

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