

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

Rapporto n. 9 del 17 settembre 2021

(dati aggiornati al 13 settembre 2021)

In evidenza

- ✓ Con un totale di 8.255 casi genotipizzati/sequenziati, segnalati al **Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19** negli ultimi 45 giorni (31 luglio – 13 settembre 2021), che comprendono il 4% del totale dei casi positivi segnalati nel mese di agosto 2021, in Italia rimane stabile la capacità di genotipizzare/sequenziare rispetto al periodo precedente (8.300 casi nel periodo 17 luglio – 30 agosto 2021) nel contesto di una aumentata incidenza.
 - In questo periodo di riferimento, il numero di segnalazioni di casi causati dalla variante delta (di cui il 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.
 - Si conferma la forte diminuzione nel numero e nella diffusione territoriale delle segnalazioni di nuovi casi di infezione causati dalla variante alfa.
 - Sono rari i nuovi casi di infezione causati dalla variante gamma (di cui il lignaggio P.1).
- ✓ 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 **44.000 sequenze**.
 - Sono stati identificati oltre 100 lignaggi che, ad oggi, non sono 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 negli ultimi 45 giorni, è pari al **98,34 %**, evidenziando un ulteriore incremento rispetto al 95,2% riportato nel precedente bollettino.
 - 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, meno dell'1% è rappresentato da VUM (Variant under Monitoring – lignaggi: B.1.1.318) e VOI (Variant of Interest – lignaggi: B.1.621 (**variante Mu**), C.37, C.37.1 (**variante lambda**)).

In conclusione:

- ✓ In Italia la maggior parte delle nuove infezioni da virus SARS-CoV-2 sono causate dalla **variante delta** (lignaggio B.1.617.2).
- ✓ 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

Stima di prevalenza delle varianti del virus SARS-CoV-2 di interesse per la sanità pubblica in Italia dalla più recente "indagine rapida"	3
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).....	5
Piattaforma per la sorveglianza genomica delle varianti di SARS-CoV-2	12
Note di lettura	20

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 – 13 settembre 2021**, con approfondimenti per il periodo **31 luglio – 13 settembre 2021**) e dalla piattaforma open-source **I-Co-Gen (Italian COVID-19 Genomic)**, attiva dal **29 aprile 2021**.

Stima di prevalenza delle varianti del virus SARS-CoV-2 di interesse per la sanità pubblica in Italia dalla più recente “indagine rapida”

In base all'indagine rapida più **recente (24/8/2021, [disponibile online sul sito dell'Istituto Superiore di Sanità](#))**, la **variante delta** risulta essere ancora la variante prevalente sul territorio nazionale, con una prevalenza stimata pari al 99,7% (range regionale: 95,8%-100%) (**Figura 1D**).

La prevalenza di casi di infezione da SARS-CoV-2 **variante alfa** è ancora in diminuzione, passando da una prevalenza stimata del 3,2% (range regionale: 0,0% - 14,7%) nell'ultima indagine rapida (20 luglio 2021) a 0,2% (range regionale: 0,0% - 2,1%) (**Figura 1A**) con casi rilevati solo nelle regioni Marche e Sicilia.

La **variante beta (Figura 1B)** è stata individuata esclusivamente in un caso riportato dalla regione Marche, per questo motivo la sua prevalenza stimata è pari a 0,0% (range regionale: 0,0% - 2,1%).

L'indagine rapida non ha invece evidenziato la presenza, sul territorio nazionale, della **variante gamma (Figura 1C)**, della **variante eta** e della **variante zeta**.

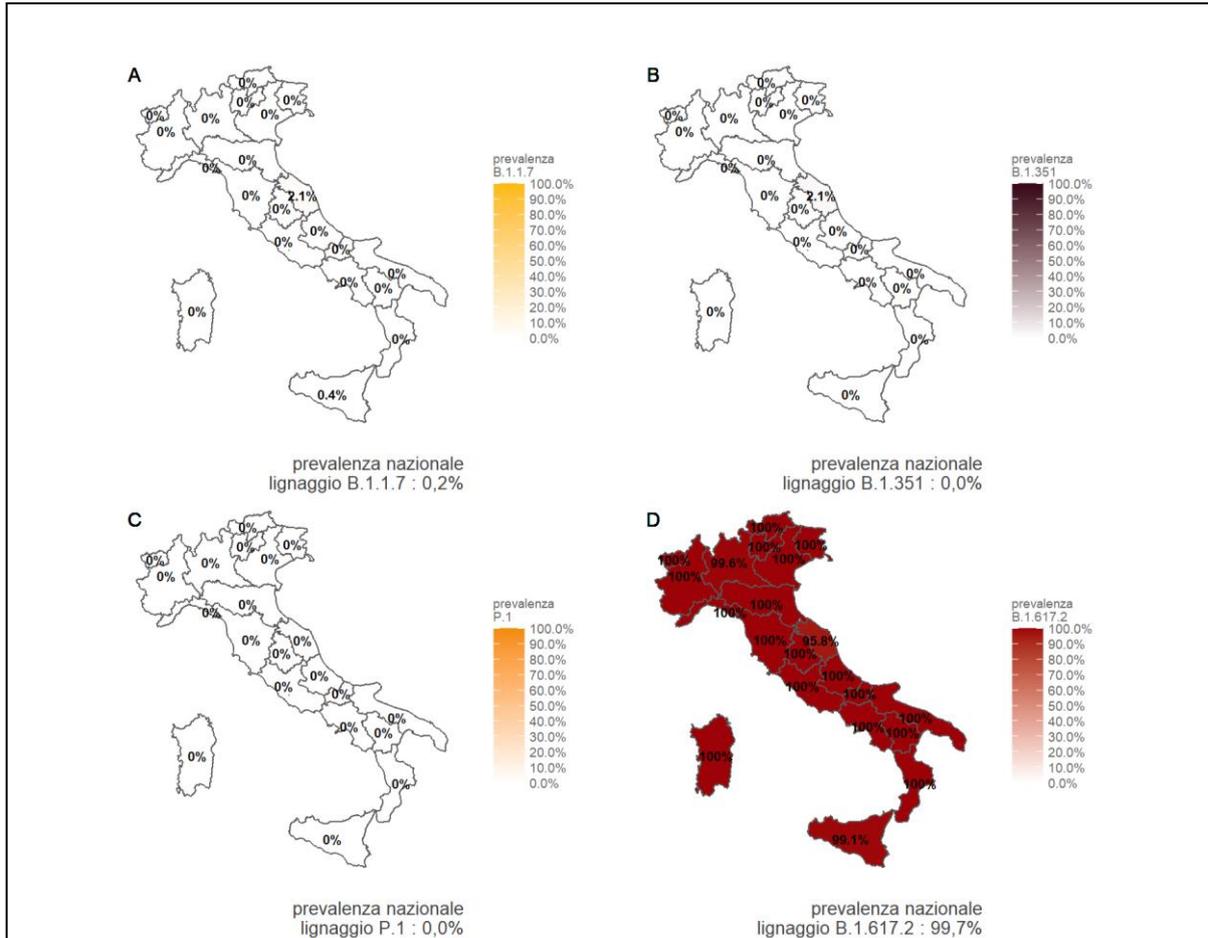


Figura 1 – Prevalenza della variante alfa – lignaggio B.1.1.7* (A), della variante beta – lignaggio B.1.351* (B), della variante gamma – lignaggio P.1* (C), della variante delta – lignaggio B.1.617.2* (D) in Italia, indagine rapida del 24 agosto 2021.

*Include tutti i sotto-lignaggi, come da documento ECDC del 9 settembre 2021, consultabile al link: <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>

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 **13 settembre 2021**, sono stati segnalati al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 un totale di **57.224** casi di infezione da SARS-CoV-2 con genotipizzazione su un totale di 2.518.811 casi notificati (pari al 2,3%).

Con un totale di 8.255 casi genotipizzati/sequenziati, segnalati al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 negli ultimi 45 giorni (31 luglio – 13 settembre 2021), in Italia rimane stabile la capacità di genotipizzare/sequenziare rispetto al periodo precedente (8.300 casi nel periodo 17 luglio – 30 agosto 2021).

Analizzando i dati per mese, si rileva come nel mese di luglio 2021 risulta essere stato genotipizzato/sequenziato il 12,5% (n = 12.224) dei tamponi effettuati su tutti i casi di infezione confermata da SARS-CoV-2 riportati al sistema di sorveglianza integrata COVID-19, mentre nel mese di agosto il 4% (n = 7.627). Il non completo consolidamento dei dati del mese di agosto rende tale dato ancora provvisorio.

In **Figura 2** sono riportati il 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 una genotipizzazione, nel periodo 28 dicembre 2020 – 13 settembre 2021. I dati delle ultime settimane, contrassegnati dal riquadro grigio, sono parziali e, quindi, non devono essere interpretati come definitivi.

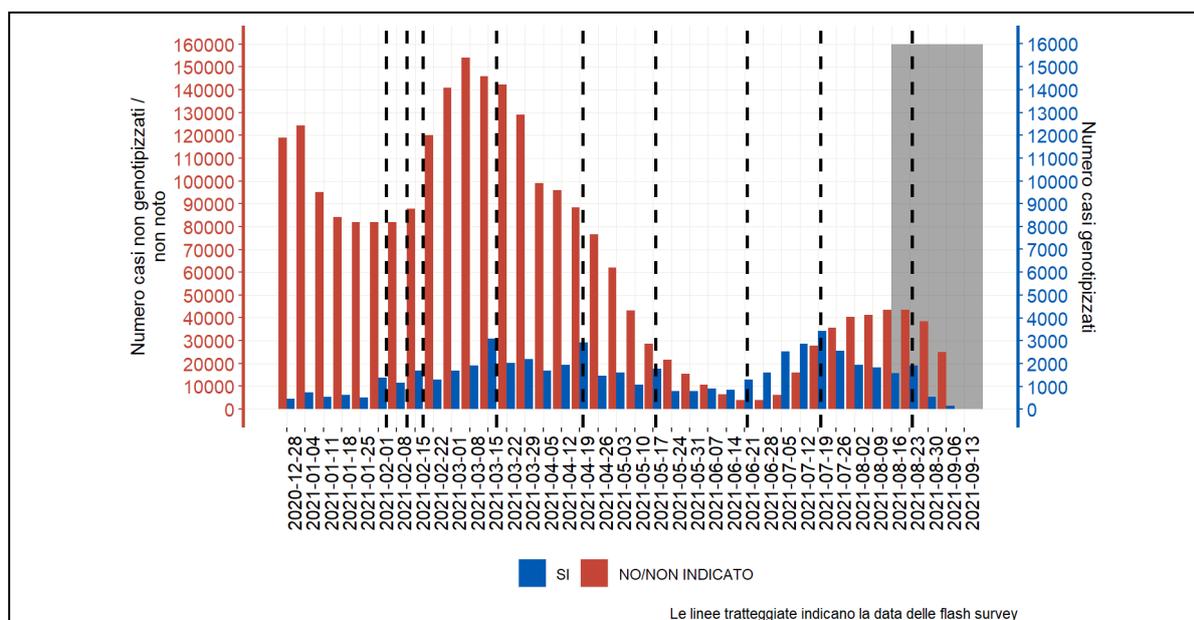


Figura 2 – Numero di casi di infezione confermata da SARS-CoV-2, riportati al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19, per settimana di prelievo/diagnosi per cui sia stata effettuata (blu) o meno (rosso) una genotipizzazione, 28 dicembre 2020 – 13 settembre 2021. Il box grigio indica che i dati relativi all'ultimo mese sono ancora incompleti e non consolidati.

Frequenza e diffusione delle varianti di interesse sanitario in Italia

Come già osservato nei precedenti bollettini, dal 28 dicembre 2020, nella maggior parte dei casi sequenziati/genotipizzati (48,0%) è stata individuata la **variante alfa**; negli ultimi 45 giorni (31 luglio – 13 settembre 2021) si continua invece ad osservare una predominanza della **variante delta** (**Tabella 1**). In questo intervallo temporale, infatti, tale variante è stata individuata nell'87,7% (n=7.241) dei casi riportati al Sistema di Sorveglianza Integrata.

Tabella 1 - Frequenza di genotipizzazione/sequenziamento per variante di SARS-CoV-2, Italia, dati cumulativi (periodo 28 dicembre 2020 – 13 settembre 2021) e relativi agli ultimi 45 giorni (31 luglio – 13 settembre 2021).

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Numero casi (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero casi (ultimi 45 gg)**	% (ultimi 45 gg)**
Alfa	B.1.1.7	27.493	48,0%	35	0,4%
	B.1.1.7 + E484K	74	0,1%	1	<0,1%
Beta ^a	B.1.351	286	0,5%	1	<0,1%
Gamma ^b	P.1	2.829	4,9%	7	0,1%
Delta ^c	B.1.617.2	19.215	33,6%	7.241	87,7%
Eta	B.1.525	447	0,8%	0	0,0%
Kappa	B.1.617.1	292	0,5%	103	1,2%
ND ^d	B.1.617.3	33	0,1%	25	0,3%
ND ^{d,e}	P.2	5	<0,1%	0	0,0%
	Altro lignaggio /non indicato ^f	6.550	11,4%	842	10,2%
Totale		57.224	100%	8.255	100%

* periodo 28 dicembre 2020 – 13 settembre 2021; ** periodo 31 luglio – 13 settembre 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 3**, nel periodo in esame, coerentemente con quanto mostrato dall'ultima indagine rapida del 24 agosto e dal precedente rapporto del **3 settembre 2021** ([raggiungibile al seguente indirizzo](#)), le **varianti delta** è la più frequentemente riportate 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.

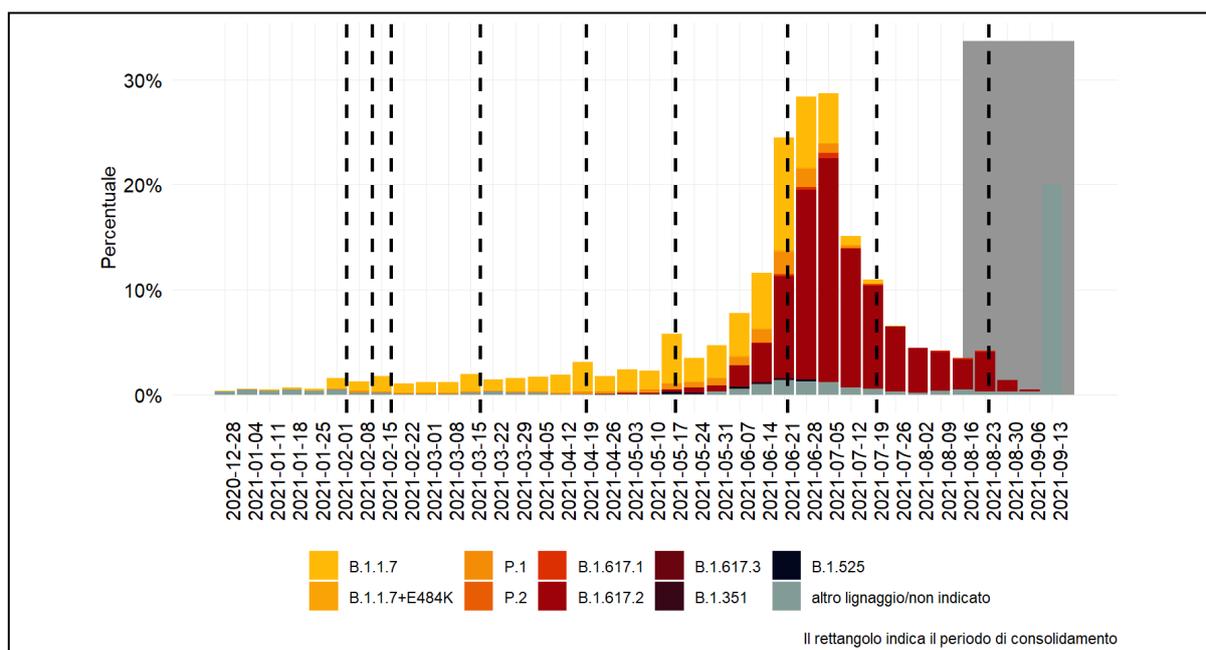


Figura 3 – Percentuale di casi di infezione da SARS-CoV-2 genotipizzati e indicati per lignaggio, 28 dicembre 2020 – 13 settembre 2021.

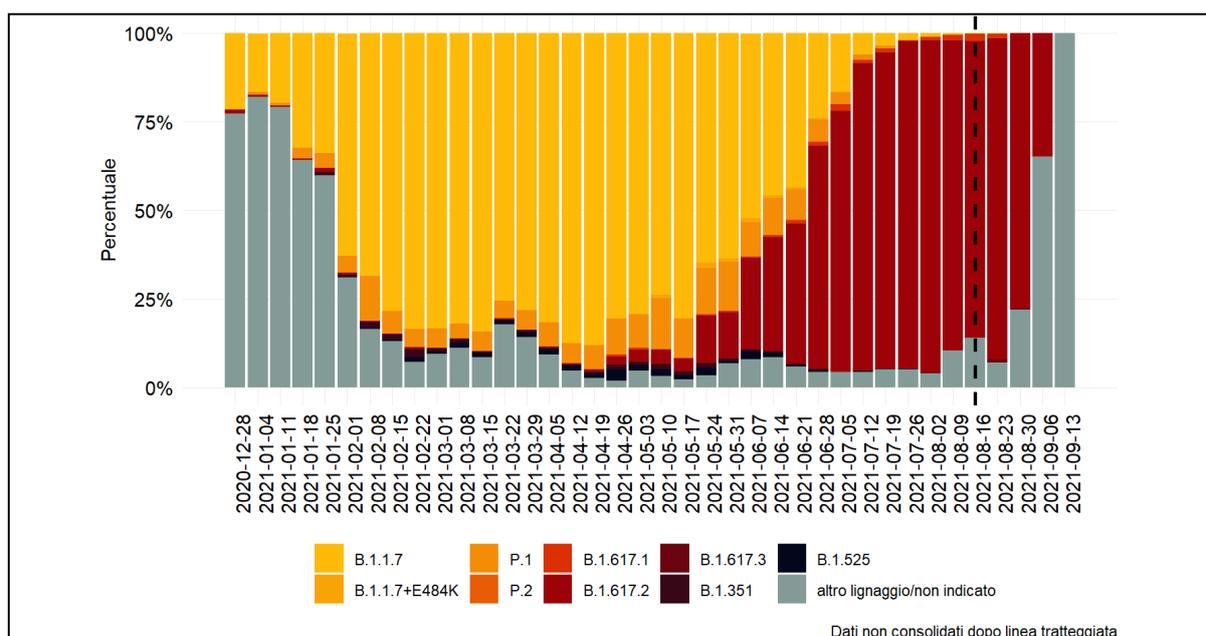


Figura 4 - Distribuzione percentuale delle varianti monitorate nella Sorveglianza Integrata COVID-19 per settimana. Italia, 28 dicembre 2020 – 13 settembre 2021.

La **Figura 4** 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** e, contestualmente, una sempre più rapida riduzione della proporzione di casi attribuibili alla **variante alfa** e **gamma** e di altre varianti classificate come VOI (vedi Nota di Lettura). Oltre a ciò, nell'ultimo periodo si continua ad osservare in leggero aumento la **variante kappa**.

La percentuale, sul totale di genotipizzazioni, di casi riconducibili alla **variante delta**, presente nel Sistema di Sorveglianza Integrata è aumentata rapidamente dal mese di maggio 2021 (5,2%) al mese di giugno (84,2%); da allora tale percentuale è rimasta più o meno costante e pari all' 88,9% nel mese di agosto e 62,5% nel mese di settembre. Questi dati sono però da considerarsi ancora in fase di consolidamento, per la presenza di casi con genotipizzazione ancora in corso, e pertanto non ancora completi.

La **Figura 5** mostra la distribuzione geografica delle 3 varianti individuate dall'OMS come **VOC** (Variants of Concern): **alfa**, declassificata nell'ultimo periodo dall'ECDC (vedi Note di Lettura), **beta**, **gamma**, **delta**. 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: 16 giugno – 30 luglio 2021 e 31 luglio – 13 settembre 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 Molise, Piemonte, Campania, Marche e Toscana, 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.

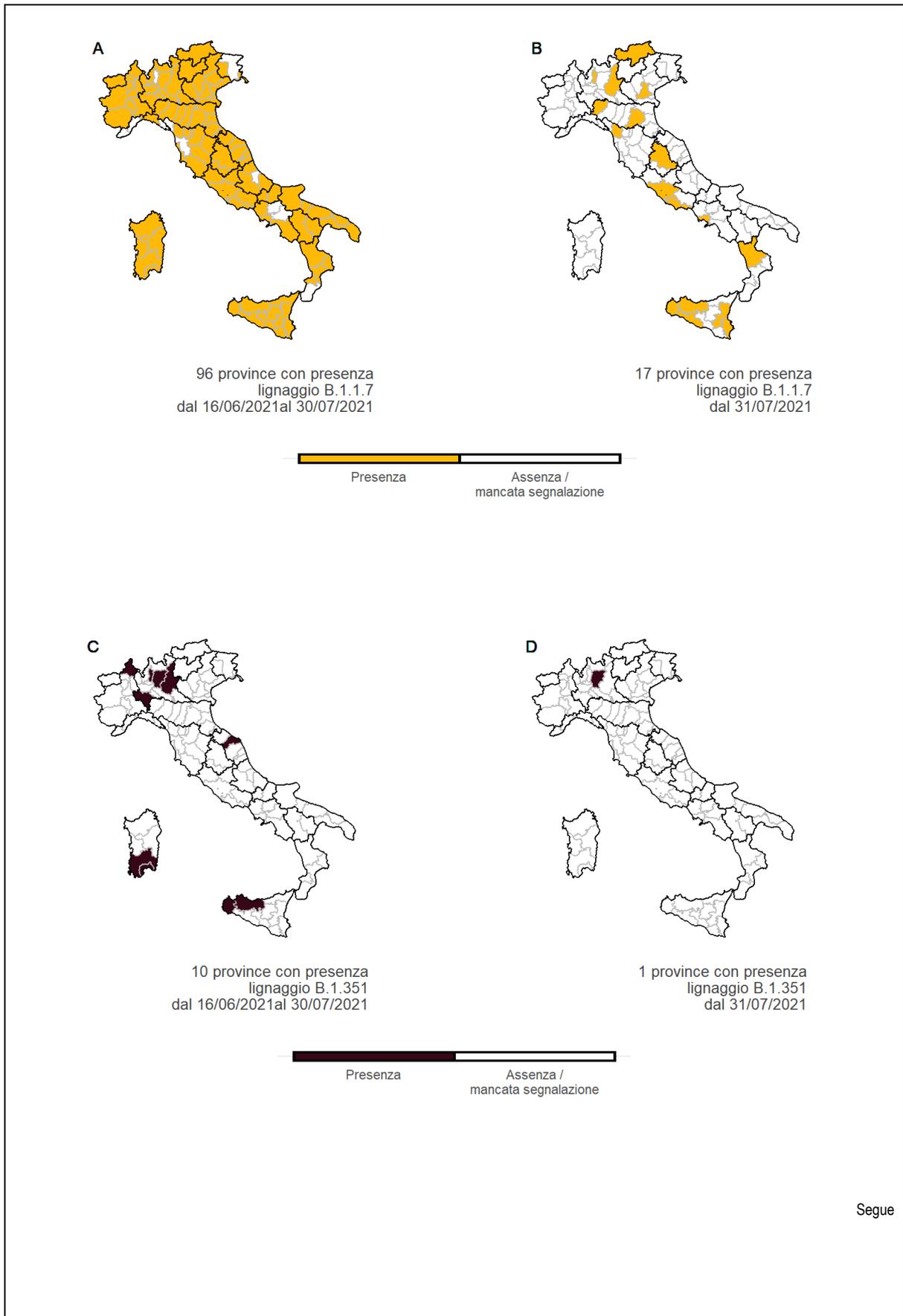
Appare evidente come anche a livello territoriale, e non solo frequenziale, nell'ultimo periodo si siano osservati sempre meno casi riconducibili alla **variante alfa**. Nel primo periodo preso in esame (16 giugno – 30 luglio 2021) (**Figura 5A**) 96 province italiane, localizzate in tutte le Regioni/PPAA, riportavano almeno un caso di variante alfa, nei 45 giorni successivi (31 luglio – 13 settembre 2021) (**Figura 5B**) casi legati a questa variante sono stati individuati in appena 17 province.

Discorso analogo può essere fatto per le varianti **beta** e **gamma** che risultano, specialmente negli ultimi 45 giorni, localizzate in limitate aree territoriali (**Figure 5D** e **5F**).

A differenza delle altre **VOC**, la **variante delta** risulta invece essere costante non solo in termini di frequenza assoluta ma anche in termini di presenza territoriale. È possibile infatti osservare come, negli ultimi 45 giorni, è stato segnalato almeno un caso di tale variante in 82 province, (**Figura 5H**). Tale situazione è in linea con quanto osservato nei 45 giorni precedenti (16 giugno – 30 luglio 2021), quando la variante delta è stata segnalata in 102 province italiane (**Figura 5G**).

Negli ultimi 45 giorni (dal 31 luglio al 13 settembre 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 5,0% delle infezioni associate alla **variante delta** e l'8,6% di quelle associate alla **variante alfa** 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**).



Segue

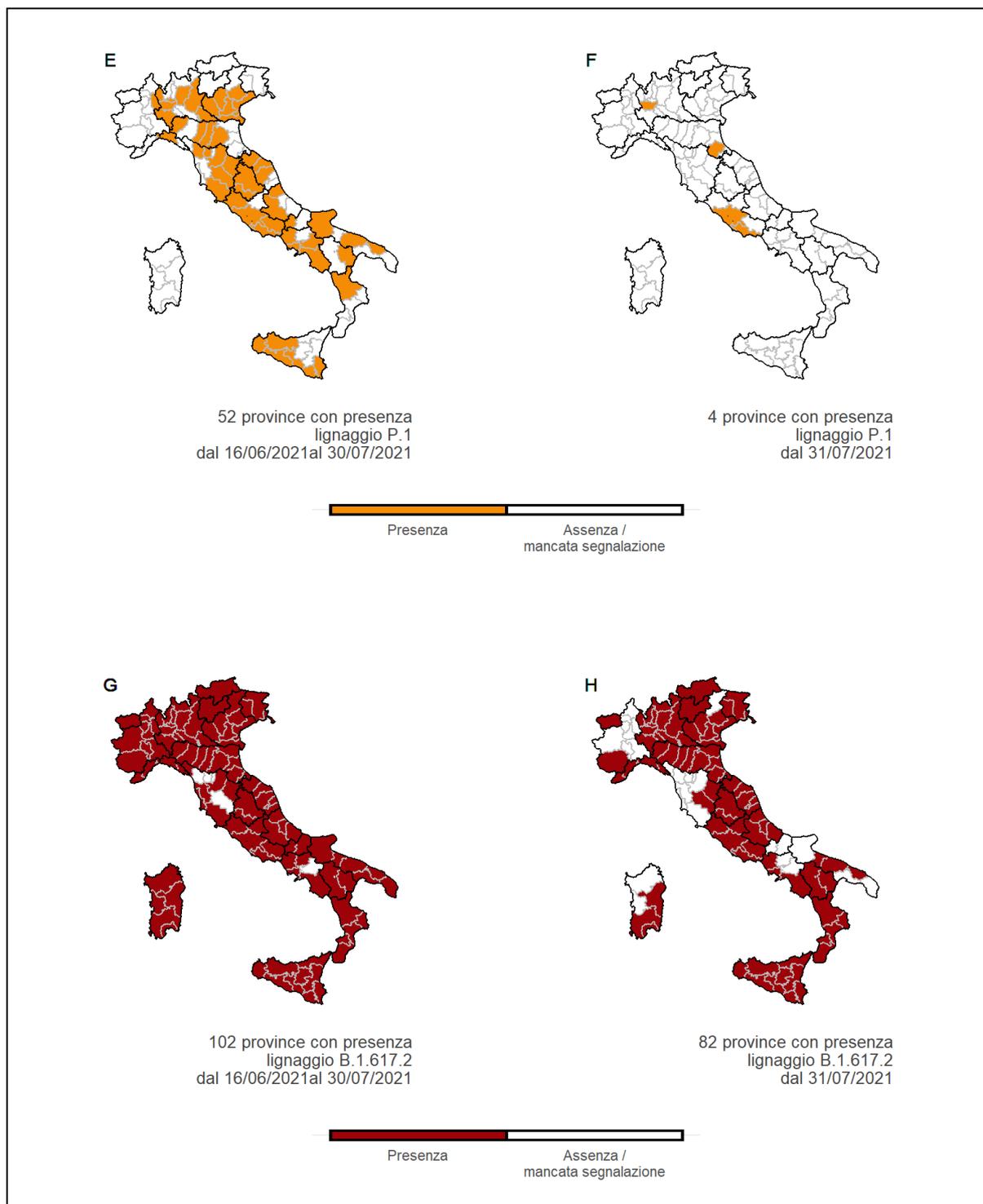


Figura 5 – Province italiane in cui è stato segnalato almeno un caso di infezione da SARS-CoV-2 causato dalla variante alfa (lignaggio B.1.1.7) (A - B), dalla variante beta (lignaggio B.1.351^a) (C - D), dalla variante gamma (lignaggio P.1^b) (E - F), dalla variante delta (lignaggio B.1.617.2^c) (G - H); Italia, 16 giugno - 30 luglio 2021, 31 luglio 2021 - 13 settembre 2021.

a: la variante beta include nel sistema di sorveglianza integrata i sottolignaggi B.1.351.2, B.1.351.3

b: la variante gamma include nel sistema di sorveglianza integrata i sottolignaggi P.1.1, P.1.2

c: la variante delta include nel sistema di sorveglianza integrata i sottolignaggi AY.1, AY.2, AY.3

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 – 13 settembre 2021, 31 luglio - 13 settembre 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	27.243	99,1	250	0,9	32	91,4	3	8,6
	B.1.1.7 + E484K	74	100	0	0	1	100	0	0
Beta ^a	B.1.351	275	96,2	11	3,8	1	100	0	0
Gamma ^b	P.1	2.795	98,8	34	1,2	5	71,4	2	28,6
Delta ^c	B.1.617.2	18.021	93,8	1.194	6,2	6.880	95	361	5
Eta	B.1.525	365	81,7	82	18,3	0	0	0	0
Kappa	B.1.617.1	290	99,3	2	0,7	103	100	0	0
ND ^d	B.1.617.3	28	84,8	5	15,2	20	80	5	20
ND ^{d,e}	P.2	5	100	0	0	0	0	0	0
	Altro lignaggio/non indicato ^f	6.373	97,3	177	2,7	822	97,6	20	2,4

* periodo 28 dicembre 2020 – 13 settembre 2021; ** periodo 31 luglio – 13 settembre 2021

a: la variante beta include nel sistema di sorveglianza integrata i sottolignaggi B.1.351.2, B.1.351.3

b: la variante gamma include nel sistema di sorveglianza integrata i sottolignaggi P.1.1, P.1.2.

c: la variante delta include nel sistema di sorveglianza integrata 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 – 13 settembre 2021, 31 luglio - 13 settembre 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	13.735	49,5	13.758	46,6	20	0,5	15	0,4
	B.1.1.7 + E484K	36	0,1	38	0,1	1	<0,1	0	0
Beta ^a	B.1.351	134	0,5	152	0,5	0	0	1	<0,1
Gamma ^b	P.1	1.386	5,0	1.443	4,9	1	<0,1	6	0,1
Delta ^c	B.1.617.2	8.893	32,1	10.322	35,0	3.506	87,4	3.735	88
Eta	B.1.525	175	0,6	272	0,9	0	0	0	0
Kappa	B.1.617.1	140	0,5	152	0,5	60	1,5	43	1
ND ^d	B.1.617.3	21	0,1	12	<0,1	16	0,4	9	0,2
ND ^{d,e}	P.2	1	<0,1	4	<0,1	0	0	0	0
	Altro lignaggio/non indicato ^f	3.207	11,6	3.343	11,3	407	10,1	435	10,2
Totale		27.728	100	29.496	100	4.011	100	4.244	100

* periodo 28 dicembre 2020 – 13 settembre 2021; ** periodo 31 luglio – 13 settembre 2021

a: la variante beta include nel sistema di sorveglianza integrata i sottolignaggi B.1.351.2, B.1.351.3

b: la variante gamma include nel sistema di sorveglianza integrata i sottolignaggi P.1.1, P.1.2.

c: la variante delta include nel sistema di sorveglianza integrata 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 6**) evidenzia come in tutte le età siano più frequenti casi di infezione causati dalla **variante delta** di SARS-CoV-2. Si continua ad osservare una percentuale maggiore di casi di infezione da **variante kappa** nei soggetti di età superiore a 70 anni.

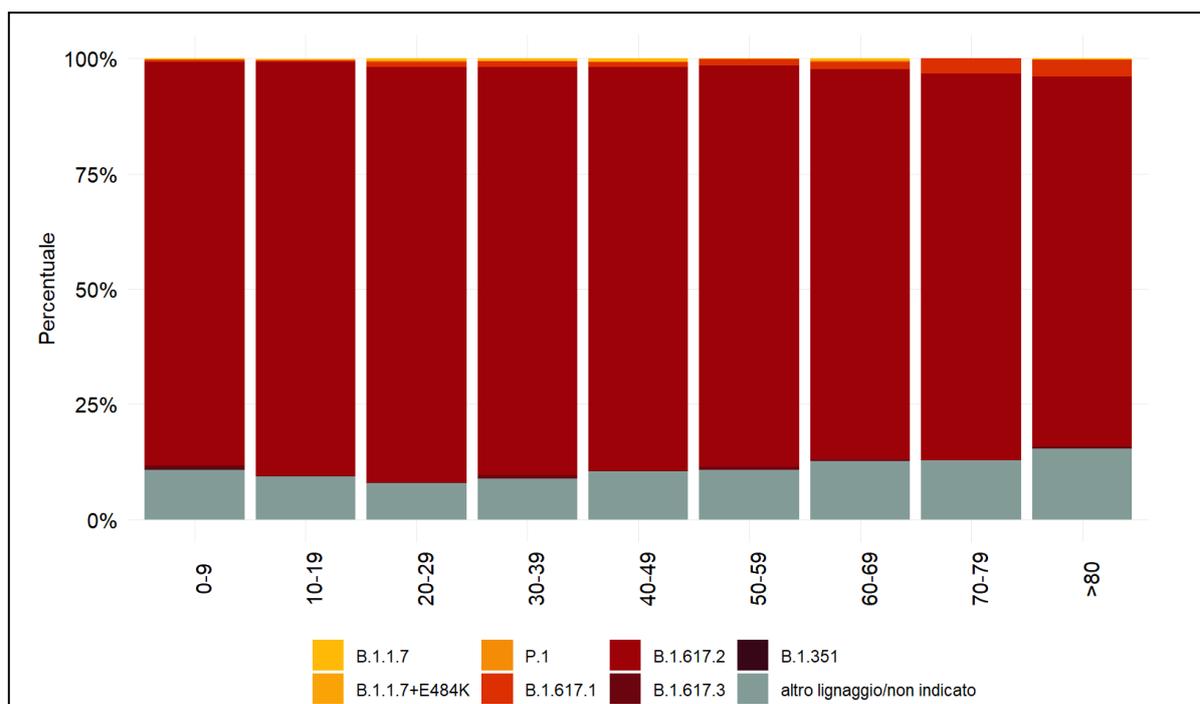


Figura 6 - Casi di infezione da SARS-CoV-2 causati da varianti di interesse sanitario, Italia, 31 luglio – 13 settembre 2021. Distribuzione per fascia di età e variante.

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>).

Alla data del 13 settembre 2021 risultano accreditati per il caricamento/analisi e visualizzazione dei dati nella piattaforma I-Co-Gen, 69 utenti da 62 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 13 settembre 2021 (data ultimo accesso alla piattaforma per la redazione del presente rapporto) sono **44.227** (Figura 7A, 7B).

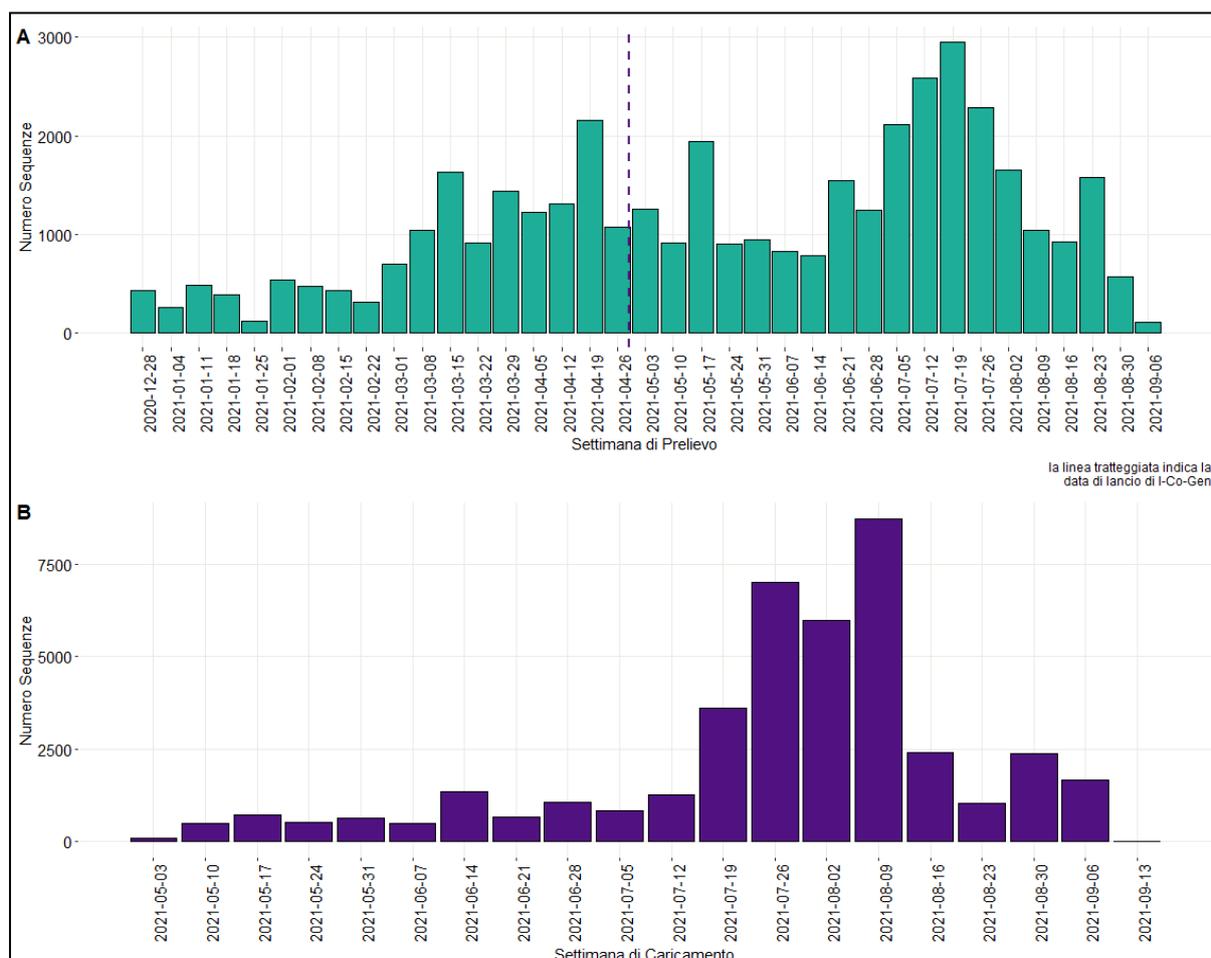


Figura 7 - Numero di sequenze depositate nella piattaforma I-Co-Gen per settimana di prelievo del campione, 28 dicembre 2020 – 13 settembre 2021 (A). Numero di sequenze depositate sulla piattaforma I-Co-Gen per data di caricamento, dall'inizio della raccolta nazionale (03 maggio 2021) alla data di estrazione dei dati (13 settembre 2021) (B).

L'assegnazione del lignaggio, legata alla qualità del dato caricato in piattaforma, è stata possibile per 38.883 sequenze su un totale di 41.174 sequenze ottenute tramite Next Generation Sequencing (NGS), da tamponi raccolti tra il 28 dicembre 2020 e il 13 settembre 2021.

Dal mese di luglio si è osservato un aumento della percentuale di sequenze appartenenti alla **variante delta** depositate sulla piattaforma I-Co-Gen (**Tabella 4**). Tale incremento appare ancora più evidente se si analizzano i dati relativi alle sequenze ottenute da tamponi effettuati negli ultimi 45 giorni. I sequenziamenti relativi a questo periodo in piattaforma sono 5.714, di cui **l'98,3%** (5.619) corrisponde a sequenze di SARS-CoV-2 appartenenti alla **variante delta**. In particolare i lignaggi ascrivibili alla variante delta maggiormente rappresentati negli ultimi 45 giorni sono in ordine B.1.617.2, la AY.4 ed AY.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 – 13 settembre 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	B.1.1.7	14.103	36,27	29	0,51
	B.1.1.7 + E484K	31	0,08	1	0,02
	Q.1	46	0,12	0	0,00
	Q.2	976	2,51	0	0,00
	Totale Alfa	15.156	38,98	39	0,53
Beta	B.1.351	52	0,13	1	0,02
	B.1.351.2	9	0,02	0	0,00
	B.1.351.3	39	0,10	0	0,00
	Totale Beta	100	0,26	1	0,02
Gamma	P.1	388	1,00	4	0,07
	P.1.1	1.150	2,96	6	0,11
	P.1.2	1	<0,00	0	0,00
	P.1.4	3	0,01	0	0,00
	P.1.7	290	0,75	0	0,00
	Totale Gamma	1.832	4,71	10	0,18
Delta	B.1.617.2	9778	25,15	3347	58,58
	AY.1	6	0,02	5	0,09
	AY.3	6	0,02	3	0,05
	AY.4	2.804	7,21	834	14,60
	AY.5	177	0,46	101	1,77
	AY.6	685	1,76	260	4,55
	AY.7	272	0,70	92	1,61
	AY.7.1	7	0,02	3	0,05
	AY.7.2	110	0,28	91	1,59
	AY.9	291	0,75	153	2,68
	AY.10	14	0,04	9	0,16
	AY.11	34	0,09	2	0,04
	AY.12	2.066	5,31	622	10,89
	AY.14	12	0,03	11	0,19
	AY.15	2	0,01	2	0,04
	AY.16	3	0,01	3	0,05
	AY.17	4	0,01	3	0,05
	AY.19	9	0,02	9	0,16
	AY.20	21	0,05	18	0,32

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Numero sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
	AY.21	4	0,01	3	0,05
	AY.22	1	0,00	1	0,02
	AY.23	26	0,07	26	0,46
	AY.24	8	0,02	2	0,04
	AY.25	25	0,06	19	0,33
	Totale Delta	16.365	42,09	5.619	98,34
Eta	B.1.525	381	0,98	1	0,02
Kappa	B.1.617.1	18	0,05	0	0,00
Lambda	C.37	14	0,04	1	0,02
	C.37.1	5	0,01	0	0,00
	Totale Lambda	19	0,05	1	0,02
ND^{a,b}	P.2	5	0,01	0	0,00
	Altri lignaggi	5.007	12,88	52	0,91
Totale		38.883	100	5.714	100

* periodo 28 dicembre 2020 – 13 settembre 2021; ** periodo 31 luglio – 13 settembre 2021

a: non disponibile

b: precedentemente “zeta”

Nel periodo considerato dal presente bollettino sono state identificate nella piattaforma I-Co-Gen otto sequenze assegnate alla variante Delta, che presentano la mutazione E484K. Queste sequenze sono state ottenute da campioni prelevati tra il 14 luglio e il 13 agosto 2021 in Lombardia (sette campioni) e in Piemonte (un campione). Alcuni campioni della Lombardia appartenevano ad un cluster di casi recentemente descritto in letteratura (doi: 10.3201/eid2712.211792). Sequenze del SARS-CoV-2 con le stesse caratteristiche sono presenti anche nel database internazionale GISAID (<https://www.gisaid.org/>). In totale 277 sequenze sono presenti in GISAID di cui 209 da diversi Paesi Europei.

In **Figura 8**, si evidenzia l'andamento delle VOC identificate nei campioni sequenziati e depositati nella piattaforma I-Co-Gen. Si osserva che la **variante alfa**, ha da sempre rappresentato la frazione principale dei sequenziamenti depositati (ad oggi ancora il 40,1% del totale). A partire dal mese di luglio, tuttavia, la **variante delta** è divenuta prevalente rispetto ad altre varianti. La **variante alfa** è ancora rilevata anche se in proporzione residuale, rappresentando lo 0,5% delle sequenze effettuate da tamponi prelevati negli ultimi 45 giorni (**Tabella 4**).

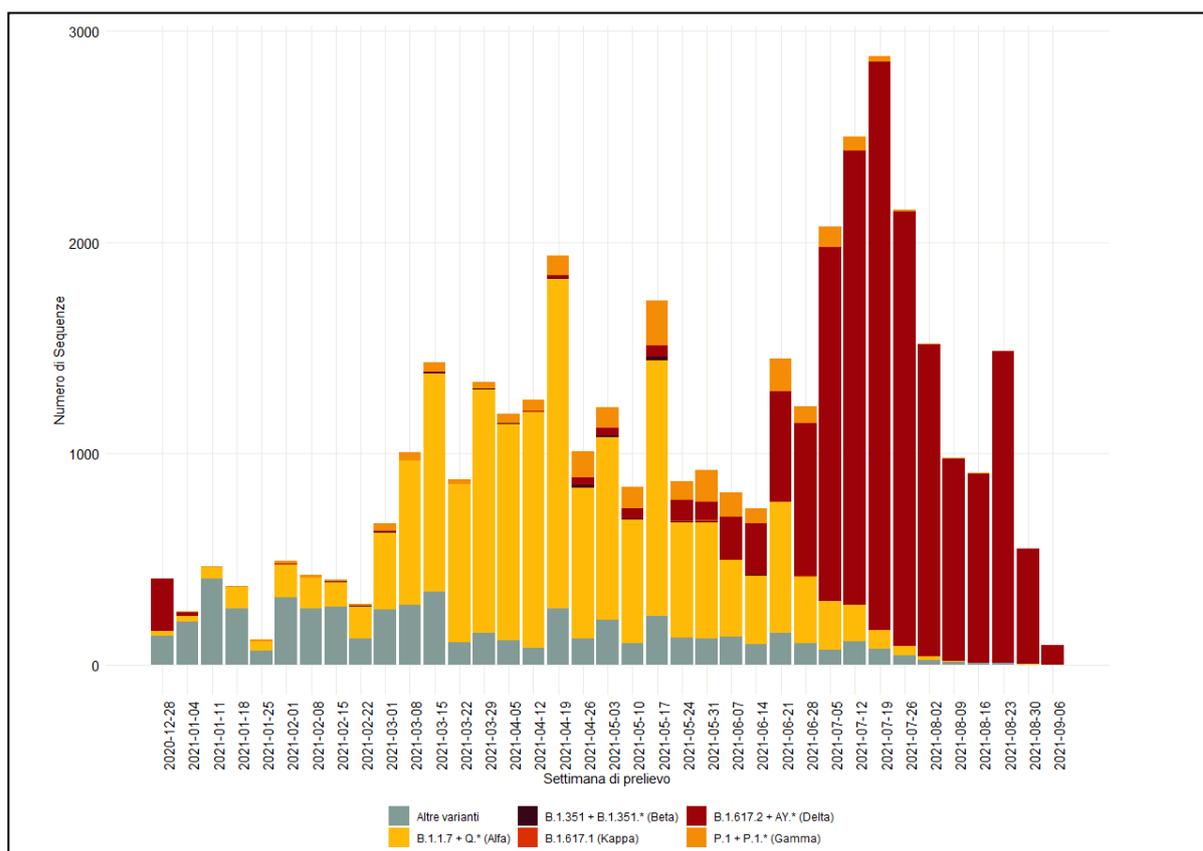


Figura 8 - Andamento delle principali VOC identificate mediante sequenziamento negli ultimi 6 mesi dal software della piattaforma I-Co-Gen, per settimana di campionamento (28 dicembre 2020 – 13 settembre 2021).

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 12,9% 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>). Anche in questo caso la progressiva diffusione della variante delta ha abbassato la loro relativa presenza fino allo 0,9% delle sequenze effettuate da tamponi prelevati negli ultimi 45 giorni (**Tabella 4**).

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 24 agosto 2021). Dati riferiti a campioni con data prelievo 28 dicembre 2020 – 13 settembre 2021 (dati cumulativi e ultimi 45 giorni).

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Monitoraggio	Numero sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
ND	A.2.5	ND	2	0,04	0	0,00
ND	A.2.5.2	ND	17	0,34	0	0,00
ND	A.21	ND	1	0,02	0	0,00
ND	A.23	ND	1	0,02	1	1,92
ND	A.23.1	DEESC	4	0,08	0	0,00
ND	A.27	DEESC	9	0,18	0	0,00
ND	A.28	DEESC	9	0,18	0	0,00
ND	A.29	ND	1	0,02	0	0,00
ND	A.6	ND	2	0,04	1	1,92
ND	AH.1	ND	2	0,04	0	0,00

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Monitoraggio	Numero sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
ND	AH.3	ND	3	0,06	0	0,00
ND	AZ.2	ND	17	0,34	2	3,85
ND	B.1.1	ND	86	1,72	4	7,69
ND	B.1.1.1	ND	6	0,12	0	0,00
ND	B.1.1.10	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.1.136	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.1.153	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.1.161	ND	6	0,12	0	0,00
ND	B.1.1.208	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.1.229	ND	5	0,10	0	0,00
ND	B.1.1.28	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.1.285	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.1.294	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.1.301	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.1.305	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.1.317	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.1.318	VUM	59	1,18	1	1,92
ND	B.1.1.33	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.1.351	ND	6	0,12	0	0,00
ND	B.1.1.353	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.1.355	ND	6	0,12	0	0,00
ND	B.1.1.371	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.1.372	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.1.379	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.1.39	ND	4	0,08	1	1,92
ND	B.1.1.398	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.1.420	ND	54	1,08	0	0,00
ND	B.1.1.519	DEESC	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.1.523	ND	7	0,14	0	0,00
ND	B.1.1.525	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.1.97	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.153	ND	12	0,24	2	3,85
ND	B.1.160	ND	156	3,12	0	0,00
ND	B.1.160.25	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.160.30	ND	3	0,06	0	0,00
ND	B.1.160.8	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.177	ND	980	19,57	0	0,00
ND	B.1.177.10	ND	12	0,24	0	0,00
ND	B.1.177.12	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.177.15	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.177.21	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.177.23	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.177.24	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.177.31	ND	2	0,04	0	0,00

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Monitoraggio	Numero sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
ND	B.1.177.33	ND	33	0,66	0	0,00
ND	B.1.177.35	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.177.4	ND	6	0,12	0	0,00
ND	B.1.177.43	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.177.51	ND	24	0,48	0	0,00
ND	B.1.177.52	ND	9	0,18	0	0,00
ND	B.1.177.53	ND	32	0,64	0	0,00
ND	B.1.177.57	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.177.62	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.177.65	ND	3	0,06	0	0,00
ND	B.1.177.7	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.177.72	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.177.75	ND	155	3,10	0	0,00
ND	B.1.177.77	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.177.81	ND	8	0,16	0	0,00
ND	B.1.177.83	ND	50	1,00	0	0,00
ND	B.1.177.86	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.177.87	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.177.88	ND	59	1,18	0	0,00
ND	B.1.2	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.214.2	DEESC	3	0,06	0	0,00
ND	B.1.221	ND	26	0,52	0	0,00
ND	B.1.222	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.236	ND	63	1,26	0	0,00
ND	B.1.240	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.241	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.258	ND	87	1,74	0	0,00
ND	B.1.258.14	ND	212	4,23	0	0,00
ND	B.1.258.17	ND	36	0,72	0	0,00
ND	B.1.258.3	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.258.4	ND	3	0,06	0	0,00
ND	B.1.311	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.350	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.36	ND	3	0,06	0	0,00
ND	B.1.36.1	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.367	ND	19	0,38	0	0,00
ND	B.1.389	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.398	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.402	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.411	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.416	ND	4	0,08	0	0,00
Epsilon	B.1.427	DEESC	1	0,02	0	0,00
Epsilon	B.1.429	DEESC	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.467	ND	1	0,02	0	0,00

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Monitoraggio	Numero sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
ND	B.1.499	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.517	ND	1	0,02	0	0,00
Iota	B.1.526	VUM	9	0,18	0	0,00
ND	B.1.540	ND	14	0,28	0	0,00
ND	B.1.551	ND	1	0,02	1	1,92
ND	B.1.566	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.575	ND	5	0,10	1	1,92
ND	B.1.575.1	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.575.2	ND	3	0,06	0	0,00
ND	B.1.604	ND	1	0,02	1	1,92
ND	B.1.619	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.620	VOI	63	1,26	0	0,00
Mu	B.1.621	VOI	61	1,22	1	1,92
Mu	B.1.621.1	VOI	18	0,36	0	0,00
ND	B.1.628	ND	4	0,08	2	3,85
ND	B.1.629	ND	13	0,26	0	0,00
ND	B.1.630	ND	3	0,06	0	0,00
ND	B.40	ND	61	1,22	1	1,92
ND	B.55	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.57	ND	1	0,02	0	0,00
ND	C.16	DEESC	2	0,04	0	0,00
ND	C.18	ND	27	0,54	0	0,00
ND	C.35	ND	2	0,04	0	0,00
ND	C.36 + L452R	VUM	6	0,12	0	0,00
ND	C.36	ND	7	0,14	0	0,00
ND	C.36.3 + L452R	VUM	247	4,93	0	0,00
ND	C.36.4	ND	3	0,06	0	0,00
ND	C.36.3.1 + L452R	VUM	2	0,04	0	0,00
ND	C.38	ND	15	0,30	0	0,00
ND	L.3	ND	1	0,02	0	0,00
ND	N.5	ND	2	0,04	0	0,00
Theta	P.3	DEESC	1	0,02	0	0,00
ND	R.1	ND	1	0,02	0	0,00
ND	W.4	ND	1	0,02	0	0,00
ND	Z.1	ND	1	0,02	0	0,00
ND	Altri§	ND	2.047	40,88	33	63,46
Totale			5.007	100	52	100

* periodo 28 dicembre 2020 – 13 settembre 2021; ** periodo 31 luglio – 13 settembre 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>); DEESC: de-escalated variant (variante ridimensionata, fonte: <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>)

§ sono incluse tutte le sequenze appartenenti ai lignaggi A, B o B.1.

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 lignaggi/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 2 settembre 2021):

Tabella 6 - Varianti preoccupanti per la Sanità Pubblica (Variant of Concern - VOC) – nella classificazione OMS

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

a: Il lignaggio B.1.1.7 include tutti i lignaggi Q

b: Il lignaggio B.1.617.2 include tutti i lignaggi AY

* la variante Alfa è stata recentemente declassificata dall'ECDC

Tabella 7 - Varianti di interesse per la Sanità Pubblica (Variant 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
Mu	B.1.621	GH	21H	Colombia, gennaio-2021	30-agosto-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 **13 settembre 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 del 2,3% dei campioni positivi rilevati ogni settimana.

La **Figura 2**, 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 **24 agosto 2021**). 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 – 13 settembre 2021**, varia da regione a regione (**Figura 9A**); si può notare però un sostanziale incremento su quasi tutto il territorio (**Figura 9B**) nel periodo più recente (**31 luglio 2021 – 13 settembre 2021**). Questo elemento deve essere considerato nella lettura delle mappe riportate in questo rapporto.

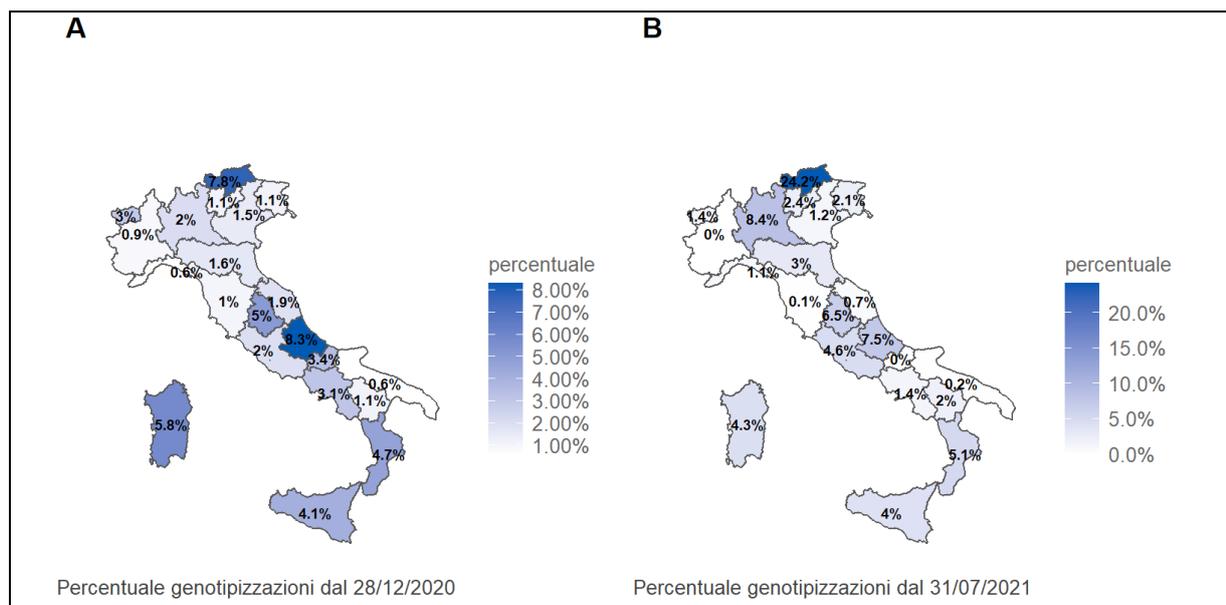


Figura 9 - Percentuale di casi di infezione confermata da SARS-CoV-2 in cui è stata realizzata una genotipizzazione riportata al **Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19** per Regione/PA nel periodo 28 dicembre 2020 – 13 settembre 2021 (A) e nel periodo 31 luglio 2021 – 13 settembre 2021 (B).

In **Tabella 8** sono riportati, per lo stesso periodo, i dati di genotipizzazione di alcune varianti estrapolate 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 – 13 settembre 2021; fonte GISAID (<https://www.gisaid.org/>, sottomissioni al 13 settembre 2021).

Nomenclatura	Lignaggio	Numero di sequenze	%
OMS			
Alfa	B.1.1.7	23.717	43,59%
	B.1.1.7 + E484K	26	0,05%
	Q.2	1.597	2,94%
Beta	B.1.351	68	0,12%
	B.1.351.3	41	0,08%
Gamma	P.1	608	1,12%
	P.1.1	1.963	3,61%
Delta	B.1.617.2	10.328	18,98%
	AY.4	1.865	3,43%
	AY.5	213	0,39%
	AY.6	92	0,17%
	AY.7.2	503	0,92%
	AY.9	388	0,71%
	AY.10	121	0,22%
	AY.12	337	0,62%
	AY.20	38	0,07%
	AY.21	296	0,54%
	AY.24	36	0,07%
	AY.25	39	0,07%
Eta	B.1.525	448	0,82%
Mu	B.1.621	66	0,12%
	Altro lignaggio	11.614	21,35%
Totale		54.404	100,00%

a: non disponibile

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

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, Valeria Micheli, 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 Malandrini, 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 Ospedale Amedeo di Savoia Centro di Riferimento Regionale per validazione e controllo di qualità SARS-CoV-2, 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; Tiziana Lazzarotto, 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, IRCCS 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; Gabriele Ibba, AMES Centro Polidiagnostico Strumentale S.r.l., Azienda Ospedaliero-Universitaria di Sassari, Sassari; Davide Cacchiarelli, Telethon Institute of Genetics and Medicine, Pozzuoli; Maria Teresa Fiorillo, Azienda Sanitaria Provinciale di Reggio Calabria, Reggio Calabria; Maurizio Sanguinetti, Istituto di Microbiologia e Virologia, Fondazione Policlinico Universitario A. Gemelli IRCCS, Roma.

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, 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 Filia, Matteo Spuri, Maria Fenicia Vescio, Corrado Di Benedetto, Marco Tallon, Luca De Sabato.