

# Sommario Rassegna Stampa

Pagina	Testata	Data	Titolo	Pag.
<b>Rubrica</b>	<b>Politecnico - Stampa Internazionale</b>			
	Medicalxpress.com	23/11/2020	<i>DISCOVERING THE SECRETS OF VIRAL SEQUENCES IN COVID-19</i>	2
	Sciencebusiness.net	23/11/2020	<i>POLITECNICO DI MILANO SEARCH ENGINE FOR VIRAL SEQUENCES HELPS DEVELOPMENT OF EIT DIGITAL PROJECT</i>	5
	NACH-WELT.COM	24/11/2020	<i>FORSCHER ENTWICKELN EINE NEUE SUCHMASCHINE ZUR UNTERSUCHUNG VIRALER SEQUENZEN IN COVID-19</i>	7
	THECOALFACE.NET.AU	24/11/2020	<i>RESEARCHERS DEVELOP NEW SEARCH ENGINE TO INVESTIGATE VIRAL SEQUENCES IN COVID-19 NEWS-MEDICAL.NET</i>	10
	Sciencecodex.com	23/11/2020	<i>COVID19 A RESEARCH OF POLITECNICO DI MILANO DISCOVERING THE SECRETS OF VIRAL SEQUENCES</i>	12
<b>Rubrica</b>	<b>Dicono di Noi - Online</b>			
	Askanews.it	23/11/2020	<i>COVID-19, DA POLIMI UN MOTORE DI RICERCA CHE SVELA MUTAZIONI VIRUS</i>	14
	Regione.Vda.it	23/11/2020	<i>COVID: MOTORE DI RICERCA SVELA COME CAMBIA IL CORONAVIRUS</i>	16
	MIANEWS.IT	23/11/2020	<i>POLITECNICO, CON VIRUSURF UN MOTORE DI RICERCA PER SVELARE COME CAMBIA IL GENOMA</i>	17
	It.Notizie.Yahoo.com	23/11/2020	<i>COVID-19, DA POLIMI UN MOTORE DI RICERCA CHE SVELA MUTAZIONI VIRUS</i>	19
	Italicom.net	23/11/2020	<i>VIRUSURF UN MOTORE DI RICERCA SVELA COME CAMBIA IL GENOMA DEL VIRUS RESPONSABILE DELLA PANDEMIA</i>	21
	Abruzzolive.it	23/11/2020	<i>STUDI SUL CORONAVIRUS: ARRIVA VIRUSURF, IL NUOVO MOTORE DI RICERCA CHE SVELA COME CAMBIA IL VIRUS</i>	23
	Milanopavia.news	23/11/2020	<i>NASCE VIRUSURF, IL PRIMO GRANDE MOTORE DI RICERCA ONLINE PER LE MUTAZIONI DEL COVID</i>	24
	Mitomorrow.it	23/11/2020	<i>COVID, IL MOTORE DI RICERCA ITALIANO CHE AIUTA LA RICERCE</i>	25
	TecnoMedicina.It	23/11/2020	<i>COVID-19: UNA RICERCA DEL POLITECNICO DI MILANO PER SCOPRIRE I SEGRETI DELLE SEQUENZE VIRALI</i>	28
	LeScienze.It	23/11/2020	<i>COVID 19 - UNO STUDIO DEL POLITECNICO DI MILANO PER CAPIRE I SEGRETI DELLE SEQUENZE VIRALI</i>	30
	Okmedicina.it	23/11/2020	<i>COVID, UN MOTORE DI RICERCA SVELA I CAMBIAMENTI NEL GENOMA DEL VIRUS</i>	31
	Ilfogliettone.it	23/11/2020	<i>COVID-19, DA POLIMI UN MOTORE DI RICERCA CHE SVELA MUTAZIONI VIRUS</i>	33
	Laboratoriopoliziademocratica.blogspot.it	23/11/2020	<i>COVID: MOTORE DI RICERCA VIRUSURF SVELA COME CAMBIA IL GENOMA</i>	35
	Scienzeonline.net	26/11/2020	<i>COVID 19 - UNO STUDIO DEL POLITECNICO DI MILANO PER CAPIRE I SEGRETI DELLE SEQUENZE VIRALI</i>	36
	News-Medical.net	23/11/2020	<i>I RICERCATORI SVILUPPANO IL NUOVO MOTORE DI RICERCA PER STUDIARE LE SEQUENZE VIRALI IN COVID-19</i>	38
	Zazoom.it	23/11/2020	<i>COVID-19 / DA POLIMI UN MOTORE DI RICERCA CHE SVELA MUTAZIONI VIRUS</i>	40
<b>Rubrica</b>	<b>Dicono di Noi - Stampa Locale</b>			
5	Metropolis	24/11/2020	<i>UN MOTORE DI RICERCA STUDIA LE MUTAZIONI</i>	41
<b>Rubrica</b>	<b>Dicono di Noi - Segnalazioni Audio-Video</b>			
19:00	Web on demand	23/11/2020	<i>MILANOPAVIA TV (Ora: 19:00:00 Min: 2:17)</i>	42

[Week's top](#)   [Latest news](#)   [Unread news](#)   [Subscribe](#)

[Home](#) / [Diseases, Conditions, Syndromes](#)  
[Home](#) / [Health informatics](#)

Share

NOVEMBER 23, 2020

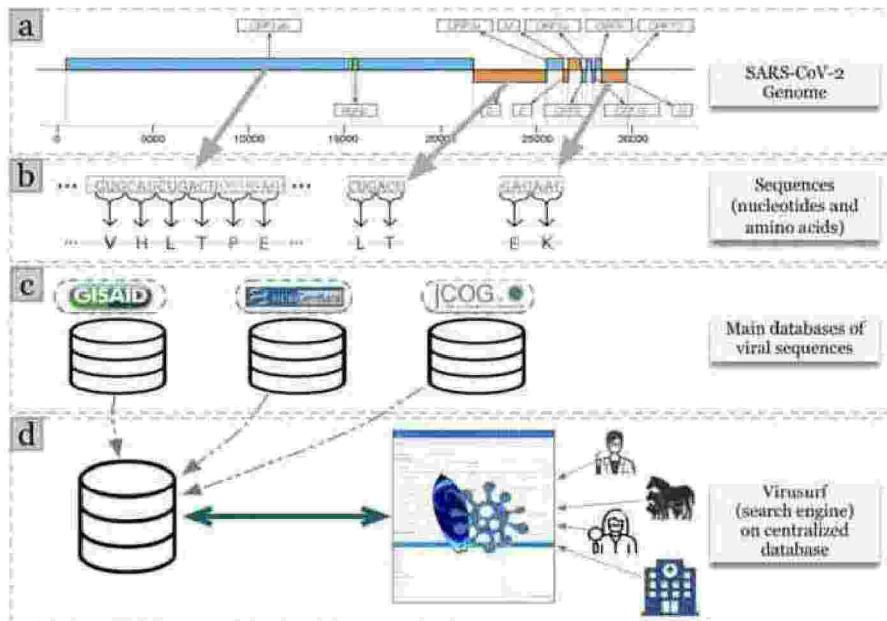
Twit

## Discovering the secrets of viral sequences in COVID-19

by Politecnico di Milano

Share

Email



From the SARS-CoV-2 genome (a) sequences of nucleotides and amino acids are extracted (b); se...

Since the beginning of 2020, labs from all around the world have been sequencing the material from positive tests of people affected by COVID-19 and then depositing sequences mostly to three points of collection: GenBank, COG-UK, and GISAID. Rapid exploration of this huge amount of data is important for understanding how the genome of the virus is changing. For enabling fast 'surfing' over this data, the research group at Politecnico di Milano led by Prof. Stefano Ceri has developed Virusurf, a search engine operating on top of a centralized database stored at Politecnico. The database is periodically reloaded from the three sources and as of today contains 200,516 sequences of SARS-CoV-2, the virus causing COVID-19, and 33,256 sequences of other viral species also associated with epidemics affecting humans, such as SARS, MERS, Ebola, and Dengue.

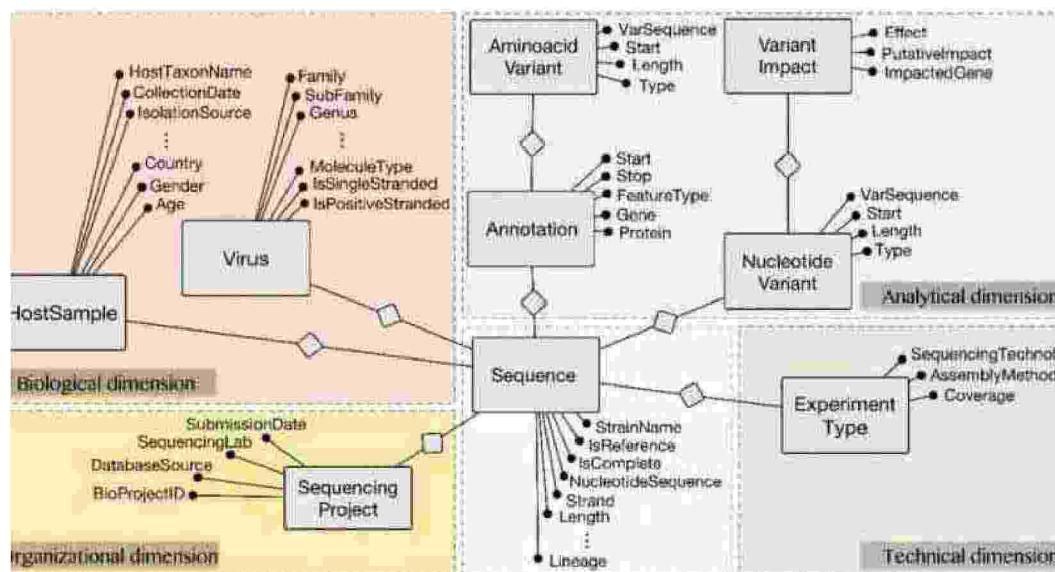
Every sequence is described from four perspectives: the biological features of the virus and the host, the sequencing technology, the project that has produced the original data, the

Ritaglio stampa ad uso esclusivo del destinatario, non riproducibile.

mutations of the whole sequence of nucleotides and of gene-specific amino acids. The advantage provided by ViruSurf is the use of an algorithm for computing viral mutations homogeneously across sources, using cloud computing. The database is optimized for giving quick responses to the search engine surfers.

Among the future developments of ViruSurf, the most important, funded by a six-month-long project by EIT Digital, is a bio-informatic service for ingesting new viral sequences, which highlights the presence of viral mutations associated with enhanced or reduced severity and virulence as they are discovered. Used in clinics, particularly with a less acute pandemics spreading, it will support the addition of critical information to the patient health record; other uses will be possible in the context of animal farming or of the food chain. The system will soon allow the tracing of epitopes—amino acid sequences that are used in vaccine design—for instance to associate epitopes with mutations of the virus that could be present in given countries of the world and that could affect vaccine.

"In the GeCo project, financed by the European Research Council, we had already developed a search engine for datasets describing the human genome, called GenoSurf; at the beginning of the pandemic, there was no such system for viral sequences. To better understand its requirements, we interviewed about twenty expert virologists from all over the world. The result is a user-friendly system: any researcher can connect to it and perform queries, for instance, about when a viral mutation started and how it has spread in the world," says Stefano Ceri, the project leader. The article is published on a high relevance journal, *Nucleic Acids Research*, in the database issue that every year collects the descriptions of the most significant biological databases. The article is authored also by Pietro Pinoli, algorithm designer, Arif Canakoglu, software architect, Anna Bernasconi, data designer, Tommaso Alfonsi, designer of the data loading pipeline, and Damianos P. Melidis from L3S (Hannover), author of some algorithms.



Schema of the integrated database. Viral sequences are described by their biological dimension (t...)

[Explore further](#)

Follow the latest news on the coronavirus (COVID-19) outbreak

**More information:** Arif Canakoglu et al, ViruSurf: an integrated database to investigate viral sequences, *Nucleic Acids Research* (2020). DOI: [10.1093/nar/gkaa846](https://doi.org/10.1093/nar/gkaa846)

**Journal information:** *Nucleic Acids Research*

Provided by Politecnico di Milano

shares

Facebook

Twitter

Email

Feedback to editors

## Related Stories



**Key patient insights the missing link in understanding COVID-19 and its mutations**

NOV 16, 2020



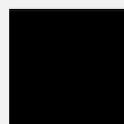
**The coronavirus genome is like a shipping label that lets epidemiologists track where it's been**

APR 27, 2020



**Children's Hospital Los Angeles conducts largest pediatric genomic COVID-19 study to date**

NOV 20, 2020



**Here's how scientists are tracking the genetic evolution of COVID-19**

APR 07, 2020



**Nigerian scientists have identified seven lineages of SARS-CoV-2: Why it matters**

SEP 07, 2020



**Coronavirus mutations show early safety measures and restrictions limited viral spread**

OCT 22, 2020

## Recommended for you



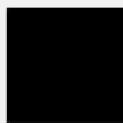
**Study involving seven children's hospitals shows COVID-19 typically mild in children**

45 MINUTES AGO



**Antibodies to SARS-CoV-2 are detected up to 3 months after infection**

4 HOURS AGO



**What do slight arm movements reveal about our breathing and health?**

1 HOUR AGO



**COVID-19 cases could nearly double before Biden takes office: study**

6 HOURS AGO



**A sulfur molecule to block the coronavirus**

2 HOURS AGO



**US approves Regeneron antibody treatment given to Trump**

NOV 22, 2020

165929

## The Network

The unique forum convening public and private sector leaders for networking, intelligence and debates on research and innovation.

[More info »](#)


## Most Read

1. Horizon Europe gets extra €4B, as intense budget talks end
2. HORIZON BLOG: Research and innovation in the next EU budget
3. Trinity College Dublin's CONNECT research centre launches €2M 'Open Ireland' to accelerate telecoms research
4. Exclusive: A look inside the last days of Mauro Ferrari at the European Research Council
5. LIVE BLOG: R&D response to COVID-19 pandemic (Archived)

This site requires JavaScript to work correctly. Please enable Javascript and reload the page.

24 Nov 2020 | [Network Updates](#) | Update from [Politecnico di Milano](#)

*These updates are republished press releases and communications from members of the Science|Business Network*

## Politecnico di Milano search engine for viral sequences helps development of EIT Digital project

By [Communication from Politecnico di Milano](#)



The search engine ViruSurf discloses the changes of the genome of the virus responsible for the pandemics.

Since the beginning of 2020, labs from all around the world are sequencing the material from positive tests of people affected by COVID-19 and then depositing sequences mostly to three points of collection: GenBank, COG-UK, and GISAID. A fast exploration of this huge amount of data is important for understanding how the genome of the virus is changing. For enabling fast "surfing" over this data, the research group of Politecnico di Milano led by Prof. Stefano Ceri has developed ViruSurf (<http://gmql.eu/virusurf>), a search engine operating on top of a centralized database stored at Politecnico. The database is periodically reloaded from the three sources and as of today contains 200,516 sequences of SARS-CoV-2, the virus causing COVID-19, and 33,256 sequences of other viral species also associated to epidemics affecting humans, such as SARS, MERS, Ebola, and Dengue.

Every sequence is described from four perspectives: the biological features of the virus and the host, the sequencing technology, the project that has produced the original data, the mutations of the whole sequence of nucleotides and of gene-specific amino acids. The advantage provided by ViruSurf is the use of an algorithm for computing viral mutations homogeneously across sources, using cloud computing. The database is optimized for giving quick responses to the search engine surfers.

Among the future developments of ViruSurf, the most important, funded by a six-month-long project by EIT Digital, is a bio-informatic service for ingesting new viral sequences, which highlights the presence of viral mutations associated with enhanced or reduced severity and virulence as they are discovered. Used in clinics, particularly with a less acute pandemics spreading, it will support the addition of critical information to the patient health record; other uses will be possible in the context of animal farming or of the food chain. The system will soon allow the tracing of epitopes – amino acid sequences that are used in vaccine design – for instance to associate epitopes with mutations of the virus that could be present in given countries of the world and that could affect vaccine.

"In the GeCo project, financed by the European Research Council, we had already developed a search engine for datasets describing the human genome, called GenoSurf; at the beginning of the pandemic, there was no such system for viral sequences. To better understand its requirements, we interviewed about twenty expert virologists from all over the world. The result is a user-friendly system: any researcher can connect to it and perform queries, for instance, about when a viral mutation started and how it has spread in the world"—says Stefano Ceri, the project leader. The article is published on a high relevance journal, *Nucleic Acids Research* (<https://doi.org/10.1093/nar/gkaa846>), in the database issue that every year collects the descriptions of the most significant biological databases. The article is

## Get the free Science|Business newsletter

Science|Business



journalists track important R&D policy news across the globe - including the EU Horizon programme, COVID-19, AI and climate.

Get the twice-weekly newsletter.

Register now!

Advertisement

## Network Updates

*These updates are republished press releases and communications from members of the Science|Business Network*

[Politecnico di Milano](#) search engine for viral sequences helps development of EIT Digital project

24 Nov 2020 | [Politecnico di Milano](#)

ATTRACT: Esade professor reflects on how to bridge big science, deep tech, and startups

24 Nov 2020 | ATTRACT

University of Birmingham awarded £1.3M by UKRI for creation of sustainable energy systems across Latin America

24 Nov 2020 | University of Birmingham

University College London: UK companies face £1.6B loss without post-Brexit data agreement

24 Nov 2020 | University College

London

**Five DESY projects to receive €48M from EU innovation funds**

24 Nov 2020 | Deutsches Elektronen-Synchrotron (DESY)

[More Network Updates »](#)

authored also by Pietro Pinoli, algorithm designer, Arif Canakoglu, software architect, Anna Bernasconi, data designer, Tommaso Alfonsi, designer of the data loading pipeline, and Damianos P. Melidis from L3S (Hannover), author of some algorithms.

*This article was first published on 23 November by Politecnico di Milano.*[Politecnico di Milano](#)[Coronavirus](#)[EIT Digital](#)[European Research Council](#)

Advertisement

**Follow us on Twitter** [@scibus](#)

Tweets by scibus

Never miss an update from Science | Business:

[Newsletter sign-up](#)**Related News**

**ATTRACT: Esade professor reflects on how to bridge big science, deep tech, and startups**  
24 Nov 2020

**University of Birmingham awarded £1.3M by UKRI for creation of sustainable energy systems across Latin America**  
24 Nov 2020

**University College London: UK companies face £1.6B loss without post-Brexit data agreement**  
24 Nov 2020

**Five DESY projects to receive €48M from EU innovation funds**  
24 Nov 2020

[The Network](#) [News](#) [Focus Areas](#) [Events](#) [Reports](#) [Consultancy](#) [Advertising](#) [About Us](#) [Contact](#)**SCIENCE|BUSINESS®**

Privacy | T&amp;Cs | © 2020 Science|Business

**Ritaglio stampa ad uso esclusivo del destinatario, non riproducibile.**


**Nach Welt**

NACHRICHTEN

UNTERHALTUNG

GESUNDHEIT

SPORT

TECHNIK

WELT

WIRTSCHAFT

Q



Rezensiert von Emily Henderson, B.Sc.23.

November 2020

Search...

Seit Anfang 2020 sequenzieren Labore aus der ganzen Welt das Material aus positiven Tests von Menschen, die von COVID-19 betroffen sind, und hinterlegen Sequenzen hauptsächlich an drei Sammelstellen: GenBank, COG-UK und GISAID.

Eine schnelle Untersuchung dieser riesigen Datenmenge ist wichtig, um zu verstehen, wie sich das Genom des Virus verändert.

Um ein schnelles "Surfen" über diese Daten zu ermöglichen, hat die von Prof. Stefano Ceri geleitete Forschungsgruppe von Politecnico di Milano ViruSurf entwickelt, eine Suchmaschine, die auf einer bei Politecnico gespeicherten zentralen Datenbank arbeitet.

Die Datenbank wird regelmäßig aus den drei Quellen neu geladen und enthält ab heute 200.516

**RECENT POSTS**

[West Virginia wird Western Kentucky im Crossover Classic Championship Game spielen](#)

[Die Landwirte erreichen die Grenze zu Delhi. Die Polizei versucht, 9 Stadien in Gefängnisse umzuwandeln: Neueste Updates](#)

[Irreversibel heißeres und trockeneres Klima über](#)

Ritaglio stampa ad uso esclusivo del destinatario, non riproducibile.

Sequenzen von SARS-CoV-2, dem Virus, das COVID-19 verursacht, und 33.256 Sequenzen anderer Virusarten, die ebenfalls mit Epidemien in Verbindung stehen, die Menschen betreffen, wie SARS, MERS, Ebola und Dengue.

Jede Sequenz wird aus vier Perspektiven beschrieben: den biologischen Merkmalen des Virus und des Wirts, der Sequenzierungstechnologie, dem Projekt, das die Originaldaten erstellt hat, den Mutationen der gesamten Sequenz von Nukleotiden und genspezifischen Aminosäuren.

Der Vorteil von ViruSurf ist die Verwendung eines Algorithmus zur quellenübergreifenden Berechnung viraler Mutationen mithilfe von Cloud Computing. Die Datenbank ist für schnelle Antworten auf Suchmaschinen-Surfer optimiert.

Unter den zukünftigen Entwicklungen von ViruSurf ist die wichtigste, die durch ein sechsmonatiges Projekt von EIT Digital finanziert wird, ein bioinformatischer Dienst zur Aufnahme neuer Virussequenzen, der das Vorhandensein von Virusmutationen hervorhebt, die mit einem erhöhten oder verringerten Schweregrad verbunden sind Virulenz, wie sie entdeckt werden.

Wird in Kliniken verwendet, insbesondere bei weniger akuten Pandemien, unterstützt es das Hinzufügen kritischer Informationen zur Patientenakte. Andere Verwendungen werden im Rahmen der Tierhaltung oder der Nahrungskette möglich sein.

Das System wird in Kürze die Rückverfolgung von Epitopen ermöglichen – Aminosäuresequenzen, die beim Impfstoffdesign verwendet werden -, um beispielsweise Epitope mit Mutationen des Virus zu assoziieren, die in bestimmten Ländern der Welt vorhanden sein und den Impfstoff beeinflussen könnten.

"Im GeCo-Projekt, das vom Europäischen Forschungsrat finanziert wurde, hatten wir bereits eine Suchmaschine für Datensätze entwickelt, die das menschliche Genom beschreiben, GenoSurf. Zu Beginn der Pandemie gab es kein solches System für virale Sequenzen.

*Um die Anforderungen besser zu verstehen, haben wir etwa zwanzig erfahrene Virologen aus der ganzen Welt befragt. Das Ergebnis ist ein benutzerfreundliches System: Jeder Forscher kann sich mit ihm verbinden und Abfragen durchführen, beispielsweise darüber, wann eine virale Mutation begonnen hat und wie sie sich in der Welt verbreitet hat."*

Stefano Ceri, Professor und Projektleiter, Politecnico di Milano

Der Artikel wird in einer hochrelevanten Zeitschrift veröffentlicht. Nukleinsäureforschung, in der Datenbankausgabe, die jedes Jahr die Beschreibungen der wichtigsten biologischen Datenbanken sammelt.

Quelle:

Zeitschriftenreferenz:

Innerostasien

Die Global Cord Blood

Corporation (NYSE: CO)

legte in 6 Monaten um

49,22% zu – Folgendes

geschieht als Nächstes

Oregon vs. Oregon State

Quoten, Linie: 2020 College

Football Picks, Vorhersagen

für Woche 13 nach

bewährten Modellen



Web Hosting

Cabinet Stomatologic Bacau

Book Store Online

Cosplay

Online toys

Sales

Fresh Store Online

Madalina Ghenea

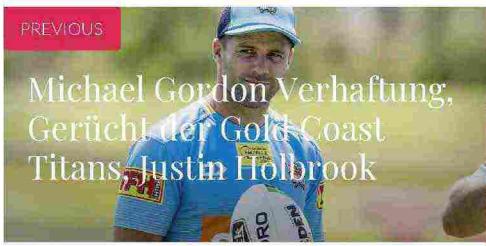
Nouvelles

Canakoglu, A, et al. (2020) ViruSurf: Eine integrierte Datenbank zur Untersuchung viraler Sequenzen. *Nukleinsäureforschung*. doi.org/10.1093/nar/gkaa846.

Share this:



» Forschung, Genom, Impfstoff, Nukleotide, SARS-CoV-2, Virus



PREVIOUS

Michael Gordon Verhaftung,  
Gerücht der Gold Coast  
Titans, Justin Holbrook



NEXT

Der lokale Tourismus hält  
das Junk-Boot „Symbol of  
Hong Kong“ über Wasser –  
News

## Leave a Comment

(This comment was saved in your browser)

Name \*

Email \*

Website

Save my name, email, and website in this browser for the next time I comment.

**POST COMMENT**

This site uses Akismet to reduce spam. [Learn how your comment data is processed](#).

[Nachrichten](#)

[Noticias](#)

[news directory](#)

[Memesita](#)

[Tele archives](#)

[Live Feeds](#)

[news list](#)

[net archyves](#)

[uk news archyves](#)

[News today](#)

[archy news](#)

[Sport News](#)

[Rusia News](#)

[world today news](#)

[world news](#)

[news](#)

## TAGS

[aktuelle Nachrichten](#) [Allgemeine](#)

[Nachrichten Amerika](#) [Asien /](#)  
[Pazifik](#) [Australien](#) [Bilder](#) [China](#)

## Coronavirus

[COVID-19](#) [Donald Trump](#)

[Epidemien](#) [Europa](#) [Frankreich](#) [frei](#)

[Fußball](#) [Geschäft](#) [Gesundheit](#)  
[Gesundheit / Medizin](#) [hochladen](#)  
[Infektionskrankheiten](#)

[Kamerahandy](#) [Kanada](#)

[Krankheiten](#) [Kultur](#)

## Nachrichten

[Ozeanien](#)

[Pandemie](#) [Politik](#) [Premier League](#)

[Regierung / Politik](#) [Schwellenländer](#)

[Sport](#) [Technologie](#) [teilen](#) [tägliche](#)

[Post](#) [UNS](#) [Unternehmen](#)

[Vereinigte Staaten](#) [Video](#)

[Video](#) [Telefon](#) [Welt](#) [wetter](#)

[Wichtige Neuigkeiten](#) [Wirtschaft](#)

[Wissenschaft](#)


[LOCAL NEWS](#) [MINING](#) [SPORT](#) [COMMUNITY](#) [COVID-19](#) [ENTERTAINMENT](#) [EDITIONS](#) [CLASSIFIEDS](#) [CONTACT](#)
**NATIONAL**

# Researchers develop new search engine to investigate viral sequences in COVID-19 – News-Medical.Net

Since the beginning of 2020, labs from all around the world are sequencing the material from positive tests of people affected by COVID-19 and then depositing sequences...



Published 3 days ago on November 24, 2020

By [@theCoalFace](#)

Reviewed by Emily Henderson, B.Sc.Nov 23 2020



Since the beginning of 2020, labs from all around the world are sequencing the material from positive tests of people affected by COVID-19 and then depositing sequences mostly to three points of collection: GenBank, COG-UK, and GISAID.



A fast exploration of this huge amount of data is important for understanding how the genome of the virus is changing. For enabling fast “surfing” over this data, the research group of Politecnico di Milano led by Prof....



[Click here to view the original article.](#)

**RELATED TOPICS:** #AUSTRALIA #NEWS-MEDICAL.NET

**YOU MAY LIKE**

**South Australia on standby for dangerous fire conditions as temperatures soar, records could break in NSW – 9News**

**A Trump concession is becoming less relevant – Sydney Morning Herald**



**Misbehaviour: Director Philippa Lowthorpe on revolutions, reunions and that ‘uncomfortable’ bum**



Copyright © TheCoalFace | [Disclaimer](#)

Ritaglio stampa ad uso esclusivo del destinatario, non riproducibile.

165929

# COVID19 A research of Politecnico di Milano discovering the secrets of viral sequences

Since the beginning of 2020, labs from all around the world are sequencing the material from positive tests of people affected by COVID-19 and then depositing sequences mostly to three points of collection: GenBank, COG-UK, and GISAID. A fast exploration of this huge amount of data is important for understanding how the genome of the virus is changing. For enabling fast "surfing" over this data, the research group of Politecnico di Milano led by Prof. Stefano Ceri has developed ViruSurf, a search engine operating on top of a centralized database stored at Politecnico. The database is periodically reloaded from the three sources and as of today contains 200,516 sequences of SARS-CoV-2, the virus causing COVID-19, and 33,256 sequences of other viral species also associated to epidemics affecting humans, such as SARS, MERS, Ebola, and Dengue.

Every sequence is described from four perspectives: the biological features of the virus and the host, the sequencing technology, the project that has produced the original data, the mutations of the whole sequence of nucleotides and of gene-specific amino acids. The advantage provided by ViruSurf is the use of an algorithm for computing viral mutations homogeneously across sources, using cloud computing. The database is optimized for giving quick responses to the search engine surfers.

Among the future developments of ViruSurf, the most important, funded by a six-month-long project by EIT Digital, is a bio-informatic service for ingesting new viral sequences, which highlights the presence of viral mutations associated with enhanced or reduced severity and virulence as they are discovered. Used in clinics, particularly with a less acute pandemics spreading, it will support the addition of critical information to the patient health record; other uses will be possible in the context of animal farming or of the food chain. The system will soon allow the tracing of epitopes - amino acid sequences that are used in vaccine design - for instance to associate epitopes with mutations of the virus that could be present in given countries of the world and that could affect vaccine.

"In the GeCo project, financed by the European Research Council, we had already developed a search engine for datasets describing the human genome, called GenoSurf; at the beginning of the pandemic, there was no such system for viral sequences. To better understand its requirements, we interviewed about twenty expert virologists from all over the world. The result is a user-friendly system: any

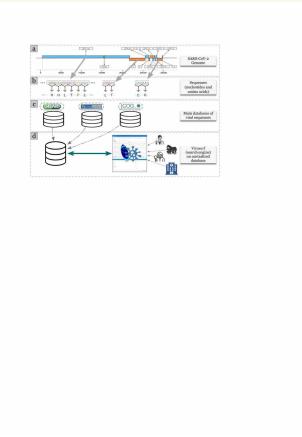


IMAGE: From the SARS-CoV-2 genome (a) sequences of nucleotides and amino acids are extracted (b); sequences are then deposited to world-wide open repositories: GENBANK, GISAID, COG-UK (c), and imported to the...

**Image:** Politecnico di Milano

## Science 2.0

Feeding The World For Thanksgiving 2050: New Wheat And Barley Genomes

Understanding The Appeal Of Alternative Medicine Can Help Protect The Endangered Species It Puts At Risk

The Dinosaurs Of Ireland

Cooking With Wood Increases Pollution: Real Pollution, Not The PM2.5 Virtual Kind

SARS-CoV-2 Mutations Have Not Been Evolving To Increase Transmissibility

More



researcher can connect to it and perform queries, for instance, about when a viral mutation started and how it has spread in the world"--says Stefano Ceri, the project leader. The article is published on a high relevance journal, *Nucleic Acids Research*, in the database issue that every year collects the descriptions of the most significant biological databases. The article is authored also by Pietro Pinoli, algorithm designer, Arif Canakoglu, software architect, Anna Bernasconi, data designer, Tommaso Alfonsi, designer of the data loading pipeline, and Damianos P. Melidis from L3S (Hannover), author of some algorithms.

**Credit:** Politecnico di Milano

**Link:** <http://www.polimi.it/>

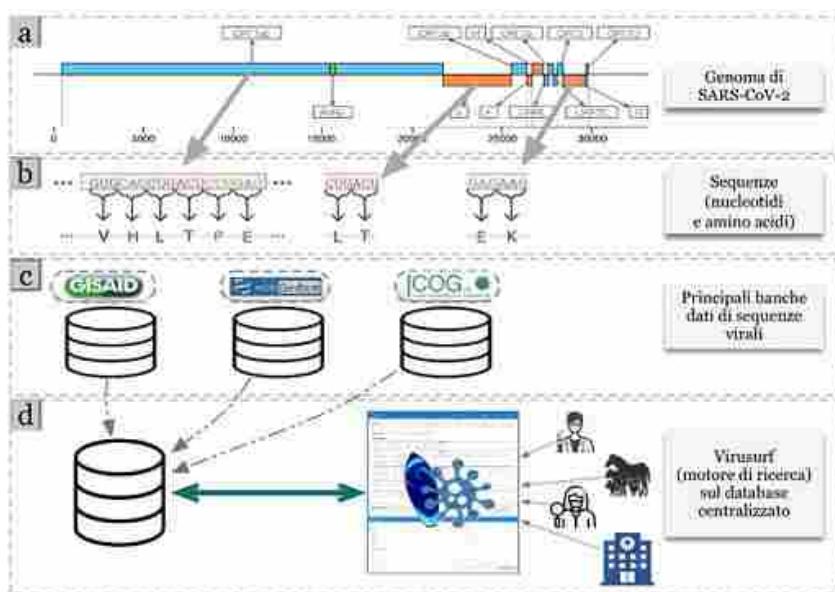
November 23, 2020

We allow third-party companies to serve ads and/or collect anonymous information. These companies may use non-personally identifiable information (browser type, time and date) in order to provide advertisements about goods and services likely to be of greater interest to you. These companies typically use a cookie or third party web beacon to collect this information. To learn more about this behavioral advertising practice or to opt-out of this type of advertising, please visit [networkadvertising.org](http://networkadvertising.org).

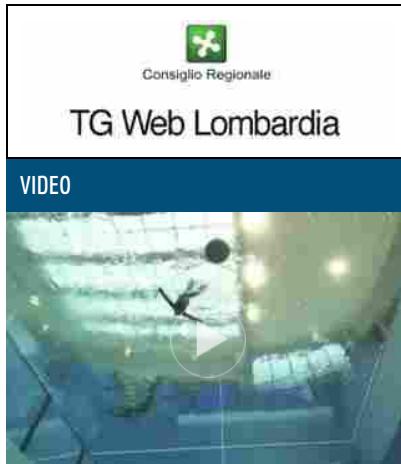
Ritaglio stampa ad uso esclusivo del destinatario, non riproducibile.

# Covid-19, da PoliMi un motore di ricerca che svela mutazioni virus

ViruSurf si avvale di un database centralizzato delle sequenze



Roma, 23 nov. (askanews) – Dall'inizio del 2020, i laboratori di tutto il mondo sequenziano materiale genetico che deriva dai tamponi positivi di persone affette da COVID-19 e depositano poi le sequenze virali in tre principali banche dati: GenBank, COG-UK e GISAID. Per muoversi agilmente in questa enorme mole di dati e "surfare" alla ricerca di connessioni utili alla comprensione del virus, il gruppo di ricerca del **Politecnico di Milano** guidato dal Prof. Stefano Ceri ha realizzato ViruSurf (<http://gmql.eu/virusurf>), un motore di ricerca che si avvale di un database centralizzato collocato al **Politecnico**. Il database viene aggiornato periodicamente e ad oggi contiene 200.516 sequenze di SARS-CoV-2, il virus responsabile della pandemia, e 33.256 sequenze di altre specie, anch'esse associate ad epidemie di interesse per l'uomo, tra cui SARS, MERS,



La piscina più profonda al mondo apre ai sub fuori Varsavia

Ebola e Dengue.

Ogni sequenza – spiega il Politecnico di Milano – è descritta secondo quattro prospettive: le caratteristiche del virus e dell’organismo ospite, la tecnologia utilizzata, il progetto di sequenziamento, le mutazioni dei nucleotidi e degli amino acidi che si trovano in diversi geni. Il vantaggio di ViruSurf è di includere un algoritmo che calcola le mutazioni virali in maniera omogenea, ovvero indipendente dalla loro provenienza, gestito su cloud per ridurre i tempi di esecuzione. Il database è ottimizzato per offrire risposte istantanee agli utilizzatori del motore di ricerca.

Tra i diversi sviluppi futuri di ViruSurf, il più importante, finanziato da EIT Digital con un progetto semestrale, è un servizio informatico per elaborare nuove sequenze virali identificando in esse particolari mutazioni associate a maggiore o minore severità e virulenza. Utilizzato in campo medico, in fasi meno acute della pandemia, permetterà di arricchire la “cartella clinica” del paziente con la sequenza del virus che lo ha infettato. Sarà inoltre possibile utilizzare ViruSurf per il monitoraggio dei virus nella gestione di allevamenti e coltivazioni. Il sistema consentirà a breve di tracciare gli epitopi – sequenze di aminoacidi del virus che sono critiche per lo sviluppo di vaccini – ad esempio per trovare, per ogni epitopo, le mutazioni della sua sequenza diffuse in alcune regioni del pianeta, che potrebbero pregiudicare l’efficacia del vaccino.

“Nel progetto GeCo, finanziato da European Research Council, avevamo già sviluppato un motore di ricerca per il genoma umano, chiamato GenoSurf; ad inizio pandemia non esisteva un analogo sistema per le sequenze virali. Per comprenderne i requisiti, abbiamo intervistato venti esperti virologi da tutto il mondo. Il risultato è un sistema di semplice utilizzo: chiunque può collegarsi e capire, ad esempio, quando una mutazione virale è apparsa per la prima volta e come si è diffusa nel mondo” racconta Stefano Ceri, leader del progetto.

L’articolo è pubblicato sulla rivista Nucleic Acids Research (<https://doi.org/10.1093/nar/gkaa846>), che raccoglie annualmente i database più importanti per la biologia. Hanno contribuito all’articolo anche Pietro Pinoli, progettista degli algoritmi, Arif Canakoglu, software architect, Anna Bernasconi, data designer, Tommaso Alfonsi, responsabile della acquisizione dei dati, e Damianos P. Melidis di L3S (Hannover), autore di alcuni algoritmi.



ARTICOLI SPONSORIZZATI

 Smartfeed | ▶



Futuro del vino è digitale:  
strategie post-Covid di Pasqua  
vini



Usa, da Blinken a Thomas-Greenfield, Biden compone la sua squadra



Covid-19, il vaccino  
AstraZeneca-Oxford efficace al  
70,4%



Quarant’anni fa il drammatico terremoto dell’Irpinia

Questo sito consente l'invio di cookie di terze parti.  
 Se acconsenti all'uso dei cookie fai click su OK, se vuoi saperne di più o negare il consenso ai cookie [vai alla pagina informativa](#) [OK](#)

[Italiano](#) | [Français](#)

[Regione autonoma Valle d'Aosta](#)
[Posta certificata](#) | [Intranet](#) | [Contatti](#)
[LA REGIONE](#) ▾ [CANALI TEMATICI](#) ▾ [SERVIZI](#) ▾ [AVVISI E DOCUMENTI](#) ▾ [OPPORTUNITÀ DALLE SOCIETÀ PARTECIPATE](#) ▾

[Homepage](#) ▶ [Notizie del giorno](#) ▶ [Notizia](#)

## Covid: motore di ricerca svela come cambia il coronavirus



Nato dal [Politecnico di Milano](#), sarà utile anche per altri virus

17:57 - 23/11/2020

[Stampa](#)

(ANSA) - MILANO, 23 NOV - Per capire come sta cambiando il genoma del nuovo coronavirus arriva ViruSurf, il nuovo motore di ricerca sviluppato al [Politecnico di Milano](#) per 'surfare' agilmente tra le principali banche dati mondiali (GenBank, COG-UK e GISAID) che contengono le sequenze genetiche di SarsCoV2. ViruSurf ha un database centralizzato, collocato al [Politecnico](#) e periodicamente aggiornato, che al momento contiene oltre 200.000 sequenze di SarsCoV2, il virus responsabile della pandemia, e più di 33.000 sequenze di altri virus associati ad epidemie di interesse per l'uomo come Sars, Mers, Ebola e Dengue.

Ogni sequenza è descritta secondo quattro prospettive: le caratteristiche del virus e dell'organismo ospite, la tecnologia usata, il progetto di sequenziamento e le mutazioni che si trovano nei diversi geni. Il vantaggio di ViruSurf è di includere un algoritmo che calcola le mutazioni virali in maniera omogenea, ovvero indipendente dalla loro provenienza, gestito su cloud per ridurre i tempi di esecuzione. Il database è ottimizzato per offrire risposte istantanee agli utilizzatori del motore di ricerca. Il sistema, presentato sulla rivista Nucleic Acids Research, "è di semplice utilizzo: chiunque può collegarsi e capire, ad esempio, quando una mutazione virale è apparsa per la prima volta e come si è diffusa nel mondo", afferma Stefano Ceri, leader del progetto.

Tra gli sviluppi futuri di ViruSurf quello più importante, finanziato da EIT Digital, è un servizio informatico per elaborare nuove sequenze virali identificando le mutazioni associate a maggiore o minore severità e virulenza: impiegato in campo medico in fasi meno acute della pandemia, permetterà di arricchire la cartella clinica del paziente con la sequenza del virus che lo ha infettato. Sarà inoltre possibile usare ViruSurf per monitorare i virus nella gestione di allevamenti e coltivazioni. A breve il sistema consentirà di tracciare le mutazioni del virus diffuse in alcune regioni del Pianeta che potrebbero pregiudicare l'efficacia del vaccino. (ANSA).

ENHANCED BY Google

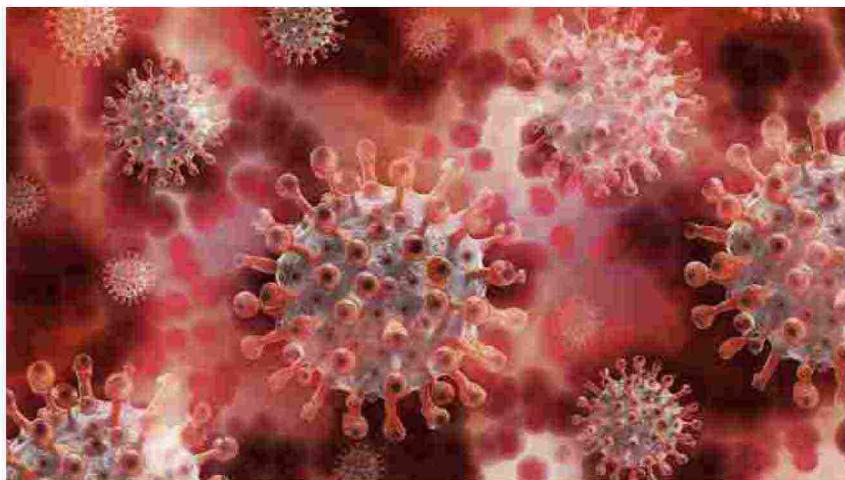
[NOTIZIE DEL GIORNO](#)
[Archivio notizie](#)
[Link](#)

LA REGIONE	CANALI TEMATICI	SERVIZI	AVVISI E DOCUMENTI
Amministrazione	Affari legislativi e aiuti di Stato	Meteo in Valle d'Aosta	Albo notiziario
Amministrazione trasparente	Agricoltura	NUVV - Valutazione e verifica degli investimenti pubblici	Avvisi demanio idrico
Comitato Unico di Garanzia	Artigianato di tradizione	Opere pubbliche	Avvisi di incarico
Archivio deliberazioni	Bilancio, finanze e patrimonio	Politiche giovanili	Bandi e avvisi
Elezioni	Contratti pubblici, Programmazione e Osservatorio	Politiche sociali	Bollettino ufficiale
Mappa Amministrazione	Cooperazione allo sviluppo	Portale imprese industriali e artigiane	Concorsi
Archivio provvedimenti dirigenziali	Corpo Forestale della Valle d'Aosta	Protezione civile	Elenchi di operatori economici
Rapporti istituzionali			Espropri

Ritaglio stampa ad uso esclusivo del destinatario, non riproducibile.


[HOME](#) [MIA VIDEO](#) [CHI SIAMO](#) [CONTATTI](#) [LOGIN ABBONATI](#)
[HOME](#) > [SCIENZE](#) > [Politecnico](#), con "ViruSurf" un motore di ricerca per svelare come cambia il genoma

## Politecnico, con "ViruSurf" un motore di ricerca per svelare come cambia il genoma

⌚ 23 Novembre 2020 👤 redazione ➡ Scienze ⟳ 0


Dall'inizio del 2020, i laboratori di tutto il mondo sequenziano materiale genetico che deriva dai tamponi positivi di persone affette da COVID-19 e depositano poi le sequenze virali in tre principali banche dati: GenBank, COG-UK e GISAID. Per muoversi agilmente in questa enorme mole di dati e "surfare" alla ricerca di connessioni utili alla comprensione del virus, il gruppo di ricerca del [Politecnico di Milano](#) guidato dal Prof. Stefano Ceri ha realizzato ViruSurf (<http://gmql.eu/virusurf>), un motore di ricerca che si avvale di un database centralizzato collocato al [Politecnico](#). Il database viene aggiornato periodicamente e ad oggi contiene 200,516 sequenze di SARS-CoV-2, il virus responsabile della pandemia, e 33,256 sequenze di altre specie, anch'esse associate ad epidemie di interesse per l'uomo, tra cui SARS, MERS, Ebola e Dengue.

Ogni sequenza è descritta secondo quattro prospettive: le caratteristiche del virus e dell'organismo ospite, la tecnologia utilizzata, il progetto di sequenziamento, le mutazioni dei nucleotidi e degli amino acidi che si trovano in diversi geni. Il vantaggio di ViruSurf è di includere un algoritmo che calcola le mutazioni virali in maniera omogenea, ovvero indipendente dalla loro provenienza, gestito su cloud per ridurre i tempi di esecuzione. Il database è ottimizzato per offrire risposte istantanee agli utilizzatori del motore di ricerca.

Tra i diversi sviluppi futuri di ViruSurf, il più importante, finanziato da EIT Digital con un

### CERCA PER CATEGORIE

### ULTIME NOTIZIE

[Politecnico](#), con "ViruSurf" un motore di ricerca per svelare come cambia il genoma

#Milanofabene: azioni, notizie solidali e iniziative in città

Design for life: la 'rifetta di Natale' per realizzare un giardino per la Pediatria dell'Ospedale Papa Giovanni XXIII di Bergamo

Oggi a Milano e in Lombardia. Lunedì 23 novembre

La Casa della Carità compie 18 anni. Don Colmegna: "Al lavoro per progettare il futuro"

### PAGINE

[Abbonati Mia News](#)

[Agenzia di stampa](#)

[Attualità](#)

[Chi Siamo](#)

[Contatti](#)

[Home](#)

[Istituzione](#)

[Magazine](#)

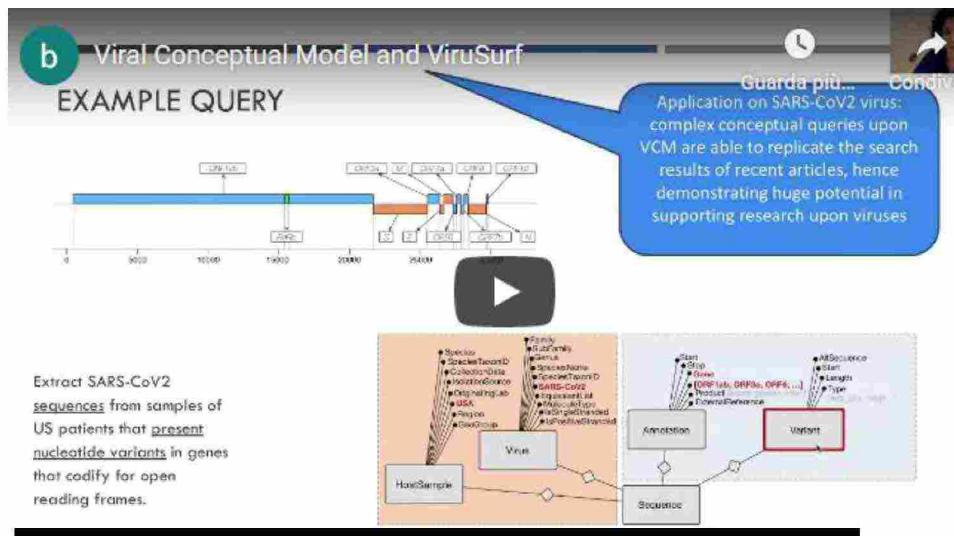
[Video Gallery](#)

[Video Grid Gallery](#)

[Youtube Mianews](#)

progetto semestrale, è un servizio informatico per elaborare nuove sequenze virali identificando in esse particolari mutazioni associate a maggiore o minore severità e virulenza. Utilizzato in campo medico, in fasi meno acute della pandemia, permetterà di arricchire la "cartella clinica" del paziente con la sequenza del virus che lo ha infettato. Sarà inoltre possibile utilizzare ViruSurf per il monitoraggio dei virus nella gestione di allevamenti e coltivazioni. Il sistema consentirà a breve di tracciare gli epitopi – sequenze di amino acidi del virus che sono critiche per lo sviluppo di vaccini – ad esempio per trovare, per ogni epitopo, le mutazioni della sua sequenza diffuse in alcune regioni del pianeta, che potrebbero pregiudicare l'efficacia del vaccino.

"Nel progetto GeCo, finanziato da European Research Council, avevamo già sviluppato un motore di ricerca per il genoma umano, chiamato GenoSurf; ad inizio pandemia non esisteva un analogo sistema per le sequenze virali. Per comprenderne i requisiti, abbiamo intervistato venti esperti virologi da tutto il mondo. Il risultato è un sistema di semplice utilizzo: chiunque può collegarsi e capire, ad esempio, quando una mutazione virale è apparsa per la prima volta e come si è diffusa nel mondo"—racconta Stefano Ceri, leader del progetto. L'articolo è pubblicato su una rivista di grande rilievo, Nucleic Acids Research (<https://doi.org/10.1093/nar/gkaa846>), che raccoglie annualmente i database più importanti per la biologia. Hanno contribuito all'articolo anche Pietro Pinoli, progettista degli algoritmi, Arif Canakoglu, software architect, Anna Bernasconi, data designer, Tommaso Alfonsi, responsabile della acquisizione dei dati, e Damianos P. Melidis di L3S (Hannover), autore di alcuni algoritmi.



## MIA MAGAZINE



**Politecnico, con "ViruSurf" un motore di ricerca per svelare come cambia il genoma**



**#Milanofabene: azioni, notizie solidali e iniziative in città**



**Design for life: la 'riffa di Natale' per realizzare un giardino per la Pediatria dell'Ospedale Papa Giovanni XXIII di Bergamo**



Accedi

[Home Notizie](#)[Coronavirus](#)[Finanza](#)[Sport](#)[@YahooITA](#)[Elezioni USA](#)[Grande Fratello Vip 5](#)[Altro](#)
 Settimana del  
Black Friday  
Dal 20 al  
30 novembre

**BLACK FRIDAY: Su Amazon fioccano gli sconti, approfitta subito delle offerte [ANNUNCI]**


| Askanews

# Covid-19, da PoliMi un motore di ricerca che svela mutazioni virus

**Red**

lun 23 novembre 2020, 1:11 PM CET · 3 minuto per la lettura



Roma, 23 nov. (askanews) - Dall'inizio del 2020, i laboratori di tutto il mondo sequenziano materiale genetico che deriva dai tamponi positivi di persone affette da COVID-19 e depositano poi le sequenze virali in tre principali banche dati: GenBank, COG-UK e GISAID. Per muoversi agilmente in questa enorme mole di dati e "surfare" alla ricerca di connessioni utili alla comprensione del virus, il gruppo di ricerca del [Politecnico di Milano](#) guidato dal Prof. Stefano Ceri ha realizzato ViruSurf (<http://gmql.eu/virusurf>), un motore di ricerca che si avvale di un database centralizzato collocato al [Politecnico](#). Il database viene aggiornato periodicamente e ad oggi contiene 200.516 sequenze di SARS-CoV-2, il virus responsabile della pandemia, e 33.256 sequenze di altre specie, anch'esse associate ad epidemie di interesse per l'uomo, tra cui SARS, MERS, Ebola e Dengue. Ogni sequenza - spiega il [Politecnico di Milano](#) - è descritta secondo quattro prospettive: le caratteristiche del virus e dell'organismo ospite, la tecnologia utilizzata, il progetto di sequenziamento, le mutazioni dei nucleotidi e degli amino acidi che si trovano in diversi geni. Il vantaggio di ViruSurf è

[AdChoices](#)

## PIÙ POPOLARI

[Attacco anarchico alle redazioni di Torino di Repubblica e La Stampa](#)


HuffPost Italia · Tempo di lettura: 0

[Massimo Ranieri, un cofanetto per i suoi 50 anni di musica](#)


Adnkronos · Tempo di lettura: 2

[Vaccino covid, Galli: "Effetti collaterali tra 10 anni? Impossibile escluderli"](#)


Adnkronos · Tempo di lettura: 2

[12enne grave per sindrome infiammatoria causata da Covid: salvato al Meyer di Firenze](#)


HuffPost Italia · Tempo di lettura: 1

[America2020: è partita la transizione e una bocciatura ci sarà](#)


AGI · Tempo di lettura: 4

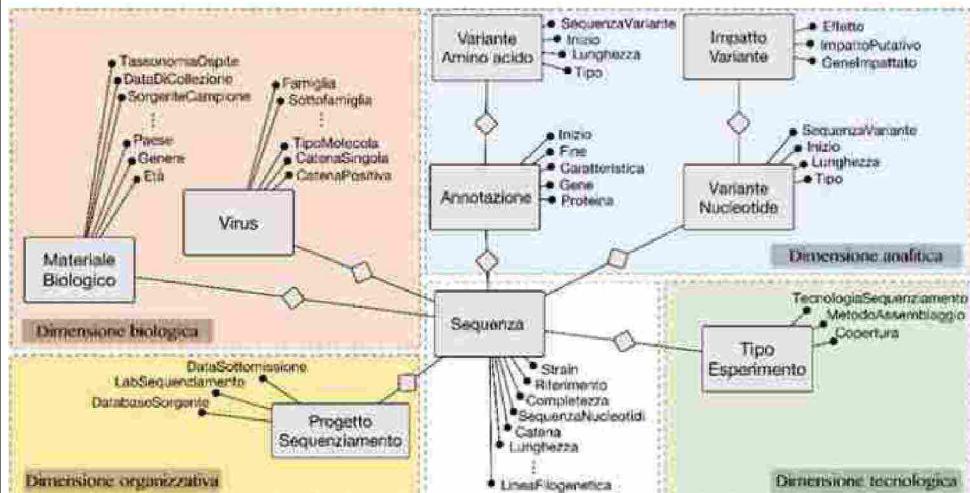
di includere un algoritmo che calcola le mutazioni virali in maniera omogenea, ovvero indipendente dalla loro provenienza, gestito su cloud per ridurre i tempi di esecuzione. Il database è ottimizzato per offrire risposte istantanee agli utilizzatori del motore di ricerca. Tra i diversi sviluppi futuri di ViruSurf, il più importante, finanziato da EIT Digital con un progetto semestrale, è un servizio informatico per elaborare nuove sequenze virali identificando in esse particolari mutazioni associate a maggiore o minore severità e virulenza. Utilizzato in campo medico, in fasi meno acute della pandemia, permetterà di arricchire la "cartella clinica" del paziente con la sequenza del virus che lo ha infettato. Sarà inoltre possibile utilizzare ViruSurf per il monitoraggio dei virus nella gestione di allevamenti e coltivazioni. Il sistema consentirà a breve di tracciare gli epitopi - sequenze di aminoacidi del virus che sono critiche per lo sviluppo di vaccini - ad esempio per trovare, per ogni epitopo, le mutazioni della sua sequenza diffuse in alcune regioni del pianeta, che potrebbero pregiudicare l'efficacia del vaccino. "Nel progetto GeCo, finanziato da European Research Council, avevamo già sviluppato un motore di ricerca per il genoma umano, chiamato GenoSurf; ad inizio pandemia non esisteva un analogo sistema per le sequenze virali. Per comprenderne i requisiti, abbiamo intervistato venti esperti virologi da tutto il mondo. Il risultato è un sistema di semplice utilizzo: chiunque può collegarsi e capire, ad esempio, quando una mutazione virale è apparsa per la prima volta e come si è diffusa nel mondo" racconta Stefano Ceri, leader del progetto. L'articolo è pubblicato sulla rivista Nucleic Acids Research (<https://doi.org/10.1093/nar/gkaa846>), che raccoglie annualmente i database più importanti per la biologia. Hanno contribuito all'articolo anche Pietro Pinoli, progettista degli algoritmi, Arif Canakoglu, software architect, Anna Bernasconi, data designer, Tommaso Alfonsi, responsabile della acquisizione dei dati, e Damianos P. Melidis di L3S (Hannover), autore di alcuni algoritmi.

Home &gt; Primo piano &gt; ViruSurf un motore di ricerca svela come cambia il genoma del virus...

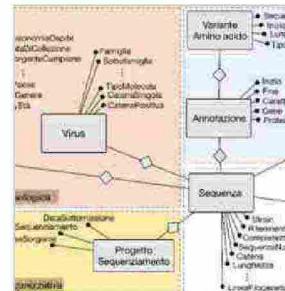
PRIMO PIANO ISTITUZIONI UNIVERSITÀ

# ViruSurf un motore di ricerca svela come cambia il genoma del virus responsabile della pandemia

Di Redazione Centrale - 76



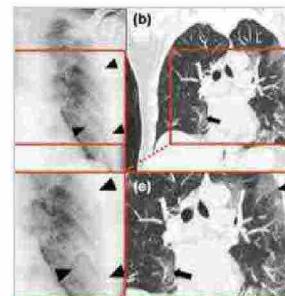
PRIMO PIANO



MILANO – Dall'inizio del 2020, i laboratori di tutto il mondo sequenziano materiale genetico che deriva dai tamponi positivi di persone affette da COVID-19 e depositano poi le sequenze virali in tre principali banche dati: GenBank, COG-UK e GISAID. Per muoversi agilmente in questa enorme mole di dati e "surfare" alla ricerca di connessioni utili alla comprensione del virus, il gruppo di ricerca del Politecnico di Milano guidato dal Prof. Stefano Ceri ha realizzato ViruSurf (<http://gmql.eu/virusurf>), un motore di ricerca che si avvale di un database centralizzato collocato al Politecnico. Il database viene aggiornato periodicamente e ad oggi contiene 200,516 sequenze di SARS-CoV-2, il virus responsabile della pandemia, e 33,256 sequenze di altre specie, anch'esse associate ad epidemie di interesse per l'uomo, tra cui SARS, MERS, Ebola e Dengue.

Ogni sequenza è descritta secondo quattro prospettive: le caratteristiche del virus e dell'organismo ospite, la tecnologia utilizzata, il progetto di sequenziamento, le mutazioni dei nucleotidi e degli amino acidi che si trovano in diversi geni. Il vantaggio di ViruSurf è di includere un algoritmo che calcola le mutazioni virali in maniera omogenea, ovvero indipendente dalla loro provenienza, gestito su cloud per ridurre i tempi di esecuzione. Il database è ottimizzato per offrire risposte istantanee agli utilizzatori del motore di ricerca.

Tra i diversi sviluppi futuri di ViruSurf, il più importante, finanziato da EIT Digital con un progetto semestrale, è un servizio informatico per elaborare nuove sequenze virali identificando in esse particolari mutazioni associate a maggiore o minore severità e virulenza. Utilizzato in campo medico, in fasi meno acute della pandemia, permetterà di arricchire la "cartella clinica" del paziente con la sequenza del virus che lo ha infettato. Sarà inoltre possibile utilizzare ViruSurf per il monitoraggio dei virus nella gestione di allevamenti e coltivazioni. Il sistema consentirà a breve di tracciare gli epitopi – sequenze di amino acidi del virus che sono critiche per lo sviluppo di vaccini – ad esempio per trovare, per ogni epitopo, le mutazioni della sua sequenza diffuse in alcune regioni del pianeta, che potrebbero pregiudicare l'efficacia del vaccino.



Ritaglio stampa ad uso esclusivo del destinatario, non riproducibile.

"Nel progetto GeCo, finanziato da European Research Council, avevamo già sviluppato un motore di ricerca per il genoma umano, chiamato GenoSurf; ad inizio pandemia non esisteva un analogo sistema per le sequenze virali. Per comprendere i requisiti, abbiamo intervistato venti esperti virologi da tutto il mondo. Il risultato è un sistema di semplice utilizzo: chiunque può collegarsi e capire, ad esempio, quando una mutazione virale è apparsa per la prima volta e come si è diffusa nel mondo"-racconta Stefano Ceri, leader del progetto.

L'articolo è pubblicato su una rivista di grande rilievo, Nucleic Acids Research (<https://doi.org/10.1093/nar/gkaa846>), che raccoglie annualmente i database più importanti per la biologia. Hanno contribuito all'articolo anche Pietro Pinoli, progettista degli algoritmi, Arif Canakoglu, software architect, Anna Bernasconi, data designer, Tommaso Alfonsi, responsabile della acquisizione dei dati, e Damianos P. Melidis di L3S (Hannover), autore di alcuni algoritmi.

**Link alla video-presentazione di Anna Bernasconi al Congresso ER2020 (6 Novembre 2020)**

<https://youtu.be/HjnEOQnUnEg>

What do you want to do ?

N e w m a i | Copy

(I-TALICOM)

1 Mi piace 3



Redazione Centrale

ARTICOLI CORRELATI

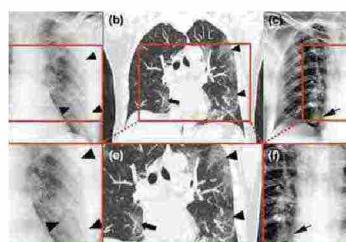
ALTRO DALL'AUTORE



Hyundai Motor Company e INEOS collaborano per promuovere un'economia basata sull'idrogeno



GeoTour, l'app per il geoturismo sviluppata da tre studenti dell'Unicam



INGV: PACE il software che sostituisce la TAC

Ritaglio stampa ad uso esclusivo del destinatario, non riproducibile.



#### ULTIME NOTIZIE

COVID-19: su Frontiers in Pharm Università di Urbino e Singapore

Banche: un approccio sostenibile anni

Qualys collabora con Google per sicurezza ai container per Google

Deloitte Global Powers of Luxury del lusso mondiale il...

GKN Aerospace riceve il Silver B Excellence Award

GeoTour, l'app per il geoturismo s dell'Unicam

**STUDI SUL CORONAVIRUS: ARRIVA VIRUSURF, IL NUOVO MOTORE DI RICERCA CHE SVELA COME CAMBIA IL VIRUS**

Studi sul Coronavirus: arriva ViruSurf, il nuovo motore di ricerca che svela come cambia il virus. Studi sul Coronavirus: arriva ViruSurf, il nuovo motore di ricerca che svela come cambia il virus. Il 23 Novembre, 2020 Condividi Per capire come sta cambiando il genoma del nuovo coronavirus arriva ViruSurf, il nuovo motore di ricerca sviluppato al **Politecnico di Milano** per 'surfare' agilmente tra le principali banche dati mondiali (GenBank, COG-UK e GISAID) che contengono le sequenze genetiche di SarsCoV2. ViruSurf ha un database centralizzato, collocato al **Politecnico** e periodicamente aggiornato, che al momento contiene oltre 200.000 sequenze di SarsCoV2, il virus responsabile della pandemia, e più di 33.000 sequenze di altri virus associati ad epidemie di interesse per l'uomo come Sars, Mers, Ebola e Dengue. Ogni sequenza è descritta secondo quattro prospettive: le caratteristiche del virus e dell'organismo ospite, la tecnologia usata, il progetto di sequenziamento e le mutazioni che si trovano nei diversi geni. Il vantaggio di ViruSurf è di includere un algoritmo che calcola le mutazioni virali in maniera omogenea, ovvero indipendente dalla loro provenienza, gestito su cloud per ridurre i tempi di esecuzione. Il database è ottimizzato per offrire risposte istantanee agli utilizzatori del motore di ricerca. Il sistema, presentato sulla rivista Nucleic Acids Research, "è di semplice utilizzo: chiunque può collegarsi e capire, ad esempio, quando una mutazione virale è apparsa per la prima volta e come si è diffusa nel mondo", afferma Stefano Ceri, leader del progetto. Tra gli sviluppi futuri di ViruSurf quello più importante, finanziato da EIT Digital, è un servizio informatico per elaborare nuove sequenze virali identificando le mutazioni associate a maggiore o minore severità e virulenza: impiegato in campo medico in fasi meno acute della pandemia, permetterà di arricchire la cartella clinica del paziente con la sequenza del virus che lo ha infettato. Sarà inoltre possibile usare ViruSurf per monitorare i virus nella gestione di allevamenti e coltivazioni. A breve il sistema consentirà di tracciare le mutazioni del virus diffuse in alcune regioni del Pianeta che potrebbero pregiudicare l'efficacia del vaccino. Notizia Precedente

[ **STUDI SUL CORONAVIRUS: ARRIVA VIRUSURF, IL NUOVO MOTORE DI RICERCA CHE SVELA COME CAMBIA IL VIRUS** ]

## NASCE VIRUSURF, IL PRIMO GRANDE MOTORE DI RICERCA ONLINE PER LE MUTAZIONI DEL COVID

Racchiudere il maggior numero possibile di sequenze di Coronavirus in unico database online, renderne la consultazione immediata e offrire risposte istantanee agli utilizzatori del portale di ricerca. È con questo obiettivo, che è nato Virusurf, il primo motore di ricerca, realizzato dal team del **Politecnico di Milano** e guidato dal professore Stefano Ceri, per muoversi agilmente nella mole di dati sulle sequenze del covid 19 alla ricerca di connessioni utili alla comprensione del virus. Il database viene aggiornato periodicamente e ad oggi contiene 200,516 sequenze di SARS-CoV-2, e 33,256 sequenze di altre specie, anch'esse associate ad epidemie di interesse per l'uomo, tra cui SARS, MERS, Ebola e Dengue. Ogni sequenza è descritta secondo quattro prospettive: le caratteristiche del virus e dell'organismo ospite, la tecnologia utilizzata, il progetto di sequenziamento, le mutazioni dei nucleotidi e degli amino acidi che si trovano in diversi geni. Il vantaggio di ViruSurf è di includere un algoritmo che calcola le mutazioni virali in maniera omogenea, ovvero indipendente dalla loro provenienza, gestito su cloud per ridurre i tempi di esecuzione. Il database è ottimizzato per offrire risposte istantanee agli utilizzatori del motore di ricerca. Tra i diversi sviluppi futuri di ViruSurf, il più importante, è un servizio informatico per elaborare nuove sequenze virali identificando in esse particolari mutazioni associate a maggiore o minore severità e virulenza. Utilizzato in campo medico, in fasi meno acute della pandemia, permetterà di arricchire la "cartella clinica" del paziente con la sequenza del virus che lo ha infettato. Sarà inoltre possibile utilizzare ViruSurf per il monitoraggio dei virus nella gestione di allevamenti e coltivazioni. Il sistema consentirà a breve di tracciare gli epitopi – sequenze di amino acidi del virus che sono critiche per lo sviluppo di vaccini e potrebbero pregiudicarne l'efficacia. "Virusurf è un sistema di semplice utilizzo – racconta Stefano Ceri, leader del progetto – chiunque può collegarsi e capire, ad esempio, quando una mutazione virale è apparsa per la prima volta e come si è diffusa nel mondo"

[ NASCE VIRUSURF, IL PRIMO GRANDE MOTORE DI RICERCA ONLINE PER LE MUTAZIONI DEL COVID ]

Su questo sito utilizziamo cookie tecnici e, previo tuo consenso, cookie di profilazione, nostri e di terze parti, per proporti pubblicità in linea con le tue preferenze. Se vuoi saperne di più o prestare il consenso solo ad alcuni utilizzi clicca [qui](#). Cliccando in un punto qualsiasi dello schermo, effettuando un'azione di scroll o chiudendo questo banner, invece, presti il consenso all'uso di tutti i cookie

Privacy policy



 9.5 ° Milano 23. 11. 2020 15:45

[f](#) [ig](#) [in](#) [tg](#) [tw](#) [yt](#) [q](#)

**CAMBIA MILANO** **VIVIMI** **QUI NON SBAGLI** **COMODO A CASA** **MILANO VIBRA** **VIDEO** **SFOGLIA IL GIORNALE** **FUORI MILANO**

## Salute

23 Novembre 2020

# Covid, il motore di ricerca italiano che aiuta la ricerca

*Un motore di ricerca per conoscere meglio il patrimonio genetico dei Covid: tutti i dettagli*



di Daniela Uva | 23 Novembre 2020



**PIÙ LETTI**

Salute |

**Covid, il motore di ricerca italiano che aiuta la ricerca**

in cattedra |

## A lezione di inclusività: il progetto “Comunità affettiva” dell’Istituto Freud

Cambiamilano |

Un motore di ricerca Made in Italy potrebbe rendere più semplice conoscere a fondo il patrimonio genetico del virus che causa il Covid, svelandone anche le eventuali mutazioni. La nuova tecnologia è stata sviluppata al Politecnico di Milano e permette di consultare più velocemente le informazioni sul sequenziamento del genoma depositate in tre banche dati internazionali: GenBank, Cog-Usk e Gisaid.

**Nuova tecnologia.** Il motore di ricerca, sviluppato dal team guidato da Stefano Ceri è stato battezzato “ViruSurf” e si avvale di un database centralizzato collocato al Politecnico. Quest’ultimo viene aggiornato periodicamente e a oggi contiene 200.516 sequenze di Sars-CoV-2 e

**SCARICA**

# L'AUTOCERTIFICAZIONE

AUTODICHIARAZIONE AI SENSI DEGLI ARTT. 46 E 47 D.P.R. N. 445/2000

---

**1.3 La sottoscritto** \_\_\_\_\_, nascosto in \_\_\_\_\_, il \_\_\_\_\_/\_\_\_\_\_  
 (\_\_\_\_\_) via \_\_\_\_\_, residenza in \_\_\_\_\_  
 (\_\_\_\_\_) via \_\_\_\_\_, identificato/a con le  
 (\_\_\_\_\_) riferito/a da \_\_\_\_\_, consapevole delle conseguenze penali  
 previste in caso di dichiarazioni false o prevaricazione, artt. 46 e 47  
**DICHIARA SOTTO LA PROPRIA RESPONSABILITÀ**

**1.4 Ricorre a conoscenza delle stesse normative di contenimento delle COVID-19 attive dallo Stato, concernente le limitazioni alle possibilità di spostamento delle persone fisiche all'interno del territorio nazionale:**

- **è consenziente di non essere tenuto in contenzioso per la violazione di tali provvedimenti** (ma non per la loro applicazione)
- **è consenziente di non essere tenuto in contenzioso per la violazione di tali provvedimenti** (ma non per la loro applicazione)

**1.5 Ricorre a conoscenza delle norme di prevenzione della diffusione del contagio:**

- **che lo spostamento è determinato da:**
  - compiere esigenze lavorative;
  - metti di salute;
  - altri motivi che non abbiano趣à normativa secca dei potenti diere, effettuare e altri provvedimenti che definiscono la misura di preventiva della diffusione del contagio;
  - (specifcare il motivo che determina lo spostamento)
- **che lo spostamento è initiato da (indicare l'indice da cui è iniziato)**
- **con destinazione (indicare l'indice di destinazione)**
- **in merito alla spostamento, dichiara inoltre che:**

**Data, ora e luogo del controllo**  
**Firma del disponente**

L'Operatore di Polizia

Ritaglio stampa ad uso esclusivo del destinatario, non riproducibile.

**Milano tra le città più intolleranti sui social: la mappa dell'odio dell'osservatorio Vox**


**Daniela Uva**

33.256 sequenze di altre specie, associate a Sars, Mers, Ebola e Dengue.

Ogni sequenza – spiega il Politecnico – è descritta secondo quattro prospettive: le caratteristiche del virus e dell'organismo ospite, la tecnologia utilizzata, il progetto di sequenziamento, le mutazioni dei nucleotidi e degli amino acidi che si trovano in diversi geni.

Il vantaggio di ViruSurf è di includere un algoritmo che calcola le mutazioni virali in maniera omogenea, ovvero indipendente dalla loro provenienza, gestito su cloud per ridurre i tempi di esecuzione. Il database è ottimizzato per offrire risposte istantanee agli utilizzatori del motore di ricerca.

Tra i diversi sviluppi futuri il più importante è un servizio informatico per elaborare nuove sequenze virali identificando in esse particolari mutazioni associate a maggiore o minore severità e virulenza.

Utilizzato in campo medico, in fasi meno acute della pandemia, permetterà di arricchire la “cartella clinica” del paziente con la sequenza del virus che lo ha infettato. Sarà inoltre possibile utilizzare ViruSurf per il monitoraggio dei virus nella gestione di allevamenti e coltivazioni.


*bollettino regionale covid*

**Sviluppi futuri.** Il sistema consentirà a breve di tracciare gli epitopi – sequenze di aminoacidi del virus che sono critiche per lo sviluppo di vaccini – per esempio per trovare, per ogni epitopo, le mutazioni della sua sequenza diffuse in alcune regioni del pianeta, che potrebbero pregiudicare l'efficacia del vaccino.

«Nel progetto GeCo, finanziato da European research council, avevamo già sviluppato un motore di ricerca per il genoma umano, chiamato GenoSurf. A inizio pandemia non esisteva un analogo sistema per le sequenze virali. Per comprenderne i requisiti, abbiamo intervistato venti esperti virologi da tutto il mondo. Il risultato è un sistema di semplice utilizzo: chiunque può collegarsi e capire, ad esempio, quando una mutazione virale è apparsa per la prima volta e come si è diffusa nel mondo», spiega Ceri.

## IN BREVЕ



Salute | Daniela Uva

### Covid, il motore di ricerca italiano che aiuta la ricerca



in cattedra

**A lezione di inclusività: il progetto "Comunità affettiva" dell'istituto Freud**

Fabio Implicito



Cambiamilano

**Milano tra le città più intolleranti sui social: la mappa dell'odio dell'osservatorio Vox**

Fabio Implicito



Le ultime

**Violenza sulle donne: la nuova indagine dell'Osservatorio "indifesa"**

Fabio Implicito



Le ultime

**Quando l'amore è più forte della pandemia: la commovente storia di una figlia in attesa di uno sguardo della madre ricoverata**

Fabio Implicito

TAGS breve



Articolo precedente

**A lezione di inclusività: il progetto "Comunità affettiva" dell'istituto Freud**



## POTREBBE INTERESSARTI



**Si accendono le speranze per il vaccino anti-Covid. Laurenti (Cattolica): «Ottime notizie, ma servono più certezze sulla sicurezza»**

Salute | Daniela Uva

**Galli: «Le terapie intensive si svuotano più per i decessi che per le guarigioni»**

Salute | Fabio Implicito

**Pregliasco: «Lockdown necessario ma insostenibile, meglio aspettare»**

Salute | Daniela Uva

**Vaccino anti-Covid, una nuova speranza all'orizzonte**

Salute | Fabio Implicito

Mi-Tomorrow è... Leggi. Milano. Domani. Siamo il quotidiano cartaceo del pomeriggio, edito da Pradivio Editrice, in distribuzione gratuita nei principali snodi del trasporto pubblico e nei luoghi di aggregazione della nostra città.

Contattaci: [info@mitomorrow.it](mailto:info@mitomorrow.it)

Ritaglio stampa ad uso esclusivo del destinatario, non riproducibile.

[Villaggio Tecnologico](#)[Zampe Libere](#)[Switch On](#)[Rosso Positivo](#)[GoSalute](#)[Pianeta Salute](#)[InnovArte](#)

# Tecnomedicina

[Home](#)[Chi siamo](#)[News](#)[Video](#)[InFormaTv](#)[Luoghi della Salute](#)[Capelli Argento](#)

## COVID-19: una ricerca del Politecnico di Milano per scoprire i segreti delle sequenze virali

Redazione 23 Novembre 2020 Ricerca e università

Nessun banner disponibile

Il motore di ricerca ViruSurf svela i cambiamenti del genoma del virus responsabile delle pandemie Dall'inizio del 2020, i laboratori di tutto il mondo stanno sequenziando il materiale dai test positivi di persone affette da COVID-19 e quindi depositando le sequenze principalmente in tre punti di raccolta: GenBank, COG-UK e GISAID. Una rapida esplorazione di questa enorme quantità di dati è importante per capire come sta cambiando il genoma del virus. Per consentire una rapida "navigazione" su questi dati, il gruppo di ricerca del Politecnico di Milano guidato dal Prof. Stefano Ceri ha sviluppato ViruSurf, un motore di ricerca che opera su un database centralizzato archiviato Politecnico. Il database viene periodicamente ricaricato dalle tre fonti e ad oggi contiene 200.516 sequenze di SARS-CoV-2, il virus che causa COVID-19, e 33.256 sequenze di altre specie virali anche associate ad epidemie che colpiscono l'uomo, come SARS, MERS, Ebola e dengue. Ogni sequenza è descritta da quattro prospettive: le caratteristiche biologiche del virus e dell'ospite, la tecnologia di sequenziamento, il progetto che ha prodotto i dati originali, le mutazioni dell'intera sequenza di nucleotidi e di amminoacidi gene-specifici.

Il vantaggio fornito da ViruSurf è l'uso di un algoritmo per il calcolo delle mutazioni virali in modo omogeneo tra le sorgenti, utilizzando il cloud computing. Il database è ottimizzato per dare risposte rapide ai navigatori dei motori di ricerca. Tra i futuri sviluppi di ViruSurf, il più importante, finanziato da un progetto di sei mesi di EIT Digital, è un servizio bioinformatico per l'ingestione di nuove sequenze virali, che evidenzia la presenza di mutazioni virali associate a gravità aumentata o ridotta e virulenza come vengono scoperti. Utilizzato nelle cliniche, in particolare con la diffusione di pandemie meno acute, supporterà l'aggiunta di informazioni critiche alla cartella clinica del paziente; altri usi saranno possibili nel contesto dell'allevamento o della catena alimentare. Il sistema consentirà presto il tracciamento di epitopi – sequenze di amminoacidi che vengono utilizzate nella progettazione di vaccini – ad esempio per associare epitopi a mutazioni del virus che potrebbero essere presenti in determinati Paesi del mondo e che potrebbero influenzare il vaccino.

"Nel progetto GeCo, finanziato dall'European Research Council, avevamo già sviluppato un motore di ricerca per dataset che descrivono il genoma umano, chiamato GenoSurf; All'inizio della pandemia non esisteva un tale sistema per le sequenze virali. Per comprenderne meglio le esigenze, abbiamo intervistato una ventina di virologi esperti da tutto il mondo. Il risultato è un sistema di facile utilizzo: qualsiasi ricercatore può connettersi ad esso ed eseguire domande, ad esempio, su quando è iniziata una mutazione virale e su come si è diffusa nel mondo" - afferma Stefano Ceri, responsabile del

Print PDF

Search ...

Adatta il carattere

A A A A A A A

Traduci

Select Language



Archivio articoli

Selezione il mese



Attualità

Lean Healthcare e Lifescience awards 2020: lavorar... riorganizzare la sanità



20 Novembre 2020

Assegnati i premi Lean Healthcare e Lifescience Award...

progetto. L'articolo è pubblicato su una rivista di grande rilevanza, Nucleic Acids Research, nel numero del database che ogni anno raccoglie le descrizioni dei database biologici più significativi. L'articolo è autore anche di Pietro Pinoli, algoritmo designer, Arif Canakoglu, software architect, Anna Bernasconi, data designer, Tommaso Alfonsi, designer della pipeline di caricamento dati, e Damianos P. Melidis di L3S, autore di alcuni algoritmi.

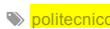
Articoli correlati:

1. [Coronavirus: identificate 5 varianti comparse in Italia di Sars-CoV2](#)
2. [Uno studio svela la "grammatica" del DNA](#)
3. [Sars-CoV-2: ricercatori italiani individuano nuove prospettive terapeutiche](#)

Condividi      

Post Views: 77



 politecnico, ricerca, sequenz, viralsurf

 Sorry, comments are closed for this post

« Covid-19: tre medici di famiglia su quattro disponibili per le vaccinazioni

Coronavirus: la Commissione fornirà 200 robot per la disinfezione agli ospedali europei »

## Fiere ed eventi

Covid-19: tre medici di famiglia su quattro disponibili per le vaccinazioni



23 Novembre 2020  
Inaugurato sabato 21 novembre il 37° Congresso Nazionale...

## Comunicazione e prevenzione

Pic Solution on air con il secondo capitolo di "Come ti senti?"



23 Novembre 2020  
Pic Solution prosegue il suo rilancio di marca con il secondo capitolo...

## Tecnomedicina 2.0



## Facebook fanpage



## La playlist di Tecnomedicina



Tecnomedicina è una testata giornalistica specializzata nei temi della ricerca biomedica, della medicina e della sanità,

Tecnomedicina è un prodotto edito da  
**RBM Group Srls**  
Via Domodossola, 7 – 20145

Per inviare comunicazioni, richieste di informazioni, comunicati e segnalazioni o per entrare direttamente in contatto

Iscrizione alla Newsletter:

# le Scienze

edizione italiana di Scientific American



FISICA DELLE PARTICELLE

GENETICA

SPAZIO

COVID-19

AMBIENTE

DISTURBI MENTALI

PSICOLOGIA

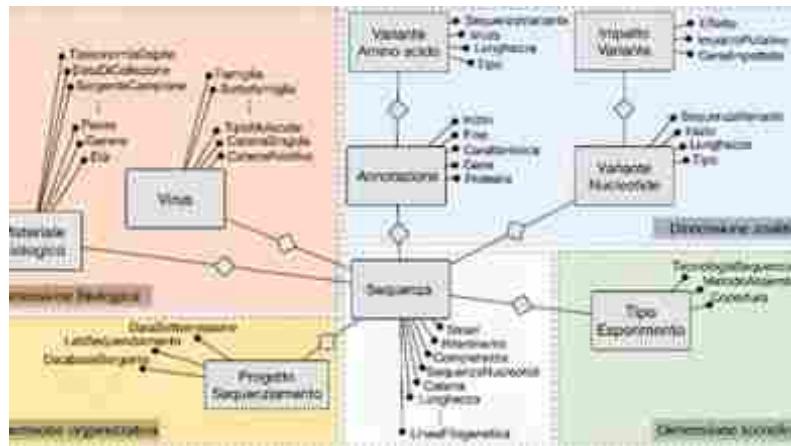


23 novembre 2020



## Comunicato stampa

# COVID 19 - Uno studio del Politecnico di Milano per capire i segreti delle sequenze virali

Fonte: [Politecnico di Milano](#)

Schema del database integrato: le sequenze del virus vengono descritte in base alle loro caratteristiche biologiche (specie virale e ospite), al progetto che le ha prodotte, alla tecnologia di sequenziamento e alle proprietà del genoma (annotazioni, mutazioni della sequenza dei nucleotidi e degli amino acidi). ©Politecnico Milano

Il motore di ricerca ViruSurf svela come cambia il genoma del virus responsabile della pandemia

**In questo articolo parliamo di:**
[COVID-19](#) [COMPUTER SCIENCE](#)

Dall'inizio del 2020, i laboratori di tutto il mondo sequenziano materiale genetico che deriva dai tamponi positivi di persone affette da COVID-19 e depositano poi le sequenze virali in tre principali banche dati: GenBank, COG-UK e GISAID. Per muoversi agilmente in questa enorme mole di dati e "surfare" alla ricerca di connessioni utili alla comprensione del virus, il gruppo di ricerca del Politecnico di Milano guidato dal Prof. Stefano Ceri ...



LE SCIENZE DI NOVEMBRE

175 anni di scienza

[LEGGI](#)

MIND DI NOVEMBRE

Rinascere con la danza

[LEGGI](#)



ENHANCED BY Google



ACCEDI


[Home](#) [Gruppi](#) [Notizie](#) [Eventi](#) [I nostri medici](#) [Perché iscriversi?](#) [Guida](#) [Guida medici](#)


Malattie Infettive

[Vai alla pagina del gruppo](#)

Discussioni



Iscritti al gruppo

Perché iscriversi?



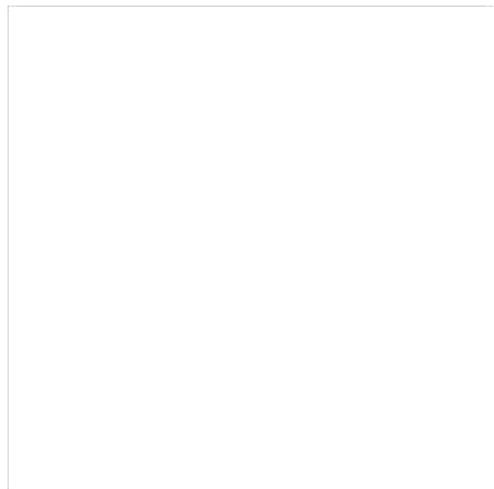
## COVID, UN MOTORE DI RICERCA SVELA I CAMBIAMENTI NEL GENOMA DEL VIRUS

[Torna al gruppo](#) [Tutti gli iscritti](#)

LUNEDÌ, 23 NOVEMBRE 2020

[Condividi](#)

Dall'inizio del 2020, i laboratori di tutto il mondo sequenziano materiale genetico che deriva dai tamponi positivi di persone affette da COVID-19 e depositano poi le sequenze virali in tre principali banche dati: GenBank, COG-UK e GISAID.



Per muoversi agilmente in questa enorme mole di dati e "surfare" alla ricerca di connessioni utili alla comprensione del virus, il gruppo di ricerca del Politecnico di Milano guidato dal Prof. Stefano Ceri ha realizzato ViruSurf (<http://gmql.eu/virusurf>), un motore di ricerca che si avvale di un database centralizzato collocato al Politecnico. Il database viene aggiornato periodicamente e ad oggi contiene 200,516 sequenze di SARS-CoV-2, il virus responsabile della pandemia, e 33,256 sequenze di altre specie, anch'esse associate a epidemie di interesse per l'uomo, tra cui SARS, MERS, Ebola e Dengue.

Ogni sequenza è descritta secondo quattro prospettive: le caratteristiche del virus e dell'organismo ospite, la tecnologia utilizzata, il progetto di sequenziamento, le mutazioni dei nucleotidi e degli amino acidi che si trovano in diversi geni. Il vantaggio di ViruSurf è di includere un algoritmo che calcola le mutazioni virali in maniera omogenea, ovvero indipendente

### File disponibili

Nessun file caricato

## TOUR DEL SITO

[Comincia il tour!](#)

## POST DAI GRUPPI

### Malattie Infettive



Scaricate l'App Immuni per fermare la Pandemia  
Viaggia a oltre 350 mila download negli ultimi due giorni...  
di Riccardo Antinori



«Soltanto se smettiamo di adagiarcici nel confronto con i nostri Paesi vicini, in una condizione senza...  
di Riccardo Antinori



ALLARME Terapie intensive: «Siamo molto preoccupati per il loro aumento, per tanti giorni avevamo so...  
di Riccardo Antinori



12 minuti per sapere non solo se si è positivi ma

[Ritaglio stampa ad uso esclusivo del destinatario, non riproducibile.](#)

dalla loro provenienza, gestito su cloud per ridurre i tempi di esecuzione. Il database è ottimizzato per offrire risposte istantanee agli utilizzatori del motore di ricerca.

Tra i diversi sviluppi futuri di ViruSurf, il più importante, finanziato da EIT Digital con un progetto semestrale, è un servizio informatico per elaborare nuove sequenze virali identificando in esse particolari mutazioni associate a maggiore o minore severità e virulenza. Utilizzato in campo medico, in fasi meno acute della pandemia, permetterà di arricchire la "cartella clinica" del paziente con la sequenza del virus che lo ha infettato. Sarà inoltre possibile utilizzare ViruSurf per il monitoraggio dei virus nella gestione di allevamenti e coltivazioni. Il sistema consentirà a breve di tracciare gli epitopi – sequenze di amino acidi del virus che sono critiche per lo sviluppo di vaccini – ad esempio per trovare, per ogni epitopo, le mutazioni della sua sequenza diffuse in alcune regioni del pianeta, che potrebbero pregiudicare l'efficacia del vaccino.

"Nel progetto GeCo, finanziato da European Research Council, avevamo già sviluppato un motore di ricerca per il genoma umano, chiamato GenoSurf; ad inizio pandemia non esisteva un analogo sistema per le sequenze virali. Per comprenderne i requisiti, abbiamo intervistato venti esperti virologi da tutto il mondo. Il risultato è un sistema di semplice utilizzo: chiunque può collegarsi e capire, ad esempio, quando una mutazione virale è apparsa per la prima volta e come si è diffusa nel mondo" – racconta Stefano Ceri, leader del progetto. L'articolo è pubblicato su una rivista di grande rilievo, Nucleic Acids Research (<https://doi.org/10.1093/nar/gkaa846>), che raccoglie annualmente i database più importanti per la biologia. Hanno contribuito all'articolo anche Pietro Pinoli, progettista degli algoritmi, Arif Canakoglu, software architect, Anna Bernasconi, data designer, Tommaso Alfonsi, responsabile della acquisizione dei dati, e Damianos P. Melidis di L3S (Hannover), autore di alcuni algoritmi.

Non sei iscritto, partecipa a [Okmedicina!](#)



Autore

Sperelli

 [Condividi](#)

anche quanto si è gravi e se si sono sviluppati gli...  
di Riccardo Antinori

#### Depressione



L'effetto del Coronavirus sull'umore Claudio Mencacci, presidente della Società italiana di neuropsi...  
di Riccardo Antinori

## CHI È IN LINEA



### ALTRI ARTICOLI DI SPERELLI



LUNEDÌ, 23

NOVEMBRE 2020

Covid, un motore di ricerca svela i cambiamenti nel genoma del virus

[Sperelli](#)

VENERDÌ, 20

NOVEMBRE 2020

Si può fare sport anche con la mascherina

[Fitness 4 shape up your body](#)

VENERDÌ, 20

NOVEMBRE 2020

Coronavirus, come donare il plasma iperimmune

[Sperelli](#)

GIOVEDÌ, 19

NOVEMBRE 2020

Winter Blues più probabile per le donne. I consigli per prevenire i sintomi

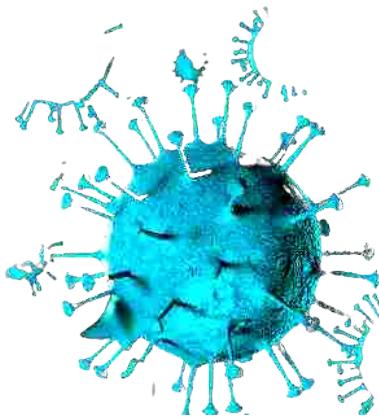
[Sperelli](#)

Malattie Infettive

Psicologia

Ritaglio stampa ad uso esclusivo del destinatario, non riproducibile.

## Covid-19, da PoliMi un motore di ricerca che svela mutazioni virus



23 novembre 2020

Dall'inizio del 2020, i laboratori di tutto il mondo sequenziano materiale genetico che deriva dai tamponi positivi di persone affette da COVID-19 e depositano poi le sequenze virali in tre principali banche dati: GenBank, COG-UK e GISAID. Per muoversi agilmente in questa enorme mole di dati e "surfare" alla ricerca di connessioni utili alla comprensione del virus, il gruppo di ricerca del Politecnico di Milano guidato dal Prof. Stefano Ceri ha realizzato ViruSurf (<http://gmql.eu/virusurf>), un motore di ricerca che si avvale di un database centralizzato collocato al Politecnico. Il database viene aggiornato periodicamente e ad oggi contiene 200.516 sequenze di SARS-CoV-2, il virus responsabile della pandemia, e 33.256 sequenze di altre specie, anch'esse associate ad epidemie di interesse per l'uomo, tra cui SARS, MERS, Ebola e Dengue.

**Ogni sequenza** – spiega il Politecnico di Milano – è descritta secondo quattro prospettive: le caratteristiche del virus e dell'organismo ospite, la tecnologia utilizzata, il progetto di sequenziamento, le mutazioni dei nucleotidi e degli amino acidi che si trovano in diversi geni. Il vantaggio di ViruSurf è di includere un algoritmo che calcola le mutazioni virali in maniera omogenea, ovvero indipendente dalla loro provenienza, gestito su cloud per ridurre i tempi di esecuzione. Il database è ottimizzato per offrire risposte istantanee agli utilizzatori del motore di ricerca. Tra i diversi sviluppi futuri di ViruSurf, il più importante, finanziato da EIT Digital con un progetto semestrale, è un servizio informatico per elaborare nuove sequenze virali identificando in esse particolari mutazioni associate a maggiore o minore severità e virulenza.

**Utilizzato** in campo medico, in fasi meno acute della pandemia, permetterà di arricchire la “cartella clinica” del paziente con la sequenza del virus che lo ha infettato. Sarà inoltre possibile utilizzare ViruSurf per il monitoraggio dei virus nella gestione di allevamenti e coltivazioni. Il sistema consentirà a breve di tracciare gli epitopi – sequenze di aminoacidi del virus che sono critiche per lo sviluppo di vaccini – ad esempio per trovare, per ogni epitopo, le mutazioni della sua sequenza diffuse in alcune regioni del pianeta, che potrebbero pregiudicare l’efficacia del vaccino.


**Leggi anche:**

**Covid, in Giappone record contagi per quarto giorno consecutivo**

“Nel progetto GeCo, finanziato da European Research Council, avevamo già sviluppato un motore di ricerca per il genoma umano, chiamato GenoSurf; ad inizio pandemia non esisteva un analogo sistema per le sequenze virali. Per comprenderne i requisiti, abbiamo intervistato venti esperti virologi da tutto il mondo. Il risultato è un sistema di semplice utilizzo: chiunque può collegarsi e capire, ad esempio, quando una mutazione virale è apparsa per la prima volta e come si è diffusa nel mondo” racconta Stefano Ceri, leader del progetto. L’articolo è pubblicato sulla rivista Nucleic Acids Research (<https://doi.org/10.1093/nar/gkaa846>), che raccoglie annualmente i database più importanti per la biologia. Hanno contribuito all’articolo anche Pietro Pinoli, progettista degli algoritmi, Arif Canakoglu, software architect, Anna Bernasconi, data designer, Tommaso Alfonsi, responsabile della acquisizione dei dati, e Damianos P. Melidis di L3S (Hannover), autore di alcuni algoritmi.

[SEGUI ILFOGLIETTONE.IT SU FACEBOOK](#)
■ Mi piace

**© RIPRODUZIONE RISERVATA**

 Se avete correzioni, suggerimenti o commenti scrivete a [redazione@ilfogliettone.it](mailto:redazione@ilfogliettone.it)


---

 Commenti

Nome

Email

non verrà pubblicata

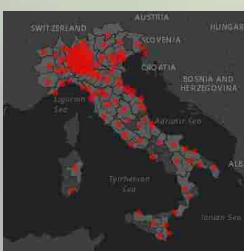
Questo sito utilizza cookie di Google per erogare i propri servizi e per analizzare il traffico. Il tuo indirizzo IP e il tuo user agent sono condivisi con Google, unitamente alle metriche sulle prestazioni e sulla sicurezza, per garantire la qualità del servizio, generare statistiche di utilizzo e rilevare e contrastare eventuali abusi.

ULTERIORI INFORMAZIONI OK



Blog di informazione e archivio del portale <http://www.laboratoriopoliziademocratica.it>. Inizio pubblicazione del blog: 1° settembre 2010. Tutte le immagini presenti nel blog vengono prelevate da google o da altri blog

G Seleziona lingua | ▾

COVID ITALIA MAPPA  
CONTAGI IN TEMPO REALECOVID MONDIALE MAPPA  
CONTAGI IN TEMPO REALESENTENZE, LEGGI,  
CIRCOLARI, DOCUMENTI E  
TANTO ALTRO ANCORA

Con una donazione di 0,06 centesimi di euro al giorno potrai consultare documenti e sentenze per un intero anno solare. Contattaci per sapere come fare

OROLOGIO



Embed

L'ora in Roma: 12:40:31

LUNEDÌ 23 NOVEMBRE 2020

**Covid: motore di ricerca ViruSurf svela come cambia il genoma**

LUNEDÌ 23 NOVEMBRE 2020 11.59.51

**Covid: motore di ricerca ViruSurf svela come cambia il genoma =**

(AGI) - Milano, 23 nov. - Dall'inizio del 2020, i laboratori di tutto il mondo sequenziato materiale genetico che deriva dai tamponi positivi di persone affette da COVID-19 e depositano poi le sequenze virali in tre principali banche dati: GenBank, COG-UK e GISAID. Per muoversi agilmente in questa enorme mole di dati e "surfare" alla ricerca di connessioni utili alla comprensione del virus, il gruppo di ricerca del **Politecnico di Milano** guidato da Stefano Ceri ha realizzato ViruSurf (<http://qmql.eu/virusurf>), un motore di ricerca che si avvale di un database centralizzato collocato al **Politecnico**. Il database viene aggiornato periodicamente e ad oggi contiene 200.516 sequenze di SARS-CoV-2, il virus responsabile della pandemia, e 33.256 sequenze di altre specie, anch'esse associate ad epidemie di interesse per l'uomo, tra cui SARS, MERS, Ebola e Dengue. Ogni sequenza è descritta secondo quattro prospettive: le caratteristiche del virus e dell'organismo ospite, la tecnologia utilizzata, il progetto di sequenziamento, le mutazioni dei nucleotidi e degli amino acidi che si trovano in diversi geni. (AGI)Sci/Mot (Segue) 231159 NOV 20 NNNN

LUNEDÌ 23 NOVEMBRE 2020 11.59.51

**Covid: motore di ricerca ViruSurf svela come cambia il genoma (2)=**

(AGI) - Milano, 23 nov. - Il vantaggio di ViruSurf è di includere un algoritmo che calcola le mutazioni virali in maniera omogenea, ovvero indipendente dalla loro provenienza, gestito su cloud per ridurre i tempi di esecuzione. Il database è ottimizzato per offrire risposte istantanee agli utilizzatori del motore di ricerca. Tra i diversi sviluppi futuri di ViruSurf, il più importante, finanziato da EIT Digital con un progetto semestrale, è un servizio informatico per elaborare nuove sequenze virali identificando in esse particolari mutazioni associate a maggiore o minore severità e virulenza. Utilizzato in campo medico, in fasi meno acute della pandemia, permetterà di arricchire la "cartella clinica" del paziente con la sequenza del virus che lo ha infettato. Sarà inoltre possibile utilizzare ViruSurf per il monitoraggio dei virus nella gestione di allevamenti e coltivazioni. Il sistema consentirà a breve di tracciare gli epitipi - sequenze di amino acidi del virus che sono critiche per lo sviluppo di vaccini - ad esempio per trovare, per ogni epitopo, le mutazioni della sua sequenza diffuse in alcune regioni del pianeta, che potrebbero pregiudicare l'efficacia del vaccino. "Nel progetto GeCo, finanziato da European Research Council, avevamo già sviluppato un motore di ricerca per il genoma umano, chiamato GeSurf; ad inizio pandemia non esisteva un analogo sistema per le sequenze virali. Per comprendere i requisiti, abbiamo intervistato venti esperti virologi da tutto il mondo. Il risultato è un sistema di semplice utilizzo: chiunque può collegarsi e capire, ad esempio, quando una mutazione virale è apparsa per la prima volta e come si è diffusa nel mondo", racconta Stefano Ceri, leader del progetto. L'articolo è stato pubblicato sulla rivista Nucleic Acids Research. (AGI)Sci/Mot 231159 NOV 20 NNNN

Pubblicato da **Blog laboratorio polizia democratica** a 12:14Reazioni:  divertente (0)  interessante (0)  eccezionale (0)

Nessun commento:

Ritaglio stampa ad uso esclusivo del destinatario, non riproducibile.

SITI WEB PROGETTATI  
SU MISURA PER VOI

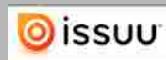
Per tutti gli utenti regolarmente registrati sul portale Laboratorio di Polizia Democratica uno sconto del 10% sul preventivo finale per la realizzazione del vostro sito web.

QUESTO SPAZIO  
POTREBBE ESSERE  
TUO CHIEDICI COME  
FARE.



La tua azienda, la tua attività, i tuoi prodotti nei nostri portali internet in testa ai maggiori motori di ricerca, per informazioni:  
[info@laboratoriopoliziademocratica.org](mailto:info@laboratoriopoliziademocratica.org) oppure tramite fax - 06.233200886

OLTRE 4MILA  
PUBBLICAZIONI DI  
LIBERA  
CONSULTAZIONE



POST PIÙ POPOLARI

4a Serie Speciale -  
Concorsi ed Esami n. 91  
del 20-11-2020

Usa: Romney contro  
Trump,su voto Michigan  
mosse antidemocratiche  
=

**HEADLINE** Abstract Objectives To evaluate the in vitro antimicrobial/antivirulence...



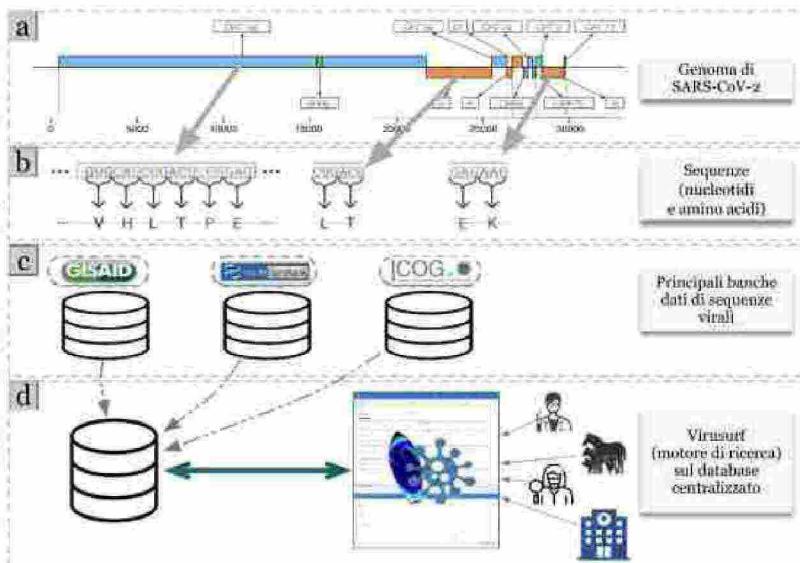
HOME SCIENZAONLINE NEWS SCIENCEONLINE REDAZIONE

Cerca...

## COVID 19 - Uno studio del Politecnico di Milano per capire i segreti delle sequenze virali

Politecnico di Milano 23 Nov 2020 Medicina

36 volte 0 commento

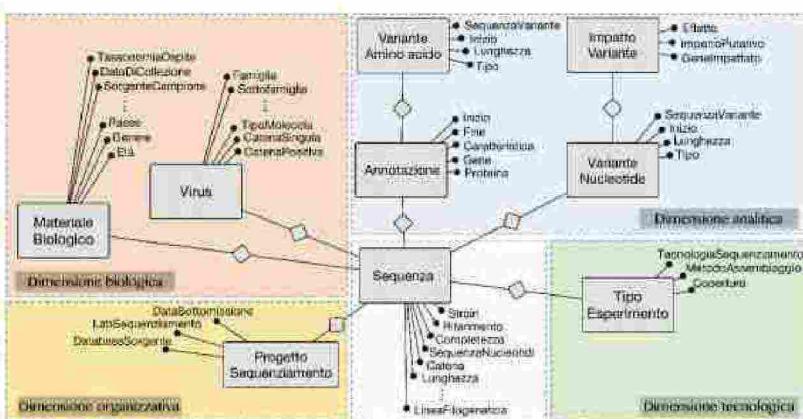


Il motore di ricerca ViruSurf svela come cambia il genoma del virus responsabile della pandemia

Dall'inizio del 2020, i laboratori di tutto il mondo sequenziano materiale genetico che deriva dai tamponi positivi di persone affette da COVID-19 e depositano poi le sequenze virali in tre principali banche dati: GenBank, COG-UK e GISAID. Per muoversi agilmente in questa enorme mole di dati e "surfare" alla ricerca di connessioni utili alla comprensione del virus, il gruppo di ricerca del Politecnico di Milano guidato dal Prof. Stefano Ceri ha realizzato

ViruSurf (<http://gmql.eu/virusurf>), un motore di ricerca che si avvale di un database centralizzato collocato al Politecnico. Il database viene aggiornato periodicamente e ad oggi contiene 200,516 sequenze di SARS-CoV-2, il virus responsabile della pandemia, e 33,256 sequenze di altre specie, anch'esse associate ad epidemie di interesse per l'uomo, tra cui SARS, MERS, Ebola e Dengue.

Ogni sequenza è descritta secondo quattro prospettive: le caratteristiche del virus e dell'organismo ospite, la tecnologia utilizzata, il progetto di sequenziamento, le mutazioni dei nucleotidi e degli amino acidi che si trovano in diversi geni. Il vantaggio di ViruSurf è di includere un algoritmo che calcola le mutazioni virali in maniera omogenea, ovvero indipendente dalla loro provenienza, gestito su cloud per ridurre i tempi di esecuzione. Il database è ottimizzato per offrire risposte istantanee agli utilizzatori del motore di ricerca.



Schema del database integrato: le sequenze del virus vengono descritte in base alle loro caratteristiche biologiche (specie virale e ospite), al progetto che le ha prodotte, alla tecnologia di sequenziamento e alle proprietà del genoma (annotazioni, mutazioni della sequenza dei nucleotidi e degli amino acidi).

Tra i diversi sviluppi futuri di ViruSurf, il più importante, finanziato da EIT Digital con un progetto semestrale, è un servizio informatico per elaborare nuove sequenze virali identificando in esse particolari mutazioni associate a maggiore o minore severità e virulenza. Utilizzato in campo medico, in fasi meno acute della pandemia, permetterà di arricchire la “cartella clinica” del paziente con la sequenza del virus che lo ha infettato. Sarà inoltre possibile utilizzare ViruSurf per il monitoraggio dei virus nella gestione di allevamenti e coltivazioni. Il sistema consentirà a breve di tracciare gli epitopi – sequenze di amino acidi del virus che sono critiche per lo sviluppo di vaccini – ad esempio per trovare, per ogni epitopo, le mutazioni della sua sequenza diffuse in alcune regioni del pianeta, che potrebbero pregiudicare l’efficacia del vaccino. “Nel progetto GeCo, finanziato da European Research Council, avevamo già sviluppato un motore di ricerca per il genoma umano, chiamato GenoSurf; ad inizio pandemia non esisteva un analogo sistema per le sequenze virali. Per comprenderne i requisiti, abbiamo intervistato venti esperti virologi da tutto il mondo. Il risultato è un sistema di semplice utilizzo: chiunque può collegarsi e capire, ad esempio, quando una mutazione virale è apparsa per la prima volta e come si è diffusa nel mondo” – racconta Stefano Cieri, leader del progetto.

L’articolo è pubblicato su una rivista di grande rilievo, Nucleic Acids Research (<https://doi.org/10.1093/nar/gkaa846>), che raccoglie annualmente i database più importanti per la biologia. Hanno contribuito all’articolo anche Pietro Pinoli, progettista degli algoritmi, Arif Canakoglu, software architect, Anna Bernasconi, data designer, Tommaso Alfonsi, responsabile della acquisizione dei dati, e Damianos P. Melidis di L3S (Hannover), autore di alcuni algoritmi.

Link alla video-presentazione di Anna Bernasconi al Congresso ER2020 (6 Novembre 2020) <https://youtu.be/HjnEOQnUnEg>

Dal genoma del virus SARS-CoV-2 (a) si estrae la sua sequenza di nucleotidi e amino acidi (b); le sequenze, depositate nelle banche dati mondiali: GENBANK, GISAID, COG-UK (c), sono importate nel database centralizzato del Politecnico, su cui opera Il motore di ricerca ViruSurf (d). Schema del database integrato: le sequenze del virus vengono descritte in base alle loro caratteristiche biologiche (specie virale e ospite), al progetto che le ha prodotte, alla tecnologia di sequenziamento e alle proprietà del genoma (annotazioni, mutazioni della sequenza dei nucleotidi e degli amino acidi).

Vota questo articolo  (0 Voti) dimensione font  | [Stampa](#) | [Email](#)

[Share](#) [Twitter](#)

[Tweet](#)

Ritaglio stampa ad uso esclusivo del destinatario, non riproducibile.



MEDICAL HOME

LIFE SCIENCES HOME

Become a Member



Search...


[About](#) [COVID-19](#) [News](#) [Health A-Z](#) [Drugs](#) [Medical Devices](#) [Interviews](#) [White Papers](#) [More...](#)

# I ricercatori sviluppano il nuovo motore di ricerca per studiare le sequenze virali in COVID-19

[Download PDF Copy](#)

Reviewed by Emily Henderson, B.Sc.

Nov 23 2020

Dall'inizio del 2020, i laboratori tutt'intorno dal mondo stanno ordinando il materiale dalle prove positive della gente influenzata da COVID-19 e dalle sequenze poi di deposito principalmente a tre punti della raccolta: GenBank, COG-UK e GISAID.

Una prospettiva veloce di questo gran quantità dei dati è importante per la comprensione come il genoma del virus sta cambiando.

Per permettere velocemente "a praticare il surfing," sopra questi dati, il gruppo di ricerca dei Di Milano di Politecnico piombo da prof. Stefano Ceri ha sviluppato ViruSurf, un motore di ricerca che funziona sopra un database centralizzato memorizzato a Politecnico.

Il database periodicamente è ricaricato dalle tre sorgenti ed a partire dall'oggi contiene 200.516 sequenze di SARS-CoV-2, il virus che causano COVID-19 e 33.256 sequenze di altre specie virali anche associate alle epidemie che pregiudicano gli esseri umani, quali il SAR, MERS, Ebola e febbre rompissa.

Ogni sequenza è descritta da quattro prospettive: le funzionalità biologiche del virus e del host, la tecnologia d'ordinamento, il progetto che ha redatto i dati originali, le mutazioni di intera sequenza dei nucleotidi e degli amminoacidi gene-specifici.

Il vantaggio fornito da ViruSurf è l'uso di un algoritmo per la computazione delle mutazioni virali in modo omogeneo attraverso le sorgenti, facendo uso della computazione della nuvola. Il database è ottimizzato per dare le risposte rapide ai surfisti del motore di ricerca.

Fra gli sviluppi futuri di ViruSurf, il più importante, costituito un fondo per da un progetto lungo sei mese da EIT Digital, è un servizio bio-informatico per l'ingestione delle sequenze virali nuove, che evidenzia la presenza di mutazioni virali connesse con la severità e la virulenza migliorate o diminuite mentre sono scoperte.

Utilizzato in cliniche, specialmente con le pandemie meno acute che si spargono, supporterà l'aggiunta di informazioni critiche alla cartella medica paziente; altri usi saranno possibili nel contesto dell'animale che coltiva o del ciclo alimentare.

**Ritaglio stampa ad uso esclusivo del destinatario, non riproducibile.**

Il sistema presto permetterà che il tracciato degli epitopi - sequenze aminoacidiche che sono utilizzati nella progettazione vaccino - per esempio, associ gli epitopi con le mutazioni del virus che potrebbe essere presente in paesi dati del mondo e che potrebbe pregiudicare il vaccino.

"Nel progetto GeCo, finanziato dal consiglio della ricerca europeo, già avevamo sviluppato un motore di ricerca per i gruppi di dati che descrivono il genoma umano, chiamato GenoSurf; all'inizio della pandemia, non c'era tale sistema per le sequenze virali.

**“**Per capire meglio i suoi requisiti, abbiamo intervistato circa venti virologi esperti da ogni parte del mondo. Il risultato è un sistema facile da usare: tutto il ricercatore può connettere a ed eseguire le query, per esempio, circa quando una mutazione virale iniziata e come si è sparso nel mondo.

”

Stefano Ceri, professore e direttore di progetto, Di Milano di Politecnico

L'articolo è pubblicato su un alto giornale di pertinenza, la *ricerca degli acidi nucleici*, nell'emissione del database che ogni anno raccoglie le descrizioni dei database biologici più significativi.

**Source:**

Politecnico di Milano

**Journal reference:**

Canakoglu, A., et al. (2020) ViruSurf: an integrated database to investigate viral sequences. *Nucleic Acid Research*. doi.org/10.1093/nar/gkaa846.

[Download PDF Copy](#)

ADVERTISEMENT

Read in: [Italiano](#)

Ritaglio stampa ad uso esclusivo del destinatario, non riproducibile.



## Covid-19 | da PoliMi un motore di ricerca che svela mutazioni virus

Dall'inizio del 2020, i laboratori di tutto il mondo sequenziano materiale genetico che deriva dai ...

Segnalato da : **ilfogliettone**

[Commenta](#)

**Covid-19, da PoliMi un motore di ricerca che svela mutazioni virus** (Di lunedì 23 novembre 2020) Dall'inizio del 2020, i laboratori di tutto il mondo sequenziano materiale genetico che deriva dai tamponi positivi di persone affette da **Covid-19** e depositano poi le sequenze virali in tre principali banche dati: GenBank, COG-UK e GISAID. Per muoversi agilmente in questa enorme mole di dati e "surfare" alla **ricerca** di connessioni utili alla comprensione del **virus**, il gruppo di **ricerca** del **Politecnico di Milano** guidato dal Prof. Stefano Ceri ha realizzato **virusurf** (<http://gmql.eu/virusurf>), un **motore di ricerca** che si avvale di un database centralizzato collocato al **Politecnico**. Il database viene aggiornato periodicamente e ad oggi contiene 200.516 sequenze di SARS-CoV-2, il **virus** responsabile della pandemia, e 33.256 sequenze di altre ...

[LEGGI SU ILFOGLIETTONE](#)



Covid - se l'Italia piange sul latte versato. Parla Enrico Zio **(PoliMi)**

### Seguici in Rete

Facebook

Twitter

Seguici

Iscriviti

**twitter** **workinVoice** : Federico Caniato, **@polimi**: #ReverseFactoring, dynamic discounting, #invoicetrading. A salvare le filiere globali, m... - **Gruppo24ore** : Appuntamento Mer. #25novembre: #Cybersecurity @sole24ore @24Eventi, con @Assolombarda @ConsorzioCINI... - **graziacalore** : Scoperto al **PoliMi** composto che ferma replicazione del Sars-Cov2 - **mrmnft** : Composto chimico che blocca il Covid - Sars 2 prodotto al **PoliMi** ? - **Cloud\_CIO** : RT @Gruppo24ore: #Cybersecurity @24Eventi #25novembre. Le testimonianze di @Assolombarda @ConsorzioCINI @VodafoneMediaT @Fortinet @polimi... -

### Ultime Notizie dalla rete : Covid **PoliMi**

Covid-19, da PoliMi un motore di ricerca che svela mutazioni virus askanews

Finanza alternativa: quali strumenti resistono alla crisi?

In 12 mesi la finanza alternativa ha veicolato 2,67 miliardi verso le pmi tricolori. Ma quale dei suoi circuiti resiste davvero alla crisi?

Covid, una speranza dal **Politecnico**: molecola sintetica per fermare il virus

Milano, 19 novembre 2020 - Una molecola sintetica che promette di "fermare la replicazione" del coronavirus Sars-CoV-2 è stata individuata da un gruppo di ricercatori del Politec ...

Ritaglio stampa ad uso esclusivo del destinatario, non riproducibile.

## L'invenzione Un motore di ricerca studia le mutazioni

Per capire come sta cambiando il genoma del coronavirus arriva Viru-Surf, il motore di ricerca sviluppato al **Politecnico di Milano** per surfare tra le principali banche dati mondiali che contengono le sequenze genetiche di SarsCoV2. ViruSurf ha un database che contiene oltre 200.000 sequenze di SarsCoV2, e più di 33.000 sequenze di altri virus associati ad epidemie di interesse per l'uomo.



Ritaglio stampa ad uso esclusivo del destinatario, non riproducibile.

## MILANOPAVIA TV (Ora: 19:00:00 Min: 2:17)

Nasce ViruSurf, il primo motore di ricerca realizzato dal team del Politecnico di Milano per muoversi agilmente nella mole di dati sulle sequenze del Covid-19.



Ritaglio stampa ad uso esclusivo del destinatario, non riproducibile.