

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

19 maggio 2021

In evidenza

Nel periodo dal **28 dicembre 2020** al **19 maggio 2021** sono stati segnalati al **Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19** un totale di **23.170** casi di infezione da virus SARS-CoV-2 con genotipizzazione tramite sequenziamento su un totale di 2.083.674 di casi riportati (pari quindi a 1,11%).

- ✓ La variante del virus SARS-CoV-2 prevalentemente circolante in Italia è la variante **VOC-202012/01** (cosiddetta variante UK) - **lignaggio B.1.1.7**, caratterizzata da una elevata trasmissibilità.
- ✓ Il **lignaggio P.1** (cosiddetta variante brasiliana) ha una diffusione maggiore in alcune Regioni italiane.
- ✓ La prevalenza di **altre varianti** del virus SARS-CoV-2 di interesse per la sanità pubblica è <1% nel nostro paese, ad eccezione della cosiddetta variante nigeriana (1,17%).
- ✓ È necessario continuare a monitorare con grande attenzione la circolazione delle varianti del virus SARS-CoV-2 ed in particolare la presenza di mutazioni riconducibili ad una maggiore trasmissibilità e/o associate ad un potenziale *immune escape*.

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 del virus SARS-CoV-2 di interesse per la sanità pubblica sul territorio nazionale (dati dal Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19)	5
3. Note di lettura	12

Il presente rapporto integra i dati sulle varianti del virus SARS-CoV-2 di interesse per la sanità pubblica, circolanti in Italia, provenienti dalla più recente **indagine rapida di prevalenza** condotta dall'Istituto Superiore di Sanità in collaborazione con FBK e Ministero della Salute, e dalla distribuzione delle stesse varianti riportata dalle Regioni e Province Autonome (PA) e dal Laboratorio nazionale di riferimento per SARS-CoV-2 dell'Istituto Superiore Sanità al **Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19** coordinata dall'Istituto Superiore di Sanità nel periodo 28 dicembre 2020 - 19 maggio 2021 (data di analisi 19 maggio 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 di prevalenza più recente (**20 aprile 2021, [disponibile online sul sito dell'Istituto Superiore di Sanità](#)**), il lignaggio B.1.1.7 risulta il più diffuso in Italia (**Figura 1 A**) con una prevalenza nazionale del 91,6% (range regionale: 77,8 - 100%). Il lignaggio P.1 rappresenta il secondo lignaggio più diffuso con una prevalenza nazionale molto più bassa (4,5%; range regionale: 0 – 18,3%), che tuttavia supera il 10% in alcune Regioni/PA del Nord e del Centro Italia (**Figura 1 B**).

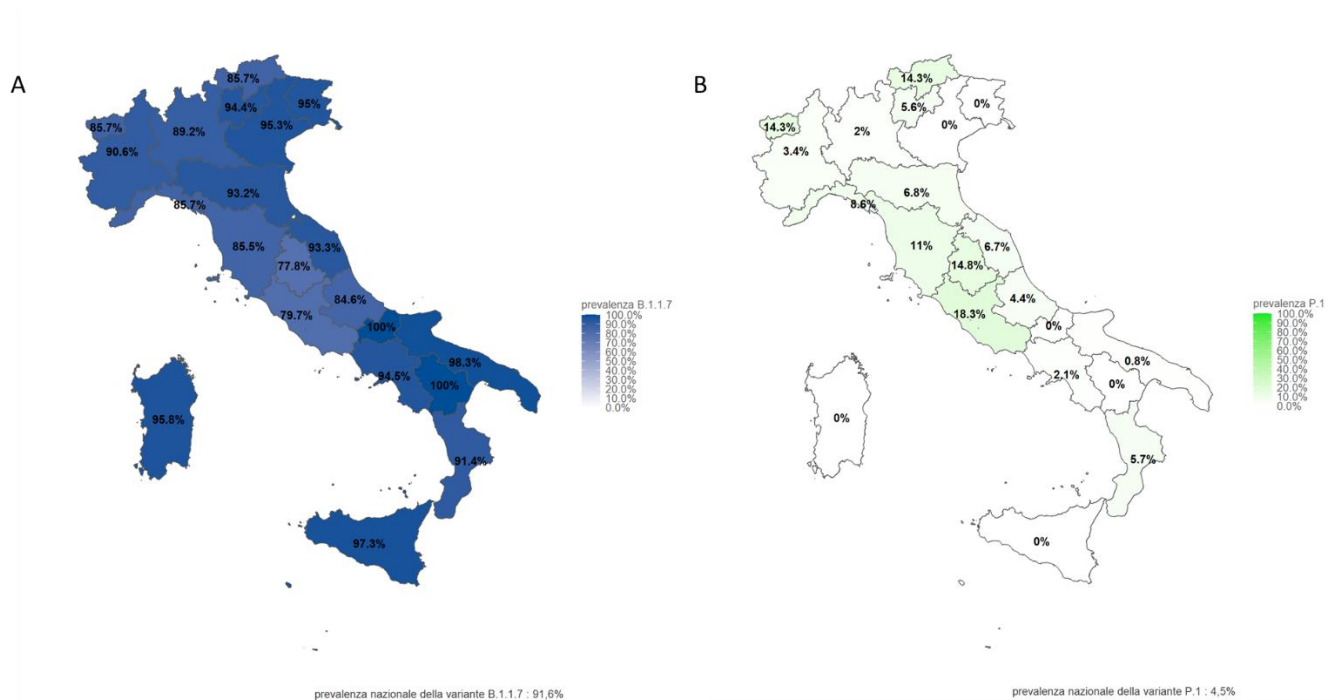


Figura 1 – Prevalenza della variante VOC-202012/01 (cosiddetta variante UK) - lignaggio B.1.1.7 (A) e la variante cosiddetta brasiliana - lignaggio P.1 (B), in Italia, 20 aprile 2021

Molto più bassa (<1%) risulta la prevalenza nazionale del lignaggio B.1.351 (0,1%; range regionale: 0 – 1,4%) e del lignaggio B.1.525 (0,4%; range regionale: 0 – 7,4%) con livelli di diffusione più elevati in alcune Regioni italiane (**Figura 2 A e B**).

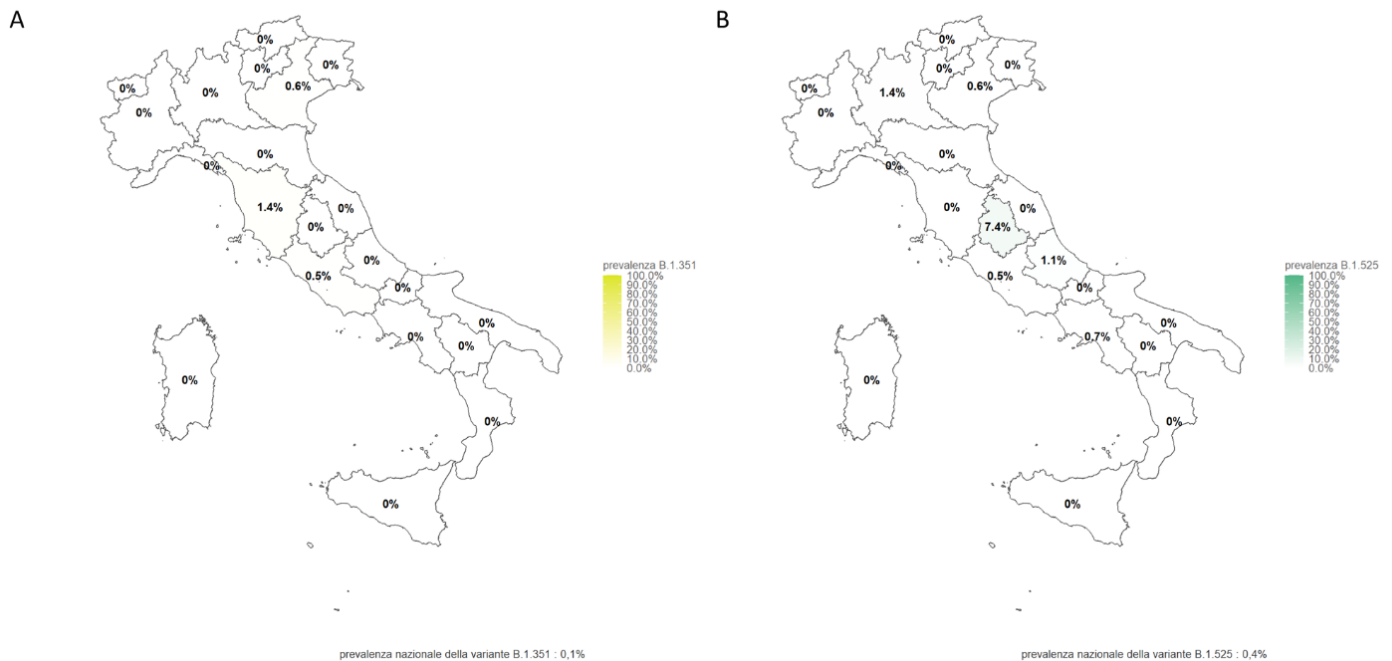


Figura 2 – Prevalenza della variante 501Y.V2 (cosiddetta variante Sudafricana) - lignaggio B.1.351 (A) variante cosiddetta nigeriana - lignaggio B.1.525 (B), in Italia, 20 aprile 2021.

Un solo caso di infezione causato dal lignaggio B.1.617.2 (variante indiana) è stata identificata nell'ambito dell'indagine dalla Regione Veneto. Non sono invece stati identificati casi di infezione da lignaggio P.2.

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

Nel periodo **28 dicembre 2020** al **19 maggio 2021**, sono stati segnalati al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 un totale di **23.170** casi di infezione da virus SARS-CoV-2 con genotipizzazione su un totale di 2.083.674 casi notificati (pari quindi al 1,11%).

Tra questi, nel 73,06% dei casi è stato individuato il lignaggio B.1.1.7 e nel 6% il lignaggio P.1. Il 18,9% dei casi è stato causato da virus genotipizzati non riconducibili alle sette varianti attualmente monitorate dal Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 (**Tabella 1**).

Tabella 1 - Frequenza di genotipizzazione per variante del virus SARS-CoV-2, Italia, 28 dicembre 2020 – 19 maggio 2021.

Lignaggio	Numero di casi	%
B.1.1.7 (VOC-202012/01 - Variante UK)	16.927	73,06
B.1.351 (501Y.V2 - variante sudafricana)	192	0,83
P.1 (variante brasiliana)	1.388	6,00
P.2 (variante brasiliana)	9	0,04
B.1.525 (variante nigeriana)	272	1,17
B.1.1.7 + E484K	6	0,03
B.1.617.1/2 (variante indiana)*	5**	0,02
Altro lignaggio /non indicato***	4.371	18,9
Totale	23.170	100,0

*nel modo di riportare la variante indiana B.1.617.1/2 si intende la variante B.1.617.1 e B.1.617.2.

**la variante indiana è stata introdotta di recente nel Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19, pertanto è possibile che sul territorio italiano siano presenti più casi appartenenti a tale lignaggio, ma non ancora segnalati al sistema di sorveglianza.

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

Sebbene l'andamento dei casi di infezione confermata da virus SARS-CoV-2, riportati al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 per cui sia stata effettuata o meno una genotipizzazione sia fortemente influenzato dalla percentuale dei campioni genotipizzati (vedere note di lettura) che aumenta in occasione delle indagini rapide di prevalenza (indicate con linee tratteggiate), (**Figura 3**), si osserva una sostanziale stabilità, con oscillazioni settimanali, nel numero di genotipizzazioni riportate e riconducibili a varianti virali di interesse sanitario a partire dalla prima settimana di febbraio 2021, da quando il sistema di raccolta del dato è entrato in piena attività.

Nel periodo in esame, coerentemente con quanto mostrato dalle indagini di prevalenza, il lignaggio B.1.1.7 ha causato il maggior numero di casi di infezione da virus SARS-CoV-2 riportati come genotipizzati nel sistema di sorveglianza ogni settimana, seguito dal lignaggio P.1 (**Figura 4**). I dati

delle ultime settimane, contrassegnati dal riquadro grigio, sono parziali e quindi non devono essere interpretati come una riduzione nel numero e nel tipo di varianti di SARS-CoV-2 circolanti nel Paese.

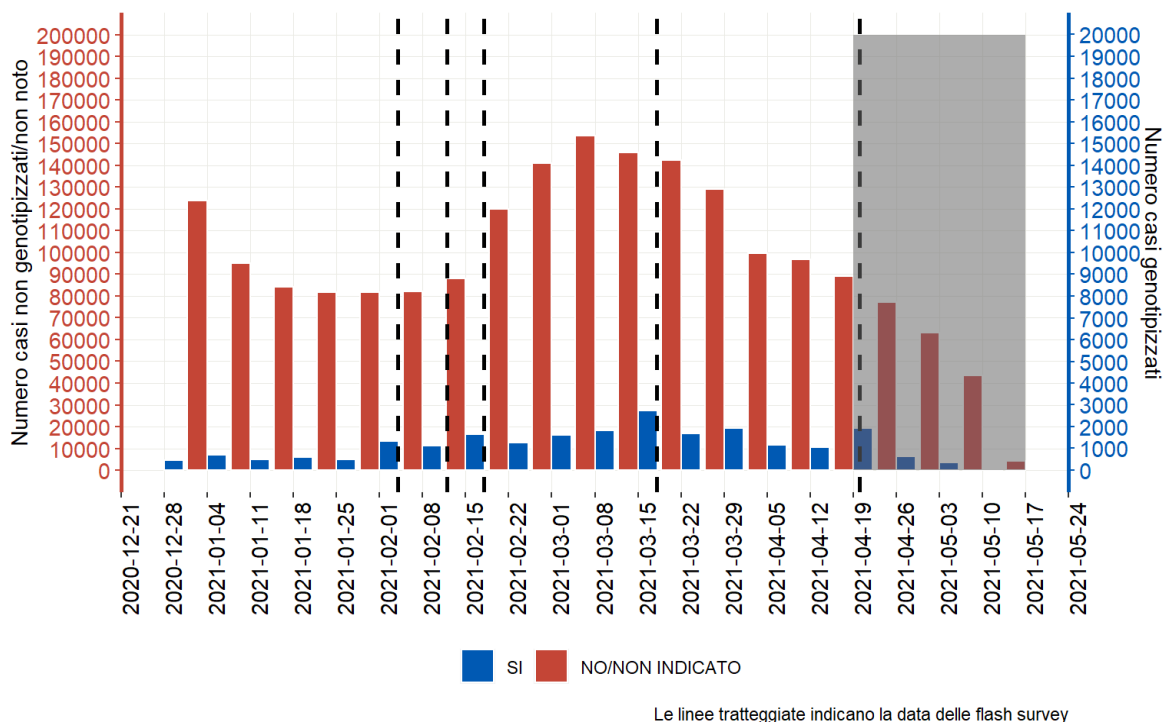


Figura 3 – Numero di casi di infezione confermata da virus SARS-CoV-2, riportati al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19, per settimana di prelievo/diagnosi per cui sia stata effettuata (blu) o meno (rosso) una genotipizzazione, 28 dicembre 2020 – 19 maggio 2021.

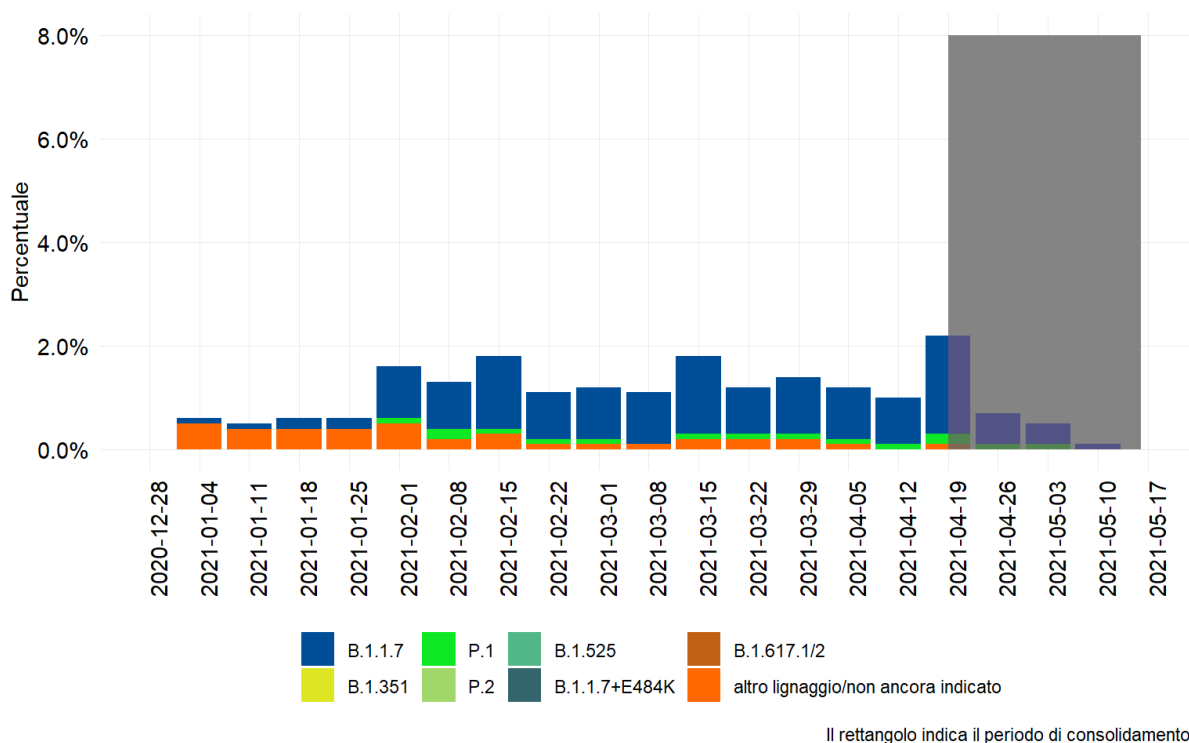


Figura 4 – Percentuale di casi di infezione da virus SARS-CoV-2 genotipizzati e indicati per lignaggio, 28 dicembre 2020 – 19 maggio 2021.

Le **Figure 5** e **6** mostrano la distribuzione geografica di ognuna delle cinque varianti monitorate, mettendo in evidenza le province che hanno segnalato dal 28 dicembre 2020 al 19 maggio 2021, almeno un caso di infezione causata da una variante del virus SARS-CoV-2 di interesse per la sanità pubblica.

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.

Il lignaggio B.1.1.7 è il ceppo di SARS-CoV-2 maggiormente identificato sul territorio nazionale, seguito dal lignaggio P.1 (**Figura 5**). Varianti di interesse sanitario di altro lignaggio sono state identificate in un numero minore di province italiane (**Figura 6**).

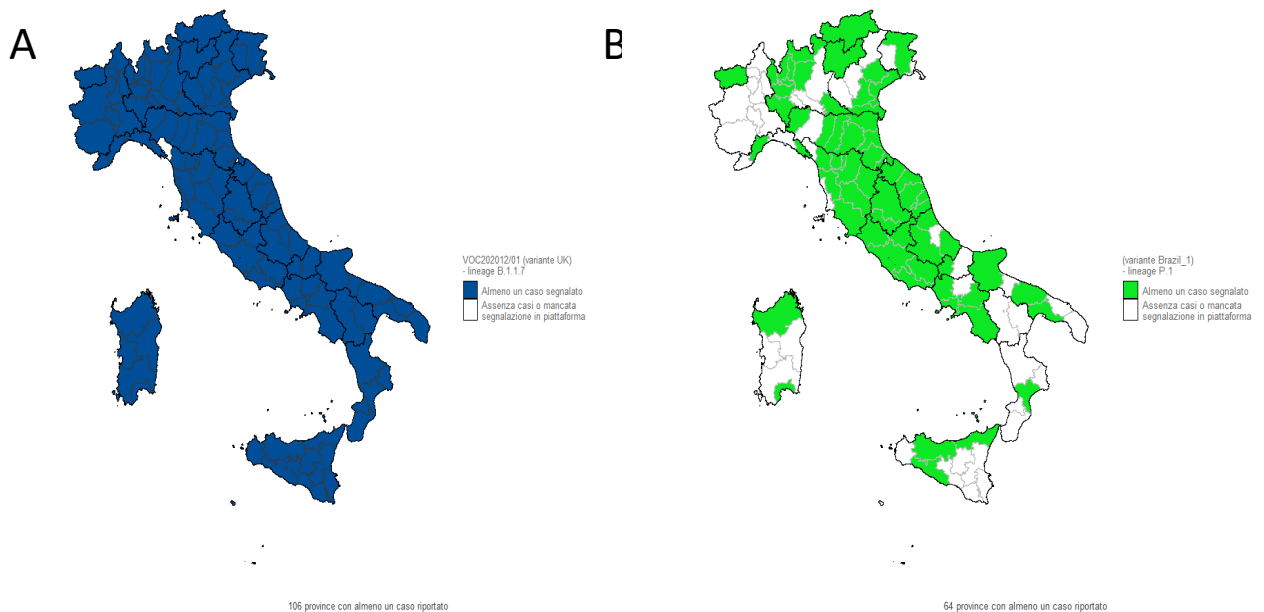


Figura 5 – Province italiane in cui è stato segnalato almeno un caso di infezione da virus SARS-CoV-2 causato dalla variante VOC-202012/01 (variante UK) - lignaggio B.1.1.7 (A) e dalla variante Brasiliana - lignaggio P.1 (B), Italia, 20 dicembre 2020 – 19 maggio 2021.

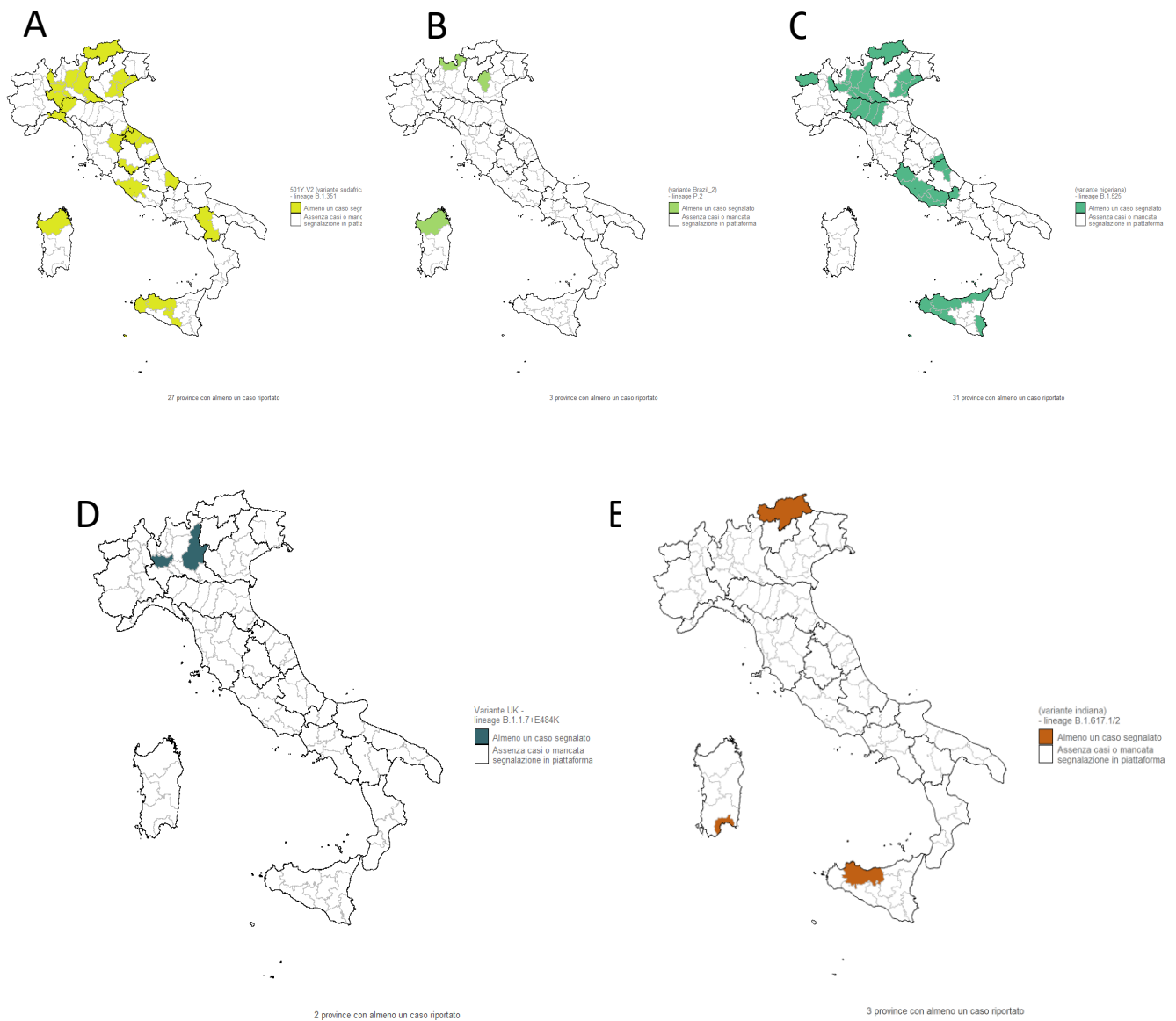


Figura 6 – Province italiane in cui è stato segnalato almeno un caso di infezione da virus SARS-CoV-2 causato dalla variante 501Y.V2 (variante Sudafricana) - lignaggio B.1.351 (A), dalla variante Brasiliana - lignaggio P.2 (B), dalla variante Nigeriana- lignaggio B.1.525 (C), dal lignaggio B.1.1.7+ E484K (D) e dalla variante Indiana - lignaggio B.1.617.1/2 (E); Italia, 20 dicembre 2020 – 19 maggio 2021

La maggior parte dei casi riportati di infezione causati da varianti del virus SARS-CoV-2 di interesse sanitario rilevate dal Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19, sono state contratte sul territorio italiano. Sono molto rari i casi riconducibili ad infezioni contratte all'estero ad eccezione dei casi di infezione causati dalla variante Indiana (**Figura 7**).

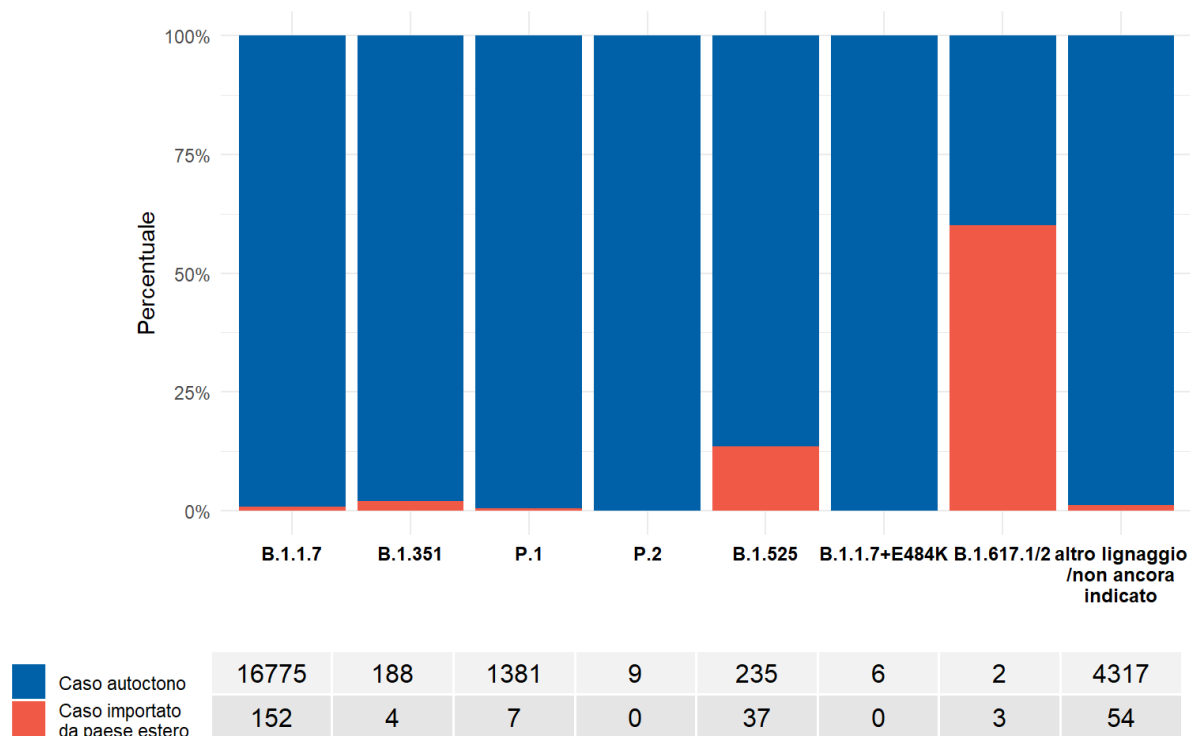


Figura 7 – Numero e percentuale di casi di infezione causate da varianti del virus SARS-CoV-2 di interesse sanitario per luogo di infezione, Italia, **28 dicembre 2020 – 19 maggio 2021**. In ordine da sinistra a destra variante VOC-202012/01 (variante UK) - lignaggio B.1.1.7; variante 501Y.V2 (variante Sudafricana) - lignaggio B.1.351; variante Brasiliana - lignaggio P.1; variante Brasiliana - lignaggio P.2; variante Nigeriana- lignaggio B.1.525; lignaggio B.1.1.7+ E484K e dalla variante Indiana - lignaggio B.1.617.1/2.

La distribuzione delle infezioni causate dalle varianti virali sotto sorveglianza riflette la prevalenza sul territorio nazionale senza evidenziare particolari differenze per sesso (**Tabella 2**). La distribuzione per fascia di età (**Figura 8**) mette in evidenza una percentuale lievemente maggiore di casi di infezione da virus SARS-CoV-2 lignaggio P.1 nei soggetti di età superiore ai 90 anni.

Tabella 2 – Casi di infezione da virus SARS-CoV-2 causati da varianti di interesse sanitario, Italia, 28 dicembre 2020 – 19 maggio 2021. Distribuzione per sesso e variante.

Variante	Femmine		Maschi	
	N	%	N	%
B.1.1.7 (VOC-202012/01 - variante UK)	8432	73,09	8495	73,02
B.1.351 (501Y.V2 - variante sudafricana)	95	0,82	97	0,83
P.1 (variante brasiliana)	704	6,1	684	5,88
P.2 (variante brasiliana)	5	0,04	4	0,03
B.1.525 (variante nigeriana)	109	0,94	163	1,4
B.1.1.7 + E484K	3	0,03	3	0,03
B.1.617.1/2 (variante indiana)*	1	0,01	4	0,03
Altro lignaggio/non indicato**	2187	18,96	2184	18,77

*nel modo di riportare la variante indiana B.1.617.1/2 si intende la variante B.1.617.1 e B.1.617.2.

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

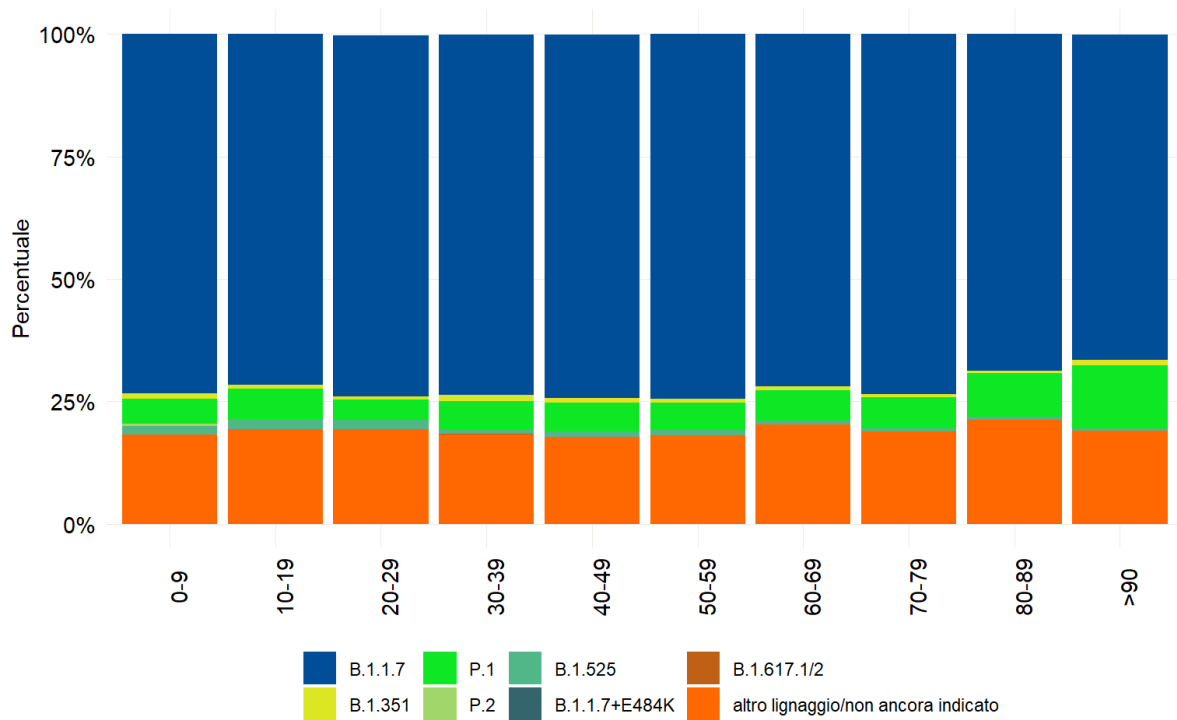


Figura 8 - Casi di infezione da virus SARS-CoV-2 causati da varianti di interesse sanitario, Italia, 28 dicembre 2020 – 19 maggio 2021. Distribuzione per fascia di età e variante.

3. 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 sette varianti di seguito riportate:

- VOC-202012/01 (Variante UK) - lignaggio B.1.1.7
- 501Y.V2 (Variante Sudafricana) - lignaggio B.1.351
- (Variante Brasiliana) - lignaggio P.1
- (Variante Brasiliana) - lignaggio P.2
- (Variante Nigeriana) - lignaggio B.1.525
- (Variante UK) - lignaggio B.1.1.7 + E484K
- (Variante Indiana) – lignaggio B.1.617.1/2/3

La lista delle varianti del virus 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) o "variants of interest" (VOI).

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 stimata tramite studi ad hoc e la distribuzione nel tempo e nello spazio delle varianti di interesse per la sanità pubblica notificate al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 e le caratteristiche delle persone (es. genere, età) che hanno contratto una infezione causata da una di queste varianti.

I dati qui presentati riferiscono a dati inviati dalle Regioni/PPAA e con una diagnosi di infezione da virus 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 **19 maggio 2021**.

I dati relativi a casi di infezioni da virus 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 virus SARS-CoV-2.** Nel periodo di riferimento di questo bollettino,

la percentuale di genotipizzazione è stata complessivamente dell'1,11% dei campioni positivi rilevati ogni settimana.

La **Figura 3**, 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.

Inoltre, la percentuale di casi di infezione confermata da virus SARS-CoV-2 in cui è stata realizzata una genotipizzazione, riportata al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19, nel periodo **28 dicembre 2020 – 19 maggio 2021**, varia da regione a regione (**Figura 9**), questo elemento deve essere considerato nella lettura delle mappe riportate in questo rapporto.

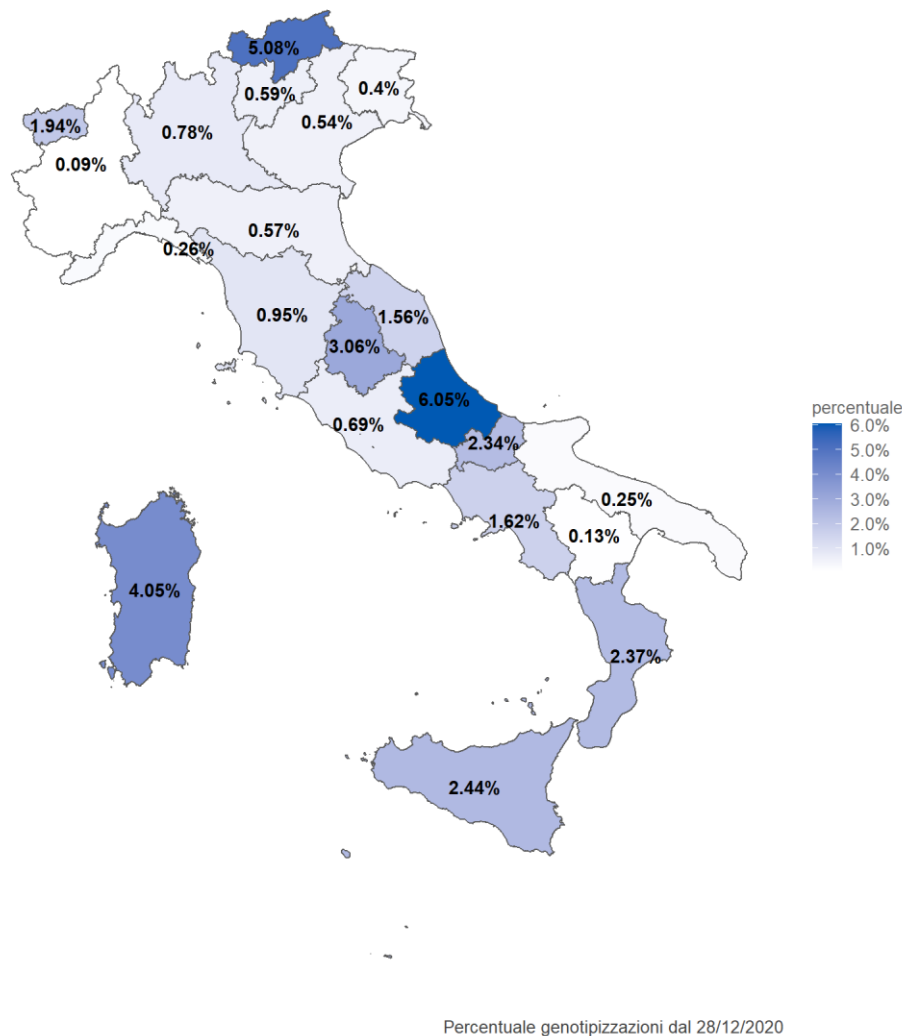


Figura 8 - Percentuale di casi di infezione confermata da virus SARS-CoV-2 in cui è stata realizzata una genotipizzazione riportata al **Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19** per Regione/PA, **28 dicembre 2020 – 19 maggio 2021**.

Da una stima effettuata confrontando, per lo stesso periodo, i dati di genotipizzazione presentati in questo rapporto con quelli estrapolati dalla piattaforma genomica di condivisione internazionale GISAID (<https://www.gisaid.org/>), relativi a casi per i quali è nota la data di campionamento, risulta evidente una sottotifica dei casi associati, per esempio, al lignaggio B.1.617.1/2 al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 (**Tabella 3**).

Tabella 3 - Frequenza di genotipizzazione per variante del virus SARS-CoV-2, Italia, 28 dicembre 2020 – 19 maggio 2021; fonte dati GISAID (<https://www.gisaid.org/>).

Lignaggio	Numero di casi	%
B.1.1.7 (VOC-202012/01 - Variante UK)	15.633	71,39
B.1.351 (501Y.V2 - variante sudafricana)	49	0,22
P.1 (variante brasiliana)	791	3,61
P.2 (variante brasiliana)	3	0,01
B.1.525 (variante nigeriana)	182	0,83
B.1.1.7 + E484K	7	0,03
B.1.617.1/2 (variante indiana)*	57	0,26
Altro lignaggio /non indicato**	5.177	23,64
Totale	21.899	100,0

*nel modo di riportare la variante indiana B.1.617.1/2, si intende la variante B.1.617.1 e B.1.617.2.

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

A cura di:

Paola Stefanelli, Angela Di Martino, Alessandra Lo Presti, Luigina Ambrosio, 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 Ospedaliera Universitaria, Ospedali Riuniti Ancona, Ancona; 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; Ferdinando Coghe, Laboratorio Generale (HUB) di analisi chimico cliniche e microbiologia, P.O. Duilio Casula, AOU di Cagliari, Cagliari; Giuseppe Mameli, Laboratorio di patologia clinica, P.O San Francesco, Nuoro; 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 Ospedaliera-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.

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, Giulietta Venturi, Claudia Fortuna, Giulia Marsili, Antonello Amendola, Ornella Punzo, Xanthi Andrianou, Martina Del Manso, Alberto Mateo Urdiales, Massimo Fabiani, Stefania Bellino, Stefano Boros, Fortunato (Paolo) D'Ancona, Maria Cristina Rota, Antonietta Fila, Matteo Spuri, Maria Fenicia Vescio, Corrado Di Benedetto, Marco Tallon.