

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

Rapporto n. 11 del 15 ottobre 2021

(dati aggiornati all'11 ottobre 2021)

In evidenza

- ✓ Nel mese di **settembre**, sebbene i dati siano ancora in fase di consolidamento, sono stati genotipizzati/sequenziati circa 6.000 campioni clinici provenienti da casi confermati di infezione da SARS-CoV-2 segnalati al **Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19**, pari al 4,7% dei casi confermati segnalati nello stesso periodo. Nel mese di agosto 2021, i casi genotipizzati/sequenziati sono stati oltre 10.000 (pari al 5,4%).
- ✓ Il sistema di sorveglianza integrato COVID-19 ha documentato dal mese di giugno 2021 la diffusione prevalente della **variante delta** in Italia che, dal mese di luglio, viene identificata in oltre l'80% dei casi di infezione con campioni clinici genotipizzati/sequenziati.
 - Negli ultimi 45 giorni (**28 agosto – 11 ottobre**), i casi di infezione da virus SARS-CoV-2 causati dalla variante delta (lignaggio B.1.617.2) continuano ad essere i più frequentemente segnalati (**90.8%**) e diffusi su gran parte del territorio italiano.
 - Si conferma in forte diminuzione il numero e la diffusione territoriale delle segnalazioni di nuovi casi di infezione causati dalla variante alfa (lignaggio B.1.1.7).
 - Sono rari i nuovi casi di infezione causati dalla variante gamma (lignaggio P.1) e beta (lignaggio B.1.351).
- ✓ Dal 29 aprile 2021 è attiva la piattaforma per la sorveglianza genomica delle varianti di SARS-CoV-2 (**I-Co-Gen**) che 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 **62.000 sequenze**.
 - Sono stati identificati oltre 100 lignaggi che, ad oggi, non sono oggetto di monitoraggio da parte del Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19.
 - Il **99,5%** dei sequenziamenti depositati in I-Co-Gen negli ultimi 45 giorni, è riconducibile alla **variante delta**.

In conclusione:

- ✓ In Italia si conferma dominante la circolazione della variante **delta** di SARS-CoV-2.
- ✓ La **variante delta** è caratterizzata da una maggiore trasmissibilità rispetto alla **variante alfa** (tra il 40% e il 60%) ed un aumentato rischio di ospedalizzazione in particolare tra 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 di 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)	3
Piattaforma per la sorveglianza genomica delle varianti di SARS-CoV-2	11
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 – 11 ottobre 2021**, con approfondimenti per il periodo **28 agosto – 11 ottobre 2021**) e dalla piattaforma open-source **I-Co-Gen (Italian COVID-19 Genomic)**, attiva dal **29 aprile 2021**.

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

In base all'indagine rapida più **recente (28/9/2021, [disponibile online sul sito dell'Istituto Superiore di Sanità](#))**, per la prima volta la **variante delta** (lignaggio B.1.617.2 e relativi sotto-lignaggi) è stata la sola variante individuata. La prevalenza di tale variante si attesta quindi al 100% in tutte le Regioni/PPAA. Non è stato dunque individuato alcun caso della **variante beta** (lignaggio B.1.351) né della **variante gamma** (lignaggio P.1), entrambe facenti parte, insieme alla variante delta, del gruppo delle Varianti di Preoccupazione (*Variants of Concern*, VOC) riconosciute da ECDC e OMS (vedi Note di Lettura).

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** all'**11 ottobre 2021**, sono stati segnalati al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 un totale di **66.620** casi di infezione da SARS-CoV-2 con genotipizzazione su un totale di 2.616.004 casi notificati (pari complessivamente al 2,5%).

È in leggera diminuzione il numero di casi genotipizzati/sequenziati, segnalati al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 negli ultimi 45 giorni (**28 agosto - 11 ottobre 2021**) rispetto al periodo precedente (14 agosto – 27 settembre 2021), **7.268** e 8.596 casi rispettivamente.

Analizzando i dati per mese (**Tabella 1**), si rileva come nel mese di luglio 2021 risulta essere stato genotipizzato/sequenziato il 13,0% (n = 12.722) 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 5,4% (n = 10.465). Si noti come tale valore, sebbene inferiore in percentuale rispetto al mese precedente, sia stato registrato in un mese in cui si è osservata un'incidenza maggiore (315 casi per 100.000 rispetto a 160 casi per 100.000 del mese precedente). Si conferma pertanto alta la capacità di genotipizzare/sequenziare in Italia. Si sottolinea come il non completo consolidamento dei dati dei mesi di settembre e ottobre 2021 rende tali dati ancora provvisori.

Tabella 1 - Frequenza di genotipizzazione/sequenziamento di campioni clinici di casi di infezione da virus SARS-CoV-2, Italia, dati cumulativi e percentuali ed incidenza di infezione nella popolazione per mese, gennaio-settembre 2021

Mese (2021)	Numero casi di infezione da SARS-CoV-2 con campioni clinici genotipizzati/sequenziati	%	Incidenza mensile (x 100 000)
gennaio	2.584	0,6	683
febbraio	5.529	1,5	683
marzo	9.951	1,5	1077
aprile	9.164	2,2	709
maggio	5.553	3,2	285
giugno	4.404	11,0	68
luglio	12.722	13,0	160
agosto	10.465	5,4	315
settembre*	5.824	4,7	211
ottobre*.§	112	0,5	95

*dati in fase di consolidamento, § dato riferito al periodo 1-11 ottobre 2021

In **Figura 1** 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 – 11 ottobre 2021. I dati delle ultime settimane, contrassegnati dal riquadro grigio, sono parziali e, quindi, non devono essere interpretati come definitivi.

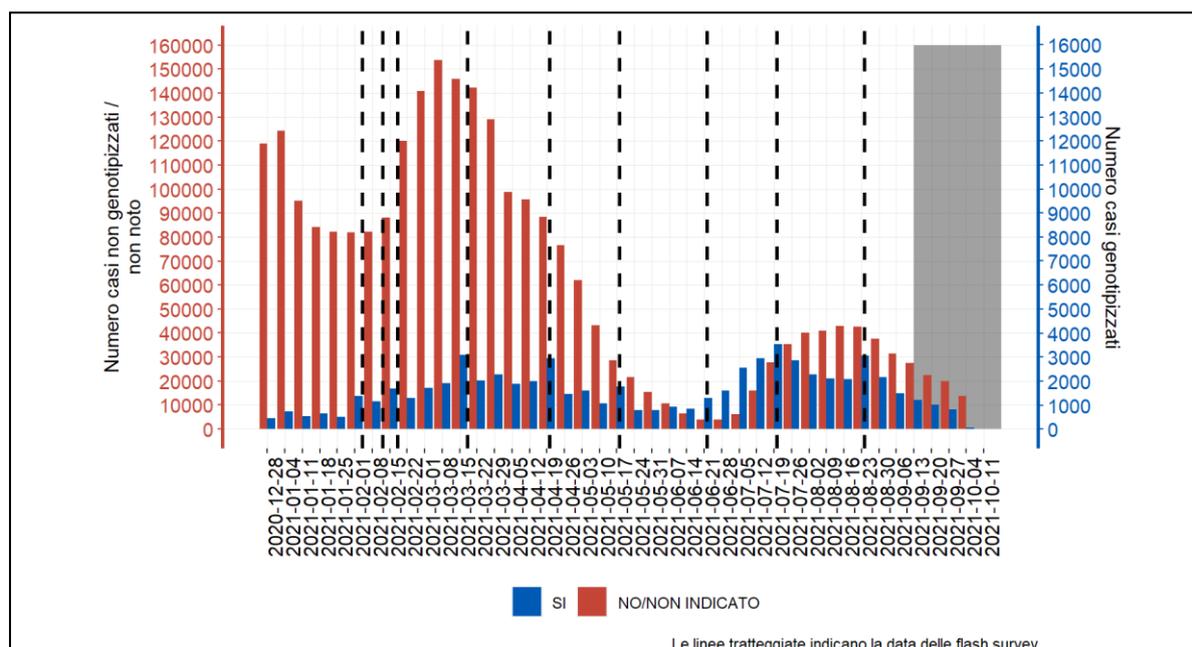


Figura 1 – Numero di casi di infezione confermata da SARS-CoV-2, riportati al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19, per settimana di prelievo/diagnosi per cui sia stata effettuata (blu) o meno (rosso) una genotipizzazione, 28 dicembre 2020 – 11 ottobre 2021. Il box grigio indica che i dati relativi all'ultimo mese sono ancora incompleti e non consolidati.

Frequenza e diffusione delle varianti di interesse sanitario in Italia

In Italia si conferma dominante la circolazione della **variante delta** di SARS-CoV-2 (lignaggio B.1.617.2 e relativi sotto-lignaggi). Negli ultimi 45 giorni (28 agosto – 11 ottobre 2021) questa variante è stata individuata nel 90,8% (n=6.598) dei casi riportati al Sistema di Sorveglianza Integrata.

Tabella 2 - Frequenza di genotipizzazione/sequenziamento per variante di SARS-CoV-2, Italia, dati cumulativi (periodo 28 dicembre 2020 – 11 ottobre 2021) e relativi agli ultimi 45 giorni (28 agosto – 11 ottobre 2021).

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Numero casi (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero casi (ultimi 45 gg)**	% (ultimi 45 gg)**
Alfa	B.1.1.7	27.904	41,9	3	<0,1
	B.1.1.7 + E484K	75	0,1	0	0
Beta ^a	B.1.351	290	0,4	3	<0,1
Gamma ^b	P.1	2.849	4,3	0	0
Delta ^c	B.1.617.2	27.576	41,4	6.598	90,8
Eta	B.1.525	454	0,7	0	0
Kappa	B.1.617.1	410	0,6	106	1,5
ND ^d	B.1.617.3	31	<0,1	0	0
ND ^{d,e}	P.2	5	<0,1	0	0
	Altro lignaggio /non indicato ^f	7.026	10,5	558	7,7
Totale		66.620	100	7.268	100

* periodo 28 dicembre 2020 – 11 ottobre 2021; ** periodo 28 agosto – 11 ottobre 2021

a: la variante beta include nel sistema di sorveglianza integrata anche i relativi sotto-lignaggi

b: la variante gamma include nel sistema di sorveglianza integrata anche i relativi sotto-lignaggi

c: la variante delta include nel sistema di sorveglianza integrata anche i relativi sotto-lignaggi

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 già osservato nei bollettini precedenti, da diverse settimane la **variante delta** è la variante più frequentemente segnalata al Sistema di Sorveglianza Integrata (**Figura 2**). 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 3** riporta la distribuzione percentuale delle varianti monitorate nella Sorveglianza Integrata COVID-19 per settimana.

Entrambi i grafici evidenziano una graduale diminuzione dei casi genotipizzati/sequenziati dovuti a Varianti d'Interesse (*Variants of Interest*, VOI, vedi Note di Lettura) e alle varianti **gamma** e **beta**, facenti parte del gruppo delle varianti classificate come VOC, in favore di un chiaro aumento dei casi dovuti alla **variante delta**.

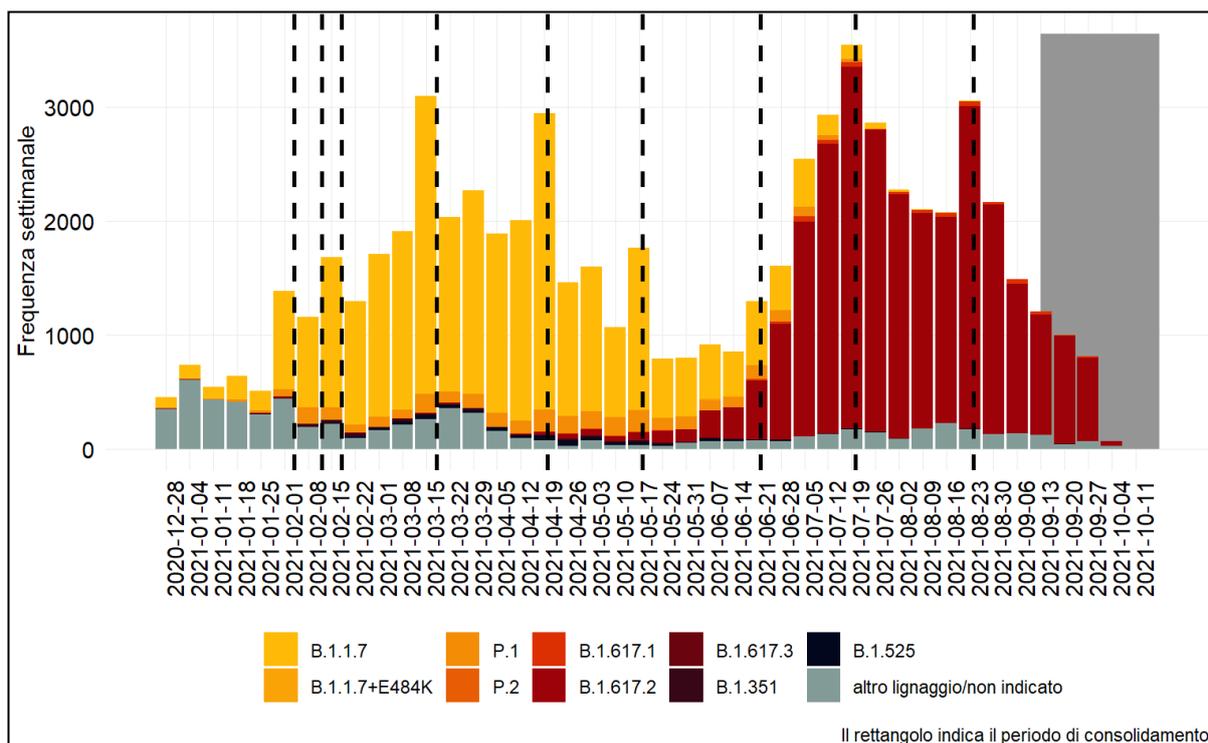


Figura 2 – Frequenza assoluta settimanale di casi di infezione da SARS-CoV-2 genotipizzati e indicati per lignaggio, 28 dicembre 2020 – 11 ottobre 2021.

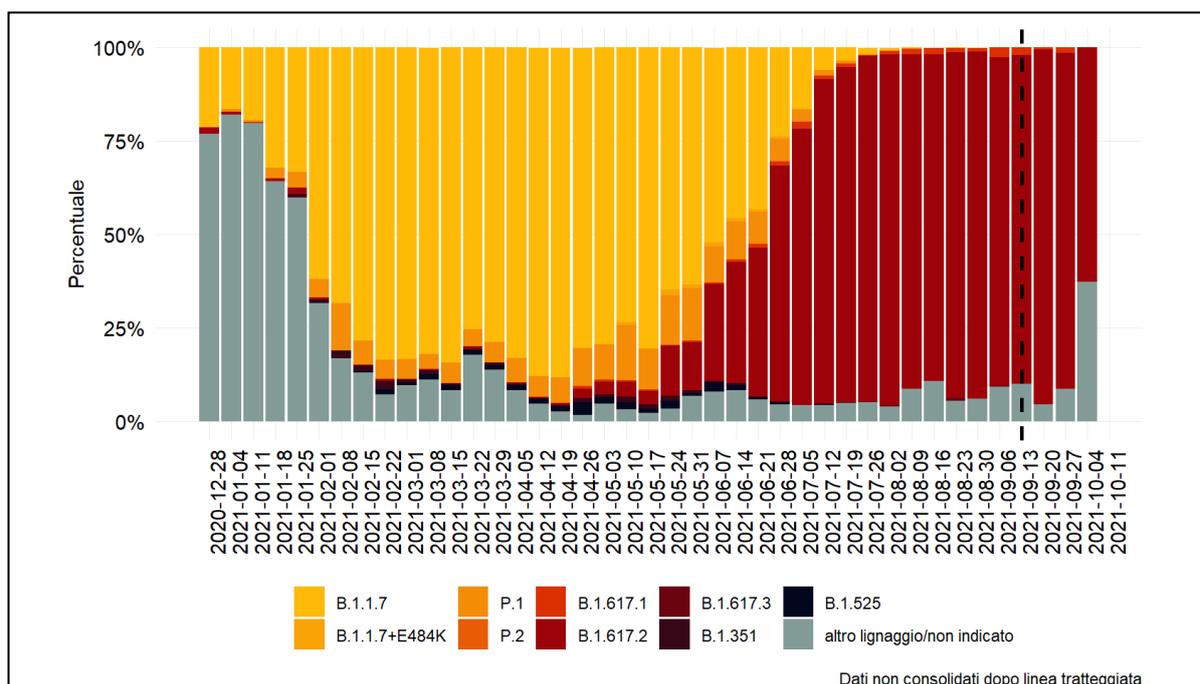


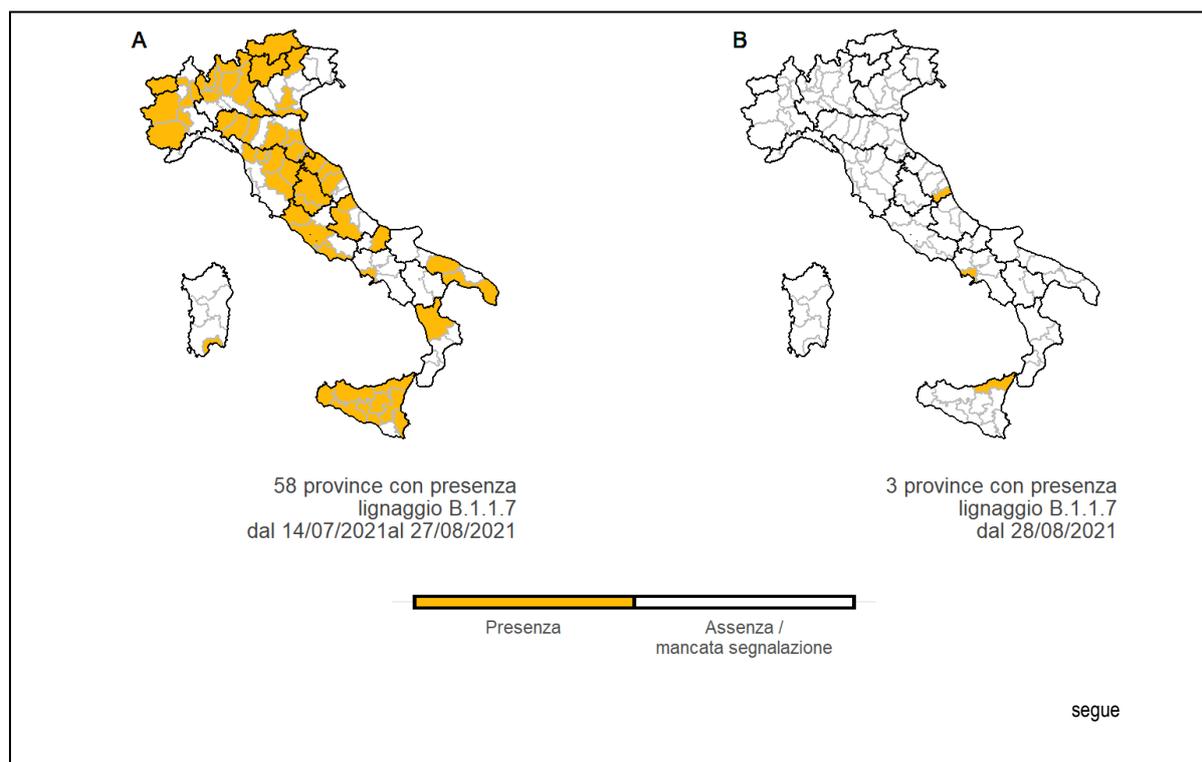
Figura 3 - Distribuzione percentuale delle varianti monitorate nella Sorveglianza Integrata COVID-19 per settimana. Italia, 28 dicembre 2020 – 11 ottobre 2021.

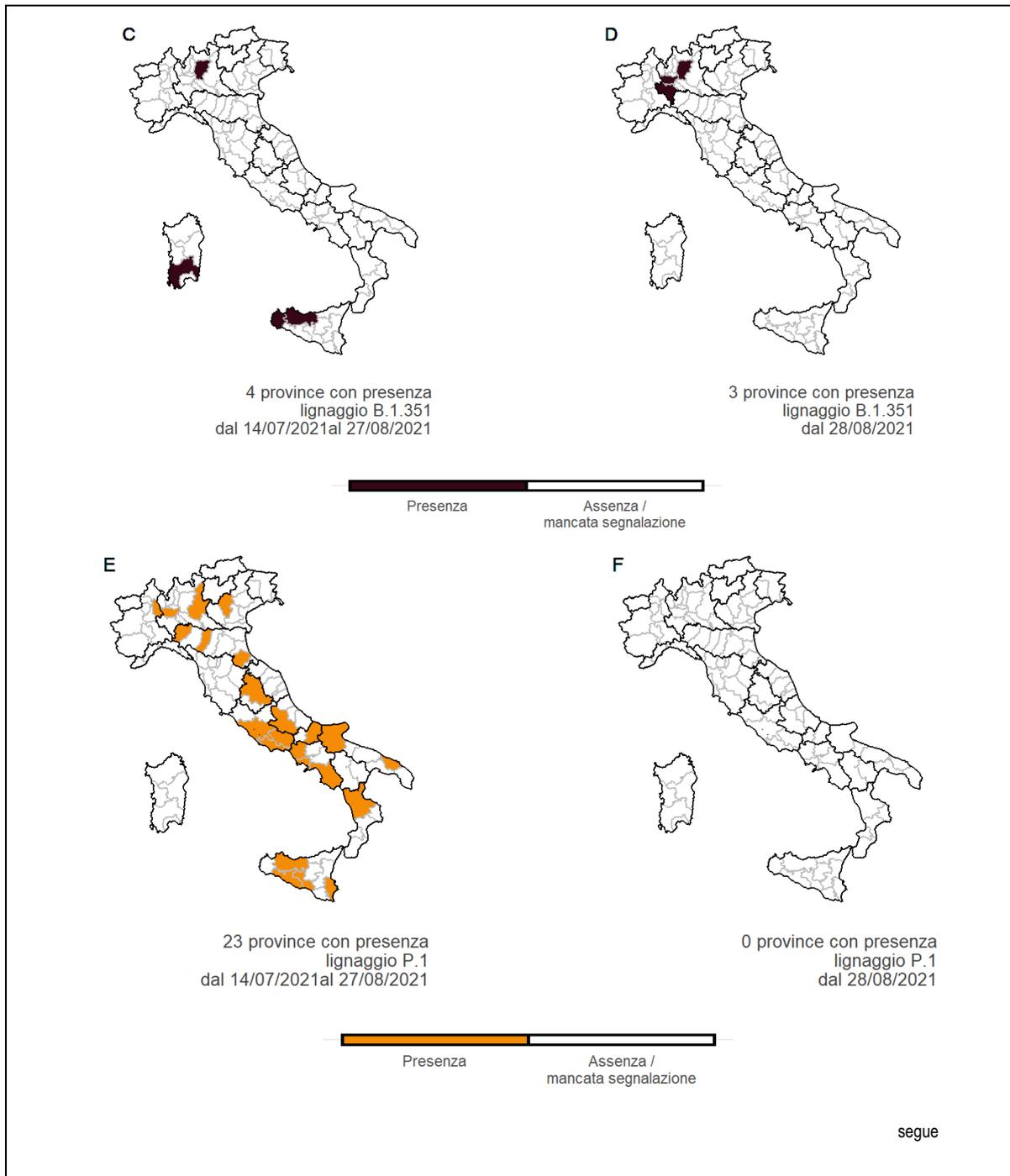
La **Figura 4** mostra la distribuzione geografica delle 4 varianti individuate dall'OMS come **VOC**: **alfa**, declassificata nell'ultimo periodo dall'ECDC (vedi Note di Lettura), **beta**, **gamma**, **delta**.

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: 14 luglio – 27 agosto 2021 e 28 agosto – 11 ottobre 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.

Negli ultimi 45 giorni (28 agosto – 11 ottobre 2021), le varianti **alfa**, **beta** e **gamma** sono state assenti o identificate in aree territoriali molto limitate (Figure **4B**, **4D** e **4F**).

A differenza delle altre **VOC**, la **variante delta** è dominante non solo in termini di frequenza assoluta ma anche in termini di diffusione territoriale. È possibile infatti osservare come, negli ultimi 45 giorni, è stato segnalato almeno un caso di infezione causato da questa variante in 80 delle 107 province italiane (**Figura 4H**).





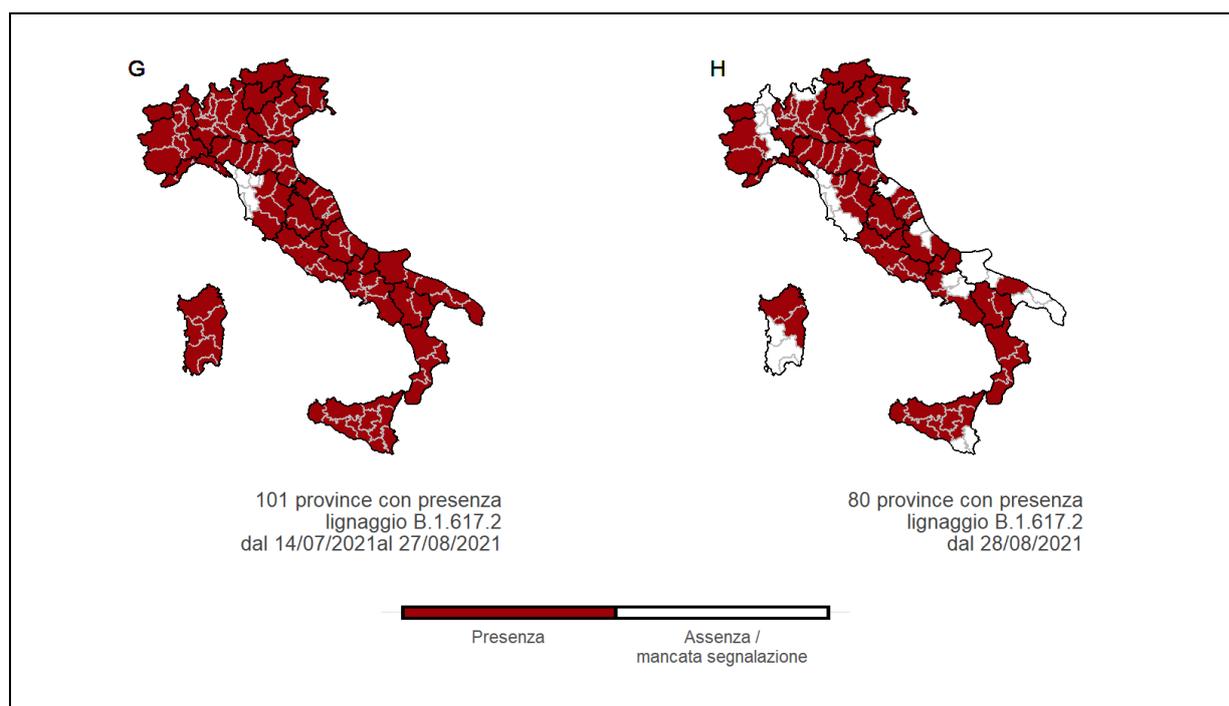


Figura 4 – Province italiane in cui è stato segnalato almeno un caso di infezione da SARS-CoV-2 causato dalla variante alfa (lignaggio B.1.1.7) (A - B), dalla variante beta (lignaggio B.1.351^a) (C - D), dalla variante gamma (lignaggio P.1^b) (E - F), dalla variante delta (lignaggio B.1.617.2^c) (G - H); Italia, 14 luglio - 27 agosto 2021, 28 agosto 2021 - 11 ottobre 2021.

a: la variante beta include nel sistema di sorveglianza integrata anche i relativi sotto-lignaggi
 b: la variante gamma include nel sistema di sorveglianza integrata anche i relativi sotto-lignaggi
 c: la variante delta include nel sistema di sorveglianza integrata anche i relativi sotto-lignaggi

Negli ultimi 45 giorni (dal 28 agosto al 11 ottobre 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** (96,4%) e il 3,6% all'estero. La **variante delta** rappresenta il 3,8% tra i casi importati (**Tabella 3**).

Tabella 3 - 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 - 11 ottobre 2021, 28 agosto - 11 ottobre 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	27.652	99,1	252	0,9	3	100	0	0
	B.1.1.7 + E484K	75	100	0	0	0	0	0	0
Beta ^a	B.1.351	279	96,2	11	3,8	3	100	0	0
Gamma ^b	P.1	2.815	98,8	34	1,2	0	0	0	0
Delta ^c	B.1.617.2	26.064	94,5	1.512	5,5	6.346	96,2	252	3,8
Eta	B.1.525	372	81,9	82	18,1	0	0	0	0
Kappa	B.1.617.1	408	99,5	2	0,5	106	100	0	0
ND ^d	B.1.617.3	26	83,9	5	16,1	0	0	0	0
ND ^{d,e}	P.2	5	100	0	0	0	0	0	0
	Altro lignaggio/non indicato ^f	6.838	97,3	188	2,7	550	98,6	8	1,4

* periodo 28 dicembre 2020 - 11 ottobre 2021; ** periodo 28 agosto - 11 ottobre 2021

a: la variante beta include nel sistema di sorveglianza integrata anche i relativi sotto-lignaggi

b: la variante gamma include nel sistema di sorveglianza integrata anche i relativi sotto-lignaggi

c: la variante delta include nel sistema di sorveglianza integrata anche i relativi sotto-lignaggi

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 delle infezioni causate dalle varianti virali sotto sorveglianza riflette la prevalenza sul territorio nazionale senza evidenti differenze per sesso (**Tabella 4**).

Tabella 4 – Casi di infezione da SARS-CoV-2 causati da varianti di interesse sanitario, Italia, 28 dicembre 2020 – 11 ottobre 2021, 28 agosto - 11 ottobre 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	13.945	42,8	13.959	41	1	<0,1	2	0,1
	B.1.1.7 + E484K	37	0,1	38	0,1	0	0	0	0
Beta ^a	B.1.351	135	0,4	155	0,5	1	<0,1	2	0,1
Gamma ^b	P.1	1.396	4,3	1.453	4,3	0	0	0	0
Delta ^c	B.1.617.2	13.205	40,5	14.371	42,2	3.454	90,8	3.144	90,8
Eta	B.1.525	182	0,6	272	0,8	0	0	0	0
Kappa	B.1.617.1	205	0,6	205	0,6	57	1,5	49	1,4
ND ^d	B.1.617.3	20	0,1	11	<0,1	0	0	0	0
ND ^{d,e}	P.2	1	<0,1	4	<0,1	0	0	0	0
	Altro lignaggio/non indicato ^f	3.449	10,6	3.577	10,5	293	7,7	265	7,7
Totale		32.575	100	34.045	100	3.806	100	3.462	100

* periodo 28 dicembre 2020 – 11 ottobre 2021; ** periodo 28 agosto – 11 ottobre 2021

a: la variante beta include nel sistema di sorveglianza integrata anche i relativi sotto-lignaggi

b: la variante gamma include nel sistema di sorveglianza integrata anche i relativi sotto-lignaggi

c: la variante delta include nel sistema di sorveglianza integrata anche i relativi sotto-lignaggi

d: non disponibile

e: precedentemente "zeta"

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

La distribuzione per fascia di età (**Figura 5**) evidenzia come in tutte le età siano più frequenti casi di infezione causati dalla **variante delta** di SARS-CoV-2 ed un aumento di casi dovuti alla **variante kappa** (lignaggio B.1.617.1) negli over 80.

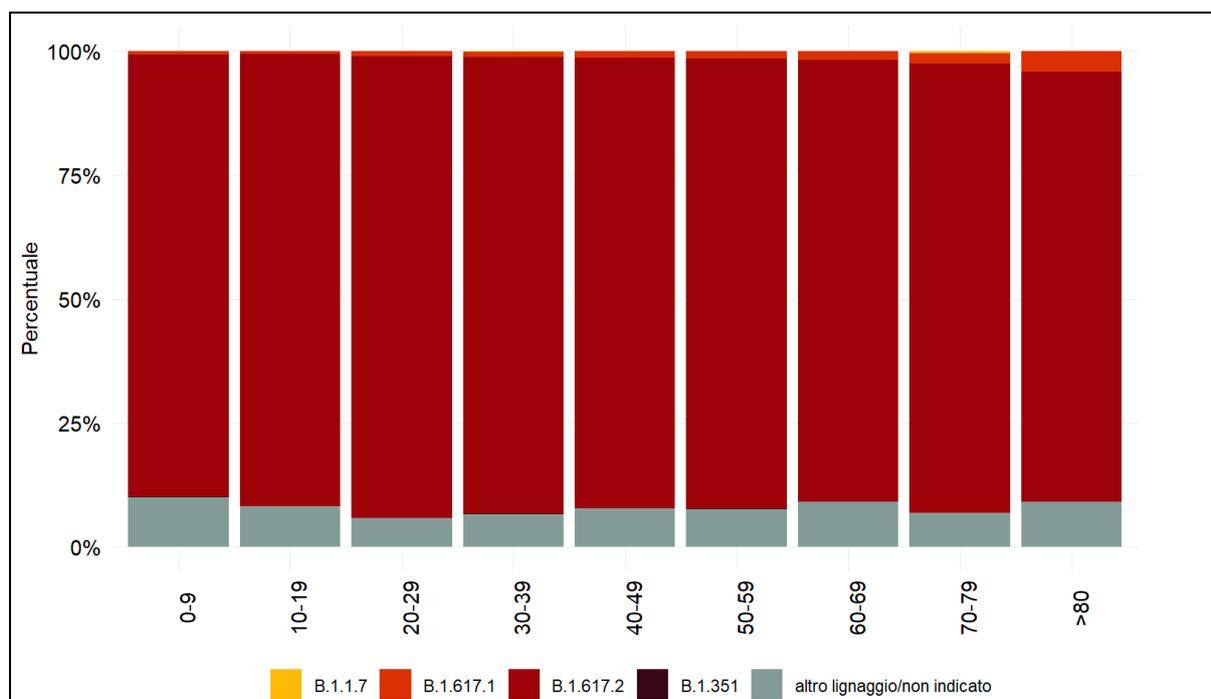


Figura 5 - Casi di infezione da SARS-CoV-2 causati da varianti di interesse sanitario, Italia, 28 agosto – 11 ottobre 2021. Distribuzione per fascia di età e variante.

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 dell'11 ottobre 2021 risultano accreditati per il caricamento/analisi e visualizzazione dei dati nella piattaforma I-Co-Gen, 70 utenti da 63 strutture sul territorio, a cui vanno aggiunti sei utenti abilitati alla sola visualizzazione dei dati contenuti nella piattaforma.

Le sequenze presenti nella piattaforma I-Co-Gen alla data del 11 ottobre 2021 (data ultimo accesso alla piattaforma per la redazione del presente rapporto) sono 62.281 (**Figura 6A, 6B**).

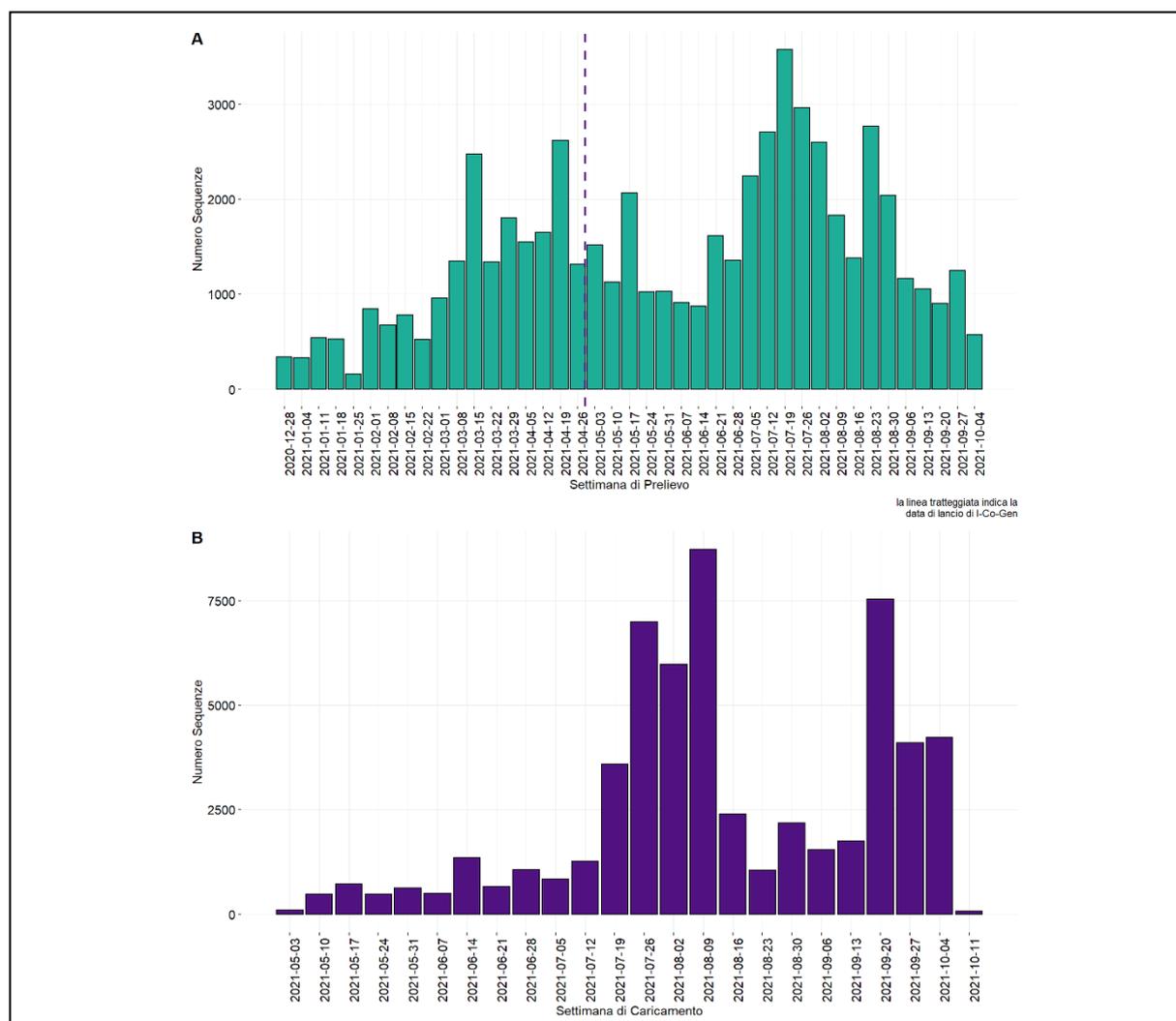


Figura 6 - Numero di sequenze depositate nella piattaforma I-Co-Gen per settimana di prelievo del campione, 28 dicembre 2020 – 11 ottobre 2021 (A). Numero di sequenze depositate sulla piattaforma I-Co-Gen per data di caricamento, dall'inizio della raccolta nazionale (03 maggio 2021) alla data di estrazione dei dati (11 ottobre 2021) (B).

L'assegnazione del lignaggio viene effettuata mediante il software Pangolin (Ver. 3.1.14), ed è legata alla qualità del dato caricato in piattaforma. Questa determinazione è stata possibile per 52.207 sequenze su un totale di 54.161 sequenze ottenute tramite *Next Generation Sequencing* (NGS), da tamponi raccolti tra il 28 dicembre 2020 e l'11 ottobre 2021. L'assegnazione del lignaggio ai campioni per cui è disponibile

la sequenza della sola regione codificante la proteina Spike, ottenuta mediante metodo Sanger (N=4.237), non può considerarsi definitiva e per queste sequenze è stato utilizzato il dato di assegnazione del clade, ottenuto con il software NextClade (Ver. 1.4).

Come illustrato in **tabella 5**, anche nella piattaforma I-Co-Gen, la **variante delta** (lignaggio B.1.617.2 + AY.1-38, clade 21A) si conferma dominante. Negli ultimi 45 giorni, dei 7.116 sequenziamenti depositati in piattaforma, il 99,5% (7.083) è risultato appartenere a tale variante, con una prevalenza di campioni ascrivibili, nell'ordine, ai lignaggi/sotto-lignaggi B.1.617.2, AY.4 ed AY.12.

Tabella 5 - 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 – 11 ottobre 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/ Clade ^s	Numero sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
Alfa	B.1.1.7	18.282	33,36	12	0,17
	B.1.1.7 + E484K	32	0,06	0	0,00
	Q.1	138	0,25	0	0,00
	Q.2	1.005	1,83	1	0,01
	Q.4	1	<0,01	0	0,00
	20I (Alpha, V1)	585	1,07	0	0,00
	Totale alfa	20.043	36,57	13	0,18
Beta	B.1.351	52	0,09	1	0,01
	B.1.351.2	9	0,02	0	0,00
	B.1.351.3	41	0,07	0	0,00
	20H (Beta, V2)	23	0,04	1	0,01
	Totale beta	125	0,23	2	0,03
Gamma	P.1	436	0,80	0	0,00
	P.1.1	1.719	3,14	0	0,00
	P.1.2	1	<0,01	0	0,00
	P.1.4	3	0,01	0	0,00
	P.1.7	287	0,52	0	0,00
	P.1.10	1	<0,01	0	0,00
	20J (Gamma, V3)	137	0,25	0	0,00
	Totale gamma	2.584	4,71	0	0,00
Delta	B.1.617.2	13.840	25,25	3.634	51,07
	AY.1	9	0,02	2	0,03
	AY.3	10	0,02	3	0,04
	AY.4	5.719	10,43	1.502	21,11
	AY.4.1	68	0,12	65	0,91
	AY.5	341	0,62	185	2,60
	AY.5.2	1	<0,01	1	0,01

Nomenclatura OMS	Lignaggio/Clade [§]	Numero sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
	AY.6	753	1,37	69	0,97
	AY.7	285	0,52	3	0,04
	AY.7.1	86	0,16	37	0,52
	AY.7.2	326	0,59	70	0,98
	AY.8	3	0,01	2	0,03
	AY.9	558	1,02	107	1,50
	AY.10	42	0,08	17	0,24
	AY.11	35	0,06	0	0,00
	AY.12	2.499	4,56	253	3,56
	AY.13	1	<0,01	1	0,01
	AY.14	38	0,07	18	0,25
	AY.15	2	<0,01	0	0,00
	AY.16	12	0,02	3	0,04
	AY.17	7	0,01	3	0,04
	AY.19	14	0,03	8	0,11
	AY.20	57	0,10	26	0,37
	AY.21	219	0,40	2	0,03
	AY.22	6	0,01	3	0,04
	AY.23	67	0,12	54	0,76
	AY.24	7	0,01	0	0,00
	AY.25	51	0,09	19	0,27
	AY.26	282	0,51	195	2,74
	AY.27	4	0,01	3	0,04
	AY.28	3	0,01	2	0,03
	AY.29	5	0,01	2	0,03
	AY.30	1	<0,01	0	0,00
	AY.32	146	0,27	133	1,87
	AY.33	118	0,22	101	1,42
	AY.34	173	0,32	161	2,26
	AY.36	18	0,03	16	0,22
	AY.37	36	0,07	33	0,46
	AY.38	3	0,01	2	0,03
	21A (Delta)	1.807	3,30	348	4,89
	Totale delta	27.652	50,45	7.083	99,54
Eta	B.1.525	421	0,77	0	0,00
	21D (Eta)	49	0,09	1	0,01
	Totale eta	470	0,86	1	0,01
Kappa	B.1.617.1	19	0,03	0	0,00

Nomenclatura OMS	Lignaggio/ Clade [§]	Numero sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
Lambda	C.37	14	0,03	0	0,00
	C.37.1	5	0,01	0	0,00
	Totale lambda	19	0,03	0	0,00
Mu	B.1.621	62	0,11	0	0,00
	B.1.621.1	18	0,03	0	0,00
	Totale mu	80	0,15	0	0,00
ND ^{a,b}	P.2	5	0,01	0	0,00
	Altri lignaggi	3.811	6,95	17	0,24
Totale		54.808	100	7.116	100

§: al fine della caratterizzazione della variante è stato considerato il lignaggio per le sequenze dell'intero genoma virale, mentre il clade è stato assegnato alle sequenze della sola proteina spike.

* periodo 28 dicembre 2020 – 11 ottobre 2021; ** periodo 28 agosto – 11 ottobre 2021

a: non disponibile; b: precedentemente "zeta"

In **Figura 7**, si evidenzia l'andamento delle VOC identificate nei campioni sequenziati e depositati nella piattaforma I-Co-Gen. A partire dal mese di luglio la **variante delta** è divenuta prevalente rispetto ad altre varianti. La **variante alfa** è ancora rilevata anche se in proporzione residuale, rappresentando lo 0,2% delle sequenze effettuate da tamponi prelevati negli ultimi 45 giorni (**Tabella 5**).

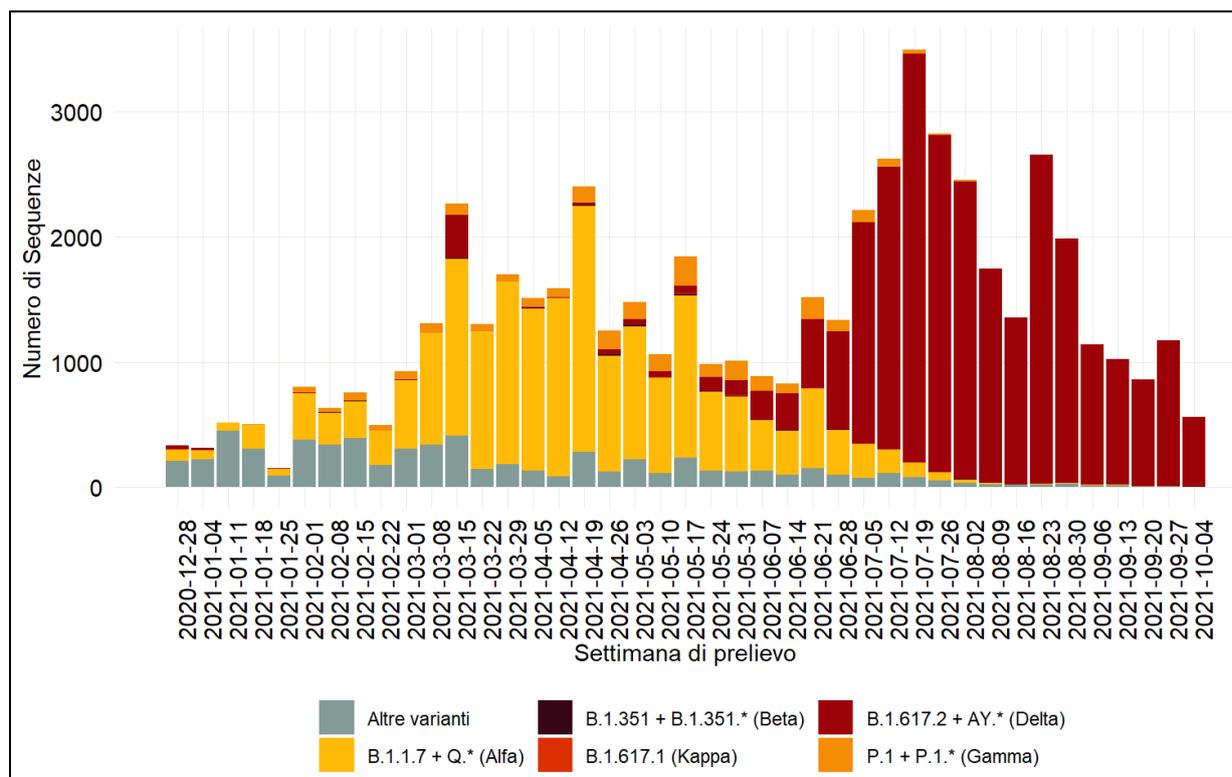


Figura 7 - Andamento delle principali VOC identificate mediante sequenziamento negli ultimi 6 mesi dal software della piattaforma I-Co-Gen, per settimana di campionamento (28 dicembre 2020 – 11 ottobre 2021).

Al di là delle varianti di SARS-CoV-2 monitorate dal Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 e degli altri lignaggi rilevanti per la Sanità Pubblica riportati in tabella 5, il tracciamento ha evidenziato la circolazione di oltre 100 lignaggi addizionali (**Tabella 6**), pari al 6,9% del totale delle sequenze depositate in piattaforma, alcuni dei quali oggetto di monitoraggio a livello internazionale (*Variants Under Monitoring, VUM*) sulla base di evidenze preliminari (<https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>). La progressiva diffusione della variante delta ha ridotto la frequenza di tali lignaggi allo 0,24% delle sequenze effettuate da tamponi prelevati negli ultimi 45 giorni (**Tabella 5**).

Tabella 6 - Distribuzione dei lignaggi non oggetto di monitoraggio da parte del Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19, o non ancora considerati rilevanti per la Sanità Pubblica in Italia, identificati dal software della piattaforma I-Co-Gen (Pangolin vers. 3.1.14 del 28 settembre 2021). Dati riferiti a campioni con data prelievo 28 dicembre 2020 – 11 ottobre 2021 (dati cumulativi e ultimi 45 giorni).

Nomenclatura OMS	Lignaggio/Clade	Monitoraggio	Numero di sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero di sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
ND	A.2.5	ND	1	0,03	0	0,00
ND	A.2.5.2	ND	17	0,45	0	0,00
ND	A.21	ND	1	0,03	0	0,00
ND	A.23.1	ND	4	0,10	0	0,00
ND	A.27	DEESC	9	0,24	0	0,00
ND	A.28	DEESC	15	0,39	0	0,00
ND	A.29	ND	1	0,03	0	0,00
ND	AH.1	ND	2	0,05	0	0,00
ND	AH.3	ND	3	0,08	0	0,00
ND	AZ.2	ND	17	0,45	0	0,00
ND	B.1.1	ND	98	2,57	0	0,00
ND	B.1.1.1	ND	6	0,16	0	0,00
ND	B.1.1.10	ND	2	0,05	0	0,00
ND	B.1.1.121	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.1.136	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.1.153	ND	2	0,05	0	0,00
ND	B.1.1.161	ND	8	0,21	0	0,00
ND	B.1.1.174	ND	2	0,05	0	0,00
ND	B.1.1.189	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.1.208	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.1.222	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.1.229	ND	5	0,13	0	0,00
ND	B.1.1.277	ND	2	0,05	0	0,00
ND	B.1.1.28	ND	2	0,05	0	0,00
ND	B.1.1.285	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.1.294	ND	3	0,08	2	11,76
ND	B.1.1.301	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.1.305	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.1.317	ND	2	0,05	0	0,00
ND	B.1.1.318	VUM	66	1,73	0	0,00
ND	B.1.1.33	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.1.351	ND	7	0,18	0	0,00
ND	B.1.1.353	ND	2	0,05	0	0,00

Nomenclatura OMS	Lignaggio/Clade	Monitoraggio	Numero di sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero di sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
ND	B.1.1.355	ND	6	0,16	0	0,00
ND	B.1.1.371	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.1.372	ND	2	0,05	0	0,00
ND	B.1.1.379	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.1.39	ND	5	0,13	0	0,00
ND	B.1.1.398	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.1.409	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.1.420	ND	173	4,54	0	0,00
ND	B.1.1.515	ND	6	0,16	0	0,00
ND	B.1.1.519	DEESC	2	0,05	0	0,00
ND	B.1.1.523	ND	7	0,18	0	0,00
ND	B.1.1.525	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.1.97	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.153	ND	11	0,29	0	0,00
ND	B.1.160	ND	189	4,96	0	0,00
ND	B.1.160.25	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.160.30	ND	4	0,10	0	0,00
ND	B.1.160.8	ND	2	0,05	0	0,00
ND	B.1.177	ND	1.356	35,58	0	0,00
ND	B.1.177.10	ND	13	0,34	0	0,00
ND	B.1.177.12	ND	2	0,05	0	0,00
ND	B.1.177.15	ND	3	0,08	0	0,00
ND	B.1.177.21	ND	2	0,05	0	0,00
ND	B.1.177.23	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.177.24	ND	2	0,05	0	0,00
ND	B.1.177.28	ND	3	0,08	0	0,00
ND	B.1.177.31	ND	2	0,05	0	0,00
ND	B.1.177.33	ND	46	1,21	0	0,00
ND	B.1.177.35	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.177.4	ND	7	0,18	0	0,00
ND	B.1.177.43	ND	2	0,05	0	0,00
ND	B.1.177.51	ND	28	0,73	0	0,00
ND	B.1.177.52	ND	10	0,26	0	0,00
ND	B.1.177.53	ND	32	0,84	0	0,00
ND	B.1.177.57	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.177.6	ND	3	0,08	0	0,00
ND	B.1.177.62	ND	2	0,05	0	0,00
ND	B.1.177.65	ND	3	0,08	0	0,00
ND	B.1.177.7	ND	2	0,05	0	0,00
ND	B.1.177.72	ND	2	0,05	0	0,00
ND	B.1.177.75	ND	230	6,04	0	0,00
ND	B.1.177.77	ND	4	0,10	0	0,00
ND	B.1.177.81	ND	25	0,66	0	0,00

Nomenclatura OMS	Lignaggio/Clade	Monitoraggio	Numero di sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero di sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
ND	B.1.177.83	ND	97	2,55	0	0,00
ND	B.1.177.86	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.177.87	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.177.88	ND	60	1,57	0	0,00
ND	B.1.2	ND	2	0,05	0	0,00
ND	B.1.214.2	DEESC	3	0,08	0	0,00
ND	B.1.221	ND	28	0,73	0	0,00
ND	B.1.222	ND	2	0,05	0	0,00
ND	B.1.236	ND	63	1,65	0	0,00
ND	B.1.240	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.241	ND	2	0,05	0	0,00
ND	B.1.258	ND	111	2,91	0	0,00
ND	B.1.258.14	ND	228	5,98	0	0,00
ND	B.1.258.17	ND	49	1,29	0	0,00
ND	B.1.258.3	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.258.4	ND	3	0,08	0	0,00
ND	B.1.260	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.311	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.350	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.36	ND	3	0,08	0	0,00
ND	B.1.36.1	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.367	ND	19	0,50	0	0,00
ND	B.1.375	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.380	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.389	ND	2	0,05	0	0,00
ND	B.1.398	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.402	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.411	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.416	ND	4	0,10	0	0,00
Epsilon	B.1.427	DEESC	1	0,03	0	0,00
Epsilon	B.1.429	DEESC	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.467	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.499	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.517	ND	1	0,03	0	0,00
Iota	B.1.526	DEESC	10	0,26	0	0,00
ND	B.1.540	ND	14	0,37	0	0,00
ND	B.1.566	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.575	ND	13	0,34	4	23,53
ND	B.1.575.1	ND	2	0,05	0	0,00
ND	B.1.575.2	ND	3	0,08	0	0,00
ND	B.1.604	ND	1	0,03	0	0,00
ND	B.1.619	ND	2	0,05	0	0,00
ND	B.1.620	DEESC	63	1,65	0	0,00

Nomenclatura OMS	Lignaggio/Clade	Monitoraggio	Numero di sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero di sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
ND	B.1.623	ND	1	0,03	1	5,88
ND	B.1.628	ND	2	0,05	0	0,00
ND	B.1.629	ND	15	0,39	0	0,00
ND	B.1.630	ND	3	0,08	0	0,00
ND	B.55	ND	2	0,05	0	0,00
ND	B.57	ND	1	0,03	0	0,00
ND	C.1.2	VUM	1	0,03	1	5,88
ND	C.16	DEESC	2	0,05	0	0,00
ND	C.18	ND	27	0,71	0	0,00
ND	C.35	ND	2	0,05	0	0,00
ND	C.36 + L452R	VUM	10	0,26	0	0,00
ND	C.36	ND	7	0,18	0	0,00
ND	C.36.3 + L452R	VUM	247	6,48	0	0,00
ND	C.36.3	ND	3	0,08	0	0,00
ND	C.36.3.1 + L452R	VUM	2	0,05	0	0,00
ND	C.38	ND	15	0,39	0	0,00
ND	L.3	ND	1	0,03	0	0,00
ND	N.5	ND	2	0,05	0	0,00
Theta	P.3	DEESC	1	0,03	0	0,00
ND	R.1	ND	2	0,05	0	0,00
ND	W.4	ND	1	0,03	0	0,00
ND	Z.1	ND	1	0,03	0	0,00
ND	Altri§	ND	178	4,67	9	52,94
Totale			3.891	100	17	100

ND: non disponibile

VUM: Variant Under Monitoring (variante sotto monitoraggio, fonte: <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>); DEESC: deescalated 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.

Analisi delle mutazioni identificate nella sequenza della proteina Spike

L'importanza del monitoraggio delle mutazioni presenti nella proteina Spike, oltre che dei lignaggi prevalenti nella popolazione, è sottolineata da evidenze riportate in letteratura che associano la loro presenza a proprietà antigeniche del virus, indipendentemente dal lignaggio. In particolare, mutazioni presenti nella regione definita dominio N terminale (NTD, residui 14-303) dominio di legame al recettore (RBD, residui 331-527) o nella regione di fusione del peptide (FP, residui 815-834) possono avere impatto nel processo di evasione alla risposta immunitaria.

In **tabella 7** sono riportate, per i campioni assegnati dal software che opera nella piattaforma I-Co-Gen alla **variante delta** (clade 21A), le mutazioni identificate all'interno del dominio RBD e della giunzione S1/S2 della proteina Spike e segnalate come mutazioni di interesse dall'ECDC, e altre mutazioni in posizioni che, da evidenze scientifiche, vengono considerate rilevanti (per esempio quanto riportato da COG-UK, <http://sars2.cvr.gla.ac.uk/cog-uk/>). Le sequenze con sostituzioni amminoacidiche nelle posizioni monitorate sono presenti nel database della piattaforma I-Co-Gen in proporzioni variabili tra lo

0,1% (posizione 484 e 417) e il 2,3% (posizione 501 e 613) del totale dei sequenziamenti. Sono state identificate 30 sequenze (0,1% del totale) mutate in posizione 484, di cui 12 corrispondenti alla mutazione E484Q e 13 alla mutazione E484K. Cinque campioni hanno mostrato le sostituzioni E484D, E484G e E484V, già descritte in altre varianti e oggetto di monitoraggio. La sostituzione N501Y è risultata presente nell'1,3% delle sequenze. Negli ultimi 45 giorni, la sostituzione Q613H rappresenta il 2,9% (209/7.220) del totale delle sequenze riconducibili alla variante delta.

Tabella 7 - Frequenza di alcune mutazioni di interesse riscontrate nelle sequenze amminoacidiche della Spike dei ceppi di SARS-CoV-2 appartenenti al clade 21A, variante delta. Vengono riportate le principali mutazioni identificate all'interno della regione 319-541 (dominio di legame del recettore) e 613-705 (giunzione S1/S2). Dati riferiti a campioni con data prelievo 28 dicembre 2020 – 11 ottobre 2021 (dati cumulativi e ultimi 45 giorni, periodo 28 agosto – 11 ottobre 2021).

Mutazioni	Sequenze Clade 21A (variante delta) Numero sequenze (cumulativi)	Sequenze Clade 21A (variante delta) Numero sequenze (ultimi 45 giorni)
K417N	15	3
L452R	27.003	7.009
T478K	26.659	6.893
E484K	13	3
E484Q	12	9
E484D	2	1
E484V	2	0
E484G	1	0
N501Y	361	26
Q613H	649	209
D614G	27.444	7.048
P681R	27.249	7.058
Totale sequenze^a	28.105	7.220

a: totale delle sequenze depositate e classificate come variante delta, comprensivo sia dei genomi completi che delle sequenze ottenute esclusivamente dal gene S codificante la proteina Spike.

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. Per quanto riguarda le varianti preoccupanti (VOC) e le varianti d'interesse (VOI), 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 12 ottobre 2021):

Tabella 8 - Varianti preoccupanti per la Sanità Pubblica (Variant of Concern - VOC) – 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

*Include tutti i lignaggi discendenti

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

Tabella 9 - Varianti di interesse per la Sanità Pubblica (Variant of Interest - VOI) – classificazione OMS

Nomenclatura OMS	Lignaggio Pango*	Clade GISAID	Clade Nextstrain	Primi campioni documentati	Data di designazione
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

*Include tutti i lignaggi discendenti

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 **11 ottobre 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 2,5% dei campioni positivi rilevati ogni settimana.

La **Figura 1**, già mostrata in questo documento, evidenzia come il numero di casi genotipizzati aumenti in coincidenza con le indagini rapide di prevalenza realizzate a partire dal mese di febbraio 2021 (indagine più recente del **28 settembre 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 – 11 ottobre 2021**, varia da regione a regione (**Figura 8A**); si può notare però un sostanziale incremento su quasi tutto il territorio (**Figura 8B**) nel periodo più recente (**28 agosto 2021 – 11 ottobre 2021**). Questo elemento deve essere considerato nella lettura delle mappe riportate in questo rapporto.

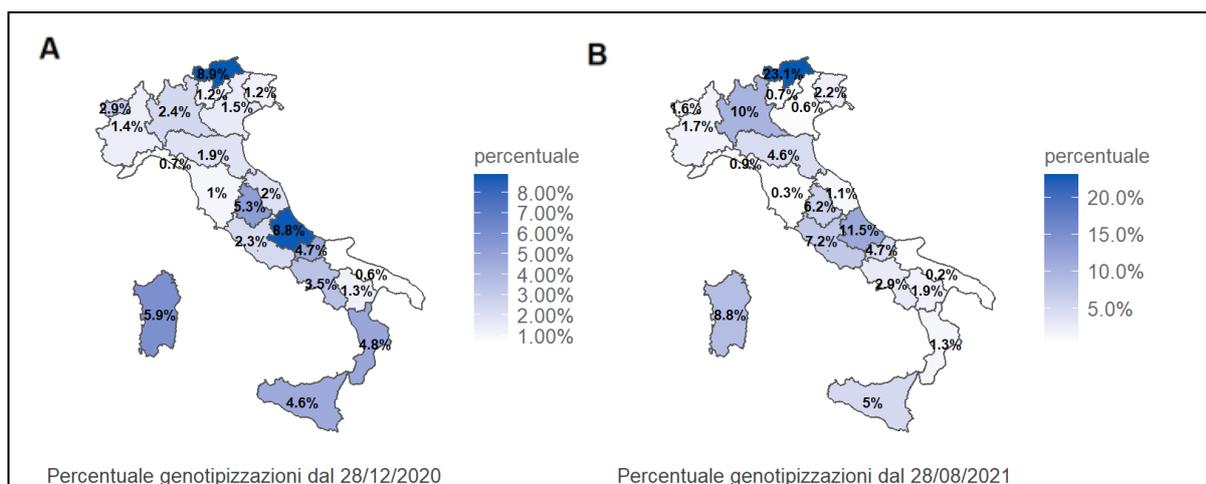


Figura 8 - Percentuale di casi di infezione confermata da SARS-CoV-2 in cui è stata realizzata una genotipizzazione riportata al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 per Regione/PA nel periodo 28 dicembre 2020 – 11 ottobre 2021 (A) e nel periodo 28 agosto 2021 – 11 ottobre 2021 (B).

In **Tabella 10** sono riportati, per lo stesso periodo, i dati di genotipizzazione estrapolati, per alcune varianti degne di nota, dalla piattaforma genomica di condivisione internazionale GISAID (<https://www.gisaid.org/>) e relativi a casi per i quali è nota la data, anche parziale, di campionamento.

Tabella 10 - Frequenza di genotipizzazione di alcune varianti di SARS-CoV-2, Italia, 28 dicembre 2020 – 11 ottobre 2021; fonte GISAID (<https://www.gisaid.org/>, sottomissioni al 11 ottobre 2021).

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Numero di sequenze	%
Alfa	B.1.1.7	23.898	38,57
	B.1.1.7 + E484K	28	0,05
	Q.1	170	0,27
	Q.2	1.771	2,86
	Totale alfa	25.879	41,77
Beta	B.1.351	71	0,11
	B.1.351.3	39	0,06
	Totale beta	127	0,20
Gamma	P.1	182	0,29
	P.1.1	2.387	3,85
	Totale gamma	2.585	4,17
Delta	B.1.617.2	10.038	16,20
	AY.4	5.980	9,65
	AY.4.1	51	0,08
	AY.5	378	0,61
	AY.6	403	0,65
	AY.7.1	156	0,25
	AY.7.2	588	0,95
	AY.9	485	0,78
	AY.14	34	0,05
	AY.16	61	0,10
	AY.20	54	0,09
	AY.21	283	0,46
	AY.23	74	0,12
	AY.24	29	0,05
	AY.25	45	0,07
	AY.26	490	0,79
	AY.33	296	0,48
	AY.34	1.925	3,11
	AY.36	38	0,06
	AY.37	337	0,54
Totale delta	21.876	35,31	
Eta	B.1.525	448	0,72
Mu	B.1.621	64	0,10
	Totale mu	82	0,13
	Altro lignaggio	10.961	17,69
Totale		61.958	100,00

A cura di: Paola Stefanelli, Alessandra Lo Presti, Angela Di Martino, Luigina Ambrosio, 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 Marni, 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 Ibbà, 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.