

Prevalenza e distribuzione delle varianti di SARS-CoV-2 di interesse per la sanità pubblica in Italia

Rapporto n. 30 del 31 marzo 2023

(dati aggiornati al 27 marzo 2023)

In evidenza

Il presente rapporto descrive i dati principali sulle varianti di SARS-CoV-2 circolanti in Italia, provenienti dai diversi flussi di raccolta attivi al momento a livello nazionale:

- **Indagine rapida di prevalenza** delle varianti del virus SARS-CoV-2 (c.d. Flash Survey). La più recente indagine rapida è stata effettuata il 7 marzo 2023, la prossima sarà effettuata il 4 aprile 2023.
- Sequenze genomiche depositate settimanalmente dai laboratori regionali sulla piattaforma open-source **I-Co-Gen (Italian COVID-19 Genomic) -ISS** (approfondimenti relativi al periodo 13 febbraio 2023 – 26 marzo 2023, estrazione dati 27 marzo 2023).
- Risultati, relativi alle varianti di interesse, segnalati dai centri di riferimento regionali nel **Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19** coordinata dall'ISS (approfondimenti relativi al periodo 13 febbraio 2023 – 26 marzo 2023, estrazione dati 27 marzo 2023).

Indagine rapida di prevalenza delle varianti (Flash Survey)

Alla data della più recente indagine rapida per la stima della prevalenza delle varianti del virus SARS-CoV-2 ([7 marzo 2023](#)):

- XBB.1.5 risultava essere predominante, con una prevalenza nazionale pari al 38,4%, e frequenze regionali comprese tra lo 0% e l'80%.
- La prevalenza di BQ.1 risultava pari al 29,6%; in diminuzione la proporzione di sequenziamenti associati a BQ.1.1.
- Sostenuta la circolazione di BA.2.75, con una prevalenza nazionale stimata pari al 12,0%, ed in particolare di CH.1.1.

Analisi dei sequenziamenti depositati nella piattaforma I-Co-Gen

La piattaforma per la sorveglianza genomica delle varianti di SARS-CoV-2 (I-Co-Gen), alimentata da un flusso continuo di dati provenienti dalle Regioni/PPAA e dedicata all'analisi e condivisione dei dati di sequenziamento ha raccolto, alla data del presente rapporto, più di 196.000 sequenze provenienti da 71 strutture dislocate sull'intero territorio nazionale.

In base ai dati di sequenziamento depositati in I-Co-Gen nelle ultime sei settimane (13 febbraio 2023 – 26 marzo 2023):

- XBB risulta predominante (45,3%), con 17 differenti sotto-lignaggi identificati; di questi, XBB.1.5 si conferma maggioritario.
- Si osserva un incremento nella proporzione di sequenziamenti attribuibili al sotto-lignaggio XBB.1.9.1 con una frequenza pari al 25,0% nell'ultima settimana di osservazione.

È importante sottolineare, tuttavia, che il numero di sequenziamenti prodotti nelle ultime due settimane (13-26 marzo 2023) potrebbe non consentire una stima precisa della frequenza delle diverse varianti.

I risultati sopramenzionati sono stati sviluppati in accordo con le più recenti indicazioni fornite dagli organismi internazionali, [ECDC](#) e [WHO](#), sulla classificazione delle varianti, in relazione all'attuale circolazione del virus SARS-CoV-2, caratterizzata da lignaggi discendenti di Omicron.

Capacità di sequenziamento

Sebbene il numero settimanale di sequenziamenti effettuati nell'ambito del [flusso continuo di sorveglianza genomica del SARS-CoV-2](#) sia soggetto a fluttuazioni dettate dalla situazione epidemiologica e dalla disponibilità di campioni idonei al sequenziamento, nonché da ritardi di processamento e caricamento delle sequenze, al 12 marzo 2023 (ultima settimana consolidata), la capacità di sequenziamento nazionale si conferma tale da consentire di individuare, con elevata precisione, varianti circolanti con una prevalenza dell'1%.

Aggiornamento del Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19

Il sistema raccoglie alcune varianti segnalate dalle Regioni/PPAA e le caratteristiche dei pazienti in cui sono state identificate (età, stato vaccinale, residenza, ecc.) ma ha un fisiologico ritardo di notifica rispetto alla piattaforma I-Co-Gen, come spiegato nella [Faq](#) specifica e nelle Note di lettura.

- Il Sistema di Sorveglianza Integrata riporta 1.485 casi confermati di infezione da SARS-CoV-2 sequenziati/genotipizzati nel mese di febbraio 2023, ultimo mese per il quale il dato può ritenersi consolidato;
- Nel periodo 13 febbraio 2023 – 26 marzo 2023 anche questo sistema conferma la prevalenza di casi di infezione riconducibili alla variante Omicron ed ai relativi sotto-lignaggi recentemente riclassificati come varianti, prevalentemente a trasmissione autoctona, in tutte le fasce di età.

In conclusione

- XBB.1.5, Variante d'Interesse (VOI) secondo ECDC e WHO, risulta predominante nel nostro Paese, a fronte di una diminuzione di sequenziamenti attribuibili a BQ.1.
- Nell'attuale scenario è necessario continuare a monitorare, in coerenza con le raccomandazioni nazionali ed internazionali, la diffusione delle varianti virali circolanti nel Paese attraverso il sequenziamento dei campioni positivi per COVID -19.

INDICE

1. Stima della prevalenza delle varianti di SARS-CoV-2 in Italia (“indagine rapida”).	4
2. Piattaforma per la sorveglianza genomica delle varianti di SARS-CoV-2, I-Co-Gen.....	5
3. Segnalazioni di infezioni causate da varianti del virus SARS-CoV-2 di interesse per la sanità pubblica (dati dal Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19).	9
4. Appendice	15

1. Stima della prevalenza delle varianti di SARS-CoV-2 in Italia (“indagine rapida”).

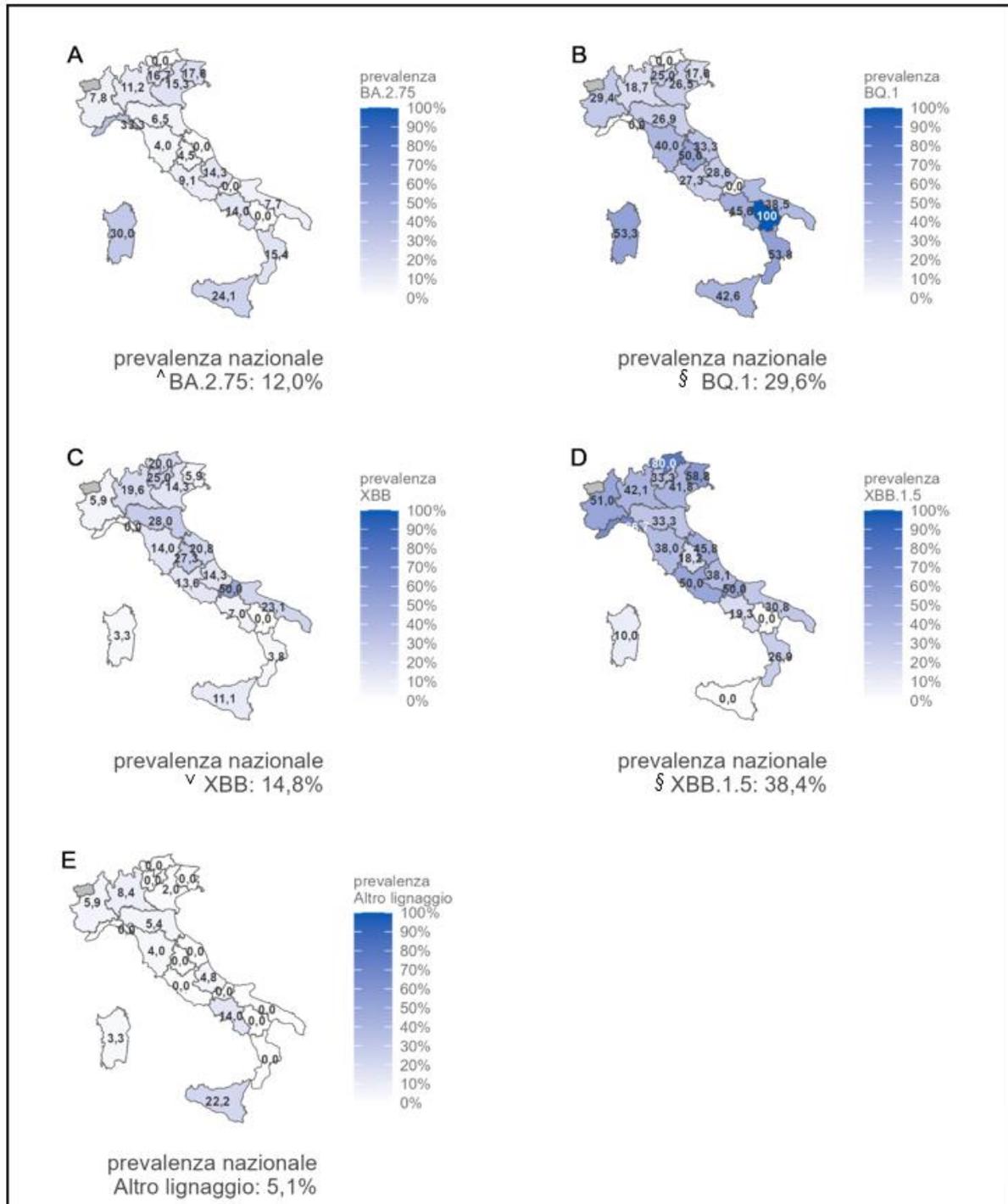


Figura 1 - Prevalenza di BA.2.75, BQ.1 XBB, XBB.1.5 e altri lignaggi in Italia, indagine rapida del 7 marzo 2023. XBB.1.5 è risultato essere il più frequente (prevalenza nazionale pari al 38,4%).

^Include i relativi sotto-lignaggi ed i ricombinanti XBF ed XBK, che ne condividono la spike

∨Include i relativi sotto-lignaggi, ad eccezione di XBB.1.5

§ Include i relativi sotto-lignaggi

<https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>

2. Piattaforma per la sorveglianza genomica delle varianti di SARS-CoV-2, I-Co-Gen.

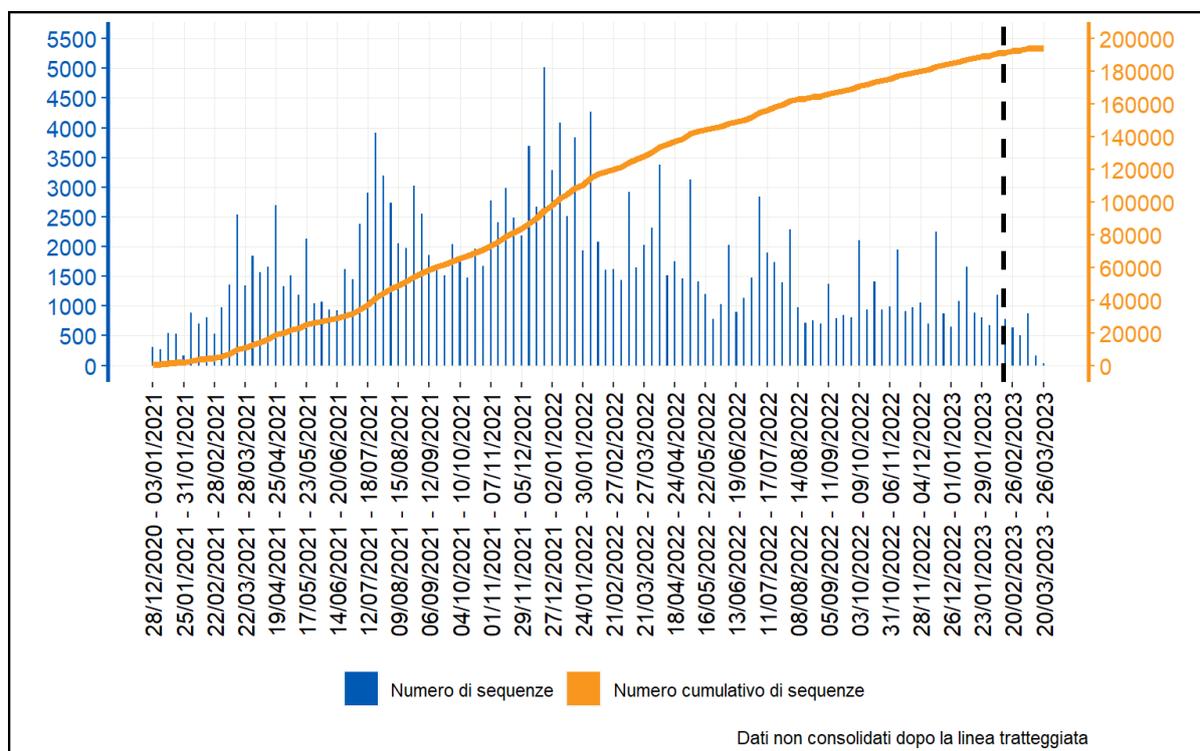


Figura 2 - Numero di sequenze presenti nella piattaforma I-Co-Gen per settimana di campionamento e numero cumulativo. Alla data di estrazione dei dati (27 marzo 2023) risultano 98 utenti da 71 strutture sul territorio per il caricamento/analisi e visualizzazione dei dati nella piattaforma I-Co-Gen, a cui vanno aggiunti 11 utenti abilitati alla sola visualizzazione dei dati. Le sequenze presenti nella piattaforma I-Co-Gen alla data del 27 marzo 2023 sono **196.723**. Il dato relativo alle ultime due settimane di campionamento (linea tratteggiata del grafico) è da considerarsi non ancora consolidato.

Tabella 1 - Frequenza dei lignaggi identificati dal software che opera nella piattaforma I-Co-Gen (versione 4.2 di Pangolin - PUSHER-v 1.18.1.1), nelle ultime sei settimane. Sono escluse da questa aggregazione le sequenze Sanger della regione del gene S ed i sequenziamenti genomici di scarsa qualità.

	Lignaggio	N. di sequenze	%
BA.2.75	BA.2.75.4	2	0,08%
	BN.1	7	0,26%
	BN.1.1.1	2	0,08%
	BN.1.10	1	0,04%
	BN.1.2	15	0,56%
	BN.1.2.1	2	0,08%
	BN.1.3	11	0,41%
	BN.1.3.1	3	0,11%
	BN.1.4	11	0,41%
	BN.1.5	2	0,08%
	BN.1.9	1	0,04%
	BN.3.1	3	0,11%
	BR.1	1	0,04%
	BR.2.1	1	0,04%
	CH.1	4	0,15%
	CH.1.1	136	5,12%

	Lignaggio	N. di sequenze	%
	CH.1.1.1	30	1,13%
	CH.1.1.2	4	0,15%
	CJ.1	7	0,26%
	DS.1	2	0,08%
	DS.2	1	0,04%
	DV.1	2	0,08%
	DV.3	1	0,04%
	XBF	100	3,77%
	XBF.2	1	0,04%
	XBK	23	0,87%
	Totale BA.2.75	373	14,05%
BQ.1	BQ.1	63	2,37%
	BQ.1.1	310	11,68%
	BQ.1.1.1	10	0,38%
	BQ.1.1.10	4	0,15%
	BQ.1.1.11	11	0,41%
	BQ.1.1.13	33	1,24%
	BQ.1.1.15	17	0,64%
	BQ.1.1.18	26	0,98%
	BQ.1.1.19	1	0,04%
	BQ.1.1.2	4	0,15%
	BQ.1.1.22	4	0,15%
	BQ.1.1.23	7	0,26%
	BQ.1.1.24	4	0,15%
	BQ.1.1.28	33	1,24%
	BQ.1.1.29	9	0,34%
	BQ.1.1.3	22	0,83%
	BQ.1.1.31	9	0,34%
	BQ.1.1.32	4	0,15%
	BQ.1.1.35	2	0,08%
	BQ.1.1.37	70	2,64%
	BQ.1.1.4	4	0,15%
	BQ.1.1.44	5	0,19%
	BQ.1.1.45	38	1,43%
	BQ.1.1.46	5	0,19%
	BQ.1.1.47	80	3,01%
	BQ.1.1.5	15	0,56%
	BQ.1.1.53	5	0,19%
	BQ.1.1.58	5	0,19%
	BQ.1.1.60	1	0,04%
	BQ.1.1.66	5	0,19%
	BQ.1.1.67	1	0,04%
	BQ.1.1.69	7	0,26%
	BQ.1.1.7	18	0,68%
	BQ.1.1.8	1	0,04%
	BQ.1.10	17	0,64%
	BQ.1.10.1	6	0,23%
	BQ.1.10.2	1	0,04%
	BQ.1.10.3	1	0,04%
	BQ.1.13	1	0,04%
	BQ.1.13.1	26	0,98%
	BQ.1.18	10	0,38%
BQ.1.19	1	0,04%	
BQ.1.2	6	0,23%	
BQ.1.2.1	1	0,04%	
BQ.1.21	1	0,04%	
BQ.1.22	5	0,19%	

	Lignaggio	N. di sequenze	%
	BQ.1.23	4	0,15%
	BQ.1.25	1	0,04%
	BQ.1.3	1	0,04%
	BQ.1.31	1	0,04%
	BQ.1.5	1	0,04%
	BQ.1.8	2	0,08%
	EA.1	2	0,08%
	EE.2	1	0,04%
	EF.1	14	0,53%
	EF.1.1	11	0,41%
	EF.1.1.1	2	0,08%
	EF.1.2	2	0,08%
	Totale BQ.1	951	35,82%
	XBB	XBB.1*	20
XBB.1.11.1		2	0,08%
XBB.1.12		1	0,04%
XBB.1.3		3	0,11%
XBB.1.4		15	0,56%
XBB.1.5		844	31,79%
XBB.1.5.1		1	0,04%
XBB.1.5.4		3	0,11%
XBB.1.5.5		5	0,19%
XBB.1.5.6		1	0,04%
XBB.1.5.7		28	1,05%
XBB.1.9		5	0,19%
XBB.1.9.1		148	5,57%
XBB.1.9.2		99	3,73%
XBB.2		2	0,08%
XBB.2.3		6	0,23%
XBB.2.4		19	0,72%
Totale XBB		1202	45,27%
Altri lignaggi	BA.1.1	1	0,04%
	BA.2	9	0,34%
	BA.2.10.1	8	0,30%
	BA.2.3.20	5	0,19%
	BA.4.6	2	0,08%
	BA.5	2	0,08%
	BA.5.1	6	0,23%
	BA.5.1.10	2	0,08%
	BA.5.1.26	3	0,11%
	BA.5.2	4	0,15%
	BA.5.2.1	10	0,38%
	BA.5.2.20	1	0,04%
	BA.5.2.34	5	0,19%
	BA.5.2.56	1	0,04%
	BA.5.2.6	1	0,04%
	BA.5.3.1	4	0,15%
	BE.1.1.1	3	0,11%
	BE.1.2.1	1	0,04%
	BE.10	1	0,04%
	BE.4.1	1	0,04%
	BE.6	3	0,11%
	BF.11.3	1	0,04%
	BF.13	2	0,08%
	BF.2	4	0,15%
	BF.31.1	1	0,04%
	BF.40	1	0,04%

Lignaggio	N. di sequenze	%
BF.7	18	0,68%
BF.7.15	1	0,04%
BF.7.20	1	0,04%
BF.7.22	1	0,04%
BF.7.26	1	0,04%
BF.7.5	3	0,11%
BV.1	1	0,04%
CK.1	2	0,08%
CK.2.1	2	0,08%
CL.1	5	0,19%
CM.8.1	1	0,04%
CP.1	2	0,08%
CR.1	1	0,04%
DB.1	3	0,11%
DG.1	1	0,04%
DJ.1.1	1	0,04%
XAY.1.1.1	2	0,08%
XBJ	1	0,04%
Totale "Altri lignaggi"	129	4,86%

*di cui 1 XBB.1.16, classificazione USHER

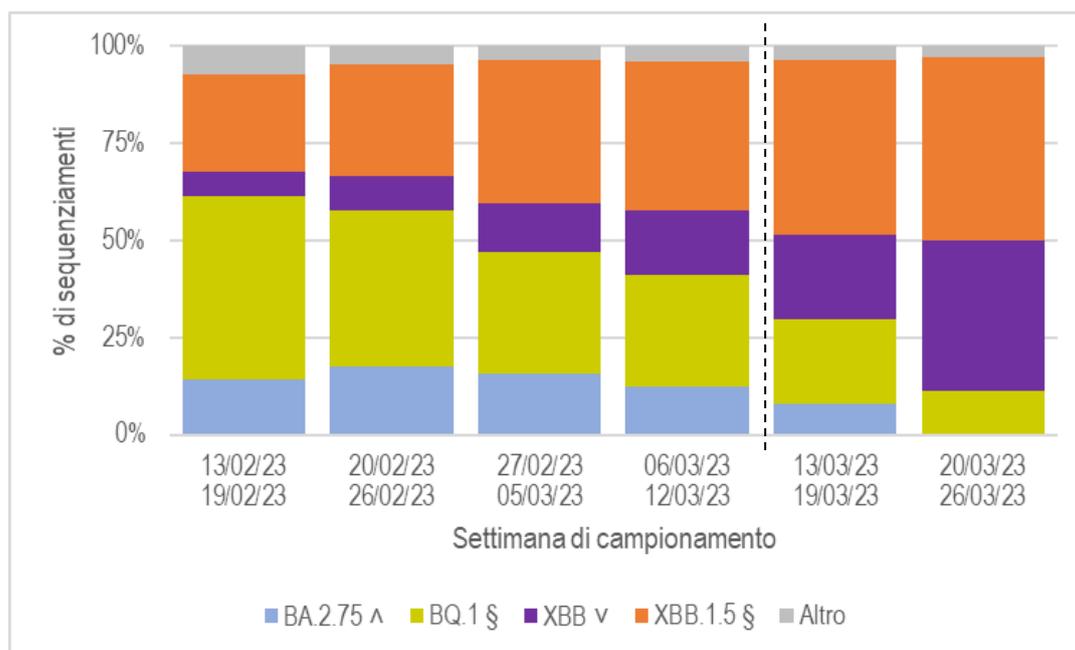


Figura 3– Distribuzione percentuale dei principali lignaggi identificati mediante sequenziamento genomico dal software della piattaforma I-Co-Gen, per settimana di campionamento (ultime sei settimane). L'assegnazione dei lignaggi è quella ottenuta con la versione 4.2 di Pangolin - PUSHHER- v 1.18.1.1. Sono escluse da questa aggregazione le sequenze Sanger della regione del gene S ed i sequenziamenti genomici non rispondenti agli standards qualitativi. Il dato relativo alle ultime due settimane (linea tratteggiata) è da ritenersi non ancora consolidato. Il numero di sequenziamenti genomici di buona qualità depositati in I-Co-Gen durante l'ultima settimana di campionamento disponibile (20/03/2023- 26/03/2023) è pari a 36.

ΔInclude i relativi sotto-lignaggi ed i ricombinanti XBF ed XBK, che ne condividono la spike

vInclude i relativi sotto-lignaggi, ad eccezione di XBB.1.5

§ Include i relativi sotto-lignaggi

<https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>

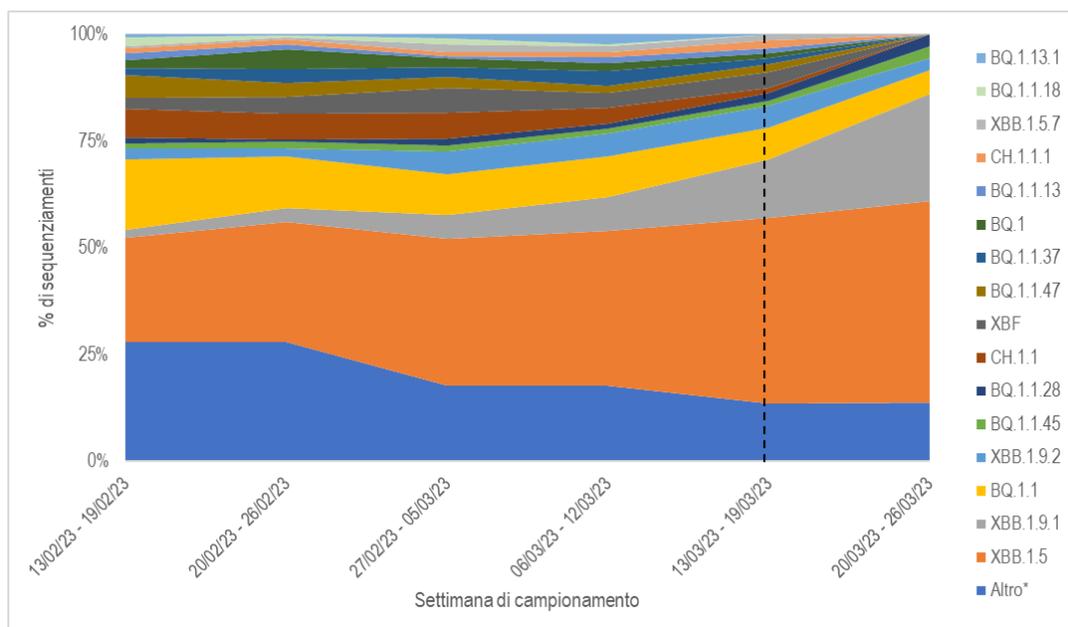


Figura 4 – Distribuzione percentuale dei sotto-lignaggi identificati mediante sequenziamento genomico dal software della piattaforma I-Co-Gen, per settimana di campionamento, ultime sei settimane. L'assegnazione dei lignaggi è quella ottenuta con la versione 4.2 di Pangolin - PUSHHER-v 1.18.1.1. Sono escluse da questa aggregazione le sequenze Sanger della regione del gene S ed i sequenziamenti genomici non rispondenti agli standards qualitativi. Il dato relativo alle ultime due settimane (linea tratteggiata) è da ritenersi non ancora consolidato.

*Altro: include i sotto-lignaggi con frequenza inferiore all'1% nelle sei settimane di osservazione.

3. Segnalazioni di infezioni causate da varianti del virus SARS-CoV-2 di interesse per la sanità pubblica (dati dal Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19).

Numero di genotipizzazioni/sequenziamenti

Tabella 2 - Frequenza di genotipizzazione/sequenziamento di campioni positivi al virus SARS-CoV-2, Italia, dati cumulativi e percentuali ed incidenza di infezione nella popolazione per mese, gennaio 2021 - marzo 2023 *

Mese	Numero casi di infezione da SARS-CoV-2 con campioni clinici genotipizzati/sequenziati	%	Incidenza mensile (x 100 000)
gennaio 2021	2.681	0,6	682
febbraio 2021	5.623	1,5	688
marzo 2021	10.865	1,6	1.085
aprile 2021	10.124	2,4	714
maggio 2021	5.807	3,3	287
giugno 2021	4.539	11,3	68
luglio 2021	12.945	13,2	161
agosto 2021	11.011	5,7	318

Mese	Numero casi di infezione da SARS-CoV-2 con campioni clinici genotipizzati/sequenziati	%	Incidenza mensile (x 100 000)
settembre 2021	8.114	6,4	214
ottobre 2021	6.030	6,0	166
novembre 2021	9.631	3,4	478
dicembre 2021	14.223	1,0	2.280
gennaio 2022	10.362	0,2	7.900
febbraio 2022	4.680	0,3	3.044
marzo 2022	6.384	0,3	3.178
aprile 2022	5.253	0,3	3.057
maggio 2022	4.187	0,4	1.548
giugno 2022	3.984	0,3	2.028
luglio 2022	4.190	0,2	4.002
agosto 2022	2.641	0,3	1.366
settembre 2022	2.321	0,4	1.053
ottobre 2022	2.960	0,3	1.799
novembre 2022	3.004	0,3	1.518
dicembre 2022	2.847	0,4	1.172
gennaio 2023	2.229	0,8	438
febbraio 2023	1.485	1,3	209
marzo 2023 *	522	0,7	148

* dati in fase di consolidamento.

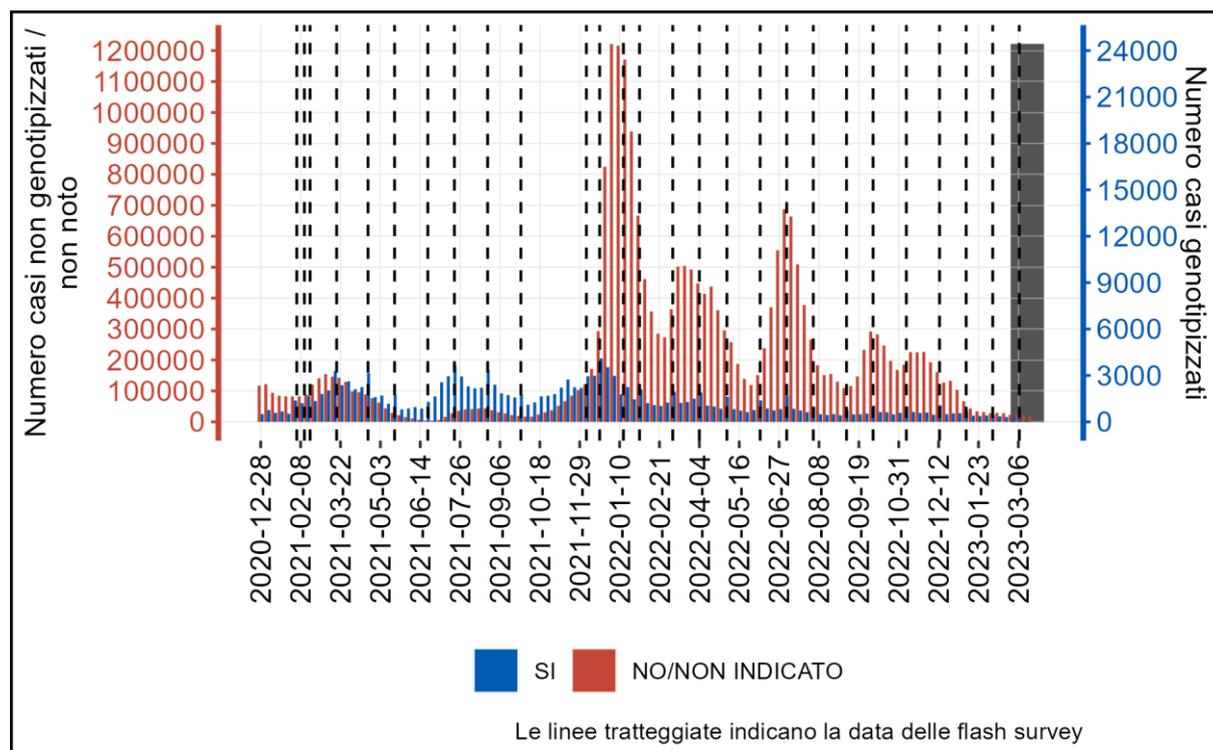


Figura 4 – Numero di casi di infezione confermata da SARS-CoV-2 riportati al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19, per settimana di prelievo/diagnosi, per i quali sia stata effettuata (blu) o meno (rosso) una genotipizzazione/sequenziamento, 28 dicembre 2020 – 26 marzo 2023. Il box grigio indica che i dati relativi all'ultimo mese sono ancora incompleti e non consolidati.

Frequenza e diffusione delle varianti di interesse sanitario in Italia

Tabella 3 - Frequenza di genotipizzazione/sequenziamento per variante di SARS-CoV-2, Italia, dati relativi agli ultimi 45 giorni (13 febbraio 2023 - 26 marzo 2023).

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Numero casi *	% *
Alfa	B.1.1.7	0	0
	B.1.1.7+E484K	0	0
Beta #	B.1.351	0	0
Gamma #	P.1	0	0
Delta #	B.1.617.2	0	0
Omicron #	B.1.1.529	958	73
ND ##,**	B.1.525	0	0
ND ##,**	B.1.617.1	0	0
ND ##	B.1.617.3	0	0
ND ##,**	P.2	0	0

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Numero casi *	% *
	altro lignaggio/non indicato §	355	27
Totale		1.313	100

* 13 febbraio 2023 - 26 marzo 2023

la variante include nel Sistema di Sorveglianza Integrata anche i relativi sotto-lignaggi

non disponibile

** precedentemente 'eta' (B.1.525), 'kappa' (B.1.617.1) e 'zeta' (P.2)

§ si intende un caso genotipizzato appartenente ad altro lignaggio oppure ad un lignaggio non indicato dalle Regioni/PA.

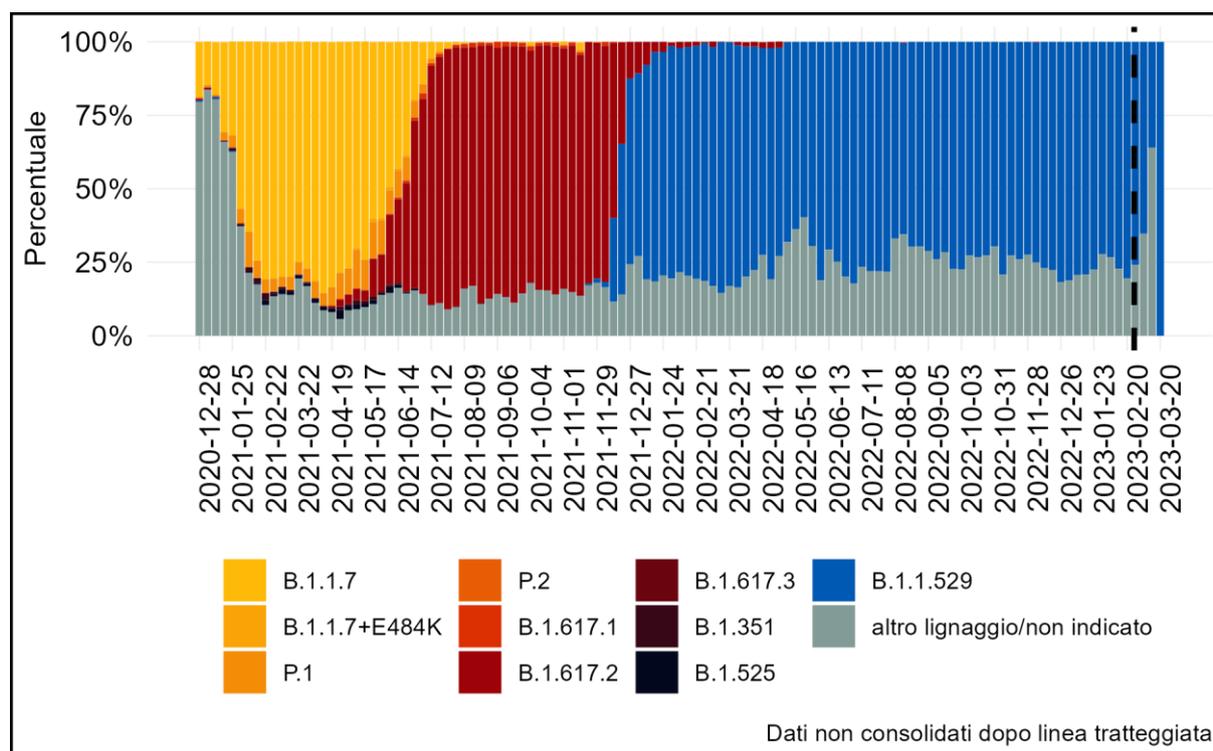


Figura 5 - Distribuzione percentuale dei lignaggi monitorati* nella Sorveglianza Integrata COVID-19 per settimana. Italia, 28 dicembre 2020 –26 marzo 2023.

* i lignaggi B.1.351 (variante Beta), P.1 (variante Gamma), B.1.617.2 (variante Delta) e B.1.1.529 (variante Omicron) includono nel Sistema di Sorveglianza Integrata anche i relativi sotto-lignaggi

Caratteristiche epidemiologiche delle varianti di interesse sanitario riportate in Italia negli ultimi 45 giorni (13 febbraio 2023 - 26 marzo 2023)

Tabella 4 - Numero e percentuale di casi di infezione causati da varianti di SARS-CoV-2 di interesse sanitario per luogo di infezione, dati relativi agli ultimi 45 giorni (13 febbraio 2023 - 26 marzo 2023).

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Ultimi 45 giorni *					
		Caso autoctono		Caso importato		Non noto	
		N	%	N	%	N	%
Alfa	B.1.1.7	0	0,0	0	0	0	0,0
	B.1.1.7+E484K	0	0,0	0	0	0	0,0
Beta #	B.1.351	0	0,0	0	0	0	0,0
Gamma #	P.1	0	0,0	0	0	0	0,0
Delta #	B.1.617.2	0	0,0	0	0	0	0,0
Omicron #	B.1.1.529	659	68,8	0	0	299	31,2
ND ##,**	B.1.525	0	0,0	0	0	0	0,0
ND ##,**	B.1.617.1	0	0,0	0	0	0	0,0
ND ##	B.1.617.3	0	0,0	0	0	0	0,0
ND ##,**	P.2	0	0,0	0	0	0	0,0
	altro lignaggio/non indicato §	308	86,8	0	0	47	13,2

* 13 febbraio 2023 - 26 marzo 2023

la variante include nel Sistema di Sorveglianza Integrata anche i relativi sotto-lignaggi

non disponibile

** precedentemente 'eta' (B.1.525), 'kappa' (B.1.617.1) e 'zeta' (P.2)

§ si intende un caso genotipizzato appartenente ad altro lignaggio oppure ad un lignaggio non indicato dalle Regioni/PA.

Tabella 5 - Casi di infezione da SARS-CoV-2 causati da varianti di interesse sanitario, Italia, 13 febbraio 2023 - 26 marzo 2023. Distribuzione per sesso e variante.

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Ultimi 45 giorni *			
		Femmine		Maschi	
		N	%	N	%
Alfa	B.1.1.7	0	0,0	0	0,0
	B.1.1.7+E484K	0	0,0	0	0,0
Beta #	B.1.351	0	0,0	0	0,0
Gamma #	P.1	0	0,0	0	0,0
Delta #	B.1.617.2	0	0,0	0	0,0
Omicron #	B.1.1.529	483	70,6	475	75,5
ND ##,**	B.1.525	0	0,0	0	0,0

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Ultimi 45 giorni *			
		Femmine		Maschi	
		N	%	N	%
ND ##,**	B.1.617.1	0	0,0	0	0,0
ND ##	B.1.617.3	0	0,0	0	0,0
ND ##,**	P.2	0	0,0	0	0,0
	altro lignaggio/non indicato §	201	29,4	154	24,5
Totale		684	100,0	629	100,0

* 13 febbraio 2023 - 26 marzo 2023

la variante include nel Sistema di Sorveglianza Integrata anche i relativi sotto-lignaggi

non disponibile

** precedentemente 'eta' (B.1.525), 'kappa' (B.1.617.1) e 'zeta' (P.2)

§ si intende un caso genotipizzato appartenente ad altro lignaggio oppure ad un lignaggio non indicato dalle Regioni/PA.

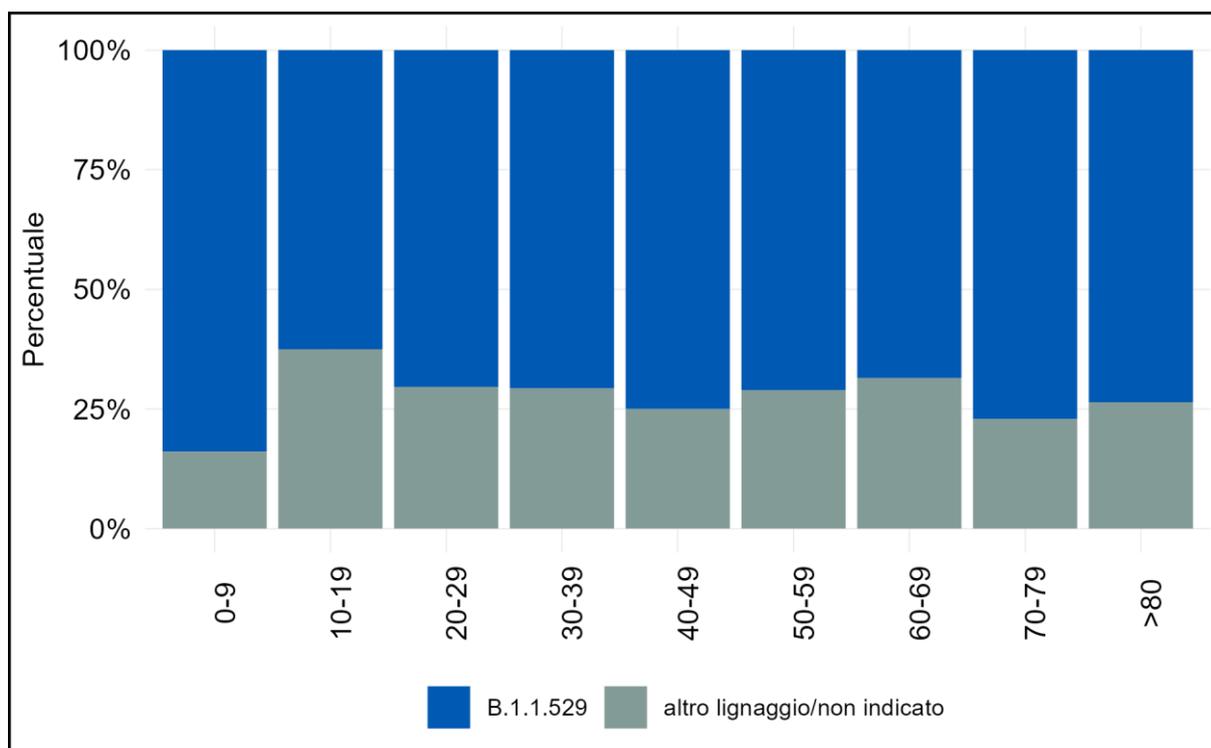


Figura 6 - Casi di infezione da SARS-CoV-2 causati da varianti di interesse sanitario, Italia, dati relativi agli ultimi 45 giorni (13 febbraio 2023 - 26 marzo 2023). Distribuzione per fascia di età e lignaggio *.

* B.1.1.529 (variante Omicron) include nel Sistema di Sorveglianza Integrata anche i relativi sotto-lignaggi

4. Appendice

- ✓ Recentemente, gli organismi internazionali, [OMS](#) ed [ECDC](#), hanno aggiornato i loro sistemi di classificazione delle varianti di SARS-CoV-2, per valutare in modo indipendente i molteplici lignaggi discendenti di Omicron in circolazione e classificare le nuove varianti in modo più chiaro. Al momento in cui viene redatto questo rapporto, la classificazione in vigore non prevede *variants of concern* (VOC), ma solo *variants of interest* (VOI) e *variants under monitoring* (VUM), come conseguenza della situazione epidemiologica stabile. La lista aggiornata è disponibile alle pagine <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/> e <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>.
- ✓ XBB.1.5 (ricombinante dei sotto-lignaggi omicron BJ.1 e BM.1.1.1 con mutazione aggiuntiva S:F486P), considerata VOI dagli organismi internazionali, è in aumento in tutti i continenti ([GISAID](#), ultimo accesso 27/03/2023). Tale trend si conferma anche in Italia. Le informazioni attualmente disponibili riguardo la severità della malattia causata da XBB.1.5 non evidenziano rischi aggiuntivi rispetto ad altri lignaggi circolanti ([WHO](#)).
- ✓ XBB.1.9.1 (ricombinante dei sotto-lignaggi omicron BJ.1 e BM.1.1.1 con mutazioni aggiuntive S:R408S e S:F486P), considerato VOI da ECDC, risulta il secondo lignaggio più frequente in Europa ([GISAID](#)). In Italia, ad oggi, il numero di sequenziamenti attribuibili a XBB.1.9.1 risulta in crescita.
- ✓ XBB.1.16 (ricombinante dei sotto-lignaggi omicron BJ.1 e BM.1.1.1 con mutazioni aggiuntive S:E180V, S:K478R e S:F486P) risulta attenzionato a livello internazionale per il vantaggio di crescita osservato ([ECDC](#), [WHO](#)). Sebbene la numerosità risulti ancora contenuta, XBB.1.16 è stato identificato in 21 Paesi e sembra essere associato al recente incremento nel numero di casi registrato in India. Ad oggi, in Italia un sequenziamento risulta depositato in I-Co-Gen. Non ci sono evidenze circa una maggiore severità della malattia associata a tale lignaggio.

Note di lettura

Nell'ambito delle attività di sorveglianza microbiologica per COVID-19, come da Ordinanza n. 640 della Presidenza del Consiglio dei Ministri, dipartimento della protezione civile, del 27 febbraio 2020 "Ulteriori interventi urgenti di protezione civile in relazione all'emergenza relativa al rischio sanitario connesso all'insorgenza di patologie derivanti da agenti virali trasmissibili", (GU Serie Generale n.50 del 28-02-2020), e del successivo Decreto-Legge n. 24 (art. 13) del 24 marzo 2022, e delle attività previste dalla Legge 106/2021, art.34/bis è stato attivato il monitoraggio della circolazione di varianti di SARS-CoV-2 di interesse in sanità pubblica e della loro diffusione nel nostro Paese. I dati riportati dalle Regioni/PPAA sono elaborati dall'ISS integrando i dati microbiologici ed epidemiologici, relativamente alle segnalazioni delle varianti descritte nel presente rapporto.

I dati relativi a casi di infezione da SARS-CoV-2 causati da varianti virali di interesse sanitario, raccolti attraverso il **Sistema di Sorveglianza Integrata Nazionale COVID-19**, dipendono, oltre che dall'andamento epidemiologico dell'epidemia, dalla percentuale dei casi notificati in cui è stato realizzato il sequenziamento di SARS-CoV-2. **I dati analizzati sono in continua fase di aggiornamento**, pertanto le segnalazioni delle varianti soprattutto quelle dell'ultimo mese, devono essere **sempre interpretate come provvisorie**, in quanto possono subire variazioni e/o essere ulteriormente integrate con report successivi. L'assenza o un numero relativamente basso di casi genotipizzati riportati può essere dovuto sia ad una minore percentuale di casi genotipizzati che ad una mancata segnalazione nel Sistema di Sorveglianza Integrata Nazionale COVID-19 da parte della Regione/PA.

L'Istituto Superiore di Sanità è, in ogni caso, sollevato da ogni responsabilità per eventuali errori, imprecisioni o inesattezze nel contenuto di tali informazioni e dati provenienti da enti terzi e svincolato da ogni responsabilità riguardo all'interpretazione delle informazioni e dei dati da parte di terzi, così come anche, da qualsivoglia utilizzo improprio e/o illecito degli stessi.

A cura di: Paola Stefanelli, Angela Di Martino, Alessandra Lo Presti, Luigina Ambrosio, Stefano Morabito, Gabriele Vaccari, Ilaria Di Bartolo, Arnold Knijn, Flavia Riccardo, Daniele Petrone, Martina Del Manso, Antonino Bella, Patrizio Pezzotti, Anna Teresa Palamara, Istituto Superiore di Sanità.

In collaborazione con:

Laboratori Regionali/PPAA

Liborio Stuppia, Federico Anaclerio, Laboratorio di Genetica Molecolare, Centro Studi e Tecnologie Avanzate (CAST), Università degli Studi "G. d'Annunzio", Chieti; Giovanni Savini, Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Abruzzo e del Molise "Giuseppe Caporale", Teramo; Antonio Picerno, Teresa Lopizzo, UOC Analisi Chimico Cliniche e Microbiologiche, AOR "San Carlo", Potenza; Domenico Dell'Edera, UOSD Laboratorio di Genetica Medica, P.O. "Madonna delle Grazie", Matera; Pasquale Minchella, SOC Microbiologia e Virologia, AO "PuglieseCiaccio", Catanzaro; Francesca Greco, UOC Microbiologia e Virologia, PO "Annunziata", Cosenza; Giuseppe Viglietto, Laboratorio di Genomica Funzionale e Patologia Molecolare, Università degli Studi "Magna Graecia", Catanzaro; Maria Teresa Fiorillo, Azienda Sanitaria Provinciale di Reggio Calabria, Reggio Calabria; Luigi Atripaldi, AORN "Azienda Sanitaria dei Colli", Napoli; Antonio Limone, Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Mezzogiorno, Portici, Napoli; Davide Cacchiarelli, Istituto Telethon di Genetica e Medicina (TIGEM), Pozzuoli, Napoli; Pierlanfranco D'Agaro, Fabio Barbone, Raffaella Koncan, Ludovica Segat, SC UCO Igiene e Sanità Pubblica, Azienda Sanitaria Universitaria Giuliano-Isontina (ASUGI), Trieste; Danilo Licastro, Laboratorio Genomica ed Epigenomica, Area Science Park, Basovizza, Trieste; Federica Baldan, Sabrina Lombino, Dipartimento di Medicina di Laboratorio, Azienda Sanitaria Universitaria Friuli Centrale (ASU FC); Stefano Pongolini, Unità di Analisi del Rischio ed Epidemiologia Genomica, Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia-Romagna, Parma; Tiziana Lazzarotto, Giada Rossini, Laboratori CRREM, UO Microbiologia, AOU "Policlinico di S'Orsola" (IRCCS), Bologna; Vittorio Sambri, Dipartimento di Medicina Specialistica Diagnostica e Sperimentale (DIMES), Università di Bologna, Bologna, & UOC Microbiologia, AUSL della Romagna, Cesena; Giorgio Dirani, Silvia Zannoli, UOC Microbiologia, AUSL della Romagna, Cesena; Paola Affanni, Maria Eugenia Colucci, Laboratorio di Igiene e Sanità Pubblica, Dipartimento di Medicina e Chirurgia, Università degli Studi di Parma, Parma; Fabrizio Maggi, Emanuela Giombini, Laboratorio di Virologia, Istituto Nazionale Malattie Infettive IRCCS "L. Spallanzani", Roma; Florigio Lista, Dipartimento Scientifico, Policlinico Militare di Roma, Roma; Patricia Alba, Diagnostica Generale, Dipartimento di Virologia, Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Lazio e della Toscana (IZSLT), Roma; Alice Massacci, IRCCS "Regina Elena" Istituto Nazionale Tumori, Roma; Carlo Federico Perno, Unità Complessa di Microbiologia ed Immunologia Diagnostica, Ospedale Pediatrico "Bambino Gesù", Roma; Maurizio Sanguinetti, Istituto di Microbiologia e Virologia, Fondazione Policlinico Universitario "A. Gemelli" IRCCS, Roma; Elisabetta Riva, Fondazione Policlinico-Università Campus Bio-Medico, Roma; Ombretta Turriziani, Dipartimento di Medicina Molecolare, Policlinico Umberto I, Roma; Francesca Ceccherini Silberstein, Dipartimento di Medicina Sperimentale, Università degli Studi "Tor Vergata", Roma; Bianca Bruzzone, Laboratorio di Riferimento Regionale per la diagnosi molecolare di SARS-CoV-2, U.O. Igiene, Ospedale Policlinico "San Martino" IRCCS, Università degli Studi di Genova, Genova, & Laboratorio di Riferimento Regionale per le Emergenze di Sanità Pubblica (LaRESP), Liguria; Giancarlo Icardi, Flavia Lillo, Andrea Orsi, Laboratorio di Riferimento Regionale per le Emergenze di Sanità Pubblica (LaRESP), Liguria; Elena Pariani, Dipartimento di Scienze Biomediche per la Salute, Università degli Studi di Milano, Milano; Fausto Baldanti, Unità Virologia Molecolare, Fondazione IRCCS Policlinico "San Matteo", Pavia, & Università di Pavia, Pavia; Maria Rita Gismondo, Valeria Micheli, U.O.C Microbiologia Clinica, Virologia e diagnostica delle Bioemergenze, ASST "Fatebenefratelli-Sacco", Milano; Nicasio Mancini, Federica Novazzi, SC Laboratorio Microbiologia, ASST "Sette Laghi", Varese; Arnaldo Caruso, Laboratorio di Microbiologia e Virologia, ASST "Spedali Civili di Brescia", Brescia; Ferruccio Ceriotti, Fondazione IRCCS "Ca' Granda" Ospedale Maggiore Policlinico di Milano, Milano; Maria Beatrice Boniotti, Ilaria Barbieri, Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia Romagna, Brescia; Alice Nava, ASST Grande Ospedale Metropolitano Niguarda, Milano; Erminio Torresani, IRCCS Istituto Auxologico Italiano, Milano; Fabiana Cro, Cristina Lapucci, SYNLAB ITALIA, Brescia; Enzo Boeri, Nicola Clementi, Laboratorio di Microbiologia, Dipartimento di Medicina di Laboratorio, Ospedale "San Raffaele", Milano; Marina Noris, Istituto di Ricerche Farmacologiche "Mario Negri" IRCCS, Milano; Giulia Bassanini, Laboratorio SMeL, PTP Science Park S.c.a.r.l., Lodi; Claudio Farina, Marco Arosio, Laboratorio di Microbiologia e Virologia, ASST "Papa Giovanni XXIII", Bergamo; Rea Valaperta, ASST Bergamo Est; Maria Oggionni, ASST Bergamo Ovest, Bergamo; Sergio Malandrini, Annalisa Cavallero, Laboratorio di Microbiologia e Virologia, ASST Monza, Monza; Valerio Leoni, ASST della Brianza - Laboratorio Analisi "Ospedale di Circolo" Desio; Fabio Sagradi, ASST Cremona; Flavia Maggiolini, Lifebrain Lombardia S.r.l. - Centro Diagnostico San

Nicola Laboratorio Analisi; Stefano Menzo, SOD Virologia, AOU "Ospedali Riuniti", Ancona; Silvio Garofalo, Massimiliano Scutellà, UOC Laboratorio Analisi, POA "Cardarelli", Campobasso; Elisabetta Pagani, Laboratorio Aziendale di Microbiologia e Virologia, Azienda Sanitaria dell'Alto Adige, Bolzano; Lucia Collini, Microbiologia e Virologia, Presidio Ospedaliero "Santa Chiara", Trento; Valeria Ghisetti, Centro di Riferimento Regionale per validazione e controllo di qualità SARS-CoV2, Ospedale Amedeo di Savoia, Torino; Paola Marino, Giorgia Migliardi, IRCCS Fondazione del Piemonte per l'Oncologia, Candiolo; Giuseppe Ru, Elena Bozzetta, Simone Peletto, Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Piemonte, Liguria e Valle d'Aosta, Torino; Maria Chironna, Laboratorio di Epidemiologia Molecolare e Sanità Pubblica, AOUC Policlinico di Bari, Bari; Antonio Parisi, Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Puglia e della Basilicata, Putignano, Bari; Rosella De Nittis, Laboratorio di Microbiologia e Virologia, Policlinico Riuniti - Azienda Ospedaliero Universitaria, Foggia; Salvatore Rubino, Sergio Uzzau, Flavia Angioj, Gabriele Ibba, Caterina Serra, S.C. Microbiologia e Virologia, Laboratorio Virologia, AOU di Sassari, Sassari; Giovanna Piras, UOC Ematologia, P.O. "San Francesco", Azienda Tutela Salute, ASL Nuoro, Nuoro; Giuseppe Mameli, Laboratorio di Patologia Clinica, P.O. "San Francesco", Azienda Tutela Salute, ASL Nuoro; Ferdinando Coghe, Laboratorio Generale (HUB) di Analisi Chimico Cliniche e Microbiologia, PO "Dulio Casula", AOU di Cagliari, Cagliari; Francesco Vitale, Fabio Tramuto, Laboratorio di Riferimento Regionale per la Sorveglianza Epidemiologica e Virologica del PROMISE - AOUP "Giaccone", Palermo; Guido Scalia, Concetta Ilenia Palermo, Laboratorio di Virologia Clinica, AOUP "V. Emanuele", PO "Gaspere Rodolico", Catania; Giuseppe Mancuso, UOC Microbiologia, AOU "G. Martino", Messina; Teresa Pollicino, Laboratorio di Diagnostica Molecolare dell'Unità Gestione Centralizzata Laboratori, Messina; Francesca Di Gaudio, Centro Regionale per la Qualità (CRQ), Palermo; Stefano Vullo, Stefano Reale, Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Sicilia, Palermo; Vincenzo Bramanti, U.O.C. Laboratorio Analisi - Asp Ragusa, Ragusa; Maria Grazia Cusi, UOC Microbiologia e Virologia, Azienda Ospedaliera Universitaria Senese, & Dipartimento di Biotecnologie Mediche, Università degli Studi di Siena, Siena; Gian Maria Rossolini, SOD Microbiologia e Virologia, AOU "Careggi", Firenze; Mauro Pistello, UOC Virologia, AOU Pisana, Pisa; Antonella Mencacci, Barbara Camilloni, S.C. Microbiologia, Dipartimento di Medicina e Chirurgia, Università di Perugia, Perugia; Silvano Severini, Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Umbria e delle Marche, Perugia; Massimo Di Benedetto, Laboratorio Analisi Cliniche, Ospedale "Parini", Aosta; Calogero Terregino, Alice Fusaro, Isabella Monne, Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova; Mosè Favarato, Laura Squarzon, UOSD Genetica e Citogenetica - AULSS3 Serenissima, Mestre-Venezia; Valeria Biscaro, UOC Microbiologia-Virologia, AULSS2 La Marca, PO Treviso, Treviso, Davide Gibellini, UOC Microbiologia, AOUI Verona, Verona.

Ministero della Salute

Alessia Mammone, Monica Sane Schepisi, Francesco Maraglino, Giovanni Rezza.

Fondazione Bruno Kessler

Filippo Trentini, Giorgio Guzzetta, Valentina Marziano, Piero Poletti, Stefano Merler.

Referenti Regionali

Antonia Petrucci (Abruzzo); Michele La Bianca (Basilicata); Anna Domenica Mignuoli (Calabria); Pietro Buono (Campania); Erika Massimiliani (Emilia-Romagna); Fabio Barbone (Friuli Venezia Giulia); Francesco Vairo (Lazio); Camilla Sticchi (Liguria); Danilo Cereda (Lombardia); Lucia Di Furia (Marche); Raffaele Malatesta (Molise); Annamaria Bassot (P.A. Bolzano); Pier Paolo Benetollo (P.A. Trento); Chiara Pasqualini (Piemonte); Lucia Bisceglia (Puglia); Maria Antonietta Palmas (Sardegna); Salvatore Scondotto (Sicilia); Emanuela Balocchini (Toscana); Anna Tosti (Umbria); Mauro Ruffier (Valle D'Aosta); Filippo Da Re (Veneto).

Istituto Superiore di Sanità

Stefano Fiore, Giulietta Venturi, Claudia Fortuna, Giulia Marsili, Antonello Amendola, Alberto Mateo Urdiales, Massimo Fabiani, Stefano Boros, Fortunato (Paolo) D'Ancona, Maria Cristina Rota, Antonietta Filia, Maria Fenicia Vescio, Corrado Di Benedetto, Marco Tallon, Luca De Sabato.