



主管单位：中国科学院
主办单位：中国科学报社
学术顾问单位：
中国人体健康科技促进会
国内统一连续出版物号：CN11-0289

学术顾问委员会：(按姓氏笔画排序)

中国科学院院士 卞修武
中国工程院院士 丛 斌
中国工程院院士 吉训明
中国科学院院士 陆 林
中国工程院院士 张志愿
中国科学院院士 陈凯先
中国工程院院士 林东昕
中国科学院院士 饶子和
中国工程院院士 钟南山
中国科学院院士 赵继宗
中国工程院院士 徐兵河
中国科学院院士 葛均波
中国工程院院士 廖万清
中国科学院院士 滕皋军

编辑指导委员会：

主任：
赵 彦
夏岑灿

委员：(按姓氏笔画排序)

丁 佳	王 岳	王大宁	计红梅
王康友	朱 兰	朱 军	孙 宇
闫 洁	刘 鹏	祁小龙	安友仲
邢念增	肖 洁	谷庆隆	李建兴
张明伟	张思玮	沈根兴	张海澄
金昌晓	赵 越	赵 端	胡学庆
栾 杰	薛武军	魏 刚	

总编辑：张明伟

主编：魏 刚

执行主编：张思玮

排版：郭刚、蒋志海

校对：何工劳

印务：谷双双

发行：谷双双

地址：

北京市海淀区中关村南一条乙 3 号

邮编：100190

编辑部电话：010-62580821

发行电话：010-62580707

邮箱：ykb@stimes.cn

广告经营许可证：

京海工商广登字 20170236 号

印刷：廊坊市佳艺印务有限公司

地址：

河北省廊坊市安次区仇庄乡南辛庄村

定价：2.50 元

本报法律顾问：

郝建平 北京灏礼默律师事务所

院士之声

刘良：人工智能可缓解中医人才短缺问题

● 本报记者 朱汉斌



刘良

“中医药是我国具有原创优势的医疗与科技资源，开拓中医人工智能应用场景非常必要。在人工智能方面，我国中医药领域具有临床数据多、算力强大、算法创新等显著的国际竞争优势。”近日，中国工程院院士、中医药广东省实验室主任刘良在广东院士联合会召开的学习贯彻 2025 全省高质量发展大会精神座谈会上说。

近期，中国人工智能企业深度求索(DeepSeek)的技术突破引发全球关注，正在重塑人工智能发展范式。中医药广东省实验室自 2023 年底揭牌以来，基于千亿级中西医知识库和临床诊疗数据集，成功构建垂直领域大模型。

“我们近期将全面接入 DeepSeek，发布横琴大模型 2.0 版。”刘良表示，下一步，他们将建立专病数据库及资料库等私域数据库，对数据库在本地化部署的 DeepSeek 进行训练，通过知识蒸馏技术将大模型能力迁移至轻量化小模型，然后将小模型应用于数智诊间，提高医生诊疗的速率、效率及能力。DeepSeek 强大的推理能力适用于中医智能辅助诊疗系统，可以帮助医生快速且精准地进行辅助诊断。

刘良表示，人工智能可以助推优质

中医医疗下基层，助力建设广东省“百千万工程”。接入 DeepSeek 的好处是大模型转为小模型，如果都是大模型，需承担高昂的算力成本。将中医传统诊疗经验转化为可共享的数字化资源，有助于提升基层医疗机构的服务能力，使基层医生也能借助智能系统开出凝聚知名老中医智慧的“好处方”。这种技术转化不仅降低了使用成本，更重要的是缓解了中医人才短缺问题。

在他看来，人工智能是中医药现代化的利器。当大模型获取足够多的数据，针对特定疾病足够“垂直”时，大量新知识也会“自动”从模型中涌现。换言之，“喂”进去的数据都会变成人工智能“生长”的营养，经过训练后的大模型会更加聪明。他认为，整合多学科先进技术是实现中医药现代化的关键。中医药

是一套复杂的科学体系，尽管有较好的临床实践和疗效评价，但部分仍依赖于临床观察和经验总结，缺乏高级别循证医学证据的支撑。

“比如中医脉诊，在柔性传感器的加持下，脉诊信息也能实现图像化，当累积到一定数据时，就能对大人群的规律进行归纳与总结。未来，大模型有望形成一套涵盖疾病预防、诊断、治疗、药物选择、追踪等完整技术链条的系统，为临床医生提供一套科学诊疗建议。”刘良说。

据介绍，中医药广东省实验室筹备不到两年，目前第一期已启用，二期正在加快建设，预计面积将扩大到 6 万平方米。一方面，该实验室正在与澳门大学、澳门科技大学展开合作，探索横琴和澳门科技人才的共享共聘机制；另一方面，实验室将在澳门开设分中心，携手更多国际化、多学科背景人才参与中医药现代化研究。

刘良表示，中医药新药研发与产业转化是中医药广东省实验室的发力点。如今，实验室已打造全球首个“一站式、无人化”中医中药创制平台，从中药化学成分分离提取到药物活性测试，均可实现全流程智能化、自动化、数字化、工程化，大幅提高了研发效率。

生物学领域最大规模 AI 模型发布

本报讯 近日，美国弧形研究所、英伟达公司和美国斯坦福大学等机构的研究人员共同开发的人工智能(AI)生物学模型 Evo 2 正式发布。

美国弧形研究所在其官网发布公报称，在前一代模型 Evo 1 的基础上，Evo 2 已发展成为目前生物学领域规模最大的 AI 模型。Evo 2 基于超过 12.8 万个基因组数据的 9.3 万个核苷酸进行训练。这些模型使机器能够“用核苷酸语言来读、写和思考”，而核苷酸是脱氧核糖核酸(DNA)的基本组成单位。

据《自然》报道，在过去几年里，科学家开发了日益强大的“蛋白质语

言模型”，如美国互联网公司 Meta 开发的 ESM-3 模型。与这些模型不同，Evo 2 的训练数据既包含指导蛋白质合成的“编码序列”，也包含可调控基因活动时空特征的非编码 DNA。

为验证该模型解析复杂基因组的能力，美国弧形研究所的生物工程师 Patrick Hsu 团队使用 Evo 2 预测乳腺癌相关基因 BRCA1 中已知突变的影响。在相关测试中，Evo 2 在预测哪些突变是良性突变、哪些是潜在致病突变方面均达到 90% 以上的准确率。

“在判断编码区变异是否致病方面，其表现接近最佳生物 AI 模型，已达到顶尖水平。”Hsu 表示，Evo 2 有助于

识别患者基因组中难以解读的变异。

此外，该模型还可用于设计新的生物工具或治疗方法，且有助于节省大量用于细胞或动物实验的时间和研究资金，通过找到人类疾病的遗传原因加速新药研发。

公报强调称，考虑到潜在的伦理和安全风险，研究人员在 Evo 2 的基础数据集里已排除了感染人类和其他复杂生物的病原体，并确保该模型不会为这些病原体的相关查询提供有效答案。

(李木子)

医学 与 人工智能