

新 AI 模型可像人类一样“思考”

本报讯 一项近日发表于《自然》的研究报道了一款创新的人工智能(AI)系统——Centaur。它可以预测人们在各种情况下做出的决定,并且通常优于心理学经典理论做出的推测。

不同于谷歌 DeepMind 的 AlphaGo 等只能预测一个人就单一任务如何做出选择的 AI 系统,Centaur 可以模拟人类在一系列任务中的行为,包括记忆游戏和解决问题等。在测试过程中,Centaur 甚至能预测人们在未接受过训练的任务中的选择。创建该系统的团队认为,有一天它可能会成为认知科学领域有价值的工具。

“你基本可以在电子设备上运行实验,而无需真正的人类参与者。”该研究合著者、德国慕尼黑亥姆霍兹人类中心 AI 研究所的认知科学家 Marcel Binz 说,当传统研究速度太慢,或者很难招募到儿童或患有精神病的实验参



研究人员开发了一种可模拟人类决策的 AI 工具。图片来源:Jezperklauzen/Getty

与者时,这个 AI 工具可能很有用。

长期以来,科学家一直努力使用特定任务模型模拟人类的广泛行为,但有些工具很难推广应用于大量任务。Binz 和同事希望突破这一局限。他们花了 5 天时间,利用来自 160 个心理学实验的大量数据集,对美国 Meta 公司研发的大语言模型(LLM)——LLaMA

进行了微调。在这些心理学实验中,有 6 万人在各种任务中做出了超过 1000 万个选择。最终,研究人员研发出 Centaur。

研究人员测试了 Centaur 对未包含在训练数据集中的参与者的行为预测能力。结果显示,在 32 项任务中,除一项外,Centaur 在预测参与者将做出的选择

方面都优于 LLaMA 和其他 14 个认知与统计模型。唯一例外的是要参与者判断句子在语法上是否正确的任务。

在对接受训练的任务进行更改后,Centaur 的表现依然良好,甚至在与以往训练任务不同的任务,如逻辑推理中,它也表现不错。

尽管 Centaur 功能广泛,但研究人员表示,它仍然存在局限性。比如,它可以预测一个人在给定任务中可能做出的选择,但“无法预测他们需要多长时间”做出选择。

研究人员表示,他们正在将训练数据集扩展到现有数据集的 4 倍。目前许多数据来自西方受过教育的工业化人群,这可能会限制 Centaur 在不同人群中的应用程度。(徐锐)

相关论文信息:

<https://doi.org/10.1038/s41586-025-09215-4>

分子图谱揭示人体如何排斥猪器官

本报讯 近日一项研究为猪肾异种移植后的免疫反应提供了前所未有的见解。这标志着科学家在应对异种移植的最大挑战——人类免疫系统排斥反应方面迈出了重要一步。

利用尖端空间分子成像技术,研究人员绘制了人类免疫细胞与移植猪肾组织相互作用的分子图谱,揭示了排斥反应的关键早期标志物和潜在干预策略。这项由法国和美国科学家进行的研究,重点探索了可能创造异种移植未来的关键分子机制。

最令人瞩目的发现之一是,移植后,人类免疫细胞出现在猪肾过滤系统的每个部分。研究人员最早在移植后第 10 天就观察到抗体介导的排斥反应的早期分子迹象,并在第 33 天达到峰值。这进一步证实了先前的发现,即排斥反应会迅速开始,并随着时间推移而逐步发展。通过 61 天追踪免疫反应,研究团队确定了一个靶向治疗干预的关键窗口期。

“我们的研究提供了迄今最详尽的人类免疫系统如何与移植猪肾相互作用的分子图谱。”法国巴黎移植与器官再生研究所的 Valentin Goutaudier 解释说,“通过精准定位特定免疫细胞行为及基因表达,我们能够优化抗排斥治疗方案,提高移植器官存活率。”

该研究采用生物信息学方法区分人类免

疫细胞与猪结构细胞,从而精准构建了免疫浸润模式。值得注意的是,巨噬细胞和骨髓细胞在所有时间点上都是最常见的免疫细胞类型,进一步证实了它们在异种移植排斥中的关键介质作用。

在引入靶向治疗干预措施后,免疫介导的排斥反应迹象得到有效抑制。结合关于免疫细胞与猪肾组织相互作用的新见解,这标志着一项重大突破,为更精细的抗排斥策略铺平了道路。这些进展恰逢其时,因为美国 2025 年启动了将猪肾移植到活体人类受体的首次临床试验。

异种移植有望缓解全球器官短缺危机,这项研究朝转基因猪肾成为可行的长期解决方案的目标又进了一步。下一阶段,研究人员将重点优化抗排斥治疗,完善供体猪的基因改造,并制定监测和管理排斥反应的早期检测方案。

“在分子水平上理解特定的免疫相互作用,使我们能够制定出有针对性的干预措施,以便在排斥反应升级前进行预防。”Goutaudier 解释说,“这项研究为未来更安全、更有效的猪器官移植奠定了基础。”

随着科学进步加速,研究人员谨慎乐观地认为,基因改造猪肾有望在 10 年内成为常规移植选择。在此之前,科学家需要在不同患者群体中证明其安全性和有效性。(文乐乐)

本报讯 一项研究指出,呼吸道病毒能促使转移性乳腺癌细胞在乳腺癌小鼠模型的肺部增殖。这些发现得到了人类观察性数据的支持。该研究进一步阐释了传染病与癌症转移的关系。科学家在近日出版的《自然》上报告了这一研究成果。

乳腺癌是女性最常见的癌症。在初步缓解后,癌细胞可能会休眠数年,直到转移至肺等器官造成复发。病毒性呼吸道感染与炎症有关,可能会诱发转移并影响转移的过程。

新冠疫情头两年的癌症死亡率上升,使美国科罗拉多大学的 James DeGregori 和同事决定在小鼠模型中研究流感病毒和 SARS-CoV-2 感染对乳腺癌的影响。他们发现,这类感染会缩短乳腺癌细胞在肺部的休眠时间。这些细胞会在感染数日后增殖,并在两周内导致转移癌病灶扩大。作者发现,炎症通路参与了这一过程。

作者还研究了 SARS-CoV-2 检测阳性的癌症患者的癌症相关死亡风险是否会上升。他们分析了英国生物银行和“Flatiron 健康”的数据库。生物样本库组中发现了 SARS-CoV-2 感染与死亡风险的相关性;SARS-CoV-2 检测阳性患者的癌症相关死亡率是阴性患者的 2 倍。在 Flatiron 组,SARS-CoV-2 感染则与肺部转移性疾病风险增加 40%以上有关。

研究人员认为,这一发现揭示了呼吸道病毒感染可能会增加癌症复发风险,并强调应采取策略应对与呼吸道病毒感染相关的转移风险。(赵熙熙)

相关论文信息:

<https://doi.org/10.1038/s41586-025-09332-0>

呼吸道感染可能增加癌症转移风险