

## AI醫檢新科技 3

## 智腸檢——

## 建立屬於台灣人的腸道菌相資料庫

文·圖／檢驗醫學部 創新研發科實驗室研發產學組 博士後研究員 賴紫綸  
檢驗醫學中心 院長 薛博仁

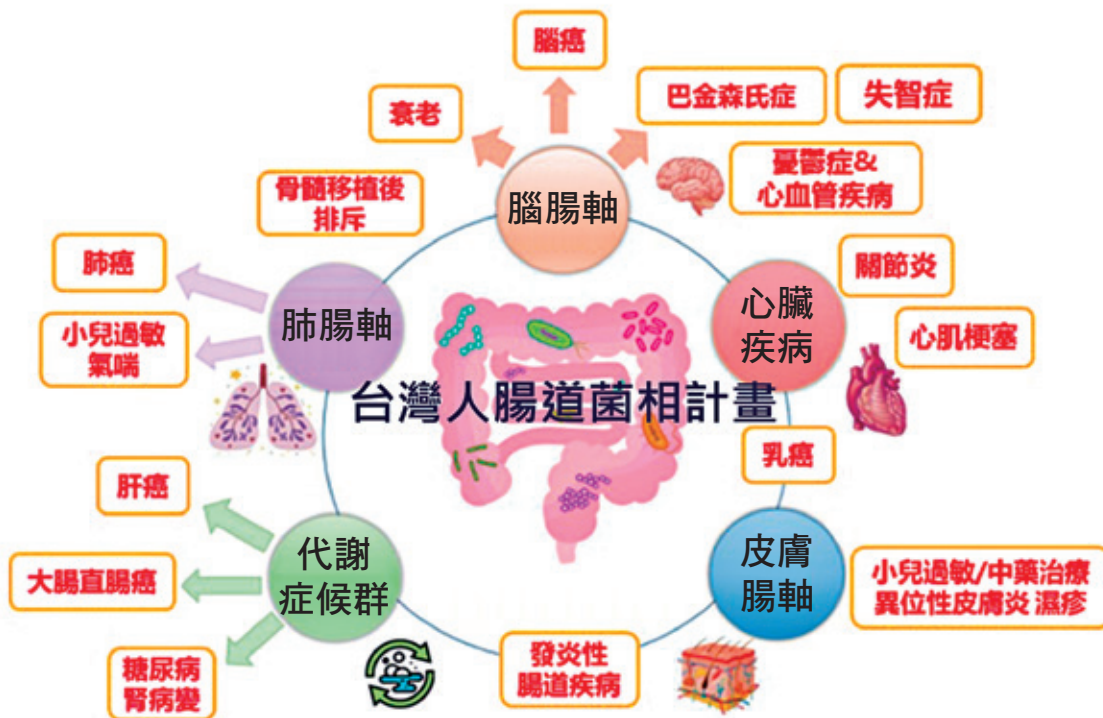
**腸**道，被譽為人體內的「第二大腦」，不僅負責消化和排毒，更與整體健康息息相關，隨著近年來醫學研究的進展，其重要性日益受到關注。近期，美國的「人體微生物組計畫（Human Microbiome Project, HMP）」和歐盟的「人體腸道總體基因體學研究計畫（Metagenomics of the Human Intestinal Tract, MetaHIT）」為微生物組研究帶來了新的里程碑。這些計畫旨在深入研究人體腸道的微生物組成，並進一步揭露腸道微生物失衡與多種疾病的密切關聯。透過這些研究，我們認識到，腸道微生物菌群的失衡可能會增加患病風險。

隨著社會老齡化及癌症患者年齡層的下移，健康成為大家所共同關心的焦點。這也推動了「預防勝於治療」的醫學理念日漸受

到重視。然而，我們必須明白，「定期健康檢查」與「疾病治療」有其本質上的區別：前者的核心是希望大家能夠提早發現潛在的健康問題，提前介入，從而改進生活方式。腸道菌叢檢測不僅針對個人的腸道菌群進行詳細分析，還著重於研究腸道菌和各種疾病之間的相互作用，目標將為每位個體提供更精確的健康預防策略。

### 智腸檢iMe平台的運用 採用三代定序技術分辨獨特性

智腸檢「iMe」進一步採用三代定序技術，透過其特有的長讀長擴增子（long-read amplicons）提供了卓越的高通量與高解析度，深入研究腸道菌叢在健康人及疾病發生間的微妙關係。值得注意的是，當我們比較



Modified <https://doi.org/10.1186/s12967-022-03296-9>

本院智腸檢的台灣人腸道菌相計畫示意圖。

16S擴增子定序結果，二代定序技術所呈現的分類主要停留在「屬」的階層，而三代定序則能更精準地鑑定至「種」的階層。更加吸引人的是，三代定序所提供的定序數據量，是二代定序的約兩倍。三代定序不僅如此，其長讀長技術（涵蓋全長的16S rRNA基因、ITS 區域以及23S基因）也展現了高達94.54-99.75%的完整性。此優勢使得我們能夠精確地利用腸道微生物的獨特指紋，分辨不同宿主間的腸道微生物組成。

除了揭露菌相的豐富度，智腸檢還能進一步探索其與宿主代謝體組的相互作用，作為評估宿主健康狀態的有力指標。在我們建立的這個資料庫中，涵蓋了健康、亞健康的人群以及12項主要疾病，如：各類癌症（肺、肝、大腸直腸、腦）、骨髓移植後的

排斥反應、衰老症狀、心肌梗塞、巴金森氏症、失智症、第二型糖尿病的腎病變、中藥對腸道菌叢的調節效果、發炎性腸道疾病，以及脊椎關節炎等（上圖）。我們的目標是進一步了解腸道微生物在人體健康和疾病發生、治療過程中的關鍵角色，期望能夠將這些寶貴的研究成果應用於臨床治療中。

### CAP標準化檢體處理流程： 確保結果準確性並節省成本

智腸檢「iMe」之腸道菌叢檢測採用PacBio HiFi第三代定序技術，針對細菌的16S rRNA全長基因進行深入檢測。值得注意的是，在檢體處理的每一步驟，從檢體採集，到DNA基因體組的萃取，再到16S rRNA基因建庫、上機與分析過程，都採半自動化技術

流程，並嚴格監控樣品的污染狀況，確保結果準確性。

此外，為了簡化和便利受試者的體驗，智腸檢使用了日本的「Raku-Ryu Cup」非侵入性的方式採集糞便檢體。本收集杯不僅獲得日本臨床微生物學會的推薦，並被列為標準糞便收集方法。通過這種方法，我們只需從收集杯中取少量樣本。且值得一提的是，我們使用的採樣管保存液具有高度穩定性。根據我們的測試，這種保存液能確保在室溫下檢體的菌相長時間穩定，從而大大節省了運送和保存的相關成本。

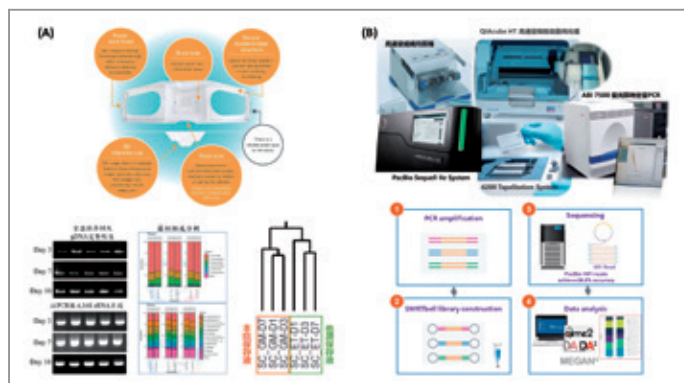
### 深度資料分析： 揭露腸道微生物與疾病的微妙關聯

在數據分析階段，我們利用了高精度（ $\geq$  Q30）的單分子長讀取（HiFi reads）資料。依照PacBio原廠的指引，我們以DADA2與QIIME2作為核心的資料處理工具。進階地，我們引進了眾所周知的細菌參考序列資料庫，如SILVA、GTDB以及RefSeq + RDP，為腸道微生物的組成、多樣性、與豐富度提供更為深入而精確的比對分析。這些專業比對不僅加強了我們對腸道微生物與各類疾病之

間潛在關係的瞭解，同時也確保了分析結果的可靠性和準確性。綜合上述努力，期待能為醫學專家及病患帶來實用的、基於科學的診斷參考，進一步推進預防、診斷與治療的進展。

智腸檢「iMe」透過第三代定序技術，揭示了腸道菌叢與健康及疾病之間的密切關聯。這項前沿技術使我們能準確辨識腸道微生物的各個種類，提供更深入的腸道微生物組的瞭解。透過我們建立的全面資料庫，涵蓋各種健康狀態和主要疾病，以期進一步深化對腸道微生物在疾病發展及治療中的重要性。

更值得一提的是，我們與跨領域的產業夥伴建立聯盟合作，共同參與研發和驗證，確保檢測流程不僅是標準化，而且具有高度的準確性和可靠性。在資料分析方面，我們採用先進的數據技術和高專業的資料處理工具，進行細菌參考序列的比對，旨在為醫學界和病患提供最具參考價值的診斷信息。隨著科技的進步，我們持續致力於深化對腸道微生物的瞭解，期待在未來能為預防、診斷和治療各種疾病提供更多的啟示和方向。🌐



(A) CAP標準化檢體處理流程；(B) 深度資料分析。



智腸檢「iMe」跨領域產業共同參與、形成聯盟合作。