

1. Marzo

## Noi mammiferi e la biomassa secondo AI

*La misura è la cosa migliore.*

Cleobulo

*Frammenti, VI sec. a.e.c.*

I **mammiferi selvatici** sono icone degli sforzi di conservazione, ma non esiste una stima rigorosa disponibile per la loro *biomassa globale complessiva*.

La *biomassa* come parametro ci consente di confrontare specie con dimensioni corporee molto diverse e può fungere da indicatore della presenza, delle tendenze e degli impatti dei mammiferi selvatici su scala globale.

**Patrick Schultheiss**, ecologista comportamentale *dell'Università di Würzburg*.



utilizzando strumenti di [intelligenza artificiale AI](#), ha pubblicato oggi (28 febbraio) negli *Atti della National Academy of Sciences* dati “abbastanza convincenti” su i rapporti tra mammiferi e biomassa.

I **mammiferi terrestri selvatici** hanno una biomassa totale di **22 milioni di tonnellate**, i **mammiferi marini** rappresentano altri **40 milioni di tonnellate**.

Questi numeri sono relativamente miseri: le **formiche** da sole ammontano a **12 milioni di tonnellate**, ma il confronto che **Schultheiss** propone e che , **si augura**, attirerà l'attenzione è con gli **umani**, che pesano **390 milioni di tonnellate**, con il loro *bestiame* e altri *parassiti* come *i topi urbani* che aggiungono al totale altri **630 milioni di tonnellate**.

Questi dati, secondo **Schultheiss** e *l'intelligenza artificiale* che li ha generati è la dimostrazione di come il mondo naturale venga invaso e rappresentino un “campanello d'allarme” per l'umanità che dovrebbe fare tutto il possibile per preservare i **mammiferi selvatici**.

**Ron Milo**, biologo quantitativo presso il *Weizmann Institute of Science*.



ritiene che numeri come questi possano rappresentare un “**sesto senso**” del mondo. Nel 2018, hanno conquistato i titoli dei giornali stimando il peso globale di tutta la vita; 2 anni dopo, hanno aggiunto il peso globale di tutti gli oggetti e le infrastrutture realizzate dall'uomo, dalle automobili agli edifici

*Ci sono molte misure dell'impatto dell'umanità sul pianeta. I combustibili fossili hanno fatto salire i gas serra a livelli che non si vedevano da almeno 800.000 anni. L'agricoltura e le abitazioni hanno modificato il 70% della terra. E gli esseri umani hanno spazzato via un numero incalcolabile di specie in una grande estinzione emergente. Le trasformazioni sono così grandi che i ricercatori hanno dichiarato che stiamo vivendo in una nuova era dominata dall'uomo: l'Antropocene.*

*(vedi allegato: [Lo scenario del Weizmann Institute of Science](#))*

Hanno stimato, in maniera approssimativa a circa 14 milioni di tonnellate la biomassa dei **mammiferi selvatici** un valore che gli ecologisti della biodiversità stima **incredibilmente piccola** rispetto alla massa della vita sulla Terra

**Milo** insieme a **Lior Greenspoon** e **Eyal Krieger**



sono riusciti a trovare dati dettagliati su popolazione, peso corporeo, areale e altre misure per **382 specie di mammiferi selvatici**, sufficienti per calcolare direttamente la loro biomassa totale.

Per prevedere la massa totale dei mammiferi meno studiati, hanno utilizzato i dati di metà delle 382 specie per [addestrare un sistema AI di apprendimento automatico](#).

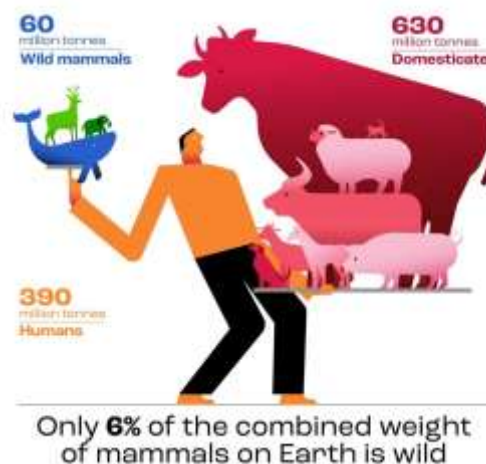
Hanno testato e perfezionato il modello fino a quando non è stato possibile prevedere con precisione la biomassa dell'altra metà di queste specie conosciute. Hanno quindi inserito nel modello tutti i dati che potevano trovare (gamme, dimensioni corporee, abbondanza, diete) per ciascuna delle circa 4800 specie di mammiferi aggiuntive per stimare la loro biomassa e abbondanza.

Sulla terraferma, gran parte della biomassa dei **mammiferi selvatici** è concentrata in poche specie di grandi dimensioni, tra cui cinghiali, elefanti, canguri e diversi tipi di cervi. Le prime 10 specie rappresentano **8,8 milioni di tonnellate**, il 40% della biomassa globale stimata dei mammiferi terrestri selvatici, ha riferito il team di Milo.

I **roditori**, senza contare ratti e topi associati all'uomo, costituiscono il **7% del totale** e i carnivori il 3%.

Tra i **mammiferi marini**, i fanoni rappresentano più della metà della biomassa.

**Ma in numero assoluto, i pipistrelli dominano il mondo dei mammiferi: costituiscono i due terzi dei singoli mammiferi selvatici, sebbene solo il 7% della massa terrestre totale.**



Al contrario, sul fronte addomesticato, le **mucche** pesano collettivamente **420 milioni di tonnellate** e i **cani** circa quanto tutti i mammiferi terrestri selvatici, riporta il nuovo studio.

La biomassa dei **gatti domestici** è circa il **doppio** di quella degli elefanti africani e quattro volte quella delle alci.

Anche se c'è molta incertezza sulla stima delle biomasse ottenute attraverso AI questi dati forniscono informazioni preziose sulla misura in cui la nostra attività come esseri umani ha avuto un impatto sul nostro mondo.

Probabilmente fornire un'istantanea dello stato del mondo dei mammiferi non guiderà la conservazione né trasformerà il nostro modo di pensare ai problemi.

Possiamo conservare solo ciò che capiamo e possiamo capire veramente solo ciò che possiamo quantificare.

### Quale mammifero selvatico calpesta più pesantemente la terra?

Secondo i ricercatori del [Department of Plant and Environmental Sciences, del Weizmann](#) ([The global biomass of wild mammals. Proc Natl Acad Sci U S A. 2023 Mar 7;120\(10\):e2204892120](#))

Non gli elefanti e nemmeno i topi selvatici, nonostante il loro numero. Il campione dei pesi massimi è quel furtivo abitante di parchi, prati e foreste di tutte le Americhe, il **cervo dalla coda bianca**. Rappresenta quasi il 10% della biomassa totale dei mammiferi terrestri selvatici.



Sebbene non siano i più grandi mammiferi terrestri, i cervi dalla coda bianca sono così numerosi da superare tutti gli altri mammiferi selvatici in termini di biomassa.

### Allegato

#### [Lo scenario del Weizmann Institute of Science](#)

Il biologo dei sistemi Ron Milo del Weizmann Institute of Science è andato alla ricerca di un nuovo misuratore del nostro impatto. Lui ed il suo team hanno sintetizzato le stime precedenti della biomassa delle piante viventi per ogni anno tra il 1900 e il 2017. Tali stime rappresentano circa il 90% di tutti gli esseri viventi e si basano sulla ricerca sul campo e sulla modellazione al computer. Dal 1990 in poi, includono anche i dati dei satelliti, che i ricercatori hanno utilizzato per tracciare la vegetazione globale. Quindi il team ha aggiunto la massa di tutti gli altri esseri viventi - organismi dai batteri alle balene - che avevano conteggiato nel 2018, sulla base di indagini sul campo. (Gli esseri umani costituiscono circa lo 0,01% della biomassa del pianeta.) Il cambiamento negli ultimi 120 anni è stato drammatico. Nel 1900, la massa di materiali umani era solo il 3% della biomassa totale della Terra. Da allora, i materiali sono raddoppiati circa ogni 20 anni. (*Nature*).

L'eccesso di cemento e asfalto iniziò durante gli anni del boom tra la seconda guerra mondiale e la crisi petrolifera del 1973, quando i paesi sviluppati iniziarono a fare baldoria edilizia. Negli ultimi decenni se ne è aggiunto ancora di più. Nel frattempo, la biomassa totale è diminuita gradualmente dal 1900 a circa 1100 miliardi di tonnellate, a causa della deforestazione e di altri

motivi. L'aumento della massa prodotta dall'uomo è guidato dall'uso di dense risorse geologiche: rocce, minerali e metalli. La massa prodotta dall'uomo ha "finalmente" (sic!) superato la biomassa vivente totale della Terra quest'anno, più o meno 6 anni. La tempistica di tale transizione dipende dal fatto che la biomassa venga conteggiata con o senza acqua. Se si include l'acqua, la biomassa rimarrà più grande dei materiali umani fino al 2037 circa. Ancora oggi, i confronti fanno riflettere: gli edifici e le altre infrastrutture pesano più degli alberi e degli arbusti del mondo, hanno scoperto i ricercatori. E la massa della plastica è doppia rispetto a quella di tutti gli animali. I

## **Un anno fa... Baedeker/Replay del 1 Marzo 2022**

*Una pipeline per identificare e monitorare le varianti di Sars-cov-2 nei prossimi mesi*

Johann Wolfgang Goethe Rainer Maria Rilke nel Settimo sogno scrive che "Nulla nel mondo può essere immaginato in anticipo, neppure la minima cosa. Tutto è fatto di così tanti particolari unici che non possono essere previsti", eppure, il team di Cyrus Maher del Vir Biotechnology (San Francisco), ha costruito una pipeline (Predicting the mutational drivers of future SARS-CoV-2 variants of concern) per prevedere nei prossimi mesi quali mutazioni di singoli amminoacidi in SARS-CoV-2 diventeranno più prevalenti indispensabile per migliorare i processi decisionali da attuare. Il modello proposto esamina la prevalenza delle mutazioni negli aptotipi su cui si verificano e può essere applicato non solo alla Spike protein ma all'intero proteoma. Gli autori sono stati in grado di convalidare le potenzialità predittive analizzando on line l'emergere e l'espansione di Omicron.

**Questa pipeline potrà nei prossimi mesi aiutare i ricercatori a prevedere le mutazioni dei driver che potrebbero intercettare delle future varianti preoccupanti di SARS-CoV-2.** Nel 2021 decine di migliaia di mutazioni si sono generate nel genoma SARS-CoV-2. Pertanto comprendere l'importanza relativa delle mutazioni nelle proteine virali, in particolare quelle rilevanti per l'immunità antivirale, è la chiave per allocare le iniziative di prevenzione. Le mutazioni nella Spike protein hanno ricevuto particolare attenzione perché Spike è il bersaglio dell'immunità mediata da anticorpi ed è l'antigene primario negli attuali vaccini. Al 1° dicembre 2021, ci sono 10.381 distinte sostituzioni, inserimenti o eliminazioni di amminoacidi nelle sequenze Spike dal database GISAD (Global Initiative on Sharing Avian Influenza Data). Queste mutazioni hanno generato più di 160.000 sequenze proteiche Spike uniche. Un piccolo sottoinsieme di queste mutazioni sono componenti di "varianti monitorate" (VBM), varianti di interesse" (VOI) come diligentemente classificato dai Centri statunitensi per il controllo e la prevenzione delle malattie (CDC). L'identificazione statistica e algoritmica precoce dei cambiamenti chiave degli amminoacidi della Spike che contribuiscono alla formazione future varianti sono indispensabili per migliorare l'identificazione delle vulnerabilità, per le terapie, i vaccini e la diagnostica basati su anticorpi. La possibilità di prevedere future mutazioni estenderebbe il tempo disponibile per organizzare e sviluppare risposte proattive nelle prime fasi della diffusione. Inoltre costituirebbero una utile integrazione agli sforzi di previsione esistenti finalizzati a prevedere nel tempo l'incidenza complessiva di SARS-CoV-2, i ricoveri e i decessi. Concentrarsi sulla identificazione delle singole mutazioni piuttosto che sulle varianti genomiche facilita enormemente anche la previsione a lungo termine. Ad esempio, per una proteina di lunghezza 1200, ci sono più di 250 milioni di sequenze distinte che differiscono solo per due cambiamenti di amminoacidi. Concentrandosi sugli amminoacidi fin dall'inizio, e basandosi su presupposti comuni e ampiamente corretti sull'indipendenza tra le mutazioni, è possibile sfruttare più informazioni per mutazione, estendendo così la linea temporale su cui l'evoluzione può essere prevista in modo significativo. In questo ultimo anno si sono sviluppate una serie di analisi sofisticate per caratterizzare al meglio le mutazioni di amminoacidi di SARS-CoV-2:.

**Gli studi del Department of Clinical Molecular Biology, Medical University of Bialystok, (Polonia)** hanno identificato l'emergere di varianti con proprietà biologiche o antigeniche alterate (Charkiewicz R,2021) che il Il genomics UK (COG-UK) Consortium le hanno caratterizzate utilizzando metodi a bassa produttività (Collier Da 2021) Il team di Tyler Star del Basic Sciences and Computational Biology, di Seattle attraverso la scansione mutazionale profonda ha chiarito gli effetti biologici in vitro causate dalle singole sostituzioni di amminoacidi (Star T 2021) Analogamente Alison Tarke del Center for Infectious Disease and Vaccine Research di la Jolla ha caratterizzato la distribuzione di siti immunodominanti nel proteoma virale (Tarke A 2021) Il Computer Science and Artificial Intelligence Laboratory, Massachusetts Institute of Technology,

diretto da Brian Hie ha stimato l'idoneità delle sequenze virali utilizzando l'elaborazione del linguaggio naturale neurale (NLP) applicata alle sequenze proteiche (Hie B 2021) A partire dai risultati su riportati il team di Maher ha cercato di prevedere quali mutazioni di amminoacidi esistenti in SARS-CoV-2 potrebbero contribuire a future varianti di preoccupazione. attraverso una analisi de valore predittivo delle caratteristiche che comprendono epidemiologia, evoluzione, immunologia e modellazione di sequenze proteiche basate sulla rete neurale dopo aver identificato i driver biologici primari dell'evoluzione intrapandemica SARS-CoV-2. Il modello proposto consente di ...

**(per continuar vai all'originale)**