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:40 歲起大腸癌篩檢,守護台灣 X 世代健康

2025年10月8日

國際間近期疫情監測顯示,全球呼吸道病毒與蟲媒疾病呈雙重升溫趨勢。台灣流感疫情持續上升,A型H3N2佔比急遽增加,形成所謂「黃金交叉」。目前累計重症2,215例、死亡545例,其中91%未接種疫苗,死亡集中於65歲以上長者族群,每十萬人死亡率達8.58。高齡與慢性病患者對H3N2病毒缺乏免疫印記,應儘速接種疫苗以降低重症與死亡風險。世界衛生組織同時公布2026年南半球流感疫苗株組成,維持A(H1N1)pdm09、A(H3N2)與B/Victoria三大血清株組合,並建議強化人畜共通型病毒候選株,以提升全球防疫準備度。

此外,台灣北部登革熱疫情出現新進展,桃園、台北及宜蘭地區均通報本土病例,部分社區有群聚跡象,衛生單位已啟動周邊噴藥與孳清行動。全球屈公病疫情持續上升,累計疑似病例超過26萬例、確診18萬例,其中美洲地區死亡達115人。美國與加拿大麻疹疫情亦為近25年最嚴重,已通報逾6,000例確診及多起嬰幼兒死亡事件,再度提醒疫苗重要性。

科學新知方面,分子記錄與主動健康監測技術的進展為個人化醫學帶來新契機。研究指出,透過 CRISPR 與重組酶「DNA 分子紀錄器」,可即時追蹤細胞生命歷程,重建基因表現與疾病演化軌跡,對癌症與再生醫學研究意義重大。另一研究證實,連續蛋白感測技術能即時反映疾病早期變化,未來有望取代傳統被動式健康監測。公共衛生與營養領域也有新發現,英國團隊追蹤 23,700 人長期飲食資料,發現遵循「星球健康飲食」糖尿病風險降低 32%,同時減少約 18%溫

室氣體排放;美國學者則證實,癌症病人持續運動可降低復發率並延長生存期, 顯示行為介入仍是抗癌核心策略。

本週專題聚焦於「40 歲起大腸癌篩檢,守護台灣 X 世代健康」,台灣近年來在 X 世代族群,大腸癌發生率逐年攀升,已成為公共衛生與醫療體系重大挑戰,透過將大腸癌篩檢起始年齡從全球多數國家現行 50 歲提前至 40 歲更能有效降低年輕大腸癌發生,目前研究證實 40-49 歲族群實施糞便潛血檢查篩檢可使大腸癌發生率下降約 21-25%,死亡率下降 34-39%。再者,隨著台灣人口結構轉變,嬰兒潮世代與 X 世代正進入或即將邁入大腸癌篩檢年齡,篩檢需求與醫療照護負擔同步增加,結合糞便血濃度訊息規劃精準篩檢策略,可同時降低發病與死亡,並提升醫療資源運用效率。

最後,年輕大腸癌發生已被證實與腸道菌叢有關,腸道菌群分析顯示,年輕型大腸癌患者腫瘤組織中富含 Akkermansia 與 Bacteroides,而 Fusobacterium 的增加則與較差預後有關,突顯腸道菌群對早發癌症的重要影響。《Nature》最新研究亦指出,大腸桿菌特定菌株(E. coli)分泌 colibactin 毒素可在年輕族群造成DNA 損傷(SBS88 與 ID18 突變),其突變率較年長者高出 2.5 至 4 倍,造成腫瘤早期突變誘發早發大腸癌,且癌症風險可能在青少年時期即開始累積。

國際及台灣疫情監視

• 台灣流感疫情持續升溫

臺灣最近的流感疫情持續升溫。從門診與急診的「類流感就診人次」來看,這幾週都有明顯上升的趨勢。同時,流感併發重症也在增加,其中最常見的就是肺炎等呼吸道相關疾病。目前肺炎及流感累計重症病例達到 2,215 例,死亡 545 例。從年齡分布來看,死亡案例主要集中在 65 歲以上的族群,共 377 例,每十

萬人死亡率高達 8.58。當中有 91%的人並未接種疫苗,顯示接種保護仍然非常重要。因此最關鍵的防疫措施仍是及早接種疫苗。另外,針對有症狀的民眾,也要把握發病 48 小時內投藥的黃金時間。疾管署署長在 10 月 1 日也特別提醒,只要臨床上醫師判斷有流感症狀,就可以立即投藥,不必等快篩結果。希望透過疫苗接種與及時治療的雙重防線,讓今年的流感疫情能夠穩定下來。希望全國疫苗接種率可提升至 70%以上,才能有效防止疫情持續升溫。

台灣流感疫情「黃金交叉」: H3N2 成為主流

今年的流感疫情出現了「黃金交叉」,H3N2 逐漸上升,成為主要流行株。H1N1 自 1917 年出現,1918 年造成全球大流行,之後經歷多次變異,直到 1957 年被 H2N2 取代。1968 年香港爆發 H3N2 流行,這株病毒從那時起就在社區中持續存在。雖然它多年來並未成為主流,但因具有高度變異性。2009 年 H1N1 再次大流行後,H3N2 仍維持在社區中低度流行。在 COVID-19 疫情後,H3N2 崛起,與 H1N1 並行發展,形成今年的黃金交叉。H3N2 之所以值得關注,是因為它在 1968 年才開始流行,現今的高齡族群多出生於那之後,缺乏對這株病毒的免疫印記。對老年人與慢性病患者而言,這意味著抵抗力較弱、重症風險較高。目前 H3N2 在社區中展現出強韌的生存力與免疫逃脫能力。防疫的關鍵仍在於接種疫苗,可有效降低重症與住院風險。外出時在人多或密閉的環境中,也建議戴上口罩並保持良好通風。

• 台灣流感疫苗株防護效果

根據世界衛生組織(WHO)建議,2024 到 2025 年北半球的流感疫苗株包含 A/Victoria/4897/2022 (H1N1)、 A/Thailand/8/2022 (H3N2), 以 及 B/Austria/1359417/2021 (B/Victoria 系)。A/H1N1 與疫苗株的相似度高達 96.6%,

低反應株僅有 3.4%,顯示疫苗與流行株的匹配度非常高。B/Victoria 系的相似度也達到 94.5%,低反應株僅 5.5%,代表整體防護效果穩定。相較之下,A/H3N2的相似度約為 70.2%,雖然略低,但仍維持七成的抗原性對應。整體而言,今年流感疫苗的抗原性匹配度仍屬良好,顯示疫苗的防護力具有代表性。尤其在 H3N2 病毒變異頻繁的情況下,接種疫苗仍是預防重症與降低感染風險的重要措施。

• 台灣流感抗病毒藥物抗藥性

台灣流感病毒對抗病毒藥物的抗藥性已有上升趨勢。以 A 型 H1N1 為例,目前檢驗 749 件樣本中,有 53 件呈現抗藥性,比例為 7.1%,相較於過去約 3.5%的水準,已上升近一倍。這顯示使用抗病毒藥物時必須更加謹慎。治療上仍需遵守「黃金 48 小時」原則,儘早投藥,並依照醫師指示完整服用療程。如果中途停藥或未遵循醫囑,容易導致病毒殘留並產生抗藥性,影響後續治療效果。針對 A 型 H3N2 與 B 型病毒,分別檢驗 174 與 175 件樣本,目前均未檢出抗藥性,顯示整體仍維持穩定狀態。不過,H1N1 仍是抗藥性主要集中族群,臨床上若病人使用克流感(Oseltamivir)後症狀惡化,應懷疑 H1N1 抗藥性可能,並進一步評估與追蹤。除持續監測 H1N1 的抗藥突變與基因序列外,臨床醫師在必要時可考慮使用替代藥物,例如 Zanamivir 或 Baloxavir marboxil。雖然 H1N1 抗藥性略有上升,但其抗原性與疫苗株仍具有 96.6%的高度相似度,疫苗預防效果依然明顯。民眾應儘早完成接種,以減少感染風險並降低重症機率。

• WHO: 2026 年南半球流感疫苗組成建議

世界衛生組織(WHO)近期也公布了 2026 年南半球流感疫苗的組成建議。由於流感病毒不斷變異,疫苗必須持續更新,以確保防護效果與公共衛生保護力。這次建議的疫苗株包括 A 型的 H1N1、H3N2,以及 B 型的 Victoria 系病毒株。

在疫苗製程上,不論是傳統的雜胚疫苗,或是細胞培養、重組蛋白與核酸型疫苗, 均採用相同的主要病毒株。A型 H1N1 的推薦株為 A/Missouri/11/2025 (H1N1)pdm09-like),A型 H3N2 則為 A/Singapore/GP20238/2024 或 A/Sydney/1359/2024(H3N2)-like),B型則延續 B/Austria/1359417/2021(B/Victoria 系)。這次的疫苗組成與過去四年的 WHO 建議一致。專家認為,目前已不再需 要納入 B/Yamagata 系病毒株,因為該株在全球監測中幾乎已消失。不過若製造 商仍採用四價疫苗配方,則可保留作為第四株,以確保廣泛保護。此外,WHO 也持續更新人畜共通型(zoonotic)流感候選疫苗株,強化對未來可能大流行的 防疫準備。這代表全球流感防治已從「季節性疫苗」的思維,逐步轉向「長期變 異監測與跨物種防護」的整合策略。

• 北美禽流感(H5N1)未更具致命性

北美地區的禽流感 H5N1 再度受到關注。H5N1 在人類病例致死率已明顯下降。從分子學的角度來看,美洲地區的 H5N1 病毒本質較為溫和,缺乏突變基因。在流行病學上,H5N1 的首例可追溯到 1997 年香港。2004 年於亞洲爆發後,人類再次感染,並於 2015 年達到高峰,當時致死率接近 50%。不過,隨著疫情橫跨歐洲、美洲之後,病毒出現變化。根據 2021 年後的監測資料,雖然感染人數再度上升,但人類病例如今的致死率僅約 1.4%,遠低於過去。部分研究也指出,過去的高致死率可能是因為大量無症狀或輕症感染者未被通報,因此實際感染致死率 (IFR) 可能僅約 0.1%。從免疫學角度來看,H5N1 中的 N1 成分與 2009 年人類季節性 H1N1 的 N1 相近,因此在人群中可能存在部分交叉免疫,使整體致死率下降。然而,公共衛生仍需嚴加防範。未來的監測工作應擴大血清學調查,整清無症狀感染的比例;同時加強家禽與野生動物的交界監測,以防病毒跨物種

傳播與再度突變。美國與其他國家目前已進一步投入人畜共通型流感疫苗株的研究,強化對可能大流行的前瞻性準備。

• COVID-19 疫苗株決策所需資料

世界衛生組織(WHO)旗下的疫苗組成技術諮詢小組(TAG-CO-VAC)預定於 2025 年 12 月召開會議,將根據全球監測資料,決定新一輪疫苗抗原株的更新方案。這項決策所需的資料包括五個主要面向:病毒基因演化趨勢與變異株資料、抗原特性測試、免疫原性資料以及疫苗製造商內部資料。目前特別受到關注的變異株包括 XBB.1.5、JN.1、KP.2、XEC、LP.8.1、NB.1.8.1 與 XFG 等,這些新興株都被列入可能的候選株以供評估。未來的血清樣本分析將必須包含接種前後、不同時間點、以及對各類變異株的中和能力,以全面評估免疫持久性與疫苗保護效力。

• 台灣北部登革熱本土疫情

台灣北部近期出現登革熱病例,桃園有6例、台北市1例,以及宜蘭縣 也出現本土個案,因為這些病例都沒有出國史。台灣的登革熱防疫一向非常嚴 謹,因此在病例出現後,防疫措施也立即啟動。以蚊蟲的飛行距離約兩百公尺 為範圍,相關單位已在桃園地區進行孳清與檢測的工作。台北市也同樣成立了 應變小組,並同步展開環境清消。至於宜蘭縣的個案,也已追蹤其活動足跡, 並進行前期的孳清與消毒作業。北部登革熱的出現是一個重要的警訊,大家不 可輕忽,這很可能與境外移入有關,北部的桃園機場與南部的高雄機場是不同 的入境點,傳播途徑也可能不一樣。因此,只要有本土個案出現,就必須立即 啟動監測與環境清除,同時落實社區的防疫措施。隨著氣候暖化,病媒蚊的棲 地與活動範圍也不斷向北延伸,它們甚至可能隨著交通工具被帶往其他地區。 這些因素都讓登革熱在北部的風險逐漸上升,必須持續關注與防範。

• 氣候變遷影響蟲媒分佈威脅歐陸

全球暖化使得病媒蚊的分布範圍逐漸擴大,原本只侷限在亞熱帶的地區,如今已經向北延伸。過去登革熱主要流行於熱帶與亞熱帶國家,但現在包括比利時、荷蘭、德國、東歐、甚至英國等國家,都已經偵測到病媒蚊的出現。這正是全球氣候暖化與人類社會高度移動的結果。隨著交通與人口流動的頻繁,蚊蟲的分布不再侷限於赤道附近的區域,而是一路往高緯度地區擴散。這樣的現象不只在歐洲發生,台灣同樣受到影響,南北氣候條件的改變,使登革熱防治更具挑戰。因此,面對氣候變遷帶來的風險,必須持續加強登革熱與其他蟲媒疾病的防治工作。

• 全球屈公病疫情分布

全球的屈公病疫情在近年持續擴散。從過去中國廣州出現病例以來,我們可以看到,這一波疫情的全球分布已愈來愈廣。截至 2025 年 9 月,全球屈公病病例持續增加,累計超過 26 萬例疑似病例與 18 萬例確診病例,死亡數達 155 例,其中大部分來自中美洲與南美洲地區。此外,歐洲地區的病例也呈現異常上升,主要集中在法屬留尼旺島與馬約特島。這些地區氣候溫暖潮濕,病媒蚊密度高,極容易造成病毒在人與蚊之間的傳播循環。雖然屈公病並非高致命性的疾病,但其擴散速度與範圍都提醒我們,全球化與氣候變遷讓人與病媒蚊之間的接觸越來越頻繁,傳播風險也相對提高。在公共衛生防治上,應持續加強病媒蚊的防治措施,強化跨境疫情通報與監測,並提升臨床診斷與檢驗能力。

• 印度面臨屈公病嚴重衝擊

在全球屈公病的疫情中,印度目前正面臨嚴重的衝擊。根據倫敦衛生與熱帶

醫學院的研究,研究團隊利用機器學習模型,結合環境與氣候數據,以及病媒蚊分布資料,模擬出屈公病的傳播風險與地理變化。結果顯示,過去對於印度屈公病的感染估計其實被嚴重低估。印度已有超過510萬人處於高風險區域,潛在感染風險人口則達1,210萬人。若加上巴西與印尼三國,這些地區合計已佔全球屈公病相關疾病與健康負擔約48%。全球範圍內,現有記錄的感染風險地區約有1,440萬人,而擴大潛在風險區域的人口約為3,490萬人,涵蓋從南亞到東南亞,甚至中國華南地區。全球平均感染率約為1.2%到1.3%,雖然低於登革熱的感染比例,但分布範圍更為廣泛。在部分高風險地區,例如非洲部分區域,感染率甚至可高達11%。

• 美國麻疹疫情 25 年來最嚴重

美國的麻疹疫情再度升溫,目前累計病例已達 1,544 例,為美國自 2000 年宣布消滅麻疹以來的最高紀錄。這波疫情中,約有 86%的病例屬於群聚感染,顯示社區傳播已明顯擴大,波及範圍涵蓋全美 42 個州。目前已有 3 例確診死亡病例。這些病例大多發生在未接種麻疹、腮腺炎及德國麻疹混合疫苗(MMR)的人群中。麻疹的群體免疫安全門檻為 95%,但美國近三個學年度的接種率分別為 2019 至 2020 年的 95.2%、2021 至 2022 年的 93%、以及 2023 至 2024 年的 92.7%,已低於理想的防護水準。其中兩名死亡個案皆為未接種疫苗的兒童,一名為學齡前幼童,另一名為 8 歲女童。這次疫情顯示,疫苗接種率的下降正直接影響公共衛生安全。

• 加拿大麻疹疫情升溫

加拿大的麻疹疫情近期明顯升溫。根據最新通報,2025年全國共出現5,006 例麻疹病例,其中4,646例經實驗室確認。疫情主要集中在阿爾伯塔省,該省截 至9月底已累計通報 1,910 例確診病例,多數患者為未接種疫苗者。累計住院病例達 152 人,其中有 15 人病情嚴重,需進入加護病房治療。加拿大出現了 25 年來首度與麻疹相關的嬰兒死亡案例。這兩起個案皆為先天性麻疹,也就是母親在懷孕期間感染麻疹,病毒經由胎盤垂直傳染給胎兒。第一例發生於安大略省,第二例則發生在阿爾伯塔省,兩例均為早產嬰兒。這是加拿大 25 年來首次出現麻疹相關的嬰兒死亡,對公共衛生體系而言是一項重大警訊。

健康科學新知

• 從基因編輯到細胞日誌:即時分子記錄技術

科學家正利用基因編輯與合成生物學,讓細胞能自己寫日記。傳統研究只能 觀察細胞的最終狀態,但新一代 DNA 記錄技術能在分子層級即時捕捉細胞接收 到的訊號、狀態轉換與基因表現。這些分子紀錄器將細胞生命史由靜態轉為動態, 未來有望改變我們對發育、癌症進程與個人化醫療的理解。

• 以連續蛋白監測實現主動健康管理

新興的可穿戴微流體與多重蛋白感測技術,讓人體蛋白濃度得以連續監測, 結合醫療回饋形成主動照護系統。與傳統等症狀出現才介入的被動模式不同,連 續蛋白監測能及早發現疾病徵兆、提升預防效果。研究指出,蛋白質濃度對疾病、 治療及環境變化極為敏感,有望成為早期預警的新指標。

• 星球飲食降低糖尿病風險兼顧永續

劍橋大學研究追蹤 23700 名成人 20 年,結果顯示遵循「星球健康飲食」(以全穀、蔬果為主、減少肉類與含糖飲料)者,罹患第 2 型糖尿病的風險降低 32%,且溫室氣體排放估計減少 18%。這項結果顯示健康飲食不僅利己,也能減少環境負擔。不過研究者強調,此為關聯性研究,尚不能證明因果關係。

• 運動是最好的抗癌處方

針對大腸癌患者的最新研究顯示,手術與化療後若持續運動,復發風險顯著下降、存活期更長。建議每週進行 150 分鐘中等強度運動(如快走、游泳)或 75 分鐘高強度運動(如慢跑、有氧操),並加入肌力訓練兩天以上。運動除能延長生存,也能改善體力與心情,但患者應先諮詢醫師以調整強度。

• 秀麗隱桿線蟲揭示跨代長壽新機制

美國研究團隊發現,當秀麗隱桿線蟲在食物匱乏環境下,腸道中的溶酶體活化會促進表觀遺傳變化,進而延長壽命。更驚人的是,這種變化會透過分子訊號傳遞給生殖細胞,使後代也獲得壽命延長的效應。這顯示環境訊號可被記錄並遺傳至下一代,揭開跨世代長壽的全新機制。

年輕大腸癌精準預防

• 台灣 40-49 歲大腸癌發生率名列前矛

臺灣雖然已在 50 歲以上民眾推動大腸癌篩檢,但近期觀察顯示,未納入篩檢的 40 至 49 歲族群大腸癌發生率急遽上升。最新資料指出,男性達每十萬人 43 例、女性 29 例,居全球前段。專家警告,這顯示年輕世代正面臨早發性大腸癌威脅,呼籲應重新檢視篩檢年齡與政策,及早介入預防措施,以遏止趨勢惡化。

年輕新世代面臨早發大腸癌危機機轉

全球出現明顯的早發癌症上升趨勢,特別是 50 歲以下的大腸癌患者快速增加。研究顯示,年輕族群的結腸癌風險較以往高出兩倍、直腸癌更高出四倍。這種現象正改變癌症流行病學格局,引發醫界對飲食、環境與腸道菌失衡等潛在因素的高度關注。

• 年輕癌症上升趨勢新線索

研究團隊發現,一種名為 colibactin 的毒素可能是年輕族群癌症提前發生的關鍵。該毒素由特定大腸桿菌菌株分泌,能造成 DNA 損傷並誘發突變。研究指出,40 歲以下病患中超過一半檢出此突變,而 60 歲以上僅約 20%。科學家形容這如同癌症時鐘提前 20 至 30 年,呼籲應及早監測腸道菌變化與風險。

台灣各年齡層大腸癌發生率歷年趨勢

自 1996 年健保實施以來,台灣逐步提升大腸癌防治力度,2004 年起啟動 50 歲以上篩檢,2010 年再擴及全國醫院 P4P 制度。長期投入 20 年後,55 歲以上族群的大腸癌發生率明顯下降,顯示政策成效。然而最新資料也揭示,40 至 49 歲族群的發生率卻悄然上升,顯示早發性大腸癌風險增高,需重新檢討篩檢年齡與預防策略。

50-59 歲族群隨著 1996 年全民健保上路、2004 年篩檢計畫開始及 2010 年 擴大實施後,發生率一度上升並逐漸趨緩;55-59 歲發生率高於 50-54 歲。40-49 歲未納入篩檢族群,發生率整體較低,但仍呈逐年上升,尤其 45-49 歲較 40-44 歲更明顯。整體來看,隨醫療與篩檢推動,年齡越高發生率越高,且篩檢政策 推行與數據變化有明顯關聯。

人口結構變遷對醫療需求與供給衝擊

若 50 歲才開始大腸癌篩檢,高風險族群恐延遲診斷,不僅提升治療成本, 也造成更高死亡風險,對醫療需求與供給造成衝擊。若從 40-49 歲就開始大腸癌 篩檢,能否降低大腸癌發生率和死亡率? 我們做了研究,台灣在基隆與台南進行 40-49 歲大腸癌社區篩檢研究,證實糞便潛血檢查有效,可降低發生率與死亡 率,顯示提早篩檢具可行性與公共衛生價值。

• 年輕大腸癌篩檢效益評估

研究以基隆和台南社區居民為對象,利用糞便潛血檢查(FIT),比較有參加與未參加篩檢者之後的癌症發生與死亡情形。結果顯示,參加年輕大腸癌篩檢並持續接受全國篩檢者,共39,315人,觀察到178例大腸癌與22例死亡;相對於未參加者,癌症發生率與死亡率明顯較低。相反地,未參加年輕篩檢者,即使後來接受全國篩檢,仍發生492例大腸癌與85例死亡,負擔更重。此結果強調,提前至40歲進行大腸癌篩檢,可有效降低癌症發生與死亡,具有公共衛生價值,支持擴大篩檢年齡層的重要性。

年輕大腸癌篩檢下降發生率&死亡率

研究顯示,若大腸癌篩檢從 40-49 歲即開始,相較於 50 歲才啟動,可使發生率下降約 21-25%,死亡率下降 34-39%。台灣基隆與台南的實證結果證明,提早篩檢能有效減少癌症發生與死亡,顯示公共衛生效益顯著。

精準大腸直腸癌篩檢

台灣自 2004 年推動大腸癌篩檢計畫,提供 50-74 歲民眾每兩年一次糞便潛血檢查,篩檢陽性者接受大腸鏡確診。至今超過 700 萬人受檢,整體可降低 33%大腸癌死亡率,其中近端大腸減少 16%、遠端大腸減少 38%,展現顯著公共衛生成效。

1985年時,3-21歲人口高達7,363,878人,顯示當時青壯年人口基數龐大。 進入2005年,1965-1983年出生的X世代22-40歲人口達7,202,650人,正是 社會主要勞動力來源。到2025年,這批X世代已步入41-59歲,人口仍有 7,059,389人,將成為中年與高齡醫療需求的主要族群。這些龐大人口世代的健 康狀況,將直接影響慢性病預防、篩檢與醫療資源配置的壓力。 篩檢間隔影響假陰性(FN)與假陽性(FP):一年一次可降低FN但增加FP; 三年一次則降低FP但FN升高。高風險族群若間隔過長恐出現間隔癌,低風險 族群則可能過度診斷。

核心概念是依據族群風險分層,選擇合適的篩檢工具與間隔。例如糞便潛血檢查濃度愈高,代表風險愈高,需緊急安排大腸鏡檢查;中低濃度者則可依風險分配醫療資源與篩檢頻率。這種策略能兼顧醫療資源有限與高風險族群的需求,有助提升篩檢效益並避免過度診斷,實現精準公共衛生。

糞便潛血濃度 (f-Hb) 與後續大腸癌發生率、進展癌及死亡率呈現強烈劑量 反應,高濃度者風險顯著上升。依濃度可分層調整篩檢間隔:<50 ng/mL 可 5 年一次,≥750 ng/mL 則需 0.5 年一次。與傳統兩年一篩相比,個人化策略可減少檢 測劑量與試劑量、降低大腸鏡需求,並有效減少大腸癌發生與死亡。例如 100% 轉介率下,大腸鏡需求減少至 135K 次,死亡減少率可達 11%,顯示精準分層可兼顧效率與成效。

研究證實「重覆糞便潛血濃度結果」可作為動態調整大腸癌篩檢間隔的重要 建議指標,若糞便潛血檢測為陽性,後續進行大腸鏡檢查後,如發現異常,亦需 進行後續監測,糞便潛血濃度除了用於篩檢,也可作為精準監測依據工具之一。

腺瘤雖為低風險小型病灶,但即使為低風險腺瘤,其當次糞便潛血濃度高低仍可提供風險資訊。分析結果顯示,糞便潛血濃度越高,即便為低風險腺瘤,未來仍有較高風險性,研究據此進一步提出精準腺瘤監測建議,可取代美國USMSTF建議(低風險7-10年、高風險3年再做大腸鏡)、預估可減少約10%的大腸鏡需求,並降低約7%的大腸癌風險。

對於低風險腺瘤個案,其大腸鏡需求量可進一步降低。回顧過去 20 年資料

發現,部分民眾會重複參與檢查,即使前兩次糞便潛血檢查皆為陰性,其濃度高低仍與第三次檢查的陽性率有相關,顯示第一次為陰性之個案,其潛血濃度可預測第二次的陽性機率,若連續兩次皆為陰性者,其潛血濃度仍對第三次檢查結果具有預測力。分析大腸癌罹病風險,關注焦點不僅限於陽性結果,連續兩次最近檢測結果,其潛血濃度高低仍可能與未來罹癌風險相關。

有些個案雖兩次糞便潛血濃度皆為陰性、且屬於低濃度族群,卻仍出現後續 大腸癌風險,這可能與一種來自大腸桿菌(E.coli)所分泌的毒素 colibactin 有關。 此類個體在年輕時期的 E.coli 暴露量低,導致 colibactin 作用也相對較弱。研究 指出,在早期發病族群中可見 DNA 損傷的突變痕跡(如 SBS88、ID18)。另外也 發現早發癌比晚發癌族群更顯著累積 DNA 傷害,年輕患者中這些突變特徵上升 明顯,可能是早發大腸癌的潛在指標。目前正持續研究此類突變,未來有望成為 精準預測與風險評估的重要線索。(Yen et al., JAMA Oncol, 2024) (Nature | Vol 643 | 3 July 2025)

微生物菌叢與年輕大腸癌

探討年輕型與晚發型大腸癌的差異,特別是從腸道菌相切入,利用 16S rRNA 定序技術,分析腫瘤組織與鄰近正常組織的菌相差異。結果顯示,年輕型大腸癌的菌相豐富度明顯較高, α -多樣性高於晚發型。 β -多樣性分析發現,年輕型與晚發型腫瘤菌群結構散布於圖中不同區域,顯示菌群組成存在顯著差異。年輕型腫瘤中,菌群較偏向代謝型,如 Akkermansia 與 Bacteroides。相較之下,晚發型腫瘤的菌群則偏向致病性與發炎性菌種,如 Pseudomonas、Enterococcus。

利用 heatmap 顯示不同組別(年輕大腸癌、晚發型大腸癌、腫瘤與非腫瘤組織)在各菌屬的相對豐度差異。觀察結果顯示年輕型大腸癌腫瘤中富集的菌屬為

Akkermansia (akk 菌屬)與 Bacteroides (泥桿菌屬)。Akkermansia 是一種代謝菌,與腸道屏障維持與免疫調節有關;Bacteroides 可促進免疫再生與能量代謝,屬於代謝型共生菌。相對地,晚發型大腸癌腫瘤中富集的則是致病性、癌症性菌屬,如 Pseudomonas、Staphylococcus、Fusobacterium、Listeria 等。此結果顯示兩者可能有「兩大不同的致癌機轉」,年輕型大腸癌與腸道菌相變化有密切關聯。

比較年輕大腸癌與晚發型大腸癌的突變印記差異,發現年輕大腸癌最重要、 最常見的突變特徵是 colibactin,由大腸桿菌 (E.coli) 特定菌株分泌的毒素,會 進入上皮細胞造成 DNA 損傷。其中如 SBS5、ID1、ID2、ID4、ID9、ID10 會隨 年齡增長而上升,代表「老化型突變」;如 SBS88、ID18 則代表 E.coli 分泌 colibactin 毒素造成的 DNA 損傷,隨年齡下降,在年輕族群中更常見。

SBS88 與 ID18 兩種突變印記,在年輕族群中明顯偏高。SBS88: <40 歲約33%,而70 歲以上僅10%; ID18: <40 歲約48%,而70 歲以上僅13%,顯示年輕族群的突變比例是年長者的2.5-4倍。這些突變與一種名為 colibactin 細菌毒素相關,而這種毒素來自大腸桿菌,可造成腸道上皮細胞 DNA 損傷。這類 colibactin 暴露可能早在兒童或青少年時期就已經發生,即便當時腸道還是正常的,也可能埋下癌變風險。因此癌症的發生時點可能比一般人提早20-30年。

老年型大腸癌突變隨年齡上升而增加,是純粹與老化有關的突變;年輕大腸癌則呈現另一種截然不同的突變模式,反應出其疾病形成機轉與年長者不同。此外,即使發生癌症後,這些微生物或突變印記也可能影響患者的預後,例如存活情況。

腫瘤部位的菌群差異:年輕型大腸癌腫瘤中,李斯特菌屬(Listeria)與阿克曼氏菌屬(Akkermansia)相對較多;晚發型大腸癌腫瘤中,葡萄球菌屬

(Staphylococcus)與腸球菌屬(Enterococcus)相對較多,另外也顯示不同腫瘤位置(直腸 vs 結腸)菌群也有差異。癌症不同期別的菌群變化:年輕型大腸癌在早期腫瘤中特別富含泥桿菌屬(Bacteroides),但到晚期(stage IV)時明顯下降;一般大腸癌的晚期腫瘤則相對富含細梭菌屬(Fusobacterium)。綜合發現,不同菌屬可能參與大腸癌發生的不同階段,如泥桿菌屬或許參與早期發生,細梭菌屬則可能參與晚期進展的過程。

研究指出不同菌種與腫瘤大小存在關聯性。以阿克曼氏菌屬(Akkermansia) 為例:含量較高者,腫瘤大小傾向較小;而細梭菌屬(Fusobacterium)豐富者, 則與較大的腫瘤有關。且菌群與存活時間關聯:Akkermansia 越多,其存活時間 越長;Fusobacterium 越多,其存活時間越短,顯示不同菌種的分布,可能與腫瘤 後續的預後狀況密切相關。因此腸道菌群的分布,可能影響早期癌症的發生機轉 及癌症的預後表現。

總結來說,無論是年輕型或晚發性大腸癌,其腸道菌相皆存在明顯差異,這 些差異可能與臨床預後相關。關鍵菌種與年輕型大腸癌關聯,特別是 Akkermansia 與 Bacteroides,與年輕型大腸癌具有相關性。此外, Colibactin 機轉亦被指出與 年輕型大腸癌相關。理解這些菌相與機轉,有助於未來發展精準預防策略及精準 篩檢工具。(Shimoli V. et al., eBioMedicine, 2024)

以上內容將在 2025 年 10 月 8 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

