

Influenza aviaria, FluWarning rileva in anticipo gli spillover. Lo studio italiano



Monitorare i salti di specie dei virus influenzali prima che diventino un'emergenza è l'obiettivo di **FluWarning**, un **sistema digitale di allerta precoce** sviluppato dal Politecnico di Milano e dall'Università degli Studi di Milano. Analizzando milioni di

sequenze virali depositate su GISAID, il software riconosce variazioni genetiche anomale che possono indicare il passaggio del virus da una specie all'altra, come accaduto nell'ultimo anno con l'H5N1 nei bovini da latte negli Stati Uniti. Lo [studio](#), pubblicato sulla rivista *Science Advances*, mostra come l'intelligenza artificiale applicata alla genomica possa diventare un nuovo strumento di sorveglianza in ottica One Health.

Cos'è FluWarning: come riconosce i salti di specie dei virus influenzali

Lo studio nasce all'interno del PRIN PNRR 2022 – progetto SENSIBLE (*Small-data Early warNing System for viral pathogens In puBLic hEalth*), coordinato da **Anna Bernasconi**. Del team di ricerca fanno parte tre componenti del Dipartimento di Elettronica, Informazione e Bioingegneria (DEIB) del Politecnico di Milano, ovvero la responsabile di progetto Anna Bernasconi, il docente **Stefano Ceri** e il ricercatore **Tommaso Alfonsi**, e per l'Università degli Studi di Milano **Matteo Chiara**, docente del Dipartimento di Bioscienze.

FluWarning utilizza un metodo statistico per identificare sequenze virali che si discostano dal profilo genetico atteso. A seconda delle impostazioni, può essere usato per riconoscere singole sequenze anomale oppure gruppi di sequenze anomale. Il sistema, infatti, apprende quali sono le sequenze normali dei virus influenzali ed emette un'allerta ogni volta che il codice delle sequenze considerate appare significativamente diverso. Per ciascuna allerta, i virologi analizzano le sequenze corrispondenti e confermano, o smentiscono, la presenza di un salto di specie.

“Grazie alla sua semplice installazione e alla creazione di analisi che possono essere effettuate su specifiche località e periodi temporali, il software FluWarning ha il potenziale per essere utilizzato da molti laboratori o istituzioni di sorveglianza genomica a livello regionale, permettendo scoperte significative sia su piccola che su grande scala” osserva Anna Bernasconi. “Il sistema, infatti, è perfettamente operativo: può dare riscontro giorno per giorno di questi cambiamenti”.

[Leggi l'articolo](#)

Fonte: vet33