

亞洲大學

研究與產學電子報

趨勢專題

整合生物資訊與機器學習之技術探討膀胱泌尿道上皮細胞癌特徵基因

摘要：泌尿道上皮癌為膀胱癌最常見類型，即使已經有許多治療方案，但目前的治療都伴隨強大的副作用，研究主要整合生物資訊學來闡明泌尿道上皮(Urothelial carcinoma, UC)的發病機制，找出潛在的標靶基因提供新的治療策略。我們使用來自癌症基因組圖譜(The Cancer Genome Atlas, TCGA)的UC基因表達譜與臨床數據，經由篩選標準確定了5,035個具有顯著的差異表達基因(Differentially Expressed Genes, DEGs)，以構建基因共表達網絡，可用於了解UC臨床特徵與基因背後的涵義。加權基因共表達網路網絡分析(Weighted Gene Co-Expression Network Analysis, WGCNA)將共同表達的基因分類至顏色基因模塊，選擇與UC最相關的咖啡色模塊，並鑑定模塊內的26個高度連接中心基因進行後續的研究。基於最小絕對值收斂和選擇算子(Least Absolute Selection and Shrinkage Operator, LASSO)模型，影響較小的中心基因衰減至零，得到兩個特徵基因(GINS1、STIL)。

訂閱電子報

趨勢專題

整合生物資訊與機器學習之技術探討膀胱泌尿道上皮細胞癌特徵基因

精準健康研究中心

生物資訊與醫學工程學系

王昭能副教授、余梓岑同學

三維列印於骨組織再生應用

多維列印高效材料研發中心

生物資訊與醫學工程學系

何佳哲助理教授

本期內容

趨勢專題	01
研究發展處資訊	21
產學營運處資訊	22
各學院成果分享	33

同時，運用蛋白質與蛋白質交互作用(Protein-Protein Interaction, PPI)通過Cytoscape軟體中計算中心基因得分，提取五個關鍵基因(KIF11、KIF18A、KIF2C、TPX2、PRC1)，為了驗證特徵基因與關鍵基因的預後價值，使用兩種基因表達綜合數據集(Gene Expression Omnibus, GEO)分析基因的總生存期。其中，基因STIL、PRC1對患者生存預後顯著表現。總之我們的研究表明基因STIL、PRC1與泌尿道上皮發展有重要的作用，有助於尿路上皮的發展，探索新的治療與診斷方法。

前言：膀胱癌是全球常見的癌症，患者最常見的症狀有無痛性的血尿以及頻尿。在2020年預計罹患人數有573,278，死亡人數到達212,536 [1]。依據發病率以及死亡率統計，男性罹患膀胱癌比率高於女性(4:1)，引發膀胱癌有許多危險的因素，長期吸菸者為高風險族群，最有機會被診斷出膀胱癌[2]。

膀胱癌種類可分為泌尿道上皮癌，過去稱為移行細胞癌(transitional cell cancer)、鱗狀細胞癌(squamous cell carcinoma)、小細胞癌(small-cell carcinoma)與腺癌(adenocarcinoma)。其中，最常見的泌尿道上皮約佔膀胱癌90% [3]。依據腫瘤的侵犯深度可分為非肌肉浸潤性膀胱癌(Non-Muscle-Invasive Bladder Cancer, NMIBC)與肌肉侵犯性膀胱癌(Muscle-Invasive Bladder Cancer, MIBC)。雖然淺層的非肌肉浸潤性患者多數可成功治癒，但是復發率高必須定期追蹤。深層的肌肉侵犯性，可能有轉移的風險，標準程序必須要摘除膀胱，會造成患者的嚴重不便[2] [4]。因此，需要迫切瞭解泌尿道上皮的致癌作用以及識別新的生物標誌物，幫助醫療的治療與診斷。

目前膀胱泌尿道上皮癌治療效果並不太理想，需另尋新策略，而標靶治療也是一種治療方法。隨著新一代測序技術的興起，生物資訊學分析有助於瞭解疾病潛在的複雜分子機制，並提供治療發展新穎的見解[5] [6]。加權共表達網路是一種系統生物學的方法，建構基因網路探索基因集與表型間的相互關係[7] [8]。

WGCNA在現今已被廣泛運用於辨識癌症生物標誌物以及治療治療靶點[9] [10]。通過計算基因間表達方式進行分組，具有相似功能模式的基因被劃分至相同模塊，將基因模塊與感興趣的表型特徵建立橋樑，並確定與臨床特徵間關聯性，選定關鍵模塊後挖掘內部的中心基因。中心基因具有重要的生物學功能位於基因網路中的中心位置，並與其他的基因有密切的交互作用，可以幫助識別癌症治療目標或候選生物標誌物[11]。因此本研究在癌症基因組圖譜TCGA收集泌尿道上皮的相關數據，為了檢測正常組織以及癌症組織基因間的差異篩選差異表達基因以建構出WGCNA。

王昭能副教授、余梓岑同學 精準健康研究中心

通過 WGCNA 將高度相關的基因聚集至相同的顏色模塊，結合臨床特徵(癌症與正常)，獲取泌尿道上皮癌的候選基因。整合 PPI 網絡、LASSO 與其他生物資訊學方法篩選出重要的基因，最後應用獨立的 GEO 數據集驗證基因預後價值，以幫助我們了解致癌進展的分子機制。

本研究探討主題如下：

- (1) WGCNA 可探索基因網路與臨床訊息的關聯，挖掘中心基因(hub genes)。
- (2) LASSO 進行特徵的選擇，增加統計模型預測準確性。
- (3) 獲取泌尿道上皮癌預後不良的相關基因。

方法：

3.2 數據蒐集

欲找尋膀胱泌尿道上皮癌發病機制基因及其功能特性，RNA-seq 能獲得特定組織或特定狀態下完整的轉錄本序列訊息，在應用於解釋基因組功能以及探討疾病表現出色[31]。TCGA 是龐大的癌症數據庫，收集了不同癌症病患的 DNA、RNA 和蛋白質，有效識別癌症基因組。研究於西元 2021 年 03 月 14 日使用 R 語言開發的“TCGAbiolinks”(https://doi.org/10.1093/nar/gkv1507) 獲取 TCGA-BLCA 集中 RNA 測序與用於後續分析的 FPKM (Fragments Per Kilobase of exon model per Million read mapped)以及對應的樣本臨床訊息。研究共得到 433 個樣本，篩選區分為 414 癌症組織樣本以及 19 例正常組織樣本。作為研究後續挖掘差異表達基因的數據集。

3.3 數據預處理和差異表達基因篩選

基因表達是指細胞經由 DNA 序列的遺傳訊息轉換成基因產物的經歷，過程中奠定細胞的功能型態與決定分化過程[32]，生物體在發育生長階段會基因會出現差異表達[33]。為了檢測 UC 腫瘤樣本與正常組織樣本間的差異或變化，DESeq2 提供估計高通量數據的差異分析方法[34]，研究運用 R 包“DESeq2”篩選出具有統計學意義顯著的差異表達基因。由於腫瘤組織與正常組織樣本差距過大，我們選取腫瘤樣本平均表達量最高前 20 筆以及先前對應的 19 筆正常樣本組織，確保樣本達到比例平衡，實驗結果不會偏差。並且設置篩選差異表達基因閾值為 adjusted P-values < 0.05 與 $|\log_2 \text{Fold Change(FC)}| > 1$ 。其中 FC 表示倍數變化 adjusted P-value 經由 Benjamini-Hochberg 方法控制錯誤發現

(False Discovery Rate, FDR) [35]，使用 R 包 “ggplot2” 進行繪圖直觀察看樣本間差異基因表達分佈。

3.4 構建共表達網絡並確定關鍵模塊

WGCNA 可將複雜的數據集進行歸納處理，相似表達基因聚類形成共表達模塊，並探討模塊與表型特徵的關聯。為了進一步探討差異表達基因與泌尿道上皮癌臨床特徵相關性，我們使用 R 包 “WGCNA”，將 433 個 BLCA 樣本以及具有重要生物學意義 5,035 個 DEGs，構建加權基因共表達網路。在導入前數據進行預處理，基因表達量數值轉為先前下載的 FPKM，以防數據有偏差，提高實驗精準度。

首先使用皮爾森相關係數(Pearson correlation coefficient)度量任兩個差異表達基因間的關係建立相似矩陣，公式如下：

$$\rho_{X, Y} = \frac{\text{cov}(X, Y)}{\sigma_X \sigma_Y} \quad (1)$$

$\text{cov}(X, Y)$: 實數隨機變數 X 與 Y 之間共變異數; σ_X : X 標準差; σ_Y : Y 標準差。

為了讓網路符合無尺度網路分布，對基因相關係數取 N 次冪挑選最適當的軟閾值。軟閾值能增強基因間較強相關連接，並同時削弱基因較弱相關連接，矩陣成功轉換為鄰接矩陣(adjacency matrix)，公式如下：

$$a_{mn} = |C_{mn}|^\beta \quad (2)$$

C_{mn} : 基因 m 和基因 n 之間的皮爾森關係; a_{mn} : 基因 m 和基因 n 之間的鄰接關係;
 β : 軟閾值。

鄰接意指基因間鄰接相關性與對數尺度(logarithmic scale)的相似性成正比 $\log(a_{mn}) = \beta \times \log(C_{mn})$ [7]。我們除了考慮基因對的相關性外，也考量基因對與其他第三方基因的交互作用因素，因此矩陣轉為拓撲重疊矩陣 TOM (Topological overlap matrix)，基因相關係數轉換為距離，並可降低噪與錯誤相關性，接著，計算基因節點的相異系數(1-TOM)，建構分層聚類樹，設置最小基因模塊 50，將相似表達基因分類，樹狀圖的分支對應於基因模塊。為了進一步探索模塊，模塊特徵基因為模塊的第一主成分(The first principal component, PC1)，代表整個模塊內基因整體表達。研究計算模塊特徵基因 (Module eigengene E, ME)，基於 0.35 的相異性閾值截止標準，合併相似的模塊。實驗主要目標找尋泌尿道上皮癌重要模塊基因群，因此整合外部特徵評估基因顯著性(Gene Significance, GS)以了解基因表達與臨床特徵之間是否存在高度相關性。

GS 公式如下：

$$GS_i = |\text{cor}(X_i, T)| \quad (4)$$

X_i : 基因(節點) i ; T : 樣本特徵矩陣

王昭能副教授、余梓岑同學 精準健康研究中

此外，模塊顯著性 (Module Significance, MS) 是模塊中所有基因顯著性的平均值，模塊顯著性平均絕對值得分越高表示生物學意義越大，可用來挑選臨床特徵高度相關候選模塊。

鑑定模塊內的中心基因

共表達網絡的中心基因在模塊內具有高連通性，扮演生物學重要角色。研究將臨床特徵與網路相連後，模塊成員 (Module Membership, MM) 定義為基因與每個模塊特徵基因之間的皮爾森相關係數，衡量基因是否隸屬此模塊。

MM 公式如下：

$$K_{cor,i}^{(q)} = cor(X_i, E^{(q)}) \quad (5)$$

X_i : 基因(節點) i ; $E^{(q)}$: 模塊特徵基因(ME)值

MM 的絕對值越高，中心基因對於相應的模塊通常具有較高的模塊成員值[7]，在找到感興趣的模塊後，基於模塊成員 (MM) > 0.8 與基因顯著性 (GS) > 0.2 為鑑定候選中心基因的標準，後續研究探討候選中心基因的價值以及潛在功能。

中心基因的功能富集分析

為了確定中心基因的生物學功能，對基因進行注釋。研究使用 R 包 “clusterProfiler” [36]，設定閾值 $P < 0.05$ 進行京都基因與基因組百科全書 (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes, KEGG) 與基因本體 (Gene Ontology, GO)。KEGG 可透過給定的完整基因組，通過標準化注釋以及計算機化與細胞生命功能進行連接，了解基因組牽涉的所有途徑[37]。GO 提供結構化的詞彙對序列、基因或基因產物分組解釋，涵蓋三大類分別為分子功能 (Molecular Function, MF)、生物過程 (Biological Process, BP)、細胞成分 (Cellular Component, CC) [38]。

建立蛋白質交互作用網路

蛋白質在細胞生命扮演重要的角色，它參與新陳代謝、訊息運輸和結構組織... 等等 [39]。透過蛋白質間的複雜的相互作用可發現引起疾病新基因以及遺傳機制[40]。為了進一步更深入挖掘中心基因中的關鍵基因，研究上傳中心基因列表至 STRING 數據庫 (11.0b) (<https://string-db.org/>)，透過蛋白質間的聯繫，設置基因最小交互作用 (minimum required interaction score) ≥ 0.7 ，構建具有節點與邊緣的蛋白質-蛋白質網絡 (PPI) [41]。基於 Cytoscape (V 3.8.2) 的軟件 CytoHubba 探索生物網路中重要節點。CytoHubba 提供了 11 種拓撲分析方法，對基因節點進行評分與排名。我們選擇 (Maximal Clique Centrality, MCC) 方法尋找特徵節點，因為 MCC 表現優於其他方法

王昭能副教授、余梓岑同學 精準健康研究中心

可提高敏感度和獨特性[42]。研究挑選數得分較高的前五個基因作為關鍵基因。

MCC 計算公式如下：

$$MCC(v) = \sum_{C \in S(v)} (|C| - 1)! \quad (6)$$

v 是網絡內節點的集合； $S(v)$ 是包含 v 和 $(|C| - 1)$ 的最大子集的集合；如果節點 v 鄰近沒有邊緣，則 $MCC(v)$ 等於其度數

最小絕對值收斂和選擇算子

除了從 PPI 交互作用計算中心基因排名得分外，同時我們也運用 LASSO 算法進行特徵的選擇。特徵的選擇可以減少特徵數量簡化模型、降低過擬合的狀況，提高模型的準確性[43]。LASSO 算法有強大的約束特性進行多重共線性變量選擇，從而產生更好的解釋模型[44]。LASSO 算法在函數加入絕對值正則項(regularizer)又稱懲罰項(penalty term)，總和必須小於固定值，影響較小的係數會收縮至零，最終達到挑選特徵的目的。

LASSO 函數定義為：

$$\hat{\beta}^{LASSO} = \operatorname{argmin}_{\beta} (y_j - \sum_{j=1}^p x_{ij} \beta_j)^2 + \lambda \sum_{j=1}^p |\beta_j| \quad (7)$$

x_{ij} : 表示第 i 個數據中的第 j 個特徵預測； y_j : 數據中的響應； β_j : 表示第 j 個特徵的回歸係數； $\sum_{j=1}^p |\beta_j|$: L1 正則化。

研究使用 LASSO 的原理進行特徵基因的選擇，執行“glmnet”中的函數“cv.glmnet”通過交叉驗證選擇了 $\lambda(\lambda)$ 的最優值。由於因變量數據符合二項式偏差分布，因此度量模型運用二項式偏差作為擬合。基於三折(fold)交叉驗證，在模型中驗證了不同的 λ ， λ 可控制模型的懲罰強度，當 λ 越大懲罰力度越強，部分係數縮減。因為計算時間的不同，會導致交叉驗證結果略有不同，經過相同數據多次執行後， λ_{1se} 值代表了最佳模型一個標準誤差範圍內的最簡單模型[45]。選擇 λ_{1se} ，其出現頻率最高的非零係數基因為精確的特徵基因。

關鍵及特徵基因生存分析

為了查看泌尿道上皮癌的關鍵基因與特徵基因臨床預後，泛癌的長期結果和基因表達譜數據庫(Long-term Outcome and Gene Expression Profiling Database of pan-cancers, LOGpc) (<http://bioinfo.henu.edu.cn/DatabaseList.jsp>) 是含有大量生存分析數據集線上網站，收集了來自 TCGA 以及 GEO 數據庫共 1,075 名膀胱癌患者的基因與臨床訊息，適合用來分析基因的生存預後[46] [47]。研究於西元 2021 年 07 月 05

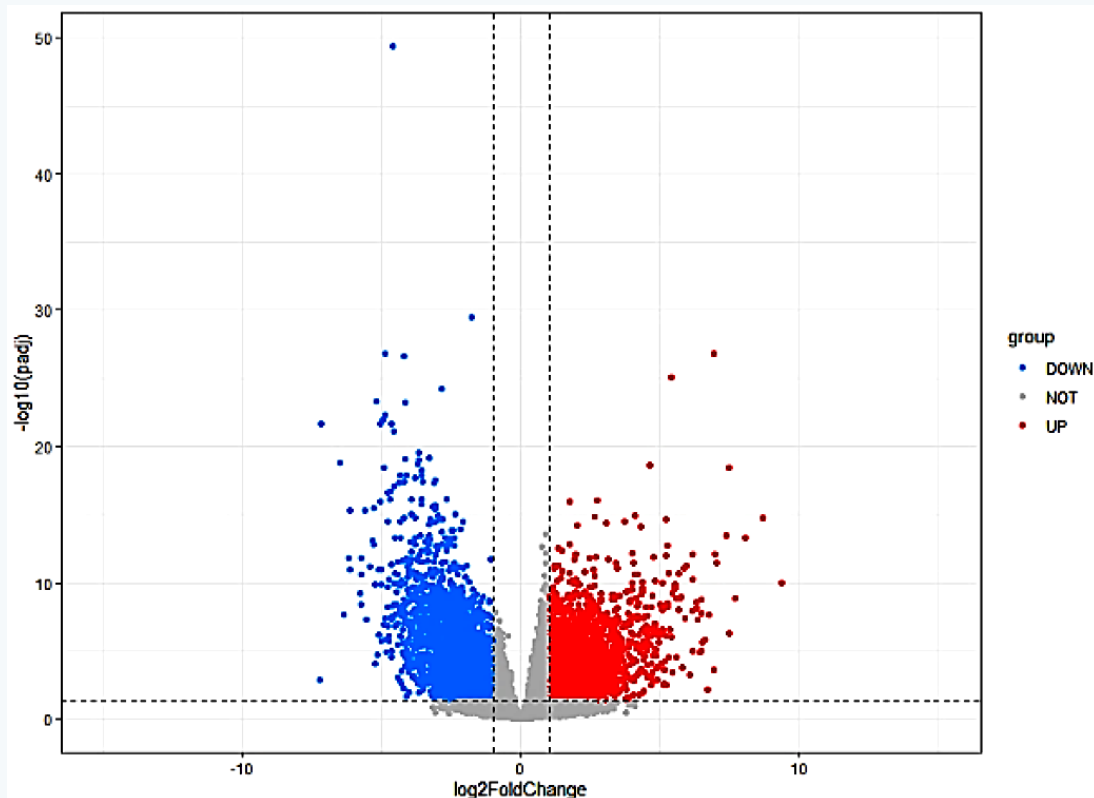
王昭能副教授、余梓岑同學 精準健康研究中心

日使用 LOGpc 數據庫中的兩個獨立數據集 GSE13507 和 GSE32548。GSE13507 這是基於 GPL6102 平台 (Illumina Human-6 v2.0 Expression Beadchip) 的表達譜，包括 165 個原發性膀胱癌樣本、23 個複發性非肌肉浸潤性腫瘤組織、10 個正常膀胱黏膜和 58 個外觀正常的膀胱黏膜周圍癌症。GSE32548 是基於 GPL6947 平台 (Illumina HumanHT-12 V3.0 表達珠芯片) 的表達譜，包含 131 個原發性膀胱癌腫瘤樣本。根據基因的中位表達值，將患者分為兩個獨立的組，分別為低表達組和高表達組。LOGpc 對泌尿道上皮癌的關鍵、特徵基因進行總生存檢測， $P < 0.05$ 被認為具有統計學意義。

結果

差異基因的鑑定

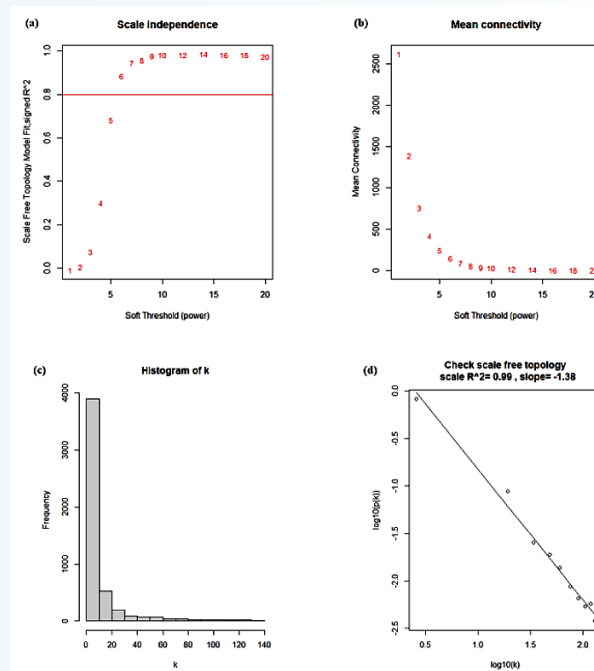
研究從 TCGA-BLCA 獲取到 433 個樣本，包括 414 個泌尿道癌症組織與 19 個泌尿道正常組織。為了讓樣本比例的平衡，從 414 個泌尿道癌症組織中選擇了基因表達平均值最高前 20 筆樣本。以 $\text{adjust } P\text{-value} < 0.05$ 與 $|FC| > 1$ 為篩選標準，通過 “deseq2” 進行計算，共篩選出 5,035 個差異表達基因，其中 2,279 個為高表達基因，2,756 個為低表達基因。並使用 R 包 “ggplot2” 繪製火山圖可視化差異表達基因的分佈結果 (圖二)。



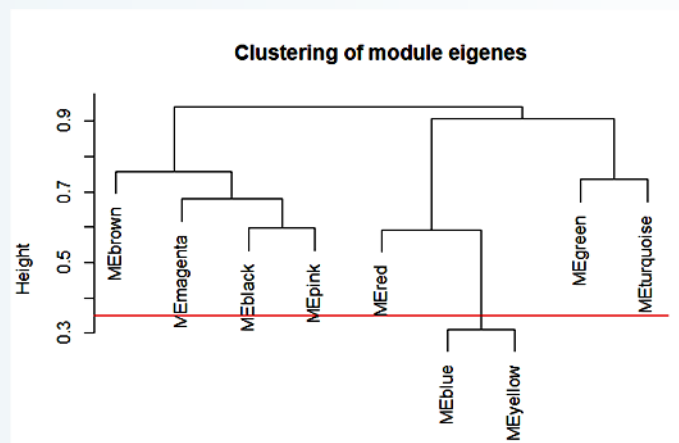
圖二、泌尿道上皮癌差異基因分布火山圖

加權共表達網絡的構建和顯著模塊的選擇

研究使用5,035差異表達基因以及433個樣本建構WGCNA基因網路，為了讓基因連接符合無標度網絡，測試不同的軟閾值參數在無尺度網路的擬合狀況與平均連通性。選擇 $\beta=6$ 符合無尺度網路的冪律分布，為最佳軟閾值功率（無標度 = 0.99）（圖三），通過層次平均連鎖聚類(hierarchical average linkage)對基因進行劃分，接著根據模塊特徵基因相異性閾值小於0.35，對模塊進行切割合併(圖四)。



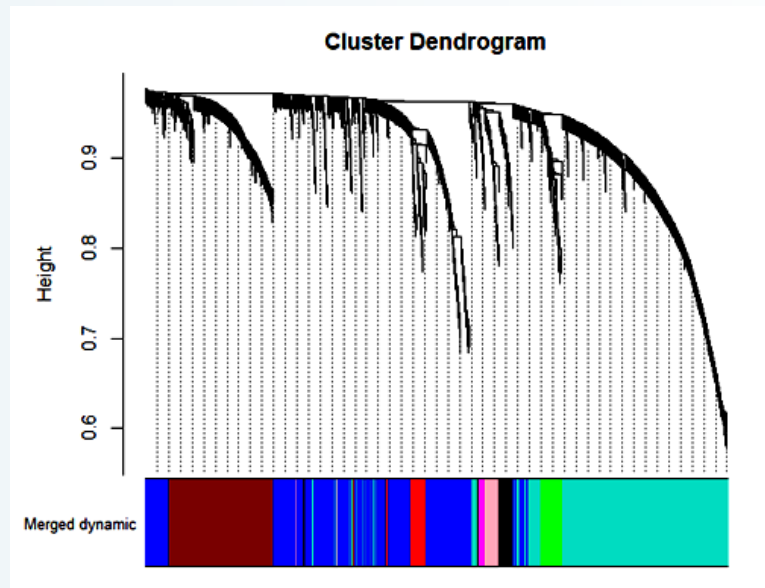
圖三、加權基因共表達網絡的分析，確定最佳軟閾值。(a)不同軟閾值對無尺度網絡評估指數分析圖。(b)不同軟閾值對節點平均連通性分析圖。(c) $\beta = 6$ 時的節點連接分佈直方圖。(d) $\beta = 6$ 時的無標度拓撲。



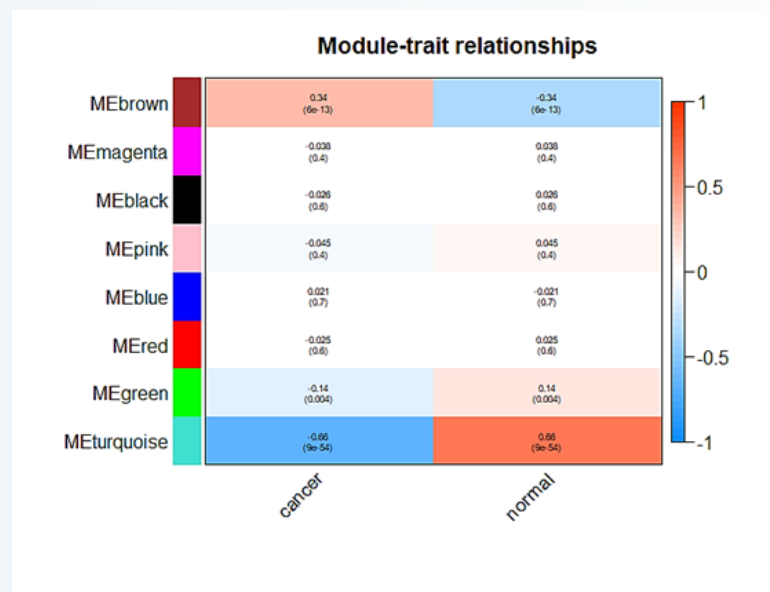
圖四、模塊特徵基因分層聚類樹狀圖。

王昭能副教授、余梓岑同學 精準健康研究中心

在模塊聚類樹狀圖上，相同顏色基因模塊對應到的分枝具有相似的表達性，最終可以獲得8個共表達模塊（圖五）。我們的研究目標是分析基因與癌症之間的相關性。因此，將基因模塊與臨床特徵進行連接，並評估每個模塊與臨床特徵之間的關係。數據顯示咖啡色模塊與泌尿道上皮的癌症的特徵之間相關係數最高($r=0.34$)，該模塊與UC癌症有高度相關視為候選模塊(圖六)。



圖五、通過 WGCNA 基於相異性度量 (1-TOM)的基因聚類樹狀圖。



圖六、WGCNA 模塊特徵基因與 UC 臨床特徵之間相關性熱圖。

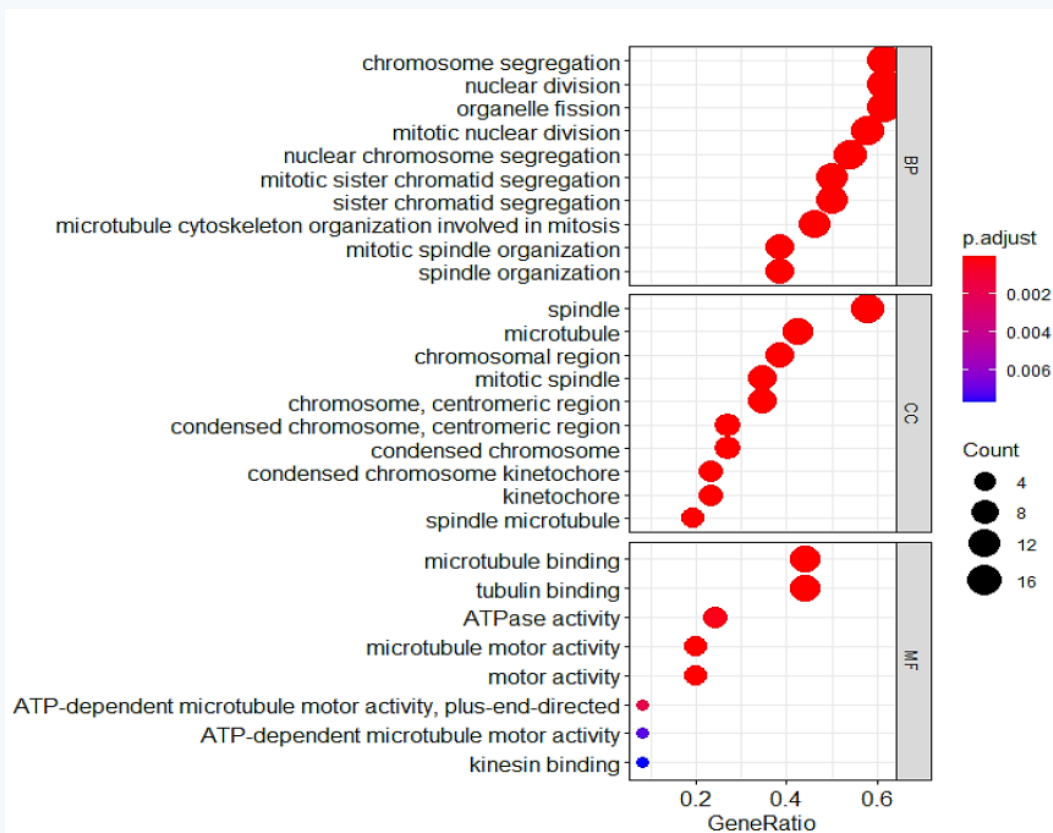
王昭能副教授、余梓岑同學 精準健康研究中心

鑑定模塊中心基因富集分析

選定咖啡色模塊後，根據篩選標準 $|MM| > 0.8$ 和 $|GS| > 0.2$ ，模塊內有 26 個中心基因與癌症高度相關。為了闡明這群背後豐富的生物學意義，進行 KEGG 與 GO 分析。在 KEGG 通路中，細胞週期途徑最顯著富集(表一)。在 GO 功能註釋中，生物過程(BP)基因主要在染色體分離(chromosome segregation)、核分裂(nuclear division)富集度最高，至於細胞組成(CC)基因主要與紡錘體(spindle)、微管(microtubule)富集度最高，分子功能(MF)基因與微管結合(microtubule binding)、微管蛋白(tubulin binding)富集程度最高(圖六)。這些豐富顯著的途徑與術語可以幫助我們更了解這群中心基因在 UC 的影響作用。

表一、KEGG 路徑分析

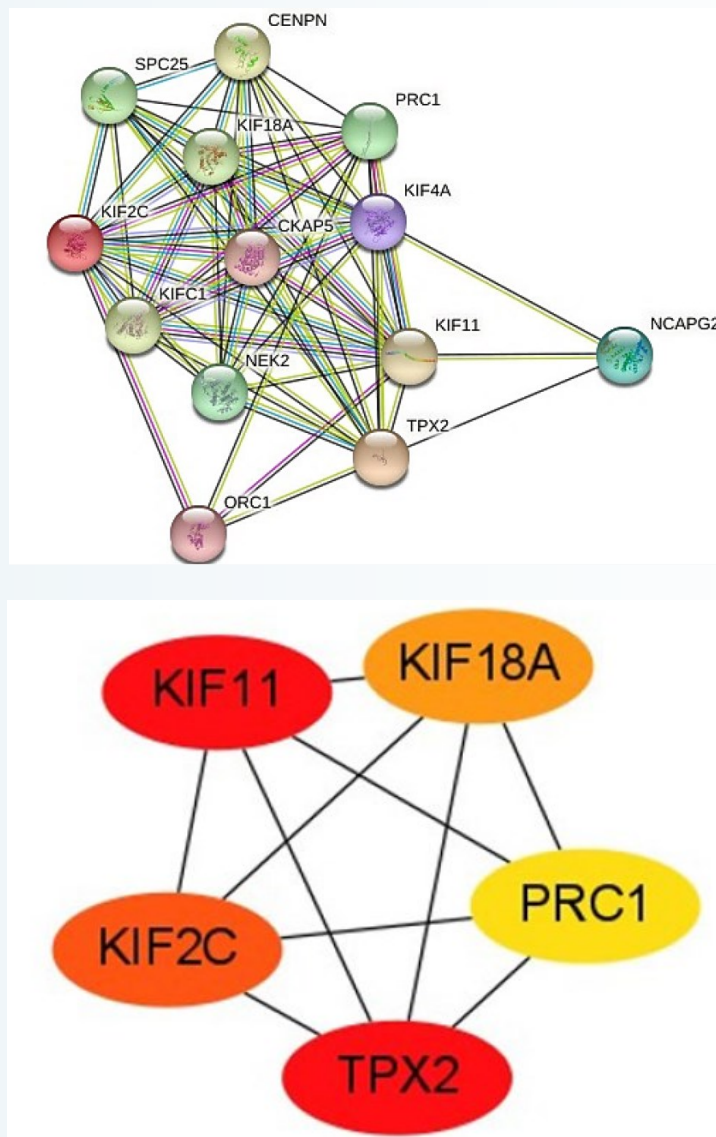
ID	Description	Count	Adj P-value
Hsa04110	Cell cycle	2	0.03706944



圖七、富集分析氣泡圖。

構建PPI網絡中選取關鍵基因

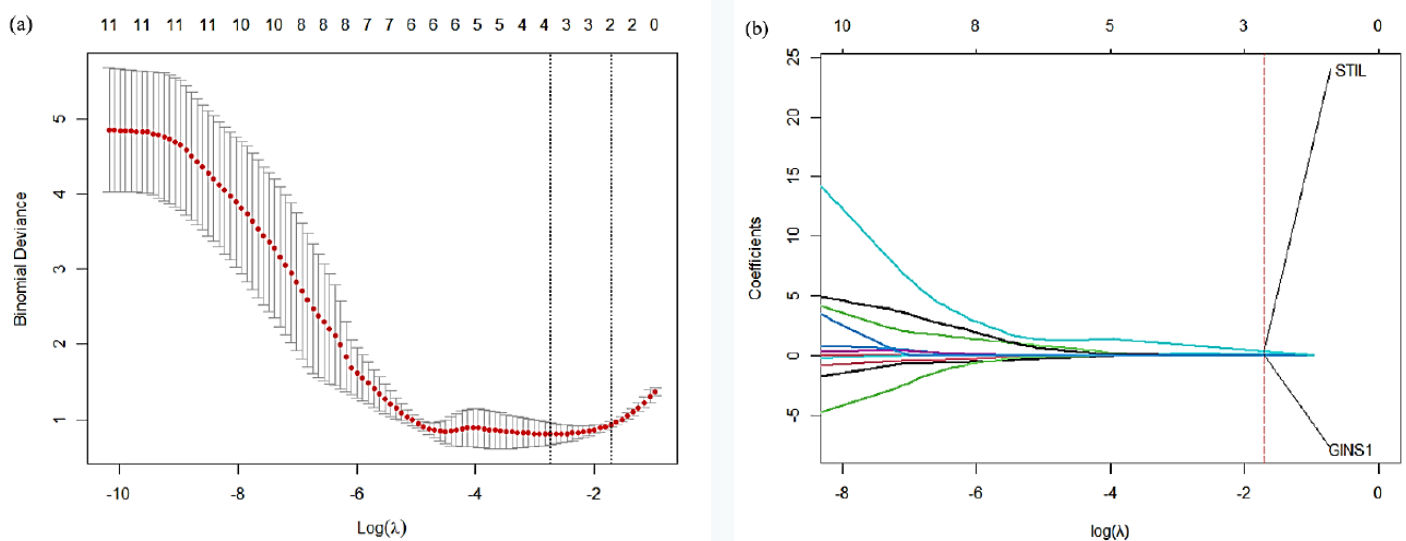
運用 STRING 資料庫構建 20 個節點與 50 個邊 PPI 網路，已檢測中心蛋白質交互作用。CytoHubba 是 Cytoscape 軟件，研究採用 MCC 算法預測中心基因。計算得分後，最終得到排名前五個關鍵基因分別為 Kinesin Family Member 11 (KIF11), Kinesin Family Member 18A (KIF18A), Kinesin Family Member 2C (KIF2C), TPX2 Microtubule Nucleation Factor (TPX2), Protein Regulator Of Cytokinesis 1 (PRC1)。節點顏色依照得分分數，由高到低對應節點顏色紅至黃依序變化(圖八)。



圖八、Cytoscape 篩選出 PPI 網絡中 MCC 得分前五位基因。

LASSO 進行特徵的選擇

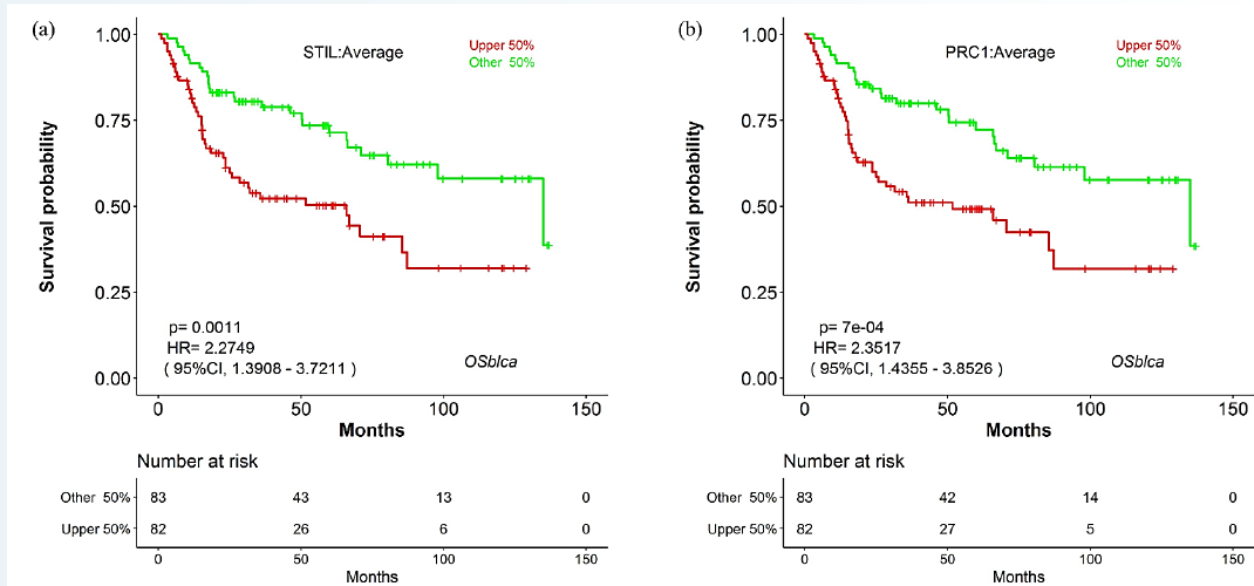
通過 LASSO 建立回歸模型，進行變量的選擇。我們將 UC 樣本進行二元分類，1 表示癌症樣本，0 表示正常樣本。研究使用三折交叉回歸挑選 λ 值控制懲罰強度，模型會自行生成兩個 λ ，分別為 λ_{\min} 和 λ_{1se} 。 λ_{\min} 為最小平均二項式偏差， λ_{1se} 交叉驗證偏差在最小值一個標準偏差內最大 λ ，相對的懲罰更嚴格，模型精準高。選擇 λ_{1se} ， λ 增加到 0.18006 時，模型中只保留了兩個基因。最後，基因 GINS1 (GINS Complex Subunit 1)、STIL (STIL Centriolar Assembly Protein) 出現重複頻率次數最高與膀胱泌尿道上皮癌高度相關視為特徵基因(圖九)。



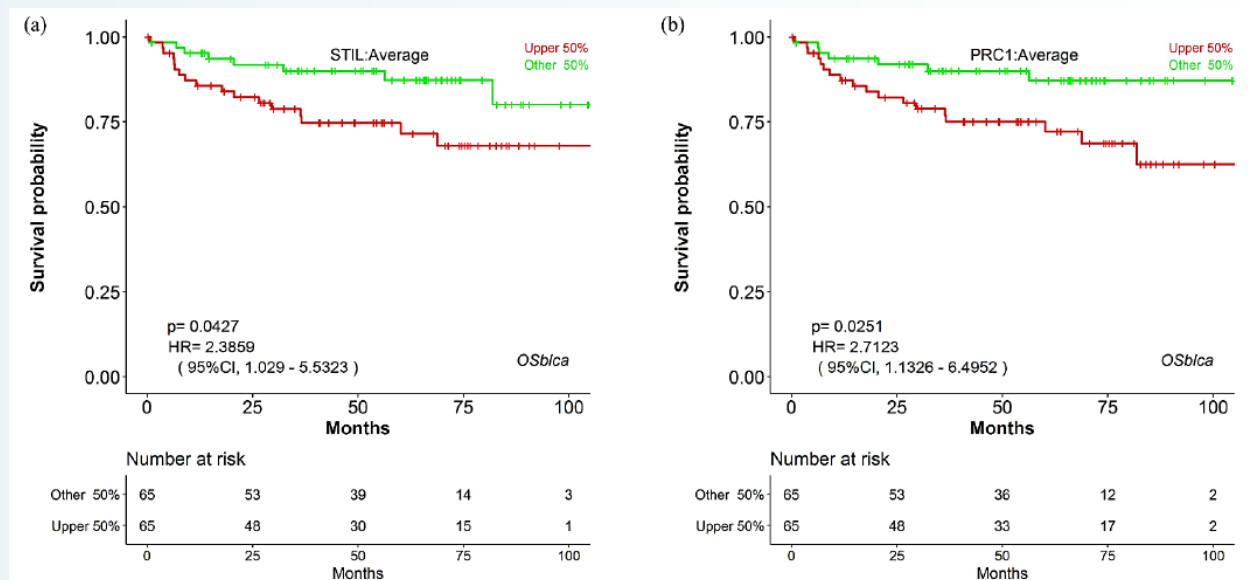
圖九、通過 LASSO 回歸分析篩選特徵基因。(a)使用三次交叉驗證，調整參數(λ)繪製二項式偏差與 $\log(\lambda)$ 的關係圖，垂直虛線落在 λ_{\min} 值和 λ_{1se} 標準。(b)根據 λ_{1se} 標準，在 26 個基因中篩選出兩個非零係數 STIL 與 GINS1。

關鍵基因及特徵基因生存預後

為了驗證關鍵基因與特徵基因的預後價值，運用Logpc上分析數據庫裡的兩個獨立數據集GSE13507(圖十)與GSE32548(圖十一)，進一步生存分析評估對膀胱泌尿上皮癌的影響。當基因通過芯片數據集，比較七個基因的總生存期狀態，其中發現STIL與PRC1與患者總生存期預後明顯顯著($P < 0.05$)，低表達組織的總生存期明顯較高表達生存期長。



圖十、GSE13507 總生存期分析(n=165)



圖十一、GSE32548 總生存期分析(n=130)

討論

膀胱癌是世界常見的惡性腫瘤，目前對於泌尿道上皮癌的複雜機制仍未清楚。因此，找出影響泌尿道上皮癌的基因可以更好地闡明癌症的分子機制。本研究從TCGA下載泌尿道上皮癌的基因表達譜，篩選出的5,035個差異表達基因構建共表達網絡，WGCNA表明八個模塊具有相關的表達模式，發現咖啡色模塊與臨床訊息的癌症特徵相關度最高。進一步挑選出26個中心基因，通過富集分析發現中心基因主要途徑在細胞週期顯著，在染色體分離、紡錘體和微管結合等生物通路中富集最多。

這些通路可能參與了BLCA運作機制。整合機器學習LASSO與PPI蛋白質交互作用不同方法識別基因。應用方法LASSO通過設置懲罰參數保留重要特徵得到兩個特徵基因GINS1與STIL。此外，通過Cytoscape的軟件CytoHubba中的MCC拓撲分析方法，計算PPI網絡所有節點得分排名，找出五個關鍵基因KIF11、KIF18A、KIF2C、TPX2與PRC1。此外，我們使用兩種不同的獨立臨床數據來驗證特徵基因，並通過生物信息學分析確定STIL與PRC1基因在UC總生存期預後較差。

STIL與中心粒的生長作用密切相關，中心體會影響細胞的分裂，STIL異常過表達造成基因不穩定可能會引發癌症，並與癌症腫瘤轉移到其他器官有關[48]。過去也有研究指出PRC1(The protein regulator of cytokinesis)參與細胞質分裂，PRC1調控異常會造成分裂失敗促成癌症失控的生長[49]。在過去的研究確切發現PRC1是膀胱癌的致癌基因，降低基因表達量可抑制膀胱癌細胞的擴散與增加，甚至細胞凋亡[50]。綜上所述，STIL與PRC1可能與尿路上皮癌的作用有關，對於兩個基因實際與泌尿道上皮癌存在的關係性，我們未來將與生物學實驗科學家合作並進行長期臨床研究觀察，讓研究成果進入臨床與藥物開發研究。

為了針對不同患者的疾病的狀況，制定個人化的治療策略，減少癌症對正常細胞的影響，有效打擊疾病。在我們找出與癌症高度相關的標靶基因後，在臨床研究部分需對基因進行透徹的了解，確定基因的位置並經長時間的監測與大量患者樣本試驗找出可有效提高患者生存率的方法。標靶基因治療也可搭配其他療法，例如化學療法或放射療法等，得到事半功倍的效果。

文獻

- [1] H. Sung *et al.*, "Global cancer statistics 2020: GLOBOCAN estimates of incidence and mortality worldwide for 36 cancers in 185 countries," *CA: a cancer journal for clinicians*, vol. 71, no. 3, pp. 209-249, 2021.
- [2] K. Montazeri and J. Bellmunt, "Erdafitinib for the treatment of metastatic bladder cancer," *Expert Review of Clinical Pharmacology*, vol. 13, no. 1, pp. 1-6, 2020.
- [3] D. S. Kaufman, W. U. Shipley, and A. S. Feldman, "Bladder cancer," *The Lancet*, vol. 374, no. 9685, pp. 239-249, 2009.
- [4] R. S. Matulewicz and G. D. Steinberg, "Non—muscle-invasive Bladder Cancer: Overview and Contemporary Treatment Landscape of Neoadjuvant Chemoablative Therapies," *Reviews in Urology*, vol. 22, no. 2, p. 43, 2020.
- [5] L. Sabour, M. Sabour, and S. Ghorbian, "Clinical applications of next-generation sequencing in cancer diagnosis," *Pathology & Oncology Research*, vol. 23, no. 2, pp. 225-234, 2017.
- [6] X. Huang, S. Liu, L. Wu, M. Jiang, and Y. Hou, "High throughput single cell RNA sequencing, bioinformatics analysis and applications," *Single cell biomedicine*, pp. 33-43, 2018.
- [7] P. Langfelder and S. Horvath, "WGCNA: an R package for weighted correlation network analysis," *BMC bioinformatics*, vol. 9, no. 1, pp. 1-13, 2008.
- [8] S. Van Dam, U. Vosa, A. van der Graaf, L. Franke, and J. P. de Magalhaes, "Gene co-expression analysis for functional classification and gene-disease predictions," *Briefings in bioinformatics*, vol. 19, no. 4, pp. 575-592, 2018.
- [9] H. Tian, D. Guan, and J. Li, "Identifying osteosarcoma metastasis associated genes by weighted gene co-expression network analysis (WGCNA)," *Medicine*, vol. 97, no. 24, 2018.
- [10] Z. Zhou *et al.*, "Ten hub genes associated with progression and prognosis of pancreatic carcinoma identified by co-expression analysis," *International journal of biological sciences*, vol. 14, no. 2, p. 124, 2018.
- [11] D. Yu, J. Lim, X. Wang, F. Liang, and G. Xiao, "Enhanced construction of gene regulatory networks using hub gene information," *BMC bioinformatics*, vol. 18, no. 1, pp. 1-20, 2017.
- [12] C. J. Bult, "Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins," *Science*, vol. 282, no. 5389, pp. 635-636, 1998.
- [13] Z. Tao, A. Shi, R. Li, Y. Wang, X. Wang, and J. Zhao, "Microarray bioinformatics in cancer-a review," *J buon*, vol. 22, no. 4, pp. 838-843, 2017.

文獻

- [14] M. R. Barnes and I. C. Gray, *Bioinformatics for geneticists*. John Wiley & Sons, 2003.
- [15] N. Rodríguez-Ezpeleta, M. Hackenberg, and A. M. Aransay, *Bioinformatics for high throughput sequencing*. Springer Science & Business Media, 2011.
- [16] Y. Guo, Q. Sheng, J. Li, F. Ye, D. C. Samuels, and Y. Shyr, "Large scale comparison of gene expression levels by microarrays and RNAseq using TCGA data," *PloS one*, vol. 8, no. 8, p. e71462, 2013.
- [17] D. Wu, C. M. Rice, and X. Wang, "Cancer bioinformatics: A new approach to systems clinical medicine," vol. 13, ed: Springer, 2012, pp. 1-4.
- [18] L. Peng *et al.*, "Large-scale RNA-Seq transcriptome analysis of 4043 cancers and 548 normal tissue controls across 12 TCGA cancer types," *Scientific reports*, vol. 5, no. 1, pp. 1-18, 2015.
- [19] L. H. Sobin and I. D. Fleming, "TNM classification of malignant tumors, (1997)," *Cancer: Interdisciplinary International Journal of the American Cancer Society*, vol. 80, no. 9, pp. 1803-1804, 1997.
- [20] M. D. Galsky *et al.*, "A consensus definition of patients with metastatic urothelial carcinoma who are unfit for cisplatin-based chemotherapy," *The lancet oncology*, vol. 12, no. 3, pp. 211-214, 2011.
- [21] R. Seiler *et al.*, "Impact of molecular subtypes in muscle-invasive bladder cancer on predicting response and survival after neoadjuvant chemotherapy," *European urology*, vol. 72, no. 4, pp. 544-554, 2017.
- [22] K. Roubal, Z. W. Myint, and J. M. Kolesar, "Erdafitinib: A novel therapy for FGFR-mutated urothelial cancer," *American Journal of Health-System Pharmacy*, vol. 77, no. 5, pp. 346-351, 2020.
- [23] M. Peng *et al.*, "Novel Combination Therapies for the Treatment of Bladder Cancer," *Frontiers in Oncology*, vol. 10, p. 3163, 2021.
- [24] A.-L. Barabasi and Z. N. Oltvai, "Network biology: understanding the cell's functional organization," *Nature reviews genetics*, vol. 5, no. 2, pp. 101-113, 2004.
- [25] W. Saelens, R. Cannoodt, and Y. Saeys, "A comprehensive evaluation of module detection methods for gene expression data," *Nature communications*, vol. 9, no. 1, pp. 1-12, 2018.
- [26] J. Ruan, A. K. Dean, and W. Zhang, "A general co-expression network-based approach to gene expression analysis: comparison and applications," *BMC systems biology*, vol. 4, no. 1, pp. 1-21, 2010.

文獻

- [27] Y. R. Wang and H. Huang, "Review on statistical methods for gene network reconstruction using expression data," *Journal of theoretical biology*, vol. 362, pp. 53-61, 2014.
- [28] R. Albert, H. Jeong, and A.-L. Barabási, "Error and attack tolerance of complex networks," *nature*, vol. 406, no. 6794, pp. 378-382, 2000.
- [29] W. Zhao, P. Langfelder, T. Fuller, J. Dong, A. Li, and S. Hovarth, "Weighted gene coexpression network analysis: state of the art," *Journal of biopharmaceutical statistics*, vol. 20, no. 2, pp. 281-300, 2010.
- [30] Y. Guo and Y. Xing, "Weighted gene co-expression network analysis of pneumocytes under exposure to a carcinogenic dose of chloroprene," *Life sciences*, vol. 151, pp. 339-347, 2016.
- [31] Z. Wang, M. Gerstein, and M. Snyder, "RNA-Seq: a revolutionary tool for transcriptomics," *Nature reviews genetics*, vol. 10, no. 1, pp. 57-63, 2009.
- [32] T. Thakur *et al.*, "Gene expression-assisted cancer prediction techniques," *Journal of Healthcare Engineering*, vol. 2021, 2021.
- [33] R. Jaenisch and A. Bird, "Epigenetic regulation of gene expression: how the genome integrates intrinsic and environmental signals," *Nature genetics*, vol. 33, no. 3, pp. 245-254, 2003.
- [34] M. I. Love, W. Huber, and S. Anders, "Moderated estimation of fold change and dispersion for RNA-seq data with DESeq2," *Genome biology*, vol. 15, no. 12, pp. 1-21, 2014.
- [35] S. P. Wright, "Adjusted p-values for simultaneous inference," *Biometrics*, pp. 1005-1013, 1992.
- [36] G. Yu, L.-G. Wang, Y. Han, and Q.-Y. He, "clusterProfiler: an R package for comparing biological themes among gene clusters," *Omics: a journal of integrative biology*, vol. 16, no. 5, pp. 284-287, 2012.
- [37] M. Kanehisa, S. Goto, S. Kawashima, Y. Okuno, and M. Hattori, "The KEGG resource for deciphering the genome," *Nucleic acids research*, vol. 32, no. suppl_1, pp. D277-D280, 2004.
- [38] G. O. Consortium, "The Gene Ontology (GO) database and informatics resource," *Nucleic acids research*, vol. 32, no. suppl_1, pp. D258-D261, 2004.
- [39] P. Braun and A. C. Gingras, "History of protein-protein interactions: From egg-white to complex networks," *Proteomics*, vol. 12, no. 10, pp. 1478-1498, 2012.

文獻

- [40] M. G. Kann, "Protein interactions and disease: computational approaches to uncover the etiology of diseases," *Briefings in bioinformatics*, vol. 8, no. 5, pp. 333-346, 2007.
- [41] D. Szklarczyk *et al.*, "STRING v11: protein-protein association networks with increased coverage, supporting functional discovery in genome-wide experimental datasets," *Nucleic acids research*, vol. 47, no. D1, pp. D607-D613, 2019.
- [42] C.-H. Chin, S.-H. Chen, H.-H. Wu, C.-W. Ho, M.-T. Ko, and C.-Y. Lin, "cytoHubba: identifying hub objects and sub-networks from complex interactome," *BMC systems biology*, vol. 8, no. 4, pp. 1-7, 2014.
- [43] V. Fonti and E. Belitser, "Feature selection using lasso," *VU Amsterdam research paper in business analytics*, vol. 30, pp. 1-25, 2017.
- [44] R. Tibshirani, "Regression shrinkage and selection via the lasso," *Journal of the Royal Statistical Society: Series B (Methodological)*, vol. 58, no. 1, pp. 267-288, 1996.
- [45] J. Vey, L. A. Kapsner, M. Fuchs, P. Unberath, G. Veronesi, and M. Kunz, "A toolbox for functional analysis and the systematic identification of diagnostic and prognostic gene expression signatures combining meta-analysis and machine learning," *Cancers*, vol. 11, no. 10, p. 1606, 2019.
- [46] G. Zhang *et al.*, "OSblca: a web server for investigating prognostic biomarkers of bladder cancer patients," *Frontiers in Oncology*, vol. 9, p. 466, 2019.
- [47] H. Zheng *et al.*, "Comprehensive review of web servers and bioinformatics tools for cancer prognosis analysis," *Frontiers in oncology*, vol. 10, p. 68, 2020.
- [48] D. Patwardhan, S. Mani, S. Passemard, P. Gressens, and V. El Ghouzzi, "STIL balancing primary microcephaly and cancer," *Cell death & disease*, vol. 9, no. 2, pp. 1-11, 2018.
- [49] J. Li, M. Dallmayer, T. Kirchner, J. Musa, and T. G. Grünewald, "PRC1: linking cytokinesis, chromosomal instability, and cancer evolution," *Trends in cancer*, vol. 4, no. 1, pp. 59-73, 2018.
- [50] Y. Jia, X. Ding, L. Zhou, L. Zhang, and X. Yang, "Mesenchymal stem cells-derived exosomal microRNA-139-5p restrains tumorigenesis in bladder cancer by targeting PRC1," *Oncogene*, vol. 40, no. 2, pp. 246-261, 2021.

何佳哲助理教授 多維列印高效材料研發中心

三維列印於骨組織再生應用

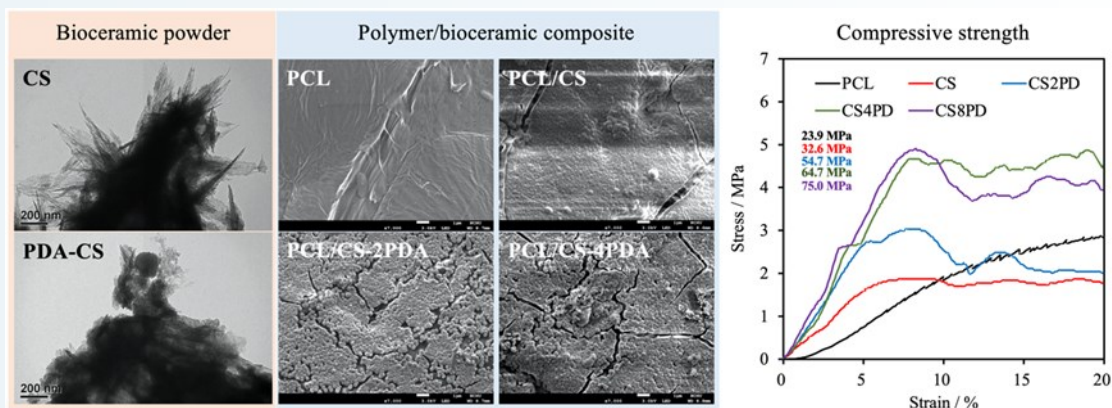
當因發生意外造成人體骨組織缺損時，人體內可透過自我修復機制進行骨缺損癒合。然而，並非所有骨缺損皆可透過上述自我修復機制進行癒合。肌肉骨骼疾病往往會造成肌肉、肌腱、與關節疼痛，進一步限制身體運動機能並導致形成組織退化。此類肌肉骨骼疾病導致疼痛與身體殘疾等問題目前也重重的影響全球數百萬人。此外，因應現代人生活習慣的改變與全球人口老化等問題的浮現，可預期未來受此類型疾病影響之人數會持續攀升。其中，又以腫瘤、退化性骨關節炎、骨質疏鬆症為最大宗。在有限骨缺損大小，使用自體骨進行重建修復依舊是現今主要治療方式。然而，這樣的治療方法不僅必須於病患身上創造二次創傷，也同時提升病患感染、疼痛、神經損傷、與功能喪失之風險，同時也大大降低病患生活水平。雖同種組織移植及異種組織移植也為替代方案，這些類型的移植物依然存在許多侷限，如數量有限、形狀差異、免疫排斥反應、與具疾病感染的風險。

因此，目前臨床針對此類狀態，常用之治療策略為使用置換式植體以取代失能組織。為了使植體於植入後可於患者日常使用可承受人體重量，植體必須具有良好之力學強度與生物相容性。如此持續成長的需求同時也帶動著先進醫療科技的進步。因此，發展可有效引導骨再生之骨填補物以提升骨缺損癒合速率為近年來骨科材料發展之主流趨勢。雖隨著近年來骨組織工程領域與三維列印技術的進步，使得創新骨組織工程製造技術大幅提升。然而，目前現有生醫陶瓷/高分子依然難以全然滿足臨床需求，且因陶瓷粉體與高分子間缺乏形成鍵結的能力則會使此高分子/陶瓷複合物強化現象隨陶瓷含量增加而逐漸消滅。為提升三維列印多孔生醫複合物支架於臨床發展之可能性，亞洲大學多維列印高效材料研發中心何佳哲老師之研究團隊試圖透過表面修飾技術用以優化生醫複合物內之介面強度，同時提升材料引導骨組織再生能力。為此，該研究團隊利用由貽貝黏蛋白（Mussel foot protein）所啟發之聚多巴胺（Polydopamine，PDA）修飾法對於生醫陶瓷表面進行改植後，

何佳哲助理教授 多維列印高效材料研發中心

透過 PDA 鍍層內富含之兒茶酚與氨基之特性以於陶瓷表面與高分子基質間提供非共價性之交互作用。研究成果顯示（如圖一所示），藉由此策略可均勻的於生醫陶瓷（CS）表面建立奈米等級之 PDA 鍍層，將其與熱塑型高分子（PCL）混合後，經三維列印所得多孔支架則可因含有具生物活性之生醫陶瓷而具備良好引導氫氧基磷灰石形成之能力，且此特性不會因 PDA 鍍層而受到負面影響。透過力學強度測試也可發現，當複合支架內含有適量之 PDA 時，可大幅提升多孔支架之抗壓強度與彈性係數。因此，前述數據可說明本團隊所開發之生物啟發式複合材料具有較高的機械強度。

隨著全球高齡化社會逐漸形成，社會大眾對於適用於骨組織修復進階醫材之需求也逐漸增加。根據 The Business Research Company 分析報告指出，2022 年全球骨科生醫材料市場規格高達 169 億美元，且預估會於 2026 年以 11.3% 之年均複合成長率之速度提升至 259 億美元。相信如此需求成長同時也連帶刺激國內外產、官、學、研單位投入資源與能量之意願，以提升國內該領域開發人員於國際市場之競爭力，也為本中心以高階骨組織再生用生醫材料開發作為重點發展方向之一，期盼可於研發過程中結合具高度製造自由度之積層製造技術已進行多孔複合物支架製備，進而達成建構符合臨床必要需求之骨引導再生醫材，以提升未來轉譯至臨床使用之可行性。



圖一、經 PDA 表面修飾之陶瓷粉體微結構，與陶瓷/高分子複合支架表面性態及抗壓強度結果。

研發處資訊

各式研究計畫徵件

1. 轉知_科技部 111 年度「生醫與醫材轉譯增值人才培訓-ANCHOR UNIVERSITY 計畫」，自即日起接受申請。
2. 轉知_科技部推動「第 2 期精準運動科學研究專案計畫」，自 111 年 7 月 15 日至 31 日起接受構想書申請。
3. 轉知_行政院環境保護署辦理本(111)年度「補助溫室氣體減量管理及氣候變遷調適研究發展計畫」之公開徵求。
4. 轉知_科技部與法國在台協會 (BFT) 共同徵求 2023 年幽蘭計畫(MOST-BFT ORCHID)，自 111 年 5 月 2 日至 111 年 9 月 16 日止受理申請。
5. 轉知_科技部『創新醫材精準診斷與治療計畫』，即日起接受申請。
6. 轉知_科技部同步徵求 2022 年歐盟「癌症轉譯 (TRANSCAN-3)」跨國多邊合作計畫，預計於 111 年 5 月 23 日至 7 月 18 日前透過歐盟線上系統完成申請程序，請查照轉知。
7. 轉知_科技部與德國學術交流總署(DAAD)共同徵求 2023-2024 年臺德雙邊合作人員交流(PPP)計畫，自即日起受理申請。
8. 轉知_中原大學檢送本校體育室第十八期「中原體育學報」徵稿資訊，請惠予轉知所屬相關系所並踴躍賜稿，請查照。
9. 轉知_科技部與法國國家健康與醫學研究院 (Inserm) 共同徵求 2023 年臺法雙邊合作計畫人員交流計畫。

計畫徵件相關訊息請至研發處網頁查詢首頁 [計畫徵詢](#)

產學處資訊

產學新聞

亞大產學處邀請蔡大韋總經理暢談金工創業

赤軍寶飾蔡大韋總經理深度剖析如何在金工領域創造出競爭優勢

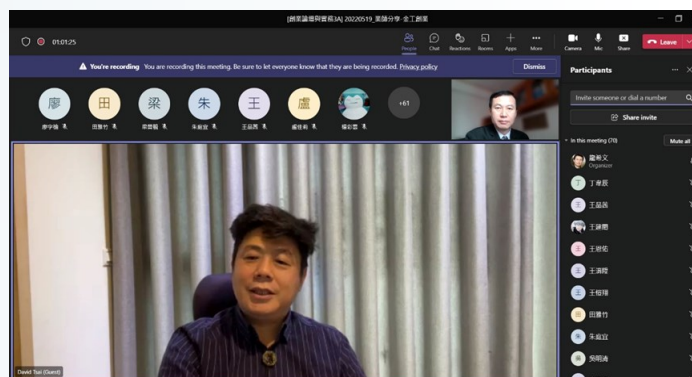
亞洲大學產學處執行獲教育部通過的「創新創業計畫」，5月19日邀請赤軍寶飾蔡大韋總經理，在「金工創業分享」會談中，分享他是如何從夜市一步一步邁向巔峰。不僅擁有美國寶石研究院 GIA 與英國寶石學會鑑定能力，也在金工產業中，引領公司於在國際市場上佔有一席之地。蔡總經理也是亞大商品設計學系和研究所畢業的校友。

蔡總經理特別提到赤軍寶飾參與的國際活動，也為他們帶來創業的宣傳效益。赤軍寶飾於2015年前往曼谷參加「GIT World's Jewelry Design Awards 泰國 GIT 國際珠寶比賽」，在來自全球數十個國家的209參賽作品中脫穎而出，榮獲最高等第1名泰國皇室公主獎的榮譽。參賽作品「DNA的萬花世界」以貴金屬及彩色寶石為題材，不斷地翻轉出DNA生命美妙的萬花圖像，無止境地循環出生命中的繽紛世界。

「邁入市場前，重要的是觀察並清楚產業目前趨勢與運作！」蔡總經理強調。目前全球正於創業熱潮之中，而當中也有不少因尚未熟悉創業市場前的趨勢，而草草收場的失敗案例。鼓勵同學在創業前期，可以通過打工和相關資訊，深入了解想要發展領域的市場趨勢。



圖說：亞大產學處邀請蔡大韋總經理
(右上) 暢談金工創業。



圖說：赤軍保飾總經理蔡大韋(下)，向亞大商品系龍希文老師(右上)和學生分享金工創業的初期規劃。

「清楚掌握產品目前所具備的競爭優勢，並從中創造更多價值！」蔡總經理表示。在創業初期，往往會因對於自家商品的自信心尚未充足，遇到大筆訂單時而不敢與客戶議價或訂定。但是，訂金是一定要收的，尤其是客製商品時，更要將訂金接近符合製作的成本價。而這一舉動，才能在公司在資金周轉上有更大的優勢。以消費者的角度，去掌握市場需求，才能夠充分了產品於市場上的競爭優勢與市場，進而增加對於產品的議價空間。

「謹言從事，才能夠在商戰之中取得勝利！」主持演講的創意商品設計學系老師龍希文指出。商場如戰場，市場競爭的殘酷性、激烈性、劇變性。並不會因你是學生的身份，亦或是新手，而對你仁慈。千萬別因一時的優勢或劣勢，而亂了規劃。應該審慎評估，制定創業各時期的計畫，並適時的討論修正。

「利用故事行銷、文化創意、售後服務，等行銷手段為商品創造更多附加價值！」聽完演講後經管系李家瑩同學表示。蔡總經理提到的金工商品的故事行銷，是為事物附加心理價值，而商品與故事結合則是將商品創造出獨特性。當商品價值大於客戶心中期望，就會有市場。



GIT World's Jewelry Design Awards
國際珠寶比賽冠軍作品

DNA of the Kaleidoscope
DNA的萬花世界

國際珠寶比賽GIT World's Jewelry Design Awards榮獲第一名
並獲頒泰國皇室公主之獎章

CHYHJIUN JEWELRY CO.,LTD.

圖說：赤軍保飾前往曼谷參加「GIT World's Jewelry Design Awards 泰國 GIT 國際珠寶比賽」，榮獲最高等第1名泰國皇室公主獎的榮譽。

產學處資訊

產學新聞

亞大產學處邀請姚雅馨美學總監分享創業歷程

姚雅馨美學總監在創業學程中，分享近年來美學領域的創業經驗！

亞洲大學 (Asia University, Taiwan) 產學營運處主辦的創業學程中，5 月 12 日邀請 Sally 美學館美學總監姚雅馨，演講「從 0 到 1 創業歷程」，分享她是如何由一步步在美容業，建立起與顧客之間的關係。並如何在美容的市場中，開展行銷與增加商品的曝光率。

「你不需要很厲害才能夠開始，但你需要先開始，才會很厲害！」姚總監表示，在面臨未知、不擅長、或未曾接觸的事物時，總是容易出現焦慮，甚者有極度抗拒的心理。但當勇敢跨出第一步時，便會有出乎意料的結果。同時也指出現在多數年輕人心中雖有老闆夢，礙於資金等方面而卻步的痛點。姚總監也是亞大商品系畢業的校友，畢業後開始想從事美容工作，便先進修取得 TNL 二級紋綉師檢定證照，並於也在 2021 年時於 TSIA 國際菁英美業競賽紋綉組，取得優秀的成績。

「上班時專業的累積，下班後才是拓展人脈的開始！」姚總監特別指出，人脈資源對於創業重要性，不只可增加商品曝光率的機會。建議同學跳脫舒適圈，例如勤參加校外社團，認識不同領域的夥伴，以開拓自己的人脈和資源。此外人脈不僅僅是指開拓知名度，在對於顧客售後的關係中，也可以建立一大口碑。



圖說：姚雅馨美學總監在亞大創業學程 演講美容創業的經驗。



圖說：亞大創業學程學生聆聽姚雅馨美學總監，講解美容創業實踐模式。

「獲得失敗是創業當中時常會遇到的，而非只有成功，重要的是用何種心態面對！」主持演講的創意商品設計學系老師龍希文指出。尋找解決方法的同時，個人的能力也會隨之提升。鼓勵同學利用目前還是學生的身分，嘗試創業從中獲取經驗失敗也無須害怕。龍希文老師也表示，姚總監是畢業於亞大創意商品設計學系，她在學生時期，也積極與同學一同組隊參加產學營運處所舉辦的創業競賽，以「LIFE PAPER」榮獲佳績。當時創業主要訴求，是將廢紙漿環保創意設計，製作出精巧文具商品。

「大學是交友最便利的時刻，但人脈也是此時慢慢建立！」聽完演講後經管系李家瑩同學表示。不但要利用在校時期嘗試不同領域，也要開始替自己未來人脈經營規劃。因為真正在創業時，不同領域的人脈，往往會提供異想不到的幫助。



圖說：亞大商設系龍希文老師（右），感謝姚雅馨美學總監演講。

產學處資訊

產學新聞

亞大產學處舉辦第 11 屆創客創業戰鬥營！

財金系陳浩維等 6 位同學「轟酷」到府客製烹調服務、資工系錢允中等 2 位同學「寵物管家」雲端控制，分獲冠亞軍。

亞洲大學 (Asia University, Taiwan) 產學營運處 5 月 5 日舉辦「第 11 屆校園創客創業戰鬥營」。參賽隊共有 90 位同學分為 17 隊參與，並將其成果進行評選。戰鬥營也榮幸能夠邀請具有創業豐富的三位專家擔任輔導專家與評審。分別是雪球資本總經理黃建斌、全漢企業發言人姚文鈞、中科智慧機器人自造基地創新創業場域經理方以韜。輔導專家們普遍認為亞大的創業構想，已跳脫自我的限制，深入了解市場需求，並已擬定策畫方針去精進，若真的持續進行創業過程，預期會得到很好的成果！

此次的創客創業戰鬥營成果優秀的冠軍，為財金系陳浩維、施秉毅、卓哲名、黃景勝、趙苓婷、和洪晨瀚等 6 名同學獲得。他們組成的「轟酷 Home cook」團隊主要訴求到府客製烹調服務。因為現今年輕族群外食主義化，又擔憂食材新鮮度不佳，調味過重進而造成身體的負擔。該團隊推出廚師到府客製烹調服務 APP，並與小農合作，結合各地具有產銷履歷的食材，嚴格控管品質。以提供各類多樣化美食與客製化料理。



圖說：亞洲大學第十一屆創客創業戰鬥營發表的現場報告。

亞軍是由資工系錢允中和王滄陞等2名同學組成的「寵物管家」獲得。因為他們觀察到目前飼養寵物主人，因為工作等各種因素，無法經常陪伴寵物。他們預計推出一台以Wi-Fi雲端控制的技術，結合攝影機與自動餵食工具。希望能遠端能與寵物互動，即時關注寵物居家時的任何情形。在若遇到寵物居家時緊急情況，也能第一時間發現。希望能改善目前寵物與主人雲端相處的問題。

季軍則是由經管系朱庭宜，萬諭璇，和陳文怡，與休憩系賴姝言和劉子祺等5名同學所組成的「pang pang Candles」。香氛蠟燭是近幾年熱度較高的東西，味道的好聞與否影響消費者的購買意願。他們希望藉由香氛蠟燭，為使用者創造出專屬的私人小天地，進而帶來歸屬感以及放鬆的效果。也希望能夠幫助入眠困難、生活壓力大、以及想要提升生活格調的消費者。

「不走尋常路，跳脫思維框架，才能夠脫穎而出！」擔任創業論壇與實務授課老師龍希文指出。探勘目前的生活環境的特徵與差異化，跳脫消費市場過去思維框架，就能以一個與眾不同的商品或服務來當作創業的題材。同學除了在自己的生活以外，鼓勵同學多由外界得知不同生活圈的體驗，也能產生一些合理的創業概念。透過討論、測試、改良，就能提出成熟的創業的作品。

「即使相同的創業主題，也會因為科系能力不同，產生不同的創業成果！」經管系李家瑩在參與創客創業戰鬥營後表示。可以利用自身的專業，適時調整經營方針與行銷策略，也能夠做出不同的創業風格。



圖說：財金系陳浩維等6位同學「轟酷」到府客製烹調服務、資工系錢允中等2位同學「寵物管家」雲端控制，分獲亞洲大學第十一屆創客創業戰鬥營冠亞軍。



圖說：擔任亞洲大學第十一屆創客創業戰鬥營輔導專家與評審的中科智慧機器人自造基地創新創業場域經理方以韜(左起)、雪球資本總經理黃建斌、全漢企業發言人姚文鈞，接受創業論壇與實務授課老師龍希文頒發感謝。

計畫徵詢

科技部「111 年度第 2 期產學合作研究計畫」自 111 年 5 月 16 日（星期一）至 111 年 7 月 1 日（星期五）止受理申請

主旨：本部 111 年度第 2 期產學合作研究計畫，自 111 年 5 月 16 日（星期一）至 111 年 7 月 1 日（星期五）止受理申請，申請事項詳如說明，請查照。

說明：

一、依據「科技部補助產學合作研究計畫作業要點」第 4 點規定辦理。

二、旨揭計畫執行日為 111 年 11 月 1 日起至 112 年 10 月 31 日，相關申請注意事項如下：

（一）申請程序

1、申請名冊及申請機構切結書各 1 式 2 份經有關人員核章後，應於 111 年 7 月 1 日（星期五）前函送本部，逾期不予受理。

2、申請機構應切實審核計畫申請人及合作企業資格，並於申請名冊之備註欄內逐案確認計畫申請人資格，符合者始得將其申請案彙整送出。

（二）合作企業出資規定

1、合作企業配合款之總和不得低於當年度計畫總經費 25% 之金額，且配合款不得低於新臺幣（下同）25 萬元。計畫屬人文領域者，其合作企業之企業配合款不得低於當年度計畫總經費 20%，且配合款不得低於 20 萬元。

2、合作企業配合款得以提供設備供計畫使用之方式作為出資，其總和不得超過合作企業配合款總和之 60%，且應於設備費額度內為之。

3、合作企業提供設備供計畫執行使用並申請作為配合款出資比者：應將設備完成評價並附設備所有權移轉承諾書（設備所有權於簽約後 3 個月內移轉予計畫執行機構所有）等資料，由申請人檢齊相關資料，循計畫執行機構行政程序簽報核准後提出申請。

（三）申請機構執行本計畫辦理科研採購時，如屬計畫之合作企業專屬權利或獨家製造或供應，無其他合適之替代標的者，或有逕向計畫之合作企業採購之必要且能提供具體證明者，始得由計畫主持人敘明理由循申請機構行政程序專案核准，辦理採購。

三、本計畫公告受理訊息，亦將同步於本部網站「動態資訊/計畫徵求專區」公告。各類書表請至本部網站(<https://www.most.gov.tw>)進入「學術研發服務網」製作。

計畫徵詢

科技部「111 年度第 2 期產學合作研究計畫」自 111 年 5 月 16 日（星期一）至 111 年 7 月 1 日（星期五）止受理申請

四、檢附計畫申請書格式及相關文件供參，其餘本部補助產學合作計畫相關文件，請自行於本部網站（網址同上）之「動態資訊」或「學術研究/補助獎勵辦法及表格/補助專題研究計畫/產學合作研究計畫」下載利用。

五、各年度所需經費如未獲立法院審議通過或經部分刪減，本部得依審議情形調減補助經費。

六、本部依審查結果核給補助額度，計畫未獲通過補助者，不得提出申覆。

七、受補助機構對補助款項之各項支用單據，應依政府支出憑證處理要點規定辦理。

八、本案聯絡人

（一）電腦操作相關問題，請洽本部資訊系統服務專線，電話：0800-212-058，

（02）2737-7590、（02）2737-7591、（02）2737-7592。

（二）計畫規定如有疑義，請洽本部產學司，申請諮詢：（02）2737-7280 林先生、

（02）2737-7241。王小姐，技轉諮詢：（02）2737-7932 何小姐。

計畫徵詢

衛生福利部 111 年度「藥癮治療費用補助方案」及「美沙冬替代治療服務可近性補助計畫」說明書

主旨：函轉衛生福利部 111 年度「藥癮治療費用補助方案」及「美沙冬替代治療服務可近性補助計畫」說明書等相關資料各 1 份，請鼓勵所屬醫療機構參與藥癮醫療服務，請查照。

說明：

一、依據衛生福利部 111 年 5 月 18 日衛部心字第 1111761135 號函辦理。

二、衛生福利部為鼓勵藥癮個案求助及促進治療機構持續提升服務量能，推動旨揭 2 項計畫，計畫內容簡述如下：

(一)藥癮治療費用補助方案：針對施用毒品個案，補助物質使用障礙症之評估及各項藥癮醫療處置費(共 23 項處置項目)，每人每年新臺幣(下同)3 萬 5,000 元至 4 萬元，及針對參與本方案之治療機構，依其收治個案之全年度藥癮醫療補助項目之藥癮治療費用總和之 8%給予獎勵費(最高以本方案藥癮醫療補助項目之總補助費用之 10%為限)。

(二)美沙冬替代治療服務可近性補助計畫：

1、補助醫療機構或衛生所，開辦美沙冬替代治療服務所需人事費、業務費及設備費，每件最高補助 30 萬元。本(111)年度申請期限至 111 年 6 月 15 日止(以衛福部收文日為準)。

2、補助美沙冬治療服務規模小於 150 人之美沙冬治療機構，維持該醫療服務之基本營運費用，每件補助 20 萬元至 75 萬元不等。

三、除上開 2 項計畫外，為鼓勵治療機構深化或多元化藥癮治療服務方案，該部每年針對治療機構公開徵求補助辦理藥癮醫療相關計畫，相關資訊可逕自衛生福利部網站下載閱覽(路徑：衛生福利部/本部各單位及所屬機關/心理健康司/成癮治療/藥癮業務/藥癮戒治)。

產學處政府標案公告

招標機關	雲林縣環境保護局
標案名稱	111 年度雲林縣全民綠生活暨綠色消費推廣合辦計畫
招標金額	1,000,000 元
公告日期	111/05/17
截標日期	111/06/01 08:30
標案公告	https://web.pcc.gov.tw/tps/tpam/main/tps/tpam/tpam_tender_detail.do?searchMode=common&scope=F&primaryKey=53805109
建議提案單位(非指定)	管理學院

招標機關	新北市政府農業局
標案名稱	111 年新北市農村總合發展計畫－農村社區里山實踐計畫
招標金額	2,500,000 元
公告日期	111/05/18
截標日期	111/06/01 14:00
標案公告	https://web.pcc.gov.tw/tps/tpam/main/tps/tpam/tpam_tender_detail.do?
建議提案單位(非指定)	醫學暨健康學院、管理學院

招標機關	臺北市政府資訊局
標案名稱	111 年度台北市政便民服務系統建置服務委託案
招標金額	4,910,000 元
公告日期	111/05/18
截標日期	111/06/06 11:00
標案公告	https://web.pcc.gov.tw/tps/tpam/main/tps/tpam/tpam_tender_detail.do?searchMode=common&scope=F&primaryKey=53806344
建議提案單位(非指定)	資訊電機學院

招標機關	行政院環境保護署
標案名稱	人工智慧影像判煙辨識技術及校驗能量建置計畫
招標金額	6,900,000 元
公告日期	111/05/17
截標日期	111/06/15 17:30
標案公告	https://web.pcc.gov.tw/tps/tpam/main/tps/tpam/tpam_tender_detail.do?
建議提案單位(非指定)	資訊電機學院

備註：

1. 想進一步了解標案內容的老師，請洽產學處夏葳，分機 1769，信箱 hsiawei@asia.edu.tw，進行領標作業。
2. 若欲投標，最晚請於截標日期前一週，洽產學處夏葳，進行學校投標行政作業。

醫學暨健康學院資訊

亞大聽語系同學關嘉蓋榮獲全國優秀青年！

救國團主辦「中華民國各界慶祝 111 年青年節大會」日前舉行，亞大聽語系大四學生關嘉蓋榮獲優秀青年表揚。關同學曾擔任聽語系學會會長，參與過國際特赦組織「寫信馬拉松行動」，更熱心社會公益活動，到醫院、養老院擔任志工，未來希望能以聽語專長，幫助更多有需要的人。

目前正在台大醫院實習的關同學說，這次獲優秀青年獎很意外，因為協助他人或當志工，都是發自內心，並沒有想到會獲獎。她很喜歡尼采的一句話「人必須要有內心的混亂，才能生出跳舞的星星」，她想告訴現代的大學生，不管自己或環境，不可能所有事情都順利，但要處理好混亂的內心，才能釐清自己的目標，照著自己的心意去做，人生才會快樂。也希望未來有機會，用自己小小力量去幫助更多的人。

熱心助人是關同學的人格特性，2016 年高二時，她到美國聖克萊爾 R13 中學當交換生一年，當時班上有一名從中國大陸移民的男同學，因英文能力較差，要用手機翻譯才能跟校方人員溝通，之後她上課幫他翻譯課程內容，協助對方適應美國課業與生活，天天陪他吃午餐，讓他融入高中生活，雖然花了不少時間，她覺得很值得，也因此獲得聖克萊爾 R13 中學頒發「Very Important Person」獎表揚。

進入亞洲大學的關同學熱心各項公益，到育幼院、養老院、醫院服務，她說，透過服務過程培養同理心，之後在職場上就能更加體會如何跟小朋友與老人家相處。在參與的各種社會服務中，最特別的是參與國際特赦組織發起的「寫信馬拉松行動」全球人權活動，她表示，「寫信馬拉松」視不公義為己任，寫信聲援人類有表達意見的自由、為遭到壓迫的人權捍衛者與酷刑受害者尋求正義，為世界各地人權遭剝奪之人發聲，為一個「人人享有人權」的世界而努力。

從大一起，關同學即擔任學系及社團負責幹部，熱衷校內各社團活動，曾擔任聽語、財法、外文三系聯合迎新宿營總召。學業表現也很耀眼，曾參加教育部暑期亮點計畫到香港大學研修。



圖說：亞大聽語系關嘉蓋同學(右)榮獲 111 年優秀青年，由致理科技大學前校長尚世昌講

管理學院資訊

亞大會資系與「志光文教集團」、「美加美語」合作培訓會計菁英！

亞洲大學會資系自 2013 年接受台灣第一大精密機械公司上銀科技捐款，執行「會計菁英培訓計畫」，這些年來，每年輔導學生各類專業證照（含高普考、會計師、資訊等）達 150 張以上。為協助學生更上一層樓，日前分別與台灣知名「志光文教集團」（智基科技開發公司）、「美加美語」簽約，輔導同學取得各種證照，達到畢業即就業的目標。

近年來會資系友經志光輔導考上高考、特考、普考多達 12 位同學，足見志光在輔導公職考試與專業證照實力。會資系決定與志光文教集團合作，志光特地派出名師，輔導同學考高普考、特考、記帳士各項證照，會計師輔導班則採雲端授課，畢業系友也能參加。

智基科技副總經理張志良說，很開心能與亞大會資系合作，雖然去年全國記帳士通過率僅 15%，但希望在志光輔導下，今年 11 月普考記帳士時，會資系每三位同學至少有兩位能通過。



圖說：會資系同學參加「美加美語」多益證照線上輔導班合影。

此外，亞大管理學院 110 學年度，獲教育部連續 5 年高額補助 EMI 全英文授課計畫的示範大學。提升同學英文實力已是管理學院老師重要使命。除學校提供豐富英語學習資源外，會資系與「美加美語」3 月合作開設多益英文線上課程，每週兩次，每次各兩小時，本學期上課三個月，暑假上課兩個月，大一到大四的學生都可參加。亞大英文畢業門檻為多益 500 分，會資系希望藉由「美加美語」協助，學生畢業時多益至少 600 分以上的實力。

會資系主任龐玉涓說，希望參與同學知道感恩，感謝上銀科技長年提供豐富資源，讓學生能無憂學習，也要感謝願意合作的兩家知名品牌公司，派出名師協助輔導同學。創系 21 年來，會資系一步一腳印努力經營，同學踏出校門就業品質在中部會計行業已闖出名氣，就業薪資穩定成長，希望這次證照輔導成果，能為會資系辦學績效更上一層樓。



圖說：會資系老師陳瓊燕(左起)頒給通過普考記帳士同學黃渝煊、林佩宣，及獲得經濟部 IPAS 證照的余天佑同學，各 1 萬元獎學金。

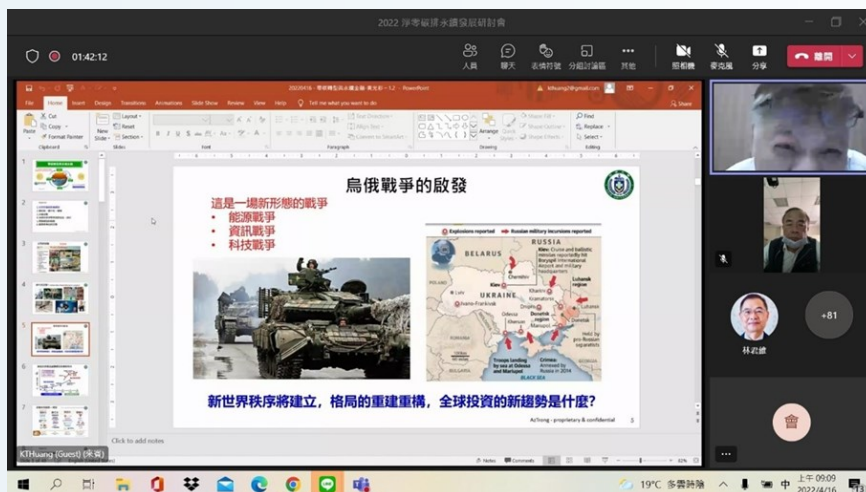
亞大會資系辦「淨零碳排永續發展研討會」與「碳管理管理師證照研習會」！

亞洲大學會資系因應金管會最新永續報告規範，4月16、17日舉辦「2022淨零碳排永續發展研討會」與「碳管理管理師證照研習會」，產官學界熱烈參與。會資系主任龐玉涓說，該系將於下半年陸續規劃「碳足跡計算」、「碳中和」與「碳權交易」等系列課程，同時推出碳管理國際證照培育課程。

「2022淨零碳排永續發展研討會」邀請亞大講座教授黃光彩，談「淨零轉型與永續金融」、台灣環境管理會計協會理事長沈華榮教授，演講「企業永續經營重要議題之分享」。並與CEO國際證照中心合作辦理的「碳管理管理師證照研習」。

黃講座教授主講「淨零轉型與永續金融」，他指出時代在變，世界面臨新挑戰。產業勢必要做好服務化、數位化、智能化與零碳化轉型準備。未來零碳時代，每個國家、各個產業都需要規劃碳足跡、碳中和與碳權議題，企業要知道規劃氣候相關的財務資訊揭露規範，零碳轉型商機。

沈教授講授「企業永續經營重要議題之分享」，完整講述永續經營各階段性規範，尤其以會計財務觀點，指出各企業需要關注永續報告書以及相關問題。沈教授深耕環境會計多年，也同時輔導多家大型企業綠色經營規劃，最後分享幾家企業輔導個案，學員獲益良多。兩場演講結束都有不少學員提問，足見淨零排放受到產業界重視。



圖說：亞大講座教授黃光彩（右上），演講「零碳轉型與永續金融」。

沈教授講授「企業永續經營重要議題之分享」，完整講述永續經營各階段性規範，尤其以會計財務觀點，指出各企業需要關注永續報告書以及相關問題。沈教授深耕環境會計多年，也同時輔導多家大型企業綠色經營規劃，最後分享幾家企業輔導個案，學員獲益良多。兩場演講結束都有不少學員提問，足見淨零排放受到產業界重視。

「碳管理管理師證照」研習會，報名熱烈出乎意料，人數高達一百餘人，參與學員有大學教授、工研院人員及政府部門、會計師與多家企業主管。台中老牌萬泰會計師事務所會計師林勝結，更為事務所20名員工集體報名，除贊助報名費，更給予兩天加班時數。林會計師說，永續經營問題是每家企業需要認真面對議題，萬泰員工不論是未來輔導企業或轉職到其他大企業任職，都非常需要相關知識。課程中學員提問非常踴躍，專業講師也一一回覆協助解決問題。

會資系主任龐玉涓說，淨零排放是2021年全球氣候領袖高峰會各國所達成共識，台灣知名台積電、中鋼、台塑、台泥等企業，也開始規劃脫碳計畫，並積極配合國際供應鏈碳足跡計算要求。淨零排放已不再是單純環保議題，更成為產業競爭力以及永續發展議題。會資系會隨時掌握大環境議題，引領企業與學界共同切磋交流。下半年將陸續規劃「碳足跡計算」、「碳中和」與「碳權交易」等系列課程，同時也將與國際單位聯合推出相關碳管理國際證照。



圖說：參加「淨零碳排永續發展研討會」與「碳管理管理師證照研習會」教師與學員合影。



圖說：台灣環境管理會計協會理事長沈華榮教授，談「企業永續經營重要議題之分享」。

人文學院資訊

亞洲大學幼兒教育學系舉辦幼兒教育暨學前融合教育學術研討會

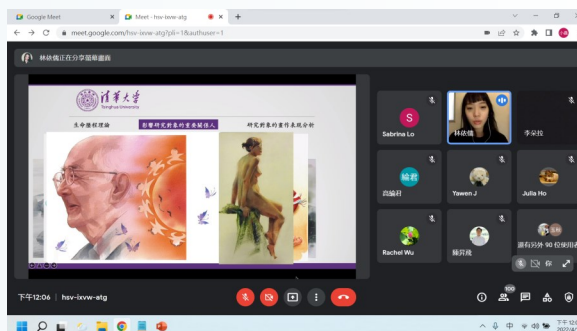
內容亞洲大學(Asia University, Taiwan)幼兒教育學系因應幼兒園教保活動課程之實施,以及配合教育部推重幼兒園特殊教育次專長,著重學前融合教育之發展,特別以「尊重差異、融合多元」為主軸,舉辦一年一度之學術研討會。今年特別邀請台中教育大學早期療育研究所—吳佩芳教授,擔任大會專題演講嘉賓,講題為「學前融合課程建構模式在幼兒園中的運用」,提供具體之融合教育課程建構模式,協助幼教基層教師與教保服務人員能系統化落實融合教育。

亞洲大學幼兒教育學系於4月15日舉辦2022幼兒教育暨學前融合教育學術研討會,因應covid-19疫情發展,今年線上方式進行,共有一百位幼兒園教師、教保員、研究生與大學生與會。吳教授首先介紹學前特殊幼兒的學習需求,老師的介入是增進發展並且提升他們在日常生活活動中參與的機會以及程度。佩芳教授花了很多時間介紹「嵌入式教學」,強調這是一個多步驟的教學方式,需列出的優先的學習目標,透過在日常生活中自然發生的活動、作息與轉銜時間,提供刻意的(intentional)和系統性(systematic)的教學,進而支持兒童的發展、參與和學習。吳教授也期待每位現場的教保服務人員都能發揮「小小的改變,大大的影響」的教育精神。

本次與會學者專家針對幼兒教育與融合教育等議題發表9篇學術論文,獲得現場幼兒園在職教師與同學熱烈回應。其中本系盧美貴榮譽講座教授、陳麗嬪副教授、卓美秀、羅育齡助理教授,以及本系畢業系友林依儒、黃羿文,根據自己近年來的研究成果與教學經驗,撰寫論文投入本次研討會發表,展現本系師生豐碩之研究成果。



圖說：吳佩芳教授研討會主題演講



圖說：本系畢業生林依儒發表論文

本系長期合作之今日國際教育機構，沈伯修董事長撰寫「全民原教下現場教保服務人員需要之教學資源初探」，以多元化教育之立場，暢談如何在幼兒園推動全民原教，以及建立原住民教育之課程與教學資源。本系畢業生林依儒，以探究一位畫家的藝術創作與生命歷程，進而反映在自身的生命歷程，娓娓道來許多精彩感人故事。

亞大幼教系主任陳昇飛強調，幼教系為教育部認可之師資培育學系，致力優質幼教師資之培育，定期舉辦學術研討會提供校內外師生專業成長之機會。研討會第二年以「尊重差異、融合多元」為主題，主要是回應幼兒園教育現場特殊生學習需求增加，希望透過研討會的多方交流，推動幼兒園融合教育，發展合宜的教育方式。其次，本系111學年度通過教育部審核開設幼兒園特殊教育次專長學分班，培育幼兒園教師特殊教育次專長，而「融合教育」即是重點課之一。期待明年延續類似的主题持續帶動台灣幼兒教育與融合教育的發展和國內外學業界學術討論的平

臺。



圖說：今日教育機構沈伯修董事長發表論文



圖說：幼教系陳昇飛主任、學系老師、學生團隊合影

資訊電機學院資訊

亞大、彰縣府、廣達簽署培育國小 AI 能力合作！

廣達捐軟體、亞大提供師資，培訓彰化縣籍上百位大學生返鄉推展 AI 與英文能力，造福 4600 位國小學生。



圖說：亞大校長蔡進發(右起)、彰化縣長王惠美、財團法人廣達文教基金會執行長徐繪珈、廣達電腦技術長張嘉淵，共同簽署三方合作備忘錄。



圖說：亞大校長蔡進發(左起)、彰化縣長王惠美，聽取學生介紹智慧澆溉系統。

亞洲大學、彰化縣政府、財團法人廣達文教基金會三方，昨(1)日簽訂合作備忘錄，由彰化縣政府推動、廣達文教基金會捐贈軟體、亞洲大學提供師資栽培及課程規劃，在 6 月前培訓上百位彰化縣籍大學生當師資，在暑假期間提升彰化縣國小學生 AI 與英文能力，預計有 4600 名學子受惠。彰化縣長王惠美特別感謝亞大、廣達文教基金會，與縣府一起合作提升彰化縣學子的雙語、科技教育。

亞大校長蔡進發校長指出，亞大很榮幸跟王縣長、廣達文教基金會一起來推動科技雙語活動，亞大不管在國際化、設計、藝術，以及科技如 AI、物聯網、AR、VR 都有很多人才，把亞大老師跟學生帶到彰化，結合廣達的技術力，造福鄉里，培養學生國際觀。

王縣長表示，上任以來一直把重點放在英文教育跟科技教育，如何讓孩子更有國際觀並與時代脈絡接軌，是非常重要的。縣府成立 5 所科技中心、2 所 AIoT 智慧聯網中心及 2 所英語 AI 智慧學習中心。暑假期間，也會有更多大學生進入國中小返鄉服務，讓孩子參加英語 AI 智慧學習營隊，讓英文教育能向下扎根，科技教育可以贏在起跑點上。王縣長指出，這次合作只是剛開始，未來會有更多合作方案。

廣達電腦技術長張嘉淵說，廣達努力讓科技及程式語言教育向下紮根，讓孩子與國際接軌。十分榮幸與亞大一同合作，一起設計不同教案，讓孩子應用廣達開發的Quno教具及Qblock軟體，解決現實社會的各樣問題，變成一個科學人。廣達「游於智」計畫以啟發國小學生對程式語言的興趣，培養與未來世界的溝通能力為目標，藉由提供學校教師模組化教具與教師工作坊課程，用以協助學校實施程式語言課程，開拓學生智慧生活的視野。計畫以「體驗智慧生活」為課程設計，搭配模組化教具包與教師增能課程，逐步開拓智慧生活的視野。



圖說：亞大校長蔡進發(左二)、彰化縣長王惠美(左三)、財團法人廣達文教基金會執行長徐繪珈(左四)、廣達電腦技術長張嘉淵(左五)，參觀學生自製的倒車雷達警告系統。



圖說：彰化縣長王惠美(前一)向亞大校長蔡進發(前二)，介紹縣內教育發展成果。

亞大資訊長陳懷恩表示，廣達將提供設備 Quno 與 Qblock 與教材，亞大於暑假前協助彰化縣，培訓約 175 位種子教師，並於暑期透過學生實習方式，讓受過訓練的大學生至彰化縣各校開課，預計有 4600 位國小學生受惠。

陳資訊長說，校內組成教學團隊，邀請包括雲創學院院長王昭能、資電學院菁英班執行長陸清達、幼教系老師鄭雅文、商應系老師陳政煥、外文系老師陳謝鈞，每位老師帶領研究生與專題生進行培訓。此外，也請鄭雅文老師召集暑假期間可以擔任教學服務的同學，展開後續的訓練活動。後續課程將視疫情發展，並配合政府防疫政策，除實體課程規劃外，也規劃線上訓練課程，作為疫情較為嚴重時備案。

昨天現場也展示廣達「游於智」計畫先期成果，充分展現小朋友透過科技並發揮創意改善生活的亮點。

亞洲大學「量子電腦研習班」圓滿結束，將再開設新班！

蔡進發校長表示，量子電腦研發關係到國家發展能力與安全。亞大將不斷培育人才，對外開班協助學術界及產業界成長與創新。

亞洲大學與亞馬遜雲端運算服務 AWS 等，合作開設「量子電腦春季研習班」，針對「混合式量子傳統計算與機器學習」授課。三月開課，日前圓滿結束。亞大校長蔡進發指出，全球有很多國家都投入大量資源研發量子電腦，這項科技關係到國家發展能力與國家的安全。亞大將不斷培育人才，對外開班協助學術界及產業界成長與創新。

研習班由亞大、成功大學研究發展基金會、亞馬遜雲端運算服務 AWS (Amazon Web Services)、「中亞聯大」雲創學院、台灣師範大學數學系、安強石墨烯公司共同合作，共 6 天課程，師資陣容堅強，有亞大資工系講座教授黃光彩及謝長倭教授、亞大生醫系特聘教授吳家樂、「中亞聯大」雲創學院院長王昭能、成大工程科學系講座教授黃吉川、雙橡園國家實驗室徐中行博士、陽明交通大學教授蘇承芳、台師大教授陳建隆、AWS 陳怡安博士、及安強公司陳永松博士等專業師資。

研習班著重於「混合式量子電腦(QC)與古典電腦(CC)運算雲平台」，並以 COVID-19 疫情為例，透過混合(Hybrid)量子與傳統電腦的高速運算能力，加速防疫相關的生物醫學及技術研發。課程將量子運算結合機器學習(量子支持向量機分類法、變分量子演算法)，解決最佳化問題。例如病毒變異預測、模型建構及分子最低能量計算，如何利用 Hybrid CC/QC CaaS 整合來加速研發流程，不但是生醫應用上最前瞻的研發課題，也希望為學術界及產業界培育更多具專業能力之跨領域量子人才。

圖說：蔡進發校長(前排中)、安強公司總經理陳永松教授(前排左)、黃光彩講座教授(前排右二)、亞馬遜 AWS 機器學習專家陳怡安博士(前排右一)與「量子電腦春季研習班」學員合影。



亞大希望能降低進入量子電腦應用的門檻，幫忙研發人員更容易建置和改進量子演算法，使得更加精進。另外也透過虛擬機器(IBM Qiskit 量子計算套件)去處理各方面最佳化問題，應用層面非常廣泛。

研習班吸引台灣學術界與科技業界到亞大上課，包括來自中國醫藥大學、台塑集團、智邦科技及半導體產業等專家。亞大將再舉辦量子計算研習班，期待繼續朝向量子電腦目標前進，培育優秀人才。此外亞大正在開發 QCaaS 平台，並且以醫學影像診斷模型與量子金融（或材料發現）為應用主軸，提供服務。亞大將與 IBMQ 合作，測試大量子位元的系統，有興趣的產業，可以跟亞大資工系講座教授黃光彩（電子郵件信箱 kthuang14@asia.edu.tw）、生醫系特聘教授吳家樂(電子郵件信箱 ppiddi@gmail.com)連絡。



圖說：參加量子電腦講座的學員，認真聽取黃光彩講座教授授課。

創意設計學院資訊

亞大時尚系畢業成果展，羅丹廣場絢麗開展！	44
亞大時尚系第九屆畢業專題設計創作於臺中市大墩文化中心展出！	47
亞大時尚系參訪隆昌集團彰化紡織廠	50
亞大時尚系結合元宇宙於纖維工藝館展現最新科技！	52
亞大數媒系藝文元宇宙 師生交流藝術科技創作「功夫」!.....	54

亞大時尚系畢業成果展，羅丹廣場絢麗開展！

時尚精品設計組大四學生，展出 32 位同學 384 件作品，包含金工珠寶、袋包箱、鞋靴等雕琢成器的精品

亞洲大學 (Asia University, Taiwan) 創意設計學院時尚設計學系第 9 屆畢業成果展系列活動，首展由精品設計組大四學生 3 月 30 日於亞大羅丹廣場舉辦的靜態展拉開序幕，由時尚設計學系畢委會精心策展，從展場規劃、主視覺設計至每組展品陳列設計，展現出學生創作設計的主題與各式工法鍛鍊下的藝品，也帶來一場視覺的饗宴。

創意設計學院副院長兼時尚設計學系主任林青玫表示，本屆計有時尚精品設計組 32 位學生、384 件珠寶金工、袋包箱、鞋靴等創意設計作品，本年度學生畢業展主題為「芋」，意在學生從無到有，經過 4 年的學習養成，醞釀萌芽到含苞待放，設計實務能力飛躍成長，畢業不是告終而是一場再生。



圖說：開幕活動剪綵儀式。

參與展出的同學一一為與會貴賓解說畢展作品，亞洲大學蔡進發校長參觀學生作品表示，學生經過4年的學習成果表現可以看出系上教師的用心，其創意設計與技巧應用皆具成熟度，致詞嘉賓亞大鄧成連副校長表示，時尚設計學系精品組在他的見證下成長茁壯，看到同學成熟的技巧與聰慧設計展現出大氣的作品，並將軟件與硬件的完美搭配值得讚許。

林青玫主任說，此次畢業成果展邀請「至誼實業股份有限公司」薛秋雄董事長、「頑石文創開發顧問股份有限公司」品牌創辦人程湘如老師、「I-Shan 13 品牌」蔡依珊老師、「時來運轉珠寶店」負責人張超閔老師等擔任校外評審，本屆展出學生作品經歷了如種子般的發芽成長，將片片素材轉變為特色創作。評審們給予展出學生專業評語外，對於同學的表現均給予高度的肯定，並表示有些作品的成熟度都可以市場化，深刻感受到學生於精品設計的無限潛能。



圖說：參展同學向蔡進發校長(中)與林青玫副院長(左)解說畢展作品理念與創作技法。



圖說：校外評審老師給予展出學生建議與指導。



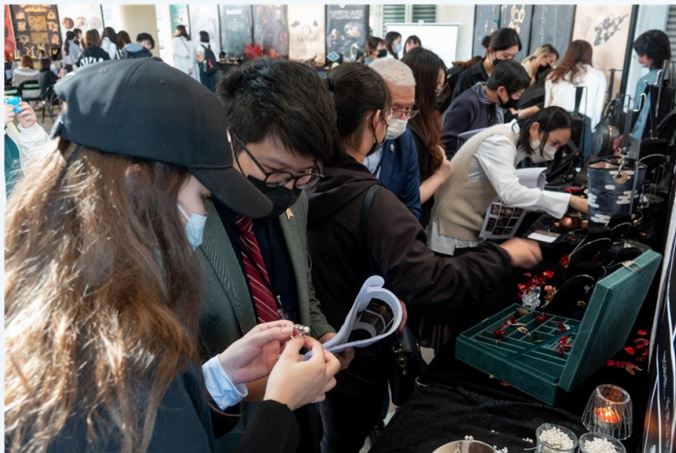
圖說：鄧成連副校長致詞與勉勵。



圖說：鄧成連副校長與林青玫副院長致贈評審感謝狀。

本年度精品組靜態成果展由吳汶庭同學以「逆夢」榮獲第一名殊榮，作品以黑色的歐洲植鞣皮做為主要材質應用，歐洲植鞣革是以古老工藝作法處理，因此對環境不會造成傷害且可以回收，設計表現應用剪影的方式將瀕臨絕種的動物呈現在包款設計上，並以手縫、皮革染色（冰裂紋、刷染）等技法進行製作，希望透過設計提醒大家動物保護的重要性，並祈願大家可以一起來共同保護環境。史家福同學以「浮世」獲得第二名，作品以浮世繪所描繪的龍、水浪、錦鯉、能面等圖騰元素為題材，沿用日式紋身象徵的意涵呈現金工作品，很高興作品能受到評審的肯定，也感謝老師的教導與同學的鼓勵。葉子渝同學以「蒼穹」獲得第三名，應用金工鍛敲及焊接、袋包縫製、蠟雕、鞋靴縫製及手繪等表現技法，展現蒼穹之巔，雲集之處，鶴鳴，鳳舞，龍翔，細琢磅礴壯麗於方寸之隅，金雕壯麗於古風之中。

擔任本次畢業展策畫指導林卿慧老師說，4月23日到5月12日，時尚精品設計組學生在臺中市大墩文化中心陳列室展出，將僅能在舞台上驚鴻一瞥的提包設計、金工設計、飾品設計細部材質觸感與特殊精巧構造，讓民眾能近距離觀看，並與業界同好心得交流、時尚精品創作分享等，提供大眾結合美感與實務應用鑑賞。



圖說：校外評審老師給予展出學生建議與指導。



圖說：時尚系第9屆精品設計組畢業成果展活動大合照。

亞大時尚系第九屆畢業專題設計創作於臺中市大墩文化中心展出！

亞洲大學創意設計學院時尚系第九屆畢業成果展系列活動，時尚精品設計組應屆畢業生靜態展「芋」，於 111 年 4 月 23 日(六)到 5 月 12 日(四)，在臺中市大墩文化中心展出。展出精品設計組 21 位同學創作的 264 件金工珠寶、袋包、鞋靴…等精品。

創意設計學院副院長兼時尚系主任林青玫於 4 月 23 日蒞臨展場開幕，於開幕致詞中感謝學生家長們無限支持，讚許學生全力以赴。本次校外展展出作品於校內畢業成果展時邀請校外「至誼實業公司」董事長薛秋雄、「頑石文創開發顧問公司」品牌創辦人程湘如、「I-Shan 13 品牌」蔡依珊、「時來運轉珠寶店」負責人張超閔等人擔任評審選出，並獲高度肯定。



圖說：林青玫主任頒發第三名獲獎葉子渝同學。

開幕當日並頒發本屆獲獎同學，第一名為吳汶庭同學的「逆夢」系列黑色歐洲植鞣皮袋包，以剪影方式將瀕臨絕種的動物呈現在手提或肩背包上，運用了手縫、冰裂紋、皮革刷染染色等技法，且植鞣革是古老工藝作法處理，不會傷害環境且可回收，籲請各界珍惜寶貴的大地生靈；第二名為史家福同學的「浮世」，其系列金工作品以龍、水浪、錦鯉等浮世繪、日式紋身圖騰製作為髮簪、髮梳與質地紮實之戒指、鍊墜，盡顯他擅於刻畫流動曲線的長才。第三名為葉子渝同學的「蒼穹」，其作品系列品項甚為全面，運用了金工鍛敲焊接、袋包縫製、蠟雕、鞋靴縫製及手繪等表現技法，展現蒼穹之巔、雲集之處，鶴鳴、鳳舞、龍翔…等，整體形式祥瑞富麗。此外，李宣妤以新式珠寶「Who We Are?」獲最佳原創設計獎、邱名妤以「獻祭 Sacrifice」獲最佳媒材應用獎、陳盈燕以「繁 Flourishing」獲最佳技藝運用獎、蔡宜霖以「夢境·印地安」獲最佳商業潛力獎、陳怡安以「液」獲最佳展示設計獎！

第九屆時尚系畢委會會長劭啟月同學表示，感謝蔡進發校長於校內展親臨會場給予的鼓勵，並感謝本屆負責總策畫林卿慧老師及系上師長們自大三起給予專題型教學，及黃明媛老師協助輔導本屆校外展場地安排。在統籌校外展期間，實際學習了聯展企畫，也與場佈組、美宣組協同習得策展經驗，在製作、行銷實務上收穫豐富，非常感謝亞大時尚系林青玫主任及師長們自大三起的諄諄指導，期待校外展出更能帶給前往觀展的藝文愛好者們，如唐代羅隱所作「疊影重紋映畫堂，玉鈎銀燭共榮煌」之詩境。

相關訊息可見：

亞洲大學創意設計學院時尚系第九屆畢業成果展系列活動，時尚精品設計組應屆畢業生靜態展「芋」，於 111 年 4 月 23 日(六)到 5 月 12 日(四)，在臺中市大墩文化中心展出。展出精品設計組 21 位同學創作的 264 件金工珠寶、袋包、鞋靴…等精品。

圖說：第九屆畢業展總策畫林卿慧老師頒發獲得最佳原創設計獎 李宣妤同學。



創意設計學院副院長兼時尚系主任林青玫於 4 月 23 日蒞臨展場開幕，於開幕致詞中感謝學生家長們無限支持，讚許學生全力以赴。本次校外展展出作品於校內畢業成果展時邀請校外「至誼實業公司」董事長薛秋雄、「頑石文創開發顧問公司」品牌創辦人程湘如、「I-Shan 13 品牌」蔡依珊、「時來運轉珠寶店」負責人張超閔等人擔任評審選出，並獲高度肯定。



圖說：第九屆畢業專題設計創作於臺中市大墩文化中心展出合影。

亞大時尚系參訪隆昌集團彰化紡織廠

亞洲大學 (Asia University, Taiwan) 時尚設計學系 70 多位同學，在林青玫主任、蕭沛宸、黃于恬老師帶領下，於 3 月 9 日至隆昌集團彰化紡織廠宏諦實業股份有限公司進行校外教學參訪。由宏諦實業蕭書帆研發工程師、謝智麟課長帶領學生了解紡織產業與織物特性介紹及導覽，除了觀摩機能性布料，還深入工廠紡織生產線，進而使同學了解認識紡織流程與織物設計。

宏諦實業於紡織業成立至今已逾 30 年，其著重於機能針織布研發，廣泛應用於鞋材、成衣用布、工業用布以及電腦緹花布。宏諦公司主要生產經編針織物，經編布不易散開，強力比圓編布高。在織經編針織布之前，需要把紗線從紗筒透過整經的程序，盤整到大紗盤上，放上針織機台，進行織造，過程繁複，因此經編針織的最少製造量通常都比較高。

宏諦蕭工程師表示紡織產業鏈分上、中、下游—上游為石化業，將石油製成塑膠粒，再經抽絲製成紡織紗線；中游負責購買上游紗線原料，加工染色成色布，再販售於下游品牌商進行設計製作成成品交由消費者手中。宏諦實業即屬於中游產業鏈。蕭工程師指出，針織布的特點如橡皮筋般環環相扣，藉由相接的縫隙使織物表現出柔軟、透氣、彈性之特點，而針織布又可分為圓編布與經編布，二者差異在於圓編布猶如手工毛線衣，一抽即散；經編布則不易散開。緹花亦分為圓編布與經編布，其中電腦緹花圓編布具多元色彩與厚薄變化，常見於鞋材面料一體成型設計。而緹花經編布，因其紗線不易抽散脫線之特性，則能織造大型網洞簍空效果與無縫成型服飾。



圖說：蕭書帆研發工程師向同學解說宏諦實業公司歷程與布料特性。



圖說：謝智麟課長帶領學生前往廠訪觀摩紗線紡織織造過程，使同學認識紡織紗線流程。

宏諦實業電腦緹花以幾何圖形、自然元素、文字圖樣為常見圖樣設計，依照使用途徑分為著重於材質機能的運動服飾，其利用特殊布料的彈力、吸濕排汗、涼感透氣等特性與運動風做相對應的結合，提供運動機能上所需。此外重時尚表現的時裝成衣，可利用布料在顏色、圖案、造型、剪裁之多元表現與一體成形布料的特性，在製作布料的過程中能進行簍空、流蘇等設計，宏諦公司有一體成形布料產品設計與開發，時尚系林青玫主任鼓勵同學有機會嘗試利用此技術進行服裝設計應用，創造出富涵設計感的時尚服飾。

時尚系主任林青玫表示，學生到企業參訪了解生產流程，從紗線、針織的原理、設計、製造，得到機能性紡織品的完整知識，實踐學術與企業結合，相信同學從針織物的設計應用發展及實務觀摩紡織生產流程中，於理論與實務間具備更寬廣的思考空間，還能掌握產業需求與未來趨向，獲得不同的學習與體驗。



圖說：時尚系林青玫主任與宏諦實業黃啟文總經理、歐都納林盈恩資深總監等人合影。



圖說：宏諦實業以針織機能布料為主要設計研發範疇。



圖說：時尚系全體師生於宏諦實業合影。

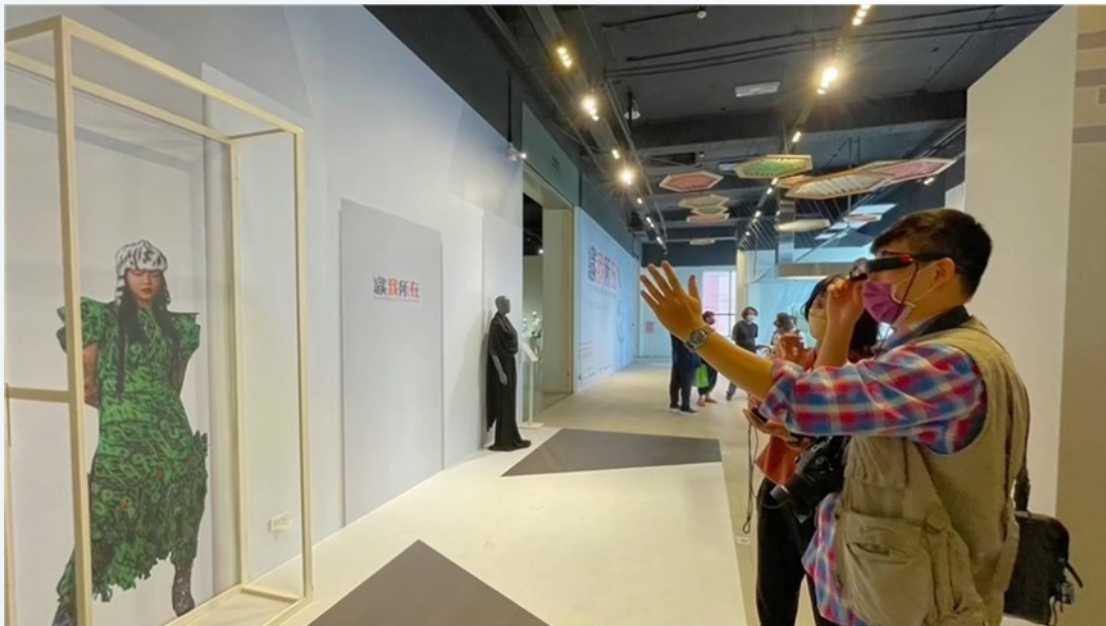
亞大時尚系結合元宇宙於纖維工藝館展現最新科技！

民眾只要戴上 AR 眼鏡，手一揮就可看到眼前模特兒走秀、還有 360 度旋轉影片。「虛擬試衣間」可任意穿搭所選擇衣服，體驗科技與時尚完美結合。

展區中「虛擬試衣間」吸引不少民眾體驗，站在螢幕前，可看到自己出現在螢幕中，隨時換穿各式服飾，透過虛擬世界，實際體驗穿搭設計，了解穿戴的衣物適不適合自己，瞬間可更換各式衣物、鞋子、帽子等各種穿搭，體驗最新時尚，民眾大開眼界，大呼科技太進步了。

亞洲大學時尚系師生聯展目前正在台中市纖維工藝博物館展出，除傳統靜態展示與實體拍照紀念區、多媒體影像播放區，時尚系結合目前最熱門的元宇宙科技，戴上 AR 眼鏡可觀賞 360 度無死角的多媒體影像，還可以虛擬試穿各式衣物，體驗科技與時尚完美結合。

展區中「虛擬試衣間」吸引不少民眾體驗，站在螢幕前，可看到自己出現在螢幕中，隨時換穿各式服飾，透過虛擬世界，實際體驗穿搭設計，了解穿戴的衣物適不適合自己，瞬間可更換各式衣物、鞋子、帽子等各種穿搭，體驗最新時尚，民眾大開眼界，大呼科技太進步了。



圖說：觀展民眾戴上 AR 眼鏡，站在作品前，手一揮眼鏡中就會出現模特兒走秀影片，及 360 度無死角的多媒體影像，栩栩如生，宛如置身現場。

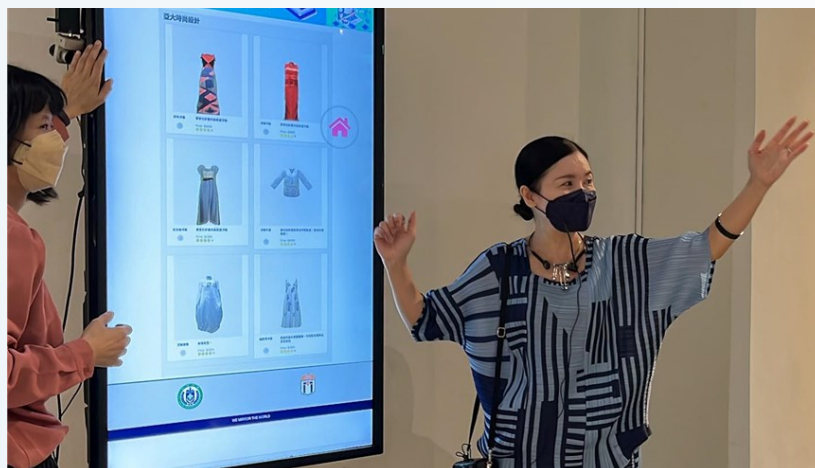
元宇宙體驗區部分，民眾只要戴上 AR 眼鏡，走到選定的作品前，手一揮就可看到眼前模特兒走秀、還有 360 度旋轉影片及立體成形的服裝，栩栩如生的現場，讓觀看者彷彿置身其中。

策展人亞大時尚系主任林青玫說，這次師生聯展共展出 48 組作品、超過 200 件服裝、飾品、金工、袋包及鞋靴等時尚藝術設計作品。

參展學生藉由作品展現關心的社會議題，如許晏誠「視布兩立」，將書中抽象的敘事及人物性格轉化於服裝設計上，結合文學、時事、藝術融入服裝設計，展現社會性與人道關懷。姜亦芳的「繭居」以「社會包袱」、「內心壓力與「成繭」為主軸，描述現代人不堪負荷的社會壓力，內心煎熬。展期至 6 月 26 日止。



圖說：亞大時尚系師生聯展，在台中市纖維工藝博物館展出，吸引許多民眾觀展。



圖說：時尚系主任林青玫(右)解說「虛擬試衣間」，民眾站在螢幕前，任選衣物，就可看到試穿的效果。

亞大數媒系藝文元宇宙 師生交流藝術科技創作「功夫」！

採用最新視覺技術，將台灣早期 30 年代到 90 年代藝術家們眼中景色，做動態工程與補間技術，還原當年台灣各地美景。

亞大藝文季師生共談「尋找台灣藝術與科技對話分享會」，與談人亞美館館長潘禱(右起)、數媒系老師李政宗、侯愷均。

亞洲大學現代美術館目前正在展出的「尋找台灣的色彩——前輩畫家眼中的台灣」，除有傳統畫作及結合光雕、虛擬實境的 VR 體驗名畫外，最令大眾歡迎的是用名家原畫為本，虛擬擴充實境的大幅、又會動的動畫影片。整合科技與人文藝術，創造亞大藝文元宇宙世界。亞美館於 4 月藝文季舉行「尋找台灣藝術與科技對話分享會」，由亞美館長潘禱、創意設計學院數媒系李政宗、侯愷均老師，與同學分享創作「功夫」。

潘館長表示，這次展覽最大亮點是將台灣前輩畫家陳澄波、郭柏川、李梅樹、廖繼春、林玉山、楊三郎、郭雪湖、馬白水、林之助、等人作品，由數媒系李老師、侯老師以動畫方式呈現，就如會動的國畫「清明上河圖」及梵谷「星空」動畫一樣，讓人眼睛為之一亮！



圖說：亞大藝文季師生共談「尋找台灣藝術與科技對話分享會」，與談人亞美館館長潘禱(右起)、數媒系老師李政宗、侯愷均。

潘館長說，美術館去年籌劃特展時，就與數媒系進行元宇宙合作啟動計畫。看似單純計畫，但過程中得克服萬難，光是調度台灣前輩畫家的作品就是一大挑戰，除要與多個藝術家基金會或其他美術館溝通展出版權外，還得管理與規劃多個作品的數位檔案，作為師生數位創作的素材。當梵谷《星夜》動畫正為世人所樂道時，希望台灣也有屬於自己的前輩畫家的動畫影片，是向世人展現台灣專屬色彩的機會。

「尋找台灣的色彩—自然與人文景觀」動畫篇，以動畫方式投射在長 17.62 公尺、高 4.29 公尺的 4K 超寬螢幕，讓觀看者體驗沉浸式影音，圖說為廖繼春的「碧潭」。

李政宗老師指出，這次亞美館展出的「尋找台灣的色彩—自然與人文景觀」在動畫部分，將李梅樹等 9 位畫家 17 幅畫作，每幅以動畫方式投射在長 17.62 公尺、高 4.29 公尺，4K 超寬螢幕，讓觀看者體驗沉浸式影音。

李老師說，這次師生創作主題是以「從日出到日落的一天」為腳本，透過動態元素與光影變化，將 9 位前輩畫家經典作品從早到晚排列，重新詮釋，在不改變名畫家原本畫作下，試著將每一幅作品虛擬實境，加以擴充，變寬變長變大，再以動態技術，讓人物、船隻或湖面等景物會動的動畫。以廖繼春「碧潭」為例，將原本是靜態的畫作，經由動畫詮釋讓觀看民眾，可以體會碧潭上微風吹來，水波盪漾，木舟橫渡潭面的情景，有如和當時的畫家一起觀景，身歷其境的感覺。



圖說：「尋找台灣的色彩—自然與人文景觀」動畫篇，以動畫方式投射在長 17.62 公尺、高 4.29 公尺的 4K 超寬螢幕，讓觀看者體驗沉浸式影音，圖為廖繼春的「碧潭」。

侯愷均老師提到，透過這次創作，可看到馬白水的《南海岸》，一望無際的台灣南部海岸景致，在原畫作瑰麗繽紛的色彩襯托下，經由動態視覺運算與鏡頭處理，印入眼簾是當時極具震撼的台灣海岸景致，觀看者也能和當時藝術家感同身受，體會海邊風浪，心中悸動油然而生。兩位老師都提到跨域學習與創作非常重要，也感謝潘館長與創意設計學院院長李元榮大力支持，締造了新創作契機。

這次動態影片，採用最新視覺技術，將台灣早期 30 年代到 90 年代藝術家們眼中美景，做視覺上動態工程與補間技術，在未改變創作者創作精神下，還原當年台灣各地美景。製作團隊包含李元榮院長、李政宗老師、侯愷均老師，數媒系同學陳語彤、柏奇蕾、林奎沅、遠藤拓與杜若慈等人。配樂由數媒系老師賴建羽以台灣民謠鋼琴演奏。「尋找台灣的色彩——前輩畫家眼中的台灣」特展，展期至 6 月 5 日止。



圖說：廖繼春「碧潭」原畫，長 65 公分、高 52.5 公分。