

焦點新聞

</>
XML { ... }
JSON

EN

科學 發布日期：114-07-08

AI解密細胞核毛線球宇宙

陽明交大打造虛擬表觀基因體系統EpiVerse



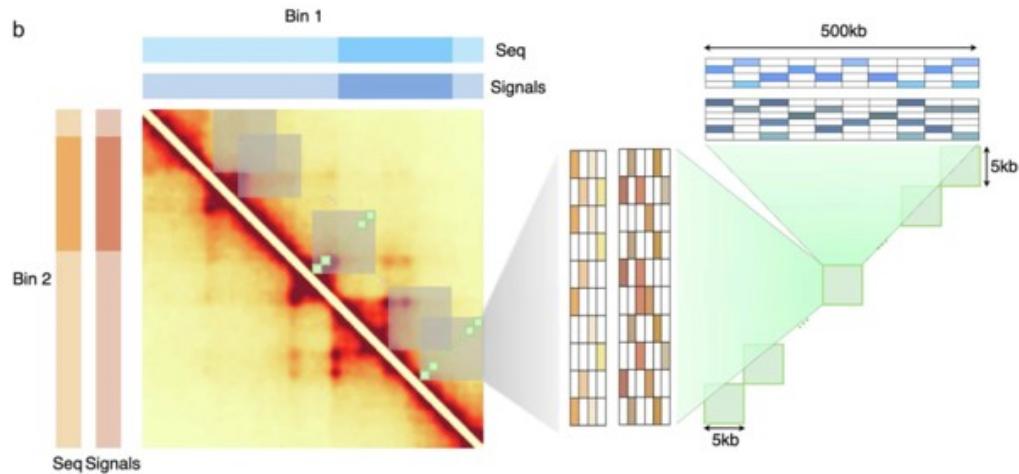
研究團隊合影

文/洪瑞鴻教授、公關組 圖/洪瑞鴻教授

想像DNA是一條長達兩公尺的毛線，卻被精密地摺疊收納進直徑僅約5至10微米的細胞核中，形成複雜的「毛線球」宇宙。陽明交大資訊工程學系研究團隊運用AI技術，開發出名為EpiVerse的研究工具，協助科學家以全新方式探索這個隱藏於細胞核中的微觀結構。相關成果已發表於頂尖期刊《Nature Communications》。

EpiVerse展現AI在生命科學應用的強大潛力，特別是在藥物開發與基因調控建模等方面，正逐漸重塑過去依賴大量實驗的研究模式。EpiVerse名稱中的「Epi」取自表觀基因體（Epigenome），代表在DNA序列之外調

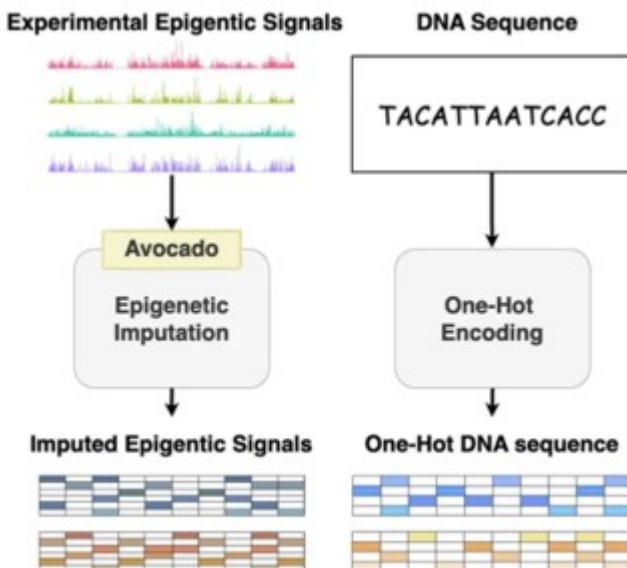
控基因表達的化學修飾與染色質構型；「Verse」則源自元宇宙（Metaverse），象徵透過AI創建的虛擬表觀基因體空間（Virtual Epigenome）。



本研究所設計用於捕捉超長距離交互作用並預測染色質構型的模型架構。

「過去研究染色質結構仰賴繁複且成本高昂的實驗流程。我們實驗室多年來嘗試各類AI模型進行預測。」EpiVerse計畫主持人、資工系洪瑞鴻教授表示。「透過精心設計的模型架構，我們得以模擬染色質在不同細胞狀態下的三維構型。EpiVerse所建構出的虛擬表觀基因體，能協助研究人員理解基因調控機制，為癌症研究、藥物開發與個人化醫療開拓新的分析途徑。」

EpiVerse 採用多階段深度學習與虛擬表觀基因體建構技術，具備跨細胞類型的預測能力，能在實驗資料稀缺的情況下模擬不同組織的染色質結構，拓展基因調控研究的適用範圍。研究團隊在系統架構中首創結合高階轉換器（HiConformer）多任務學習與多尺度影像重建網路（MIRNet）技術，大幅提升了模型的預測精度與視覺化品質。



利用機器學習模型將稀缺不完整的基因資料復原成完整的高維度表示

EpiVerse的另一個突破性的功能是能夠預測細胞在不同狀態、環境、藥物處理、突變或癌化轉移時染色質結構可能的變化，進行大規模電腦模擬擾動實驗（*in silico* perturbation experiments），協助研究者推演特定基因的調控網絡與可能干預機制。這一功能為理解染色質構型動態、基因調控機制與疾病、藥物之關聯，提供前所未有的系統化分析途徑。

「以往一組實驗可能需要耗費數月時間與上百萬元經費，且幾無試錯空間。EpiVerse 的模擬能力讓研究人員得以快速進行多次擾動實驗，提供後續實驗設計的重要線索，大幅提升研究效率，正是 AI 算力革命在生命科學中實質應用的體現。」

洪瑞鴻也表示。EpiVerse的程式碼與模型已全面開源，提供全球研究者在表觀基因體與染色質結構分析上的嶄新工具與研究範式。此成果由洪瑞鴻教授與兩位數據科學研究所碩士生羅宇呈、林明佑共同完成，展現陽明交大在跨領域 AI 與生物資訊人才培育上的堅實實力。

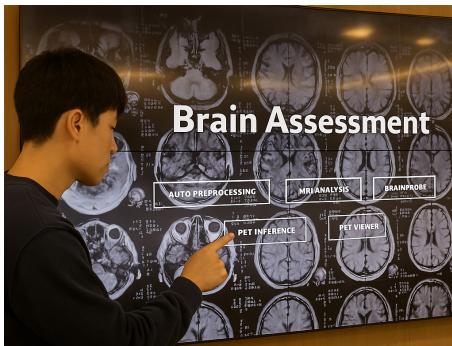
#AI #大數據 #生命科學 #生物資訊 #精準醫學 #表觀基因體

相關圖片：



AI解密細胞核毛線球宇宙是意圖(AI
製作)

延伸閱讀：



114-04-03

用AI看見大腦病灶 精神疾病診斷進
入腦科學時代

[回上一頁](#)

[展開/收合](#)

校址：300093 新竹市東區大學路1001號

電話：+886-3-571-2121

陽明校區

地址：112304 臺北市北投區立農街2段155號

電話：+886-2-2826-7000

交大校區

地址：300093 新竹市東區大學路1001號

電話：+886-3-571-2121

Copyright © 2023 National Yang Ming Chiao Tung University All rights reserved.



隱私權及安全政策