



# L'intelligenza artificiale può cambiare il futuro delle pandemie?

di **VERONICA LUPETTI**

Prevedere il futuro è un sogno antico quanto l'uomo. Dai tarocchi agli oroscopi, dal volo degli uccelli ai fondi di caffè, abbiamo sempre cercato espedienti in grado di aiutarci ad anticipare il futuro.

Oggi, però, abbiamo tra le mani uno strumento molto più concreto, che potrebbe essere in grado di prevedere **scientificamente** alcuni eventi. Stiamo parlando dell'**intelligenza artificiale**, che seppur controversa, potrebbe aiutarci a intuire le prossime mosse dei virus.

La pandemia da SARS-COV-2 ci ha insegnato, nel modo forse più brutale possibile, quanto i virus siano imprevedibili e quanto questa imprevedibilità possa renderci vulnerabili.

**L'intelligenza artificiale può, quindi, diventare uno strumento utile per affrontare pandemie e altre emergenze sanitarie.**

## IL BACKGROUND – I VIRUS E LE PANDEMIE

I virus sono microrganismi strutturalmente estremamente semplici, ma altrettanto complessi da gestire. Sono costituiti essenzialmente dal genoma virale (DNA o RNA) racchiuso in un involucro proteico, che ha la duplice funzione di proteggere l'informazione genetica e di mediare l'ingresso del virus nella cellula ospite.

La loro peculiarità, che li pone al limite della definizione di esseri viventi, è la totale dipendenza dalla cellula ospite per la loro replicazione, che li costringe a sfruttare l'apparato biosintetico della cellula ospite per potersi replicare.

**Conoscendo la loro semplicità strutturale, non sorprende che siano capaci di evolversi molto rapidamente.**

I loro elevati tassi evolutivi sono attribuiti alle grandi dimensioni delle popolazioni virali, ai brevi tempi di replicazione e agli alti tassi di mutazione dei virus. I virus a RNA, in particolare, risultano generalmente più variabili rispetto a quelli a DNA. Questo perché, per molti di loro, la replicazione si basa su RNA polimerasi RNA-dipendenti (RdRp), enzimi virali che non possiedono attività di correzione degli errori. Questo significa che ogni replicazione è più soggetta a errori, e dunque a mutazioni.

Alcune di queste mutazioni potrebbero poi risultare vantaggiose per i virus, permettendo loro di sviluppare nuove varianti capaci di eludere le difese immunitarie dell'ospite. Questo rappresenta un grosso ostacolo allo sviluppo di farmaci antivirali e vaccini, motivo per cui virus soggetti a cambiamenti repentini sono i principali responsabili di pandemie e malattie difficilmente trattabili.

## TRADIZIONALI METODI DI SORVEGLIANZA E CONTROLLO DELLA DIFFUSIONE VIRALE

La sorveglianza delle malattie infettive, comprese quelle virali, è alla base degli interventi di prevenzione e controllo ed è tipicamente affrontata a posteriori, con un approccio reattivo.

In Italia è regolata dal decreto 1265 del 27/7/1934 e sue successive modifiche, secondo cui il medico è tenuto a segnalare casi sospetti o accertati di malattia infettiva. Una volta accertato il caso, si attuano le dovute misure contumaciali quali l'isolamento, la quarantena o la sorveglianza sanitaria, al fine di circoscrivere il focolaio infettivo.

Questo sistema però agisce e lavora sempre a posteriori. Le misure preventive, come l'impiego di adeguate misure igieniche e la vaccinazione, sono sì fondamentali, ma a volte insufficienti.

**In sostanza, quindi, le tecniche di monitoraggio sono lente e reattive, in netto contrasto con la rapidità della diffusione dei virus.**

## COSA ABBIAMO IMPARATO DALLA PANDEMIA SARS-COV-2

La pandemia di SARS-COV-2 è stata indubbiamente un evento drammatico e sconvolgente, ma ha generato anche un'eredità scientifica preziosa. "Grazie" ad essa, infatti, possiamo contare su una quantità elevatissima di dati raccolti, che permettono di studiare l'evoluzione dei virus dettagliatamente. Questi dati consentono di allenare e istruire l'intelligenza artificiale nel conoscere l'evoluzione dei virus e prevedere le loro prossime mosse. **I ricercatori hanno a disposizione circa 17 milioni di sequenze da poter usare per questo processo e si sono già messi all'opera.**

## L'AI – COSA PUÒ FARE PER NOI?

A volte percepiamo l'intelligenza artificiale come una seconda "pandemia" di questo decennio, per via della sua rapida diffusione e dell'enorme impatto che ha sulla società, quasi al pari del SARS-COV-2. Ma cosa potrebbe succedere se queste due "pandemie" si incontrassero per realizzare uno strumento vantaggiosissimo?

I ricercatori vedono nell'unione tra le capacità dell'AI e i dati provenienti dagli studi riguardo il SARS-COV-2 la possibilità di individuare uno strumento per la previsione dei virus.

**La previsione dell'evoluzione virale permetterebbe, in teoria, di progettare vaccini e trattamenti antivirali in anticipo.**

Al momento, sono diversi gli strumenti AI sviluppati per la previsione della struttura proteica. Tra i più noti ci sono AlphaFold, creato da DeepMind, e ESMFold ed ESM-2, sviluppati da Meta, che hanno dato una spinta enorme alla ricerca nel campo.



## ALCUNI MODELLI SVILUPPATI

Sono diversi i modelli sviluppati da vari gruppi di ricerca che si stanno muovendo verso la scoperta del "futuro dei virus".

Un modello è **EVEscape**, sviluppato dal gruppo di ricerca guidato dalla Prof.ssa Debora Marks della Harvard Medical School. EVEscape permette di prevedere in anticipo quali mutazioni virali hanno maggiori probabilità di permettere al virus di sfuggire alla risposta immunitaria.

Il modello è stato utilizzato per progettare 83 possibili versioni della proteina spike del SARS-COV-2, la proteina utilizzata dal virus per infettare le cellule. Queste riproduzioni della proteina spike sono riuscite a sfuggire agli anticorpi prodotti da persone vaccinate o infettate con le varianti in circolazione e potrebbero quindi essere utilizzate per studiare e testare futuri vaccini per SARS-COV-2.

Punto di forza di EVEscape è che richiede solo informazioni disponibili all'inizio di una pandemia, prima che si disponga di grandi quantità di dati. Questo garantisce un grosso vantaggio temporale, permettendo di avere più tempo per lo sviluppo di vaccini o farmaci.

Altro punto a favore sta nella versatilità di EVEscape, applicabile anche nello studio dell'evoluzione di altri virus come per esempio dell'HIV o dell'influenza.

Altri ricercatori hanno usato ESM-2 per creare un modello chiamato **CoVFit**, in grado di prevedere la fitness relativa delle varianti di SARS-COV-2. Si tratta del gruppo di ricerca guidato dal Prof. Sato Kyto del The Institute of Medical Science (University of Tokyo).

Il team ha addestrato il modello sui dati delle varianti fino all'agosto 2022 e in tal modo è riuscito a prevedere il miglioramento della fitness di alcune varianti dopo quella data, tra cui XBB5, una nuova variante che ha preso piede più tardi nello stesso anno.

## COSA CI ASPETTIAMO IN FUTURO?

La maggior parte dei modelli attuali si limita a comprendere gli effetti di piccoli cambiamenti, ma in teoria i virus hanno uno spazio di manovra quasi infinito per evolversi. L'obiettivo rimane sicuramente quello di riuscire a capire quanto spazio c'è per l'evoluzione di un virus in tempi molto brevi, appena dopo la sua individuazione nelle persone.

## FONTI

- Mallapaty, S., 2025. [What will viruses do next? AI is helping scientists predict their evolution](#). *Nature*, 637(8046), pp.527–528.
- Murray, P.R., Rosenthal, K.S. & Pfaller, M.A., 2017. *Microbiologia medica*. 8a ed. Milano: Edra Masson.
- Peck, K.M. & Luring, A.S., 2018. [Complexities of viral mutation rates](#). *Journal of Virology*, 92(14), e0103117.
- Auxilia, F. & Pontello, M., 2011. *Igiene e sanità pubblica: i fondamenti della prevenzione*. Padova: Piccin Nuova Libreria
- Thadani, N.N., Gurev, S., Notin, P., Youssef, N., Rollins, N.J., Ritter, D., Sander, C., Gal, Y. & Marks, D.S., 2023. [Learning from prepandemic data to forecast viral escape](#). *Nature*, 622(7983), pp.818–825.
- Callaway, E., 2023. [How AlphaFold and other AI tools could help us prepare for the next pandemic](#). *Nature*, 622(7981), pp.440–441.
- Ito, J., Strange, A., Liu, W., Joas, G., Lytras, S., [The Genotype to Phenotype Japan \(G2P-Japan\) Consortium & Sato, K., 2025. A protein language model for exploring viral fitness landscapes](#). *Nature Communications*, 16, 4236.

Rubrica a cura di **Generazione Stem**

## BIOGRAFIA AUTRICE

**Veronica Lupetti** si è laureata in Farmacia nel 2020 con una tesi sperimentale in microbiologia. Da questa esperienza è nato un forte interesse per la ricerca scientifica, che l'ha portata a proseguire la carriera accademica con un dottorato in Scienze Biomolecolari e Farmaceutiche, affiancato da un secondo percorso di studi in Chimica e Tecnologia Farmaceutiche.

Negli anni ha partecipato ad attività di terza missione accademica, avvicinandosi alla divulgazione scientifica come strumento per comunicare al pubblico la sua passione per la scienza.

Inizia così un percorso parallelo di divulgazione scientifica, collaborando con realtà quali Generazione Stem e Microbiologia Italia, per le quali scrive articoli divulgativi e contenuti per i social, anche attraverso il suo account Instagram [@vero\\_in\\_petri](#).