



**POLITECNICO**  
MILANO 1863



**UNIVERSITÀ  
DEGLI STUDI  
DI MILANO**

## **RecombinHunt: prevedere le nuove pandemie attraverso l'analisi dei dati**

**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”.

**Media Relations**  
Politecnico di Milano  
Emanuele Sanzone  
T +39 02 2399 2443  
C. +39 331 648 0248  
relazionimedia@polimi.it

**Ufficio Stampa**  
**Università degli Studi di Milano**  
Chiara Vimercati - 331.6599310  
Glenda Mereghetti - 334.6217253 - 02.5031.2025  
Federica Baroni - 02.5031.2567 - 334.6561233  
ufficiostampa@unimi.it

"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 professor **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 ed altre ricerche.

Link allo studio <https://www.nature.com/articles/s41467-024-47464-5>.