

Scienza: l'IA scopre oltre 160.000 nuove specie di virus



L'intelligenza artificiale, AI, ha scoperto 161.979 nuove specie di virus a RNA, il che, secondo i ricercatori, migliorerà notevolmente la mappatura della vita sulla Terra e potrebbe aiutare a identificare molti altri milioni di virus ancora da caratterizzare. Lo dimostra uno

studio guidato da Edwards Holmes, della School of Medical Sciences della Facoltà di Medicina e Salute dell'Università di Sydney, pubblicato su Cell. Lo studio è il più grande lavoro di scoperta di specie virali mai pubblicato. "Ci è stata offerta una finestra su una parte altrimenti nascosta della vita sulla Terra, rivelando una notevole biodiversità", ha dichiarato Holmes, autore senior del lavoro. "Si tratta del maggior numero di nuove specie virali scoperte in un unico studio, che amplia in modo massiccio la nostra conoscenza dei virus che vivono tra noi", ha dichiarato Holmes. "Trovare così tanti nuovi virus in un colpo solo è sbalorditivo e non fa che scalfire la superficie, aprendo un mondo di scoperte", ha continuato Holmes. "Ce ne sono altri milioni da scoprire e possiamo applicare lo stesso approccio all'identificazione di batteri e parassiti", ha proseguito Holmes. Sebbene i virus a RNA siano comunemente associati alle malattie umane, si trovano anche in ambienti estremi in tutto il mondo e potrebbero persino svolgere un ruolo chiave negli ecosistemi globali. In questo studio sono stati trovati nell'atmosfera, nelle sorgenti calde e nelle bocche idrotermali. "Il fatto che gli ambienti estremi ospitino così tanti tipi di virus è solo un altro esempio della loro fenomenale diversità e della loro tenacia nel vivere negli ambienti più difficili, e

potenzialmente ci fornisce indizi su come sono nati i virus e altre forme di vita elementari”, ha affermato Holmes. I ricercatori hanno costruito un algoritmo di apprendimento profondo, LucaProt, per calcolare grandi quantità di dati di sequenze genetiche, tra cui genomi di virus lunghi fino a 47.250 nucleotidi e informazioni genomicamente complesse per scoprire più di 160.000 virus

“La stragrande maggioranza di questi virus era già stata sequenziata e si trovava in banche dati pubbliche, ma erano così divergenti che nessuno sapeva cosa fossero”, ha detto Holmes. “Costituivano quella che viene spesso definita ‘materia oscura’ delle sequenze”, ha precisato Holmes. “Il nostro metodo di intelligenza artificiale è stato in grado di organizzare e classificare tutte queste informazioni disparate, facendo luce per la prima volta sul significato di questa materia oscura”, ha aggiunto Holmes. Lo strumento di intelligenza artificiale è stato addestrato a calcolare la materia oscura e a identificare i virus in base alle sequenze e alle strutture secondarie delle proteine che tutti i virus a RNA utilizzano per la replicazione. L’IA è stata in grado di accelerare in modo significativo la scoperta dei virus che, se si utilizzassero i metodi tradizionali, richiederebbe molto tempo. “Per la scoperta dei virus ci affidavamo a noiose pipeline bioinformatiche, che limitavano la diversità che potevamo esplorare, ora disponiamo di un modello basato sull’intelligenza artificiale molto più efficace, che offre una sensibilità e una specificità eccezionali e, allo stesso tempo, ci permette di approfondire la diversità virale”, ha sottolineato Mang Shi, coautore della Sun Yat-sen University e responsabile istituzionale dello studio.

“Abbiamo intenzione di applicare questo modello in diverse applicazioni”, ha annunciato Shi. “LucaProt rappresenta un’integrazione significativa tra la tecnologia AI all’avanguardia e la virologia, dimostrando che l’AI può svolgere efficacemente compiti di esplorazione biologica”, ha

osservato Zhao-Rong Li, ricercatore presso l'Apsara Lab di Alibaba Cloud Intelligence." Questa integrazione – ha precisato Li – fornisce preziose intuizioni e incoraggia l'ulteriore decodifica delle sequenze biologiche e la decostruzione dei sistemi biologici da una nuova prospettiva". "Continueremo inoltre la nostra ricerca nel campo dell'IA per la virologia", ha commentato Li. "L'ovvio passo successivo è quello di addestrare il nostro metodo per trovare un numero ancora maggiore di questa straordinaria diversità, e chissà quali altre sorprese sono in serbo", ha concluso Holmes.

Fonte: AGI