

COMUNICATO STAMPA

13 OTTOBRE 2025

RICERCATORI ITALIANI SVILUPPANO SOFTWARE PER PREDIRE L'EVOLUZIONE E FACILITARE LA SCELTA DELLE VARIANTI DI SARS-CoV-2 DA USARE NEI VACCINI E FARMACI ANTI-COVID.

Grazie a un software basato sul fenomeno biologico dell'evoluzione convergente, ossia quel processo evolutivo in cui specie geneticamente diverse sviluppano caratteristiche simili perché si adattano a condizioni ambientali simili, un gruppo di ricercatori dell'AouP, del Politecnico di Milano e dell'INMI "Lazzaro Spallanzani" IRCCS di Roma, ha individuato il meccanismo per predire le varianti di SARS-CoV-2 alle quali adattare i nuovi vaccini e gli anticorpi monoclonali.

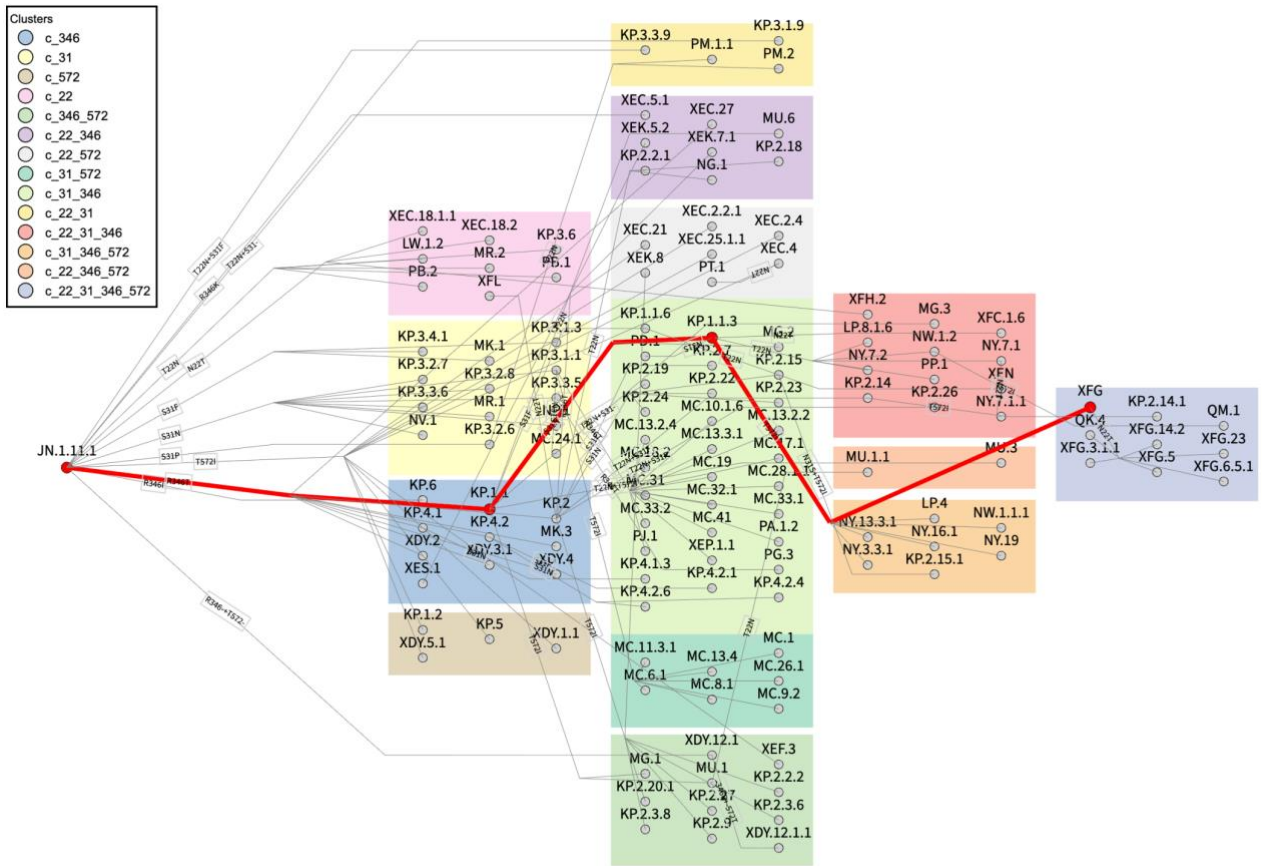
Il software si chiama ConvMut (abbreviazione di "Convergent Mutations") ed è stato sviluppato da un'idea portata avanti per anni da Daniele Focosi, ematologo e virologo dell'Azienda Ospedaliero-Universitaria Pisana, in collaborazione coi team di Fabrizio Maggi (Direttore Dipartimento di Epidemiologia, ricerca preclinica e diagnostica avanzata dell'Istituto Nazionale per le Malattie Infettive Lazzaro Spallanzani IRCCS Roma) e di Anna Bernasconi (Ricercatrice di Ingegneria Informatica del Politecnico di Milano). Da pochi giorni ConvMut è liberamente accessibile sulla piattaforma internazionale della GISAID Data Science Initiative (gisaid.org) per esplorare le mutazioni virali convergenti. ConvMut sfrutterà gli oltre 17 milioni di sequenze presenti in GISAID EpiCoV. Migliaia di laboratori in tutto il mondo condividono le loro sequenze virali e i metadati associati tramite GISAID per fornire informazioni in tempo reale sulle minacce virali circolanti.

"Oggi la pandemia di COVID-19 – dichiara **Daniele Focosi**, ematologo e virologo dell'Azienda Ospedaliero-Universitaria Pisana - grazie alle campagne vaccinali, è un problema sanitario ristretto fondamentalmente ai pazienti immunocompromessi. E, come fanno sempre i virus, anche SARS-CoV-2 sta continuando a mutare per adattarsi alla popolazione, richiedendo ogni anno l'aggiornamento dei vaccini che, finora, si basano sulla raccomandazione, da parte delle autorità regolatorie, di attenersi al ceppo dominante. Ma tra la scelta e la distribuzione del vaccino intercorrono molti mesi e spesso accade che il vaccino aggiornato non riesca a tenere il passo dell'evoluzione del virus SARS-CoV-2, di cui ad oggi sono stati definiti oltre 5000 sottotipi."

"Predire con mesi di anticipo quale tra questi sarà il ceppo "vincente" – aggiunge **Fabrizio Maggi**, Direttore Dipartimento di Epidemiologia, ricerca preclinica e diagnostica avanzata dell'Istituto Nazionale per le Malattie Infettive Lazzaro Spallanzani IRCCS Roma - permetterebbe invece di avere vaccini ancora più mirati e quindi più efficaci. A questo mira il software sviluppato in team fra Pisa, Roma e Milano, per predire quali caratteristiche (mutazioni) avrà nei mesi a venire la proteina Spike, bersaglio degli attuali vaccini anti-COVID".

"Il software (descritto nel [preprint](#) su BiorXiv) – spiega **Anna Bernasconi**, ricercatrice Tenure-track del Dipartimento di Elettronica, Informazione e Bioingegneria del Politecnico di Milano - compila automaticamente grafici di evoluzione convergente, che venivano fin qui curati manualmente, raggruppando i lignaggi per set di mutazioni che li accomunano (quasi sempre acquisiti in passaggi incrementali) e fornendo quasi in tempo reale informazioni sul numero di sequenze depositate".

ConvMut potrà rivelarsi utile non solo per migliorare i vaccini, ma anche adattare gli anticorpi monoclonali, spesso tra le poche terapie tollerabili dai fragili pazienti immunocompromessi. Predire l'evoluzione del virus può aiutare le aziende che producono monoclonali a focalizzare meglio i loro ingenti sforzi di ricerca e sviluppo, riducendone il tasso di fallimenti.



Generated using ConvMut (<https://doi.org/10.1101/2024.12.16.628620>) on 2025-10-10, data last updated on 2025-10-10

"Esempio di mappa generata in ConvMut: i nodi rappresentano lignaggi, le connessioni mutazioni convergenti e le aree colorate gruppi di lignaggi accomunati da simile convergenza. In rosso, la traccia evolutiva del lignaggio XFG ("Stratus") che sta dominando il picco di fine estate 2025; questa è il risultato di multipli step di evoluzione convergente."

PER INFORMAZIONI

Emanuela del Mauro – Ufficio stampa Azienda ospedaliero-universitaria pisana (AOUP) - +393356418734 – ufficio.stampa@ao-pisa.toscana.it

Emanuele Sanzone, Media Relations Politecnico di Milano, +39 3316480248, relazionimedia@polimi.it

Sebastiano Borzellino - Ufficio Comunicazione INMI L. Spallanzani - Tel. 0655170502 – 3338539756 - Sebastiano.borzellino@inmi.it