

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

Rapporto n. 7 del 20 agosto 2021

(dati aggiornati al 16 agosto 2021)

In evidenza

- ✓ **Continua ad aumentare in Italia la capacità di genotipizzare/sequenziare campioni clinici positivi per SARS-CoV-2.** Complessivamente, da inizio anno oltre il 2% dei tamponi relativi a nuovi casi di infezione confermata da virus SARS-CoV-2 riportati al sistema di sorveglianza integrata COVID-19 è stato genotipizzato/sequenziato con un continuo incremento nel tempo. Nel mese di **luglio**, nonostante l'aumento dei casi registrati su tutto il territorio nazionale, è stato sequenziato/genotipizzato il **10%** dei casi.
- ✓ Negli **ultimi 45 giorni** (3 luglio – 16 agosto 2021), aumentano i casi di infezione da SARS-CoV-2 con genotipizzazione/sequenziamento segnalati al **Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19**: un totale di 9.842 rispetto ai 7.739 riportati nel periodo precedente (19 giugno – 2 agosto 2021).
 - In questo periodo di riferimento, il numero di segnalazioni di casi causati dalla **variante delta** (lignaggio B.1.617.2) in Italia è ancora superiore al numero di segnalazioni per tutte le altre varianti monitorate. Nuovi casi di infezione causati dalla **variante delta** sono stati segnalati in quasi tutte le province italiane.
 - La frequenza dei casi causati dalla **variante alfa** è in forte diminuzione, come anche la loro diffusione territoriale.
 - Anche la frequenza di casi causati dalla **variante gamma** (lignaggio P.1) è in diminuzione, con una diffusione maggiore in alcune Regioni/PPAA italiane.
- ✓ Dal 29 aprile 2021 è attiva la piattaforma per la sorveglianza genomica delle varianti di SARS-CoV-2 (**I-Co-Gen**), sviluppata e coordinata dall'ISS. La piattaforma consente di raccogliere e analizzare le sequenze identificate sul territorio nazionale e dialogare con le piattaforme internazionali.
 - Il modulo, dedicato all'analisi e condivisione dei dati di sequenziamento del SARS-CoV-2 a livello nazionale, conta ad oggi più di 37.000 sequenze.
 - Nell'ambito della piattaforma sono stati identificati oltre 100 lignaggi che, ad oggi, non sono ancora oggetto di monitoraggio da parte del Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19.
 - La percentuale di sequenze ascrivibili alla **variante delta**, sul totale dei sequenziamenti depositati in I-Co-Gen, era pari all'86,8% nel mese di luglio fino a rappresentare il **96,2% dal 1 al 16 agosto (dati al 16 agosto 2021)**.
 - **Negli ultimi 45 giorni** fra i lignaggi non oggetto di monitoraggio da parte del Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19, ed identificati in I-Co-Gen, l'1% è rappresentato da VUM (Variant under Monitoring – lignaggi: B.1.1.318, C36+L452R,), mentre il 3,7% da VOI (Variant of Interest – lignaggi: B.1.620, B.1.621, C.37 - cosiddetta variante lambda e P.3).

In conclusione:

- ✓ La **variante delta** del virus SARS-CoV-2, dominante nell'Unione Europea, è prevalente anche in Italia con una diffusione territoriale in aumento. Il numero di nuovi casi segnalati in Italia causati dalle varianti **alfa** e **gamma** è in diminuzione.
- ✓ La **variante delta** è caratterizzata da una maggiore trasmissibilità rispetto alla variante alfa (tra il 40% e il 60%) e risulta associata ad un elevato rischio di infezione negli individui parzialmente vaccinati o non vaccinati.
- ✓ È necessario continuare a monitorare con grande attenzione la circolazione delle varianti di SARS-CoV-2 ed in particolare la presenza di mutazioni riconducibili ad una maggiore trasmissibilità e/o associate ad una potenziale capacità di evadere la risposta del sistema immunitario.

Sommario

1. Segnalazioni di casi di infezione causati da varianti di SARS-CoV-2 di interesse per la sanità pubblica sul territorio nazionale (dati dal Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19, dell'ISS).....	3
2. Piattaforma per la sorveglianza genomica delle varianti di SARS-CoV-2	10
3. Note di lettura	17

Il presente rapporto descrive i dati sulle varianti di SARS-CoV-2 circolanti in Italia, provenienti dal **Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19** coordinata dall'ISS (**periodo 28 dicembre 2020 – 16 agosto 2021, con approfondimenti per il periodo 3 luglio – 16 agosto 2021**) e dalla piattaforma open-source **I-Co-Gen (Italian COVID-19 Genomic)**, sviluppata dall'ISS ed attiva dal **29 aprile 2021**.

Segnalazioni di casi di infezione causati da varianti di SARS-CoV-2 di interesse per la sanità pubblica sul territorio nazionale (dati dal Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19, dell'ISS).

Nel periodo dal **28 dicembre 2020** al **16 agosto 2021**, sono stati segnalati al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 un totale di **46.952** casi di infezione da SARS-CoV-2 con genotipizzazione su un totale di 2.351.032 casi notificati (pari al 2%). Nel mese di luglio 2021 risulta essere stato genotipizzato/sequenziato il 10,0% dei tamponi effettuati su tutti i casi di infezione confermata da SARS-CoV-2 riportati al sistema di sorveglianza integrata COVID-19, con un picco del 27,9% nella settimana dal 5 luglio all'11 luglio 2021. Il non completo consolidamento dei dati del mese di agosto rende tale dato ancora provvisorio.

Sebbene non sia aumentata la percentuale di tamponi genotipizzati/sequenziati rispetto al mese di giugno*, si osserva un forte aumento nel numero assoluto di genotipizzazioni/sequenziamenti effettuati; si è passati, infatti, dai 4.184 casi genotipizzati/sequenziati di giugno ai 9.845 di luglio, mese in cui è stato osservato un aumento di casi diagnosticati sul territorio nazionale.

L'andamento dei casi di infezione da SARS-CoV-2 genotipizzati/sequenziati, riportati al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19, è influenzato dalla percentuale dei campioni genotipizzati da ciascuna Regione/PA (vedere note di lettura) e dalle indagini rapide di stima di prevalenza (flash surveys; indagine più recente del **20 luglio 2021** e disponibile al seguente [link](#)) condotte su una percentuale stabilita di campioni prelevati in uno stesso giorno in tutte le Regioni/PPAA.

Seppur con oscillazioni settimanali legate all'andamento epidemico, e al netto dei picchi di genotipizzazione/sequenziamento in coincidenza delle indagini di prevalenza, evidenziate dalle linee tratteggiate, si continua ad osservare una sempre maggiore **capacità di genotipizzare/sequenziare in Italia** con un ulteriore aumento nel numero di genotipizzazioni riportate a partire dal mese di giugno 2021 (**Figura 1**). I dati delle ultime settimane, contrassegnati dal riquadro grigio, sono parziali e, quindi, non devono essere interpretati come definitivi.

* Nel mese di giugno 2021 la percentuale di genotipizzazione/sequenziamento è stata pari al 10,5%

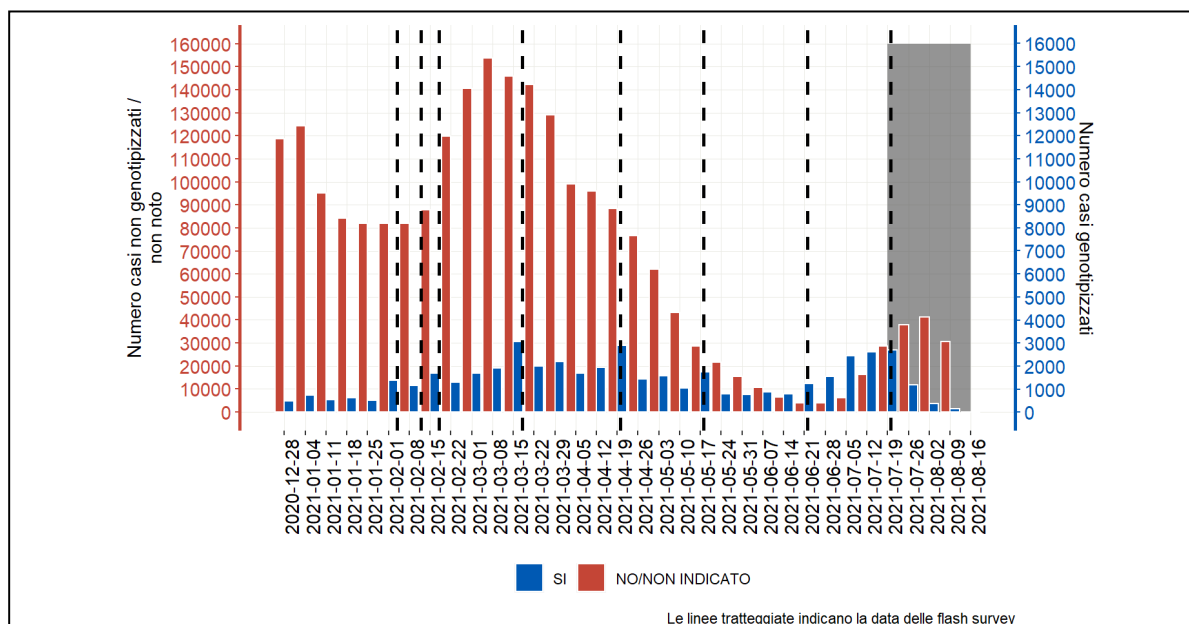


Figura 1 – Numero di casi di infezione confermata da SARS-CoV-2, riportati al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19, per settimana di prelievo/diagnosi per cui sia stata effettuata (blu) o meno (rosso) una genotipizzazione, 28 dicembre 2020 – 16 agosto 2021. Il box grigio indica che i dati relativi all'ultimo mese sono ancora incompleti e non consolidati.

Frequenza e diffusione delle varianti di interesse sanitario in Italia

Se complessivamente, dal 28 dicembre 2020, nella maggior parte dei casi sequenziati/genotipizzati (57,9%) è stata individuata la **variante alfa** (lignaggio B.1.1.7), negli ultimi 45 giorni (3 luglio – 16 agosto 2021) si osserva una predominanza della **variante delta** (lignaggio B.1.617.2) (**Tabella 1**). Nel periodo più recente, infatti, a conferma di quanto osservato nell'ultima indagine rapida (20 luglio 2021), il numero di segnalazioni di casi causati dalla **variante delta** (lignaggio B.1.617.2) in Italia (n=8.111; 82,4%) ha superato nettamente quelli causati dalla **variante alfa** (n=779; 7,9%) (**Tabella 1**).

Tabella 1 - Frequenza di genotipizzazione/sequenziamento per variante di SARS-CoV-2, Italia, dati cumulativi (periodo 28 dicembre 2020 – 16 agosto 2021) e relativi agli ultimi 45 giorni (3 luglio – 16 agosto 2021).

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Numero casi (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero casi (ultimi 45 gg)**	% ultimi 45 gg**
Alfa	B.1.1.7	27.188	57,9	779	7,9
	B.1.1.7 + E484K	70	0,1	6	0,1
Beta ^a	B.1.351	283	0,6	8	0,1
Gamma ^b	P.1	2.801	6,0	176	1,8
Delta ^c	B.1.617.2	10.281	21,9	8.111	82,4
Eta	B.1.525	424	0,9	7	0,1
Kappa	B.1.617.1	191	0,4	133	1,3
ND ^d	B.1.617.3	6	<0,1	5	0,1
ND ^{d,e}	P.2	5	<0,1	0	0,0
	Altro lignaggio /non indicato ^f	5.703	12,1	617	6,2
Totale		46.952	100	9.842	100

* periodo 28 dicembre 2020 – 16 agosto 2021; ** periodo 3 luglio – 16 agosto 2021

a: la variante beta include i sottolignaggi B.1.351.2, B.1.351.3

b: la variante gamma include i sottolignaggi P.1.1, P.1.2.

c: la variante delta include i sottolignaggi AY.1, AY.2, AY.3

d: non disponibile

e: precedentemente "zeta"

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

Come riportato in **Figura 2**, nel periodo in esame, coerentemente con quanto mostrato dall'ultima indagine rapida del 20 luglio e dal precedente rapporto del **6 agosto 2021** ([raggiungibile al seguente indirizzo](#)), le **varianti alfa** (lignaggio B.1.1.7), **delta** (B.1.617.2) e, in parte, **gamma** (P.1) hanno causato la percentuale più alta di casi di infezione da SARS-CoV-2 genotipizzati/sequenziati riportati nel sistema di sorveglianza ogni settimana. I dati delle ultime settimane, contrassegnati dal riquadro grigio, sono parziali e quindi non devono essere interpretati come una riduzione nel numero di varianti di SARS-CoV-2 circolanti nel Paese.

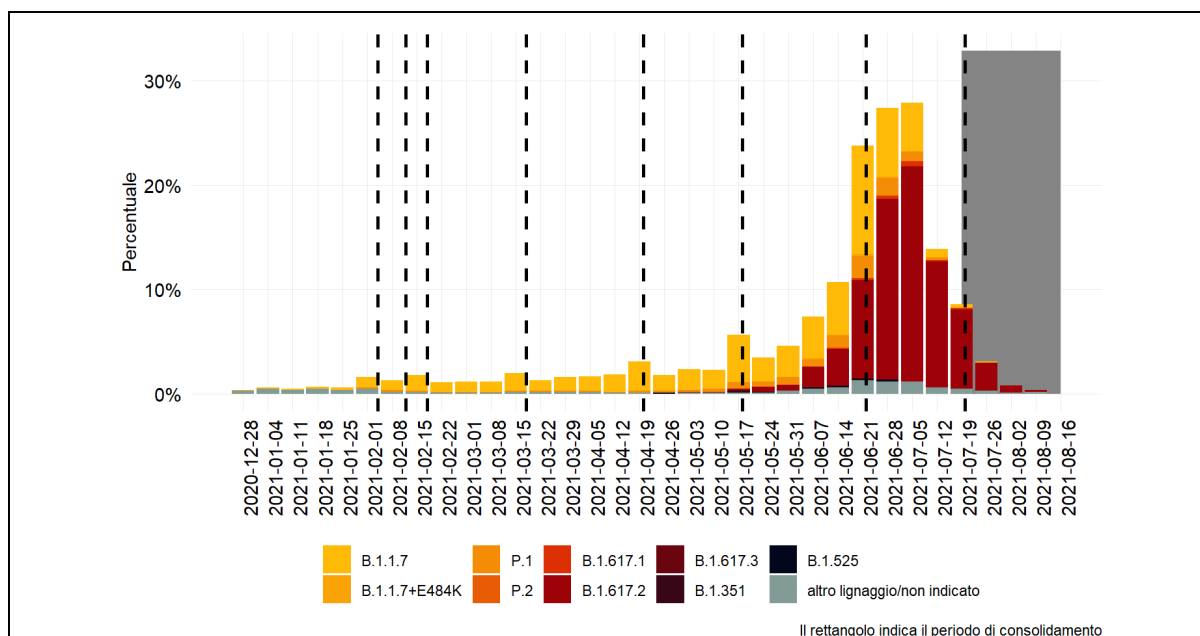


Figura 2 – Percentuale di casi di infezione da SARS-CoV-2 genotipizzati e indicati per lignaggio, 28 dicembre 2020 – 16 agosto 2021.

La **Figura 3** riporta lo stesso dato espresso come percentuale relativa e permette di visualizzare la distribuzione delle varianti monitorate nella Sorveglianza Integrata COVID-19 per settimana.

Entrambi i grafici evidenziano un aumento netto della proporzione di casi genotipizzati/sequenziati attribuibili alla **variante delta** (lignaggio B.1.617.2) e, contestualmente, una sempre più rapida riduzione della proporzione di casi attribuibili alla **variante alfa** (lignaggio B.1.1.7) e **gamma** (lignaggio P.1). Oltre a ciò, nell'ultimo periodo si può notare anche in leggero aumento la **variante kappa** (lignaggio B.1.617.1).

La percentuale, sul totale di genotipizzazioni, di casi riconducibili alla **variante delta** (lignaggio B.1.617.2), è risultata pari al 5,1% nel mese di maggio 2021, ha raggiunto quota del 34,1% nel mese di giugno e dell'82,0% nel mese di luglio 2021. I dati relativi al mese di agosto sono da considerarsi ancora in fase di consolidamento, con una genotipizzazione ancora in corso, e pertanto non completamente attendibili.

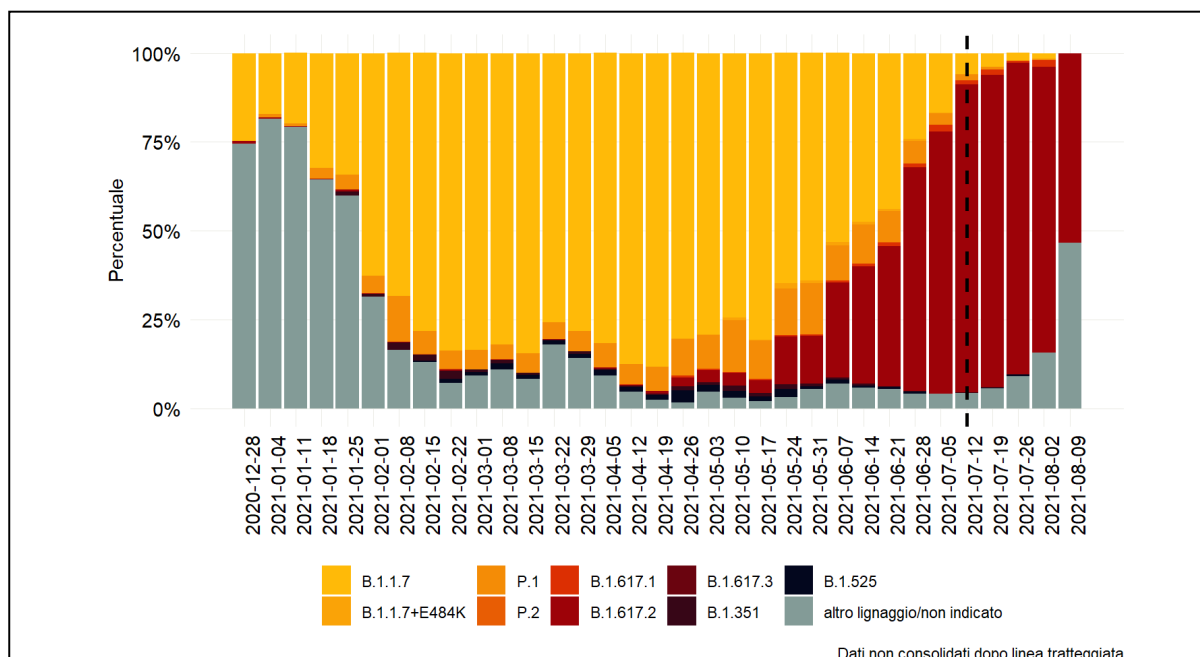


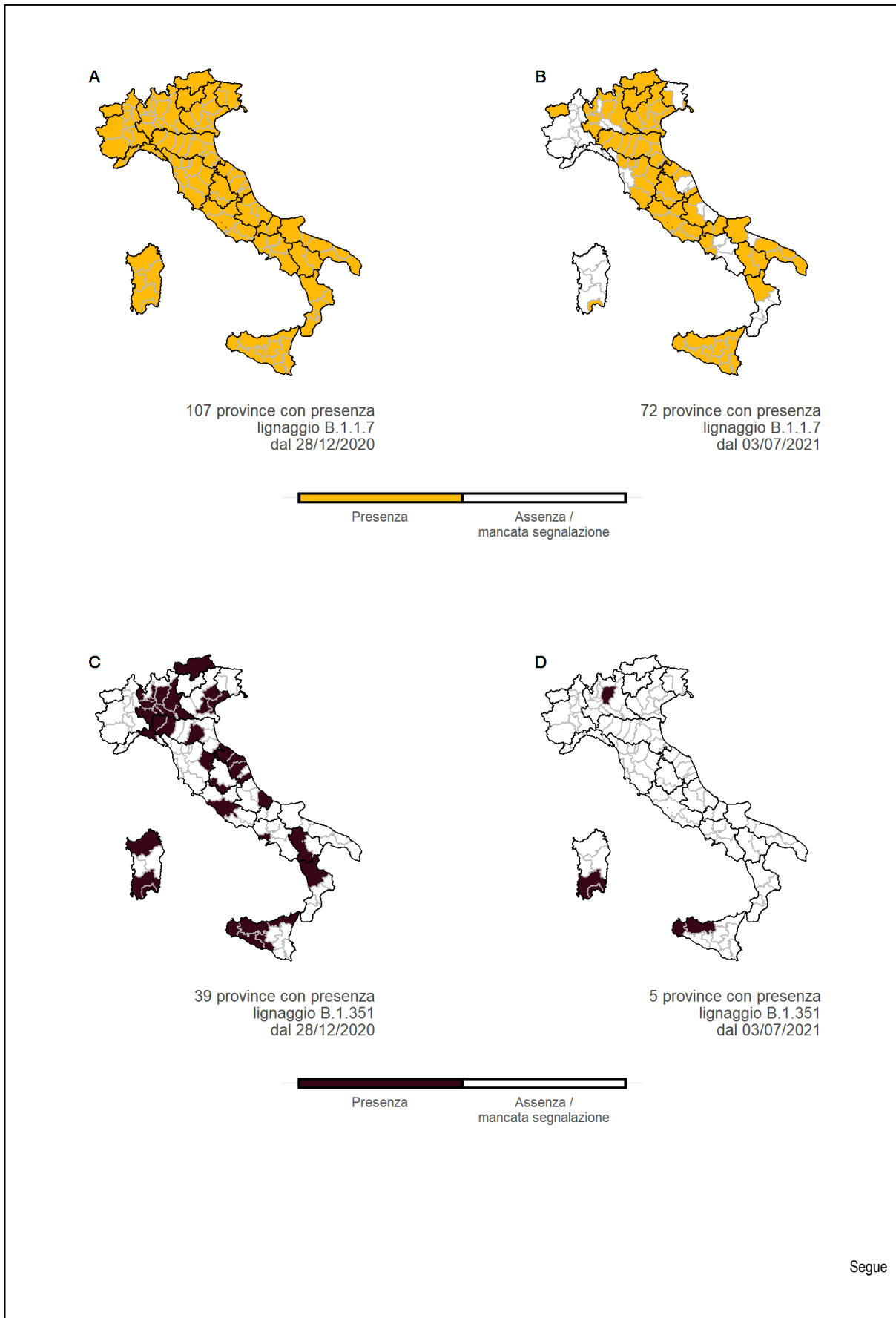
Figura 3 - Distribuzione percentuale delle varianti monitorate nella Sorveglianza Integrata COVID-19 per settimana. Italia, 28 dicembre 2020 – 16 agosto 2021.

La **Figura 4** mostra la distribuzione geografica delle 4 varianti individuate dall'OMS come **VOC** (Variants of Concern): **alfa** (B.1.1.7), **beta** (B.1.351), **gamma** (P.1), **delta** (B.1.617.2). Nelle mappe vengono messe in evidenza tutte le province che hanno segnalato almeno un caso di infezione causata da una variante di SARS-CoV-2 di interesse per la pubblica sanità nei periodi 28 dicembre 2020 – 16 agosto 2021 e 3 luglio 2021 – 16 agosto 2021. Il colore bianco, attribuito ad alcune province, può indicare sia l'assenza di casi di varianti sia una mancata segnalazione da parte della Regione/PA al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 dell'ISS, come nel caso delle Regioni Liguria e Piemonte, per le quali i risultati delle genotipizzazioni effettuate nell'ultimo periodo trovano riscontro solo parzialmente nel Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 a causa di problemi tecnici.

Dal mese di dicembre ad oggi, la **variante alfa** (lignaggio B.1.1.7) risulta essere la più diffusa sul territorio (**Figura 4A**), essendo stata riportata in tutte le province italiane. Tuttavia, per la prima volta, si osserva una maggiore diffusione geografica della **variante delta** (B.1.617.2) (**Figura 4H**) rispetto alla **variante alfa** (**Figura 4B**) negli ultimi 45 giorni. Coerentemente con quanto mostrato nel precedente rapporto del 6 agosto 2021, casi di **variante gamma** (lignaggio P.1) sono stati riportati, nell'ultimo periodo, in diverse province dell'Italia centro/meridionale (**Figura 4F**), mentre sono stati individuati pochi casi sporadici di **variante beta** (lignaggio B.1.351) in un numero limitato di province italiane (**Figura 4D**).

Negli ultimi 45 giorni (dal 3 luglio al 16 agosto 2021), la maggior parte dei casi d'infezione causati da varianti di SARS-CoV-2 di interesse sanitario rilevate dal Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19, sono stati **contratti sul territorio italiano**. Si segnala che il 6,6% delle infezioni associate alla **variante delta** (lignaggio B.1.617.2) e il 4% associate alla **variante alfa** (lignaggio B.1.1.7) sono state contratte all'estero (**Tabella 2**).

La distribuzione delle infezioni causate dalle varianti virali sotto sorveglianza riflette la prevalenza sul territorio nazionale senza evidenti differenze per sesso (**Tabella 3**).



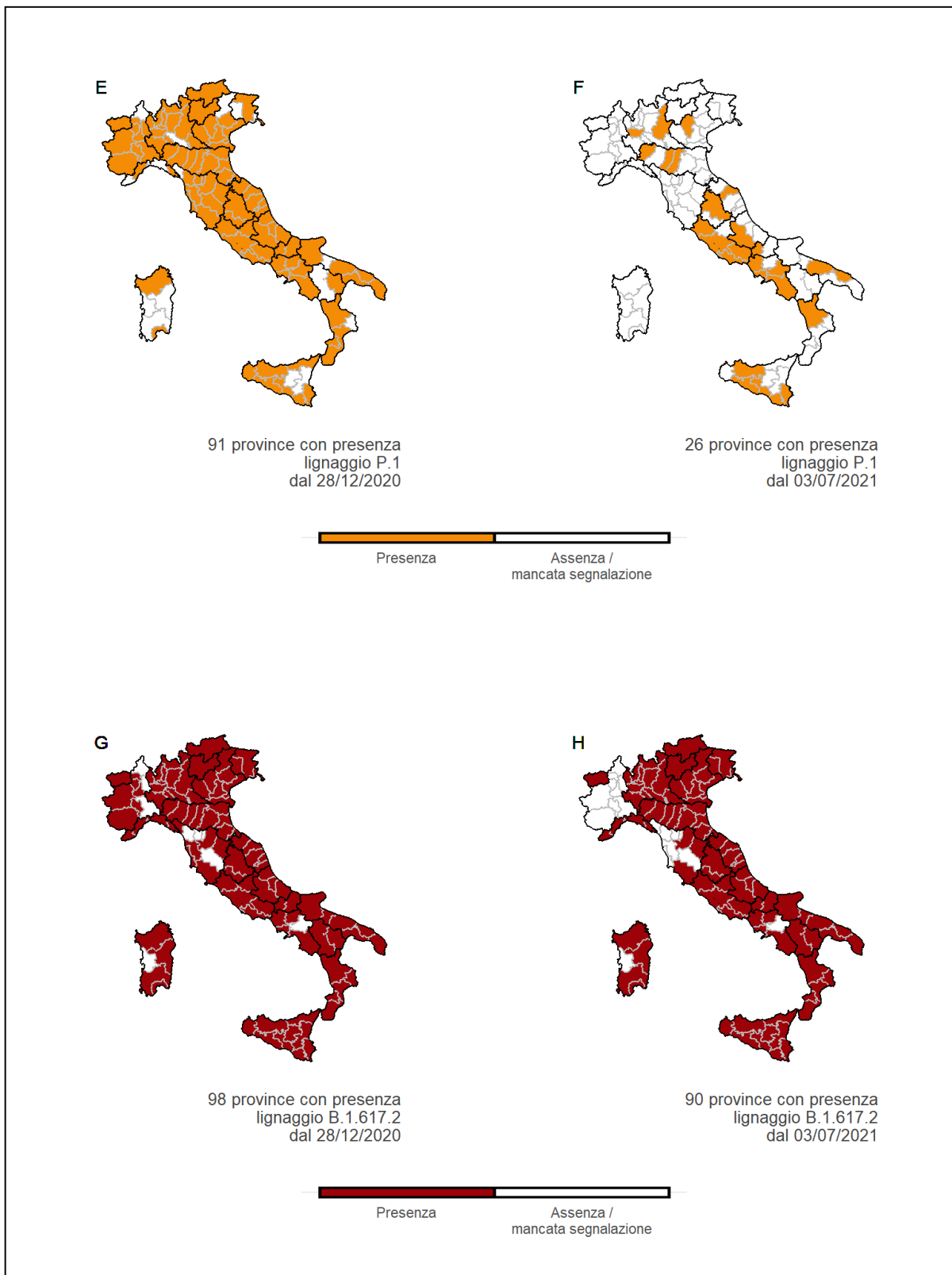


Figura 4 – Province italiane in cui è stato segnalato almeno un caso di infezione da SARS-CoV-2 causato dalla variante alfa (lignaggio B.1.1.7) (A - B), dalla variante beta (lignaggio B.1.351) (C - D), dalla variante gamma (lignaggio P.1) (E - F), dalla variante delta (lignaggio B.1.617.2) (G - H); Italia, 28 dicembre 2020-16 agosto 2021, 3 luglio 2021 – 16 agosto 2021.

Tabella 2 - Numero e percentuale di casi di infezione causati da varianti di SARS-CoV-2 di interesse sanitario per luogo di infezione, Italia, 28 dicembre 2020 – 16 agosto 2021, 3 luglio - 16 agosto 2021.

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Dati cumulativi*				Ultimi 45 gg**			
		Caso autoctono		Caso importato		Caso autoctono		Caso importato	
		N	%	N	%	N	%	N	%
Alfa	B.1.1.7	26.944	99,1	244	0,9	748	96,0	31	4,0
	B.1.1.7 + E484K	70	100,0	0	0,0	6	100,0	0	0,0
Beta ^a	B.1.351	272	96,1	11	3,9	7	87,5	1	12,5
Gamma ^b	P.1	2.770	98,9	31	1,1	171	97,2	5	2,8
Delta ^c	B.1.617.2	9.533	92,7	748	7,3	7.576	93,4	535	6,6%
Eta	B.1.525	360	84,9	64	15,1	5	71,4	2	28,6%
Kappa	B.1.617.1	189	99,0	2	1,0	133	100,0	0	0,0
ND ^d	B.1.617.3	6	100,0	0	0,0	5	100,0	0	0,0
ND ^{d,e}	P.2	5	100,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
	Altro lignaggio/non indicato ^f	5.562	97,5	141	2,5	584	94,7	33	5,3

* periodo 28 dicembre 2020 – 16 agosto 2021; ** periodo 3 luglio – 16 agosto 2021

a: la variante beta include i sottolignaggi B.1.351.2, B.1.351.3

b: la variante gamma include i sottolignaggi P.1.1, P.1.2.

c: la variante delta include i sottolignaggi AY.1, AY.2, AY.3

d: non disponibile

e: precedentemente "zeta"

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

Tabella 3 – Casi di infezione da SARS-CoV-2 causati da varianti di interesse sanitario, Italia, 28 dicembre 2020 – 16 agosto 2021, 3 luglio - 16 agosto 2021. Distribuzione per sesso e variante.

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Dati cumulativi*				Ultimi 45 gg**			
		Femmine		Maschi		Femmine		Maschi	
		N	%	N	%	N	%	N	%
Alfa	B.1.1.7	13.601	59,7	13.587	56,2	346	7,8	433	8,0
	B.1.1.7 + E484K	33	0,1	37	0,2	1	<0,1	5	0,1
Beta ^b	B.1.351	134	0,6	149	0,6	7	0,2	1	<0,1
Gamma ^c	P.1	1.370	6,0	1.431	5,9	83	1,9	93	1,7
Delta ^d	B.1.617.2	4.588	20,1	5.693	23,6	3.629	82,2	4.482	82,5
Eta	B.1.525	173	0,8	251	1,0	4	0,1	3	0,1
Kappa	B.1.617.1	78	0,3	113	0,5	52	1,2	81	1,5
ND ^a	B.1.617.3	4	<0,1	2	<0,1	3	0,1	2	<0,1
ND ^{a,e}	P.2	1	<0,1	4	<0,1	0	0,0	0	0,0
	Altro lignaggio/non indicato ^f	2.800	12,3	2.903	12,0	286	6,5	331	6,1
Totale		22.782	100	24.170	100	4.411	100	5.431	100

* periodo 28 dicembre 2020 – 16 agosto 2021; ** periodo 3 luglio – 16 agosto 2021

a: la variante beta include i sottolignaggi B.1.351.2, B.1.351.3

b: la variante gamma include i sottolignaggi P.1.1, P.1.2.

c: la variante delta include i sottolignaggi AY.1, AY.2, AY.3

d: non disponibile

e: precedentemente "zeta"

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

La distribuzione per fascia di età (**Figura 5**) evidenzia come in tutte le età siano più frequenti casi di infezione causati dalla **variante delta** (lignaggio B.1.617.2) di SARS-CoV-2. Per la prima volta non si osserva una percentuale maggiore di casi di infezione da **variante gamma** (lignaggio P.1) nei soggetti di età superiore a 80 anni.

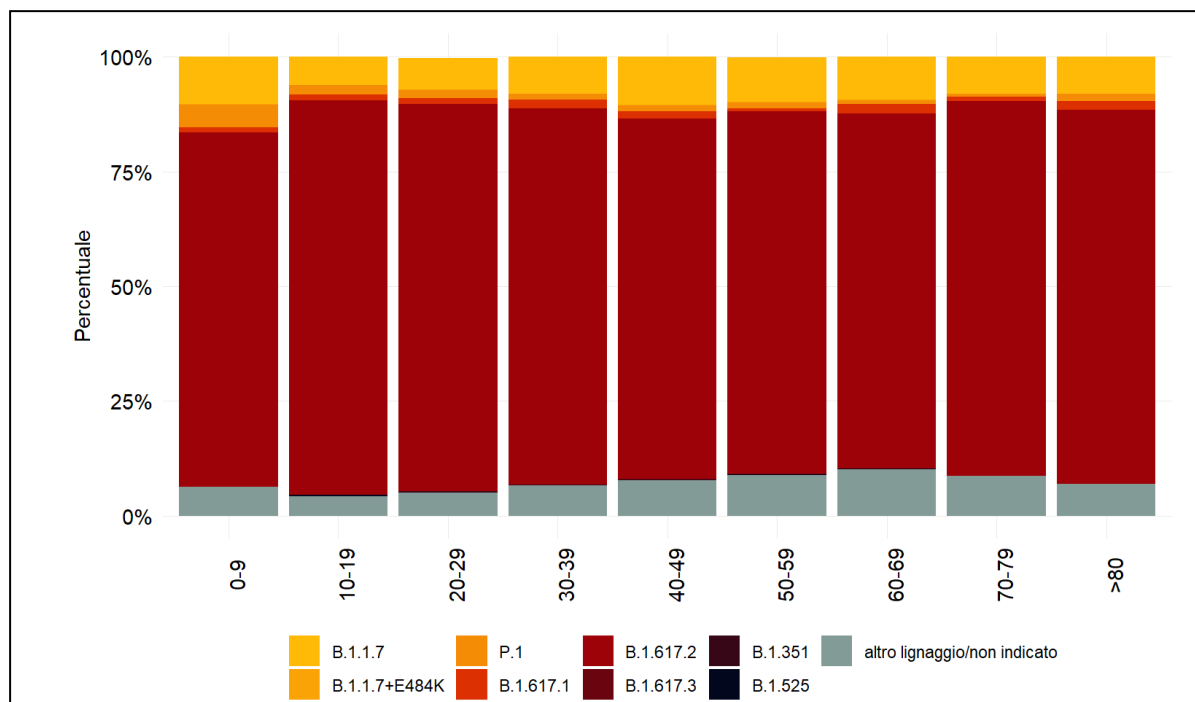


Figura 5 - Casi di infezione da SARS-CoV-2 causati da varianti di interesse sanitario, Italia, 3 luglio – 16 agosto 2021. Distribuzione per fascia di età e variante.

Piattaforma per la sorveglianza genomica delle varianti di SARS-CoV-2

La piattaforma **I-Co-Gen** (ITALIAN-COVID19-GENOMIC) sviluppata dall'ISS e attiva dal 29 aprile 2021, è basata su un'infrastruttura collaborativa per la raccolta, analisi e condivisione dei dati di sequenziamento genomico di rilevanza nazionale (<https://irida.iss.it>).

L'infrastruttura su cui è sviluppata I-Co-Gen consente la sottomissione facilitata delle sequenze a GISAID, la piattaforma internazionale di condivisione delle sequenze di SARS-CoV-2, con associazione automatica del codice registrato per evitare un doppio lavoro ai centri di sequenziamento. Ad oggi 8.138 sequenze sono state inviate a GISAID utilizzando il servizio incorporato nella piattaforma I-Co-Gen.

Alla data del 16 agosto 2021 risultano accreditati per il caricamento/analisi e visualizzazione dei dati nella piattaforma I-Co-Gen, 68 utenti da 61 strutture sul territorio, a cui vanno aggiunti sei utenti abilitati alla sola visualizzazione dei dati contenuti sulla piattaforma.

Le sequenze presenti nella piattaforma I-Co-Gen fino alla data del 16 agosto 2021 (data ultimo accesso alla piattaforma per la redazione del presente rapporto) sono 37.250 (**Figura 6A, 6B**).

Nella piattaforma vengono inseriti dati di sequenziamento NGS, sia sotto forma di dati grezzi che sequenze *consensus* dell'intero genoma virale, unitamente a dati di sequenziamento ottenuti mediante il metodo di sequenziamento Sanger di una parte o di tutto il gene codificante la proteina Spike (gene S). La percentuale di sequenze prodotte mediante NGS è pari al 90,6% (72,4% *consensus* prodotte dai laboratori e 18,2% dati grezzi con ricostruzione della sequenza *consensus* mediante il software che opera nella la piattaforma I-Co-Gen), mentre il 9,4% del totale rappresenta sequenze del gene S prodotte mediante tecnica Sanger.

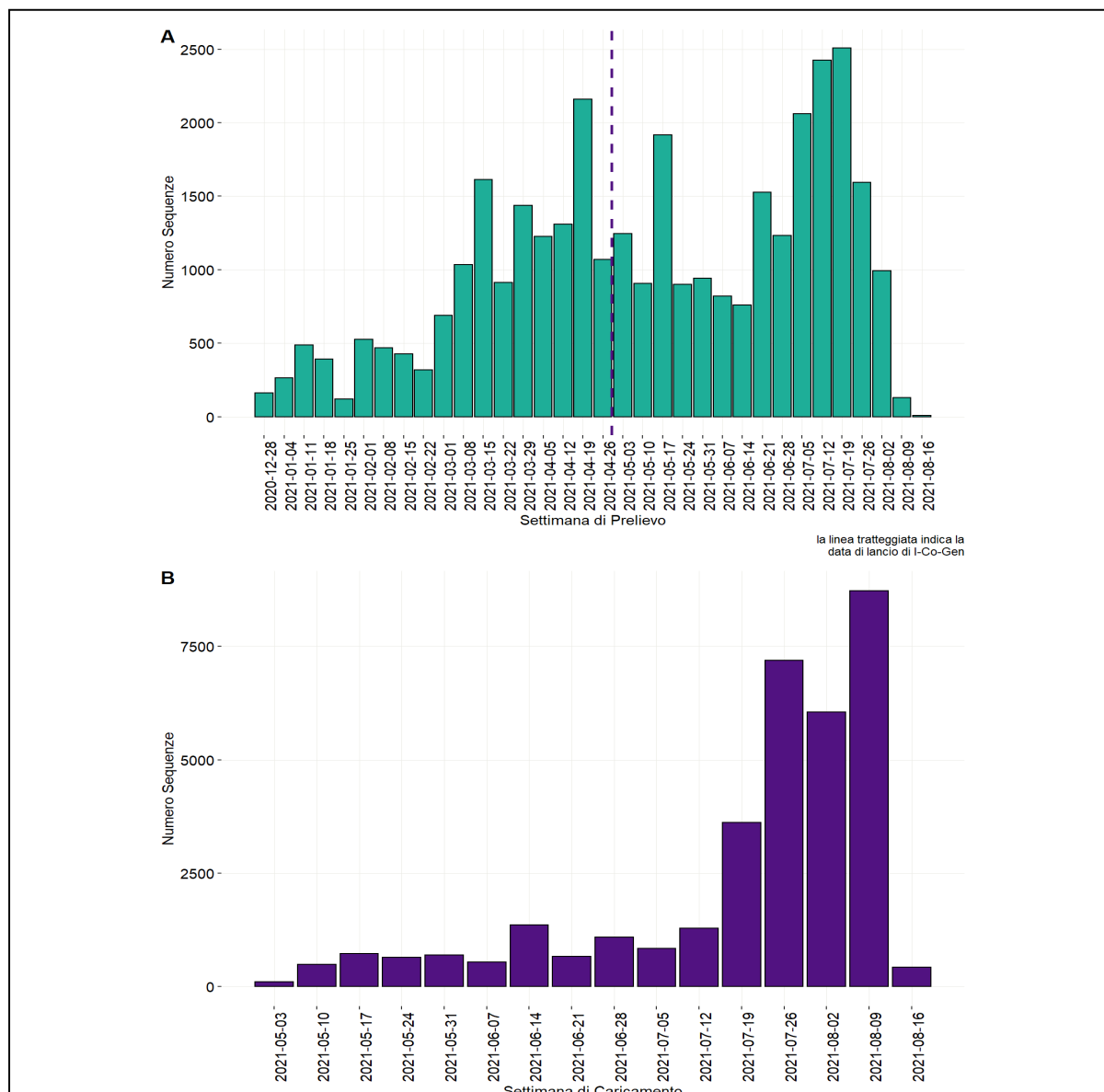


Figura 6 - Numero di sequenze depositate nella piattaforma I-Co-Gen per settimana di prelievo del campione, 28 dicembre 2020 – 16 agosto 2021 (A). Numero di sequenze depositate sulla piattaforma I-Co-Gen per data di caricamento, dall'inizio della raccolta nazionale (03 maggio 2021) alla data di estrazione dei dati (16 agosto 2021) (B).

L'assegnazione dei lignaggi, legata alla qualità del dato caricato in piattaforma, è stata possibile per 32.621 sequenze su un totale di 34.586 sequenze ottenute da tamponi raccolti tra il 28 dicembre 2020 e il 16 agosto 2021.

Dal mese di luglio si è osservato un aumento della percentuale di sequenze appartenenti alla **variante delta** (lignaggio B.1.617.2 + AY.1-12) depositate sulla piattaforma I-Co-Gen (**Tabella 4**). Tale incremento appare ancora più evidente se si analizzano i numeri delle sequenze in base alla data di prelievo del campione. Le sequenze ottenute da tamponi effettuati negli ultimi 45 giorni sono 9.570, di cui l'88,7% (8.491) ha prodotto sequenze di SARS-CoV-2 appartenenti alla **variante delta** (lignaggio B.1.617.2 + AY.1-12).

Tabella 4 - Frequenza delle varianti di SARS-CoV-2 monitorate dal Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 e di altri lignaggi rilevanti per la Sanità pubblica identificati dal software che opera nella piattaforma I-Co-Gen, dati riferiti ai campioni con data di prelievo 28 dicembre 2020 – 16 agosto 2021. La Tabella mostra i dati in percentuale in relazione al numero dei sequenziamenti depositati in I-Co-Gen (dati cumulativi e ultimi 45 giorni).

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Numero sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
Alfa^a	B.1.1.7	14.033	43,02	552	5,77
	B.1.1.7 + E484K	28	0,09	1	0,01
	Q.1	46	0,14	1	0,01
	Q.2	976	2,99	1	0,01
Beta	B.1.351	51	0,16	6	0,06
	B.1.351.2	9	0,03	0	0,0
	B.1.351.3	39	0,12	0	0,0
Gamma	P.1	385	1,18	52	0,54
	P.1.1	1.133	3,47	108	1,13
	P.1.2	1	<0,01	0	0,0
	P.1.4	2	0,01	2	0,02
	P.1.7	290	0,89	52	0,54
Delta^a	B.1.617.2	6.066	18,60	4.648	48,57
	AY.1	1	<0,01	1	0,01
	AY.3	3	0,01	3	0,03
	AY.4	2.028	6,22	1.849	19,32
	AY.5	44	0,13	40	0,42
	AY.6	396	1,21	388	4,05
	AY.7	234	0,72	232	2,42
	AY.9	146	0,45	139	1,45
	AY.10	5	0,02	5	0,05
	AY.11	32	0,10	32	0,33
	AY.12	1.413	4,33	1.154	12,06
Eta	B.1.525	361	1,11	4	0,04
Kappa	B.1.617.1	17	0,05	1	0,01
Lambda^a	C.37	12	0,04	2	0,02
	C.37.1	4	0,01	4	0,04
ND^{b,c}	P.2	5	0,02	0	0,0
	Altri lignaggi	4.861	14,90	293	3,06
Totale		32.621	100	9.570	100

* periodo 28 dicembre 2020 – 16 agosto 2021; ** periodo 3 luglio – 16 agosto 2021

a: classificazione recentemente proposta da Pangolin (cov-lineages.org) per i lignaggi Q.1 – 2, AY.4 – 12 e C.37.1 ma non ancora adottata da OMS

b: non disponibile

c: precedentemente "zeta"

Nelle ultime settimane, dalla data del precedente bollettino (6 agosto 2021), non sono state evidenziate nuove sequenze delta di lignaggio AY.1 mentre sono state registrate tre sequenze AY.3. Insieme alla AY.2, non registrata nel database I-Co-Gen, questi lignaggi sono una evoluzione della **variante delta** in cui sono presenti una o più mutazioni oggetto di stretta sorveglianza a causa di un loro possibile ruolo nel conferire le capacità di evasione immunitaria.

In **Figura 7**, si evidenzia l'andamento delle VOC identificate nei campioni sequenziati e depositati nella piattaforma I-Co-Gen. Si osserva che la **variante alfa (lignaggio B.1.1.7)**, ha da sempre rappresentato la frazione principale dei sequenziamenti depositati (ad oggi rappresenta il 46,23% del totale). A partire dal mese di luglio tuttavia la **variante delta** (lignaggio B.1.617.2 + AY.1-12) è divenuta prevalente rispetto ad altre varianti. La **variante alfa (lignaggio B.1.1.7)** è ancora rilevata, ma ormai in significativa diminuzione, rappresentando il 5,8% delle sequenze effettuate da tamponi prelevati negli ultimi 45 giorni (**Tabella 4**).

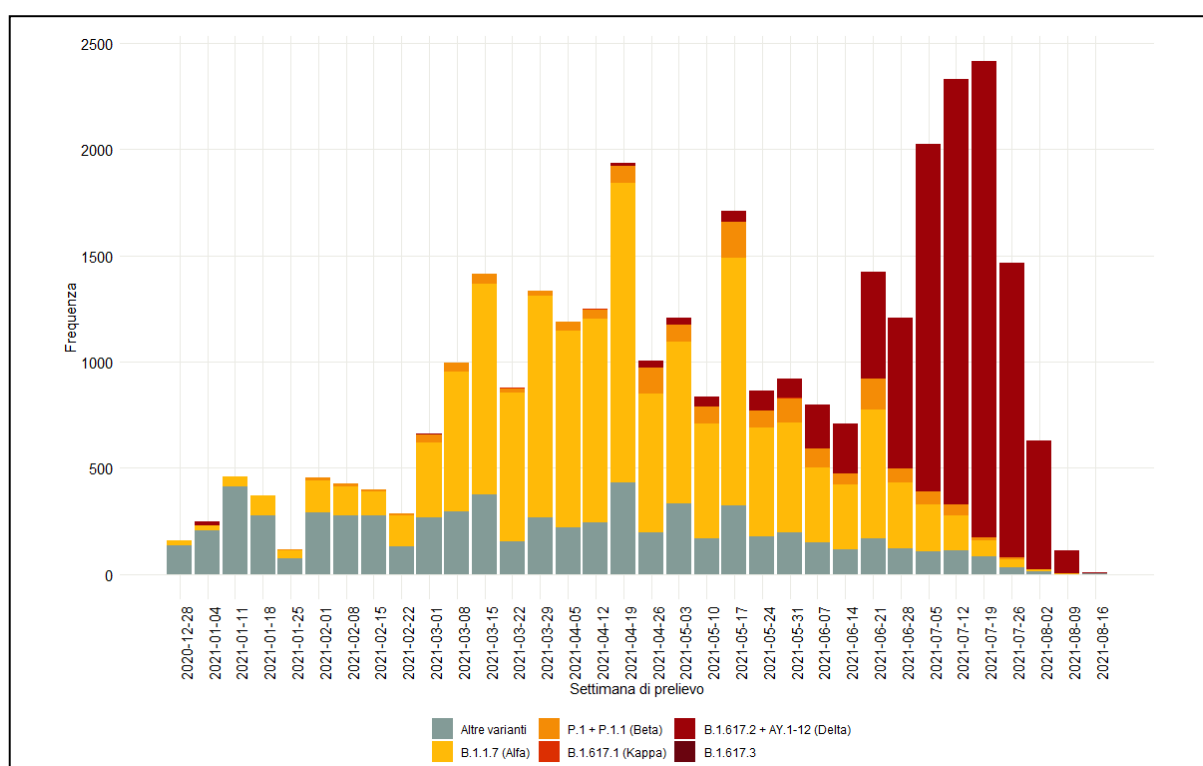


Figura 7 - Andamento delle principali VOC identificate mediante sequenziamento negli ultimi 6 mesi dal software della piattaforma I-Co-Gen, per settimana di campionamento (28 dicembre 2020 – 16 agosto 2021). La variante Alfa include i campioni di lignaggio B.1.1.7 che presentano la mutazione E484K ed i sotto-lignaggi Q1 - Q2.

La **variante delta** è stata identificata in Italia per la prima mediante sequenziamento del SARS-CoV-2 da tamponi raccolti nel mese di gennaio 2021. Nel dettaglio, la percentuale di sequenze ascrivibili alla **variante delta** (lignaggio B.1.617.2 + AY.1-12), sul totale dei sequenziamenti depositati in I-Co-Gen, è passata da essere meno dell'1% del totale delle sequenze fino al mese di aprile, al 30,3% nel mese di giugno, all'86,8% nel mese di luglio fino a rappresentare il 96,2% dal 1 al 16 agosto (dati al 16 agosto 2021).

Il tracciamento delle varianti non monitorate dal Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19, ha evidenziato la circolazione di oltre 100 lignaggi addizionali (**Tabella 5**), rappresentanti il 14,9% delle sequenze depositate in piattaforma, alcuni dei quali considerati d'interesse sanitario (VOI) o oggetto di monitoraggio a livello internazionale (VUM), sulla base di evidenze preliminari (<https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>).

Tabella 5 - Distribuzione dei lignaggi non oggetto di monitoraggio da parte del Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 identificati dal software della piattaforma I-Co-Gen (Pangolin vers. 3.1.11 del 9 agosto 2021). Dati riferiti a campioni con data prelievo 28 dicembre 2020 – 16 agosto 2021 (dati cumulativi ed ultimi 45 giorni).

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Monitoraggio	Numero sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
ND	A	ND	1822	37,48	132	45,05
ND	A.2.5	ND	1	0,02	1	0,34
ND	A.2.5.2	ND	17	0,35	0	0,0
ND	A.21	ND	1	0,02	0	0,0
ND	A.23.1	ND	4	0,08	0	0,0
ND	A.27	VUM	9	0,19	0	0,0
ND	A.28	VUM	9	0,19	0	0,0
ND	A.6	ND	1	0,02	1	0,34
ND	AH.1	ND	2	0,04	0	0,0
ND	AH.3	ND	3	0,06	0	0,0
ND	AZ.2	ND	15	0,31	0	0,0
ND	B	ND	20	0,41	3	1,02
ND	B.1	ND	129	2,65	34	11,60
ND	B.1.1	ND	79	1,63	16	5,46
ND	B.1.1.1	ND	6	0,12	0	0,0
ND	B.1.1.10	ND	2	0,04	0	0,0
ND	B.1.1.136	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.1.153	ND	2	0,04	0	0,0
ND	B.1.1.161	ND	6	0,12	0	0,0
ND	B.1.1.208	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.1.229	ND	5	0,10	0	0,0
ND	B.1.1.28	ND	2	0,04	0	0,0
ND	B.1.1.285	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.1.294	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.1.301	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.1.305	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.1.317	ND	2	0,04	0	0,0
ND	B.1.1.318	VUM	54	1,11	2	0,68
ND	B.1.1.33	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.1.351	ND	6	0,12	0	0,0
ND	B.1.1.353	ND	2	0,04	0	0,0
ND	B.1.1.355	ND	6	0,12	0	0,0
ND	B.1.1.371	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.1.372	ND	2	0,04	0	0,0
ND	B.1.1.379	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.1.39	ND	3	0,06	0	0,0
ND	B.1.1.398	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.1.420	ND	54	1,11	0	0,0
ND	B.1.1.519	VUM	2	0,04	0	0,0
ND	B.1.1.523	ND	6	0,12	1	0,34
ND	B.1.1.525	ND	1	0,02	0	0,0

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Monitoraggio	Numero sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
ND	B.1.1.97	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.153	ND	5	0,10	4	1,37
ND	B.1.160	ND	155	3,19	0	0,0
ND	B.1.160.25	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.160.30	ND	3	0,06	0	0,0
ND	B.1.160.8	ND	2	0,04	0	0,0
ND	B.1.177	ND	977	20,10	3	1,02
ND	B.1.177.10	ND	12	0,25	0	0,0
ND	B.1.177.12	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.177.15	ND	2	0,04	0	0,0
ND	B.1.177.21	ND	2	0,04	0	0,0
ND	B.1.177.23	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.177.24	ND	2	0,04	0	0,0
ND	B.1.177.31	ND	2	0,04	0	0,0
ND	B.1.177.33	ND	33	0,68	0	0,0
ND	B.1.177.35	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.177.4	ND	6	0,12	0	0,0
ND	B.1.177.43	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.177.51	ND	23	0,47	0	0,0
ND	B.1.177.52	ND	9	0,18	0	0,0
ND	B.1.177.53	ND	32	0,66	0	0,0
ND	B.1.177.57	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.177.62	ND	2	0,04	0	0,0
ND	B.1.177.65	ND	3	0,06	0	0,0
ND	B.1.177.7	ND	2	0,04	0	0,0
ND	B.1.177.72	ND	2	0,04	0	0,0
ND	B.1.177.75	ND	152	3,13	0	0,0
ND	B.1.177.77	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.177.81	ND	8	0,16	0	0,0
ND	B.1.177.83	ND	50	1,03	0	0,0
ND	B.1.177.86	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.177.87	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.177.88	ND	59	1,21	0	0,0
ND	B.1.2	ND	2	0,04	0	0,0
ND	B.1.214.2	VUM	2	0,04	0	0,0
ND	B.1.221	ND	26	0,53	2	0,68
ND	B.1.222	ND	2	0,04	0	0,0
ND	B.1.236	ND	63	1,30	0	0,0
ND	B.1.240	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.241	ND	2	0,04	2	0,68
ND	B.1.258	ND	87	1,79	1	0,34
ND	B.1.258.14	ND	212	4,35	0	0,0
ND	B.1.258.17	ND	36	0,74	0	0,0
ND	B.1.258.3	ND	1	0,02	0	0,0

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Monitoraggio	Numero sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
ND	B.1.258.4	ND	3	0,06	0	0,0
ND	B.1.260	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.311	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.350	ND	1	0,02	1	0,34
ND	B.1.36	ND	3	0,06	0	0,0
ND	B.1.36.1	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.367	ND	19	0,39	0	0,0
ND	B.1.389	ND	2	0,04	0	0,0
ND	B.1.398	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.402	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.411	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.416	ND	4	0,08	0	0,0
Epsilon	B.1.427	ND	1	0,02	0	0,0
Epsilon	B.1.429	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.467	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.499	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.517	ND	1	0,02	0	0,0
Iota	B.1.526	VUM	6	0,12	0	0,0
ND	B.1.540	ND	14	0,29	1	0,34
ND	B.1.566	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.575	ND	4	0,08	1	0,34
ND	B.1.575.1	ND	2	0,04	0	0,0
ND	B.1.575.2	ND	3	0,06	0	0,0
ND	B.1.619	ND	2	0,04	0	0,0
ND	B.1.620	VOI	60	1,23	1	0,34
ND	B.1.621	VOI	60	1,23	7	2,37
ND	B.1.621.1	ND	18	0,37	6	2,03
ND	B.1.628	ND	1	0,02	0	0,0
ND	B.1.629	ND	13	0,27	0	0,0
ND	B.1.630	ND	3	0,06	1	0,34
ND	B.40	ND	60	1,23	40	13,56
ND	B.55	ND	2	0,04	0	0,0
ND	B.57	ND	1	0,02	0	0,0
ND	C.16	VUM	2	0,04	0	0,0
ND	C.18	ND	27	0,55	0	0,0
ND	C.35	ND	2	0,04	0	0,0
ND	C.36 + L452R	VUM	5	0,10	1	0,34
ND	C.36	ND	7	0,15	0	0,0
ND	C.36.3	ND	233	4,79	29	9,90
ND	C.36.3.1	ND	2	0,04	0	0,0
ND	C.38	ND	14	0,29	2	0,68
ND	L.3	ND	1	0,02	0	0,0
ND	N.5	ND	2	0,04	0	0,0
Theta	P.3	VOI	1	0,02	1	0,34

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Monitoraggio	Numero sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
ND	W.4	ND	1	0,02	0	0,0
ND	Z.1	ND	1	0,02	0	0,0
Totale			4.861	100	293	100

* periodo 28 dicembre 2020 – 16 agosto 2021; ** periodo 3 luglio – 16 agosto 2021

ND: non disponibile

VOI: variant of interest (variante di interesse, fonte: <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>); VUM: variant under monitoring (variante sotto monitoraggio, fonte: <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>)

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), si rende necessario monitorare la circolazione di varianti di interesse in sanità pubblica e in rapida diffusione nel nostro Paese.

I dati riportati dalle Regioni/PA sono elaborati dall'ISS integrando i dati microbiologici ed epidemiologici, relativamente alle segnalazioni delle varianti descritte nel presente rapporto.

La lista delle varianti di SARS-CoV-2 sotto sorveglianza viene continuamente aggiornata man mano che vengono riconosciute nuove varianti di interesse per la sanità pubblica denominate "Variants of Concern" (VOC), "Variants of Interest" (VOI) e "Variants under Monitoring" (<https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>).

Il 31 maggio 2021, l'Organizzazione Mondiale della Sanità (OMS) ha definito delle "etichette" con cui designare le varianti di SARS-CoV-2 che fossero più facili da pronunciare e da ricordare rispetto ai lineage/clade utilizzati nelle diverse piattaforme.

Al momento in cui viene redatto questo rapporto, la classificazione in vigore è la seguente (<https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>, aggiornamento del 13 agosto 2021):

Tabella 6 - Varianti preoccupanti per la Sanità Pubblica (Variants of Concern - VOC)

Nomenclatura OMS	Lignaggio Pango	Clade GISAID	Clade Nextstrain	Primi campioni documentati	Data di designazione
Alfa	B.1.1.7	GRY	20I (V1)	Regno Unito settembre-2020	18-dicembre-2020
Beta	B.1.351 B.1.351.2 B.1.352.3	GH/501Y.V2	20H (V2)	Sud Africa maggio-2020	18-dicembre-2020
Gamma	P.1 P.1.1 P.1.2 P.1.4 P.1.6 P.1.7	GR/501Y.V3	20J (V3)	Brasile novembre-2020	11- gennaio-2021
Delta	B.1.617.2 AY.1 AY.2 AY.3 AY.3.1	G/478K.V1	21A	India ottobre-2020	VOI: 4-aprile -2021 VOC: 11-maggio-2021

Tabella 7 - Varianti di interesse per la Sanità Pubblica (Variants of Interest - VOI)

Nomenclatura OMS	Lignaggio Pango	Clade GISAID	Clade Nextstrain	Primi campioni documentati	Data di designazione
Eta	B.1.525	G/484K.V3	21D	Paesi multipli, dicembre-2020	17-marzo-2021
Iota	B.1.526	GH/253G.V1	21F	Stati Uniti d'America, novembre-2020	24-marzo-2021
Kappa	B.1.617.1	G/452R.V3	21B	India, ottobre-2020	4-aprile-2021
Lambda	C.37	GR/452Q.V1	21G	Perù, dicembre-2020	14-giugno-2021

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, con cautela, 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. L'Istituto Superiore di Sanità è, inoltre, 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.

Questo bollettino descrive, con grafici, mappe e tabelle, la prevalenza e la distribuzione nel tempo e nello spazio delle varianti di interesse per la sanità pubblica notificate al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19.

I dati qui presentati riferiscono a dati inviati dalle Regioni/PPAA e con una diagnosi di infezione da SARS-CoV-2 (definita come tampone positivo ai sensi della [circolare del Ministero della Salute n. 0644 dell'8 gennaio 2021](#)) tra il **28 dicembre 2020** ed il **16 agosto 2021**.

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 un sequenziamento del SARS-CoV-2.** Nel periodo di riferimento di questo bollettino, la percentuale di genotipizzazione è stata complessivamente dell'1,9% dei campioni positivi rilevati ogni settimana.

La **Figura 1**, già mostrata in questo documento, evidenzia come il numero di casi genotipizzati aumenti in coincidenza con le indagini rapide di prevalenza realizzate a partire dal mese di febbraio 2021 (indagine più recente del **20 luglio 2021**, [disponibile online sul sito dell'Istituto Superiore di Sanità](#)).

Inoltre, la percentuale di casi di infezione confermata da SARS-CoV-2 in cui è stata realizzata una genotipizzazione, riportata al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19, nel periodo **28 dicembre 2020 – 16 agosto 2021**, varia da regione a regione (**Figura 8A**); si può notare però un sostanziale incremento su quasi tutto il territorio (**Figura 8B**) nel periodo più recente (**3 luglio 2021 – 16 agosto 2021**). Questo elemento deve essere considerato nella lettura delle mappe riportate in questo rapporto.

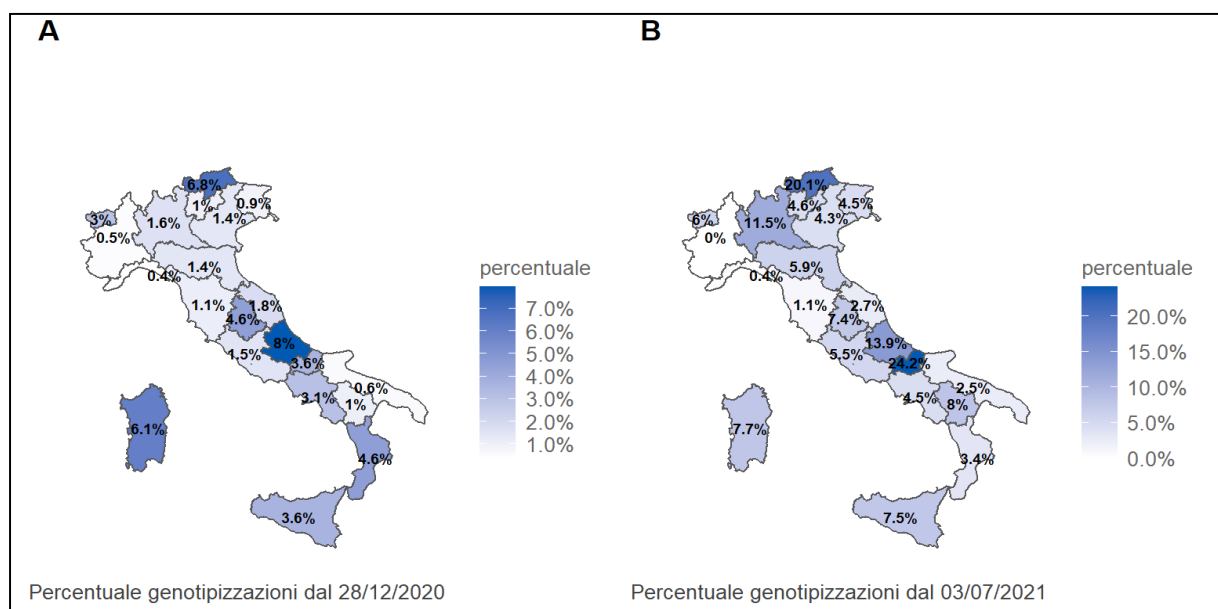


Figura 8 - Percentuale di casi di infezione confermata da SARS-CoV-2 in cui è stata realizzata una genotipizzazione riportata al **Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19** per Regione/PA nel periodo 28 dicembre 2020 – 16 agosto 2021 (A) e nel periodo 3 luglio 2021 – 16 agosto 2021 (B).

In Tabella 8 sono riportati, per lo stesso periodo, i dati di genotipizzazione estrapolati dalla piattaforma genomica di condivisione internazionale GISAID (<https://www.gisaid.org/>), relativi a casi per i quali è nota la data, anche parziale, di campionamento.

Tabella 8 - Frequenza di genotipizzazione di alcune varianti di SARS-CoV-2, Italia, 28 dicembre 2020 – 16 agosto 2021; fonte GISAID (<https://www.gisaid.org/>, sottomissioni al 16 agosto 2021).

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Numero di sequenze	%
Alfa	B.1.1.7	23.528	49,053
	B.1.1.7 + E484K	23	0,048
Beta	B.1.351	67	0,140
	B.1.351.2	21	0,044
	B.1.351.3	41	0,085
Gamma	P.1	428	0,892
	P.1.1	1.811	3,776
	P.1.2	0	0,000
	P.1.4	2	0,004
	P.1.6	0	0,000
	P.1.7	296	0,617
Delta	B.1.617.2	4.757	9,918
	AY.1	1	0,002
	AY.2	0	0,000
	AY.3	10	0,021
	AY.3.1	0	0,000
Eta	B.1.525	431	0,899
Iota	B.1.526	8	0,017
Kappa	B.1.617.1	19	0,040
Lambda	C.37	12	0,025
ND ^a	B.1.617.3	0	0,000
ND ^a	P.2	3	0,006
	Altro lignaggio	16.506	34,413
Totale		47.964	100

a: non disponibile

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, Matteo Spuri, Antonino Bella, Patrizio Pezzotti.

In collaborazione con:

laboratori regionali

Liborio Stuppia, Laboratorio di Genetica Molecolare del Centro di Tecnologie Avanzate (CAST), Università G. d'Annunzio, Chieti; Giovanni Savini, Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Abruzzo e del Molise Giuseppe Caporale, Teramo; Antonio Picerno, Teresa Lopizzo, U.O.C di Analisi Chimico Cliniche e Microbiologiche, A.O.R. San Carlo Potenza, Potenza; Domenico Dell'Edera, U.O.S.D. Laboratorio di Genetica Medica, P.O. Madonna delle Grazie, Matera; Pasquale Minchella, Laboratorio di Virologia e Microbiologia, Azienda Ospedaliera Pugliese-Ciaccio, Catanzaro; Francesca Greco, UOC di Microbiologia e Virologia, AO Annunziata, Cosenza; Giuseppe Viglietto, Laboratorio di genomica e patologia molecolare dell'Università Magna Graecia di Catanzaro, Catanzaro; Luigi Atripaldi, AORN Azienda Sanitaria dei Colli, Napoli; Antonio Limone, Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Mezzogiorno, Napoli; Pierlanfranco D'Agaro, Azienda Sanitaria Universitaria Giuliano-Isontina (ASUGI), Trieste; Danilo Licastro, Laboratorio di Genomica e Epigenomica, Area Science Park, Basovizza, Trieste; Stefano Pongolini, Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia-Romagna – Analisi del Rischio ed Epidemiologia Genomica, Parma; Vittorio Sambri, DIMES Università di Bologna & U.O.C. Microbiologia AUSL Romagna, Bologna; Giorgio Dirani, U.O.C. Microbiologia AUSL Romagna; Silvia Zannoli U.O.C. Microbiologia AUSL Romagna; Paola Affanni, Maria Eugenia Colucci, Laboratorio di Igiene e Sanità Pubblica, Dipartimento di Medicina e Chirurgia, Università di Parma, Parma; Maria Rosaria Capobianchi, Laboratorio di Virologia, Istituto Nazionale Malattie Infettive IRCCS L. Spallanzani, Roma; Giancarlo Icardi, Bianca Bruzzone, Flavia Lillo, Adrea Orsi, Laboratorio di Riferimento Regionale per le Emergenze di Sanità Pubblica (LaRESP), Genova; Elena Pariani, Dipartimento di Scienze Biomediche per la Salute, Università di Milano, Milano; Fausto Baldanti, Unità di Virologia Molecolare, Fondazione IRCCS Policlinico San Matteo, Università di Pavia, Pavia; Maria Rita Gismondo, U.O.C Microbiologia Clinica, Virologia e diagnostica delle Bioemergenze, ASST FBF-Sacco, Milano; Fabrizio Maggi, S.C. Laboratorio Microbiologia ASST Sette Laghi, Varese; Arnaldo Caruso, 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; Patrizia Bagnarelli, Azienda Ospedaliero Universitaria, Ospedali Riuniti Ancona, Ancona; Sergio Malandrin, Annalisa Cavallero, ASST - Monza, Laboratorio di Microbiologia e Virologia, Monza; Silvio Garofalo, Massimiliano Scutellà, UOC Laboratorio Analisi P.O. A. Cardarelli, Campobasso; Elisabetta Pagani, Laboratorio Aziendale di Microbiologia e Virologia, Azienda Sanitaria dell'Alto Adige, Bolzano; Lucia Collini, Microbiologia e Virologia, P.O. Santa Chiara, Trento; Valeria Ghisetti, Laboratorio di Microbiologia e Virologia, ASL Città di Torino, Torino; Silvia Brossa, IRCCS-FPO di Candiolo, Torino; Giuseppe Ru, Elena Bozzetta, Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Piemonte, Liguria e Valle d'Aosta, Torino; Maria Chironna, Laboratorio di Epidemiologia Molecolare e Sanità Pubblica, AOU Policlinico di Bari, Bari; Antonio Parisi, Istituto Zooprofilattico Sperimentale di Puglia e Basilicata per la Puglia, Foggia; Salvatore Rubino, Caterina Serra, S.C. Microbiologia e Virologia Laboratorio Virologia, AOU di Sassari, Sassari; Giovanna Piras, UOC Ematologia, P.O. "San Francesco", Azienda Tutela Salute, ASSL Nuoro; Giuseppe Mameli, Laboratorio di Patologia Clinica, P.O. "San Francesco", Azienda Tutela Salute, ASSL Nuoro; Ferdinando Coghe, Laboratorio Generale (HUB) di analisi chimico cliniche e microbiologia, P.O. Duilio Casula, AOU di Cagliari, Cagliari; Francesco Vitale, Fabio Tramuto, Laboratorio di Riferimento Regionale per la Sorveglianza Epidemiologica e Virologica del P.R.O.M.I.S.E., AOUP Giaccone di Palermo; Palermo; Guido Scalia, Concetta Ilenia Palermo, Laboratorio di Virologia Clinica - AOUP V. Emanuele di Catania - P.O. Gaspare Rodolico, Catania; Giuseppe Mancuso, UOC Microbiologia, Azienda Ospedaliera Universitaria G. Martino, Messina; Teresa Pollicino, Laboratorio di Diagnostica Molecolare dell'Unità Gestione Centralizzata Laboratori, Messina; Francesca Di Gaudio, CRQ Sicilia, Palermo; Stefano Vullo, Stefano Reale, Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Sicilia, Palermo; Maria Grazia Cusi, UOC Microbiologia e Virologia, Azienda Ospedaliera Universitaria Senese Dipartimento Biotecnologie Mediche, Università degli Studi di Siena, Siena; Gian Maria Rossolini, SOD Microbiologia e Virologia Azienda Ospedaliera Universitaria Careggi, Firenze; Mauro Pistello, UOC Virologia Azienda Ospedaliero-Universitaria Pisana, Pisa; Antonella Mencacci, Barbara Camilloni, S.C. Microbiologia, Dipartimento di Medicina e Chirurgia, Università di Perugia, Perugia; Silvano Severini, Istituto

Zooprofilattico Sperimentale delle Regioni Umbria e Marche, Perugia; Massimo Di Benedetto Laboratorio Analisi Cliniche dell'Ospedale Parini, Aosta; Terregino Calogero, Isabella Monne, Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Padova; Valeria Biscaro, U.O.C. Microbiologia-Virologia- AULSS2 La Marca, P.O. Treviso, Treviso.

e ulteriori utenti registrati nella piattaforma I-Co-Gen:

Giada Rossini, Lab. CRREM-UO Microbiologia. Azienda Ospedaliero Universitaria di Bologna - Policlinico di S'Orsola (IRCCS) Bologna; Patricia Alba, Department of General Diagnostics, Department of Virology, Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Lazio e della Toscana (IZSLT), Roma; Alice Massacci, IRCSS Regina Elena National Cancer Institute, Roma; Carlo Federico Perno, Unità Complessa di Microbiologia ed Immunologia Diagnostica, Ospedale Pediatrico Bambino Gesù, Roma; Bianca Bruzzone, Laboratorio di Riferimento Regionale per la diagnosi molecolare di SARS-CoV-2, U.O. Igiene, Ospedale Policlinico San Martino IRCCS di Genova, Università degli Studi di Genova, Genova; Alice Nava, ASST Grande ospedale Metropolitano Niguarda, Milano; Erminio Torresani, IRCCS Istituto Auxologico Italiano, Milano; Fabiana Cro, SYNLAB ITALIA, Brescia; Enzo Boeri, Dipartimento di medicina di laboratorio, Laboratorio di microbiologia Ospedale San Raffaele, Milano; Marina Noris, Istituto di Ricerche Farmacologiche Mario Negri-IRCCS, Milano; Giulia Bassanini, PTP Science Park S.c.a.r.l. - Laboratorio SMeL, Lodi; Annapaola Callegaro, Laboratorio di Microbiologia e Virologia dell'ASST Papa Giovanni XXIII, Bergamo; Valeria Ghisetti, Laboratorio Ospedale Amedeo di Savoia Centro di Riferimento Regionale per validazione e controllo di qualità SARS-CoV-2, Torino; Gabriele Ibba, AMES Centro Polidiagnostico Strumentale S.r.l., Azienda Ospedaliero-Universitaria di Sassari, Sassari; Davide Cacchiarelli, Telethon Institute of Genetics and Medicine, Pozzuoli.

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); Francesco Sforza (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, Concetta Fabiani, Eleonora Benedetti, Giuseppina Di Mario, Marzia Facchini, Laura Calzoletti, Simona Puzelli, Giulietta Venturi, Claudia Fortuna, Giulia Marsili, Antonello Amendola, Martina Del Manso, Alberto Mateo Urdiales, Massimo Fabiani, Stefania Bellino, Stefano Boros, Fortunato (Paolo) D'Ancona, Maria Cristina Rota, Antonietta Fila, Matteo Spuri, Maria Fenicia Vescio, Corrado Di Benedetto, Marco Tallon, Luca De Sabato.