



# 中研院訊

Academia Sinica Newsletter



第1741期 | 2021年06月03日發行



Humanities and  
Social Sciences

Mathematics and  
Physical Sciences

Life Sciences

# 本期目錄

## 學術活動

- 01 管窺「此命當何——歐亞的卜術、數術與神術」特展
- 04 《隱藏的人群：近代中國的族群與邊疆》已出版

## 漫步科研

- 05 【專欄】淺談因果：是宗教，是哲學，也是科學
- 11 【演講側記】「大數據科學讓新冠病毒現形」

## 生活中研

- 17 人事動態
- 18 新進人員介紹——物理研究所楊迪倫助研究員
- 19 院慶特刊即將發行！「講究——藏身學術場域中的建築之美」

### 編輯委員

洪子偉、湯雅雯、林于鈴  
吳岱娜、賴俊儒、陳玉潔  
吳志航、林千翔、曾國祥

### 編輯

陳竹君、黃詩雯、陳昶宏

### 電話

02-2789-9488

### 傳真

02-2785-3847

### 信箱

wknews@gate.sinica.edu.tw

### 地址

11529臺北市南港區研究院路二段128號

本院電子報為同仁溝通橋樑，隔週四發行，投稿截止時間為前一週星期四下午5:00，歡迎同仁踴躍賜稿

## 管窺「此命當何——歐亞的卜術、數術與神術」特展

去（2020）年新冠肺炎疫情蔓延全球，美國時代雜誌於去年12月刊的封面，以紅色大叉於「2020年」背景上，總結該年為「史上最糟的一年（The Worst Year Ever）」。疫情之下，旅遊、航空、餐飲等行業受到重擊，受波及的產業鏈影響層面深及廣，重創大眾之生計，人心無助且浮動。電視網路等媒體爭相報導某些預言家，如盲眼靈媒、印度神童如何準確預測這場全球災難，坊間爭相預測何時走出疫情，預測的各種技術及文化，在這場疫情中展示無遺。

德國日耳曼國家博物館（Germanisches Nationalmuseum, GNM），舉辦「此命當何：歐亞的卜術、數術與神術（Signs of the Future: Divination in East Asia and Europe）」特展。本院歷史語言研究所受邀參展，參與策展單位尚包括德國愛爾朗根－紐倫堡大學（Friedrich-Alexander-Universität Erlangen-Nürnberg）的人文研究國際中心（The International Consortium for Research in the Humanities, IKGf），以及國立臺灣歷史博物館等。原定於去年12月3日開展，因受新冠肺炎疫情影響，率先推出線上展示，實體開展時間將視疫情狀況調整，預定今（2021）年9月5日閉幕。

130項文物分別於「此命當何：命運與抉擇」、「夫子之言：神啟、神示、與符咒」、「象之緣起：觀照與推算」、「熟能為之：知識與權力」、「跨界—自助不求人、遊戲與巫術」等5大單元展出。參觀者可以從上述主題，與同是東亞及歐洲的預測文化之文物進行跨文化的理解。本展覽有以下特點：

## 1. 百年一見的展示

日耳曼國家博物館自1852年建館至今，繼1920年代於慕尼黑展出該館歐洲地區預測技術及文化的收藏後，相隔近100年後第一次有系統性的展示。紐倫堡當地最著名，素有北方文藝復興時期最具代表性藝術家，杜勒（Albrecht Dürer, 1471-1528）的3件版畫作品也在這個展示中亮相，如掌控命運的希臘神話女神「涅墨西斯（Nemesis）」，及羅馬神話的女神「福圖納（Fortuna）」。此外，出版於1498年的啟示錄插圖中之一「聖約翰吞噬了書（Saint John Devouring the Book）」的版畫亦是重要的展示品之一。這些作品不僅揭示了當時歐洲社會對於命運的概念，同時亦反映杜勒個人的命運論思維，以及版畫雕刻不凡的技藝與成就。

日耳曼國家博物館的其他展品包括占卜、掌紋、面相、解夢、星象圖、預測、星球書、氣候書，曆法及農民曆等。這些展示品為該館建館初期前10年收藏，其時間橫跨15世紀到20世紀。

## 2. 東亞預測文化的寶藏盡在臺灣

本院史語所參展的8件文物，扮演著東亞地區的預測文化，自距今3千多年前至西元17世紀之文化持續性及歷時性的代表性文物，並提供觀者跨文化的比較。2件殷墟出土的甲骨、2件居延漢簡、2件漢代畫象拓片「漢羽人對坐六博畫象」、「星象神獸圖」、古籍「天文象占」明寫繪本，以及明清內閣大庫檔案中的「湯若望問占卜事」，皆是本次展覽的亮點。

位於臺南的臺灣歷史博物館出借豐富的媽祖信仰相關文物，以及臺灣民間的命書、堪輿等與預測有關文物數十件。在蘭陽博物館協助下，宜蘭碧霞宮的扶鸞也成為這次展示的明星展件。臺灣公私藏豐厚的預測文化的相關文物，足為東亞預測文化的縮影。

## 3. 透過常民的預測文化展示促進理解

展覽的主軸旨在探討命運、預測與個人的行動力，三個相互交織的要素。幾千年來，人們普遍相信由更高權力控制人類命與運。這不僅是東亞與歐洲共通之處，也是人類發展預測文化的普遍性。然而，當今東亞社會中歐洲的塔羅牌及星象等預測工具已廣為流傳，而在歐洲地區，東亞的易經、八字與風水早已耳熟能詳，蔚為風潮。東亞與歐洲有關預測的文化與技術各有自己的發展脈絡，它們存在於科學，宗教，魔術，娛樂和生活實踐之間的邊緣區域。本展覽的欲打破預測的文化及技術是一種科學、偽科學，或者是宿命論、宗教、迷信等二分法或直接進行對比，但二個區域內的預測技術的使用在思考及滿足人類需求上是一致的，有著相同的思慮及障礙，最大的驅動力即是：「未知的未來帶來的困境，但必須在此時此刻採取行動。」「啟蒙」還是「迷信」，觀眾心中自有判斷。

誠如日耳曼國家博物館館長Daniel Hess博士所言，通過反思我們共同的全球文化遺產，此項展覽項目不僅提供了令人鼓舞的興趣與場域，而且還搭建了橋樑，促進對話，共同塑造未來。

籌辦本次展覽期間，適值疫情發展、升溫，在臺德邊境管制的種種限制下，本院8件珍貴文物，於去年11月20日運抵德國紐倫堡日耳曼國家博物館，完成展品的狀況檢視及布展，在彌補無法如期開展的缺憾，策展團隊早在規劃之初，即納入3D等數位化的線上展示運用，這是臺德間學術及文化機構寶貴的合作經驗。雙邊的合作將延續到2022年的春天，除了本院的數件文物，日耳曼國家博物館約50件的文物，將遠從德國紐倫堡跨海來臺展示，由臺南的國立臺灣歷史博物館策劃新的展示與詮釋，預定今年12月12日開幕，期待臺灣的媽祖與杜勒筆下的女神「涅墨西斯（Nemesis）」、「福圖納（Fortuna）」同在南臺灣展出。

展覽訊息：<https://www.gnm.de/en/exhibitions/special-exhibitions/signs-of-the-future-online/>

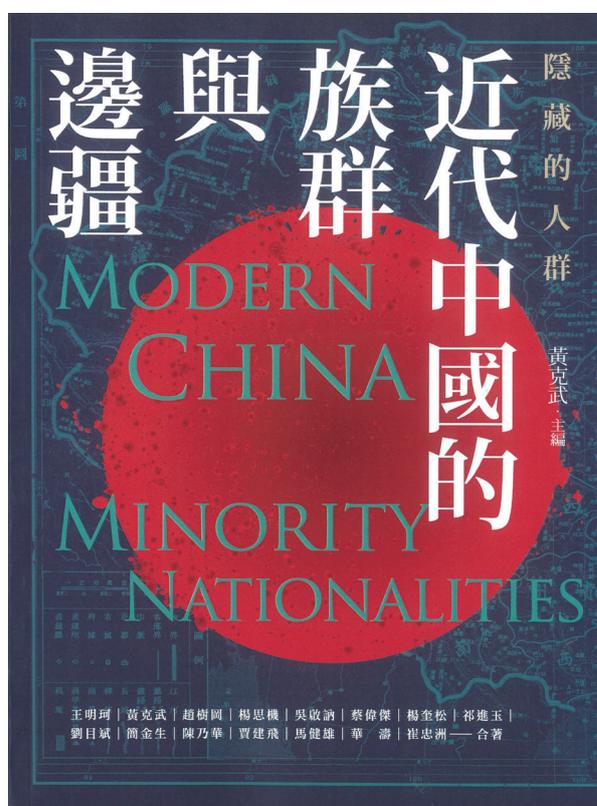


# 《隱藏的人群：近代中國的族群與邊疆》 已出版

本院近代史研究所黃克武特聘研究員所著《隱藏的人群：近代中國的族群與邊疆》一書已於2021年4月出版。

本書是由王明珂與黃克武共同主持的中央研究院主題計畫「文化、歷史與國家形構：近代中國族群邊界與少數民族的建構歷程」（2015-2017）之研究成果。本書之標題「隱藏的人群」一語意指在統一政治體與明確的國家邊界之內，有或隱或現、文化背景不同的各種人群，同時也有一些跨越邊界的人群；他們的互動影響到近代「國族建構」的複雜歷程。全書包括三大主題：近代中國族群邊界與國族建構、非漢族群的視角與中國伊斯蘭的近代演變。本論文集最大的意義在於匯集了中國大陸與臺灣學者的最新成果，對於國族建構與少數民族邊界與認同問題提出宏觀與具體的研究。

相關網址：<https://reurl.cc/o9OYbv>



# 【專欄】淺談因果：是宗教，是哲學，也是科學

作者：黃彥棕研究員（本院統計科學研究所）

「萬法皆空，因果不空」，佛學上此空非彼空；又說，因果通於三世，過去世、今世、未來世。亞里士多德在著作「形上學」探討事物的因（cause），並提出「四因論」：質料因（material cause）、形式因（formal cause）、動力因（efficient cause）、目的因（final cause）。千百年來宗教或哲學探索的因果論反映了人類對因果的好奇，是一種天性也是本能。

許多生活上遭遇的問題，我們都想知道是否存在因果關係。例如：一個患有末期癌症的路人過馬路時遭機車衝撞，除了驚嚇和皮肉傷，當下並未發現出血或器官損害等更大的問題，然而這個癌末路人在一個月後過世了，試問被機車撞到（我們表示為 $X$ ）是否導致了他的死亡（表示為 $Y$ ）？這樣的問題，至少牽涉哲學、醫學和法律。哲學上， $X$ 是否導致 $Y$ 當然是個大哉問，除了亞里士多德，近代哲人休姆（David Hume）、彌爾（John Stuart Mill）等也都提出了因果哲學。醫學上，值得探究的

是死亡也許是源自他本身的末期癌症，但是機車撞擊是否產生了肉眼不可見分子層次的傷害進而加速了死亡；法律上，直接會面對的問題是，如果行人的家屬提告機車騎士傷害甚至殺人是否成立。哲學、醫學或法律觀點的因果論各有其理論基礎及應用，本文著眼的是能否以數學定義因果。

以數學的語言來定義因果目前為止最廣為使用的應該是由美國統計學家Donald Rubin於1978年提出的反事實結果（counterfactual outcome）或潛在結果（potential outcome）架構。而反事實狀態的觀念最早甚至可回溯至十八世紀的蘇格蘭哲學家休姆（1748）；在統計文獻中，廿世紀初波蘭數學家Jerzy Neyman（1923）首次在隨機農業試驗中提及。美國統計學家James Robins在1986年延伸至多重隨時間變化的因子；在資訊科學領域以圖像理論為主的因果推論（Spirites, Glymour and Scheines 1993; Pearl 1995），與潛在結果架構之理論基礎亦有共通之處。

要回答上述問題是否存在因果關係，目前擁有的資訊是不足以判斷的，亦即我們目前觀察到的資訊是：車禍發生， $X=1$ （0為不發生），之後病人死亡， $Y=1$ （0為未死亡），我們將病人死亡的這個變因補充為 $Y(X=1)$ 或 $Y(1)$ ，代表的是在車禍發生情境下的死亡與否，我們觀察到的是 $Y(1)=1$ 。要論證因果關係，我們需要額外的資料：如果車禍不發生 $X=0$ ，那麼病人一個月後是否死亡，也就是 $Y(X=0)$ 或 $Y(0)$ 為何。如果 $Y(0)=1$ ，也就是病人未遭遇車禍（假設除了車禍外其它條件一樣）一個月後病人還是死亡，那麼很明顯的，車禍與病人的死亡並無因果關係；但如果 $Y(0)=0$ ，也就是病人若未發生車禍（其它條件一樣）的話，一個月後並不會死亡，那麼，車禍的確導致病人死亡。

上述的反事實論證提供明確且直觀的因果推論，也就是 $Y(X=1) \neq Y(X=0)$ 代表 $X$ 和 $Y$ 有因果關係，但是實務上我們幾乎無法取得完整的反事實資料。以車禍的例子而言，人死不能復生，我們無法讓病人再次復活、回到一個月前並塑造一個未發生車禍的另一段人生，來觀察一個月後他是否死亡。也就是說，對於每個人我們都只能觀察到一半的資訊，曾發生車禍的人，我們只觀察得到 $Y(X=1)$ ，未發生車禍的人，我們只觀察到 $Y(X=0)$ 。除非物理學能突破帶來時光旅行的技術，否則因果推論僅能流於紙上談兵。不幸的是，如上述例子的單一個體因果效應（individual causal effect），在沒有很強的假設之下是無法辨識（non-identifiable）的。

相對於個體因果效應，統計學家著眼的是群體的因果效應（population causal effect），舉例而言，暴露於空氣污染，20年後台灣某區的肺癌發生率為2%，我們想知道空氣污染是否造成肺癌；另外的例子如臨床試驗，癌症病人接受藥物A的治療，5年存活率為70%，A藥物是否增加病人的存活率。這兩個例子裡， $X$ 分別是空氣污染與否、及接受藥物A與否，而 $Y$ 則為發生肺癌與否（0：未發生，1：發生）、及存活與否（0：存活，1：死亡）。不過，與之前車禍例子不同的是，這裡的結果並不是單一個體的結果，而是一整個群體的平均，因此我們使用機率上的期望值（ $E[\cdot]$ ）來描述群體平均，所以在空污的例子，我們得到的資訊是 $E[Y(X=1)]=0.02$ ；在臨床試驗的例子中， $E[Y(X=1)]=0.3$ 。要進行因果推論，我們還需要收集的資訊是 $E[Y(X=0)]$ ，亦即沒有暴露於空污的肺癌發生率、及未接受藥物A的存活率， $E[Y(X=1)] \neq E[Y(X=0)]$ 代表群體因果效應的存在。

群體因果效應的可辨識性（identifiability）仰賴一些假設。首先， $Y(X=x)$ ， $x=0$  or  $1$ ，我們簡寫為 $Y(x)$ ，它雖代表的是肺癌的發生與否，但它其實是一個虛擬的情境： $Y(x)$ 代表的是空污暴露為 $x$ 的情境下，肺癌發生與否。若我們以整個台灣人口為研究對象，而把台灣人口想像成圖一右邊的菱形，那麼我們的因果推論實驗應該將全台灣人口暴露在空污（圖一右上面的藍色菱形），觀察20年後肺癌發生個數（藍色菱形中的藍色圓點）並計算發生率 $E[Y(1)]$ ，接下來用時光旅行回到20年前實驗

開始的時候，這次讓全台灣人口暴露在非空污的環境（圖一右下面的橘色菱形），觀察20年後肺癌發生個數（橘色菱形中的橘色圓點）及發生率 $E[\gamma(0)]$ ，若 $E[\gamma(1)] \neq E[\gamma(0)]$ 則空污導致台灣人口肺癌。

上述的實驗設計同樣地需要時光旅行的科技，雖然有助於我們直觀地定義何謂因果效應，但實務上不可行。我們實際上得到的資料是 $(X, \gamma)$ （即圖一左邊的藍色鑽石形及橘色三角形），而非 $(\gamma(1), \gamma(0))$ （即圖一右邊的藍色及橘色菱形）。我們做一個大膽的假設：左邊藍色鑽石形的資料可以外推補齊缺漏的三角形，而變成右邊完整的藍色菱形，相同地，左邊橘色三角形的資料亦可以外推補齊缺漏的鑽石形，而變成右邊的橘色菱形，這個假設以數學語言描述為： $\gamma(x) \perp X$ ，鑽石型族群（或三角形族群）的反事實結果與實際上暴露空污與否獨立。稍後我們解釋這個假設的涵義，但在這個假設之下，左邊的實際資料給予我們相當於需要時光旅行技術才能得到的資訊。因此，我們在實際資料下進行簡單條件期望值的計算即等同於反事實結果的期望值：

$E[\gamma|X=x]=E[\gamma(x)]$ ，也就是說，我們只需要在有空污的地區（ $E[\gamma|X=1]$ ）和非空污的地區（ $E[\gamma|X=0]$ ）進行肺癌發生率的計算，就能分別代表全台灣接受空污暴露（ $E[\gamma(1)]$ ）及未受空污暴露下（ $E[\gamma(0)]$ ）肺癌的發生率。這個大膽的假設，稱之為可互換性（exchangeability），這個假設的強大之處在於，它帶來了跟時光旅行一樣的效果。

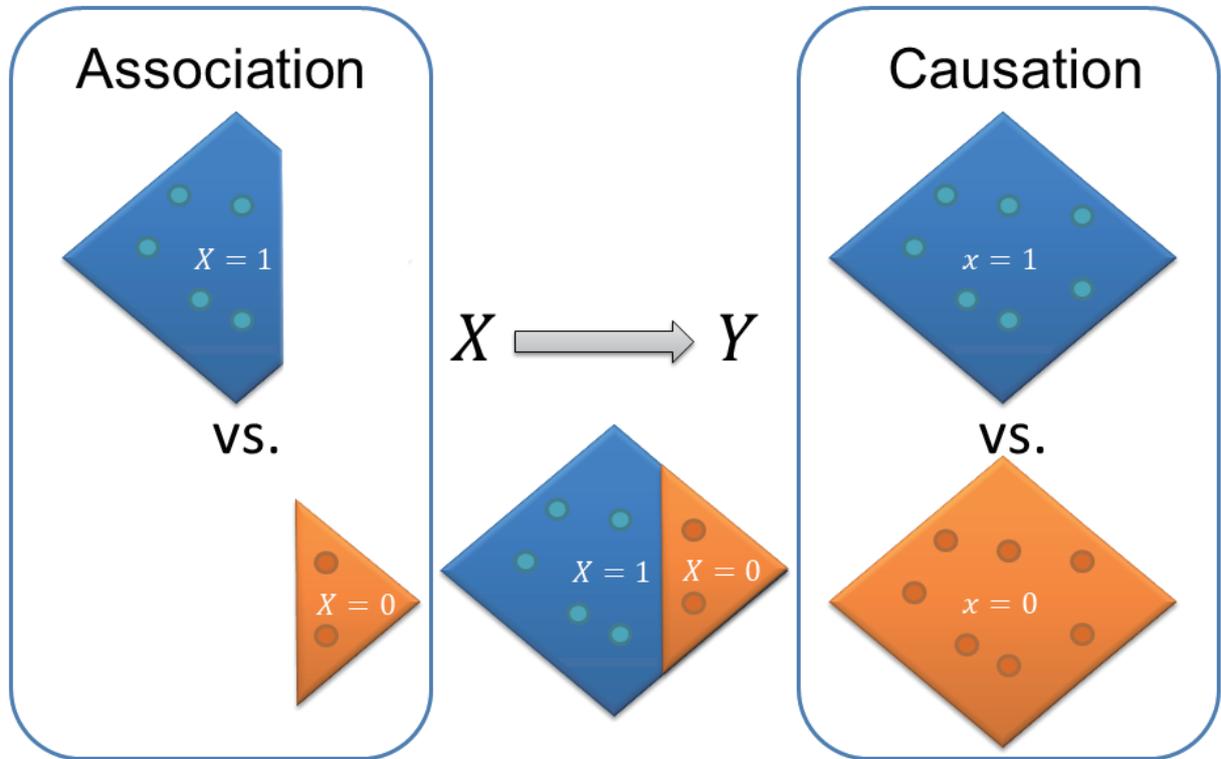
我們用臨床試驗的例子來談一下可互換性假設的內涵。我們同樣使用圖一左邊代表臨床試驗的的實際資料，藍色鑽石形代表接受藥物A的病人，藍色圓點代表死亡的病人，橘色三角形代表未接受藥物A的病人而橘色圓點為死亡的病人。此外，我們假設病人接受藥物A與否是隨機的，亦即此研究為隨機臨床試驗（randomized clinical trial）。因為隨機的關係，鑽石形族群與三角形族群應該在各個方面都很類似，包括性別比例、年齡分布、教育程度、基因形態等；若此兩族群的樣本數很大（例如超過一萬人），那麼我們甚至可能認為這兩個族群幾乎是一樣的。所謂一樣，可以想像成，每個藍色族群的病人，都可以在橘色族群病人中找到跟他/她各方面都很類似的人，除了接受藥物與否。因此，藉由隨機分配我們模擬出了一個時光旅行的效果，本來應該藉由時光旅行才能產生的圖一右，因為隨機分配 $X$ 的實驗設計，兩個本應屬於平行時空的藍色與橘色族群，同時存在於我們的試驗中。隨機分配之下，導致鑽石形和三角形族群的高度相似性，亦可詮釋為這兩個族群是可互換的。因為他們可互換，我們才會說他們的潛在結果 $\gamma(x)$ 與實際上他們接受治療與否 $X$ 是獨立的， $\gamma(x) \perp X$ ；因為可互換，如果反過來讓鑽石形族群不接受治療（改為橘色），而讓三角形族群接受治療（改為藍色），得到的實驗結果將一樣；也因為可互換，我們才能外推鑽石形去補足缺漏的三角形造就完整的菱形，所以，左邊實際資料的條件機率估計會等價於右邊時光旅行設計下的實驗結果。

讓我們再回空污研究的例子，可互換性假設在這個例子為：暴露在空污下的台灣族群和非空污下的台灣族群可互換。但是，空污的暴露 $X$ 並非如臨床試驗例子的 $X$ 是隨機分配的，可互換性的假設在這個例子可能並不成立，例如，比起高空污的西半部，處於低空污的花東地區較多原住民人口，因此基因型態就會有顯著的不同。若忽略了此一差異，那麼單純比較高空污和低空污的肺癌發生率，我們無法區分究竟發生肺癌的差異是來自空污還是來自基因，此一現象我們稱之為干擾（confounding）。當相關性受到干擾時，它就無法代表因果性；反之，當相關性沒有其它干擾時，就等同於有可互換性，因此實際資料下觀察到的相關性就有因果性的詮釋。那麼，在空污的例子中是否完全無法研究其因果性呢？其實未必，如果我們知道原住民族群的比例是個干擾因子，那麼我們可以用統計方法去校正此一干擾因子，例如，我們簡單將相關性的比較侷限於非原住民族群。或更複雜一些，若有多重的干擾因子 $Z$ ，例如教育程度、職業、年齡等，也會干擾空污和肺癌的相關性，那麼我們可以使用更複雜的統計模型去校正這些因子，以期達到條件可互換性（conditional exchangeability）： $r(x) \perp X | Z$ 。所謂的條件可互換性，就是雖然就整體而言沒有互換性，但若能把研究族群的原住民比例、教育程度、職業、年齡都控制為一樣，那麼在這個小小的次族群中，可互換性則可成立。那麼在這個假設之下，統計方法提供的相關性估計也可以詮釋為因果性。

思考因果性，使用反事實結果或時光旅行的想法是一種很好的邏輯訓練，雖然時光旅行在實務上還不可行，但這種思考訓練能讓我們抽離現實，以較形而上的方式定義因果。接下來，可以用隨機試驗的方式來想像如何落實為一個可操控的研究，當然它有時可行（如：臨床試驗）、有時礙於倫理和資源亦仍不可行（如：空污研究）。最後，常常我們只能藉由觀察型研究，以相關性替代因果性，此替代成立需仰賴條件可互換性，並藉由統計方法充分校正達成此一互換性的干擾因子。

筆者認為人類對於因果性的好奇是本能，以數學語言來描述因果是一個重要的開始，它讓形而上層次的因果哲學，藉由數學符號回到我們身處的物理世界；它也讓因果的直觀性落實到可溝通運算的客觀符碼，搭配數理統計理論可以進一步挑戰非直觀、幽微且複雜的因果問題。

# Association vs. Causation



▲圖一，因果性（causation）和相關性（association）的區別。圖形中圓形小點代表 $Y=1$ 的發生。（下圖重製改編Hernan and Robins之圖1.1）

## 參考文獻

Hume, D. (1748). *An Enquiry Concerning Human Understanding*. Reprinted, 1958, LaSalle, IL: Open Court Press.

Neyman, J. (1923). Sur les applications de la thar des probabilités aux expériences Agraricales: Essay des principe. Excerpts reprinted (1990) in English (D. Dabrowska and T. Speed, translators) in *Statistical Science* 5, 463-472.

Rubin, D. (1974). Estimating causal effects of treatments in randomized and non-randomized studies. *Journal of Educational Psychology* 66, 688-701.

Robins, J. (1986). A new approach to causal inference in mortality studies with sustained exposure period – application to control of the healthy worker survivor effect. *Mathematical Modelling* 7, 1393-1512.

Spirites, P., Glymour, C. and Scheines, R. (1993). *Causation, Prediction, and Search*. Cambridge, MA: MIT Press.

Pearl, J. (1995). Causal diagrams for empirical research (with discussion). *Biometrika* 82, 669-710.

Hernan, M. A. and Robins, J. M. *Causal Inference* (unpublished book draft)

VanderWeele, T. J. (2015). *Explanation in Causal Inference: methods for mediation and interaction*. Oxford University Press.

# 【演講側記】「大數據科學讓新冠病毒現形」

為推廣科普知識，本院自94年起，每年定期推薦本院院士或研究人員至高中演講，與年輕學子交流互動，以深入淺出的方式分享學術研究成果。

今（110）年4月7日，本院統計科學研究所楊欣洲研究員受邀前往臺南一中，擔任竹園學術講座主講人，主講「大數據科學讓新冠病毒現形」，由該校一年級徐兆廷同學撰寫側記及心得，內容如下：

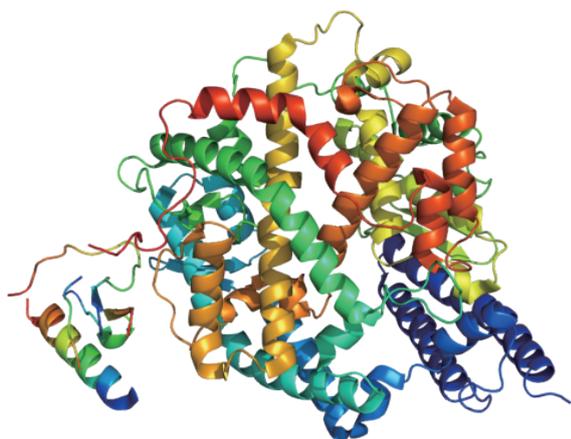
在COVID-19疫情肆虐全球下，許多國家分別研發疫苗，但隨著疾病的傳播與流行，病毒開始出現各種變異並產生不同的基因體、生物特徵、型態。而楊研究員說明他與研究團隊是如何運用大數據科學（Big data analysis）將病毒分類、追蹤，並應用此技術。

（一）為何需要利用大數據科學分析和追蹤新冠病毒？

新冠病毒的遺傳物質為RNA，且容易發生突變。在世界各地傳播時會產生各種不同的變種如：南非變種、英國變種等，而不同的變種有不同的基因，因此有不同的生物特徵或構造，進而造成在群體中傳染力、致死率及症狀不同的影響。

以在群體中的傳染能力為例，病毒侵入細胞時，仰賴病毒表面特異性高的刺突蛋白（Spike protein）與細胞表面的血管收縮素轉化酶2（Angiotensin-converting enzyme 2, ACE2）結合（圖一），也就是將ACE2作為受體侵入細胞（圖二）。藉由此方式，製造類似於病毒刺突蛋白之物質，促使免疫反應發生，並引起專一性防禦，即疫苗的作用方式。而當病毒發生變種時，其刺突蛋白可能因此改變，而降低先前注射之疫苗所造成的專一性防禦功效。

故相同的疫苗對於不同的變種病毒在人體上的功效具有差異，需藉由病毒的刺突蛋白設計疫苗，才能達到最佳的療效。因此才須將新冠病毒進行分類，以利追蹤與製造疫苗，而大數據分析恰為妥當分析變種病毒間的親緣關係與演化歷程，方便進行病毒變種追蹤與類別分析。



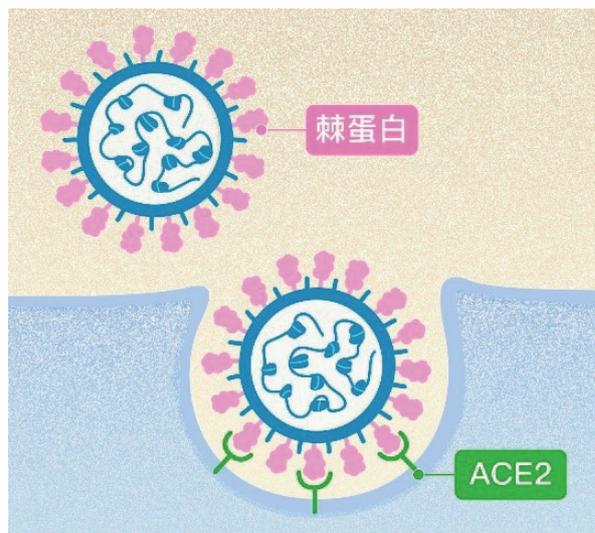
▲圖一：血管收縮素轉化酶2

(Angiotensin-converting enzyme 2, ACE2)

資料來源：Wikipedia. Structure of the ACE2 protein.  
(Dec. 15, 2009)

Retrieved from

[https://en.wikipedia.org/wiki/File:Protein\\_ACE2\\_PDB\\_1r42.png](https://en.wikipedia.org/wiki/File:Protein_ACE2_PDB_1r42.png)



▲圖二：新冠病毒侵入細胞過程

資料來源：「研之有物」

<https://research.sinica.edu.tw/covid19-p3lab-academiasinica/>

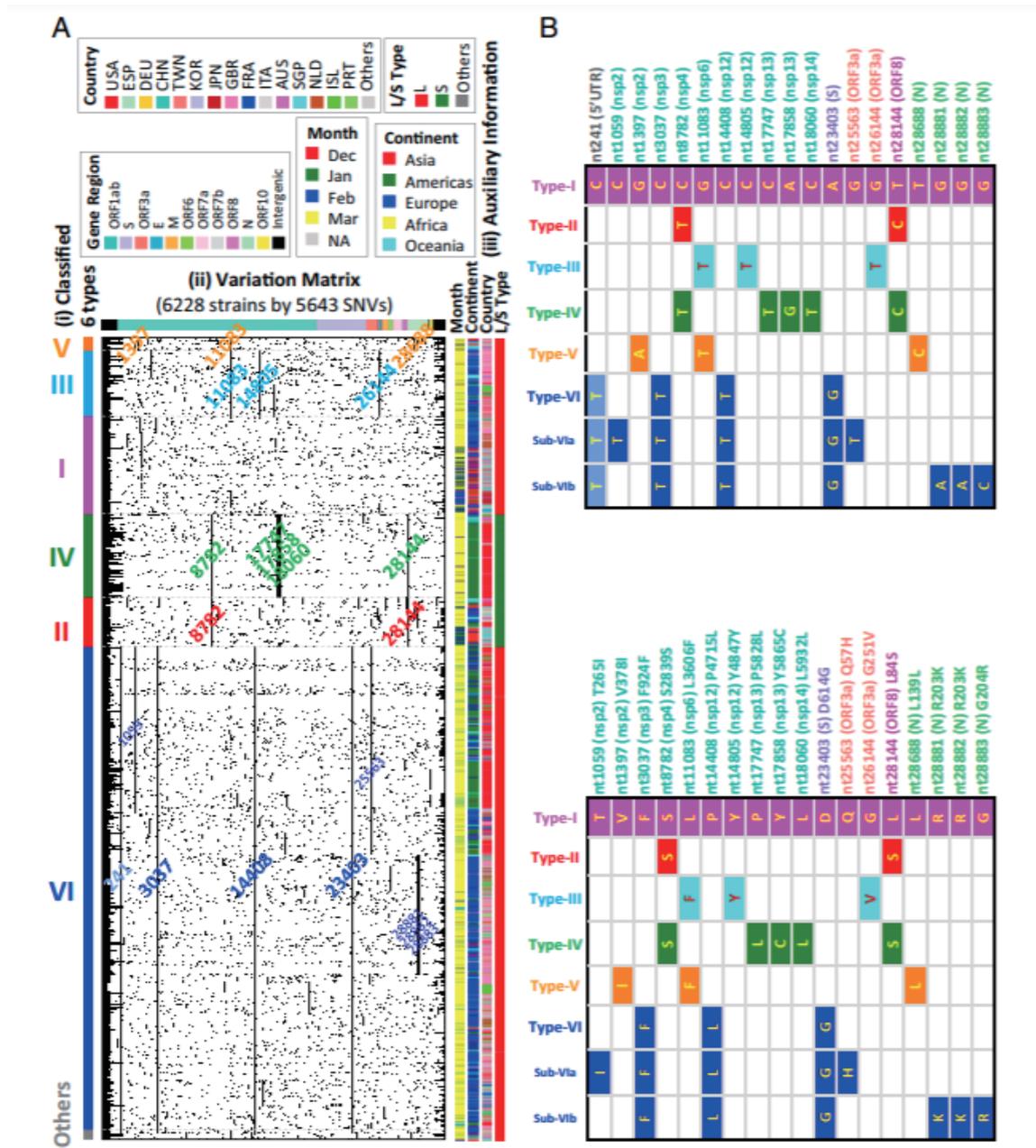
## (二) 如何取得分析新冠病毒之資料庫？

分析前，其中一項關鍵要素為建立資料庫。新冠肺炎病毒是RNA病毒，故其遺傳密碼由四種鹼基組成，分別為腺嘌呤（Adenine, A）、尿嘧啶（Uracil, U）、鳥嘌呤（Guanine, G）、胞嘧啶（Cytosine, C）構成。新冠病毒的遺傳序列中共有約30,000個鹼基。當世界各地的醫生在病患身上採檢後，將病毒的遺傳物質定序，並經過篩檢後上傳至全球共享流感數據倡議組織（GISAID），以公開來自世界各地的病毒序列資訊，使不同實驗室皆能進行病毒序列分析。在疫情爆發最初，僅有約1,000組病毒序列，而隨著疫情蔓延，至今已累計超越一百萬組病毒序列可供分析，使資料庫更加齊全。

## (三) 如何比較病毒親緣關係、歸類及建立演化樹？

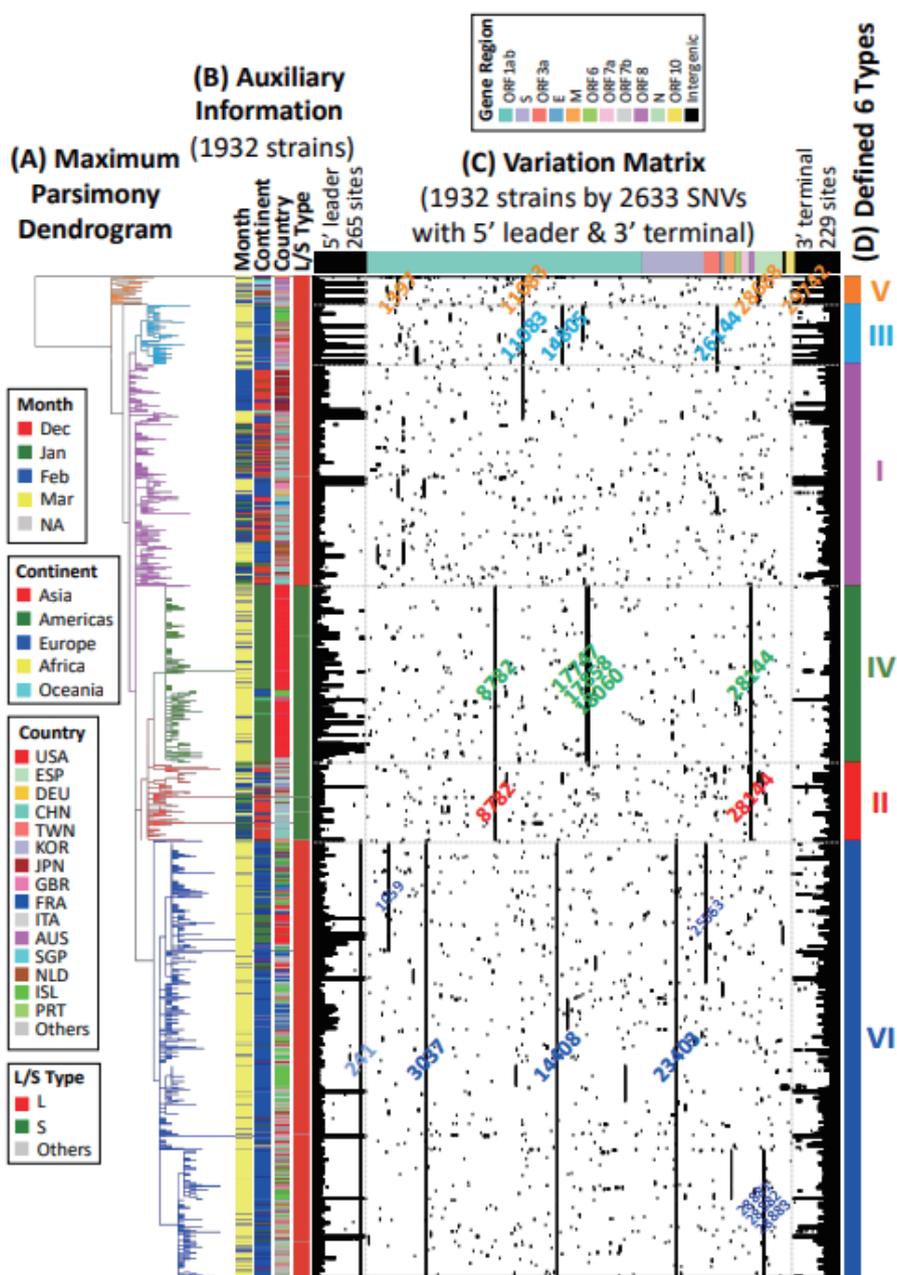
首先，科學家將在中國武漢採取到的最初病毒序列訂為武漢一號，將其他病毒30,000個鹼基與其逐一比較，將不同者列為1，相同者列為0。則每一則病毒序列可得30,000個不同的變數。而累計至今的資料庫，該資料將變為矩陣，將其矩陣視覺化（圖三），每類型中的直線為不同病毒株間相同某特定基因變異造成，並可分類出六大類病毒。如同在下圖之中可知第五類病毒擁有共同的遺傳特徵是編號1397與編號11083與28688之鹼基發生變異；而第四類病毒則是擁有在編號8782、17747、17858、18060、28144之鹼基遺傳變異所致。

將1,932株病毒株依據其基因序列建立親緣關係樹，並將親緣關係樹與已視覺化之矩陣合併後，發現兩者結果十分吻合。而依照兩者互相比對即可作為辨識突變種之依據，可明確歸類出六大類新冠病毒突變種及其亞種（圖四）。如在第六型突變種中可發現變異鹼基編號1059、25563的亞變異種和變異鹼基編號28881、28882、28883的亞變異種，但除此之外仍有許多不同病毒株具有相同的鹼基變異，卻未被歸類為某亞種，是由於亞種的分類仍較依靠親緣關係樹的辨識。



▲圖三：Variation matrix map and viral strain type. (Yang, *et al* 2020)

但在分析資料時，楊研究員與其團隊面臨了資料量過大的困難。國家高速網路與計算中心無法分析38,248\*30,000之矩陣，而楊研究員則利用直接比對某特定基因（如上述可鑑定種類的基因，即上圖中不同基因所連成的直線），以及基因序列間兩兩比對以減少計算量。在得到幾乎相同的研究效果前提下，大幅度降低了分析時間。透過使用不同的分析方式，儘管分析樣本數增加，分析時間仍降低（表一）。



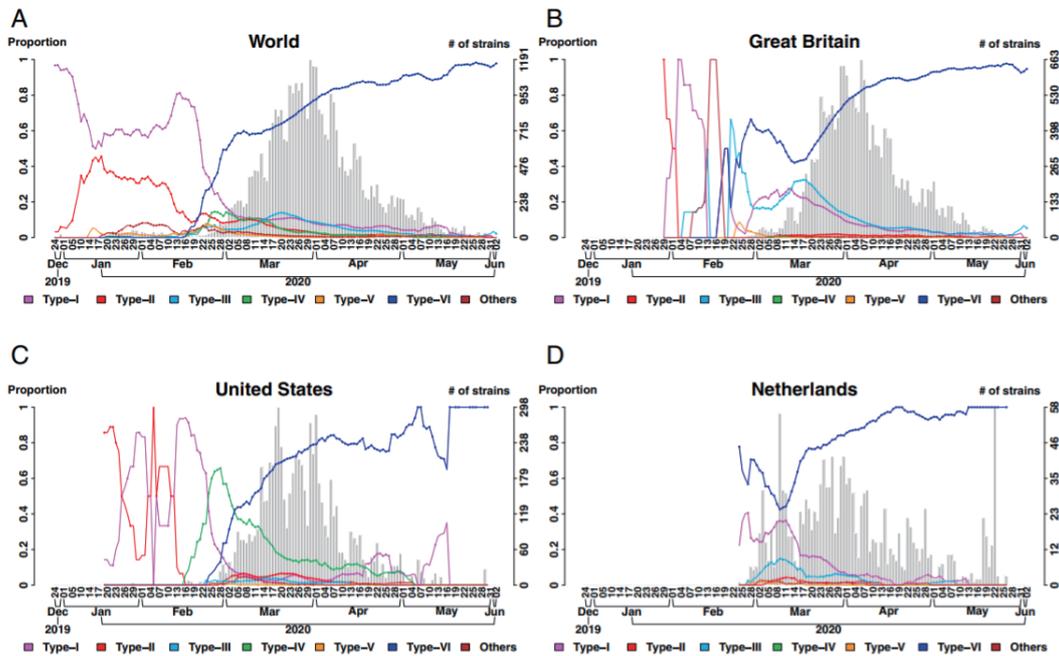
▲圖四：Maximum parsimony dendrogram, variation matrix map and defined six types for 1,932 SARS-CoV-2 viral strains. (Yang, *et al* 2020)

Dataset	Method	Time	I	II	III	IV	V	VI	Other
n = 1,932	Maximum parsimony tree	3,617 min	428 (22.1%)	150 (7.8%)	114 (5.9%)	341 (17.7%)	53 (2.7%)	844 (43.7%)	2 (0.2%)
	Signature SNVs & multiple sequence alignment	21,273 min	756 (12.1%)	384 (6.2%)	511 (8.2%)	645 (10.4%)	103 (1.7%)	3745 (60.1%)	84 (1.3%)
n = 6,228	Signatures SNVs & pairwise alignment	360 min	756 (12.1%)	384 (6.2%)	511 (8.2%)	645 (10.4%)	103 (1.7%)	3745 (60.1%)	84 (1.3%)
	Signatures SNVs & our text mining algorithm	0.85 min	756 (12.1%)	384 (6.2%)	501 (8%)	645 (10.4%)	103 (1.7%)	3745 (60.1%)	94 (1.5%)
n = 38,248	Signatures SNVs & pairwise alignment	2,212 min	3791 (9.9%)	1644 (4.3%)	2872 (7.5%)	1388 (3.6%)	262 (0.7%)	27887 (72.9%)	404 (1.1%)
	Signatures SNVs & our text mining algorithm	5.48 min	3890 (10.2%)	1595 (4.2%)	2839 (7.4%)	1376 (3.6%)	257 (0.7%)	27747 (72.5%)	544 (1.4%)

▲表一：Number and proportion of the SARS-CoV-2 strains in our defined six types. (Yang, *et al* 2020)

(四) 目前世界盛行哪一類型突變種，以及其基因特徵？

由圖五可知，世界各地目前主要以第六型為主。而其他類型的病毒在爆發初期皆可見，但由於第六型具有更強的生存優勢，如：較強的傳染力，因此目前世界所盛行的皆為第六型突變種（圖中藍線）。



▲圖五：Temporal distributions of the six types. (Yang, *et al* 2020)

## 心得

楊欣洲研究員的演講十分精彩，讓我收獲許多。不過讓我最印象深刻的是了解跨領域人才的重要性，尤其當代有許多複雜的科學問題，例如新冠病毒的研究，更需要不同領域的科學家共同努力，才能從不同面向解析問題。其中，楊老師擅長統計，使用GISAID的資料，是上傳自世界各地能進行病毒基因序列分析的實驗室，若沒有這些不同領域的專家互助合作，應無法單方面解決問題。

演講中也讓我領悟在解決跨領域問題時，需具有基本的不同領域的基本知識，如同楊老師必須得知病毒的基因序列與其突變模式，方能改良分析方法。因此，這場演講讓我更加相信，應勇於在不同領域多所涉略學習，並整合各科所學習到的知識，為研究科學問題打好根基。

## 人事動態

1. 蘇黎先生奉核定為資訊科學研究所副研究員，聘期自110年5月24日起至138年8月31日止。
2. 黃信樺先生奉核定為地球科學研究所副研究員，聘期自110年5月24日起至137年1月31日止。
3. 吳修安先生奉核定為歷史語言研究所助研究員，聘期自110年8月1日起至115年7月31日止。
4. 鄭惠國先生奉核定為植物暨微生物學研究所助研究員，聘期自110年10月1日起至116年7月31日止。

# 新進人員介紹—— 物理研究所楊迪倫助研究員

楊迪倫先生於美國杜克大學取得物理系博士學位後，分別在希臘克里特大學、日本理化學研究所、京都大學從事博士後研究，並於慶應義塾大學擔任非常聘助理教授一職。

楊博士之研究專注於極限狀態下之量子場論，如高溫、高密度或強場，以及在高能核物理與天文物理中相關之傳輸現象。近年來，楊博士著手於相對論性重離子碰撞及核心塌縮超新星中，與自旋及手徵性相關之量子傳輸研究，並於量子運動論之開發上有許多貢獻。量子運動論為一種用於分析相對論性費米子之非平衡手徵傳輸及動態自旋極化的理論架構，於多種物理系統中皆有應用價值。

楊博士自2021年4月起於物理學研究所擔任助研究員一職。

新進  
人員



楊迪倫  
物理研究所助研究員

# 院慶特刊即將發行！ 「講究——藏身學術場域中的建築之美」

本（6）月9日，中研院將迎來93歲生日！為此，中研院訊編輯團隊將於當日推出院慶特刊：「講究——藏身學術場域中的建築之美」。列舉院內11座臺灣知名建築師作品及熱門打卡建築，一窺藏身本院、低調而講究細節的建築群。另外，這次特刊也專文介紹院內建築的前世今生，帶領讀者進行一段穿梭不同世代的時光之旅，希望藉由這些建築故事，能更加了解本院的發展過程與歷史。

究竟是哪11座建築？本院又有哪些和建築有關的歷史故事？答案都在6月9日發行的院慶特刊裡！同時，特刊發行當日將舉辦院訊讀者專屬抽獎活動，高質感神秘好禮等著各位，請密切留意中研院訊網站及本院臉書粉絲專頁。

本院臉書專頁：<https://www.facebook.com/sinicaedu/>

