

徐敏恭

420007 台中市豐原區
中興里2鄰三村路20巷24號

行動電話: +886-988-956-251
電子郵件: afukada@gmail.com



學歷

- 2012年09月 – 2017年12月 **國立陽明交通大學 臺灣新竹**
生物科技學系 博士
- 2006年09月 – 2008年07月 **國立中央大學 臺灣桃園**
生物物理研究所 碩士
- 2002年09月 – 2006年08月 **國立臺灣大學 臺灣臺北**
昆蟲學系 學士

工作經歷

- 2025年09月 – **國家衛生研究院 臺灣苗栗**
生物製劑廠 計畫技術人員(人工智慧導入文件審閱管理)
- 2022年03月 – 2025年01月 **國立屏東科技大學 臺灣屏東**
研究總中心 助理教授級研究員
- 2020年09月 – 2022年02月 **中國醫藥大學 臺灣臺中**
癌症生物研究中心 博士後研究員
- 2017年12月 – 2020年04月 **浙江瑞崎科技有限公司 中國浙江**
研發部 研發經理
- 2009年10月 – 2012年08月 **國家衛生研究院 臺灣苗栗**
群體健康研究所 研究助理
- 2008年07月 – 2008年08月 **中央研究院 臺灣臺北**
物理研究所 研究助理
- 2005年07月 – 2005年09月 **穩達生物科技有限公司 臺灣臺北**
產品生產部 生產助理

學術及技術

- **人工智慧輔助核酸適體設計**(2023 -): 本項目使用各類人工智慧(Artificial Intelligence, AI)技術協助核酸適體(Aptamer)相關產品開發。
 1. **建立核酸適體序列預測模型**: 使用變換器(Transformer)架構建立核酸適體序列預測工具, 使用者輸入目標蛋白序列後獲得可與之結合核酸適體序列, 並提供核酸適體/目標蛋白相關分析、模擬及預測數據, 幫助使用者選擇合適適體序列開發應用產品。
 2. **核酸適體計算/實驗人工智慧代理平台建構**: 利用人工智慧代理(AI-agents)模式建構適體相關終端產品開發最佳化平台, 整合各類核酸適體應用模擬工具及實驗驗證數據, 利用人工智慧代理模擬得到終端產品最佳化條件, 減少研發需要耗費的成本。
 3. **最佳化適體文庫設計**: 使用開源核酸適體文庫(Library)預測及分析工具協助設計指數富集配體系統進化技術(Systematic Evolution of Ligands by Exponential Enrichment, SELEX)之核酸適體文庫, 減少傳統核酸適體文庫成本, 增加核酸適體文庫效能。
- **跨領域人工智慧模型與分析**(2023 -): 本項目使用機器學習(Machine Learning)與深度學習(Deep Learning)技術對各領域問題進行分析和建立預測模型, 數據來源為各領域進行實驗或觀測所得。

1. **建立植物病害預警模型**：利用開放數據(氣象與農業數據)與深度學習模型分析稻熱病發病之歷程，並建立稻熱病預警模型，在稻熱病發病前可提供農民。
 2. **驗證人工智慧應用河流水深模型最佳化參數**：使用深度學習驗證不同梯度下降法(Gradient Descent)在多光譜和植被檢索河流水深的影響，對棲息地建模、水力結構設計和流域管理非常重要。
 3. **建立溶劑種類預測模型**：使用機器學習和深度學習建立加入螢光碳點(Fluorescence Carbon Dots)在不同溶劑的分類模型，對於實務上溶劑種類的檢測有很重要的貢獻。
 4. **分析氣候變遷對生態之影響**：A) 分析墾丁香蕉灣東西兩側在不同季節的物種分佈；B) 使用隨機森林(Random Forest)演算法分析在氣候變遷下臺灣特有植物於水平高度(緯度)及垂直高度的變化，以上兩項分析對生態保育執行策略提供後續建議。
 5. **偵測半導體晶圓封裝後殘膠殘留狀況**：利用影像辨識(Image Recognition)技術對半導體晶圓封裝後的孔洞進行殘膠辨識，對於封裝半導體晶圓裝後的質量提供以影像為主的驗證方法。
- **人工智慧導入文件審閱管理(2025 -)**：本項目使用大語言模型(Large Language Model, LLM)對文件進行光學字元辨識(Optical Character Recognition, OCR)，協助企業品質保證(Quality Assurance)工作。
 1. **手寫數據辨識**：生物製劑廠在研發、生產和管理上需要大量文件進行紀錄，使用人工智慧模型協助此項繁瑣工作並促使產品符合優良製造規範(Good Manufacturing Practice, GMP)。
 2. **品質保證文件管理**：傳統品質保證工作文件需要大量人工進行管理，使用人工智慧對文件進行判斷並協助管理包含分類、判讀和修正，節省品質保證人力需求。
 - **病毒演化分析及資訊輔助疫苗設計(2022 - 2025)**：本項目使用 Python 搭配序列分析工序來進行序列分析，蛋白質結構預測則透過 AlphaFold 來進行，病毒序列資料由美國國家生物技術資訊中心(National Center for Biotechnology Information, NCBI)下載取得。
 1. **病毒序列比對及演化樹建構**：使用序列比對(Sequence Alignment)對於豬冠狀病毒不同病毒株進行隊列分析，並以隊列分析結果來構建豬冠狀病毒演化樹，對於病毒的突變適應路徑進行了解。
 2. **豬冠狀病毒棘蛋白結構預測**：棘蛋白(Spike Protein)為冠狀病毒進入宿主細胞的重要蛋白，使用 AlphaFold 對棘蛋白進行結構預測可以了解不同病毒株在棘蛋白上的改變對疫苗設計有所幫助。
 3. **資訊輔助豬冠狀病毒疫苗設計**：透過序列比對分析、病毒株演化樹建構和棘蛋白結構預測的結果，對於病毒棘蛋白上的抗原表位(Epitope)進行預測，減少疫苗設計所需要花費的時間及成本。
 - **癌症生物資訊學(2013 – 2017, 2020 – 2022)**：本項目使用 Perl、R 和 Python 來進行分析處理，次世代定序(Next Generation Sequencing, NGS)資料主要由癌症基因體圖(The Cancer Genome Atlas, TCGA)取得，並透過平行運算使用分析領域的生物資訊工具(STAR、Cufflinks、DESeq 和 DEXSeq)進行前處理。
 1. **癌症轉錄體分析**：A) 使用支持向量機(Support Vector Machine, SVM)、隨機森林(Random Forest)和人工類神經網路機器學習技術(Artificial Neuron Network, ANN)，說明在腫瘤發生時三個層級(基因、轉錄子和外顯子)的轉錄調控影響。B) 使用圖理論(Graphic Theory)分析正常和腫瘤細胞的轉錄體，說明共表現網路在基因和轉錄子層級複雜的轉錄體調控行為。
 2. **癌症抗藥性機制分析**：使用比較轉錄體學分析敏感型和抗藥型腫瘤細胞轉錄體，說明抗藥性在癌症細胞藉由基因或轉錄子的調控路徑來適應藥物環境。
 3. **癌症細胞層級演化**：透過演化分析(包含 dN/dS、SNPs、InDel 和 Differential Expression 等)對於不同癌症種類，說明基因和轉錄體複雜度之間的關聯性。
 4. **生物資訊工具開發**：A) 對於可能的無義介導的信使核糖核酸(mRNA)降解(Nonsense Mediated Decay, NMD)偵測和 NMD 轉錄子的轉錄體改變，開發一個基於電腦分析的生物資訊工具。B) 對於癌症在多種生物體學的(Multi-omics)預後(Prognosis)，開發包括資料庫及網站工具幫助研究者進行分析癌症生物學。
 - **皮膚人工智慧檢測(2017 – 2020)**：本項目使用 Python 來進行分析處理並建構人工智慧檢測系統，皮膚資料由醫院、美容院提供，透過結合字料及專業工作經驗來建構皮膚人工智慧檢測系統。
 1. **皮膚圖片基礎分析**：使用影像處理方式(OpenCV)對於蒐集的皮膚圖片進行資料前處理，皮膚圖片資料建構包含原始圖片資訊、圖片處理資訊和調校後圖片資訊。

2. **人工智慧學習系統**：藉由皮膚圖片建構資料庫，使用機器學習(SVM 和 Random Forest)和深度學習(卷積神經網路，Convolutional Neural Network, CNN)學習圖片資訊特徵，配合專業工作經驗進行調校人工智慧系統。
 3. **皮膚檢測系統建構**：皮膚檢測系統之前端檢測工具(手持式皮膚檢測儀)開發及後端人工智慧學習分析系統建置，兩者結合改良現行皮膚檢測系統，檢測結果更加科學準確。
- **複雜生物演化分析**(2011 - 2013): 本項目使用 Perl 和 R 來進行分析處理，NGS 資料透過在分析領域的生物資訊工具(TopHat 和 Cufflinks)進行前處理。
 1. **轉譯複雜度的演化**：使用統計分析靈長類和啮齒動物上游開放閱讀框(upstream Open Reading Frame, uORF)的分佈，說明蛋白質轉譯在演化歷史中的調控複雜度。
 2. **演化的多因子分析**：使用主成分分析(Principal Component Analysis)研究阿拉伯芥(*Arabidopsis thaliana*)基因體資料，說明阿拉伯芥的序列演化由多個與轉譯相關的因子如 DNA 甲基化(DNA Methylation)、uORF、蛋白質結構穩定區域(Protein Conserve Domain)等所影響。
 - **細菌代謝體分析和比較基因體學** (2009 - 2011)：使用 MATLAB 建構細菌代謝體模型，細菌比較基因體學使用 Perl 和 R 來進行分析處理。
 1. **電腦代謝體建構**：使用流導平衡分析(Flux Balance Analysis, FBA) 來研究人類電腦代謝體模型，本研究嘗試找出癌症細胞中瓦氏效應(Warburg Effect)的重要影響因子。
 2. **比較代謝體學**：使用 FBA 來研究不同大腸桿菌(*Escherichia coli*)品系的電腦代謝體模型，本研究分析三種不同品系(*E. coli* K-12、*E. coli* O157:H7 和 *Shigella flexneri*)的代謝體差異以找出細菌的致病原因。
 3. **病原體快速演化**：在快速演化的影響下，三種不同品系(*E. coli* K-12、*E. coli* O157:H7 和 *Shigella flexneri*)的大腸桿菌的 DNA 序列發生突變造成致病原因的研究。
 4. **短期及長期演化分析**：透過對大腸桿菌相關的細菌族群(包含物種極品系)的序列分析，說明在細菌的短期及長期演化的演化軌跡。

學術興趣和專長

學術興趣：生物資訊、人工智慧、大數據分析、次世代定序處理、序列分析、蛋白結構預測、比較基因體學、轉錄體分析、族群遺傳學、演化生物學、影像處理。

資訊技術：人工智慧、數據挖掘、平行運算、機器學習、工具開發(網路及單機)、伺服器維護。

程式語言：C, C++, Perl, Python, Ruby, R, JavaScript, MySQL, Visual Basic for Applications (VBA), MATLAB.

生物資訊工具：BLAST+, MUSCLE, CLUSTALW, Bowtie, TopHat, STAR, Cufflinks, PAML, InterPro, BS-Seeker, MEGA, DESeq, DEXSeq, WGCNA, PyMOL.

相關著作

- **期刊論文**
 1. Min-Kung Hsu*, Yu-Jing Zeng, Yan-Xin Lin, Po-Jui Chen, Hsian-Yu Wang*, **AI-Driven Protein-to-Aptamer Design Using a Transformer Architecture With Cross-Model and Structural Validation.**, *Journal of the Chinese Chemical Society*, (2026): 1–12, May 2026, DOI: 10.1002/jccs.70229.
 2. Hsing-Chieh Wu, Thu-Dung Doan, Wan-Chen Chang, Min-Kung Hsu, Hsian-Yu Wang, Jiahong Liaw, Chia-Jung Chang, Chun-Yen Chu*, **Prevention of Porcine Epidemic Diarrhea Virus With Nanotube-Adjuvanted Oral DNA Vaccines.**, *Transboundary and Emerging Diseases*, 2026, 6727844, 13 pages, January 2026. DOI: 10.1155/tbed/6727844.
 3. Wei-Wen Sung, Yu-Jing Zeng, Tsung-Ming Yeh, Yao-Yuan Chen, Min-Kung Hsu, Sung-Pin Tseng*, Hsian-Yu Wang*, **Comparison of Wound Healing Efficiency Between Bacterial Cellulose Dry Membrane and Commercial Dressings.**, *Journal of Functional Biomaterials*, 2025; 16(10):366, October 2025, DOI: 10.3390/jfb16100366.
 4. Chih-Hung Lee, Min-Kung Hsu, Yu-Min Wang, Jan-Mou Leu, Chung-Ling Chen, Liwei Liu*, **Evaluating gradient descent variations for artificial neural network bathymetry modeling and sensitivity analysis.**, *Journal of Applied Remote Sensing*, Vol. 18, Issue 2, 022204, February 2024, DOI: 10.1117/1.JRS.18.022204.
 5. Yu-Jing Zeng, Min-Kung Hsu, Jia-Rong Cai, Hsian-Yu Wang*, **A strategy of novel molecular hydrogen-producing antioxidative auxiliary system improves virus production in cell bioreactor.**, *Scientific Reports*, 14, 4092 (2024), February 2024, DOI: 10.1038/s41598-024-54847-7.

6. Yu-Jing Zeng, Min-Kung Hsu, Chiao-An Tsai, Chun-Yen Chu, Hsing-Chieh Wu, Hsian-Yu Wang*, **A Senescence-Like Cellular Response Inhibits Bovine Ephemeral Fever Virus Proliferation.**, *Vaccines*, 9(6), 601, June 2021, DOI: 10.3390/vaccines9060601.
7. Wen-Jen Lin, Pei-Chun Shen, Hsiu-Cheng Liu, Yi-Chun Cho, Min-Kung Hsu, I-Chen Lin, Fang-Hsin Chen, Juan-Cheng Yang, Wen-Lung Ma, Wei-Chung Cheng*, **LipidSig: a web-based tool for lipidomic data analysis.**, *Nucleic Acid research*, May 2021, DOI: 10.1093/nar/gkab419.
8. Min-Kung Hsu, Hsuan-Yu Lin, Feng-Chi Chen*, **NMD Classifier: A reliable and systematic classification tool for nonsense-mediated decay events.**, *PLoS One*, April 2017, DOI: 10.1371/journal.pone.0174798. **Impact Factor: 3.23**
9. Hsian-Yu Wang, Min-Kung Hsu, Kai-Hsuan Wang, Ching-Ping Tseng, Feng-Chi Chen, John T-A Hsu*, **Non-small-cell lung cancer cells combat epidermal growth factor receptor tyrosine kinase inhibition through immediate adhesion-related responses.**, *OncoTargets and Therapy*, May 2016, DOI: 10.2147/OTT.S96341.
10. Ching-Feng Chiu, Yi-Wen Chang, Kuang-Tai Kuo, Yu-Shiuan Shen, Chien-Ying Liu, Yang-Hao Yu, Ching-Chia Cheng, Kang-Yun Lee, Feng-Chi Chen, Min-Kung Hsu, Tsang-Chih Kuo, Jui-Ti Ma, Jen-Liang Su*, **NF- κ B-driven suppression of FOXO3a contributes to EGFR mutation-independent gefitinib resistance.**, *Proceedings of the National Academy of Sciences*, April 2016, DOI: 10.1073/pnas.1522612113.
11. Min-Kung Hsu, Chia-Lin Pan, Feng-Chi Chen*, **Functional divergence and convergence between the transcript network and gene network in lung adenocarcinoma.**, *OncoTargets and Therapy*, January 2016, DOI: 10.2147/OTT.S94897.
12. Min-Kung Hsu, I-Ching Wu, Ching-Chia Cheng, Jen-Liang Su, Chang-Huain Hsieh, Yeong-Shin Lin, and Feng-Chi Chen*, **Triple-layer dissection of the lung adenocarcinoma transcriptome – regulation at the gene, transcript, and exon levels.**, *Oncotarget*, September 2015, DOI: 10.18632/oncotarget.4810.
13. Feng-Chi Chen*, Trees-Juen Chuang*, Hsuan-Yu Lin, Min-Kung Hsu, **The evolution of the coding exome of the Arabidopsis species – the influences of DNA methylation, relative exon position, and exon length.**, *BMC Evolutionary Biology*, January 2014, DOI: 10.1186/1471-2148-14-145.
14. Min-Kung Hsu, Feng-Chi Chen*, **Selective Constraint on the Upstream Open Reading Frames That Overlap with Coding Sequences in Animals.**, *PLoS One*, November 2012, DOI: 10.1371/journal.pone.0048413.

● 研討會論文

1. 錢易忻*、張豐儀、楊宇婕、陳忠義、徐敏恭，**哺乳類動物出現情況與地景組成之相關性研究-以墾丁香蕉灣為例**。113 年森林資源永續發展研討會。中華民國 113 年 10 月
2. Yan-Xin Lin, Hsian-Yu Wang*, Min-Kung Hsu*, **Optimization of Aptamer Screening Techniques with Deep Learning Methods.**, 2023 Annual Conference on Biotechnology and Healthcare, December 2023
3. Yen-Shin Lin, Chun-Yen Chu, Hsian-Yu Wang, Min-Kung Hsu*, **Hera: An Engineered Plasmids Annotation and Editing Online Tool for Gene Cloning.**, The 4th Taiwan Epigenomics Symposium and International Conference on Biotechnology and Healthcare, December 2022

● 專著及專書論文

1. 國立屏東科技大學生物統計小組，**生物統計學第六版(第 5 章和第 12 章)**，新文京開發出版股份有限公司，2024 年 9 月
2. 國立屏東科技大學生物統計小組，**生物統計學實習手冊第三版(第 4 章、第 6 章、第 8 章和第 11 章)**，新文京開發出版股份有限公司，2024 年 9 月
3. 徐敏恭，**探討選擇性剪切作為癌症生物標記之可能性**，國立交通大學生物科技學系博士論文，2017 年 12 月