

出國報告（出國類別：進修）

歐洲臨床微生物學和傳染病學會
「感染診斷的未來發展：
次世代定序綜合指南」
工作坊心得報告

服務機關：台中榮民總醫院內科部感染科

姓名職稱：黃顯博 總醫師

派赴國家/地區：挪威/勒倫斯科格

出國期間：2024/09/02-2024/09/04

報告日期：2024/09/26

摘要

歐洲臨床微生物學和傳染病學會於挪威勒倫斯科格舉辦次世代基因定序 (NGS) 工作坊「感染診斷的未來發展：次世代定序綜合指南」，自 2024 年 9 月 2 日至 9 月 4 日，為期三天，匯聚世界各地感染症醫學、分子生物學、微生物學、生物資訊學、公共衛生學等各方專家共同參與這場盛事。NGS 的角色在 COVID-19 疫情後廣為人知，隨著 NGS 技術不斷的進步和成本的降低，NGS 將在未來的感染症防制、診斷和治療中發揮更加重要的作用。

很榮幸能在台中榮總與感染科劉伯瑜主任的指導下，前往挪威學習 NGS 技術在感染症診斷中的巨大潛力和優勢。透過真實案例研究探討 NGS 的實驗設計、品質管控，以及實際感染症應用，包含病原鑑定、抗藥性檢測等。同時學習 NGS 對新興傳染病爆發的監控，以便追蹤變異及提早預警，並探索人工智慧和機器學習在次世代定序中的角色。在此次會議中，講者們以深入淺出和系統化的方式闡述了 NGS 的最新趨勢、技術和研究，讓與會者深感課程內容的豐富與多樣性，獲益良多。

這份心得報告將逐一介紹會議內容、個人心得與建議，詳細描述此次參與會議的體會。希望此份報告能讓未參與會議的讀者在閱讀後，提升對於感染症最新知識與發展的了解，將促進本院發展的思考與理念傳遞下去。

關鍵字: 次世代定序、感染症診斷、抗生素抗藥性



目 次

一、 目的	1
二、 過程	1
三、 心得	15
四、 建議事項	17
(一) 建立全基因體定序 (Whole genome sequencing) 平台	
(二) 持續精進抗微生物管理 (Antimicrobial stewardship) 能力	
(三) 新興傳染病：監控、追蹤與分析	
(四) 與國際同儕合作研究，拓展個人視野並建立跨國合作契機	
五、 附錄	19

一、 目的

本次前往挪威勒倫斯科格，參與歐洲臨床微生物學和傳染病學會舉辦的次世代基因定序 (NGS) 工作坊，主要目的是了解當前 NGS 的最新進展與趨勢 (包括抗微生物抗藥性、傳染病感染控制以及人工智慧等)，並與來自各國的醫師和研究者進行交流。期望將這些新知和經驗帶回台中榮總，使本院的感染症醫學能夠與世界領先標準接軌，並探索跨國合作的潛在契機。

二、 過程

(一) 會議簡介

本次會議在挪威勒倫斯科格 (Norway, Lørenskog) 舉行。勒倫斯科格是位於挪威首都奧斯陸附近的衛星城市，人口約 3 萬人。由於該地屬於溫帶濕潤大陸性氣候，其乾冷的氣候與台灣有著明顯的差異。奧斯陸擁有一座國際機場，雖然沒有從台灣直飛的航班，但經由西亞或其他歐洲城市轉機依然相當便利。

此次會議舉辦於勒倫斯科格的 Akershus University Hospital，是奧斯陸大學的附屬醫院之一。醫院內部挑高設計採光明亮，使用許多大片玻璃架構屋頂並搭配木質的牆面，非常有北歐的簡約風格。一進醫院大門就是會議廳，有工作人員協助名牌及課程內容領取。活動過程以線上 APP 及團隊合作互動，增加與會者參與感，並提供與會者演講錄影於會後閱覽，非常方便。

(二) 會議內容

連續三天會議內容豐富，各類議題都有次項討論。本次以感染症相關的角度出發，將本次會議所學習的相關 NGS 知識與其他內容分類詳述，包括平台選擇、品質管控、實際應用與實作 (包含序列比對、病原鑑定、抗藥性檢測、傳染病爆發監控等)、轉錄體學、未來展望 (如人工智慧) 等。

1. NGS 平台介紹與比較

開場由 Akershus University Hospital 的 Hege Vangstein Aamot 教授來介紹 NGS 平台的比較與選擇，她同時也是這次工作坊的主席之一。NGS 技術的出現，大幅縮短了定序所需的時間和成本。然而，由於 NGS 產生的 DNA 片段較短，因此較難應對大規模的基因體結構。而第三代定序 (Third Generation Sequencing)，又可稱為「長讀取定序技術」 (Long-read sequencing)，其平均讀取長度超過 1 萬個鹼基。目前常見的系統有兩種：Oxford Nanopore Technologies (ONT) 和 Pacific Biosciences (PacBio)。ONT 利用微小的奈米孔作為 DNA 分子通過的通道，當 DNA 通過時，會引起特定的電流變化，這些變化被檢測後轉化為 DNA 序列訊息。PacBio 則採用零模波導 (zero-mode waveguide, ZMW) 技術，因其結構特點，系統只監測來自奈米孔槽底部的螢光訊號，從而減少背景螢光干擾，提升定序的準確度。

以下是次世代定序和第三代定序的比較：

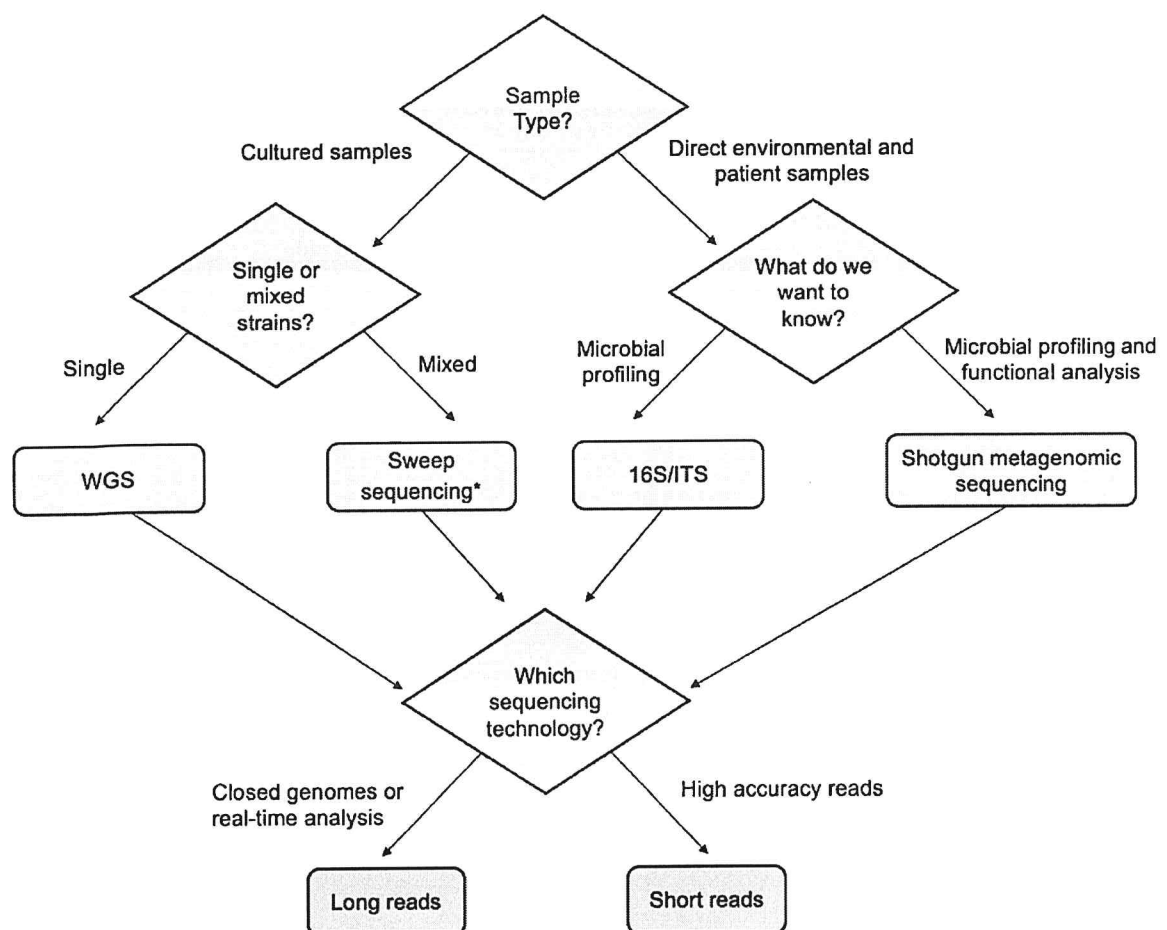
	優點	缺點
次世代定序 (Short-read sequencing)	➤ 讀取準確率較高。 ➤ 費用較低廉。 ➤ 讀取速度較快。	➤ 每次只能讀取數百個鹼基，增加序列組裝的複雜度。 ➤ PCR 擴增可能存在錯誤率及偏好性問題。 ➤ 較難偵測大型的基因體結構。
第三代定序 (Long-read sequencing)	➤ 每次能讀取超過 1 萬個鹼基。 ➤ 避開 PCR 擴增的錯誤率及偏好性問題，且定序 RNA 不需再反轉錄回 DNA。 ➤ 可以實時 (real-time) 得知定序結果。	➤ 讀取準確率較低。 ➤ 費用較高昂。 ➤ 讀取速度較慢。

而對於 NGS 平台的選擇，永遠需要問自己以下幾個問題：

- (1) Analysis goals：你想要知道什麼？
- (2) Sample type and quality：你的檢體材料是什麼？
- (3) Data requirements：你需要多少序列？
- (4) Budget and resources：你是否有適當管道取得預算及儀器？
- (5) Turnaround time：你希望多快知道結果？
- (6) Availability protocols and bioinformatics pipeline：

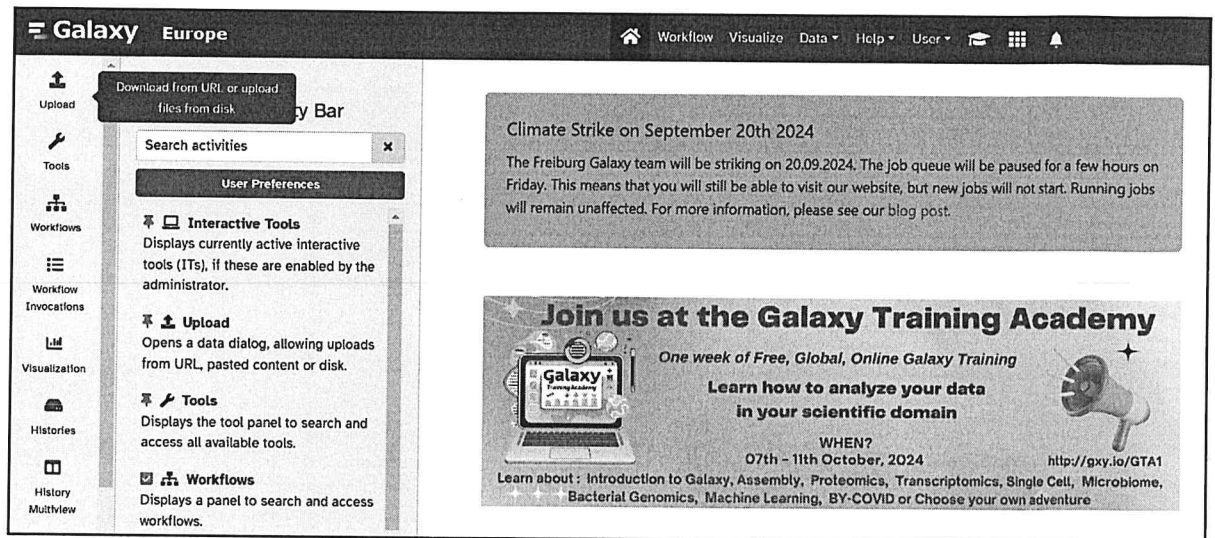
你是否已經有詳盡的計畫和流程，還是需要自行摸索？

再搭配以下流程圖，可以幫助我們快速挑選適當的 NGS 平台：

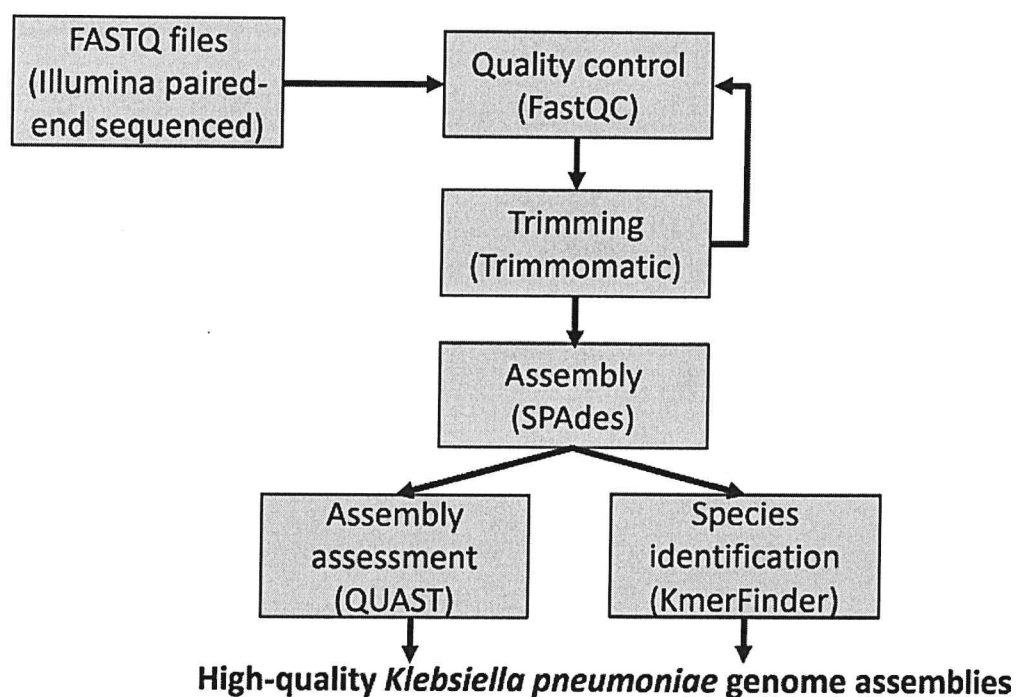


2. 定序資料之生物資訊分析實作

第一階段的生物資訊分析主要實作的是定序資料的品質管控。透過 Galaxy 開放式生物資訊平台 (<https://usegalaxy.eu/>)，整合各種生物資訊分析工具，讓使用者能更快速便捷的完成基因體定序。

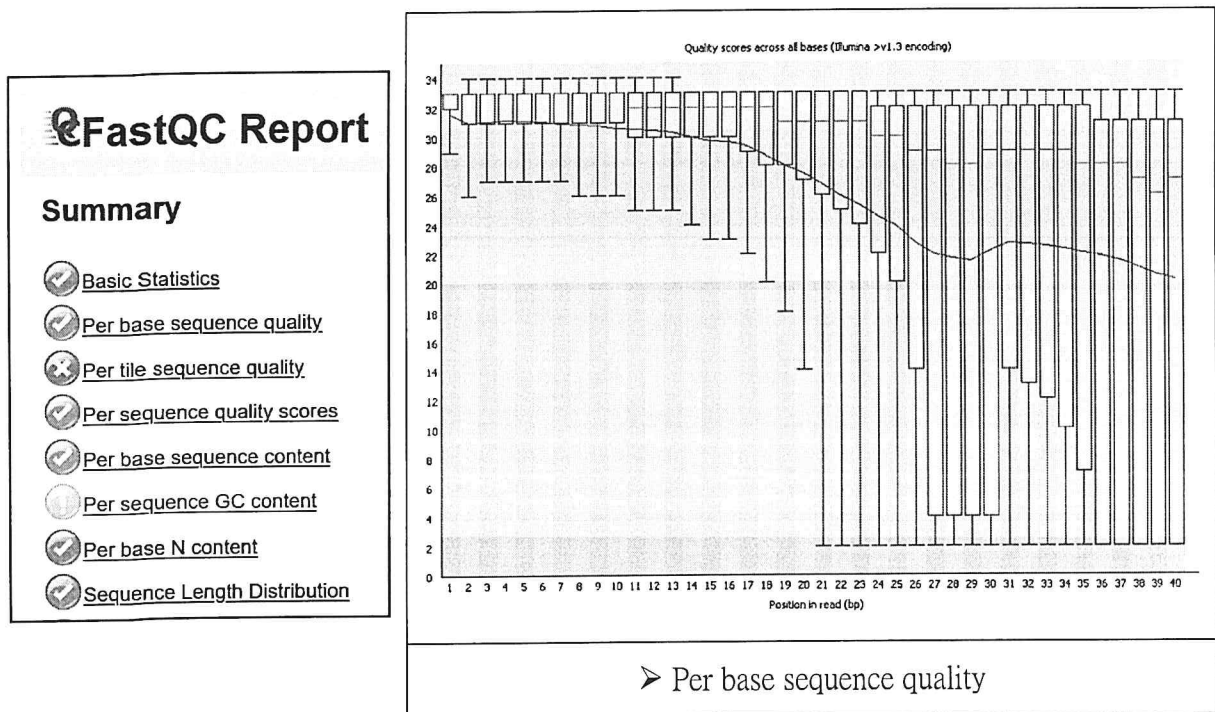


講者帶領我們一步步完成定序資料的資訊分析，從品質管控 (quality control)，修剪 (trimming) 低品質的片段，並進行組裝 (assembly) 和菌種鑑定，非常鉅細靡遺的解說：

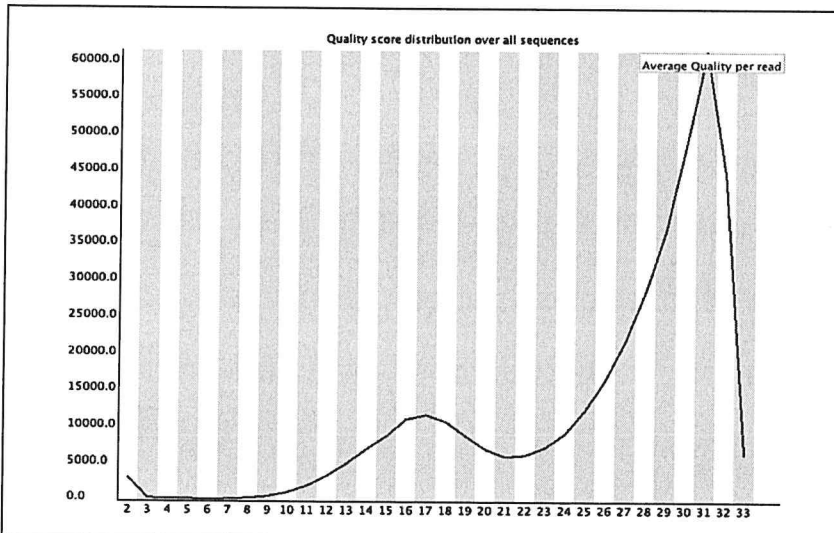


(1) 品質管控 (Quality control, QC)

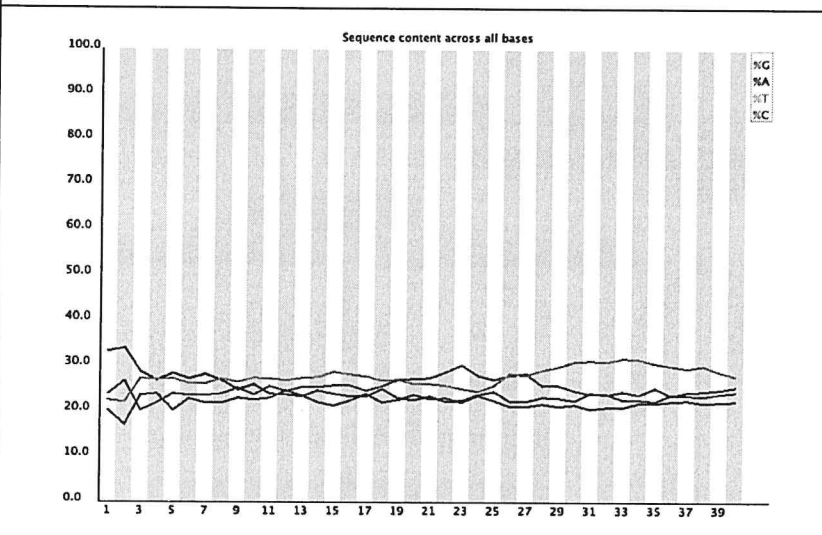
在進行資料分析之前，最關鍵的一步就是確保資料的品質，講者提醒我們 ” Garbage in, garbage out” ，不良的資料只會得到不良的分析結果。以 Illumina 定序資料為例，使用 FastQC 軟體可以協助我們評估序列的品質好壞。



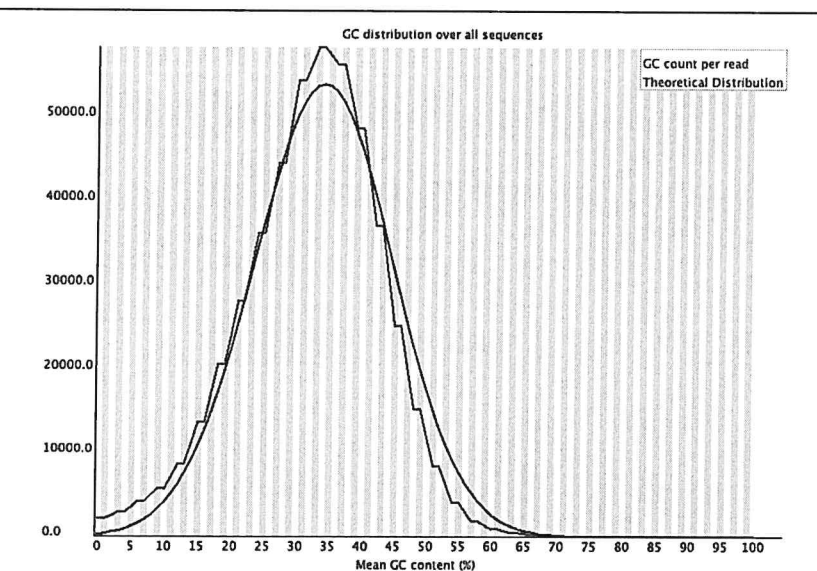
Per base quality 報告顯示每個序列在每個鹼基位置的品質數據，並以箱型圖呈現，紅線代表中位數。通常定序結果在 3'端的品質較差，因此在圖中越靠後的位置品質會下降，品質較差的鹼基會在後續分析中被修剪移除。Per sequence quality 報告則顯示每條序列的平均品質分數分布圖。如果定序品質很高，分布會集中在右側的高品質區域。Per base sequence content 報告顯示每個鹼基位置的 ATCG 含量。理論上，經隨機片段化處理後，各位置的鹼基含量應該是均衡的。Per sequence GC content 報告顯示 GC 含量的分布圖，藍線代表理論分布，紅線代表實際測量結果。如果紅線偏離藍線並形成峰值，這可能意味著樣本中有過度表現或外來序列。Overrepresented sequences 報告列出在整體定序數據中出現頻率超過 0.1%的序列，這些列出的序列為過度表現的序列。綜合上述報告，可以幫助我們更清楚地識別問題序列的位置及其特徵。



➤ Per sequence quality score



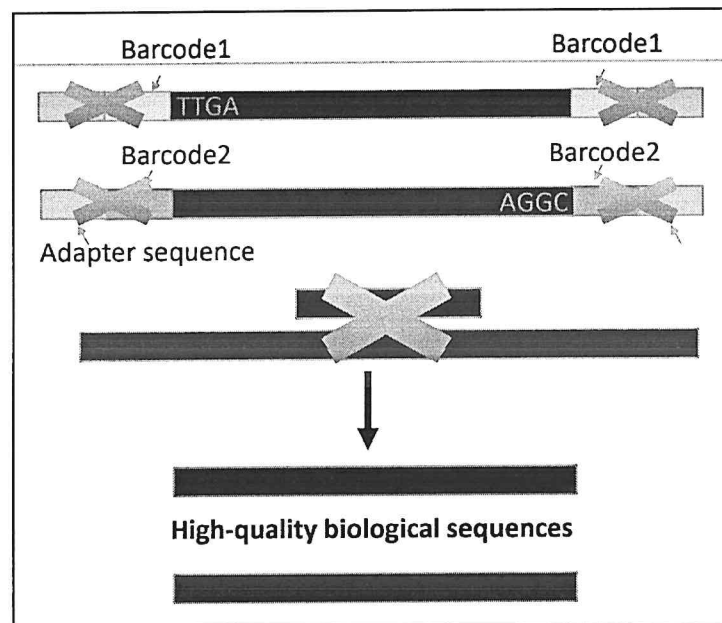
➤ Per base sequence content



➤ Per sequence GC content

(2) 修剪 (Trimming)

再來我們嘗試從原始定序資料中去除低品質的序列，來提高下游分析的準確性。以 Illumina 定序資料為例，使用 Trimmomatic 軟體可以協助我們修剪掉不需要的合成序列（如 adapters、primers）、低品質的鹼基，以及錯誤長度的序列。修剪後的定序資料可以再反覆用 FastQC 軟體來評估序列的品質好壞，並且使用 MultiQC 軟體和原始報告進行比較，來評估修剪過程的有效性。



(3) 組裝 (Assembly)

接著我們再將修剪過的定序資料組裝成連續序列 (contigs)，來重建菌株的基因體。以 Illumina 定序資料為例，使用 SPAdes 軟體可以協助我們將修剪後的定序資料裝成 contigs。接著可以使用 QUAST 軟體來評估組裝的品質，包含檢查 contigs 數量、定序深度、總長度和 N50/N90 等關鍵指標。

較少的 contigs 通常代表更連續且完整的組裝，而較多的 contigs 數量通常意味著組裝較不成功，可能是因為定序品質較低或基因體中存在重複區域所導致。定序深度代表鹼基在定序時被讀取的次數，讀取的次數越多通常正確率也越高。

定序總長度是所有 contigs 的長度總和，如果總長度比預期基因體長度短，代表可能組裝不完全；而總長度比預期基因體長度長，則可能存在汙染。將 contigs 按照長度從大到小排序，當累積長度達到總長度 50% 時，對應的那個 contig 的長度即為 N50，數值越大表示組裝品質越好；N90 則是累計到總長度 90% 時對應的片段長度，同樣反映了組裝的完整性。

QUAST

Quality Assessment Tool for Genome Assemblies by [CAB](#)

[View in Icarus contig browser](#)

All statistics are based on contigs of size ≥ 500 bp, unless otherwise noted (e.g. contigs).

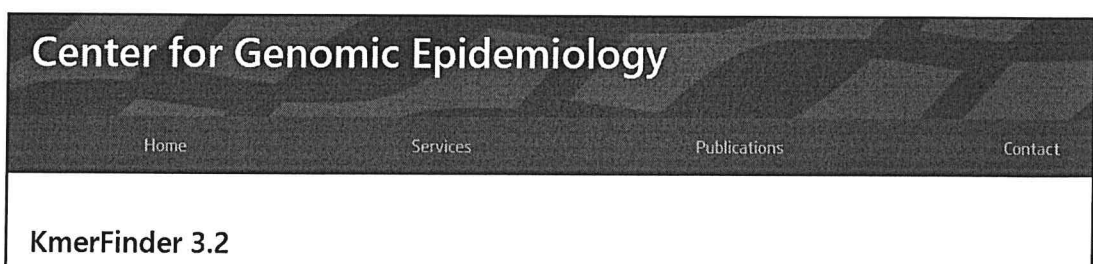
Worst Median Best

☒ Show heatmap

Statistics without reference	18489_5_27_fasta	18489_5_29_fasta
# contigs	91	92
# contigs (≥ 0 bp)	91	92
# contigs (≥ 1000 bp)	82	84
Largest contig	367 753	340 669
Total length	5 622 430	5 624 775
Total length (≥ 0 bp)	5 622 430	5 624 775
Total length (≥ 1000 bp)	5 616 472	5 619 369
N50	198 137	198 137
N90	69 266	40 494
auN	201 528	195 930
L50	11	11
L90	29	31
GC (%)	57.22	57.22
Mismatches		
# N's per 100 kbp	6.92	8.73
# N's	389	491

(4) 菌種鑑定

最後我們將組裝完成的定序資料與過去鑑定的菌種資料庫進行比對，可以使用丹麥理工大學 (DTU) 所開發的線上物種鑑定工具 KmerFinder (<https://cge.food.dtu.dk/services/KmerFinder/>)，快速針對 FASTQ/FASTA 資料進行比對，鑑定物種。



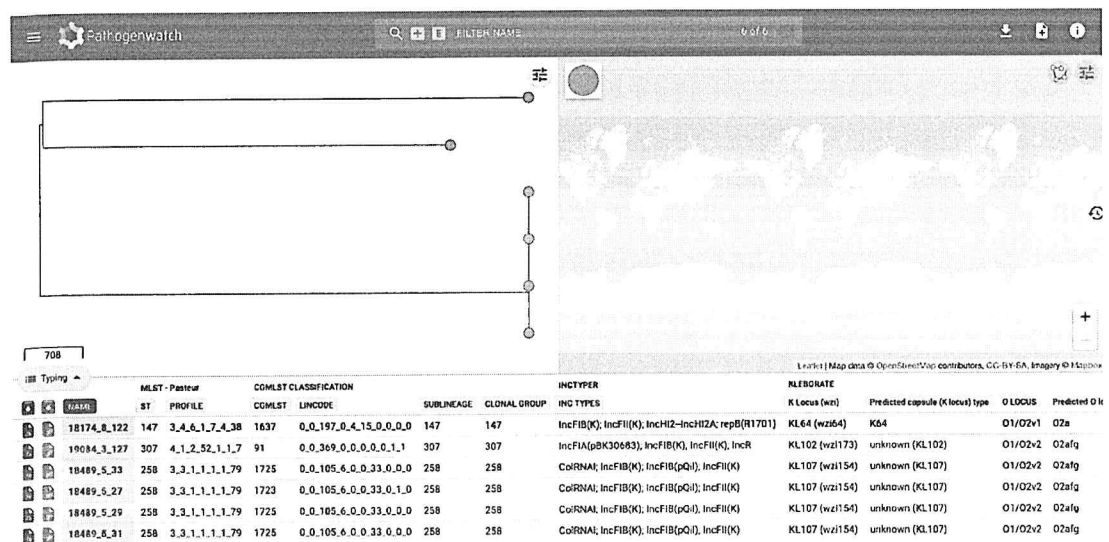
鑑定出的克雷伯氏菌將用於第二階段的傳染病爆發監控生物資訊分析。

3. 傳染病爆發監控

第二階段的生物資訊分析主要應用在傳染病爆發的監控。教案假定在 Akershus University Hospital 的新生兒加護病房 (NICU) 中，於 2 週內觀察到 3 例 Ertapenem 抗藥性克雷伯氏肺炎菌 (*Klebsiella pneumoniae*) 引起的血流感染。自從這些感染被發現後，對所有住院新生兒進行了糞便篩檢，並採集了來自環境的樣本。糞便篩檢顯示另外有 5 名新生兒攜帶克雷伯氏肺炎菌，另外有 2 個環境樣本呈現克雷伯氏肺炎菌培養陽性。上述 10 個陽性檢體被送去進行定序分析，用來評估是否源自同一傳播鏈，並且透過英國牛津大學基因病原監測中心 (Centre for Genomic Pathogen Surveillance, CGPS) 開發的免費網路應用程式 Pathogenwatch (<https://pathogen.watch/>)，將數據分析整合和視覺化。

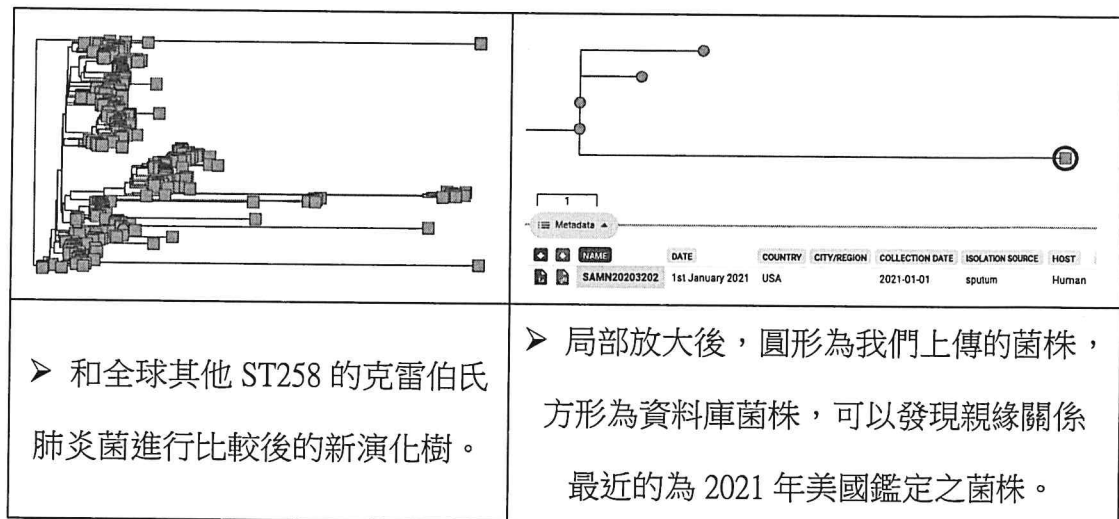
(1) 基因體分析

首先將定序後的 FASTA 檔案上傳至 Pathogenwatch 網站，進行多位點序列分型 (Multilocus sequence typing, MLST)，會得到病原菌的序列型別 (sequence type, ST) 等資訊。之後選取相同菌種的序列進行分析，程式會協助我們繪製演化樹，以圖像化的方式讓我們清楚了解菌株親源關係的遠近。



(2) 資料庫比對

接著我們將定序的序列進一步和現有的資料庫進行比對。以我們鑑定出的序列型別 ST258 為例，和全球 2020 到 2023 年鑑定出的其他 ST258 的克雷伯氏肺炎菌進行比較後，可以得出新的演化樹：



最後我們分組進行腦力激盪，討論是否認定此次事件為群聚感染，使用 Pathogenwatch 的優缺點、限制，以及下一步的對策等，並上台分組報告。除了依靠消毒隔離，阻斷病菌的傳播鏈外，在全球化的時代，很重要的是建立綿密的傳染病溝通網路，通知傳播鏈的所有團隊，甚至跨國進行疫情調查。



4. 轉錄體學 (Transcriptomics)

轉錄體學涵蓋細胞中所能轉錄出的 RNA，透過新一代定序技術來研究細胞所轉錄出的 RNA，被稱為「RNA 定序 (RNA sequencing)」。

相較之下，傳統的實驗室生物指標包含 C-reactive protein (CRP)、Erythrocyte sedimentation rate (ESR) 以及 Procalcitonin (PCT) 等，在感染症診斷的敏感性和特異性相對較差。

以細菌性肺炎和急性狼瘡肺炎為例，兩者的表現可能都是發燒及血氧低，但以傳統診斷工具難以區分兩者之間的差別。這可能導致錯誤的診斷及較差的預後，並且可能造成廣效性抗生素的濫用。目前宿主反應 (host response) 轉錄出的生物指標已經成為診斷下呼吸道感染的新技术，能克服傳統微生物學檢測的多項限制。舉例來說，肺部中的脂肪酸結合蛋白 4 (Fatty acid binding protein 4, FABP4) 近年被認定為重症患者下呼吸道感染診斷的生物指標。FABP4 能夠調節巨噬細胞的膽固醇積聚、參與發炎反應等，而下呼吸道感染的病患肺部中 FABP4 的濃度顯著下降，有潛力提升臨床診斷並減少不必要的抗生素使用。另外在 The Immunophenotyping Assessment in a COVID-19 Cohort (IMPACC) 研究中也發現，轉錄體學可以幫助我們找到 COVID 預後的預測基因，再結合病人年紀以及 SARS-CoV-2 viral load (qPCR Ct value)，可以更精準的預測 COVID-19 病患的預後。

以下是使用轉錄體學輔助感染症診斷的優點和缺點：

優點	缺點
➤ 不需要鑑定出確切的病原菌。 ➤ 可以應用在各種不同類型病原菌的感染評估。 ➤ 有機會同時進行診斷和預後預測。 ➤ 可能轉換成快速檢測工具。	➤ 可能較難確切知道病原菌。 ➤ 無法得知病原菌抗藥性狀況。 ➤ 臨床樣本需要能保存 RNA。

5. 未來展望

此次關於人工智慧 (Artificial intelligence, AI) 和機器學習 (Machine learning, ML) 的講者是來自於瑞士蘇黎世大學 University of Zürich 的 Adrian Egli，目前擔任醫學微生物部長。AI 與 ML 對於未來次世代定序的發展扮演了舉足輕重的角色，但講者在一開始也提醒我們 AI 資料庫可能存在偏頗。舉例來說，目前抗生素抗藥性數據有極大部分來自於歐美及中國，反而部分抗藥性問題更嚴重的中低收入國家數據極為稀缺，因此在解讀 AI 提供給我們的資訊時需要更加審慎。

關於 AI 與 ML 在 NGS 的應用，可以大致上依序分為分析前 (Pre-analytics)、實驗室分析 (analytic)、分析後溝通 (Post analytics)。在分析前，大語言模型 (large language model, LLM) 可能可以提供我們一些建議，包含臨床研究題目、需要的檢體類別、DNA 萃取的試劑組、NGS 平台的選擇等。實驗室分析的過程中，ML 可能可以協助我們預測抗生素抗藥性、基因型 (genotype) 以及表現型 (phenotype) 之間的關聯性、抗生素最低抑菌濃度 (Minimum Inhibitory Concentration, MIC) 等。分析後，AI 可以幫助將研究資料圖像化，並輔助臨床決策。

Adrian Egli 教授也提出了一些簡單的步驟和概念供有意開發微生物 AI 分析的聽眾參考：

(1) 第一步：了解需求

首先要明確你想解決的問題以及希望達成的目標，並為實驗室制定解決問題的策略和概念。

(2) 第二步：數據的標準化

在建立 AI 模型之前，必須對數據進行標準化，並符合 FAIR 原則：可取得 (Findable)、可近性 (Accessible)、操作共通性 (Interoperable) 和可重複使用 (Re-usable)，也就是要擁有結構化的數據。

(3) 第三步：完善的數據基礎設施

要有健全的地區及國家級的數據基礎設施，才能讓研究人員在有想法後，系統地獲取建模所需的數據。

(4) 第四步：人力投資

如果一個機構或實驗室想針對特定主題設定 AI 目標，則需要許多不同職類的人員貢獻與協助。因此，推動 AI 發展的關鍵在於普及數位化和 AI 教育，並根據需求改變管理流程。

6. 國際交流

除了課程學習之外，這幾天在休息期間，我也與多位與會者深入討論了他們的工作生活和研究。對於未來潛在的合作夥伴，我們也交換了聯絡方式，期望在這個資訊快速流通的國際化時代，能夠促進更多跨國交流與合作的機會。



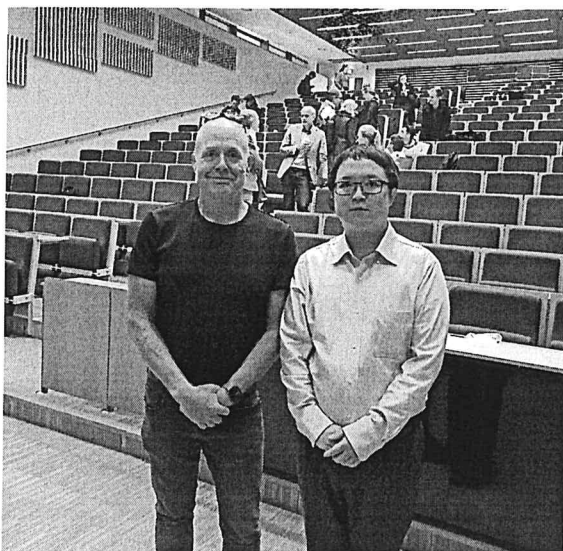
➤ Matthew Flynn 是英國的耳鼻喉科醫師，他過去的研究是透過 FeverPAIN score 來評估急診扁桃腺炎的病人究竟是否應該給予抗生素。研究發現透過 FeverPAIN score，可以減少 30% 的抗生素用量，而且預後並無太大差別，這項措施有助於急診的抗生素管理。Matthew 這次跨科前來學習 NGS 的相關技術是希望能應用在上呼吸道感染的研究。



➤ Austin Yan 是加拿大的感染科醫師，同時也是台灣裔的移民第二代。他過去的研究主要探討發炎性腸道疾病 (IBD, Inflammatory bowel disease) 病患的微生物相 (microbiota) 變化，以及和藥物之間的交互作用。Austin 目前仍持續在 University of Ottawa 進修醫學微生物學。



➤ Kelvin Tsui 是香港基督教聯合醫院的醫檢師，分享了不少目前香港公立醫院 NGS 檢驗的現況，也和我分享了先前他到澳洲墨爾本大學 The Peter Doherty Institute for Infection and Immunity 進修微生物基因體學的經驗。



➤ John WA Rossen 教授是這次工作坊的主席，也是歐洲臨床微生物學和傳染病學會基因體和分子診斷研究小組 (ESGMD) 的前任主席，專注於總體基因體學、轉錄體學於臨床微生物學和公共衛生領域的應用，分析新興病原體、抗生素抗藥機制及病原體毒力因子。非常感謝他對這次工作坊的擘畫。

三、心得

此次歐洲臨床微生物學和傳染病學會所舉辦的次世代基因定序 (NGS) 工作坊，匯集了以歐洲為主，世界各地有志一同的各方專家。講者們透過淺顯易懂且系統化的方式，介紹了 NGS 的最新技術、研究和趨勢，並透過實際案例深入探討 NGS 的實驗設計、品質控管以及在感染症上的應用，包括病原體鑑定和抗藥性檢測等。此外，此次也學習了如何利用 NGS 監控新興傳染病的爆發，追蹤變異並及早預警，還探索了人工智慧與機器學習在次世代定序中的應用。在微生物感染症領域中，看到世界各地有如此多的菁英不懈努力，備感欣喜並充滿了動力，非常榮幸有這個機會能夠參與其中，收穫甚豐。

透過 NGS，希望能夠改變感染症臨床實務與常規，提供更快速準確的診斷工具、個人化的醫療，並且改善治療策略及提升研究動能。在會議尾聲，學會也邀請了三位挪威當地的年輕研究者，前來分享他們在從事 NGS 研究過程的經驗以及挑戰。其中讓我印象最深刻的是 Kira Waagner Birkeland 的短講，在學習新技術的過程當中難免會跌跌撞撞，但“Don't work alone. Unity is strength.”。當遭逢撞牆期時，可以和志同道合的同儕以及師長多討論，試圖找出研究的盲點，讓我深受啟發。

在國際會議交流中，除了各種講座外，和與會者的交談和對話顯得更加重要。會場上的每個人都是從遠方聚集而來，各位專家在不同的醫療體系中執業，擁有不同的觀點和慣例。透過面對面的交流，可以發現其中的差異，並從中學習和反思。在這次 NGS 工作坊中，與會者來自感染症醫學、分子生物學、微生物學、生物資訊學、公共衛生學等專業，也許職類並不相同，但交流仍然非常有價值，不僅深入討論研究主題，還能交流彼此的臨床經驗，進一步促進未來的研究合作機會。

感染症與微生物學密不可分，我們的知識和進步都依賴於對微生物的理解。然而，儘管微生物在自然界中已經存在了數億年，我們對它們的認識仍然非常有限，而透過 NGS 的技術，我們正試圖揭開它們神秘的面紗。在這次 NGS 工作坊中，不僅有臨床感染症醫師，

還有更多專業的微生物學家在這一領域中不斷深耕研究。隨著國際交流的推動，新興傳染病和微生物抗藥性問題必將不斷擴大影響。期許自己能夠始終保持追求進步的心態，在醫療領域持續前行。

四、 建議事項 (包括改進作法)

參與這次會議後學到了很多寶貴的經驗和知識，並期望能夠帶回中榮和團隊共同成長。

對於目前體制的建議和改進作法，以下是我的幾點想法：

(一) 建立全基因體定序 (Whole genome sequencing) 平台

建立全基因體定序的架構，對於未來在感染症醫學領域的治療與研究有重要的意義。病原菌、抗微生物製劑、以及宿主反應這三大領域是不可或缺的基礎，除了更全面和精準的病原菌鑑定與偵測之外，面對未來的感染症研究，與宿主反應相關的生物指標以及轉錄組學將成為關鍵的研究方向。而次世代基因體定序技術，無論是第二代還是第三代，都是推動這些研究的核心力量。如果醫院能夠自行建立全基因體定序的能力，不僅能夠在臨床研究和治療中提供更即時的支持，也比外送檢體至其他機構更加便利高效，提升醫療應用的效率與品質。

(二) 持續精進抗微生物管理 (Antimicrobial stewardship) 能力

除了更全面精準的病原菌鑑定與偵測外，在這次會議中也了解到分子診斷對於抗藥性檢測和監控的重要性。多重抗藥性微生物 (Multidrug-Resistant Organisms, MDRO) 的出現是全球公共衛生的重大挑戰，這些微生物的抗藥性通常來自於細菌基因的突變或獲得外源性抗藥基因，而這些基因可能透過水平基因轉移在微生物間傳播。醫療機構中的抗微生物管理計畫 (ASP, Antimicrobial Stewardship Programmes) 對控制 MDRO 的傳播影響甚遠。全球有許多醫院有著優秀的抗微生物管理計畫，西班牙的 Hospital Universitario Virgen Macarena 就是其中之一。明年初希望有機會可以前往實地學習，深入了解抗微生物管理計畫設計、實施和影響，將經驗和知識帶回院內。

(三) 新興傳染病：監控、追蹤與分析

此次會議中也了解到分子診斷對於新興傳染病監控的重要性。隨著氣候變遷，許多新興傳染病，包含人畜共通疾病等，對人類造成嚴重威脅。近年爆發的西尼羅河病

毒、伊波拉病毒出血熱、M 痘、狂牛症以及禽流感等疫情，都警示我們，人類與動物的健康息息相關，兩者之間的衛生關係不可忽視。另外合成生物學的興起、戰爭與移民，再加上後疫情時代邊境的開放，都加速了新興傳染病的傳播及提升生物恐怖主義的風險。透過建立全基因體定序平台，可以幫助我們提升對未知感染症的分析和診斷能力，從而實現早期公共衛生干預，降低傳染病的傳播風險，也削弱潛在的生物安全威脅。

(四) 與國際同儕合作研究，拓展個人視野並建立跨國合作契機

會場上的每個人都是從不同的地區齊聚一堂，這些菁英在各自的醫療體系中執業，帶來了多元化的觀點和實踐經驗。透過面對面的交流，不僅開闊了視野，更促使我們在討論中學習和反思，探索改善臨床實踐的新思路。與此同時，我們也積極與未來潛在的合作夥伴交換聯絡方式，為未來的科學研究和臨床合作奠定基礎。在這個資訊快速流通且全球化的時代，國際同儕的交流和合作變得愈發重要。我們期望在未來能夠借助這些寶貴的人脈資源，推動更多創新研究和實踐合作，共同應對全球健康領域面臨的重大挑戰。並透過彼此的協作與支持，在不斷變化的醫療環境中，開創出更多有利於人類健康的突破。

五、 附錄

ESCMID
Aeschenvorstadt 55
4051 Basel
Switzerland

+41 61 508 01 73
info@escmid.org
www.escmid.org



ESCMID Postgraduate Education Course The Future of Infection Diagnostics: A Comprehensive Guide to Next-Generation Sequencing 02 - 04 September 2024

Attendance Certificate

This is to certify that Hsien-Po Huang attended onsite the Hybrid ESCMID Postgraduate Education Course "The Future of Infection Diagnostics: A Comprehensive Guide to Next-Generation Sequencing" which was held in Lørenskog, Norway from 02 to 04 September 2024.

EACCME® credits

"The Future of Infection Diagnostics: A Comprehensive Guide to Next-Generation Sequencing" Lørenskog, Norway, 02/09/2024 - 04/09/2024, has been accredited by the European Accreditation Council for Continuing Medical Education (EACCME®) with 15 European CME credits (ECMEC®s). Each medical specialist should claim only those hours of credit that he/she actually spent in the educational activity."

"Through an agreement between the Union Européenne des Médecins Spécialistes and the American Medical Association, physicians may convert EACCME® credits to an equivalent number of AMA PRA Category 1 Credits™. Information on the process to convert EACCME® credit to AMA credit can be found at <https://edhub.ama-assn.org/pages/applications>."

"Live educational activities, occurring outside of Canada, recognised by the UEMS-EACCME® for ECMEC®s are deemed to be Accredited Group Learning Activities (Section 1) as defined by the Maintenance of Certification Program of the Royal College of Physicians and Surgeons of Canada."

Organizer

European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases (ESCMID)
Aeschenvorstadt 55, CH-4051 Basel, Switzerland
Phone: +41 61 508 01 74
E-Mail: courses@escmid.org
Website: www.escmid.org

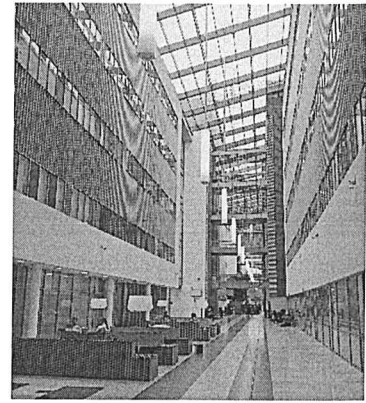
Best regards,

A handwritten signature in black ink, appearing to read "Gabriela", enclosed within a simple, irregular loop.

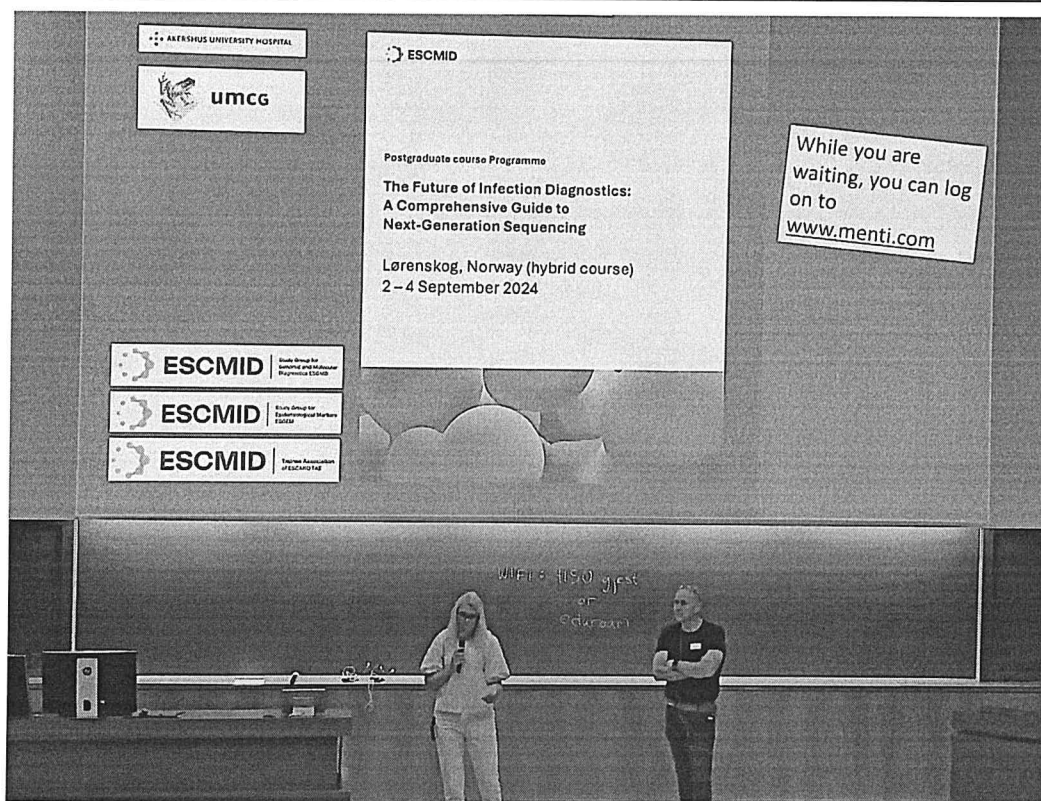
Gabriela Albornoz
ESCMID Education Coordinator



➤ Akershus University Hospital 外觀



➤ 醫院內部設計採光明亮



➤ 兩位主席 Hege Vangstein Aamot (左)、John WA Rossen (右) 為工作坊拉開序幕

