Emergencja w medycynie: AI i cyfrowe bliźniaki w świetle koncepcji Boba Burgina

AUTOR

Fundacja Dobre Państwo

STRESZCZENIE / ABSTRACT

Artykuł analizuje rolę sztucznej inteligencji w medycynie jako narzędzia do zarządzania systemami o wysokim stopniu emergencji. Autor wskazuje, że choć przełomy takie jak AlphaFold rewolucjonizują przewidywanie struktur białek, przejście od poziomu molekularnego do skutecznej terapii klinicznej wymaga uwzględnienia wielopoziomowej organizacji organizmu. Tekst podkreśla, że medycyna precyzyjna nie opiera się jedynie na danych genetycznych, lecz na integracji tzw. wieloomiki (proteomiki, metabolo miki i innych), co pozwala tworzyć bardziej wiarygodne modele cyfrowe pacjenta. AI staje się tu niezbędnym narzędziem do syntezy nadmiaru informacji w konkretne decyzje terapeutyczne, przy jednoczesnym zachowaniu świadomości ograniczeń modeli obliczeniowych względem fizycznej złożoności biologicznej.

The article analyzes the role of artificial intelligence in medicine as a tool for managing systems with a high degree of emergence. The author points out that while breakthroughs such as AlphaFold revolutionize protein structure prediction, moving from the molecular level to effective clinical therapy requires considering the multi-level organization of the organism. The text emphasizes that precision medicine is not based solely on genetic data, but on the integration of so-called multi-omics (proteomics, metabolomics, and others), which allows for the creation of more reliable digital models of the patient. AI becomes an indispensable tool here for synthesizing an excess of information into specific therapeutic decisions, while maintaining awareness of the limitations of computational models relative to physical biological complexity.

Artykuł analizuje transformację medycyny w erze sztucznej inteligencji, stawiając tezę, że rzeczywista wartość AI nie tkwi w wynikach benchmarków czy precyzji pojedynczych

modeli, lecz wyłania się (emerguje) z ich integracji w złożony system człowiek-maszyna-pacjent. Autor argumentuje, że przejście od sukcesów molekularnych, takich jak AlphaFold, do skutecznej praktyki klinicznej wymaga pokonania luki między predykcją a działaniem; model może bezbłędnie przewidzieć strukturę białka lub zdiagnozować chorobę, ale nie zastąpi on procesu terapeutycznego, który musi uwzględniać biologiczną zmienność organizmu oraz indywidualne wartości pacjenta. Kluczowym wyzwaniem staje się zatem stworzenie hybrydowego systemu poznawczego, w którym AI pełni rolę dynamicznej hipotezy (np. poprzez cyfrowe bliźniaki), a lekarz ewoluuje z roli analityka danych w nadzorcę architektury leczenia. Ostatecznie tekst wskazuje, że automatyzacja medycyny jest jedynie zapowiedzią głębszej reorganizacji społecznej, w której sprawczość maszyn wymusza przedefiniowanie pojęć odpowiedzialności, pracy i ludzkiej autonomii.

SŁOWA KLUCZOWE

emergencja w medycynie | cyfrowe bliźniaki | digital twins | AlphaFold | medycyna precyzyjna | modele kontrfaktyczne | automation bias | wieloomika | wnioskowanie przyczynowe | systemy hybrydowe człowiek-AI | walidacja interwencji klinicznej | epistemiczny dług | predictive processing | biologia obliczeniowa

AI w medycynie: od analizy danych do decyzji klinicznej

Medycyna na granicy wiedzy i działania: AlphaFold, pacjent cyfrowy, AI kliniczna i nowa epistemologia leczenia

Medycyna jest szczególnie wymagającym polem badania emergencji, gdyż skupiają się w niej wszystkie dotychczas analizowane problemy: wielopoziomowa organizacja biologiczna, niepełna obserwowalność, historyczność systemu, indywidualna zmienność, predykcja przyszłych stanów, działanie pod presją czasu oraz konieczność podejmowania decyzji w warunkach niepewności. Organizm chorego nie przypomina urządzenia, w którym awaria pojedynczej części zawsze wywołuje jeden identyfikowalny skutek. Ta sama mutacja może mieć odmienne konsekwencje u różnych osób, podobne objawy mogą wynikać z różnych procesów, a interwencja korzystna dla jednego pacjenta może okazać się nieskuteczna lub szkodliwa dla drugiego. Leczenie jest od dawna

praktyką zarządzania systemem, którego pełnego stanu lekarz nigdy nie zna. Sztuczna inteligencja tej niepewności nie tworzy.

Zwiększa ona natomiast radykalnie liczbę zmiennych, które możemy jednocześnie analizować, oraz liczbę potencjalnych interwencji poddanych porównaniu. W jednym ciągu spotykamy tu AlphaFold, proteomikę, medycynę spersonalizowaną i projektowanie terapii nowotworowych, co przedstawia biologię jako system coraz bardziej dostępny dla analizy informacyjnej. W poprzedniej części konieczne było jednak ograniczenie najsilniejszej wersji tego twierdzenia: biologia nie jest "w gruncie rzeczy kodem", jeżeli przez kod rozumiemy abstrakcyjny zapis odrywający się od fizyki organizmu. Jednocześnie trudno przecenić zmianę, jaka następuje, gdy poziomy molekularne, obrazowe, kliniczne i populacyjne mogą zostać reprezentowane cyfrowo i analizowane za pomocą modeli zdolnych do wyszukiwania zależności niewidocznych dla pojedynczego badacza. Medycyna wkracza w epokę, w której problemem przestaje być wyłącznie niedobór danych; coraz częściej staje się nim przekucie nadmiaru informacji w wiarygodną decyzję dotyczącą konkretnej osoby.

AlphaFold jest przykładem spektakularnym właśnie dlatego, że obrazuje zarówno potęgę, jak i ograniczenia tej przemiany. Sukces systemu w przewidywaniu struktur białek wykazał, że odpowiednio trenowany model potrafi wydobyć z wielkich zbiorów danych strukturę problemu, którego ręczne rozwiązanie pozostawało praktycznie nieosiągalne. Nagroda Nobla w dziedzinie chemii w 2024 roku przyznana Demisowi Hassabisowi i Johnowi Jumperowi za przewidywanie struktur białkowych oraz Davidowi Bakerowi za obliczeniowe projektowanie białek symbolicznie potwierdziła, że uczenie maszynowe stało się narzędziem nie tylko pomocniczym wobec biologii, lecz zdolnym współtworzyć jej podstawowy warsztat poznawczy. Nie oznacza to jednak, że rozwiązanie problemu struktury białka automatycznie rozwiązuje problem leku. Przegląd Nature Reviews Drug Discovery z sierpnia 2026 roku podkreśla, że wysoka trafność AlphaFold2 w zakresie fałdowania nie przekłada się wprost na analogiczną skuteczność w wirtualnym screeningu kandydatów na leki; w części badań struktury przewidywane przez AlphaFold dawały rezultaty porównywalne z wcześniejszymi modelami homologii, a nawet nowsze metody współmodelowania oddziaływań mają trudności z pełnym odwzorowaniem fizyki wiązania.

Ta różnica ma kluczowe znaczenie. Przewidzieć strukturę to nie to samo, co przewidzieć działanie organizmu. Białko funkcjonuje w środowisku komórkowym, ulega zmianom konformacyjnym i modyfikacjom potranslacyjnym, oddziałuje z innymi cząsteczkami i uczestniczy w sieciach regulacyjnych. Kandydat na lek musi dodatkowo dotrzeć do odpowiedniego miejsca, przetrwać metabolizm, uzyskać właściwe stężenie, nie wykazywać niedopuszczalnej toksyczności oraz przynieść pacjentowi klinicznie istotną korzyść.

Im dalej przesuwamy się od przestrzennej struktury molekuły ku całemu organizmowi, tym więcej poziomów emergentnej organizacji włącza się do problemu. Sukces na poziomie molekularnym nie jest zatem nieistotny; jest jednym przęsłem mostu, którego pozostałe części nadal wymagają biologii eksperymentalnej i badań klinicznych. Właśnie dlatego przejście od AI molekularnej do medycyny precyzyjnej nie polega jedynie na zwiększeniu liczby danych genetycznych. Genom jest ważny, lecz człowiek nie jest realizacją jednej sekwencji DNA odczytywanej niezależnie od czasu. Transkryptom zmienia się wraz z aktywnością komórek, proteom odzwierciedla dalsze poziomy regulacji, metabolom opisuje chwilowy stan procesów metabolicznych, epigenom rejestruje część regulacyjnej historii komórek, mikrobiom tworzy własny zmienny ekosystem, a obrazowanie, wyniki laboratoryjne, farmakoterapia, styl życia i dane fizjologiczne dostarczają kolejnych wymiarów.

Wieloomika nie jest więc po prostu "większym genomem", lecz próbą obserwowania organizmu w wielu skalach jednocześnie. AI wydaje się naturalnym narzędziem takiej integracji, ponieważ człowiek nie jest zdolny świadomie porównywać milionów wzajemnie zależnych zmiennych dla każdego pacjenta. Jednak możliwość obliczeniowego przetworzenia wielowymiarowego zbioru nie usuwa podstawowego problemu medycznego: korelacja nie jest jeszcze mechanizmem ani przyczyną. Model może odkryć biomarker silnie związany z wynikiem klinicznym, a mimo to interwencja zmieniająca ten marker może nie poprawić stanu pacjenta, jeżeli jest on jedynie skutkiem procesu przyczynowego, a nie jego ogniwem. Wysoka skuteczność predykcyjna i wiedza o tym, co należy zmienić, są dwoma różnymi osiągnięciami. Ta różnica pozwala uporządkować cztery poziomy, które współczesny entuzjazm wobec AI medycznej często ze sobą miesza.

Rozróżnienie między predykcją modelu a skutecznością interwencji klinicznej

Pierwszym poziomem jest predykcja: kto prawdopodobnie zachoruje, u kogo wystąpi powikłanie i jaki będzie przebieg choroby. Drugim – diagnoza lub klasyfikacja, czyli określenie stanu, który najlepiej wyjaśnia obserwowane dane. Trzecim jest wnioskowanie przyczynowe: wskazanie procesów, które rzeczywiście współtworzą stan chorobowy. Czwartym zaś decyzja terapeutyczna: wybór interwencji, która w przypadku konkretnej osoby przyniesie najkorzystniejszy stosunek korzyści do ryzyka.

Model może być doskonały na jednym poziomie, a zawodny na kolejnym, podczas gdy lekarz musi ostatecznie operować właśnie na poziomie czwartym. Medycyna zna zresztą skuteczne terapie, których pełny mechanizm poznano dopiero długo po odkryciu ich efektywności. Nie istnieje więc

epistemologiczna zasada nakazująca odmowę leczenia do czasu wyjaśnienia każdego ogniwa mechanizmu. Randomizowane badanie kliniczne może wykazać efekt terapeutyczny wcześniej, niż kompletna teoria biologiczna pozwoli go zrozumieć. AI nie tworzy zatem precedensu „działania bez pełnego rozumienia", lecz zmienia skalę tego zjawiska. Możliwe staje się odkrywanie wzorców i kandydatów terapeutycznych za pomocą modeli tak złożonych, że nawet ich twórcy nie są w stanie przełożyć całego procesu predykcyjnego na krótkie wyjaśnienie mechanistyczne.

W takim przypadku należy rozróżnić wyjaśnialność modelu od walidacji interwencji. Lek nie staje się skuteczny dlatego, że model potrafi przekonująco uzasadnić jego działanie. Podobnie model nie zyskuje klinicznego bezpieczeństwa tylko dlatego, że generuje czytelne argumenty. Możemy mieć do czynienia z modelem dobrze wyjaśnialnym, lecz błędnym, albo ze skuteczną predykcją opartą na reprezentacjach trudnych do interpretacji. W medycynie ostatecznym testem nie może być estetyka uzasadnienia, lecz kombinacja trafności, kalibracji, zewnętrznej walidacji i bezpieczeństwa, a także porównanie z istniejącą praktyką oraz – gdy system wpływa na leczenie – realne wyniki kliniczne.

Ten ostatni poziom nabiera szczególnego znaczenia w kontekście generatywnej AI. Modele językowe osiągają wysokie wyniki w egzaminach medycznych, odpowiadają na pytania diagnostyczne i analizują opisy przypadków. Jednak benchmark nie jest pacjentem. W badaniu opublikowanym w Nature Medicine w czerwcu 2026 roku przeprowadzono pragmatyczne, klastrowo randomizowane badanie systemu generatywnego wspierania decyzji klinicznych w 16 placówkach podstawowej opieki zdrowotnej w Kenii, obejmujące ponad dziewięć tysięcy pacjentów oraz 103 klinicystów.

Wartość kliniczna wyłania się z interakcji, nie z modelu

W grupie wspieranej przez LLM nie odnotowano statystycznie istotnego zmniejszenia głównego punktu końcowego – liczby niepowodzeń leczenia w ciągu 14 dni – względem grupy kontrolnej; jednocześnie nie zidentyfikowano sygnałów poważnego zagrożenia bezpieczeństwa. Autorzy skonkludowali, że interwencja była bezpieczna w badanych warunkach, choć ewentualna poprawa wyników klinicznych pozostała prawdopodobnie niewielka. Wynik ten jest metodologicznie bezcenny, ponieważ nie jest ani triumfem, ani kompromitacją AI.

Obnaża on różnicę między kompetencją laboratoryjną a wartością kliniczną. Model może sprawnie rozwiązywać zadania testowe, lecz jego włączenie do realnego procesu leczenia nie musi znacząco zmieniać końcowego wyniku pacjenta. Przyczyn może być wiele: lekarze mogą radzić sobie dobrze już bez wsparcia AI, rekomendacje mogą być wykorzystywane wybiórczo, wąskim gardłem systemu ochrony zdrowia może być dostępność terapii, a nie jakość diagnozy, lub dodatkowa informacja po

prostu nie zmienia zachowania klinicysty. Przypomina to wcześniejszą analizę emergencji: właściwości pojedynczego komponentu nie pozwalają automatycznie przewidzieć cech systemu, w którym zostanie on osadzony. Dlatego jednostką oceny medycznej AI nie powinien być wyłącznie model, lecz układ model-lekarz-pacjent-organizacja-środowisko kliniczne. Ten sam system może poprawiać wyniki początkujących lekarzy, pozostać neutralny dla ekspertów, prowokować nadmierne poleganie na rekomendacji w jednej kulturze organizacyjnej, a w innej służyć głównie jako narzędzie dokumentacyjne. Mamy tu do czynienia z efektem emergentnym na poziomie zespołu człowiek-AI: jego jakość nie jest prostą średnią sprawności człowieka i modelu. To stwierdzenie niesie konkretną konsekwencję praktyczną.

Pytanie „czy AI jest lepsza od lekarza?" jest w wielu przypadkach źle postawione. Znacznie istotniejsze wydaje się pytanie: w jakiej konfiguracji człowiek i AI wspólnie podejmują decyzję lepszą, niż zrobiłoby to każde z nich osobno? AI może wykazywać biegłość w wykrywaniu subtelnych wzorców w obrazowaniu, agregowaniu ogromnej literatury czy generowaniu szerokiej diagnostyki różnicowej. Człowiek natomiast dysponuje lepszą znajomością kontekstu pacjenta, odczytuje sygnały niewerbalne, rozumie wartości i priorytety chorego oraz dostrzega społeczne konsekwencje danej decyzji. Jednocześnie człowiek ulega zmęczeniu, efektowi zakotwiczenia czy dostępności, podczas gdy AI jest podatna na błędy dystrybucyjne, halucynacje i niejawne stronniczości danych. Pojawia się zatem problem automation bias. Rekomendacja maszyny może być błędna nie tylko z powodu pomyłki samego algorytmu, lecz dlatego, że jego pozorna pewność modyfikuje zachowanie człowieka. Lekarz, który samodzielnie zakwestionowałby nietypową diagnozę, może zaakceptować ją, jeśli zostanie ona przedstawiona jako autorytatywnie brzmiąca sugestia. Z drugiej strony system może przeciwdziałać błędom lekarza, przypominając o rzadkiej możliwości diagnostycznej lub wskazując brakujące badanie.

Jakość zespołu zależy więc od alokacji zaufania. Idealny klinicysta nie powinien ani bezkrytycznie wierzyć AI, ani automatycznie jej ignorować. Musi wiedzieć, kiedy system jest prawdopodobnie kompetentny, a kiedy wykracza poza obszar swojej wiarygodności. Jest to problem metapoznawczy, analogiczny do tego, który analizowaliśmy w przypadku samego modelu. W medycynie samo uzyskanie odpowiedzi nie wystarcza; system powinien rzetelnie reprezentować niepewność swojego wyniku. Model, który w dwóch równie niejednoznacznych przypadkach generuje dwie równie stanowcze rekomendacje, jest klinicznie bardziej niebezpieczny niż taki, który potrafi zasygnalizować, że dany przypadek leży daleko poza typowym rozkładem danych. Kalibracja staje się więc równie istotna co czysta dokładność. W opiece nad pacjentem świadomość „nie wiem" może mieć większą wartość niż wysoko prawdopodobna, lecz źle skalibrowana odpowiedź.

Właśnie z tego powodu generatywność tworzy odmienny problem regulacyjny niż klasyczny algorytm diagnostyczny. Tradycyjny model dostarcza dobrze określonego wyniku – na przykład prawdopodobieństwa wystąpienia konkretnej zmiany. LLM generuje natomiast otwartą wypowiedź, zależną od promptu, kontekstu, kolejności informacji i wersji modelu; jego zachowanie może ulec zmianie po każdej aktualizacji.

Amerykańska FDA w sierpniu 2026 roku otworzyła publiczną dyskusję nad podejściem regulacyjnym do urządzeń medycznych wykorzystujących generatywną AI, wskazując m.in. na potrzebę rygorystycznego testowania przedrynkowego, oceny ryzyka i monitorowania systemów po wdrożeniu. Sam fakt tworzenia odrębnych ram prawnych pokazuje, że regulator przestaje traktować modele generatywne jak statyczne oprogramowanie o ustalonym zachowaniu, a zaczyna postrzegać je jako szczególną klasę systemów wymagających nadzoru w całym cyklu życia. Podobną ostrożność reprezentuje WHO.

Przewaga modeli kontrfaktycznych nad benchmarkami w medycynie

Wytyczne dotyczące dużych modeli multimodalnych w medycynie wskazują na szeroki wachlarz zastosowań — od diagnostyki i opieki nad pacjentem, przez edukację i badania naukowe, aż po rozwój leków. Jednocześnie ostrzegają przed ryzykiem związanym z generowaniem fałszywych lub niepełnych twierdzeń, stronniczością danych, automation bias oraz kwestiami bezpieczeństwa. Medycyna jest zatem dziedziną, w której zachwyt nad generalizacją modelu musi zostać podporządkowany znacznie starszej zasadzie: primum non nocere nie może być zastąpione przez "benchmark wygląda obiecująco". Jeszcze bardziej radykalną formę personalizacji reprezentują digital twins — cyfrowe bliźniaki pacjentów, narządów lub procesów fizjologicznych. Termin ten łatwo budzi wyobrażenie doskonałej cyfrowej kopii człowieka, którą można poddać tysiącom eksperymentalnych terapii przed wyborem jednej dla biologicznego oryginału. W rzeczywistości współczesne medyczne digital twins są modelami o różnym stopniu szczegółowości; łączą one dane pacjenta z wiedzą mechanistyczną lub statystyczną, aby przewidywać określony zakres zachowań. Przegląd Nature Reviews Methods Primers z 2026 roku podkreśla, że szerokie zastosowanie cyfrowych bliźniaków w biomedycynie jest wciąż w fazie rozwoju, a ich wiarygodność zależy m.in. od sposobu integracji modeli mechanistycznych z danymi oraz zdolności do uwzględnienia zmienności człowieka. Cyfrowy bliźniak powinien być zatem rozumiany przede wszystkim jako model kontrfaktyczny. Interesujące pytanie brzmi nie tylko: „co dzieje się z pacjentem?”, lecz

raczej: „co prawdopodobnie stałoby się z tym pacjentem, gdybyśmy zastosowali interwencję A zamiast B?”.

Cyfrowy bliźniak jako dynamiczna hipoteza organizmu

To zadanie znacznie bardziej wymagające niż zwykła klasyfikacja. Wymaga oddzielenia korelacji od rzeczywistego efektu terapii, modelowania czasu oraz nieustannej aktualizacji modelu w miarę napływu nowych danych. W swojej najbardziej ambitnej postaci digital twin staje się dynamiczną hipotezą o organizmie, którą kolejne obserwacje stale korygują. W maju 2026 roku Nature Medicine opisywało wykorzystanie multimodalnych danych z setek płuc poddanych perfuzji ex vivo do tworzenia cyfrowych bliźniaków modelujących funkcjonowanie narządu i jego odpowiedź terapeutyczną. Zwracano przy tym uwagę, że rozwój takich systemów ogranicza trudność pozyskiwania i integrowania danych na poziomach od molekularnego po kliniczny. To przykład problemu, który przewija się przez cały artykuł: nie wystarczy posiadać dużej liczby danych; trzeba umieć przejść między poziomami organizacji.

Digital twins zaczynają zmieniać także metodologię badań nad lekami. W kwietniu 2026 roku autorzy komentarza w Nature Medicine analizowali rosnącą rolę cyfrowych bliźniaków i badań in silico w rozwoju farmaceutyków, podkreślając potencjał do uzupełniania klasycznych eksperymentów, ale i konieczność ustalenia standardów regulacyjnych oraz publicznej kontroli ich wiarygodności. W przyszłości część grup kontrolnych może być wspomagana danymi syntetycznymi lub modelami historii naturalnej choroby, a symulacje pozwolą zawęzić przestrzeń terapii wymagających kosztownych badań na ludziach. Nie oznacza to jednak zastąpienia biologicznego pacjenta przez symulację. Model jest użyteczny tylko tak długo, jak pozostaje wiarygodnym odwzorowaniem tych aspektów rzeczywistości, które mają znaczenie dla konkretnego pytania badawczego. Tu powraca pojęcie emergencji modelu pacjenta.

Nie istnieje pojedynczy „plik”, w którym zawierałby się człowiek. Genom nie jest człowiekiem, rezonans magnetyczny nie jest mózgiem, historia choroby nie jest organizmem, a elektroniczna dokumentacja nie jest biografią biologiczną. Dopiero integracja wielu strumieni danych pozwala rekonstruować dynamiczny stan systemu. Co więcej, model musi posiadać historię. Pacjent z identycznym dzisiejszym poziomem glukozy może wymagać zupełnie innej interpretacji w zależności od dziesięcioletniej trajektorii choroby, przyjmowanych leków, masy ciała, przebytych ciąż, innych schorzeń czy niedawnych zdarzeń.

Medycyna precyzyjna jest z natury temporalna. Zbliża to ją do centralnego tematu artykułu: pamięć nie jest magazynem faktów, lecz warunkiem zrozumienia obecnego stanu. Lekarz stawia diagnozę

w oparciu nie tylko o to, jaki pacjent jest, ale jak stał się taki, jaki jest. Cyfrowy model człowieka również musi odróżniać chwilową wartość od trajektorii. Choroba przewlekła, odpowiedź na lek czy starzenie są procesami; organizm jest systemem historycznym. Właśnie dzięki temu digital twin może stać się czymś więcej niż statycznym avatarem. W idealnej postaci jest modelem aktualizowanym, którego przewidywania konfrontuje się z kolejnymi pomiarami. Jeśli prognoza rozmija się z obserwowanym stanem pacjenta, model wymaga korekty. Powraca schemat predictive processing: model generuje przewidywania, rzeczywistość dostarcza błędu, a błąd wymusza aktualizację. Różnica polega na tym, że „mózgiem" systemu staje się socjotechniczna infrastruktura diagnostyczna, a obiektem modelowania – żywy człowiek. Pojawia się jednak zasadnicza asymetria.

Organizm aktualizuje się sam w toku życia. Jego digital twin robi to tylko wtedy, gdy otrzyma odpowiednie dane. Każde niewykonane badanie, błędny sensor czy brak informacji o leku i zmianie zachowania powoduje rozjazd pomiędzy systemem a jego reprezentacją. Im silniej decyzje medyczne będą zależeć od cyfrowego obrazu, tym ważniejszy stanie się problem epistemicznego długu: nieaktualny lub niepełny model może sprawiać wrażenie znacznie bardziej precyzyjnego, niż jest w rzeczywistości.

Podobny problem dotyczy danych populacyjnych. Model może być znakomity dla grupy, na której go trenowano, a wyraźnie słabszy dla innej. Multimodalność sama w sobie nie usuwa nierówności; może wręcz multiplikować stronniczość, jeśli różne modalności są systematycznie mniej dostępne dla części pacjentów. Systematyczny przegląd z lipca 2026 roku dotyczący multimodalnych modeli uczenia maszynowego we wspomaganiu decyzji klinicznych wykazał, że kwestie fairness nadal są rzadko oceniane. Precyzyjna medycyna może więc paradoksalnie stać się nieprecyzyjna społecznie, jeśli bogata personalizacja obejmie głównie pacjentów dysponujących najpełniejszymi danymi. W tym miejscu należy dokonać kolejnego rozróżnienia: personalizacja nie oznacza pewności. Model n=1 może wydawać się przeciwieństwem statystycznej medycyny populacyjnej, lecz w istocie personalizacja jest możliwa dlatego, że indywidualny pacjent jest porównywany z ogromnym zasobem wcześniejszych obserwacji, a następnie informacje te są ważone przez jego specyficzne cechy. Cyfrowy bliźniak nie przewiduje przyszłości z metafizyczną dokładnością – generuje lepiej dopasowany rozkład możliwości. Ma to również wymiar etyczny: jeśli model wskazuje na 80-procentowe szanse na określone powikłanie, nie oznacza to, że pacjent „jest w 80 procentach skazany".

Predykcja staje się działaniem, a błąd reprezentacji zdarzeniem fizycznym

Wynik zmienia decyzję człowieka, decyzja modyfikuje zachowanie, a to z kolei może odmienić przewidywaną przyszłość. Medyczna prognoza ma często charakter refleksyjny: sama wiedza o ryzyku staje się w systemie nową przyczyną. Pacjent zaczyna przyjmować lek, lekarz zwiększa częstotliwość kontroli, a system ubezpieczeniowy kwalifikuje chorego do programu prewencji.

Model zmienia świat, który próbował przewidzieć. W tym punkcie system medyczny różni się od modelu pogody. Prognoza deszczu nie wpływa na trajektorię atmosfery, natomiast prognoza zawału może zmienić trajektorię pacjenta. Im skuteczniejsza staje się medyczna AI, tym silniej jej predykcja uczestniczy w kreowaniu rzeczywistości klinicznej. Powstaje pętla: dane tworzą model, model wpływa na decyzję, decyzja zmienia pacjenta, a zmieniony pacjent generuje nowe dane. Medycyna wspomagana przez AI staje się zatem systemem adaptacyjnym i refleksyjnym, a nie wyłącznie fabryką przewidywań.

Zwiększa to znaczenie badań prospektywnych. Retrospektywnie można wykazać, że algorytm znakomicie przewiduje wynik w istniejącym zbiorze danych. Po wdrożeniu klinicznym wynik algorytmu zaczyna jednak wpływać na zachowanie lekarzy i tym samym na przyszłe dane. Model może niszczyć własne wcześniejsze regularności, jeśli zapobiega zdarzeniom, które przewidywał. Jest to pożądany efekt kliniczny, lecz problem metodologiczny dla dalszego trenowania. System działający w świecie zmienia rozkład danych, na którym sam będzie później oceniany.

W takim środowisku klasyczne pojęcie „zatwierdzonego modelu” może okazać się niewystarczające. Model statyczny można zwalidować w określonej wersji, jednak system aktualizujący się wymaga ciągłego nadzoru. FDA, otwierając w 2026 roku dyskusję nad generatywną AI w urządzeniach medycznych, wskazuje właśnie na konieczność monitorowania produktu po wprowadzeniu go na rynek. Granica między badaniem przedwdrożeniowym a obserwacją po wdrożeniu staje się przez to mniej wyraźna.

Prowadzi to do problemu odpowiedzialności. Jeśli lekarz korzysta z rekomendacji systemu, kto odpowiada za błąd? Lekarz, który zaakceptował sugestię? Szpital, który wdrożył narzędzie? Producent modelu, twórca zbioru danych czy dostawca aplikacji modyfikującej wynik? Pytanie staje się jeszcze trudniejsze, gdy system generatywny otrzymuje nowe wersje, korzysta z zewnętrznych narzędzi i dynamicznie integruje dane z dokumentacją pacjenta. Klasyczny model odpowiedzialności, w którym produkt posiada stałą funkcję i możliwą do określenia wadę, zostaje wystawiony na próbę przez system zależny od kontekstu.

Nie oznacza to jednak, że odpowiedzialność „rozmywa się" i znika. Wręcz przeciwnie: im mniej przejrzyste stają się pojedyncze decyzje, tym bardziej niezbędna jest odpowiedzialność architektoniczna. Kto wybrał model? Do jakich decyzji został dopuszczony? Jak zweryfikowano jego działanie w konkretnej populacji? Czy użytkownik widzi stopień niepewności? Czy system potrafi eskalować nietypowy przypadek do człowieka? Czy istnieje zapis wejścia, odpowiedzi i późniejszej decyzji? Jak monitoruje się zmianę skuteczności w czasie?

Odpowiedzialność przesuwa się zatem z poszukiwania jednej osoby, która „popełniła błąd", ku projektowaniu systemu utrudniającego jego powstanie i umożliwiającego późniejszą rekonstrukcję. Można tu nakreślić skalę autonomii medycznej. Na najniższym poziomie AI porządkuje dokumentację, nie podejmując decyzji klinicznych. Dalej może podsumowywać dane i przypominać wytyczne, a następnie generować diagnostykę różnicową i rekomendacje. Jeszcze dalej – wybierać badania, monitorować leczenie, modyfikować dawkę w ustalonym zakresie lub sterować zamkniętym obiegiem urządzenia. Na najwyższym poziomie pojawia się hipotetyczny autonomiczny system terapeutyczny, który samodzielnie obserwuje pacjenta, formułuje plan i realizuje interwencje. Każdy kolejny poziom przenosi z człowieka na maszynę nie tylko więcej pracy, lecz również większą część władzy przyczynowej nad ciałem człowieka.

Tu właśnie medycyna wyznacza granicę znacznie poważniejszą niż w przypadku chatbota odpowiadającego błędnie na pytanie. Błąd językowy można poprawić kolejnym zdaniem; błąd terapeutyczny może być nieodwracalny. Dlatego zasada, która była istotna w embodied AI, staje się w klinice bezwzględna: działanie zamienia błąd reprezentacji w zdarzenie fizyczne. AI może pomylić nazwę leku w tekście, lecz system autonomicznie podający lek przekształca tę pomyłkę w zmianę fizjologii pacjenta.

Wartości pacjenta i podwójny alignment jako granice automatyzacji

W tym miejscu pojawia się kwestia autonomii pacjenta. Im więcej system wie o biologicznym ryzyku człowieka, tym łatwiej przesunąć się od wspomagania decyzji do paternalistycznego sterowania. Model może przewidywać, że pacjent nie będzie przestrzegał zaleceń, rozwinie uzależnienie lub że jego zachowanie zwiększa ryzyko choroby. Wiedza probabilistyczna nie daje jednak sama w sobie prawa do podejmowania decyzji za drugą osobę. Medycyna nie jest wyłącznie optymalizacją przeżycia; to praktyka skierowana do podmiotu posiadającego własne wartości, cele i prawo do akceptowania ryzyka. Właśnie tutaj sztuczna inteligencja ponownie napotyka problem świadomości, lecz z perspektywy pacjenta. System medyczny może znać biologiczny stan człowieka

dokładniej niż on sam, a jednocześnie nie wiedzieć, jakie życie pacjent uznaje za warte przeżycia. Różnica ta staje się szczególnie widoczna w onkologii, intensywnej terapii i opiece paliatywnej. Najdłuższe możliwe życie nie zawsze jest jedynym celem leczenia; istotne mogą być niezależność, zdolność komunikacji, brak bólu, możliwość pozostania w domu czy przeżycie konkretnego wydarzenia rodzinnego.

Funkcja celu medycznej AI nie może więc wynikać wyłącznie z biomarkerów. Z tego punktu widzenia AI kliniczna wymaga czegoś, co można nazwać podwójnym alignmentem. Pierwszy element dotyczy zgodności narzędzia z wiedzą medyczną, bezpieczeństwem i interesem zdrowotnym pacjenta. Drugi – zgodności decyzji z wartościami konkretnej osoby. Nawet perfekcyjna predykcja biologiczna nie rozwiązuje tego drugiego problemu.

Zdolność stwierdzenia, że terapia A daje o pięć punktów procentowych większą szansę przeżycia, nie rozstrzyga, czy pacjent zaakceptuje związane z nią działania niepożądane. Medycyna pozostaje więc domeną, w której fakt i wartość spotykają się przy każdym poważnym wyborze. Właśnie dlatego tak interesująca jest źródłowa idea Companion AI – systemu posiadającego dłuższą pamięć relacji z człowiekiem. W medycynie taki agent mógłby znać nie tylko wyniki badań, ale historię choroby, wcześniejsze reakcje na terapię, preferencje pacjenta, sposób komunikacji, obawy i codzienne ograniczenia. Potencjalnie zwiększałoby to ciągłość opieki, jednocześnie tworząc nową koncentrację wrażliwych informacji oraz ryzyko, że człowiek zacznie przypisywać systemowi poziom troski, rozumienia i poufności właściwy relacji terapeutycznej, mimo że mechanizm ten działa w inny sposób. Im lepsza pamięć systemu, tym silniejszy może być paradoks zaufania. Pacjent może czuć się „rozumiany", ponieważ agent pamięta wieloletnią historię, nigdy nie okazuje zniecierpliwienia, dopasowuje język i jest zawsze dostępny. Z perspektywy opieki cechy te mogą być bardzo wartościowe, jednak z punktu widzenia psychologii są one mechanizmem zwiększającym antropomorfizację.

Dlatego medyczna AI nie powinna wykorzystywać relacyjności do zaciemniania własnego statusu epistemicznego. Empatia językowa nie może zastępować trafności klinicznej. W tym miejscu ponownie widać, dlaczego test Turinga jest niewystarczającym wzorcem oceny systemów przyszłości. W medycynie nie interesuje nas, czy pacjent odróżni AI od lekarza. Interesuje nas, czy system poprawia opiekę, rozpoznaje własne ograniczenia, respektuje preferencje pacjenta, zachowuje poufność, unika systematycznej dyskryminacji i jest osadzony w odpowiedzialnej strukturze klinicznej. Im bardziej maszyna potrafi przypominać człowieka, tym mniej sensowne staje się ocenianie jej według samego podobieństwa do niego.

Zagadnienie to ma szczególne znaczenie w psychiatrii, opiece przewlekłej i geriatrii, gdzie ciągłość rozmowy i relacji może mieć wartość terapeutyczną. Przyszły system będzie jednocześnie

narzędziem monitorującym stan, źródłem edukacji, przypomnieniem o terapii, systemem wczesnego ostrzegania i towarzyszem rozmowy. Rozdzielenie tych ról może być trudne.

Jeśli algorytm wykryje zmianę języka sugerującą pogorszenie stanu, powinien zareagować inaczej niż zwykły asystent. Wtedy rozmowa zostaje włączona do biologicznej pętli regulacyjnej pacjenta. AI przestaje być wyłącznie nośnikiem informacji, a staje się elementem środowiska wpływającego na zdrowie człowieka. Medycyna przyszłości może zatem przypominać system zamkniętej pętli znacznie bardziej niż dzisiejszą serię odrębnych wizyt. Sensory mierzą stan, modele interpretują trajektorię, system proponuje lub wykonuje interwencję, organizm odpowiada, a odpowiedź zasila kolejny cykl. Podobna logika istnieje już w pewnych urządzeniach medycznych, lecz połączenie jej z generatywną, multimodalną AI radykalnie rozszerzyłoby zakres decyzji możliwych do automatyzacji. W takim systemie lekarz może stopniowo przestać być osobą, która osobiście oblicza każdą decyzję, i stać się nadzorcą epistemicznej architektury leczenia. Jego zadaniem będzie rozpoznawanie sytuacji, w których model można wykorzystać, interpretowanie niepewności, weryfikowanie niezgodności między rekomendacją a obrazem klinicznym oraz rozmowa z pacjentem o wartościach, których model nie może wyprowadzić z biologii. Paradoksalnie im potężniejsza stanie się AI, tym większego znaczenia nabiorą te kompetencje lekarza, których najtrudniej opisać jako prostą klasyfikację. Nie oznacza to jednak zachowania wszystkich dotychczasowych granic zawodowych.

Automatyzacja części diagnostyki, dokumentacji, triage'u, monitorowania i projektowania leczenia zmieni strukturę pracy medycznej.

Wartość AI wyłania się z systemu, a nie z benchmarków

Zawody nie są bowiem nierozdzielnymi całościami. Są wiązkami zadań. AI może przejąć jedne elementy, pozostawić inne i stworzyć nowe. Ten sam proces zajdzie następnie w prawie, edukacji, finansach, przemyśle i administracji. Medycyna jest jedynie szczególnie czytelnym przypadkiem, ponieważ konsekwencje błędu są bezpośrednio cielesne. Właśnie dlatego czasopismo Nature Medicine nawoływało w 2026 roku, aby twierdzenia o wartości medycznej AI opierać na rzeczywistych dowodach, podkreślając, że mimo gwałtownego wdrażania narzędzi predykcyjnych, decyzyjnych i generatywnych, dane potwierdzające realne korzyści dla pacjentów i systemów ochrony zdrowia pozostają ograniczone. Jest to niezbędna przeciwwaga dla narracji, w której wynik benchmarku automatycznie utożsamia się ze społeczną wartością technologii. W farmakologii istnieje pojęcie surrogate endpoint – zastępczego punktu końcowego. Biomarker może być

łatwiejszy do zmierzenia niż rzeczywisty efekt kliniczny, jednak poprawa biomarkera nie zawsze oznacza poprawę stanu zdrowia.

Część obecnych benchmarków AI pełni rolę takich właśnie zastępczych punktów końcowych technologii. Wynik egzaminu, zgodność z opinią eksperta czy dokładność rozpoznawania obrazu są łatwo mierzalne. Tymczasem społecznym punktem końcowym jest mniejsza liczba błędów, skrócenie cierpienia, lepsze przeżycie, większa dostępność opieki lub niższy koszt przy zachowaniu jakości. Pomiędzy tymi wartościami nie wolno stawiać znaku równości bez empirycznej walidacji. Tak sformułowana zasada łączy medycynę z teorią emergencji.

Jakość komponentu nie jest bowiem jakością systemu. Wybitny model diagnostyczny może zostać wdrożony w wadliwym interfejsie, prowadzić do automation bias lub pozostać niewykorzystany w momentach, gdy byłby najbardziej potrzebny. Model nieco słabszy w benchmarku może przynieść większy efekt kliniczny dzięki lepszej integracji z procesem pracy. Inteligencja systemu opieki zdrowotnej wyłania się nie tylko z algorytmu, lecz z organizacji informacji, odpowiedzialności, relacji i działania. Medycyna staje się tym samym wyjątkowym laboratorium przyszłej relacji człowieka z AI. Pokazuje, że kluczowym problemem nie jest samo przekroczenie możliwości człowieka przez maszynę w pojedynczym zadaniu, lecz przeprojektowanie systemu w momencie, gdy jedna z jego części uzyskuje nowy rodzaj kompetencji.

AlphaFold nie zastąpił biologii; zmienił sposób prowadzenia części badań biologicznych. Generatywna AI nie musi zastępować lekarza, aby zmienić istotę diagnostyki. Digital twin nie musi stać się kopią osoby, by odmienić rozumienie terapii. Automatyczny agent nie musi być świadomy, aby uzyskać władzę przyczynową nad ludzkim ciałem. Przekraczanie granic przez AI jest zatem ważniejsze niż retoryczna rywalizacja „człowiek kontra maszyna”. Technologia zaczyna zajmować miejsca pomiędzy klasycznymi kategoriami: między instrumentem a współdecydentem, bazą danych a generatorem hipotez, modelem pacjenta a systemem sterującym terapią, diagnozą a eksperymentem. Każde takie przesunięcie wymaga nowej odpowiedzi instytucjonalnej, gdyż stare pojęcia odpowiedzialności stworzono dla narzędzi znacznie mniej autonomicznych. Medycyna ujawnia również ograniczenie popularnego poglądu, że wystarczy „pozostawić człowieka w pętli”. Sama obecność człowieka nie gwarantuje bezpieczeństwa.

Sprawczość i odpowiedzialność w systemach hybrydowych

Jeśli klinicysta otrzymuje setki rekomendacji dziennie i niemal zawsze je akceptuje, formalnie pozostaje decydentem, lecz funkcjonalnie staje się jedynie elementem zatwierdzającym decyzje systemu. Prawdziwy human oversight wymaga czasu, kompetencji, wiedzy o ograniczeniach modelu oraz realnej możliwości zakwestionowania jego sugestii. Człowiek w pętli musi posiadać sprawczość, nie tylko podpis. Analogicznie system AI powinien być projektowany nie jako zwykły generator odpowiedzi, lecz jako uczestnik architektury błędu. Niezbędne jest ustalenie, skąd pochodziły dane, kiedy system działał poza typowym zakresem, jakie alternatywy rozważał, jak zmieniała się jego wersja oraz jakie wyniki kliniczne nastąpiły po rekomendacji. Medycyna wymaga bowiem uczenia się na własnych błędach; jeśli AI ma stać się częścią tego procesu, musi zostać włączona w kulturę nadzoru, audytu i korekty.

Prowadzi to do paradoksalnego wniosku: im bardziej medycyna będzie wspierana przez systemy zdolne odkrywać relacje przekraczające ludzkie rozumienie, tym ważniejsza stanie się epistemiczna pokora. Człowiek będzie musiał potrafić powiedzieć zarówno „model widzi wzorzec, którego jeszcze nie rozumiem", jak i „model może się mylić, mimo że brzmi przekonująco". Nauka nie może wybierać między ślepym zaufaniem a odrzuceniem nieprzejrzystego narzędzia. Musi nauczyć się budować stopniowane zaufanie, oparte na przewidywaniu, eksperymencie i ciągłej weryfikacji.

Medycyna obrazuje również, że wyjaśnienie i kontrola nie są tym samym. Możemy opisać każdy molekularny szczegół procesu, a mimo to mieć trudność z kontrolowaniem jego przebiegu w konkretnym organizmie. Z drugiej strony zdarzają się interwencje klinicznie skuteczne, mimo że nie rozumiemy wszystkich ich mechanizmów. W przyszłości AI może zwiększyć częstotliwość tych drugich sytuacji: potrafić wskazać skuteczną manipulację w wielowymiarowej przestrzeni biologicznej, zanim nauka zdoła stworzyć pełną narrację przyczynową.

Wtedy kluczowe pytanie nie będzie brzmieć „czy rozumiemy wszystko?", lecz „jak silne dowody musimy posiadać, zanim wolno nam działać?". Odpowiedź zależy od ryzyka. Inny próg dowodowy jest rozsądny dla systemu porządkującego dokumentację, inny dla rekomendacji diagnostycznej, jeszcze inny dla projektu nowej cząsteczki, a skrajnie wysoki dla autonomicznej interwencji terapeutycznej. Wraz ze wzrostem mocy przyczynowej AI powinien rosnąć ciężar walidacji. Zasada ta wykracza poza medycynę i okaże się istotna w dalszej analizie pracy oraz instytucji społecznych. System, który jedynie informuje, wymaga innej odpowiedzialności niż system, który może zatrudniać, zwalniać, inwestować, sterować maszyną lub modyfikować ludzkie ciało.

Z medycyny wypływa więc ogólniejsza lekcja: nie należy oceniać AI jedynie przez pryzmat jej inteligencji deklaratywnej. Znacznie ważniejszy jest iloczyn kompetencji, autonomii i dostępu do działania. Model niezwykle inteligentny, lecz pozbawiony możliwości ingerencji, stanowi inny rodzaj ryzyka niż nieco słabszy agent z szerokimi uprawnieniami. W klinice różnica ta jest uderzająca, ponieważ pomiędzy „proponuję dawkę" a „podaję dawkę" przebiega granica sprawczości.

Emergencja AI jako impuls do reorganizacji architektury społecznej

W tym miejscu historia emergencji zatacza kolejny krąg. Rozpoczynaliśmy od pytania, czy całość może posiadać właściwości niewidoczne w jej izolowanych częściach. W medycynie dostrzegamy to zjawisko po obu stronach relacji: pacjent jest emergentnym systemem biologicznym, którego nie da się sprowadzić do sekwencji genów, a system opieki – emergentną organizacją lekarzy, procedur, instytucji i technologii. AI zostaje wprowadzona jako kolejny komponent, jednak jej skutków nie można przewidzieć, analizując jedynie jakość samego modelu. Nowe właściwości wyłaniają się dopiero w relacji.

Dlatego najbardziej prawdopodobna medycyna przyszłości nie będzie ani domeną wyłącznie ludzką, ani autonomicznym systemem maszyn. Stanie się hybrydowym systemem poznawczym, w którym biologiczny pacjent, lekarz, urządzenia sensoryczne, modele generatywne, algorytmy predykcyjne, cyfrowe bliźniaki, laboratoria i struktury organizacyjne utworzą wielowarstwową pętlę obserwacji i działania. Jej wartość nie będzie zależała od tego, czy dany model "myśli jak lekarz", lecz od tego, czy całość systemu leczy człowieka lepiej, bezpieczniej, sprawiedliwiej i w zgodzie z jego wartościami. Ta konkluzja otwiera zarazem kolejny problem.

Jeżeli AI reorganizuje profesję, w której wiedza ekspercka, odpowiedzialność i ludzka relacja były historycznie nierozłączne, podobna transformacja musi objąć znacznie szerszą sferę pracy. Burgin stawia tu odważną hipotezę: robotyka i automatyzacja mogą stopniowo zmniejszać konieczność wymiany ludzkiej pracy na materialne przetrwanie, przesuwając problem społeczny z obszaru niedoboru ku obfitości. Tezę tę należy jednak poddać takiemu samemu rygorowi, jak kwestie świadomości AI czy medycyny. Automatyzacja zadania nie jest bowiem automatycznie automatyzacją zawodu, wzrost produktywności nie gwarantuje sprawiedliwego podziału korzyści, a techniczna możliwość uwolnienia człowieka od pracy nie oznacza, że instytucje ekonomiczne rzeczywiście ten skutek wygenerują.

Dalsza analiza musi zatem przenieść pojęcie emergencji z poziomu komórki, mózgu i kliniki na poziom społeczeństwa. Jeśli AI staje się elementem poznawczym przedsiębiorstwa, robot zastępuje część czynności fizycznych, a człowiek coraz częściej funkcjonuje w systemie rozszerzonym przez sztuczną inteligencję, to co właściwie dzieje się z pracą jako mechanizmem dochodu, tożsamości, statusu, dyscypliny czasu i uczestnictwa społecznego? Dopiero wtedy okaże się, że przekroczenie biologicznych ograniczeń poznania nie jest wyłącznie wydarzeniem technologicznym. Może stać się zmianą instytucjonalnej architektury społeczeństwa.

> W świecie, gdzie algorytm może zrekonstruować trajektorię naszej biologii z precyzją nieosiągalną dla człowieka, pojawia się fundamentalny paradoks: im potężniejsze stają się narzędzia predykcji, tym bardziej krytyczne stają się kompetencje, których nie da się zapisać w kodzie. Prawdziwym wyzwaniem nie jest pytanie o to, czy maszyna zastąpi lekarza, lecz czy w systemie zdominowanym przez optymalizację danych znajdzie się jeszcze miejsce na pacjenta jako podmiotu z własnymi, często nielogicznymi wartościami. Czy potrafimy zbudować architekturę zaufania, w której 'cyfrowy bliźniak' pozostanie jedynie mapą, a nie celem podróży?

Inspiracje

[1] **"Emergence"** Bob Burgin

Bob Burgin to amerykański przedsiębiorca, technolog i naukowiec zajmujący się nauką o uczeniu się, który pełni funkcję prezesa zarządu i dyrektora generalnego firmy Amplifire (Knowledge Factor, Inc.) z siedzibą w Boulder w stanie Kolorado. W ciągu swojej ponad trzydziestoletniej kariery Burgin działał na styku neuronauki poznawczej, sztucznej inteligencji i adaptacyjnych technologii edukacyjnych. W Amplifire współpracował z wybitnymi psychologami poznawczymi i neurobiologami – w tym z Robertem Björkiem, Danielem Schacterem i Henrym Roedigerem III – aby przełożyć badania empiryczne nad kodowaniem, predykcją i odzyskiwaniem pamięci na opatentowane oprogramowanie do adaptacyjnego uczenia się. Założył również Amplifire Healthcare Alliance, którego celem jest ograniczenie ryzyka klinicznego i błędów medycznych poprzez identyfikację i rozwiązywanie powszechnie uznawanych dezinformacji wśród pracowników służby zdrowia. Burgin jest autorem książki „Emergence: How Our Twenty-Watt Brains Unlocked Intelligence Beyond Biology" (2026), w której bada, w jaki sposób zasady biologicznego poznania wpływają na inteligencję maszyn.

***Bob Burgin** is an American entrepreneur, technologist, and learning scientist who serves as the Chairman and Chief Executive Officer of Amplifire (Knowledge Factor, Inc.), based in Boulder, Colorado. Over a career spanning more than three decades, Burgin has worked at the intersection of cognitive neuroscience, artificial intelligence, and adaptive educational technologies. At Amplifire, he collaborated with prominent cognitive psychologists and neuroscientists—including Robert Bjork, Daniel Schacter, and Henry Roediger III—to translate empirical research on memory encoding, prediction, and retrieval into patented adaptive learning software. He also founded the Amplifire Healthcare Alliance, aiming to mitigate clinical risk and medical errors by identifying and resolving confidently held misinformation among healthcare providers. Burgin is the author of Emergence: How Our Twenty-Watt Brains Unlocked Intelligence Beyond Biology (2026), exploring how principles of biological cognition inform machine intelligence.*

Amplifire

Literatura uzupełniająca

Artykuły naukowe

Prace autorów przywoływanych w tekście:

[1] "AlphaFold Protein Structure Database: massively expanding the structural coverage of protein-sequence space with high-accuracy models"

Mihály Váradi, Stephen Anyango, Mandar Deshpande, Sreenath Sasidharan Nair, Cindy Natassia, Demis Hassabis

2021 | Nucleic Acids Research | DOI: 10.1093/nar/gkab1061

Źródło

[2] "Protein complex prediction with AlphaFold-Multimer"

Richard Evans, Michael O'Neill, Alexander Pritzel, Natasha Antropova, Andrew Senior, Demis Hassabis

2021 | bioRxiv (Cold Spring Harbor Laboratory) | DOI: 10.1101/2021.10.04.463034

Źródło

[3] "Improved protein structure prediction using potentials from deep learning"

Andrew Senior, Richard Evans, John Jumper, James Kirkpatrick, Laurent Sifre, Demis Hassabis

2020 | Nature | DOI: 10.1038/s41586-019-1923-7

Źródło

[4] "Accurate proteome-wide missense variant effect prediction with AlphaMissense"

Jun Cheng, Guido Novati, Joshua Pan, Clare Bycroft, Akvilė Žemgulytė, Demis Hassabis

2023 | Science | DOI: 10.1126/science.adg7492

Źródło

[5] "Protein structure prediction and analysis using the Robetta server"

David E. Kim, Dylan C. Chivian, David A. Baker

2004 | Nucleic Acids Research | DOI: 10.1093/nar/gkh468

Źródło

[6] "Protein Structure Prediction Using Rosetta"

Carol A. Rohl, Charlie E. M. Strauss, Kira M. S. Misura, David A. Baker

2004 | Methods in enzymology on CD-ROM/Methods in enzymology | DOI: 10.1016/s0076-6879(04)83004-0

Źródło

[7] "Protein Structure Prediction and Structural Genomics"

David A. Baker, Andrej Šali

2001 | Science | DOI: 10.1126/science.1065659

Źródło

[8] "Improved protein structure prediction using predicted interresidue orientations"

Jianyi Yang, Ivan V. Anishchenko, Hahnbeom Park, Zhenling Peng, Sergey Ovchinnikov, David A. Baker

2020 | Proceedings of the National Academy of Sciences | DOI: 10.1073/pnas.1914677117

Źródło

[9] "Systems of Logic Based on Ordinals (1938)"

Alan Turing

2004 | The Essential Turing | DOI: 10.1093/oso/9780198250791.003.0007

Źródło

[10] "Can Digital Computers Think?"

Alan M. Turing

2004 | The Turing Test | DOI: 10.7551/mitpress/6928.003.0015

Źródło

[11] "Systems of Logic Based on Ordinals"

A. Turing

2012 | Alan Turing's Systems of Logic | DOI: 10.1016/b978-044450423-4/50007-3

Źródło

Treść tworzy Fundacja Dobre Państwo.
Redaguje i publikuje APA ONE, autorski system redakcyjny Fundacji oparty na AI.
APA ONE Publishing System
Fundacja Dobre Państwo © 2026
Article ID: ece8a727-9458-4431-a652-14b4d564c17b