

COMUNICATO STAMPA

Influenza aviaria, da “FluWarning” l’allerta precoce sui salti di specie dei virus

Il sistema, messo a punto da ricercatori del Politecnico di Milano e dell’Università degli Studi di Milano, rileva i cambiamenti che possono indicare il passaggio da una specie all’altra e anticipare possibili epidemie

Milano, 20 novembre 2025 – Come monitorare i salti di specie nell’influenza aviaria? La risposta è **FluWarning**, un sistema digitale in grado di segnalare evoluzioni anomale dei virus influenzali, messo a punto da un team di ricerca del Politecnico di Milano e dell’Università degli Studi di Milano. Il sistema analizza il codice genetico dei virus influenzali, cercando cambiamenti sottili ma significativi che potrebbero indicare il passaggio da una specie animale all’altra (per esempio dagli uccelli al bestiame, o agli esseri umani), un processo noto come *spillover*.

Lo studio, pubblicato di recente sulla prestigiosa rivista **Science Advances**, è stato sviluppato nel contesto 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 di **FluWarning** fanno parte tre componenti del **DEIB - Dipartimento di Elettronica, Informazione e Bioingegneria** 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**.

Per lo studio sono stati utilizzati i dati di GISAID, piattaforma su cui vengono condivise sequenze virali e relativi metadati prodotti dai laboratori di tutto il mondo. **FluWarning è stato messo a punto usando i dati della pandemia di influenza suina H1N1 del 2009**, esempio ampiamente documentato di virus passato dagli animali agli esseri umani, ed è stato poi applicato anche all’influenza aviaria **H5N1**, un ceppo altamente patogeno diffuso tra gli uccelli e che nell’ultimo anno, negli Stati Uniti, ha cominciato a diffondersi anche nel bestiame.

Il sistema **utilizza un metodo statistico per riconoscere le anomalie**: a seconda delle impostazioni, può essere usato per riconoscere singole sequenze anomale oppure gruppi di sequenze anomale. **FluWarning** 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».

Nel biennio 2024–2025, **due genotipi di H5N1 sono stati collegati a focolai indipendenti negli Stati Uniti**, dove numerosi capi di bovini da latte sono risultati contagiati dall’influenza aviaria.

«*FluWarning* ha individuato cluster di attività virale in diversi Stati americani e in particolare in California, dove è stato dichiarato lo stato di emergenza il 18 dicembre 2024 per il rischio di contaminazione da aviaria nel bestiame. Sorprendentemente, **alcune allerte *FluWarning* sono apparse prima della pubblicazione dei rapporti ufficiali**. Il sistema ha inoltre rilevato mutazioni specifiche nel gene dell'emoagglutinina (HA), una proteina chiave che influisce sul modo in cui il virus infetta le cellule ospiti», afferma **Matteo Chiara**. Lo strumento è riuscito a monitorare l'evoluzione del virus e a identificare marcatori caratteristici dei ceppi californiani.

«*FluWarning* rappresenta un importante passo avanti verso una rilevazione più efficace dei cambiamenti virali che potrebbero rappresentare rischi per animali o esseri umani. **Rendendo questa tecnologia ampiamente accessibile, auspichiamo di contribuire a rafforzare la sorveglianza a livello globale** su un tema sanitario di impatto collettivo», conclude **Stefano Ceri**.

[QUI IL LINK ALLO STUDIO](#)

[QUI IL LINK ALLE IMMAGINI](#)

PER INFORMAZIONI:

POLITECNICO DI MILANO – Media Relations

Raffaella Turati | +39 3402652568 | relazionimedia@polimi.it

UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

Chiara Vimercati | +39 3316599310 | ufficiostampa@unimi.it