

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

Rapporto n. 8 del 3 settembre 2021

(dati aggiornati al 30 agosto 2021)

In evidenza

- ✓ **Rimane alta in Italia la capacità di genotipizzare/sequenziare campioni clinici positivi per SARS-CoV-2.** Complessivamente, da inizio anno oltre il 2,1% dei tamponi relativi a nuovi casi di infezione confermata da virus SARS-CoV-2 riportati al sistema di sorveglianza integrata COVID-19 è stato genotipizzato/sequenziato con un continuo incremento nel tempo.

Nel mese di **luglio**, nonostante l'aumento dei casi registrati su tutto il territorio nazionale, è stato sequenziato/genotipizzato l'**11,8%** dei casi, più che nel mese di giugno in cui era pari al 10,8%.
- ✓ Negli ultimi 45 giorni (17 luglio – 30 agosto 2021), sono in leggera diminuzione i casi di infezione da SARS-CoV-2 con genotipizzazione/sequenziamento segnalati al **Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19**: un totale di 8.300 rispetto ai 9.842 riportati nel periodo precedente (3 luglio – 16 agosto 2021).
 - In questo periodo di riferimento, il numero di segnalazioni di casi causati dalla **variante delta** (di cui il lignaggio B.1.617.2) in Italia è ancora superiore al numero di segnalazioni per tutte le altre varianti monitorate. Nuovi casi di infezione causati dalla **variante delta** sono stati segnalati in quasi tutte le province italiane.
 - Il numero di casi causati dalla **variante alfa** continua ad essere in forte diminuzione, come anche la loro diffusione territoriale.
 - Anche i casi causati dalla **variante gamma** (di cui il lignaggio P.1) continua ad essere in diminuzione, con una diffusione localizzata e limitata in alcune Regioni/PPAA italiane.
- ✓ Dal 29 aprile 2021 è attiva la piattaforma per la sorveglianza genomica delle varianti di SARS-CoV-2 (**I-Co-Gen**), sviluppata e coordinata dall'ISS. La piattaforma consente di raccogliere e analizzare le sequenze identificate sul territorio nazionale e dialogare con le piattaforme internazionali.
 - Il modulo, dedicato all'analisi e condivisione dei dati di sequenziamento del SARS-CoV-2 a livello nazionale, conta ad oggi più di 40.000 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 passata da essere poco più dell'1% fino al mese di aprile, al 40,2% nel mese di giugno, all'88,8% nel mese di luglio fino a rappresentare il 97,7% dal 1 al 30 agosto (dati al 30 agosto 2021).
 - **Negli ultimi 45 giorni** fra i lignaggi non oggetto di monitoraggio da parte del Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19, ed identificati in I-Co-Gen, circa il 5,8% è rappresentato da VUM (Variant under Monitoring – lignaggi: B.1.1.318, B.1.526, C36+L452R, C.36.3+L452R), mentre il 5,1% da VOI (Variant of Interest – lignaggi: B.1.621 cosiddetta variante Mu, C.37, C.37.1 cosiddetta variante lambda e P.3).

In conclusione:

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

Sommario

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.....	10
Note di lettura.....	18

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 – 30 agosto 2021**, con approfondimenti per il periodo **17 luglio – 30 agosto 2021**) e dalla piattaforma open-source **I-Co-Gen (Italian COVID-19 Genomic)**, attiva dal **29 aprile 2021**.

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

Nel periodo dal **28 dicembre 2020** al **30 agosto 2021**, sono stati segnalati al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 un totale di **51.005** casi di infezione da SARS-CoV-2 con genotipizzazione su un totale di 2.439.952 casi notificati (pari al 2,1%). Nel mese di luglio 2021 risulta essere stato genotipizzato/sequenziato l'11,8% dei tamponi effettuati su tutti i casi di infezione confermata da SARS-CoV-2 riportati al sistema di sorveglianza integrata COVID-19. Il non completo consolidamento dei dati del mese di agosto rende tale dato ancora provvisorio.

È importante notare come la capacità di genotipizzazione/sequenziamento sia aumentata, nel mese di luglio, non solo in termini relativi, ma anche in termini assoluti; si è infatti passati da 4.330 casi genotipizzati/sequenziati nel mese di giugno (10,8% del totale dei casi riportati in quel mese al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19) a 11.480 casi nel mese di luglio.

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

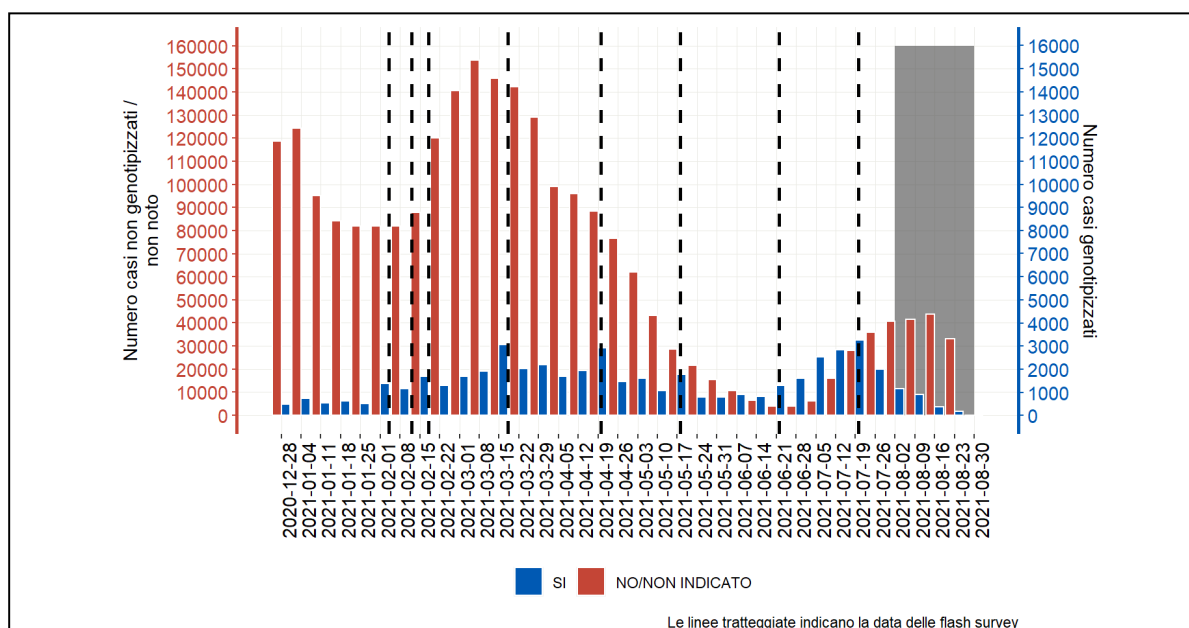


Figura 1 – Numero di casi di infezione confermata da SARS-CoV-2, riportati al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19, per settimana di prelievo/diagnosi per cui sia stata effettuata (blu) o meno (rosso) una genotipizzazione, 28 dicembre 2020 – 30 agosto 2021. Il box grigio indica che i dati relativi all'ultimo mese sono ancora incompleti e non consolidati.

Frequenza e diffusione delle varianti di interesse sanitario in Italia

Come già osservato nei precedenti bollettini, dal 28 dicembre 2020, nella maggior parte dei casi sequenziati/genotipizzati (53,7%) è stata individuata la **variante alfa** (lignaggio B.1.1.7); negli ultimi 45 giorni (17 luglio – 30 agosto 2021) si continua invece ad osservare una predominanza della **variante delta** (lignaggio B.1.617.2) (**Tabella 1**). In questo intervallo temporale, infatti, tale variante è stata individuata nell'88,1% (n=7.314) dei casi riportati al Sistema di Sorveglianza Integrata.

Tabella 1 - Frequenza di genotipizzazione/sequenziamento per variante di SARS-CoV-2, Italia, dati cumulativi (periodo 28 dicembre 2020 – 30 agosto 2021) e relativi agli ultimi 45 giorni (17 luglio – 30 agosto 2021).

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Numero casi (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero casi (ultimi 45 gg)**	% (ultimi 45 gg)**
Alfa	B.1.1.7	27.411	53,7	190	2,3
	B.1.1.7 + E484K	74	0,1	2	<0,1
Beta ^a	B.1.351	285	0,6	4	<0,1
Gamma ^b	P.1	2.818	5,5	35	0,4
Delta ^c	B.1.617.2	13.711	26,9	7.314	88,1
Eta	B.1.525	427	0,8	5	0,1
Kappa	B.1.617.1	241	0,5	100	1,2
ND ^d	B.1.617.3	6	<0,1	4	<0,1
ND ^{d,e}	P.2	5	<0,1	0	0,0
	Altro lignaggio /non indicato ^f	6.027	11,8	646	7,8
Totale		51.005	100	8.300	100

* periodo 28 dicembre 2020 – 30 agosto 2021; ** periodo 17 luglio – 30 agosto 2021

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

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

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

d: non disponibile

e: precedentemente "zeta"

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

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

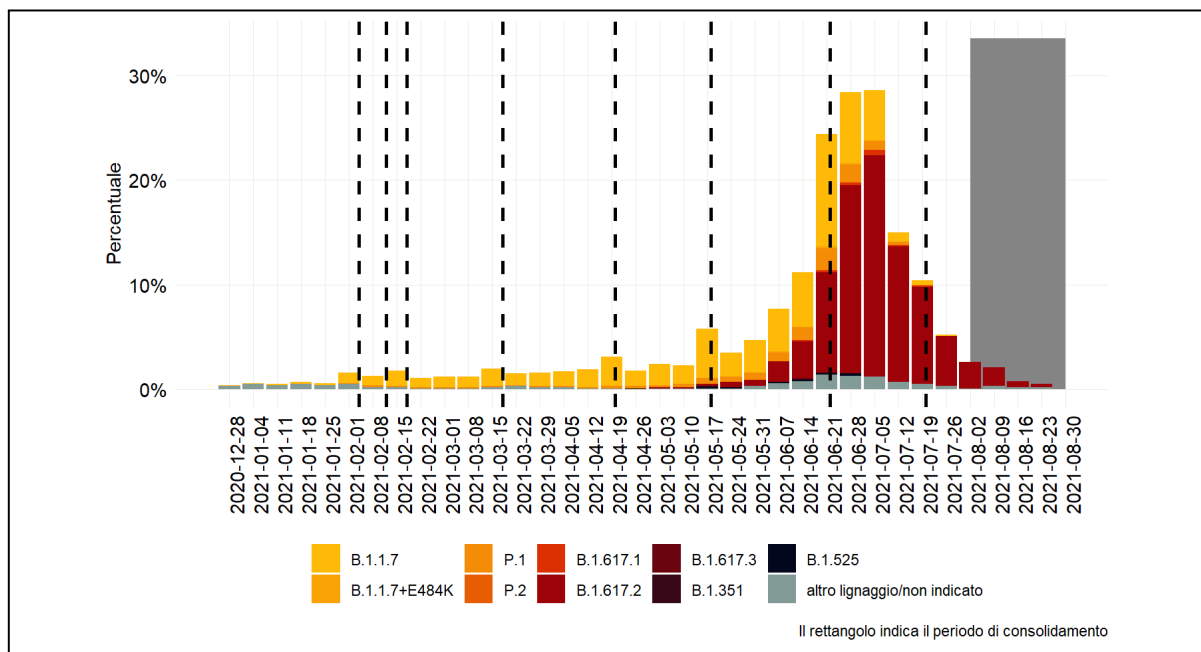


Figura 2 – Percentuale di casi di infezione da SARS-CoV-2 genotipizzati e indicati per lignaggio, 28 dicembre 2020 – 30 agosto 2021.

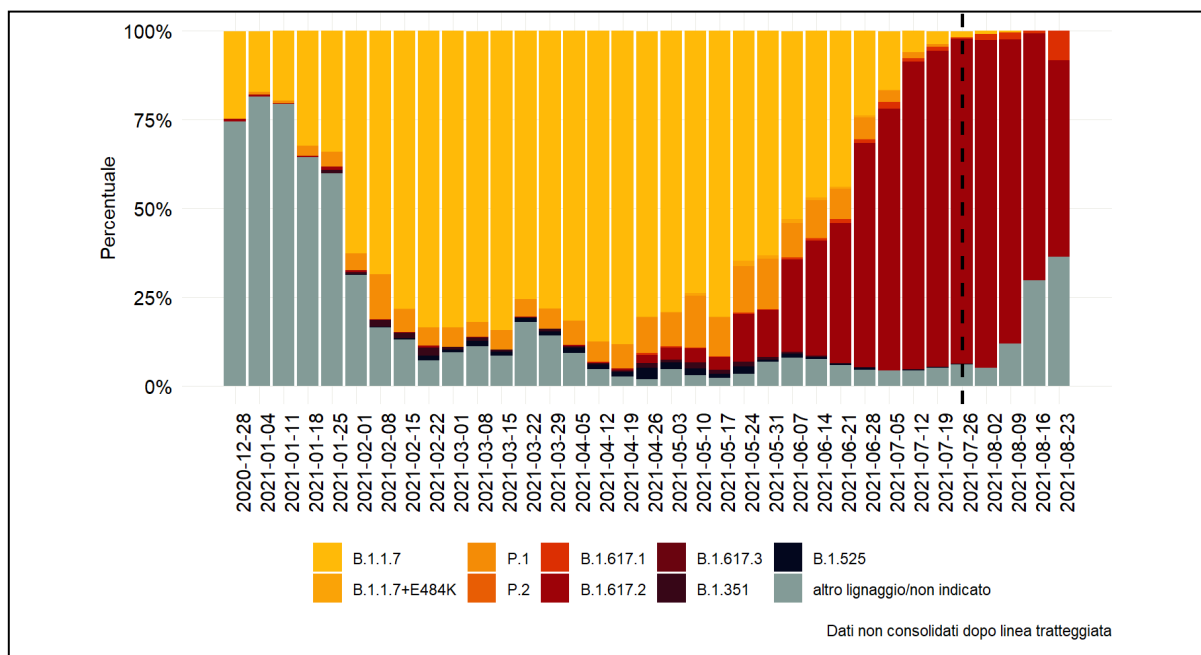


Figura 3 - Distribuzione percentuale delle varianti monitorate nella Sorveglianza Integrata COVID-19 per settimana. Italia, 28 dicembre 2020 – 30 agosto 2021.

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

Entrambi i grafici evidenziano un aumento netto della proporzione di casi genotipizzati/sequenziati attribuibili alla **variante delta** (lignaggio B.1.617.2) e, contestualmente, una sempre più rapida riduzione della proporzione di casi attribuibili alla **variante alfa** (lignaggio B.1.1.7) e **gamma** (lignaggio

P.1) e di altre varianti classificate come VOI (vedi Nota di Lettura). Oltre a ciò, nell'ultimo periodo si può notare anche in leggero aumento la **variante kappa** (lignaggio B.1.617.1).

La percentuale, sul totale di genotipizzazioni, di casi riconducibili alla **variante delta** (lignaggio B.1.617.2), è risultata pari al 5,2% nel mese di maggio 2021, ha raggiunto quota del 33,8% nel mese di giugno e dell'83,5% nel mese di luglio 2021. I dati relativi al mese di agosto sono da considerarsi ancora in fase di consolidamento, con una genotipizzazione ancora in corso, e pertanto non completamente attendibili.

La **Figura 4** mostra la distribuzione geografica delle 4 varianti individuate dall'OMS come **VOC** (Variants of Concern): **alfa** (B.1.1.7), **beta** (B.1.351), **gamma** (P.1), **delta** (B.1.617.2). Nelle mappe vengono messe in evidenza tutte le province che hanno segnalato almeno un caso di infezione causata da una variante di SARS-CoV-2 di interesse per la pubblica sanità nei periodi: 2 giugno – 16 luglio 2021 e 17 luglio – 30 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.

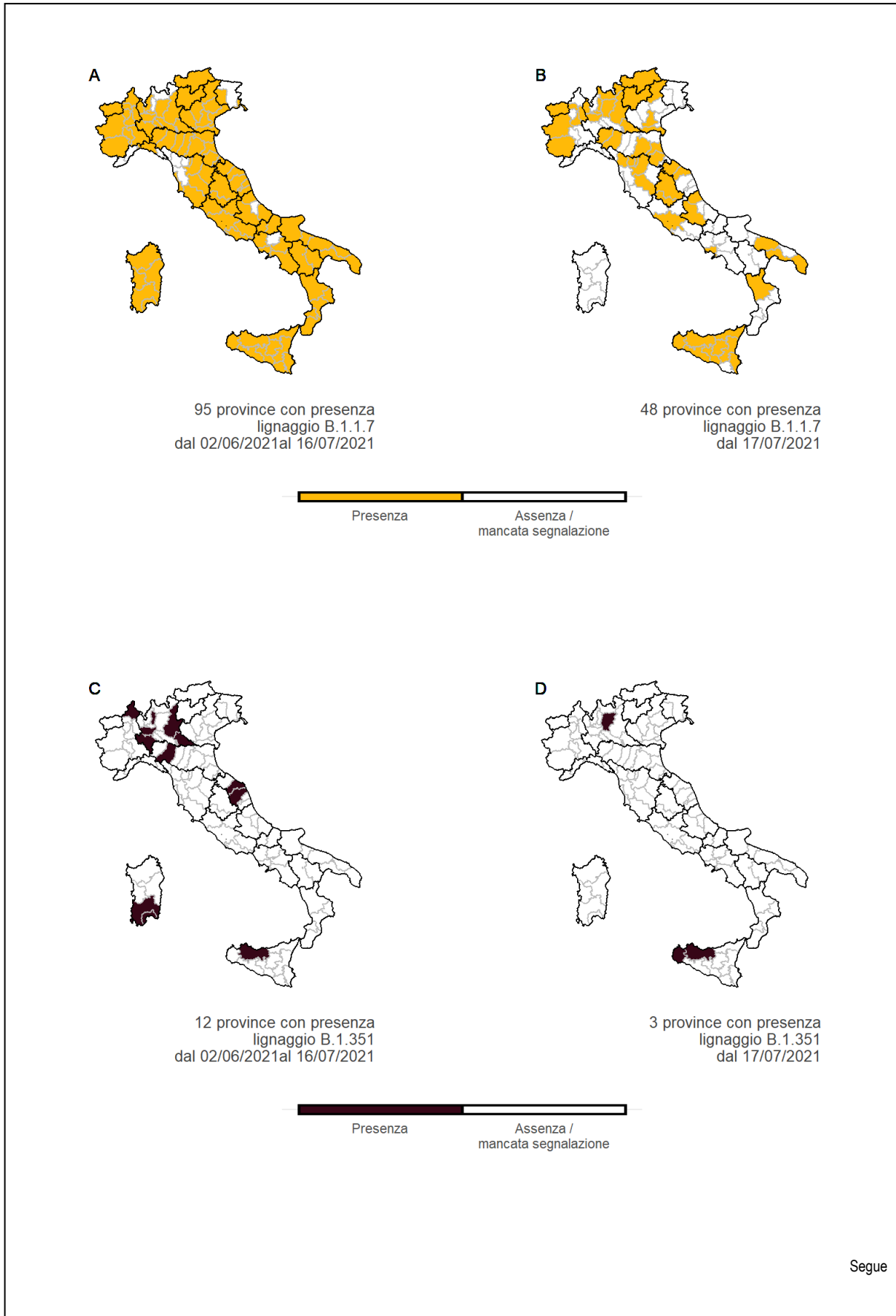
Appare evidente come anche a livello territoriale, e non solo frequenziale, nell'ultimo periodo si siano osservati sempre meno casi riconducibili alla **variante alfa** (lignaggio B.1.1.7). Nel primo periodo preso in esame (2 giugno – 16 luglio 2021) (**Figura 4A**) 95 province italiane, localizzate in tutte le Regioni/PPAA, riportavano almeno un caso di variante alfa, nei 45 giorni successivi (17 luglio – 30 agosto 2021) (**Figura 4B**) casi legati a questa variante sono stati individuati in circa metà delle province e non in tutte le regioni.

Discorso analogo può essere fatto per le varianti **beta** (lignaggio B.1.351) e **gamma** (lignaggio P.1) che risultano, specialmente negli ultimi 45 giorni, localizzate in particolari e limitate aree territoriali (**Figure 4D e 4F**).

A differenza delle altre **VOC**, la **variante delta** (lignaggio B.1.617.2) risulta invece essere costante non solo in termini di frequenza assoluta ma anche in termini di presenza territoriale. È possibile infatti osservare come, negli ultimi 45 giorni, è stato segnalato almeno un caso di tale variante in almeno una provincia per ogni Regione/PA (**Figura 4H**). Tale situazione sembra essere invariata rispetto ai 45 giorni precedenti (2 giugno – 16 luglio 2021), quando la variante delta è stata segnalata in 99 province italiane (**Figura 4G**).

Negli ultimi 45 giorni (dal 17 luglio al 30 agosto 2021), la maggior parte dei casi d'infezione causati da varianti di SARS-CoV-2 di interesse sanitario rilevate dal Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19, sono stati **contratti sul territorio italiano**. Si segnala che il 4,4% delle infezioni associate alla **variante delta** (lignaggio B.1.617.2) e il 3,7% associate alla **variante alfa** (lignaggio B.1.1.7) sono state contratte all'estero (**Tabella 2**).

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



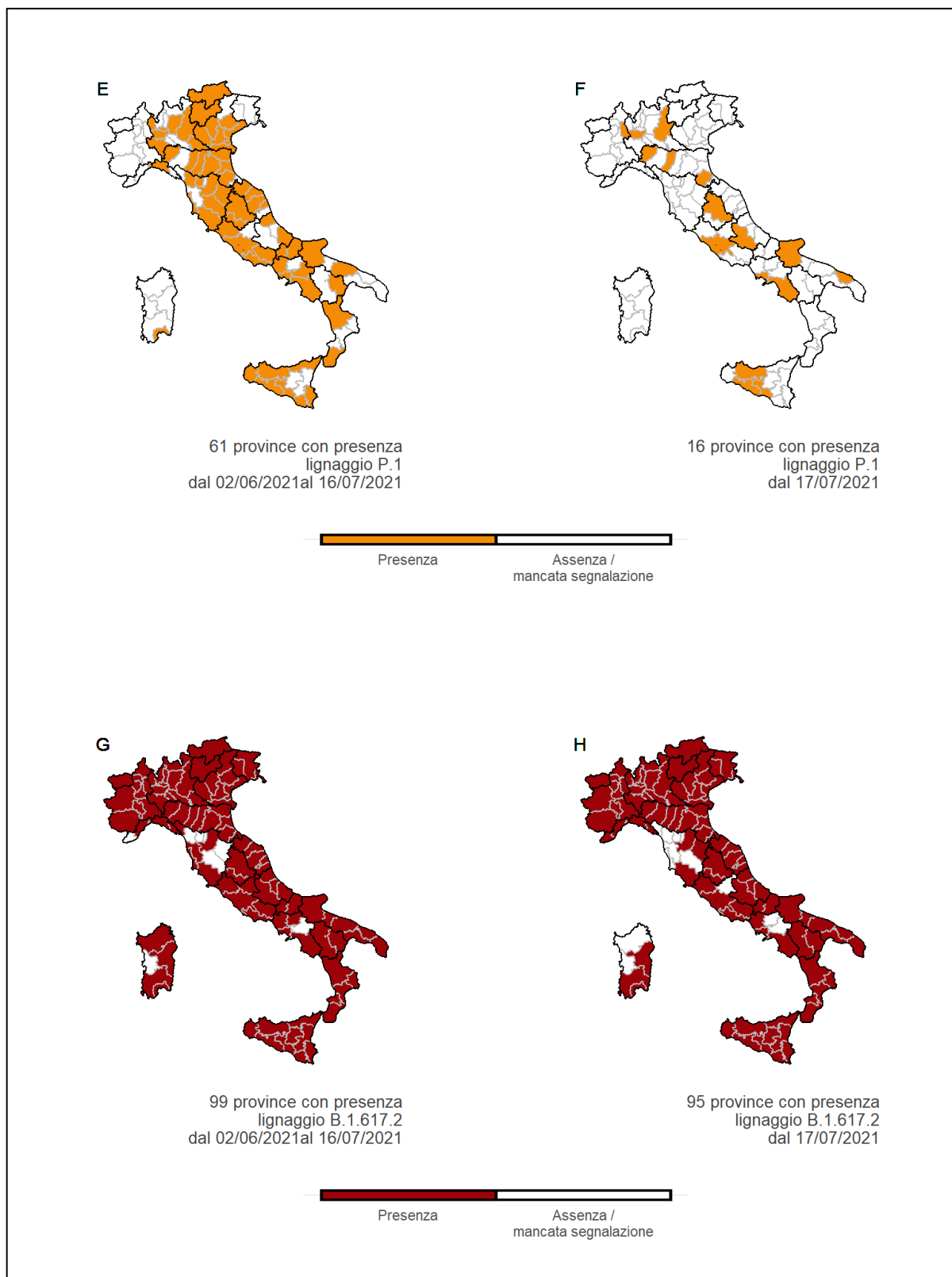


Figura 4 – Province italiane in cui è stato segnalato almeno un caso di infezione da SARS-CoV-2 causato dalla variante alfa (lignaggio B.1.1.7) (A - B), dalla variante beta (lignaggio B.1.351) (C - D), dalla variante gamma (lignaggio P.1) (E - F), dalla variante delta (lignaggio B.1.617.2) (G - H); Italia, 2 giugno - 16 luglio 2021, 17 luglio 2021 - 30 agosto 2021.

Tabella 2 - Numero e percentuale di casi di infezione causati da varianti di SARS-CoV-2 di interesse sanitario per luogo di infezione, Italia, 28 dicembre 2020 – 30 agosto 2021, 17 luglio - 30 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	27.164	99,1	247	0,9	183	96,3	7	3,7
	B.1.1.7 + E484K	74	100	0	0,0	2	100	0	0,0
Beta ^a	B.1.351	274	96,1	11	3,9	3	75,0	1	25,0
Gamma ^b	P.1	2.785	98,8	33	1,2	32	91,4	3	8,6
Delta ^c	B.1.617.2	12.814	93,5	897	6,5	6.991	95,6	323	4,4
Eta	B.1.525	363	85,0	64	15,0	4	80,0	1	20,0
Kappa	B.1.617.1	239	99,2	2	0,8	100	100	0	0,0
ND ^d	B.1.617.3	6	100	0	0,0	4	100	0	0,0
ND ^{d,e}	P.2	5	100	0	0,0	0	0,0	0	0,0
	Altro lignaggio/non indicato ^f	5.882	97,6	145	2,4	633	98,0	13	2,0

* periodo 28 dicembre 2020 – 30 agosto 2021; ** periodo 17 luglio – 30 agosto 2021

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

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

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

d: non disponibile

e: precedentemente "zeta"

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

Tabella 3 – Casi di infezione da SARS-CoV-2 causati da varianti di interesse sanitario, Italia, 28 dicembre 2020 – 30 agosto 2021, 17 luglio - 30 agosto 2021. Distribuzione per sesso e variante.

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Dati cumulativi*				Ultimi 45 gg**			
		Femmine		Maschi		Femmine		Maschi	
		N	%	N	%	N	%	N	%
Alfa	B.1.1.7	13.693	55,3	13.718	52,2	78	2,0	112	2,5
	B.1.1.7 + E484K	36	0,1	38	0,1	1	<0,1	1	<0,1
Beta ^a	B.1.351	134	0,5	151	0,6	3	0,1	1	<0,1
Gamma ^b	P.1	1.381	5,6	1.437	5,5	18	0,5	17	0,4
Delta ^c	B.1.617.2	6.256	25,3	7.455	28,3	3.471	88,1	3.843	88,0
Eta	B.1.525	174	0,7	253	1,0	4	0,1	1	<0,1
Kappa	B.1.617.1	112	0,5	129	0,5	51	1,3	49	1,1
ND ^d	B.1.617.3	4	<0,1	2	<0,1	2	0,1	2	<0,1
ND ^{d,e}	P.2	1	<0,1	4	<0,1	0	0,0	0	0,0
	Altro lignaggio/non indicato ^f	2.953	11,9	3.074	11,7	306	7,7	340	7,7
Totale		24.744	100	26.261	100	3.934	100	4.366	100

* periodo 28 dicembre 2020 – 30 agosto 2021; ** periodo 17 luglio – 30 agosto 2021

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

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

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

d: non disponibile

e: precedentemente "zeta"

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

La distribuzione per fascia di età (**Figura 5**) evidenzia come in tutte le età siano più frequenti casi di infezione causati dalla **variante delta** (lignaggio B.1.617.2) di SARS-CoV-2. Si osserva per la prima volta una percentuale maggiore di casi di infezione da **variante kappa** (lignaggio B.1.617.1) nei soggetti di età superiore a 80 anni.

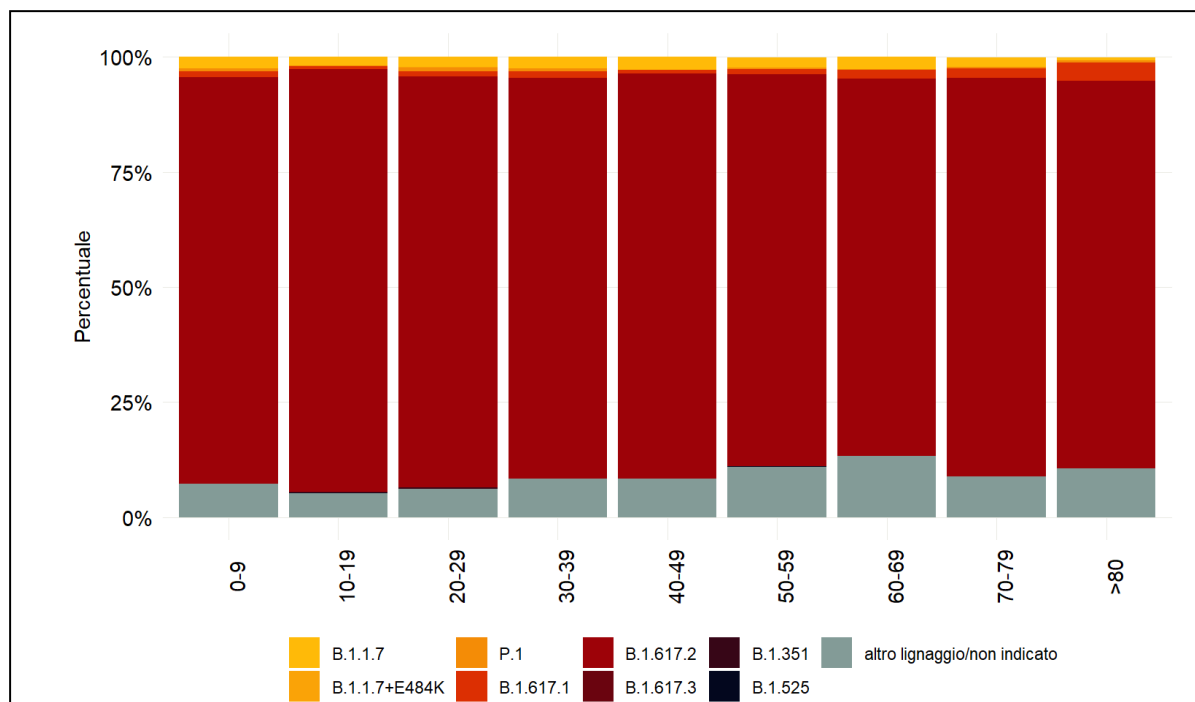


Figura 5 - Casi di infezione da SARS-CoV-2 causati da varianti di interesse sanitario, Italia, 17 luglio – 30 agosto 2021. Distribuzione per fascia di età e variante.

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

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

L'infrastruttura su cui è sviluppata I-Co-Gen consente la sottomissione facilitata delle sequenze a GISAID, la piattaforma internazionale di condivisione delle sequenze di SARS-CoV-2, con associazione automatica del codice registrato per evitare un doppio lavoro ai centri di sequenziamento. Alla data del 30 agosto 2021 risultano accreditati per il caricamento/analisi e visualizzazione dei dati nella piattaforma I-Co-Gen, 69 utenti da 62 strutture sul territorio, a cui vanno aggiunti sei utenti abilitati alla sola visualizzazione dei dati contenuti sulla piattaforma.

Le sequenze presenti nella piattaforma I-Co-Gen fino alla data del 30 agosto 2021 (data ultimo accesso alla piattaforma per la redazione del presente rapporto) sono 40.098 (**Figura 6A, 6B**).

Nella piattaforma vengono inseriti dati di sequenziamento NGS, sia sotto forma di dati grezzi che sequenze *consensus* dell'intero genoma virale, unitamente a dati di sequenziamento ottenuti mediante il metodo di sequenziamento Sanger di una parte o di tutto il gene codificante la proteina Spike (gene S). La percentuale di sequenze prodotte mediante NGS è pari al 90,7% (70,7% *consensus* prodotte dai laboratori e 20,0% dati grezzi con ricostruzione della sequenza *consensus* mediante il software che opera nella la piattaforma I-Co-Gen), mentre il 9,3% del totale rappresenta sequenze del gene S prodotte mediante tecnica Sanger.

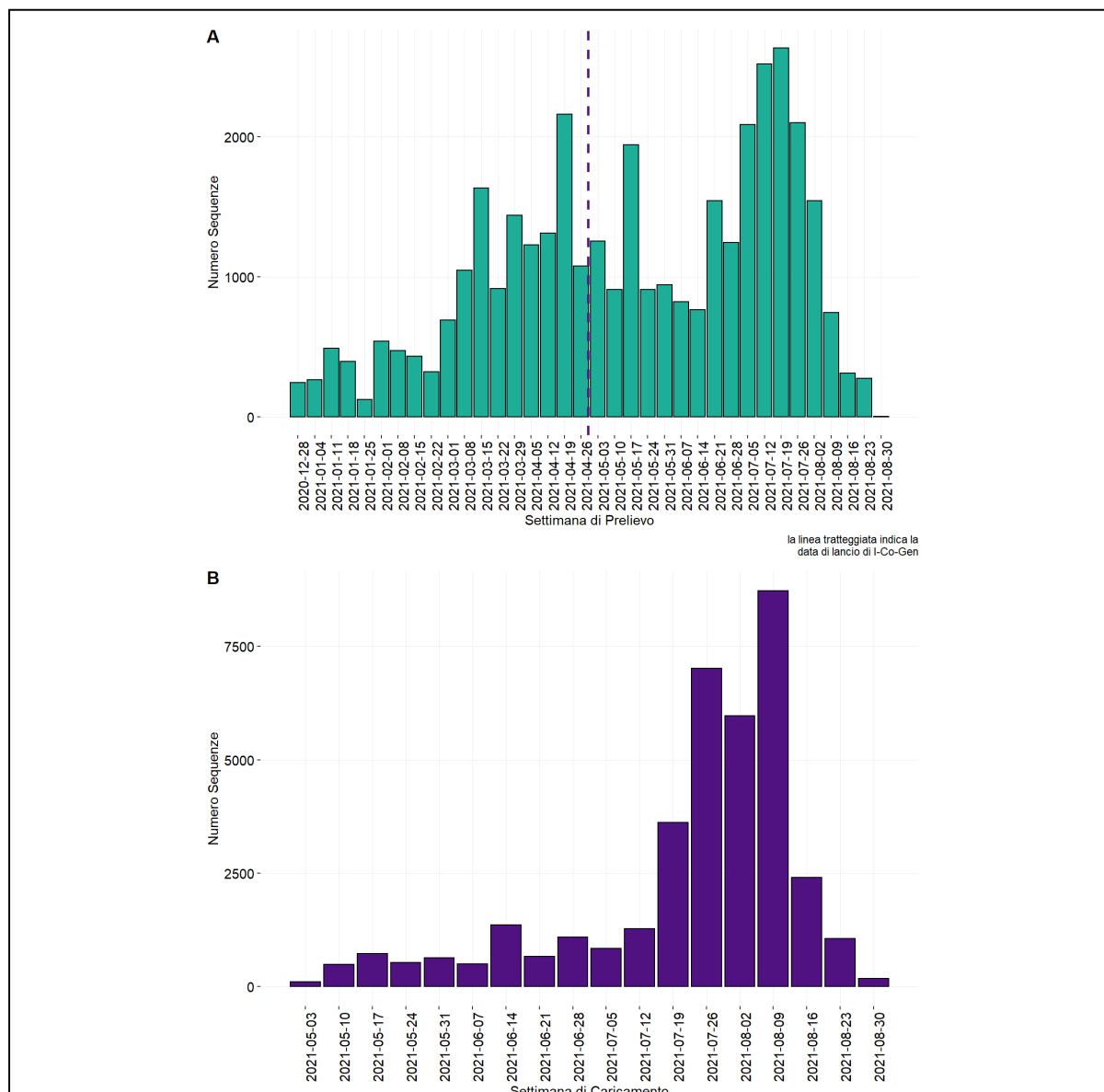


Figura 6 - Numero di sequenze depositate nella piattaforma I-Co-Gen per settimana di prelievo del campione, 28 dicembre 2020 – 30 agosto 2021 (A). Numero di sequenze depositate sulla piattaforma I-Co-Gen per data di caricamento, dall'inizio della raccolta nazionale (03 maggio 2021) alla data di estrazione dei dati (30 agosto 2021) (B).

L'assegnazione dei lignaggi, legata alla qualità del dato caricato in piattaforma, è stata possibile per 35.124 sequenze su un totale di 37.295 sequenze ottenute da tamponi raccolti tra il 28 dicembre 2020 e il 30 agosto 2021 (Tabella 4).

Tabella 4 - Frequenza delle varianti di SARS-CoV-2 monitorate dal Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 e di altri lignaggi rilevanti per la Sanità pubblica identificati dal software che opera nella piattaforma I-Co-Gen, dati riferiti ai campioni con data di prelievo 28 dicembre 2020 – 30 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)**
Alpha	B.1.1.7	14.071	40,06	153	2,04
	B.1.1.7+E484K	30	0,09	2	0,03
	Q.1	46	0,13	0	0
	Q.2	976	2,78	0	0
Beta	B.1.351	51	0,15	3	0,04
	B.1.351.2	9	0,03	0	0
	B.1.351.3	39	0,11	0	0
Delta	B.1.617.2	7.192	20,48	3.604	48,01
	AY.1	2	0,01	1	0,01
	AY.3	5	0,01	3	0,04
	AY.4	2.558	7,28	1.571	20,93
	AY.5	78	0,22	56	0,75
	AY.6	627	1,79	545	7,26
	AY.7	272	0,77	232	3,09
	AY.7.2	1	0	0	0
	AY.9	199	0,57	155	2,07
	AY.10	6	0,02	2	0,03
	AY.11	34	0,1	21	0,28
	AY.12	1.731	4,93	953	12,7
	AY.20	2	0,01	0	0
	AY.24	2	0,01	0	0
	AY.25	1	0	1	0,01
Eta	B.1.525	362	1,03	1	0,01
Gamma	P.1	386	1,1	23	0,31
	P.1.1	1.143	3,25	15	0,2
	P.1.2	1	0	0	0
	P.1.4	3	0,01	3	0,04
	P.1.7	290	0,83	6	0,08
Kappa	B.1.617.1	18	0,05	0	0
Lambda	C.37	13	0,04	1	0,01
	C.37.1	5	0,01	2	0,03
ND	P.2	5	0,01	0	0
	Altri lignaggi	4.966	14,14	153	2,04
Totale		35.124	100	7.506	100

* periodo 28 dicembre 2020 – 30 agosto 2021; ** periodo 17 luglio – 30 agosto 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. Si osserva che la **variante alfa (lignaggio B.1.1.7)**, ha rappresentato la frazione principale dei sequenziamenti ottenuti da tamponi campionati settimanalmente fino alla fine di maggio

(ad oggi rappresenta il 40,1% del totale). Tuttavia, a partire dal mese di luglio la **variante delta** (lignaggio B.1.617.2 + AY.1-25) è divenuta prevalente rispetto ad altre varianti. Tale dato è confermato dal numero di sequenze ottenute da tamponi effettuati negli ultimi 45 giorni (7.506), di cui il 95,2% (7.144) ha prodotto sequenze di SARS-CoV-2 appartenenti alla **variante delta** (lignaggio B.1.617.2 + AY.1-25) (Tabella 4). Nel dettaglio, la percentuale di sequenze ascrivibili alla **variante delta** (lignaggio B.1.617.2 + AY.1-25), sul totale dei sequenziamenti depositati in I-Co-Gen, è passata da essere poco più dell'1% del totale delle sequenze fino al mese di aprile, al 40,2% nel mese di giugno, all'88,8% nel mese di luglio fino a rappresentare il 97,7% dal 1 al 30 agosto (dati al 30 agosto 2021). La **variante alfa** (lignaggio B.1.1.7) è ancora rilevata, ma ormai in significativa diminuzione, rappresentando il 2,0% delle sequenze effettuate da tamponi prelevati negli ultimi 45 giorni (Tabella 4).

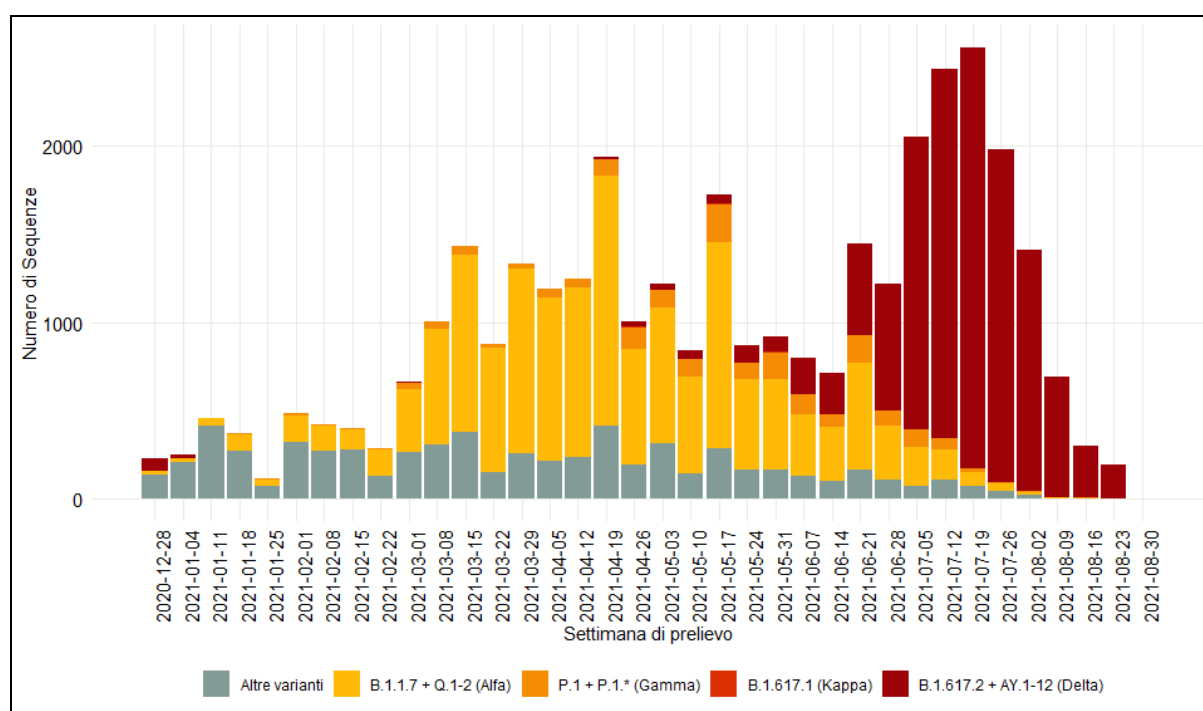


Figura 7 - Andamento delle principali VOC identificate mediante sequenziamento negli ultimi 6 mesi dal software della piattaforma I-Co-Gen, per settimana di campionamento (28 dicembre 2020 – 30 agosto 2021). La variante Alfa include i campioni di lignaggio B.1.1.7 che presentano la mutazione E484K ed i sotto-lignaggi Q1 - Q2.

La **variante delta** è stata identificata in Italia per la prima volta mediante sequenziamento del virus SARS-CoV-2 da tamponi raccolti nel mese di gennaio 2021. Nelle ultime settimane è stata evidenziata una nuova sequenza delta di lignaggio AY.1, ad oggi se ne contano 2 depositate in totale, e sono state registrate cinque sequenze AY.3. Ulteriori 5.511 sequenze in totale, appartenenti ad altri lignaggi AY (riportati nella Tabella 4), sono state rilevate nella piattaforma I-Co-Gen.

Tali lignaggi, insieme alla AY.2, non registrata nelle sequenze depositate nel database I-Co-Gen, sono una evoluzione della **variante delta** in cui sono presenti una o più mutazioni oggetto di stretta sorveglianza a causa di un loro possibile ruolo nel conferire le capacità di evasione immunitaria.

Il tracciamento delle varianti non monitorate dal Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19, ha evidenziato la circolazione di oltre 100 lignaggi addizionali (Tabella 5), rappresentanti il 14,1% delle sequenze totali depositate in piattaforma, alcuni dei quali considerati d'interesse sanitario (VOI) o oggetto di monitoraggio a livello internazionale (VUM), sulla base di evidenze preliminari

(<https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>). Anche in questo caso la diffusione della variante delta ha abbassato la loro presenza relativa fino a rappresentare il 2,0% delle sequenze effettuate da tamponi prelevati negli ultimi 45 giorni (**Tabella 4**). Fra i lignaggi considerati d'interesse sanitario (VOI), i seguenti sono stati rilevati nella piattaforma I-Co-Gen: B.1.620, B.1.621 e P.3. In particolare, il lignaggio B.1.621, identificato per la prima volta in Colombia nel gennaio del 2021, è stato recentemente etichettato dall'Organizzazione mondiale della Sanità come variante 'Mu' ed è oggetto di monitoraggio in quanto, sottolinea l'OMS, "ha una costellazione di mutazioni che indicano potenziali proprietà di fuga immunitaria".

Tabella 5 - Distribuzione dei lignaggi non oggetto di monitoraggio da parte del Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 identificati dal software della piattaforma I-Co-Gen (Pangolin vers. 3.1.11 del 9 agosto 2021). Dati riferiti a campioni con data prelievo 28 dicembre 2020 – 30 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	1.870	37,66	44	28,76
ND	A.2.5	ND	2	0,04	0	0,00
ND	A.2.5.2	ND	17	0,34	0	0,00
ND	A.21	ND	1	0,02	0	0,00
ND	A.23.1	ND	4	0,08	0	0,00
ND	A.27	VUM	9	0,18	0	0,00
ND	A.28	VUM	9	0,18	0	0,00
ND	A.6	ND	2	0,04	2	1,31
ND	AH.1	ND	2	0,04	0	0,00
ND	AH.3	ND	3	0,06	0	0,00
ND	AZ.2	ND	16	0,32	1	0,65
ND	B	ND	24	0,48	2	1,31
ND	B.1	ND	139	2,80	39	25,49
ND	B.1.1	ND	86	1,73	8	5,23
ND	B.1.1.1	ND	6	0,12	0	0,00
ND	B.1.1.10	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.1.136	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.1.153	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.1.161	ND	6	0,12	0	0,00
ND	B.1.1.208	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.1.229	ND	5	0,10	0	0,00
ND	B.1.1.28	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.1.285	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.1.294	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.1.301	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.1.305	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.1.317	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.1.318	VUM	57	1,15	2	1,31
ND	B.1.1.33	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.1.351	ND	6	0,12	0	0,00
ND	B.1.1.353	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.1.355	ND	6	0,12	0	0,00
ND	B.1.1.371	ND	1	0,02	0	0,00

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Monitoraggio	Numero sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
ND	B.1.1.372	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.1.379	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.1.39	ND	3	0,06	0	0,00
ND	B.1.1.398	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.1.420	ND	54	1,09	0	0,00
ND	B.1.1.519	VUM	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.1.523	ND	7	0,14	0	0,00
ND	B.1.1.525	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.1.97	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.153	ND	12	0,24	8	5,23
ND	B.1.160	ND	156	3,14	0	0,00
ND	B.1.160.25	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.160.30	ND	3	0,06	0	0,00
ND	B.1.160.8	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.177	ND	978	19,69	1	0,65
ND	B.1.177.10	ND	12	0,24	0	0,00
ND	B.1.177.12	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.177.15	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.177.21	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.177.23	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.177.24	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.177.31	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.177.33	ND	33	0,66	0	0,00
ND	B.1.177.35	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.177.4	ND	6	0,12	0	0,00
ND	B.1.177.43	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.177.51	ND	23	0,46	0	0,00
ND	B.1.177.52	ND	9	0,18	0	0,00
ND	B.1.177.53	ND	32	0,64	0	0,00
ND	B.1.177.57	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.177.62	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.177.65	ND	3	0,06	0	0,00
ND	B.1.177.7	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.177.72	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.177.75	ND	152	3,06	0	0,00
ND	B.1.177.77	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.177.81	ND	8	0,16	0	0,00
ND	B.1.177.83	ND	50	1,01	0	0,00
ND	B.1.177.86	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.177.87	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.177.88	ND	59	1,19	0	0,00
ND	B.1.2	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.214.2	VUM	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.221	ND	26	0,52	0	0,00

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Monitoraggio	Numero sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
ND	B.1.222	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.236	ND	63	1,27	0	0,00
ND	B.1.240	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.241	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.258	ND	87	1,75	0	0,00
ND	B.1.258.14	ND	212	4,27	0	0,00
ND	B.1.258.17	ND	36	0,72	0	0,00
ND	B.1.258.3	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.258.4	ND	3	0,06	0	0,00
ND	B.1.260	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.311	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.350	ND	1	0,02	1	0,65
ND	B.1.36	ND	3	0,06	0	0,00
ND	B.1.36.1	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.367	ND	19	0,38	0	0,00
ND	B.1.389	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.398	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.402	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.411	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.416	ND	4	0,08	0	0,00
Epsilon	B.1.427	DEESC	1	0,02	0	0,00
Epsilon	B.1.429	DEESC	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.467	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.499	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.517	ND	1	0,02	0	0,00
Iota	B.1.526	VUM	9	0,18	1	0,65
ND	B.1.540	ND	14	0,28	1	0,65
ND	B.1.566	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.575	ND	4	0,08	0	0,00
ND	B.1.575.1	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.575.2	ND	3	0,06	0	0,00
ND	B.1.604	ND	1	0,02	1	0,65
ND	B.1.619	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.620	VOI	61	1,23	0	0,00
Mu	B.1.621	VOI	61	1,23	3	1,96
Mu	B.1.621.1	VOI	18	0,36	1	0,65
ND	B.1.628	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.629	ND	13	0,26	0	0,00
ND	B.1.630	ND	3	0,06	0	0,00
ND	B.40	ND	61	1,23	29	18,95
ND	B.55	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.57	ND	1	0,02	0	0,00
ND	C.16	VUM	2	0,04	0	0,00
ND	C.18	ND	27	0,54	0	0,00

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Monitoraggio	Numero sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
ND	C.35	ND	2	0,04	0	0,00
ND	C.36 + L452R	VUM	6	0,12	1	0,65
ND	C.36	ND	7	0,14	0	0,00
ND	C.36.3 + L452R	VUM	241	4,85	5	3,27
ND	C.36.3	ND	3	0,06	2	1,31
ND	C.36.3.1 + L452R	VUM	2	0,04	0	0,00
ND	C.38	ND	15	0,30	0	0,00
ND	L.3	ND	1	0,02	0	0,00
ND	N.5	ND	2	0,04	0	0,00
Theta	P.3	VOI	1	0,02	1	0,65
ND	W.4	ND	1	0,02	0	0,00
ND	Z.1	ND	1	0,02	0	0,00
Totale			4.966	100	153	100

* periodo 28 dicembre 2020 – 30 agosto 2021; ** periodo 17 luglio – 30 agosto 2021

ND: non disponibile

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

Note di lettura

Nell'ambito delle attività di sorveglianza microbiologica per COVID-19, come da Ordinanza n. 640 della Presidenza del Consiglio dei Ministri, dipartimento della protezione civile, del 27 febbraio 2020 "Ulteriori interventi urgenti di protezione civile in relazione all'emergenza relativa al rischio sanitario connesso all'insorgenza di patologie derivanti da agenti virali trasmissibili", (GU Serie Generale n.50 del 28-02-2020), si rende necessario monitorare la circolazione di varianti di interesse in sanità pubblica e in rapida diffusione nel nostro Paese. I dati riportati dalle Regioni/PA sono elaborati dall'ISS integrando i dati microbiologici ed epidemiologici, relativamente alle segnalazioni delle varianti descritte nel presente rapporto.

La lista delle varianti di SARS-CoV-2 sotto sorveglianza viene continuamente aggiornata man mano che vengono riconosciute nuove varianti di interesse per la sanità pubblica denominate "Variants of Concern" (VOC), "Variants of Interest" (VOI) e "Variants under Monitoring" (<https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>). Il 31 maggio 2021, l'Organizzazione Mondiale della Sanità (OMS) ha definito delle "etichette" con cui designare le varianti di SARS-CoV-2 che fossero più facili da pronunciare e da ricordare rispetto ai lignaggi/clade utilizzati nelle diverse piattaforme. Al momento in cui viene redatto questo rapporto, la classificazione in vigore è la seguente (<https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>, aggiornamento del 1 settembre 2021):

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

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

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

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

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
Mu	B.1.621	GH	21H	Colombia, gennaio-2021	30-agosto-2021

I dati analizzati sono in continua fase di aggiornamento, pertanto le segnalazioni delle varianti soprattutto quelle dell'ultimo mese, devono essere sempre interpretate come provvisorie, con cautela, in quanto possono subire variazioni e/o essere ulteriormente integrate con report successivi. L'assenza o un numero relativamente basso di casi genotipizzati riportati può essere dovuto sia ad una minore percentuale di casi genotipizzati che ad una mancata segnalazione nel Sistema di Sorveglianza Integrata Nazionale COVID-19 da parte della Regione/PA.

L'Istituto Superiore di Sanità è, in ogni caso, sollevato da ogni responsabilità per eventuali errori, imprecisioni o inesattezze nel contenuto di tali informazioni e dati provenienti da enti terzi. L'Istituto Superiore di Sanità è, inoltre, svincolato da ogni responsabilità riguardo all'interpretazione delle informazioni e dei dati da parte di terzi, così come anche, da qualsivoglia utilizzo improprio e/o illecito degli stessi.

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

I dati qui presentati riferiscono a dati inviati dalle Regioni/PPAA e con una diagnosi di infezione da SARS-CoV-2 (definita come tampone positivo ai sensi della [circolare del Ministero della Salute n. 0644 dell'8 gennaio 2021](#)) tra il **28 dicembre 2020** ed il **30 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 del 2,1% dei campioni positivi rilevati ogni settimana.

La **Figura 1**, già mostrata in questo documento, evidenzia come il numero di casi genotipizzati aumenti in coincidenza con le indagini rapide di prevalenza realizzate a partire dal mese di febbraio 2021 (indagine più recente del **20 luglio 2021**, [disponibile online sul sito dell'Istituto Superiore di Sanità](#)). Inoltre, la percentuale di casi di infezione confermata da SARS-CoV-2 in cui è stata realizzata una genotipizzazione, riportata al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19, nel periodo **28 dicembre 2020 – 30 agosto 2021**, varia da regione a regione (**Figura 8A**); si può notare però un sostanziale incremento su quasi tutto il territorio (**Figura 8B**) nel periodo più recente (**17 luglio 2021 – 30 agosto 2021**). Questo elemento deve essere considerato nella lettura delle mappe riportate in questo rapporto.

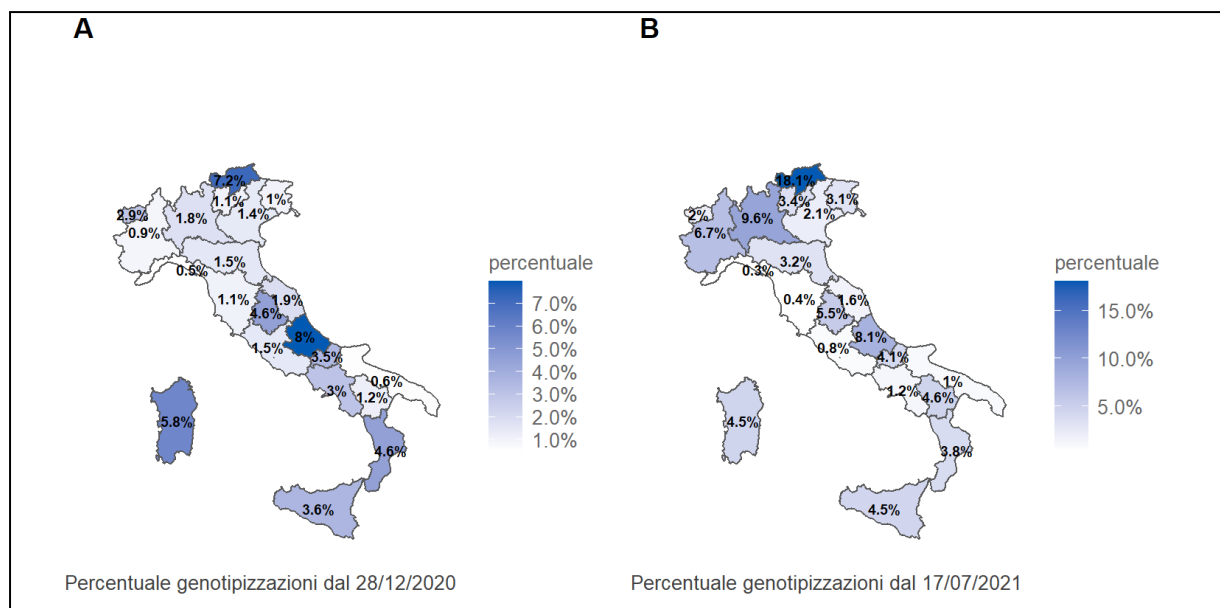


Figura 8 - Percentuale di casi di infezione confermata da SARS-CoV-2 in cui è stata realizzata una genotipizzazione riportata al **Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19** per Regione/PA nel periodo 28 dicembre 2020 – 30 agosto 2021 (A) e nel periodo 17 luglio 2021 – 30 agosto 2021 (B).

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

Tabella 8 - Frequenza di genotipizzazione di alcune varianti di SARS-CoV-2, Italia, 28 dicembre 2020 – 30 agosto 2021; fonte GISAID (<https://www.gisaid.org/>, sottomissioni al 30 agosto 2021).

Nomenclatura	Lignaggio	Numero di sequenze	%
OMS			
Alfa	B.1.1.7	23.603	46,40
	B.1.1.7 + E484K	25	0,05
	Q.1	56	0,11
	Q.2	1.597	3,14
	Q.4	2	0,00
Beta	B.1.351	67	0,13
	B.1.351.2	21	0,04
	B.1.351.3	41	0,08
Gamma	P.1	431	0,85
	P.1.1	1.819	3,58
	P.1.2	0	0,00
	P.1.4	3	0,01
	P.1.6	0	0,00
	P.1.7	296	0,58
	P.1.10	1	0,00
Delta	B.1.617.2	6.951	13,70
	AY.1	1	0,00
	AY.2	0	0,00
	AY.3	5	0,01
	AY.3.1	0	0,00
	AY.4	2.319	4,56
	AY.5	79	0,15
	AY.6	152	0,30
	AY.7	182	0,36
	AY.7.1	2	0,04
	AY.7.2	160	0,32
	AY.9	259	0,51
	AY.10	12	0,02
	AY.x	1.564	3,07
Eta	B.1.525	432	0,80
Iota	B.1.526	8	0,02
Kappa	B.1.617.1	19	0,04
Lambda	C.37	12	0,02
ND ^a	B.1.617.3	0	0,00
ND ^a	P.2	3	0,01
	Altro lignaggio	10.733	21,10
Totale		50.855	100

a: non disponibile

b: AY. x include: AY.11, AY.12, AY.14, AY.16, AY.17, AY.19, AY.20, AY.21, AY.22, AY.23, AY.24, AY.25.

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 Mameli, Laboratorio di Patologia Clinica, P.O. "San Francesco", Azienda Tutela Salute, ASSL Nuoro; Ferdinando Coghe, Laboratorio Generale (HUB) di analisi chimico cliniche e microbiologia, P.O. Duilio Casula, AOU di Cagliari, Cagliari; Francesco Vitale, Fabio Tramuto, Laboratorio di Riferimento Regionale per la Sorveglianza Epidemiologica e Virologica del P.R.O.M.I.S.E., AOUP Giaccone di Palermo; Palermo; Guido Scalia, Concetta Ilenia Palermo, Laboratorio di Virologia Clinica - AOUP V. Emanuele di Catania - P.O. Gaspare Rodolico, Catania; Giuseppe Mancuso, UOC Microbiologia, Azienda Ospedaliera Universitaria G. Martino, Messina; Teresa Pollicino, Laboratorio di Diagnostica Molecolare dell'Unità Gestione Centralizzata Laboratori, Messina; Francesca Di Gaudio, CRQ Sicilia, Palermo; Stefano Vullo, Stefano Reale, Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Sicilia, Palermo; Maria Grazia Cusi, UOC Microbiologia e Virologia, Azienda Ospedaliera Universitaria Senese Dipartimento Biotecnologie Mediche, Università degli Studi di Siena, Siena; Gian Maria Rossolini, SOD Microbiologia e Virologia Azienda Ospedaliera Universitaria Careggi, Firenze; Mauro Pistello, UOC Virologia Azienda Ospedaliero-Universitaria Pisana, Pisa; Antonella Mencacci, Barbara Camilloni, S.C. Microbiologia,

Dipartimento di Medicina e Chirurgia, Università di Perugia, Perugia; Silvano Severini, Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Regioni Umbria e Marche, Perugia; Massimo Di Benedetto Laboratorio Analisi Cliniche dell'Ospedale Parini, Aosta; Terregino Calogero, Isabella Monne, Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Padova; Valeria Biscaro, U.O.C. Microbiologia-Virologia- AULSS2 La Marca, P.O. Treviso, Treviso; Tiziana Lazzarotto, Giada Rossini, Lab. CRREM-UO Microbiologia. Azienda Ospedaliero Universitaria di Bologna - Policlinico di S'Orsola (IRCCS) Bologna; Patricia Alba, Department of General Diagnostics, Department of Virology, Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Lazio e della Toscana (IZSLT), Roma; Alice Massacci, IRCCS Regina Elena National Cancer Institute, Roma; Carlo Federico Perno, Unità Complessa di Microbiologia ed Immunologia Diagnostica, Ospedale Pediatrico Bambino Gesù, Roma; Bianca Bruzzone, Laboratorio di Riferimento Regionale per la diagnosi molecolare di SARS-CoV-2, U.O. Igiene, Ospedale Policlinico San Martino IRCCS di Genova, Università degli Studi di Genova, Genova; Alice Nava, ASST Grande ospedale Metropolitano Niguarda, Milano; Erminio Torresani, IRCCS Istituto Auxologico Italiano, Milano; Fabiana Cro, SYNLAB ITALIA, Brescia; Enzo Boeri, Dipartimento di medicina di laboratorio, Laboratorio di microbiologia Ospedale San Raffaele, Milano; Marina Noris, Istituto di Ricerche Farmacologiche Mario Negri-IRCCS, Milano; Giulia Bassanini, PTP Science Park S.c.a.r.l. - Laboratorio SMEL, Lodi; Annapaola Callegaro, Laboratorio di Microbiologia e Virologia dell'ASST Papa Giovanni XXIII, Bergamo; Gabriele Ibba, AMES Centro Poldiagnostico 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.