人工智能可预测最有可能传播新冠肺炎的哺乳动物

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/16659.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

人工智能可预测最有可能传播新冠肺炎的哺乳动物。一项人工智能工具利用动物的栖息地和各方面生物学信息，预测出540种最有可能传播新冠肺炎的哺乳动物。根据该模型，排名前十的易感动物包括貂、巽他穿山甲和蝙蝠等，这与实验室的实验结果相吻合。相关研究日前发表于英国《皇家学会学报》。

新冠肺炎（covid-19）是由新型冠状病毒（SARS-CoV-2）引起，当SARS-CoV-2的刺突蛋白与宿主细胞上的ACE2蛋白结合，病毒便会入侵人类和动物组织。这是导致动物被感染的必要步骤，也是病毒进一步传播到其他潜在宿主的先决条件。

不同的物种有不同版本的ACE2蛋白，因此了解它们的版本与冠状病毒突刺蛋白的结合程度，可以帮助我们预测哪些动物最有可能感染并传播新冠肺炎。但是，目前只有大约300种物种的ACE2氨基酸序列是可用的。

为了解决这一问题，美国卡里生态系统研究所的芭芭拉·汉和她的同事们建立了一个机器学习工具，在不知道ACE2氨基酸序列的情况下，预测来自5400种哺乳动物的ACE2蛋白能否强有力地与新冠病毒刺突蛋白结合。

结果发现，能够做到这一点的物种包括白尾鹿，最近，北美地区的白尾鹿就有非常高的感染率。条纹臭鼬以及大鼠、鹿鼠等76种啮齿类动物，还有水牛等养殖物种也被认为可能传播新冠病毒。

为了创建模型，研究小组首先估算出刺突蛋白与已知序列的142种哺乳动物ACE2蛋白结合的强度，以此判断这些物种是否可能传播冠状病毒。

他们为人工智能模型提供了142个物种的约60个生物和生态特征，通过这些信息，人工智能就可以识别出这些物种的传染性与其特征之间的联系。这些特征包括它们生活的区域、栖息地与人类的重叠程度、寿命、饮食、体重等。

通过这一模型，当给出其他物种的生物和生态特征数据后，就可以猜测和研究出5400个哺乳动物物种能够传播新冠病毒的可能性。

芭芭拉·汉表示，这些结果必须通过系统的监测和实验室研究来测试和验证。

这是一种非常有用的方法，可以优先监视动物物种。加拿大萨斯喀彻温大学病毒学家Arinjay Banerjee说，这将有助于跟踪病毒性传染病以及有可能出现的适应动物的冠状病毒变种。（来源：中

国科学报李木子）

相关论文信息：https://doi.org/10.1098/rspb.2021.1651

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。
作者：Arinjay Banerjee 来源：《皇家学会学报》

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发