

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 (III)

2025 年 9 月 17 日

全球公共衛生持續動盪，剛果民主共和國於 9 月中爆發第 16 波伊波拉疫情，累積 81 例確診、28 人死亡，其中 4 名為醫護，突顯前線人員的高風險。WHO 已啟動防治措施，包括環狀接種疫苗、病例隔離追蹤、單株抗體治療與安全葬禮。霍亂疫情則在非洲與中東惡化，2024 年病例數較前一年上升 5%，死亡人數激增 50%，2025 年截至 7 月僅剛果即通報逾 3.8 萬例、951 人死亡；蘇丹更累計逾 10 萬病例、2,500 人死亡，顯現霍亂 + 人道危機「疊加效應」。孟加拉登革熱疫情因極端氣候與都市化持續升溫，醫療資源面臨沉重壓力。另一方面，印度喀拉拉邦「腦食蟲」感染與美國「接吻蟲」傳播事件，也為全球人畜共通疾病敲響警鐘。近期印度與孟加拉爆發立百（尼帕）病毒，致死率高達 40 - 75%，南韓已列為「第一級法定傳染病」。該病毒以果蝠為宿主，可跨物種傳播，1998-1999 年馬來西亞與新加坡疫情主要與豬隻有關，2001 年後孟加拉與印度幾乎每年爆發人畜共通疫情，2014 年菲律賓則與馬隻相關。台灣雖尚未出現病例，但已將立百病毒列為最高等級法定傳染病，並加強監測防範。同時，類流感與腸病毒門急診人數顯著上升，顯示隨著開學季到來，校園與社區防疫壓力同步升高。

在健康科學新知部分，WHO 更新《基本藥物清單》，將 GLP-1 受體促效劑與雙重受體促效劑納入糖尿病合併心腎疾病與肥胖治療，同時將 Pembrolizumab 等免疫治療藥物擴展至更多癌種，反映精準醫療的進展。最新研究也揭示腸道菌代謝物 ImP 與動脈粥樣硬化的關聯，顯示其可能成為心血管疾

病預防新標的；單細胞轉錄體分析則幫助解碼微生物群落的功能分工與基因變異。

CAR-T 療法在血癌治療中展現長期緩解潛力，但製造成本與副作用仍待突破。

此外，人口學研究指出，全球平均壽命雖延長，但增長速度顯著放緩。

本週專題持續聚焦「精準健康微生物群」。腸道微生物被視為人體「隱形的代謝器官」，其代謝物如短鏈脂肪酸 (SCFAs)、TMAO 與膽汁酸，能影響腦、心、肝、腸等全身代謝與免疫。飲食、藥物、益生菌與運動等因素都會改變菌相。隨著多組學與人工智慧的結合，科學家能同時分析臨床數據與菌群特徵，用於疾病預測、病人分層、生物標記發掘，並提出個人化治療與營養建議。

首先，多組學 × AI/ML 腸道微生物應用。透過整合臨床數據與宏基因體、代謝體等資訊，人工智慧能同時進行疾病預測、病人分層與生物標記發掘，進一步提供個人化治療與營養建議，推動腸道菌研究邁向精準醫療。

再者，數位腸道雙胞胎 (Digital Gut Twin)。這是一種虛擬腸道模型，能模擬飲食、菌群與免疫反應的連鎖效應。例如，癌症患者若補充膳食纖維，是否能提升益菌比例與免疫檢查點治療反應，皆可透過模型預測，為臨床決策與個人化介入提供新依據。

國際及台灣疫情監視

• 剛果第 16 波伊波拉疫情持續升溫

剛果民主共和國 Kasai 省爆發第 16 波伊波拉疫情，起源於一名孕婦，短短數週已造成 81 例確診與 28 例死亡，其中包含 4 名醫護。此次疫情病毒株為致死率最高的「Zaire 型」，死亡率達 50 - 90%。2013 - 2016 年西非疫情造成逾 2.8 萬例感染、1.1 萬人死亡。病毒潛伏期 2 - 21 天，早期症狀類似感冒，後期則可引發出血與休克。康復者仍可能在腦部與精液帶毒，引發再度活化風險。

- **WHO 防治伊波拉疫情措施**

WHO 已送出 Ervebo 疫苗 400 劑，採用環狀接種策略，針對病例接觸者與前線醫護人員。並推動早期隔離、設立野戰醫院、使用單株抗體藥物提高存活率，以及倡導安全葬禮，以避免傳統接觸遺體的感染風險。疫苗運輸需冷鏈保存，但 Kasai 偏遠地區基礎建設落後，加上武裝衝突導致接觸追蹤困難。醫療資源不足，迫切需要國際社會支援。

- **WHO 發布最新霍亂報告**

2024 年全球霍亂病例數比前一年增加 5%，死亡人數上升 50%，超過 6000 人。非洲、中東、亞洲佔 98%病例，通報國家由 45 個增至 60 個。WHO 指出全球風險等級仍為非常高。非洲致死率已升至 1.9%，四分之一患者死於醫療體系之外。

- **2025 年非洲霍亂疫情**

非洲 12 國爆發疫情，剛果民主共和國截至 7 月已通報 3.8 萬例病例、951 死亡，其中幼童佔 25.6%。部分地區致死率高達 8%，難民與流離失所者成為最大風險族群。蘇丹疫情更嚴重，自 2024 年中爆發以來，病例逾 10 萬，死亡數突破 2500，創近年新高。

- **孟加拉登革熱疫情升溫**

孟加拉雨季疊加氣候變遷，導致登革熱疫情惡化。達卡市人口稠密、排水不良，醫院床位爆滿，醫療系統承受巨大壓力。屈公病等病毒也同步復甦，加劇公共衛生挑戰。

- **印度喀拉拉邦「腦食蟲」感染激增**

印度南部喀拉拉邦近期「腦食蟲」感染病例激增，引發公共衛生警戒。經受

污染水源入侵鼻腔後可直達腦部，導致致命性腦膜腦炎，死亡率極高。患者早期症狀包括頭痛、發燒與噁心，後期可迅速惡化至昏迷甚至死亡。由於缺乏有效疫苗與標準治療，專家提醒民眾避免接觸可疑水源並加強飲用水衛生。

- **美國「接吻蟲」感染激增**

美國近期「接吻蟲」感染病例激增，引發公共衛生關注。接吻蟲多在夜間出沒，喜愛叮咬人臉，特別是嘴唇與眼睛周圍，因血管豐富而成為主要叮咬部位。此昆蟲叮咬後可能傳播寄生蟲，導致恰加斯病，患者可能出現發燒、疲倦、心臟與腸道併發症，甚至威脅生命。專家提醒應加強居家防蚊措施，避免夜間遭叮咬，並持續監測疫情發展。

- **國際「立百(尼帕)病毒」感染爆發**

近期印度與孟加拉相繼爆發尼帕病毒疫情，致死率高，引發國際關注。台灣目前尚未出現病例，但已將尼帕病毒列為第一級法定傳染病，一旦發現疑似或確診病例，須立即通報、隔離並展開流行病學調查。疾管單位強調，將持續監測國際疫情，並視情況採取進一步防疫措施，以降低病毒輸入風險。

- **尼帕病毒流行經驗**

尼帕病毒自 1998 年馬來西亞首次爆發以來，多次引發跨國疫情。該病毒與亨德拉病毒同屬副黏液病毒，臨床表現從無症狀、輕微發燒到致命性腦炎不等。主要自然宿主為果蝠，並可透過豬、馬等家畜或直接由蝙蝠傳人，具強大跨物種傳播力，甚至能感染靈長類。歷年疫情顯示致死率極高，馬來西亞與新加坡約 40%，孟加拉與印度高達 70%，菲律賓則為 53%，引發各國高度警戒。

- **台灣類流感門急診人數上升**

台灣近期流感疫情升溫，以 Type A 為主，門診與急診就診人數明顯增加。專

家預估入秋及冬季後疫情將更趨嚴重，呼籲民眾及早接種流感疫苗，加強自我防護。建議保持良好衛生習慣，包括勤洗手、戴口罩與避免人潮擁擠場所，以降低感染風險。醫界提醒需提前準備，避免疫情高峰期造成醫療壓力。

- **台灣腸病毒門急診人數上升**

腸病毒門急診人數增加，以 Coxsackievirus A 為主，但 Echovirus 個案增多，學齡兒童為重症高風險群，需加強防疫。

- **臺灣 2025 年 8 月超額死亡趨緩**

2025 年 8 月台灣超額死亡比例逐漸下降，疫情後大流行解封，死亡率已趨近於背景值，顯示公共衛生措施逐步發揮成效。

健康科學新知

- **WHO 更新基本藥物清單**

世界衛生組織（WHO）最新將 GLP-1 受體促效劑納入基本藥物，用於治療第二型糖尿病，特別適合合併心腎疾病或肥胖患者。代表性藥物包括 semaglutide 與 tirzepatide。同時也新增癌症免疫治療藥物 pembrolizumab、atezolizumab 等，反映全球對糖尿病與癌症治療的迫切需求。

- **新型腸道菌代謝物-動脈粥樣硬化隱形推手**

《Nature》研究發現腸道菌代謝物 ImP 能進入血液循環，影響心血管健康，並與斑塊形成相關。高膽固醇飲食與炎症患者 ImP 水準偏高，且與膽固醇、發炎標誌一同評估時，更能區分動脈粥樣硬化風險。ImP 未來可能成為心血管疾病預防與治療的重要新策略。

- **單細胞轉錄體分析來解剖微生物群落**

過去微生物研究多以「群體」為單位，但最新研究發現，即便同為一種菌，

個別細胞間的功能與狀態仍可能截然不同。單細胞轉錄體技術如同微創手術般，能精細揭示每個微生物細胞的基因表現，為探究腸道與微生物多樣性開啟新視角。研究指出，微生物與人體高度互動，有些細胞會休眠、形成孢子以因應環境壓力，在宿主狀況改變時再度被活化，甚至可能轉為致病。

此外，外來刺激如噬菌體感染，也可能促使微生物產生新結構或致病能力。最重要的是，單細胞分析揭示了三大核心議題：功能分工：同種菌內部可能有多種角色；抗藥性：休眠細胞可逃避治療，在環境適合時再度活化；基因轉移：細菌間可快速交換基因，產生新特性與抗藥性。

- **CAR-T 療法治療血癌最新進展**

最新研究顯示 CAR-T 細胞治療在復發或難治型骨髓瘤患者中展現突破性成果。5 年隨訪顯示 33% 患者未再惡化，部分達到 MRD 陰性並持續緩解，總生存期中位數達 60.7 個月。雖仍面臨成本、副作用與製造時間挑戰，CAR-T 已成為血癌治療的重要新希望。

- **人類壽命增長速度漸漸放緩**

隨著醫療與公共衛生的進步，自二十世紀以來，全球人民的平均壽命越來越長，但是壽命增長到某一個程度仍然會有天花板。德國馬克思普朗人口研究所的 José Andrade 運用死亡率模型推算 1900~1938 年和 1939 至今富裕國家人口平均壽命，發現 1900~1938 平均壽命每年約增長 6 個月，而 1939 至今年平均壽命僅約增加 3 個月。原因是因為在 1900~1938 年時醫療普及、醫療技術進步和公共衛生改善；而 1939 至今是因為兒童死亡率在富裕國家已經降到非常低，在進一步改善的空間有限。

精準腸道健康微生物群

- **第二大腦與腸腦軸**

醫學界指出，腸道被稱為「第二大腦」，擁有與腦部相當的神經元數量與龐大菌群，能獨立調控並透過腸腦軸與大腦雙向交流。研究顯示，腸道細菌不僅影響飲食習慣，更能調控血清素分泌，進而左右快樂感、壓力反應與精神狀態，凸顯腸道健康在身心調節上的關鍵角色。

- **COVID-19 與腸道影響**

最新研究發現，COVID-19 病毒可長期存在於腸道並影響免疫調控，與長新冠的多種症狀息息相關，包括脫髮、皮膚惡化、焦慮、腦霧、失眠及腸胃不適。專家指出，這些現象與免疫及腸道菌相失衡密切相關，顯示腸道在新冠後遺症中的關鍵角色，未來可能成為治療突破口。

- **飲食、益生菌精準健康**

科學家強調，維護腸道健康的核心在於飲食與益生菌。高纖飲食如蔬果、堅果、豆腐能促進好菌生長，而透過 AI 可尋找具潛力的特定菌株，如青春雙歧桿菌，改善免疫與疫苗效力。專家認為，這項技術有望成為長新冠的潛在解方，推動個人化精準健康的發展。

- **腸道微生物如何影響人體代謝？**

研究指出，腸道微生物代謝物如短鏈脂肪酸（SCFAs）、TMAO 與膽汁酸，能影響腦、心、肝、腸等器官，重塑宿主代謝。隨著高通量多體學技術的應用，科學家得以深入解碼微生物與人體的交互作用，進一步揭開腸道微生物如何主導代謝平衡的機制。

- **多組學 × AI/ML**：從個人特徵到精準介入

最新研究顯示，將臨床數據與宏基因體學、代謝體學等多組學資料整合進機器學習，可同時進行疾病預測、病人分群與生物標記發掘。這不僅能提高治療成效，也能提供個人化營養與醫療建議。專家表示，這種「AI × 多組學」模式將成為精準醫療的重要突破。

數位腸道雙胞胎透過臨床與多組學資料模擬個體腸道環境，進行虛擬實驗與治療預測。此技術未來可望應用於疾病風險評估、營養介入及藥物反應分析，成為個人化健康管理的革命性工具，推動腸道醫療邁向數位化與精準化。

多組學 × AI/ML 腸道微生物應用

腸道微生物組在精準醫療中扮演關鍵角色。透過多重體學（基因體、轉錄體、蛋白體、代謝體）技術收集龐大數據，並結合人工智慧進行分析，可以發現疾病相關生物標記，協助疾病分類與預測或者給予不同個體的治療方式。

腸道菌群是人體健康的重要守護者。它們不僅幫助食物消化與營養吸收，還與免疫系統緊密相關。研究顯示，我們約有 70% 的免疫系統位於腸道內，微生物多樣性能影響疾病風險與治療反應。若能善用腸道菌資訊，便能推動個人化健康管理與精準醫療，打造專屬的防病與治療策略。

腸道菌多組學整合解析提供了深入理解微生物與宿主互動的重要工具。宏基因組學透過解讀微生物 DNA 庫，揭示群落組成與潛在的功能；宏轉錄組學則專注於 RNA 序列，捕捉基因表現及動態調控，展現微生物即時的活性狀態。代謝組學主要是去進一步分析小分子代謝物，說明微生物與宿主間相互作用的分析；宏蛋白質體學則關注蛋白質種類與含量，確定微生物如何影響宿主的生理與代謝。這些方法互補結合，形成一個全面的研究框架，不僅能描繪微生物組的靜態組成

與功能特性，還能揭示其在不同條件下的動態變化，最終有助於發現與疾病相關的生物標記，並推動精準醫療與個人化健康管理。

人工智慧與機器學習在多組學分析中扮演關鍵角色，能夠從大量且複雜的數據中挖掘潛在規律。監督式學習透過標註資料進行分類與迴歸，如隨機森林、支持向量機與深度學習，可精準預測疾病或治療反應。非監督式學習則著重於無標註資料的聚類與降維，像是 K-means、UMAP、PCA 等方法，有助於揭示微生物群落結構。半監督式學習則結合部分標註與未標註數據，提升模型在有限標籤下的效能，並透過 VAE/GAN 或多組學整合策略達到更高解釋力。

疾病分類與預測可藉由生物標誌物分析完成；在發炎性腸病、代謝疾病及神經精神領域中，若能辨識出關鍵菌群與代謝路徑，便能協助解析疾病機制。針對抗菌藥物的抗藥性，則可發現關鍵抗性基因，並提前預測潛在的抗菌威脅。在臨床應用上，這些研究成果能用於治療反應的預測與個人化療法的調整，例如免疫檢查點抑制劑反應、CAR-T 療效，以及個人化益生菌、腸菌 AI 飲食或菌群移植策略。透過這些整合應用，腸道菌研究得以轉化為臨床可行的精準治療方案。

(Rozera et al, 2025 Gastroenterol)

數位腸道雙胞胎

在腸道菌與人體健康的研究持續推進下，透過數位雙胞胎技術，可望實現針對個人差異的精準腸道菌介入措施，進而應用於癌症的預防與治療。人體腸道菌群受到多種因素影響，包含飲食、腸道代謝物、人體宿主特性、多組學資料、臨床資訊與行為環境等，而這些因素彼此密切交互作用，可能進一步影響疾病發展過程，例如癌症的發生與進程。在這樣的基礎上，科學家希望能透過數位模擬技術，針對每個人的飲食習慣與微生物特性，量身打造益生菌或後生元的介入策略，

以提升預防或治療成效。

由於每位個體的宿主特性不同，對相同的飲食或益生菌補充可能產生完全不同的腸道菌反應與健康影響，因此難以制定對所有人皆適用的統一介入方式。這也正是為何目前科學界積極推動個人化與精準醫療，以更符合個體化需求。

隨著腸道菌與飲食相互作用的研究深入，飲食中的纖維可透過特定腸道菌，如普拉梭菌(*Faecalibacterium prausnitzii*)與羅斯布立亞菌(*Roseburia intestinalis*)，代謝產生短鏈脂肪酸，特別是丁酸，在癌症預防上具有潛力。丁酸的好處包括：抑制致癌基因表現、抗發炎以降低腫瘤生成環境、提供腸道上皮細胞能量、增強免疫系統功能等。然而，研究者也提醒，丁酸對不同個體未必都是正面效果。舉例而言，若宿主出現 APC 基因突變，小鼠實驗顯示丁酸反而會為癌前細胞提供能量，加速其生長。這表示，即便是普遍被認為有益的物质，其效果仍可能因宿主基因特性或腸道菌群狀態不同而有顯著差異。

除了在癌症預防上扮演角色，腸道菌在癌症治療中也展現重要影響力。若癌症病患體內腸道中益菌 *Akkermansia muciniphila* (黏蛋白阿克曼菌) 較多，可促進樹突細胞成熟並活化 T 細胞，有助於提升免疫功能。這樣的菌相特徵，對接受如 anti-PD-1 類免疫檢查點抑制劑治療的癌症患者格外關鍵。觀察發現，腸道中 *Akkermansia* 較多的病人，其治療反應較好；反之，若 *Akkermansia* 較少，治療效果則相對不佳，顯示菌相差異將影響治療成效。

為進一步提升治療反應，研究提出結合 AI 模擬與數位腸道雙胞胎的方式。例如，若針對特定病患補充膳食纖維，藉此提升 *Akkermansia* 水平，便可模擬並預測其是否可能因此改善 PD-1 抑制劑的療效。

為模擬每個人獨特的腸道環境，建立了一套 AI 驅動的虛擬腸道模型。該系

統可模擬不同食物進入體內後，如何影響腸道菌群與代謝產物，進一步作用於人體免疫反應，並探討是否有助於癌症的預防與治療。這項模型的核心在於整合龐雜的微生物與疾病資料。研究首先透過技術工具整合大量文獻與科學數據，建構從「食物→菌群→代謝物→宿主效應」的知識圖譜。這樣的資料網絡可彙整過往研究中關於腸道微生物與疾病的複雜關係。接著系統會進一步運用語言訓練的決策代理來模擬腸道菌群的演變，並將其轉化為決策邏輯環境。包含辨識腸道菌群組成、進行飲食或益生菌的介入模擬，以及觀察宿主的免疫反應或代謝變化，最終預測健康結果，像是腫瘤縮小、免疫增強或副作用減輕。此一系統有助於模擬不同飲食策略或益生菌介入的連鎖反應，進而探索更個人化癌症預防與治療方法。

為了預測哪些腸道好菌可以真正幫助人體健康，運用「數位腸道雙胞胎」技術，模擬不同飲食調整與益生菌介入策略，觀察其對腸道生態與健康狀態的改變。這套系統可針對個人目前的腸道菌相狀態，進行模擬與預測。例如當好菌偏少、壞菌較多時，便可利用虛擬模擬，找出有助於減少壞菌、增加好菌的介入方式，使腸道生態趨於平衡與健康。此外，這套數位模型還具備反饋學習能力，能透過個人介入後所產生的反應進行修正與優化，使預測結果更加精準。

在一項個案應用中，針對一位準備接受免疫檢查點抑制劑（ICI）治療的 55 歲大腸癌病人，研究人員利用腸道菌群檢測發現，病人體內缺乏 *Akkermansia muciniphila* 與 *Faecalibacterium* 兩種菌種。研究指出，這兩種菌在治療反應中扮演重要角色，若缺乏可能導致較差的治療效果。為改善病人狀況，研究團隊透過「數位腸道雙胞胎」進行模擬預測，提出個人化飲食建議。例如，模擬顯示高纖飲食可提升 *Akkermansia* 菌量，進而提高短鏈脂肪酸（SCFAs）；地中海飲食則有助於增加菌群多樣性、降低壞菌；而紅肉攝取則預測會導致硫菌上升，增加癌症

風險。透過這類數位模擬，能為每位病患找出合適的飲食介入與益生菌策略，達到精準的個人化癌症預防與治療目標。(K. Leigh Greathouse et al., Cell Host & Microbe, 2025)

以上內容將在 **2025 年 9 月 17 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