

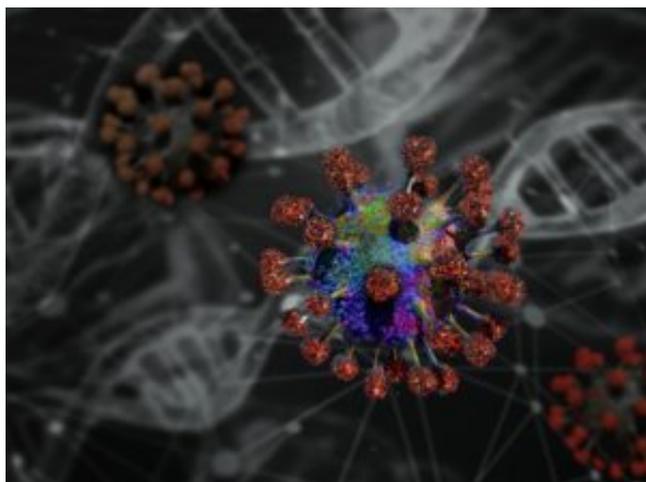


POLITECNICO
MILANO 1863



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI
DI MILANO

Su Nature Communication la ricerca del Politecnico e della Statale di Milano sui genomi ricombinanti del Covid e del vaiolo delle scimmie



Milano, 2 luglio 2024 - Contrastare le future pandemie attraverso l'analisi dei dati dei genomi ricombinanti dei virus. Uno studio pubblicato sulla prestigiosa rivista [Nature Communication](#) presenta i promettenti risultati di RecombinHunt, un nuovo metodo data-driven sviluppato dal Dipartimento di Elettronica, Informazione e Bioingegneria del Politecnico di Milano e dall'Università degli Studi di Milano, in grado di riconoscere, con grande precisione e efficienza computazionale, genomi ricombinanti di SARS-CoV-2 con uno o due punti di rottura.

La ricombinazione, cioè la composizione di due o più genomi virali per formare un nuovo genoma, è un efficiente meccanismo molecolare per l'evoluzione e l'adattamento dei virus.

Sulla spinta della pandemia Covid-19, sono stati proposti diversi metodi per rilevare genomi ricombinanti del virus SARS-CoV-2; tuttavia finora, nessuno è stato in grado di confermare fedelmente le analisi manuali degli esperti del settore.

RecombinHunt mostra un'elevata specificità e sensibilità, è più efficace di tutti gli altri metodi già sviluppati, e conferma fedelmente le analisi manuali degli esperti.

Il metodo, sviluppato nel contesto del PRIN PNRR 2022, progetto SENSIBLE (Small-data Early warNing System for viral pathogens In puBLic hEalth), inoltre identifica anche i genomi virali ricombinanti della recente epidemia di vaiolo delle scimmie con un'elevata concordanza con le analisi curate manualmente dagli esperti, suggerendo che l'approccio è robusto e può essere applicato a qualsiasi virus epidemico o pandemico, costituendo un importante strumento per contrastare future pandemie.

Il prof. Stefano Ceri rileva che “la ricerca è stata possibile grazie allo straordinario contributo di laboratori da tutto il mondo, che hanno reso disponibili alla comunità internazionale oltre 15 milioni di sequenze virali”. La dott.ssa Anna Bernasconi, responsabile del progetto SENSIBLE, osserva: “il nostro obiettivo è costruire strumenti di warning per anticipare e contrastare nuove epidemie e pandemie virali”.

“Lo studio dimostra come lo sviluppo di metodi computazionali innovativi ed efficienti ci consente di apprezzare in maniera più precisa e rigorosa l'evoluzione dei patogeni, e le eventuali implicazioni per la salute dell'uomo”, aggiunge il prof. Matteo Chiara, docente di Biologia Molecolare dell'Università degli Studi di Milano e co-responsabile del progetto SENSIBLE.

Allo studio ha contribuito il dott. Tommaso Alfonsi, che ha recentemente conseguito un dottorato “cum laude” in Ingegneria dell'Informazione, presentando questa e altre ricerche.