾病階段的高風險者，讓需要者優先接受治療、胃鏡與密切追蹤，低風險者則減少不必要檢查，使胃癌防治逐步走向個人化精準預防。

健康科學週新知

● 國內新冠疫情持續上升: PQ.16.1.1 入侵

國內新冠疫情持續升溫，第 31 週門、急診就診達 24,204 人次，較前一週 19,297 人次增加約 25.4%，近幾週病例數明顯快速攀升。病毒監測顯示，近 4 週本土主要流行變異株為 PQ.16.1.1，顯示該株已成為近期主要傳播來源。隨就診人次持續增加，民眾仍應留意自身健康狀況，尤其高齡者與慢性病族群更需加強防護，若出現發燒、咳嗽或呼吸道症狀，應儘早就醫評估。

● 香港 COVID-19 PQ.16.1.1 流行

香港新冠疫情持續升溫，通報陽性個案數仍呈上升趨勢，但陽性率已從近期高點逐步下降。病毒監測顯示，PQ.16（包括 PQ.16.1.1）占比約 49.5%，已成為主要流行變異株；NB.1.8.1 約占 29.7%。近期嚴重與死亡個案亦有增加，其中重症在第 29 週達到高峰，之後仍維持較高水準。整體顯示疫情傳播仍活躍，雖陽性率下降，但重症與死亡負擔尚未明顯緩解，仍需持續監測高風險族群。

● PQ.16.1.1 演化

PQ.16.1.1 為 Omicron JN.1 後代 NB.1.8.1 持續演化形成的新變異株，並於 2026 年 7 月 27 日被 WHO 列為監測中變異株（VUM）之一。其演化過程累積 D420N、I478T 等關鍵突變，之後再分化出 SV.1、SV.2、SV.3 及 SV.4 等支系。近期台灣與香港皆觀察到 PQ.16.1.1 占比上升，顯示其具有一定傳播優勢；不過目前仍需持續監測其是否造成更高重症風險或免疫逃脫能力。

● PQ.16.1.1 佔比成長趨勢

PQ.16.1.1 近期在全球及亞洲地區占比快速攀升。WHO 監測顯示，全球占比已由 2.7% 升至 29.6%，新加坡更由 12.6% 增加至 55.1%；香港占比最高曾接近八

成，之後仍維持六成以上。西太平洋地區也呈持續上升趨勢。整體來看，PQ.16.1.1 正逐步取代其他變異株，顯示其具有明顯傳播優勢，後續仍需持續觀察其流行規模、免疫逃脫能力及重症風險。

● WHO 評估 PQ.16.1.1 風險等級

WHO 最新評估顯示，PQ.16.1.1 具有明顯成長優勢，全球占比已由 2.7% 升至 29.6%，但其快速擴張機制仍未完全釐清。免疫逃逸風險評為中等，初步研究顯示部分抗體中和能力下降；不過目前尚無證據顯示 PQ.16.1.1 會增加臨床重症、造成抗病毒藥物失效，或明顯影響 PCR 檢測。整體而言，WHO 仍將嚴重度與臨床風險評為低，但強調現有證據有限，仍需持續監測。

● 國內新冠疫情重症及死亡威脅上升

國內新冠疫情重症與死亡威脅持續上升，第 30 週新增 58 例本土重症、6 例死亡，第 31 週截至目前已通報 48 例重症、9 例死亡。重症病例以高風險族群為主，約 74% 為 65 歲以上長者、85% 具有慢性病史，且 89% 未接種本季新冠疫苗。值得注意的是，2 歲前幼兒及 65 歲以上長者重症發生率較高。疾管署呼籲高風險族群儘快接種疫苗，公費擴大接種措施延長至 9 月 28 日。

● 臺灣 2026 年~7 月超額死亡

臺灣 2026 年截至 7 月出現超額死亡上升現象。從月死亡率觀察，實際死亡率多數月份高於依歷史趨勢推估的背景死亡率，顯示今年部分月份死亡人數超出預期。超額死亡比例在 6 月約為 5%，7 月進一步升至 11%，呈現夏季上升趨勢。相較過去幾年，臺灣亦曾在冬季與夏季出現超額死亡高峰，顯示季節性因素與流行疾病可能共同影響整體死亡負擔，後續仍需持續監測其變化與可能原因。

● 國內新冠疫情三種死因

國內新冠疫情造成的死亡可分為三類：直接 COVID-19 死亡、疫情間接影響造成的死亡，以及與 COVID-19 無關的其他死因。疫情監測顯示，65 歲以上長者、慢性病患者及免疫力較低族群，仍是重症與死亡的高風險族群。第 30 週實際觀察到 58 例重症、6 例死亡，後續模型推估重症與死亡負擔可能持續上升，提醒高風險族群應加強防護、及早就醫並持續接種疫苗。

● 登革熱風險升高：境外移入與本土傳播並存

國內登革熱風險持續升高，今年截至 8 月 3 日累計 111 例，其中 7 例為高雄本土病例、104 例為境外移入，上週更新增 8 例境外移入，包含 3 例柬埔寨旅遊群聚感染。國際疫情同步升溫，東南亞多國病例增加，氣候因素也可能進一步促進病媒蚊孳生。值得注意的是，美國維吉尼亞州亦首次出現非旅遊相關本土傳播，顯示登革熱已可能在非典型流行地區形成零星傳播，防蚊與病例監測仍不可鬆懈。

● 澳洲 H5 禽流感監測重點

澳洲 H5 禽流感疫情近期快速升溫，截至 2026 年 8 月 10 日，野生鳥類累計 220 例確診檢出，其中南澳洲 152 例、占 69.1%，維多利亞州 53 例、占 24.1%，疫情明顯集中於兩地。值得注意的是，目前所有病例仍侷限於野生鳥類，尚未在家禽或其他農業產業中發現。澳洲已啟動全國家禽生物安全框架，各州持續監測與防疫；現階段對人類健康的風險仍維持低度。

● 新型 HIV 預防藥面臨供應短缺

新型長效型 HIV 暴露前預防藥物 LEN PrEP，可望改變現有每日口服模式，半年僅需注射一次，臨床試驗顯示預防效果接近 100%。模型推估，若能廣泛推廣，可能加速降低 HIV 感染率，甚至朝實質消除邁進。不過，目前非洲仍面臨藥

物供應不足，美國公共衛生援助縮減也可能衝擊防治體系；加上注射污名、疼痛與使用意願等問題，未來能否普及仍取決於資金、供應與社區推廣。

● **STING 突變如何改變免疫反應**

研究團隊針對先天免疫關鍵蛋白 STING 進行大規模突變掃描，建立完整的「突變—功能圖譜」，系統性分析不同胺基酸變化如何影響第一型干擾素訊號與非典型自噬。結果發現，STING 突變可形成自發活化、刺激依賴性活化、功能喪失等不同型態；部分突變甚至能在沒有配體時改變蛋白結構並啟動訊號。更重要的是，單一胺基酸突變就可能重新分配 IFN 與自噬反應的輸出，顯示 STING 具有高度可調控性。這項研究有助理解 STING 相關發炎與免疫疾病機制，並為未來開發更精準的免疫調節藥物提供基礎。

● **個人化基因治療改善嚴重癲癇**

研究團隊針對發育性與癲癇性腦病患者的致病基因突變，設計個人化基因治療，以選擇性關閉異常基因、保留正常功能。兩名分別為 9 歲與 14 歲的男童接受治療後，癲癇發作頻率分別降低 26% 與 90%；其中一人得以停止長期依賴的抗癲癇藥物，另一人恢復獨立行走能力，且目前未見明顯嚴重副作用。研究顯示個人化基因治療有望為難治型癲癇提供新策略，但仍需更長期追蹤其安全性與持續療效。

● **AMIE：LLM Agent 驅動自動化疾病管理**

研究團隊以大型語言模型建立 AMIE 醫療 AI 代理系統，可透過模擬對話蒐集病情、參考臨床指引，並自動形成疾病管理與追蹤計畫。研究以 100 個病例、每例 3 次就診進行模擬 OSCE，將 AMIE 與基層醫師比較。結果顯示，AMIE 在疾病管理推理上表現不遜於醫師，且在治療建議精確度與臨床指引一致性等面向

表現較佳，顯示 LLM Agent 未來有望從單純問答進一步走向自動化疾病管理與臨床決策支援。

● MIRA：自主執行臨床決策的醫療 AI Agent

研究團隊開發 MIRA 醫療 AI Agent，讓大型語言模型不只回答問題，更能在模擬電子病歷環境中自主問診、安排檢查、判斷診斷並提出治療與住院決策。研究涵蓋 8 類疾病、共 574 例真實病例資料；在相同條件的 311 個病例中，MIRA 整體診斷準確率達 87.8%，高於醫師的 78.1%，多數疾病類別亦表現較佳。其臨床決策流程與醫師相近，處置建議召回率 53.5%，高於醫師 38.3%，且在用藥安全與臨床指引一致性方面具良好表現，顯示醫療 AI 正從聊天工具走向可執行臨床任務的智慧代理。

● 醫療 AI 真正瓶頸：如何評估

醫療 AI 快速進步，MIRA 已能模擬診斷、檢驗、影像與用藥流程，AMIE 也展現接近甚至優於醫師的疾病管理能力。然而真正瓶頸正轉向「如何評估」。目前研究多依賴醫師主觀評分，且底層模型更新速度快，成果可能迅速過時。未來應改以真實臨床情境、人機互動及病人健康結果為核心，建立可跨模型版本、醫院與時間持續使用的標準化評估工具。

● 醫師與 AI 界線日益模糊：需要新責任分級制度

醫療 AI 正從單純輔助工具，逐步走向可自主診斷、調整治療甚至持續自我學習的系統，也讓醫師與 AI 之間的責任界線更加模糊。研究因此提出七級醫療 AI 架構，依自主性、自動化程度與使用範圍分級。目前全球 2,825 項已核准 AI 醫材中，尚無產品高於 Level 3。未來若更高自主性的 AI 進入臨床，監管、醫療機構與法律責任也必須同步重新界定。

AI 人工智慧精準胃癌防治

● 找出幽門螺旋桿菌，讓胃癌預防更精準

胃病不只是胃酸過多，幽門螺旋桿菌更是重要病因。研究顯示，約 8 至 9 成胃癌與幽門螺旋桿菌相關，感染者未來胃癌風險約為未感染者的 6 倍。透過糞便檢測可先找出感染者，再結合年齡、家族史、症狀與生活習慣進行風險分層。高風險者可進一步接受治療與胃鏡檢查，低風險者則避免不必要檢查。從「人人做胃鏡」走向「先篩風險、再精準檢查」，有助提升胃癌早期預防效益。。

● 胃癌風險從年輕時就開始累積

幽門螺旋桿菌常在年輕時感染，與 10 至 20 歲期間的家庭與生活環境密切相關，家庭成員間也可能互相傳播。部分原鄉研究發現，約 20 歲時陽性率即可達約 50%，顯示早期暴露可能影響後續胃部健康。除了感染本身，胃癌風險也與家族史、胃部症狀、居住環境及生活習慣有關。重鹹、醃製食品與抽菸等因素，都可能增加胃部負擔。精準預防不只看是否感染，更應整合家族、環境與生活型態進行風險評估。

● 馬祖社區計畫-胃癌防治

馬祖因地理位置特殊，早年長期處於戰地環境，交通不便、醫療資源有限，幽門螺旋桿菌盛行率與胃癌風險也相對偏高。臺大團隊多年來深入馬祖四鄉五島推動社區防治，針對高風險族群進行篩檢與追蹤。當地過去部分地區幽門螺旋桿菌盛行率超過六成，凸顯偏鄉胃部健康問題。透過長期在地研究與防治經驗，馬祖逐步成為臺灣推動幽門螺旋桿菌篩檢與胃癌精準預防的重要示範場域。

● 胃癌防治馬祖經驗邁向國際創新模式

自 2004 年起，臺大團隊推動幽門螺旋桿菌篩檢與根除，當地胃癌發生率逐

步下降，逐漸接近臺灣本島水準。研究也進一步確認，胃癌從感染、慢性發炎、胃黏膜萎縮到癌化，與飲食、家族史及就醫時機密切相關。馬祖經驗因此成為重要防治模式，後續更發展出結合胃癌與大腸癌的糞便「二合一」篩檢，讓社區癌症預防更便利、更精準。

● AI 精準預測胃癌風險

幽門螺旋桿菌感染者的胃癌風險並不相同，除了飲食、生活習慣與個人體質外，細菌本身的毒性差異也可能影響疾病進展。研究指出，即使感染相同菌種，不同毒性基因特徵，如 *cagA*、*vacA*，對胃黏膜造成的傷害程度仍有差異。未來可透過 AI 整合年齡、生活型態等「宿主特徵」，以及細菌基因與毒性資訊，進一步進行風險分層，找出真正需要密切追蹤與介入的高風險者，朝向早期發現與個人化胃癌預防。

胃癌防治馬祖經驗邁向國際創新模式

● 胃癌多階段進展

幽門螺旋桿菌能抵抗胃酸並長期存活於胃內，相關研究也證實其與慢性胃炎及後續胃癌高度相關。胃癌的形成並非一夕之間，而是可能從年輕時感染幽門螺旋桿菌開始，逐步經歷表面性胃炎、萎縮性胃炎、腸化生，最後進展為胃癌。這種多階段病程也顯示，若能及早發現並根除幽門螺旋桿菌，就有機會在癌前階段中斷疾病進展，進一步降低胃癌發生風險。

● 胃癌曾是馬祖最重要健康威脅

1980 至 1990 年代，馬祖胃癌發生率偏高，在常住人口僅約三千人的情況下，每年仍有數人死於胃癌。當時受戰地環境、交通不便與醫療資源有限影響，加上缺乏冷藏條件，居民較常食用醃製及高鹽食物。為釐清胃癌風險，馬祖與臺大團

隊展開合作，回溯居民 15 歲前、16 至 30 歲及 30 歲後三階段飲食習慣，分析不同時期的暴露如何影響疾病進展，也為後續胃癌防治與精準風險評估奠定重要基礎。

● 馬祖飲食習慣與多階段胃癌關聯

馬祖過去受戰地環境與食物保存條件限制，居民較常攝取高鹽、醃製及肉類食品。研究回溯不同年齡階段的飲食習慣發現，飲食可能在胃癌多階段進展中扮演不同角色：頻繁攝取肉類與初期病變風險增加有關，長期高肉類攝取也可能提高胃癌風險；相較之下，持續攝取綠色蔬菜則呈現保護作用。除了飲食，幽門螺旋桿菌感染、家族史與抽菸同樣是重要風險因素。隨著生活條件改善，馬祖高鹽與醃製飲食逐漸減少，也為胃癌防治帶來新的健康契機。

● 馬祖現今胃癌已大幅減少

馬祖過去曾是胃癌高風險地區，隨著幽門螺旋桿菌篩檢與根除策略持續推動，胃癌發生率已明顯下降，逐步接近臺灣本島水準。長期研究顯示，當地胃癌發生率實際下降約 53%，預估長期降幅可達 68%。這項防治成果不僅獲得國際肯定，相關經驗也被納入世界衛生組織與國際癌症研究機構的胃癌預防專書，成為其他幽門螺旋桿菌高盛行地區的重要參考，凸顯社區篩檢與根除策略的公共衛生價值。

● 族群殺菌保胃：二合一檢測模式

馬祖幽門螺旋桿菌防治經驗進一步延伸至臺灣本島，發展出以同一份糞便檢體，同時進行大腸癌糞便潛血與幽門螺旋桿菌抗原檢測的「二合一」模式。彰化社區研究顯示，此策略可提升約 14% 篩檢參與率，幽門螺旋桿菌根除率達 97%，並降低約 21% 胃癌發生率，成本也較吹氣檢測低。透過既有大腸癌篩檢平台延伸胃癌防治，不僅提高便利性，也讓族群篩檢更具成本效益，並逐步成為臺灣推動

胃癌公費篩檢的重要基礎。

AI 精準胃癌風險預測

● 胃癌疾病進程

胃癌的形成是一個長時間、多階段演變的過程，可能從健康胃黏膜開始，逐步出現表面性胃炎、萎縮性胃炎、腸化生，最後才發展為胃癌。由於這段變化通常歷經多年，每一個階段都可能成為預防與介入的機會。透過評估個人目前所處的疾病階段與相關風險，及早發現異常並採取適當處置，就有機會阻斷病程繼續惡化，避免走到胃癌。這也凸顯精準胃癌防治的核心，不只是早期診斷，更是在適當時間點提前攔截。

● 個人化胃癌疾病進程

馬祖大數據與機器學習分析顯示，胃癌並非由單一因素造成，不同危險因子會在疾病進程的不同階段發揮作用。幽門螺旋桿菌感染是早期重要風險，感染者胃癌風險約為未感染者的 6 倍；消化道病史與宿主易感性也會增加風險。從萎縮性胃炎進展到腸化生時，高鹽、醃製食品及肉類攝取較為重要，運動與水果則具保護作用。到了腸化生進一步走向胃癌，基因與表觀遺傳因素則成為關鍵，凸顯個人化風險評估的重要性。

● 胃癌疾病進程個人化風險預測

研究顯示，透過整合個人臨床與生活相關資料，再以機器學習進行分析，可將胃癌風險區分為由低到高的不同層級。低風險族群終生胃癌風險僅約 0.42%，但最高風險族群的終生風險可達 21.04%，約每 5 人就有 1 人可能罹患胃癌。這種個人化風險預測有助辨識真正需要密切追蹤與積極介入的人，讓高風險者獲得更多檢查與預防資源，低風險者則可避免不必要處置，進一步提升胃癌篩檢與防

治的精準度。

● AI 機器學習胃癌風險預測

進一步的研究則不只看「人」，也開始分析「菌」。即使同樣感染幽門螺旋桿菌，不同菌株的基因體特徵與毒性仍可能不同；部分菌株缺乏強毒性基因，致病能力較低，另一些則帶有如 *cagA*、*vacA* 等強毒性基因，更容易黏附、破壞胃黏膜並引發發炎。研究因此結合宿主特徵與超過千筆細菌基因體資料，透過隨機森林等機器學習方法進行特徵篩選與風險預測，期望找出真正的高風險者，讓胃癌防治從全面篩檢進一步走向個人化精準預防。

● 多維度細菌基因資訊提升預測力

利用隨機森林等 AI 機器學習方法，整合年齡、臨床資料與幽門螺旋桿菌 DNA 序列特徵，建立個人化胃癌風險預測模型，整體辨識表現良好，AUC 可達 0.95。分析發現，年齡雖是最重要的單一預測因子，但真正提升模型預測能力的關鍵，來自大量細菌基因序列特徵的共同貢獻。透過整合宿主、細菌基因體、飲食與生活習慣等多維度資訊，可更精準辨識高風險族群，協助未來進一步發展個人化胃癌預測、追蹤與預防策略。

以上內容將在 **2026 年 8 月 12 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