

健康研究相互矛盾? AI 出手“了断纷争”

● 本报记者 张双虎

“多吃盐”还是“少吃盐”? “胖一点好”还是“瘦一点好”? 某项锻炼是否有效……生活中,我们常听到关于饮食、运动和健康的各种“建议”。很多建议经过严谨的研究并发表,但结论却众说纷纭,甚至相互矛盾,让人无所适从。

近日,北京大学医学部助理教授杜建团队在《自然-通讯》发表论文,提出利用大语言模型(LLM)实现“证据三角测量”,从而高效、客观整合不同来源的研究结论,为处理医学证据矛盾问题、进行科学决策开辟了新路径。

研究方法不同带来结论差异

“很多严谨的科学研究出现相互矛盾的结论,是因为医学研究类型多样。”杜建告诉记者,“健康研究有很多方法,如观察性研究、随机对照试验、孟德尔随机化研究等。这些方法在设计原理、适用场景和论证强度上各有特点,往往造成研究结论存在差异。”

不同研究方法各有优势,但也有潜在偏差。比如,观察性研究以观察人群生活习惯和健康结果为主;随机对照试验严格控制变量进行试验;而孟德尔随机化研究则注重利用基因差异推断因果关系。

“如果不同研究设计得出的结论一致,那么结论可信度更高。”杜建解释,“这就是我们‘证据三角测量’的基本思想。”

AI 扮演“证据裁判”

证据三角测量的想法很好,但医学



图片来源:视觉中国

健康文献浩如烟海,依靠人工查找和总结文献,不仅耗时费力,还容易受研究者主观判断影响。

“以往,整合这些证据依赖研究人员手工检索和比对,需要大量阅读、筛选、记录不同类型的文献,不仅费时费力、效率低下,还容易受到研究者影响,缺乏可扩展的自动化方法。”论文作者、北京大学医学部博士生史轩宇说。

为此,研究团队设计出一套基于人工智能(AI)的两步流程。

首先,使用 LLM 自动从科学文献中识别出“暴露因素”(如高盐摄入)和“健康结局”(如血压变化),并判断它们之间的关系方向及其显著性。随后,系统对不同研究设计得到的证据进行一致性量化分析,自动计算出“证据收敛方向”和“收敛性水平”,以此评估各类研究是否指向同一结论。

研究团队以“盐摄入与健康结局”这一经典争议为例,从不同研究设计

中提取相关数据,并计算了证据收敛水平,即一系列数值或函数接近某个值或某个函数的过程。结果显示,多数证据指向“高盐摄入会升高血压”,且收敛性水平达到“强”这一等级;在盐摄入与心血管疾病及死亡风险的关系上,结果倾向于增加风险,但收敛性相对较弱。

“这说明在‘盐与血压的关系’上,观察性研究、随机对照试验和孟德尔随机化研究结果高度一致,均支持‘高盐升高血压’。但在盐与心血管疾病或死亡风险的关系上,不同研究类型的结论一致性较低,目前仍有争议,需开展更多研究。”杜建说。

该方法能在几分钟内自动化处理成千上万篇文献,并实现证据图谱的动态更新。这不仅摆脱了传统 Meta 分析对同类研究的依赖,还能整合不同来源的研究证据,从“结论方向”收敛性随时间动态变化的角度,增进人们对某问题的整体理解。Meta 分析是比较和针对同一科学问题研究结果的统计学方

法,常用于医学、心理学、教育学领域。

为解决健康领域“纷争”提供新工具

“该研究的优势不仅在于效率提升,更在于其系统性和透明度。”论文作者、北京大学医学部博士后赵文静说,它能帮助科研人员更清晰地识别相关研究,当观察性研究与随机对照试验结论一致时,因果关系更为可靠;而当各类研究出现分歧,则提示某些研究可能存在偏差或混杂因素,这也为后续研究指明了方向。

该方法适用于多个现实场景,如辅助临床指南制定、支持公共卫生决策、提高科普宣传的准确性,甚至帮助研究人员快速定位争议焦点,优化研究设计。

“面对相互矛盾的健康信息时,我们不应盲从某项单一类型的研究,而应关注其背后是否有多重方法、多角度验证的证据支持。随着 AI 技术在证据整合中的深入应用,一个更加高效、稳健的科学证据分析体系正在形成。”杜建说,“这为解决健康领域长期存在的研究结论冲突,科学规划新的研究,进而减少研究浪费等提供了新工具。”

“这项研究设计非常巧妙,通过证据三角解决循证医学面临的实践痛点,对循证医学的理论发展有非常积极的意义。”海军军医大学第三附属医院概念验证(成果转化)中心主任徐畅说。

相关论文信息:<https://doi.org/10.1038/s41467-025-62783-x>

研究人员发现具备高度种属特异性的抗菌蛋白

本报讯 南方科技大学副教授傅畅团队在 VI 型分泌系统(T6SS)抗菌效应蛋白(以下简称抗菌蛋白)介导微生物竞争机制研究领域取得进展,发现了具备高度种属特异性的 T6SS 抗菌蛋白 TseVs。相关成果近日以封面文章形式发表于《细胞-宿主与微生物》。

弧菌属细菌广泛存在于海洋及河口三角洲环境,包括大量环境致病菌和高毒性致病菌,与人类健康和食品工业安全息息相关。随着抗生素耐药问题日益严峻,急需新的抗菌机制和技术研究解

决耐药和无药可用的问题。

为此,研究团队另辟蹊径,从物种竞争角度出发,对自然生态域分离得到的霍乱弧菌无害环境菌株进行研究。他们发现,部分无害环境菌株具备活跃的 T6SS,并携带一种弧菌种属特异性抗菌蛋白 TseVs。这种蛋白依赖于细菌 T6SS 进行跨膜递送,进入敏感弧菌细胞中产生显著杀菌效果,且在宿主体内和自然环境中均可实现对敏感弧菌的高效清除。

TseVs 蛋白通过其富含“甘氨酸拉

链”结构的跨膜螺旋区,在弧菌属细菌细胞内、外膜上形成二聚体并打出跨膜孔道,这些孔道允许钠离子进入和钾离子外泄,从而特异性破坏了敏感弧菌的胞膜离子稳态,进而干扰能量供应系统导致细胞死亡。而非弧菌属的细菌能依靠自身膜电势系统回补 TseVs 蛋白孔道产生的离子稳态失衡,从而为自己提供保护且不依赖 TseVs 特异性免疫蛋白 TsiVs 的保护。

生物信息学分析显示 TseVs 蛋白基因主要分布于无害环境弧菌中,并在全

球多地生态样本中呈显著进化扩张趋势,揭示了该蛋白在细菌种群竞争中发挥重要的功能。

该研究拓展了人们对 T6SS 介导微生物竞争机制的认知,并为精准抗菌策略提供了理想范式。TseVs 具备物种选择性强、杀伤效率高、不易产生耐药性、不易通过水平基因重组转移等多重优势,有望成为合成生物学中可工程化的抗菌模块。

(刁雯蕙)

相关论文信息:<https://doi.org/10.1016/j.chom.2025.06.001>