

Padova, 16 dicembre 2025

NETWORK MEDICINE, LE “NUOVE” ISTRUZIONI PER L’USO

Pubblicato su «Cell Press - MED» lo studio dei ricercatori dell’Università di Padova che propone una nuova visione pratica e teorica per ampliare i modelli in uso

La Network Medicine utilizza i principi della scienza della complessità per fondere e modellizzare enormi quantità di dati biologici – dal genoma alle proteine fino ai metaboliti. L'obiettivo è creare una mappa dinamica delle reti del corpo umano per distinguere con precisione gli stati di salute da quelli di malattia. L'introduzione di tecniche mutate dalla fisica statistica e dall'intelligenza artificiale ha permesso di affinare in modo significativo la comprensione delle "reti" che sono alla base delle patologie, rivoluzionando in molti casi la ricerca. Tuttavia la disciplina deve ancora superare limiti come la difficoltà di definire con esattezza le unità biologiche e le loro interazioni, l'interpretazione non sempre univoca dei modelli e la gestione delle incertezze insite nei dati sperimentali. Il futuro della medicina delle reti dipende quindi dalla capacità di ampliare i modelli attuali.

Nel lavoro appena pubblicato su «Cell Press - MED» dal titolo “*Challenges and opportunities in the network medicine of complex diseases*”, **Valeria d’Andrea e Manlio De Domenico** del Dipartimento di Fisica e Astronomia “Galileo Galilei” dell’Università di Padova con **Joseph Loscalzo** - uno dei padri della medicina delle reti - del Department of Medicine della Harvard Medical School di Boston,

propongono un cambiamento di paradigma basato su tre assunti che rivoluzionano la prospettiva di applicazione.

«La medicina delle reti permette innanzitutto di comprendere meglio i meccanismi delle malattie complesse, mostrando come disturbi diversi possano condividere gli stessi gruppi di molecole e come



Manlio Di Domenico

mutazioni anche lontane possano avere effetto sugli stessi processi biologici, spiegando perché una stessa malattia può manifestarsi in modi diversi da individuo a individuo - **afferma Manlio Di Domenico** del Dipartimento di Fisica e Astronomia -. Consente inoltre di individuare biomarcatori meno invasivi e più affidabili, ovvero tutti quegli indicatori misurabili che aiutano a riconoscere, monitorare o prevedere l'evoluzione di una malattia, e a identificare segnali che emergono solo quando si considerano informazioni provenienti da più sistemi biologici. Questo approccio facilita anche la scoperta di nuovi bersagli terapeutici e il riposizionamento dei farmaci: come nel caso

dell'aspirina, che ha rivelato benefici ben oltre il suo impiego iniziale, le reti permettono di individuare connessioni nascoste tra molecole, malattie e trattamenti».

Gli assunti del nuovo paradigma

Studiare le malattie come sistemi complessi dove tutto è interconnesso. La biologia, quindi, allarga la sua applicazione: la rete dei geni dialoga con la rete delle proteine, che influenza i metaboliti, che a loro volta determinano come le cellule comunicano tra loro e come i tessuti

reagiscono. Questi modelli matematici multi-livello permettono di utilizzare queste connessioni e capire come una piccola alterazione possa avere effetti a catena nell'intero organismo.

Accettare l'inevitabile incertezza dei dati osservati per ottenere risultati più affidabili grazie a modelli probabilistici. Si tratta di essere consci che le reti biologiche non sono mappe definitive e immutabili. La loro incompletezza è dovuta al fatto che sono state generate con metodi sperimentali che hanno margini di errore. Lo studio propone l'utilizzo di modelli probabilistici che incorporano fin dall'inizio questa incertezza, rendendo le stime più solide e le applicazioni cliniche più trasparenti.

Integrare fisica e chimica per capire davvero come funzionano le interazioni biologiche. Le reti non sono costituite solo da nodi e connessioni: dietro ogni interazione ci sono affinità di legame, concentrazioni, strutture tridimensionali, dinamiche molecolari. Inserire questi vincoli fisico-chimici nei modelli permette di avvicinarsi ai veri meccanismi che guidano salute e malattia.

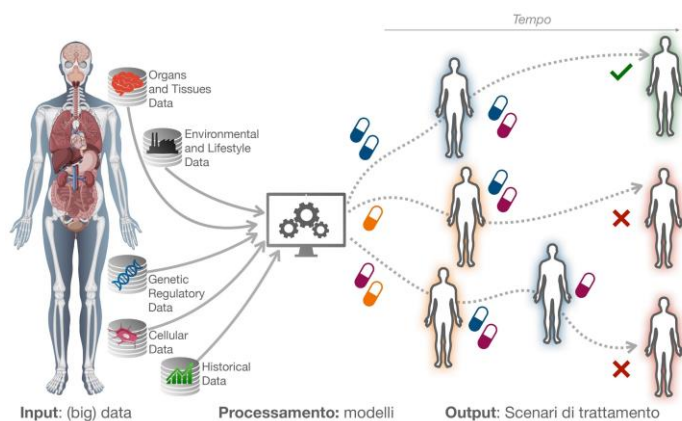


Valeria d'Andrea

«I recenti progressi nella fisica delle reti negli strumenti computazionali e nello studio delle reti biologiche - **spiega Valeria d'Andrea**, ricercatrice del dipartimento di Fisica e Astronomia dell'Ateneo patavino - ci permettono oggi di descrivere la complessità dei sistemi viventi come mai prima. Lo studio pubblicato è frutto della collaborazione tra il dipartimento di Fisica e Astronomia, il Padua Center for Network Medicine e la Harvard Medical School. Tra gli autori figura Joseph Loscalzo, uno dei principali esponenti internazionali della medicina delle reti, noto per aver introdotto concetti chiave come i moduli di malattia, ovvero gruppi di geni o proteine che lavorano insieme e che, quando si alterano, favoriscono la comparsa o l'evoluzione di una malattia, oltre ai metodi per riposizionare i farmaci basandosi sulle interazioni molecolari».

«Il Padua Center for Network Medicine e l'Università di Padova giocano un ruolo chiave in questo nuovo scenario perché occorrono forti sinergie tra fisici, medici, biologi, informatici e matematici. Questa integrazione rende possibile lo sviluppo di tecniche e strumenti, come i gemelli digitali informati dai modelli computazionali e guidati dai dati, per una medicina davvero personalizzata: capace di interpretare dati complessi, prevedere l'evoluzione delle malattie e suggerire terapie mirate. La medicina delle reti 2.0

– **conclude Manlio Di Domenico** - è in passo necessario per trasformare la crescente complessità dei dati biomedici in strumenti utili per medici e pazienti. Una nuova fase è appena iniziata, e potrà cambiare in profondità come comprendiamo, preveniamo e curiamo le malattie complesse».



La nuova Network medicine

Link alla ricerca: <https://doi.org/10.1016/j.medj.2025.100920>

Titolo: “Challenges and opportunities in the network medicine of complex diseases” - «Cell Press - MED» 2025

Autori: Valeria d'Andrea, Joseph Loscalzo, Manlio De Domenico