

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

Rapporto n. 6 del 6 agosto 2021

(dati aggiornati al 2 agosto 2021)

In evidenza

Rimane elevata in Italia la capacità di genotipizzare/sequenziare campioni clinici positivi per SARS-CoV-2. Si conferma maggiore del 5% il numero di tamponi relativi a nuovi casi di infezione confermata da virus SARS-CoV-2 riportati al sistema di sorveglianza integrata COVID-19 che sono stati genotipizzati/sequenziati anche nel **mese di luglio (6,6%)**, nonostante il forte aumento in numero assoluto di casi registrati su tutto il territorio nazionale e il consolidamento ancora non completo dei dati del mese.

- ✓ Negli **ultimi 45 giorni** (19 giugno – 2 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 7.739 rispetto ai 4.958 riportati nel periodo 5 giugno -19 luglio 2021. A causa degli attacchi informatici ai sistemi della Regione Lazio, i dati relativi a questa Regione sono da considerare parziali.
 - In questo periodo di riferimento, come evidenziato dalla più recente indagine rapida di prevalenza del 20 luglio 2021, il numero di segnalazioni di casi causati dalla **variante delta** (lignaggio B.1.617.2) in Italia ha superato quelli causati dalla **variante alfa** (lignaggio B.1.1.7). Nuovi casi di infezione causati dalla **variante delta** sono stati segnalati in tutte le Regioni/PPAA. Si osservano casi di infezione causati dalla variante delta in tutte le fasce di età, con una percentuale maggiore di casi in soggetti di età compresa tra i 10 ed i 29 anni.
 - La frequenza dei casi causati dalla **variante alfa** è in forte diminuzione, mentre rimane stabile la loro diffusione territoriale.
 - Anche la frequenza di casi causati dalla **variante gamma** (lignaggio P.1) del virus SARS-CoV-2 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 ed 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 21.000 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, è risultata pari al 2,09% nel mese di aprile, al 7,48% nel mese di maggio, al 40,15% nel mese di giugno, al **85,66% nel mese di luglio (dati al 2 agosto 2021)** con un andamento settimanale in crescita nello stesso mese.
 - **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, il 3,74% è rappresentato da VUM (Variant under Monitoring – lignaggi: B.1.1.318 e C.16), mentre il 13,26% da VOI (Variant of Interest – lignaggi: B.1.621, C.37 cosiddetta variante lambda, B.1.620 e P.3).
 - Dalla data del precedente bollettino (19 luglio 2021), non sono state sottomesse ad I-Co-Gen altre sequenze di lignaggio AY.1 (nomenclatura OMS: variante Delta e classificata "of concern").

In conclusione:

- ✓ La **variante delta** di 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 un potenziale capacità di evadere la risposta del sistema immunitario.

Sommario

1. Stima di prevalenza delle varianti del virus SARS-CoV-2 di interesse per la sanità pubblica in Italia dalla più recente "indagine rapida"	3
2. 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
3. Piattaforma per la sorveglianza genomica delle varianti di SARS-CoV-2	12
4. Note di lettura	19

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 – 2 agosto 2021, con approfondimenti per il periodo 19 giugno – 2 agosto 2021**) e dalla piattaforma open-source **I-Co-Gen (Italian COVID-19 Genomic)**, sviluppata dall'ISS ed attiva dal **29 aprile 2021**.

1. 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 (**20/7/2021**, [disponibile online sul sito dell'Istituto Superiore di Sanità](#)), la prevalenza in Italia di nuovi casi di infezione da SARS-CoV-2 **variante delta** (lignaggio B.1.617.2) è passata dal 22,7% (range: 0%-70.6%), stimato nell'indagine rapida precedente (22 giugno 2021), al 94,8% (range regionale: 80,0%-100%) (**Figura 1 D**).

La prevalenza di casi di infezione da SARS-CoV-2 **variante alfa** (lignaggio B.1.1.7) è in forte diminuzione, passando da una prevalenza stimata del 57,8% (range: 16.7%-100%) nell'ultima indagine rapida (22 giugno 2021) al 3,2% (range regionale: 0,0% - 14,7%) (**Figura 1 A**) con valori più elevati nelle Regioni Puglia (14,7%) e Abruzzo (10,7%).

La **variante gamma** (lignaggio P.1) ha una prevalenza pari all'1,4% (range regionale: 0,0% - 16,7%) (**Figura 1 C**), complessivamente in netta diminuzione rispetto all'indagine rapida precedente (11,8% con range regionale: 0,0%-37.5%, indagine del 22 giugno 2021). Vengono segnalati valori di prevalenza più elevati (16,7%) nella Regione Calabria.

L'indagine rapida non ha invece evidenziato la presenza, sul territorio nazionale, della **variante beta** (lignaggio B.1.351) (**Figura 1 B**), della **variante eta** (lignaggio B.1.525) e della **variante zeta** (lignaggio P.2).

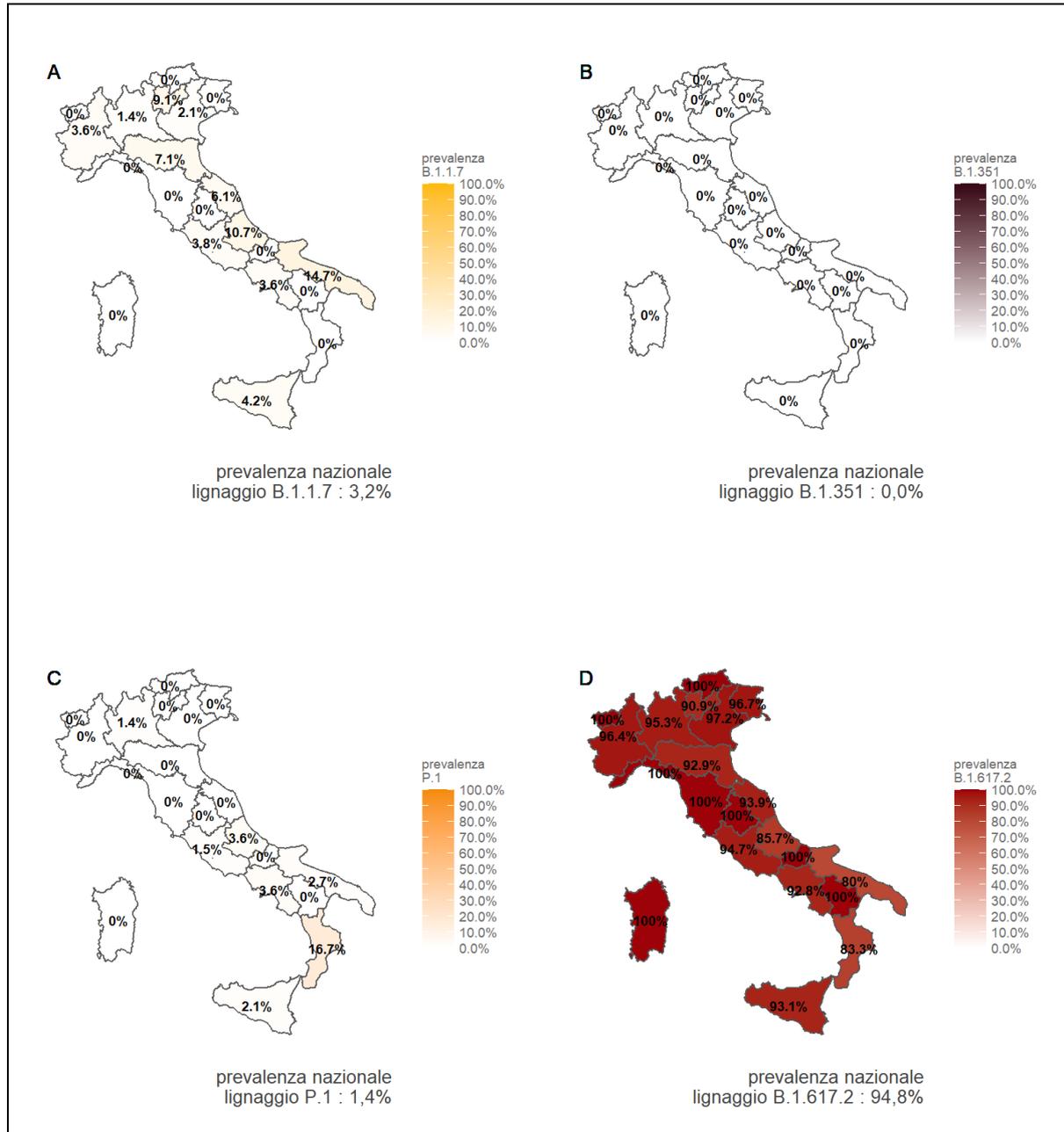


Figura 1 – Prevalenza della variante alfa - lignaggio B.1.1.7 (A), della variante beta - lignaggio B.1.351 (B), della variante gamma - lignaggio P.1 (C), della variante delta - lignaggio B.1.617.2 (D) in Italia, indagine rapida del 20 luglio 2021.

2. 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 **2 agosto 2021**, sono stati segnalati al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 un totale di **42.138** casi di infezione da SARS-CoV-2 con genotipizzazione su un totale di 2.266.119 casi notificati (pari a 1,9%). Nel mese di luglio 2021 risultano essere stati genotipizzati/sequenziati il 6,6% dei tamponi effettuati su tutti i casi di infezione confermata da virus SARS-CoV-2 riportati al sistema di sorveglianza integrata COVID-19, con un picco del 22,6% nella settimana dal 5 luglio all'11 luglio 2021. Il non completo consolidamento dei dati del mese di luglio, rende tale dato ancora provvisorio.

La diminuzione nella percentuale di tamponi genotipizzati/sequenziati rispetto al mese di giugno*, a causa del forte aumento nel numero assoluto di casi diagnosticati sul territorio nazionale nel mese di luglio, sottende in realtà un aumento nel numero assoluto di genotipizzazioni/sequenziamenti effettuati.

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), tenuto conto dalle indagini rapide di stima di prevalenza (flash surveys; indagine più recente del **20 luglio 2021**) condotte su una percentuale stabilita di campioni prelevati in uno stesso giorno in tutte le Regioni/PPAA (**Figura 2**).

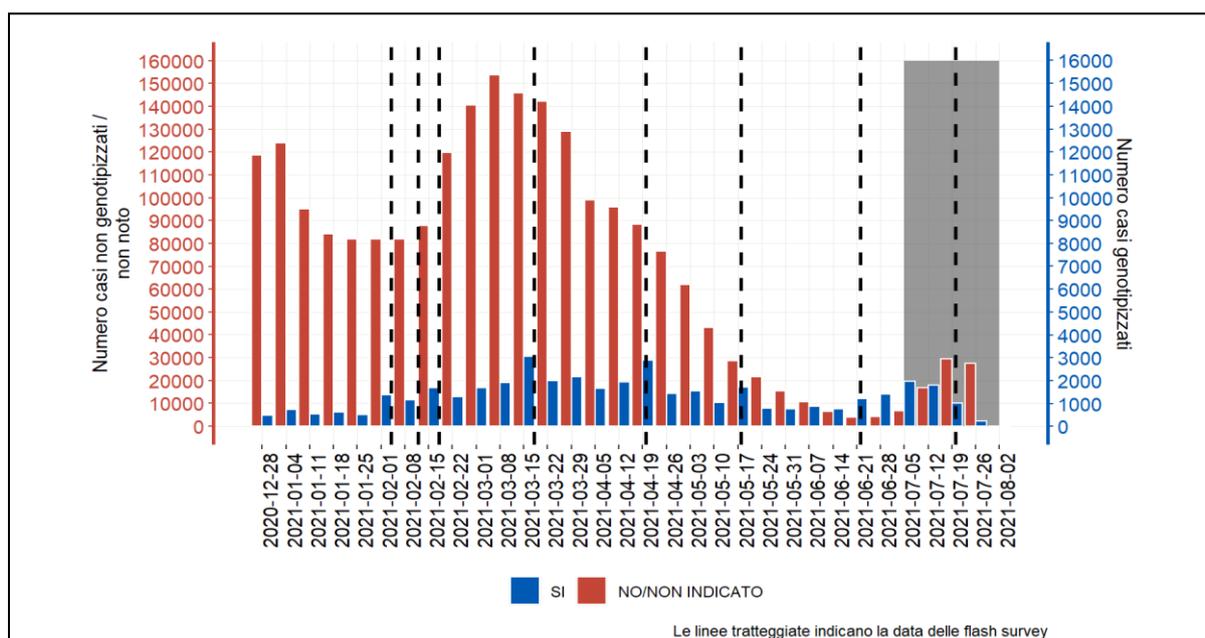


Figura 2 – Numero di casi di infezione confermata da SARS-CoV-2, riportati al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19, per settimana di prelievo/diagnosi per cui sia stata effettuata (blu) o meno (rosso) una genotipizzazione, 28 dicembre 2020 – 2 agosto 2021.

Seppur con oscillazioni settimanali, e al netto dei picchi di genotipizzazione/sequenziamento in coincidenza delle indagini di prevalenza, si osserva una **costanza della capacità di genotipizzare/sequenziare in Italia** con un ulteriore aumento nel numero di genotipizzazioni riportate

* Nel mese di giugno 2021 la percentuale di genotipizzazione/sequenziamento è stata pari al 9,3%

a partire dal mese di giugno 2021. I dati delle ultime settimane, contrassegnati dal riquadro grigio, sono parziali e, quindi, non devono essere interpretati come definitivi.

Frequenza e diffusione delle varianti di interesse sanitario in Italia

Se complessivamente, da dicembre 2020, nella maggior parte dei casi sequenziati/genotipizzati (63,5%) è stata individuata la **variante alfa** (lignaggio B.1.1.7), (**Tabella 1**), questa tendenza non viene confermata negli ultimi 45 giorni (19 giugno – 2 agosto 2021).

Nel periodo più recente, 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=5.356, 69,2%) ha superato quelli causati dalla **variante alfa**.

Tabella 1 - Frequenza di genotipizzazione/sequenziamento per variante di SARS-CoV-2, Italia, dati cumulativi (periodo 28 dicembre 2020 – 2 agosto 2021) e relativi agli ultimi 45 giorni (19 giugno – 2 agosto 2021).

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Numero di casi (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero di casi (ultimi 45 gg)**	% (ultimi 45 gg)**
Alfa	B.1.1.7	26.738	63,5	1.340	17,3
	B.1.1.7 + E484K	69	0,2	19	0,2
Beta	B.1.351	278	0,7	9	0,1
Gamma	P.1	2.704 ^b	6,4	305	3,9
Delta	B.1.617.2 ^c	6.216	14,8	5.356	69,2
Eta	B.1.525	419	1,0	20	0,3
Kappa	B.1.617.1 ^c	155	0,4	121	1,6
ND ^a	B.1.617.3 ^c	2	<0,1	1	<0,1
ND ^{a,d}	P.2	5	<0,1	2	<0,1
Kappa/Delta	B.1.617.1/2 ^e	56	0,1	21	0,3
	Altro lignaggio /non indicato ^f	5.496	13	545	7
Totale		42.138	100	7.739	100

* periodo 28 dicembre 2020 – 2 agosto 2021

** periodo 19 giugno – 2 agosto 2021

a: Nomenclatura OMS non ancora disponibile.

b: i casi P.1 segnalati al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 includono anche i casi recentemente riclassificati come P.1.1.

c: casi segnalati al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 separatamente per B.1.617.1 e B.1.617.2.

d: precedentemente "zeta"

e: si intendono i sotto-lignaggi B.1.617.1 e B.1.617.2 che non sono stati ulteriormente specificati.

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 dalle indagini di prevalenza, 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.

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** (lignaggio B.1.617.2) e, contestualmente, una rapida riduzione della proporzione di casi attribuibili alla **variante alfa** (lignaggio B.1.1.7).

La percentuale, sul totale di genotipizzazioni, di casi riconducibili alla **variante delta** (lignaggio B.1.617.2), è risultata pari al 5,2% nel mese di maggio 2021, ha raggiunto quota 33% nel mese di giugno e 77,7% nel mese di luglio 2021, sebbene i dati relativi a quest'ultimo mese siano ancora in fase di consolidamento.

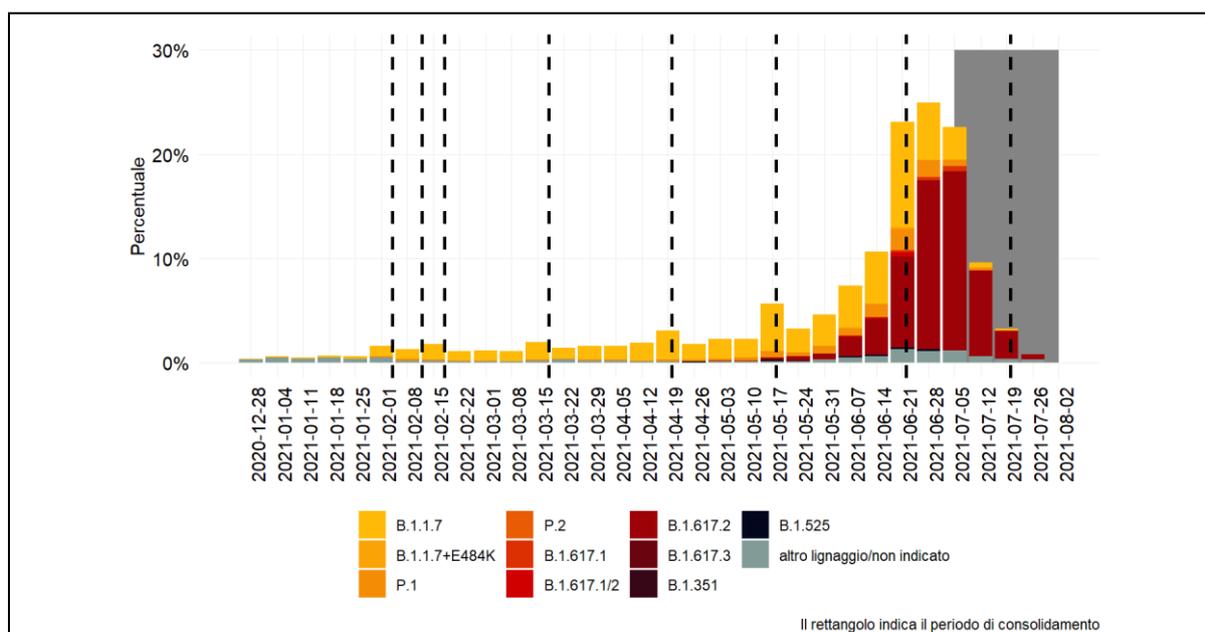


Figura 3 – Percentuale di casi di infezione da SARS-CoV-2 genotipizzati e indicati per lignaggio, 28 dicembre 2020 – 2 agosto 2021.

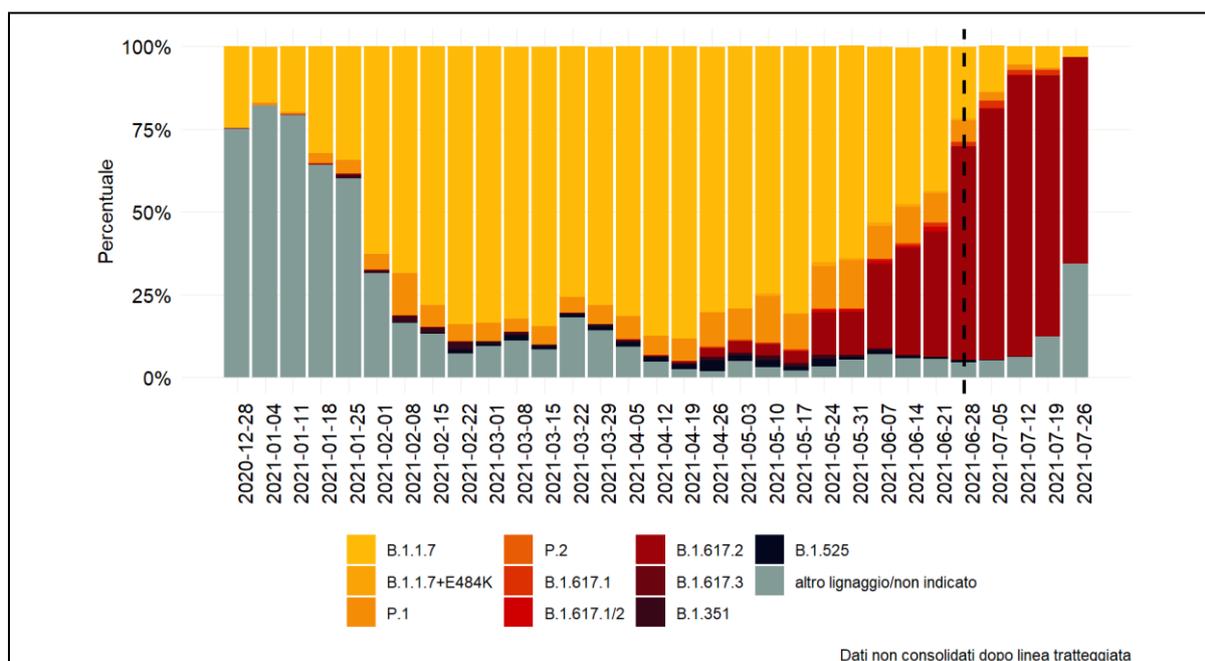
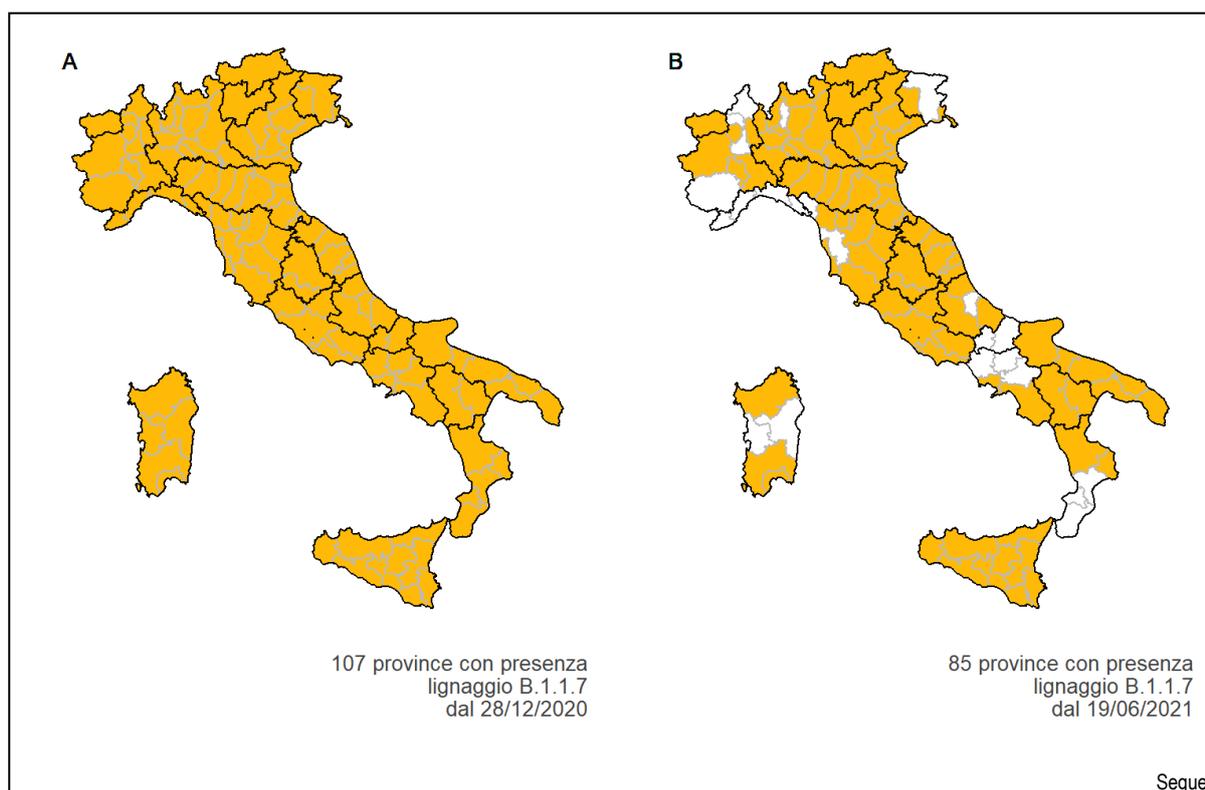
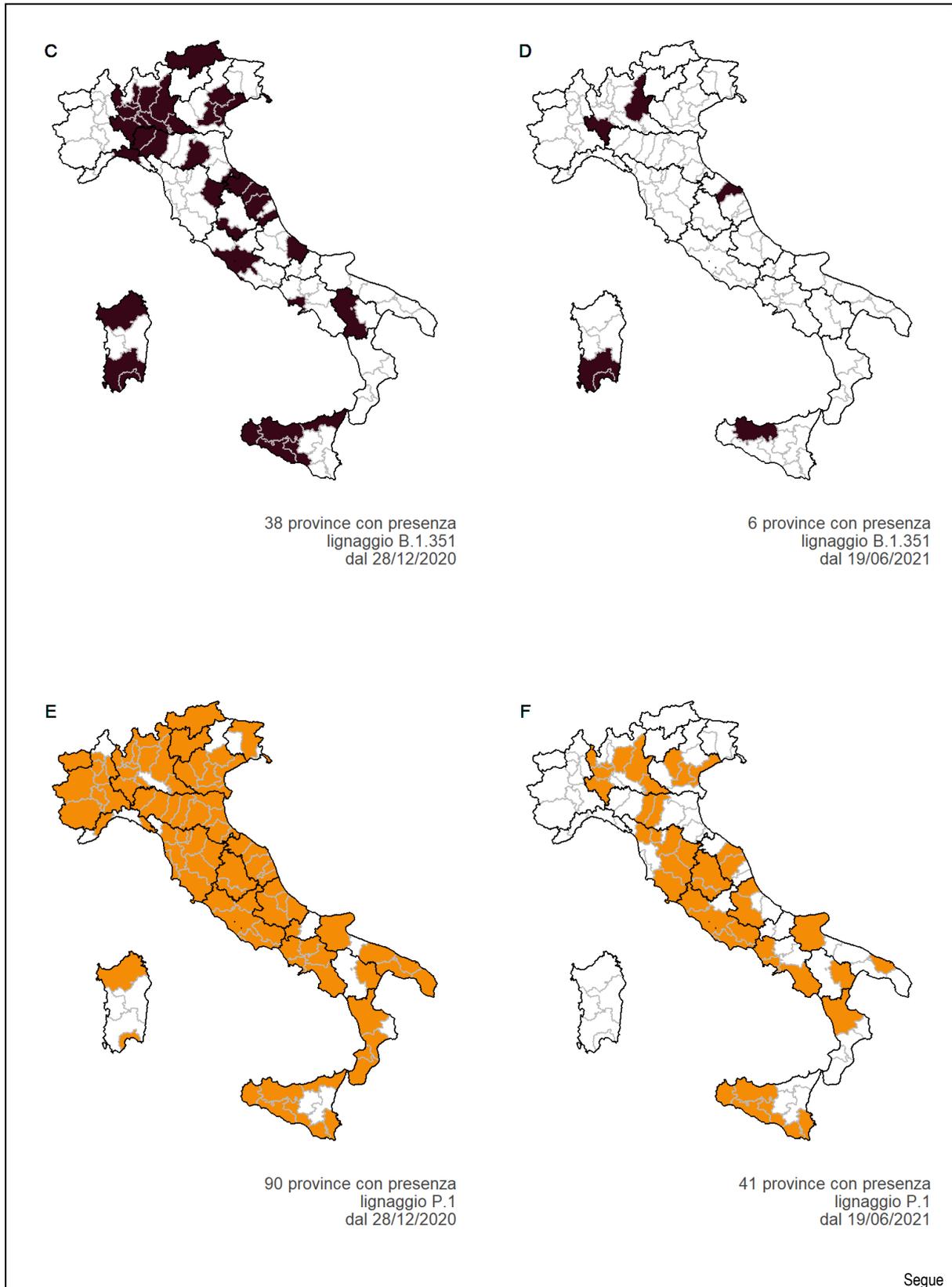


Figura 4 - Distribuzione percentuale delle varianti monitorate nella Sorveglianza Integrata COVID-19 per settimana. Italia, 28 dicembre 2020 – 2 agosto 2021.

La **Figura 5** mostra la distribuzione geografica delle 4 varianti individuate dall'OMS come **VOC** (Variant 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 – 2 agosto 2021 e 19 giugno 2021 – 2 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 Molise, per le quali i risultati delle genotipizzazioni notificati ai fini dell'indagine rapida del 20 luglio non trovano ancora riscontro nel Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19.

Dal mese di dicembre ad oggi, la **variante alfa** (lignaggio B.1.1.7) risulta essere la più diffusa sul territorio (**Figura 5 A**) essendo stata riportata in tutte le province italiane. Tuttavia, nell'ultimo periodo (**Figura 5 B**), la diffusione della **variante alfa** è diminuita mentre è aumentata quella della **variante delta** (B.1.617.2) (**Figura 5 H**); attualmente entrambe sono state identificate in almeno 85 diverse province italiane. Nell'ultimo periodo, casi di **variante gamma** (lignaggio P.1) sono stati riportati in diverse province dell'Italia centrale (**Figura 5 F**), mentre sono stati individuati pochi casi sporadici di **variante beta** in un numero limitato di province italiane (**Figura 5 D**).





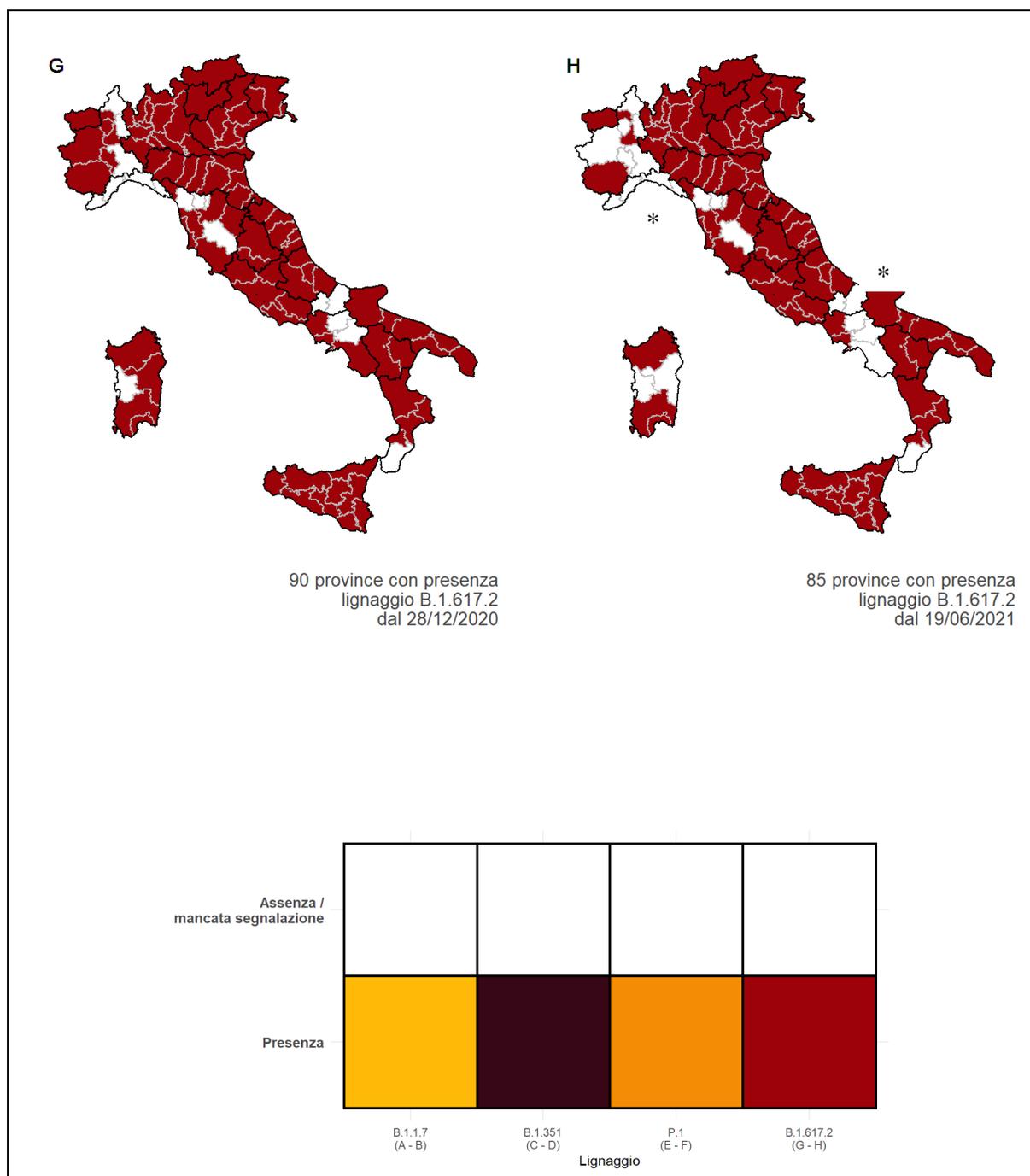


Figura 5 – Province italiane in cui è stato segnalato almeno un caso di infezione da SARS-CoV-2 causato dalla variante alfa (lignaggio B.1.1.7) (A - B), dalla variante beta (lignaggio B.1.351) (C - D), dalla variante gamma (lignaggio P.1) (E - F), dalla variante delta (lignaggio B.1.617.2) (G - H); Italia, 28 dicembre 2020-2 agosto 2021, 19 giugno 2021 - 2 agosto 2021. * Casi di infezione causati dalla variante **delta** (lignaggio B.1.617.2) sono stati riportati nell'ambito della indagine di prevalenza rapida anche dalle Regioni Liguria e Molise nel mese di luglio 2021, tuttavia non trovano ancora riscontro nel Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 e pertanto non sono rappresentati in figura.

Negli ultimi 45 giorni (dal 5 giugno al 19 luglio 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 l'8% delle infezioni associate alla variante delta (lignaggio B.1.617.2) e il 40% associate alla variante eta (lignaggio B.1.525) sono state contratte all'estero (**Tabella 2**).

Tabella 2 - Numero e percentuale di casi di infezione causate da varianti di SARS-CoV-2 di interesse sanitario per luogo di infezione, Italia, 28 dicembre 2020 – 2 agosto 2021, 19 giugno - 2 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	26.505	99,1	233	0,9	1.303	97,2	37	2,8
	B.1.1.7 + E484K	69	100,0	0	0,0	19	100,0	0	0,0
Beta	B.1.351	268	96,4	10	3,6	7	77,8	2	22,2
Gamma	P.1 ^b	2.675	98,9	29	1,1	299	98,0	6	2,0
Delta	B.1.617.2 ^c	5.678	91,3	538	8,7	4.913	91,7	443	8,3%
Eta	B.1.525	356	85,0	63	15,0	12	60,0	8	40,0%
Kappa	B.1.617.1 ^c	153	98,7	2	1,3	121	100,0	0	0,0
ND ^a	B.1.617.3 ^c	2	100,0	0	0,0	1	100,0	0	0,0
ND ^{a,d}	P.2	5	100,0	0	0,0	2	100,0	0	0,0
Kappa/Delta	B.1.617.1/2 ^e	54	96,4	2	3,6	19	90,5	2	9,5
	Altro lignaggio/non indicato ^f	5.357	97,5	139	2,5	504	92,5	41	7,5

* periodo 28 dicembre 2020 – 2 agosto 2021; ** periodo 19 giugno – 2 agosto 2021

a: non disponibile.

b: i casi P.1 segnalati al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 includono anche i casi recentemente riclassificati come P.1.1.

c: casi segnalati al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 separatamente per B.1.617.1 e B.1.617.2.

d: precedentemente "zeta"

e: si intendono i sotto-lignaggi B.1.617.1 e B.1.617.2.

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

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

Tabella 3 – Casi di infezione da SARS-CoV-2 causati da varianti di interesse sanitario, Italia, 28 dicembre 2020 – 19 luglio 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	13.385	65,1	13.353	61,9	642	18,5	698	16,3
	B.1.1.7 + E484K	33	0,2	36	0,2	8	0,2	11	0,3
Beta	B.1.351	131	0,6	147	0,7	7	0,2	2	<0,1
Gamma	P.1 ^b	1.330	6,5	1.374	6,4	151	2,2	154	3,6
Delta	B.1.617.2 ^c	2.719	13,2	3.497	16,2	2.352	67,9	3.004	70,3
Eta	B.1.525	169	0,8	250	1,2	8	0,2	12	0,3
Kappa	B.1.617.1 ^c	68	0,3	87	0,4	52	1,5	69	1,6
ND ^a	B.1.617.3 ^c	2	<0,1	0	0,0	1	<0,1	0	0,0
ND ^{a,d}	P.2	1	<0,1	4	<0,1	1	<0,1	1	<0,1
Kappa/Delta	B.1.617.1/2 ^e	21	0,1	35	0,2	2	0,1	19	0,4
	Altro lignaggio/non indicato ^f	2.696	13,1	2.800	13	242	7,0	303	7,1
Totale		20.555	100	21.583	100	3.466	100	4.273	100

* periodo 28 dicembre 2020 – 2 agosto 2021; ** periodo 19 giugno – 2 agosto 2021

a: non disponibile.

b: i casi P.1 segnalati al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 includono anche i casi recentemente riclassificati come P.1.1.

c: casi segnalati al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 separatamente per B.1.617.1 e B.1.617.2.

d: precedentemente "zeta"

e: si intendono i sotto-lignaggi B.1.617.1 e B.1.617.2.

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

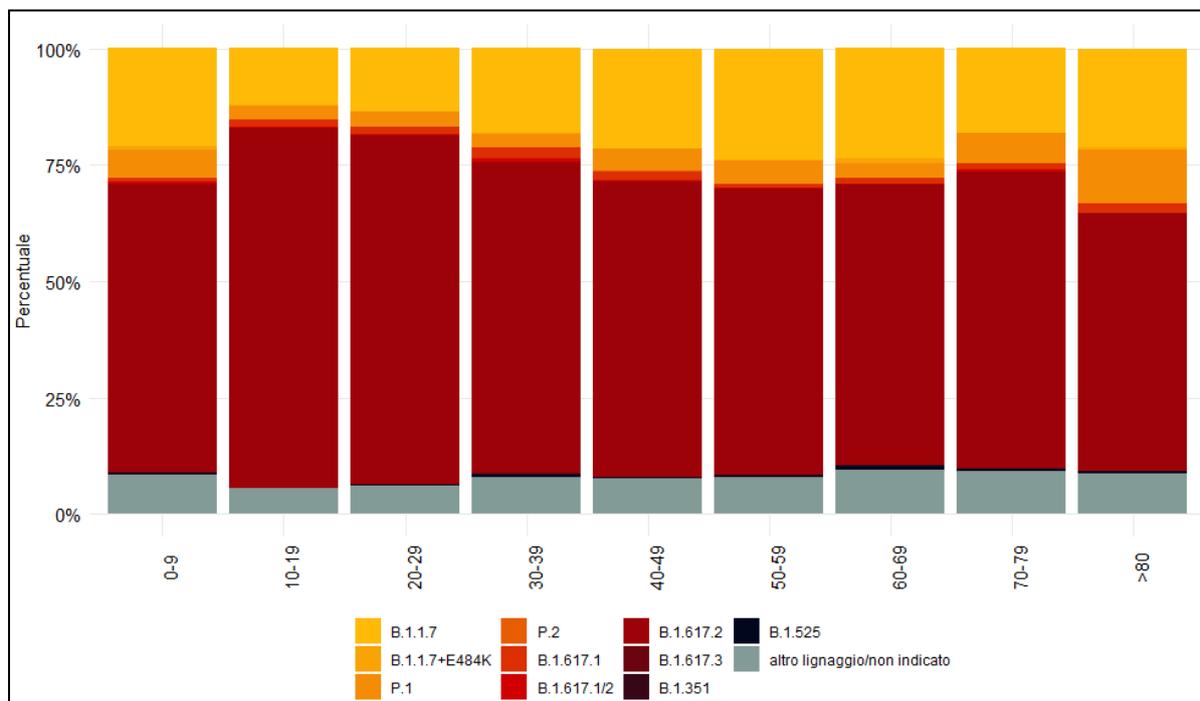


Figura 6 - Casi di infezione da SARS-CoV-2 causati da varianti di interesse sanitario, Italia, 19 giugno – 2 agosto 2021. Distribuzione per fascia di età e variante.

La distribuzione per fascia di età (**Figura 6**) 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, con una percentuale maggiore di casi in soggetti di età compresa tra i 10 ed i 29 anni. Si conferma l'osservazione di una percentuale maggiore di casi di infezione da **variante gamma** (lignaggio P.1) nei soggetti di età superiore a 80 anni.

3. 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 4.598 sequenze sono state inviate a GISAID utilizzando il servizio incorporato nella piattaforma I-Co-Gen.

Alla data del 2 agosto 2021 risultano accreditati per il caricamento/analisi e visualizzazione dei dati nella piattaforma I-Co-Gen, 66 utenti da 59 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 2 agosto 2021 (data ultimo accesso alla piattaforma per la redazione del presente rapporto) sono 21.388 (**Figura 7A**), di cui 1.676 prodotte da campioni prelevati da casi di COVID-19 diagnosticati prima del 28 Dicembre 2020 (**Figura 7B**).

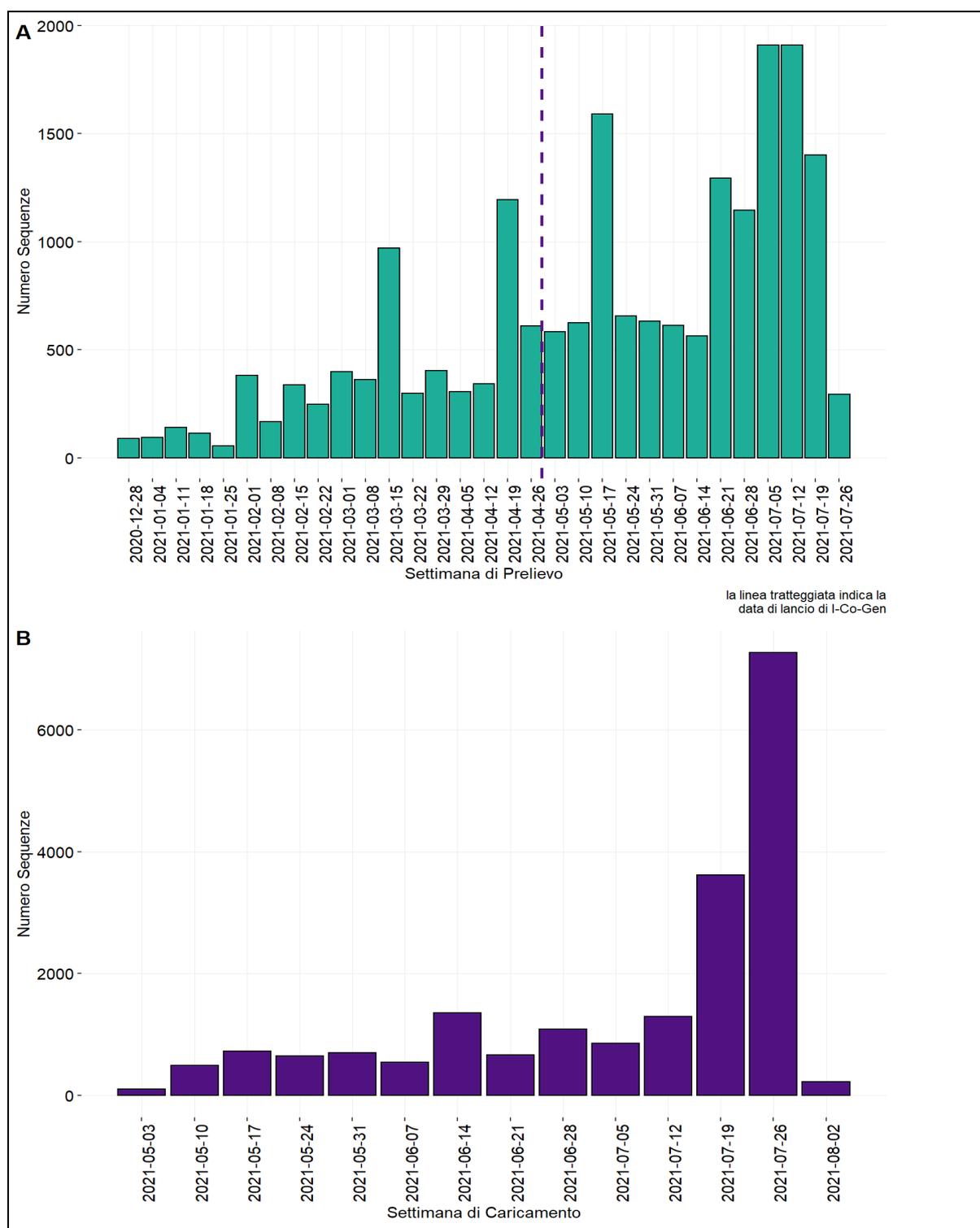


Figura 7 - Numero di sequenze depositate nella piattaforma I-Co-Gen per settimana di prelievo del campione periodo 28 dicembre 2020 – 2 agosto 2021 (A). Numero di sequenze depositate sulla piattaforma I-Co-Gen per data di caricamento, dall'inizio della raccolta nazionale (03 maggio 2021) alla data di estrazione dei dati (2 agosto 2021) (B).

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 all'85%, mentre il 15% del totale rappresenta sequenze del gene S prodotte mediante tecnica Sanger.

Le percentuali di lignaggi identificati dalla piattaforma I-Co-Gen (**Tabella 4-5**) sono influenzate dal diverso numero di sequenze depositate da ciascuna Regione/PA. Nelle ultime due settimane si è osservato un aumento della percentuale di sequenze appartenenti alla **variante delta** (lignaggio B.1.617.2) 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 7.909 di cui il 72,7% (5.750) ha prodotto sequenze del virus SARS CoV2 appartenenti alla **variante delta** (lignaggio B.1.617.2).

Tabella 4 - Frequenza delle varianti di SARS-CoV-2 (monitorate dal Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19) identificate dal software che opera nella piattaforma I-Co-Gen, dati riferiti ai campioni con data di prelievo 28 dicembre 2020 – 2 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 di sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)	Numero di sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
Alfa	B.1.1.7	8.202	43,06	1.455	18,40
	B.1.1.7 + E484K	27	0,14	7	0,09
Beta	B.1.351	58	0,30	6	0,08
	B.1.351.2	10	0,05	0	0
	B.1.351.3	23	0,12	2	0,03
Gamma	P.1	402	2,11	121	1,53
	P.1.1	957	5,02	224	2,83
	P.1.2	17	0,09	16	0,20
Delta	B.1.617.2	6.424	33,72	5.750	72,70
	AY.1	1	0,01	1	0,01
Eta	B.1.525	293	1,54	17	0,21
Kappa	B.1.617.1	16	0,08	0	0
ND^a	B.1.617.3	21	0,11	16	0,20
ND^{a,b}	P.2	4	0,02	0	0
	Altro lignaggio	2.594	13,62	294	3,72
Totale		19.049	100	7.909	100

* periodo 28 dicembre 2020 – 2 agosto 2021; ** periodo 19 giugno – 2 agosto 2021

a non disponibile

b: precedentemente "zeta"

Nelle ultime due settimane, dalla data del precedente bollettino (19 luglio 2021), non sono state evidenziate nuove sequenze di lignaggio AY.1, presente con un'unica segnalazione sulla piattaforma I-Co-Gen. Tale lignaggio AY.1 rappresenta una evoluzione della variante delta in cui è presente la mutazione aggiuntiva nella spike K417N, ed è in questo momento oggetto di stretta sorveglianza trattandosi di una mutazione che potrebbe conferire le capacità di evasione immunitaria.

In **Figura 8**, si evidenzia l'andamento delle VOC identificate nei campioni sequenziati e depositati nella piattaforma I-Co-Gen. Pur essendo un andamento fortemente influenzato dalla disparità di sequenze depositate nei vari mesi, si osserva che la variante **alfa (lignaggio B.1.1.7)**, ha da sempre rappresentato la frazione principale dei sequenziamenti depositati e che, anche nel mese di giugno, in cui è comparsa la variante delta (lignaggio B.1.617.2), è stata ancora rilevata in percentuale significativa (1.741 sequenze della variante alfa e 1.488 per la delta dal 31 maggio al 28 giugno). A partire dalla settimana del 28 giugno si assiste ad una inversione nella tendenza e la variante delta risulta oggi più frequente della variante alfa (numero sequenze delta 650 vs 327 sequenze variante alfa nella settimana del 28 giugno). Quest'ultima, seppure in diminuzione, è ancora rilevata alla data di prelievo dei dati, rappresentando il 18,40% delle sequenze effettuate da tamponi prelevati negli ultimi 45 giorni (**Tabella 4**).

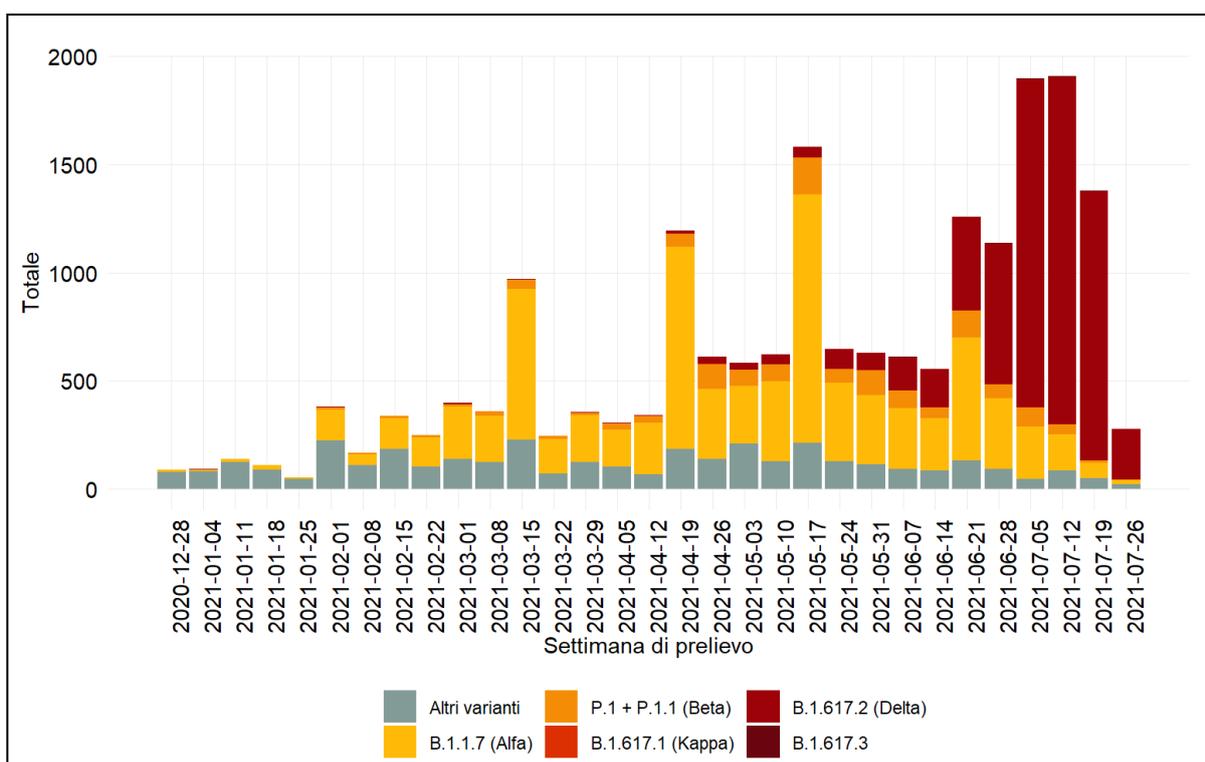


Figura 8 - Andamento delle principali VOC identificate mediante sequenziamento negli ultimi 6 mesi dal software della piattaforma I-Co-Gen, per settimana di campionamento (28 dicembre 2020 – 2 agosto 2021). La variante Alfa include anche i campioni di lignaggio B.1.1.7 che presentano la mutazione E484K

Nel dettaglio, la percentuale di sequenze ascrivibili alla **variante delta** (lignaggio B.1.617.2), sul totale dei sequenziamenti depositati in I-Co-Gen, è risultata pari al 2,09% nel mese di aprile, al 7,48% nel mese di maggio, al 40,15% nel mese di giugno, al 85,66% nel mese di luglio (dati al 2 agosto 2021).

Il tracciamento delle varianti non monitorate dal Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19, ha evidenziato la circolazione di 103 lignaggi addizionali (**Tabella 5**), rappresentanti il 13,61% 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. 3.1.7 del 9 luglio 2021). Dati riferiti a campioni con data prelievo 28 dicembre 2020 – 2 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	22	0,85%	8	2,72%
ND	A.2.5.2	ND	3	0,12%	0	0%
ND	A.5	ND	371	14,30%	29	9,86%
ND	A.15	ND	1	0,04%	0	0%
ND	A.21	ND	1	0,04%	0	0%
ND	A.23.1	ND	4	0,15%	0	0%
ND	A.27	VUM	8	0,31%	0	0%
ND	A.28	VUM	9	0,35%	0	0%
ND	AH.3	ND	3	0,12%	1	0,34%
ND	B	ND	7	0,27%	1	0,34%
ND	B.1	ND	638	24,60%	98	33,33%
ND	B.1.1	ND	38	1,46%	9	3,06%
ND	B.1.1.1	ND	18	0,69%	7	2,38%
ND	B.1.1.10	ND	2	0,08%	0	0%
ND	B.1.1.118	ND	5	0,19%	5	1,70%
ND	B.1.1.136	ND	1	0,04%	0	0%
ND	B.1.1.161	ND	3	0,12%	0	0%
ND	B.1.1.208	ND	1	0,04%	0	0%
ND	B.1.1.216	ND	1	0,04%	0	0%
ND	B.1.1.241	ND	2	0,08%	0	0%
ND	B.1.1.265	ND	1	0,04%	0	0%
ND	B.1.1.28	ND	6	0,23%	2	0,68%
ND	B.1.1.305	ND	1	0,04%	0	0%
ND	B.1.1.309	ND	1	0,04%	0	0%
ND	B.1.1.317	ND	2	0,08%	1	0,34%
ND	B.1.1.318	VUM	66	2,54%	9	3,06%
ND	B.1.1.33	ND	3	0,12%	0	0%
ND	B.1.1.340	ND	1	0,04%	0	0%
ND	B.1.1.351	ND	1	0,04%	0	0%
ND	B.1.1.353	ND	2	0,08%	0	0%
ND	B.1.1.372	ND	2	0,08%	0	0%
ND	B.1.1.39	ND	3	0,12%	0	0%

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Monitoraggio	Numero sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
ND	B.1.1.409	ND	1	0,04%	0	0%
ND	B.1.1.420	ND	49	1,89%	0	0%
ND	B.1.1.512	ND	1	0,04%	1	0,34%
ND	B.1.1.519	VUM	2	0,08%	0	0%
ND	B.1.1.523	ND	6	0,23%	2	0,68%
ND	B.1.1.525	ND	5	0,19%	1	0,34%
ND	B.1.1.97	ND	1	0,04%	1	0,34%
ND	B.1.160	ND	90	3,47%	0	0%
ND	B.1.160.25	ND	1	0,04%	0	0%
ND	B.1.177	ND	456	17,58%	3	1,02%
ND	B.1.177.10	ND	2	0,08%	0	0%
ND	B.1.177.12	ND	1	0,04%	0	0%
ND	B.1.177.21	ND	2	0,08%	0	0%
ND	B.1.177.24	ND	13	0,50%	0	0%
ND	B.1.177.26	ND	1	0,04%	0	0%
ND	B.1.177.33	ND	3	0,12%	0	0%
ND	B.1.177.4	ND	3	0,12%	0	0%
ND	B.1.177.51	ND	17	0,66%	0	0%
ND	B.1.177.52	ND	7	0,27%	0	0%
ND	B.1.177.53	ND	10	0,39%	0	0%
ND	B.1.177.56	ND	2	0,08%	0	0%
ND	B.1.177.62	ND	2	0,08%	0	0%
ND	B.1.177.72	ND	1	0,04%	0	0%
ND	B.1.177.73	ND	1	0,04%	0	0%
ND	B.1.177.75	ND	84	3,24%	0	0%
ND	B.1.177.81	ND	1	0,04%	0	0%
ND	B.1.177.82	ND	1	0,04%	0	0%
ND	B.1.177.83	ND	15	0,58%	0	0%
ND	B.1.177.86	ND	1	0,04%	1	0,34%
ND	B.1.177.87	ND	2	0,08%	0	0%
ND	B.1.214.2	VUM	1	0,04%	0	0%
ND	B.1.221	ND	19	0,73%	1	0,34%
ND	B.1.222	ND	9	0,35%	0	0%
ND	B.1.247	ND	4	0,15%	3	1,02%
ND	B.1.258	ND	72	2,78%	1	0,34%
ND	B.1.258.14	ND	5	0,19%	0	0%
ND	B.1.258.17	ND	32	1,23%	0	0%
ND	B.1.258.3	ND	1	0,04%	0	0%
ND	B.1.260	ND	1	0,04%	0	0%
ND	B.1.36.10	ND	1	0,04%	0	0%
ND	B.1.36.36	ND	16	0,62%	0	0%
ND	B.1.367	ND	2	0,08%	0	0%
ND	B.1.389	ND	1	0,04%	0	0%
ND	B.1.411	ND	1	0,04%	0	0%
ND	B.1.416	ND	1	0,04%	0	0%

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Monitoraggio	Numero sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
Epsilon	B.1.427	#	3	0,12%	2	0,68%
Epsilon	B.1.429	#	1	0,04%	0	0%
ND	B.1.441	ND	1	0,04%	0	0%
ND	B.1.467	ND	1	0,04%	0	0%
ND	B.1.499	ND	1	0,04%	0	0%
ND	B.1.517	ND	1	0,04%	0	0%
Iota	B.1.526	VUM	8	0,31%	2	0,68%
ND	B.1.575	ND	8	0,31%	2	0,68%
ND	B.1.575.1	ND	2	0,08%	0	0%
ND	B.1.609	ND	2	0,08%	0	0%
ND	B.1.610	ND	1	0,04%	0	0%
ND	B.1.619	ND	3	0,12%	0	0%
ND	B.1.620	VOI	61	2,35%	3	1,02%
ND	B.1.621	VOI	39	1,50%	25	8,50%
ND	B.1.621.1	ND	18	0,69%	10	3,40%
ND	B.1.623	ND	2	0,08%	0	0%
ND	B.1.629	ND	13	0,50%	1	0,34%
ND	C.11	ND	3	0,12%	0	0%
ND	C.16	VUM	7	0,27%	2	0,68%
ND	C.18	ND	6	0,23%	0	0%
ND	C.36 +	VUM	1	0,04%	0	0%
ND	C.36	ND	7	0,27%	0	0%
ND	C.36.3‡	ND	214	8,25%	51	17,35%
Lambda	C.37	VOI	15	0,58%	10	3,40%
ND	L.3	ND	1	0,04%	0	0%
Theta	P.3	VOI	1	0,04%	1	0,34%
Totale			2594	100%	294	100%

* periodo 28 dicembre 2020 – 2 agosto 2021; ** periodo 19 giugno – 2 agosto 2021

#: varianti ridimensionate (<https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>)

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>).

‡ le sequenze di lignaggio C.36.3 presentano la mutazione nella spike L452R

4. 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 4 agosto 2021):

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

Nomenclatura OMS	Lignaggi 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	GR/501Y.V3	20J (V3)	Brasile, novembre-2020	11- gennaio-2021
Delta	B.1.617.2 AY.1 AY.2 AY.3	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 **2 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 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 **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 – 2 agosto 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 (**19 giugno 2021 – 2 agosto 2021**). Questo elemento deve essere considerato nella lettura delle mappe riportate in questo rapporto.

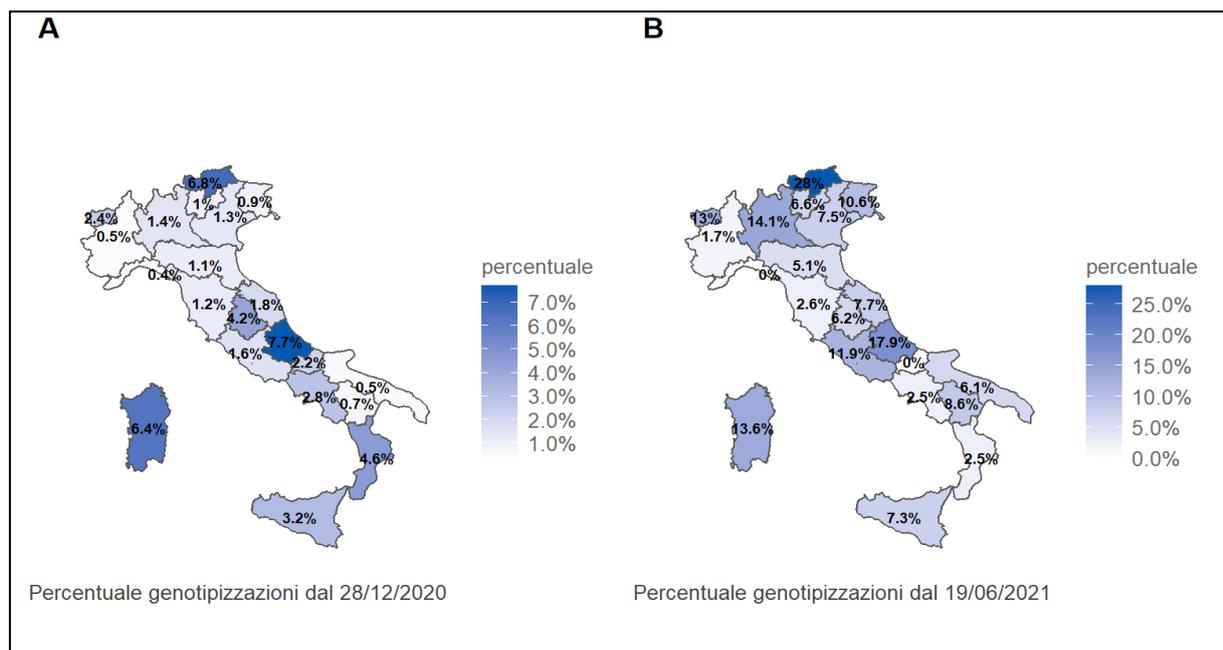


Figura 9 - Percentuale di casi di infezione confermata da SARS-CoV-2 in cui è stata realizzata una genotipizzazione riportata al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 per Regione/PA nel periodo 28 dicembre 2020 – 2 agosto 2021 (A) e nel periodo 19 giugno 2021 – 2 agosto 2021 (B).

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 – 2 agosto 2021; fonte GISAID (<https://www.gisaid.org/>, sottomissioni al 2 agosto 2021).

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Numero di sequenze	%
Alfa	B.1.1.7	25.003	59,26
	B.1.1.7 + E484K	28	0,07
Beta	B.1.351	66	0,16
	B.1.351.2	19	0,05
	B.1.351.3	38	0,09
Gamma	P.1	409	0,97
	P.1.1	1.717	4,07
	P.1.2	0	0
Delta	B.1.617.2	4.512	10,69
	AY.1	1	0
	AY.2	0	0
	AY.3	604	1,43
Eta	B.1.525	401	0,95
Kappa	B.1.617.1	10	0,02
ND ^a	B.1.617.3	0	0
	Altro lignaggio	9.382	22,24
Totale		42.190	100

a: non disponibile

A cura di:

Paola Stefanelli, Luigina Ambrosio, Angela Di Martino, Alessandra Lo Presti, 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 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 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 altri utenti iscritti alla piattaforma I-Co-Gen e che hanno contribuito alla sottomissione delle sequenze di SARS-CoV-2 nella piattaforma:

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; 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.

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