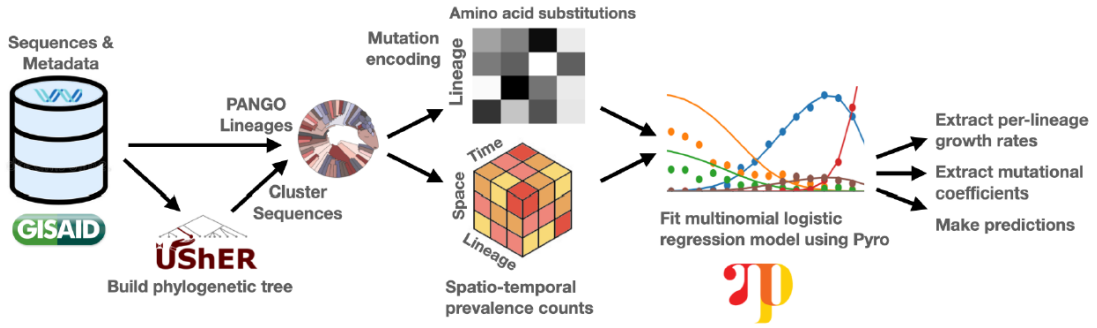
人工智能如何预测新冠病毒传染性

王东

2019 年 12 月以来，新型冠状肺炎疫情蔓延全球，给世界各国人民健康带来巨大威胁，并严重阻碍了经济发展。新冠疫情之所以如此复杂，一个重要原因在于病毒会变异，变异后的变种病毒特性难以捉摸。到目前为止，我们熟知的变种已经有阿尔法（Alpha）、贝塔(Beta)、 德尔塔（Delta）、奥米克绒（Omicron）等。事实上，这些仅是“闯出了名堂”的变种，那些没形成气候的变种更是多达几千种以上。科学家们对这些变种进行了归类，并为每一类取了个名字，比如德尔塔病毒叫 B.1.617.2，奥米克绒病毒叫 B.1.1.529 等。这一命名规则称为 PANGO 命名法。

那么，这些被统称为“新冠”的各种病毒中，哪些传染性更强呢？传统方法多采用流行病学方法，通过溯源病例的传播途径来统计传染强度，一般称为基础再生数（R），简单地说就是一个病例会传染多少人。这种方法显然有点儿事后诸葛亮的意思，不利于对强传染性变种的早期预警。2022 年 5 月 24 日 ，MIT 和哈弗大学等单位在《科学》杂志上联合发表了一项研究成果，利用病毒本身的基因预列来预测它的传然性。

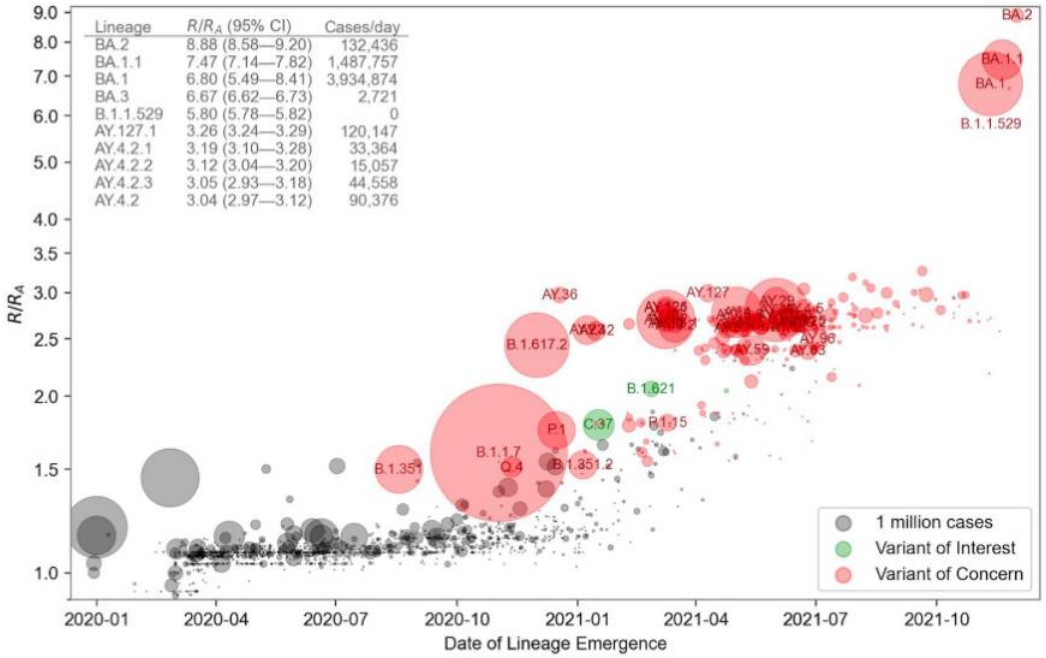
科学家们采用一种称为“贝叶斯逻辑斯蒂回归（Bayesian Logistic Regression）”的机器学习模型，输入为基因序列，输出为某一时间-空间点上不同新冠病毒变种的相对传染能力（Relative fitness） 。我们简称这一模型为 M-H 模型。为构造 M-H 模型，科学家们首先从 GISAID 数据库中得到 6,466,300 条基因序列，涵盖 1560 个地区，32 个时间段（2 个星期一个时间段）。对这些基因数据以 PANGO 命名为基础分成 3000 个类型。模型以基础序列的变异情况作为输入(图中黑白矩阵)，同时将地区和时段作为条件变量（图种三维魔方），预测 3000 类病毒的相对传染能力（图中彩色曲线）。模型训练完成以后，即可以对病毒的传染能力和传播趋势做出很多重要预测。



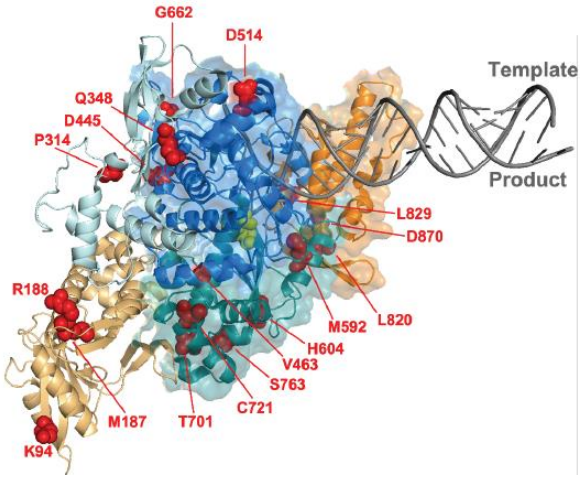
研究者利用 M-H 模型对各个病毒变种的传播能力进行了研究，结果如下图所示。图中横轴为时间，纵轴为以相对基础再生数（R/RA，其中 RA 是武汉变种的基础再生数）代表的传染能力。图中每个圈代表一个变种，其横轴的位置是其出现的时间，纵轴的位置是预测得到的传染能力，而圈的大小代表病例。

首先看到，越是后来出现的变种，其传染性越强。2021 年底出现的奥米克绒变种 BA.1.1，其传染性（基础再生数 R）已经是武汉变种的 8 倍，而其后出现的 BA.2 变种传染力进一步加强。越新的变种传染力越强，这是疫情到目前为止依然复杂的原因。

另外，研究者发现上述 AI 模型确实准确地预测出了几次较大规模的传播，如 2020 年底由 Alpha(B.1.1.7)和 Delta（B.1.617.2）变种引起的爆发。图中红色圆圈代表产生较大影响的变种。



利用 M-H 模型，可以定位新冠病毒基因序列中对传染性影响最大的基因点。这是因为在模型设计时，科学家们为每个变异点都设计了一个可学习的显著值，学习结束后就可以通过这些显著值发现那些显著值最大的基因了。下图是科学家们发现的一些显著基因。有了这一信息，如果再来一个新变种，通过观察这些显著基因是否发生了改变，就可以预测这一变种的传染能力。如果发现有好多显著基因发生了改变，那就要加倍小心，可能又一波疫情要来了。



https://www.science.org/doi/epdf/10.1126/science.abm1208