

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

Rapporto n. 20 del 27 maggio 2022

(dati aggiornati al 23 maggio 2022)

In evidenza

Il presente rapporto descrive i dati principali sulle varianti del virus SARS-CoV-2 circolanti in Italia, provenienti dalla più recente indagine rapida (03 maggio 2022), dalla piattaforma open-source **I-Co-Gen (Italian COVID-19 Genomic)**, e dalla piattaforma del **Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19** coordinate dall'ISS (approfondimenti relativi al periodo **09 aprile 2022 - 23 maggio 2022**)

Capacità di sequenziamento

Secondo le indicazioni del Centro Europeo per la Prevenzione e Controllo delle Malattie (ECDC), il numero di sequenziamenti da effettuare nei diversi Paesi deve essere tale da garantire l'identificazione di varianti che circolano con una prevalenza inferiore o uguale al 5%. Attualmente nei report ECDC che monitorano le attività di sequenziamento, l'Italia è collocata tra i Paesi europei che rispettano tale livello di performance. In base agli ultimi dati pubblicati dall'ECDC, e riferiti alle settimane 17 e 18 del 2022, l'Italia sequenzia una percentuale di campioni COVID-19 positivi in grado di stimare la proporzione di varianti con una precisione sufficiente ad **intercettare una prevalenza compresa tra 1% e 2,5%**.

Indagine rapida di prevalenza delle varianti (Flash Survey)

In base alla indagine rapida più recente ([3 maggio 2022](#)), la variante omicron risulta l'unica variante circolante nel nostro Paese (prevalenza stimata a livello nazionale pari al 100%).

Il 93,83% delle sequenze identificate sono riconducibili a BA.2 ed ai relativi sottolignaggi: BA.1 il 3,52% BA.4 0,47%, BA.5 0,41% e 0,07% BA.3.

In questa indagine, inoltre, sono stati identificati alcuni possibili ricombinati BA.1/BA.2 da considerarsi, in base a quanto suggerito dall'OMS, come sottolignaggi della variante omicron. La classificazione dei ricombinanti omicron è in continuo aggiornamento man mano che vengono raccolti ed esaminati nuovi dati di sequenziamento.

Analisi dei sequenziamenti depositati nella piattaforma I-Co-Gen

La piattaforma per la sorveglianza genomica delle varianti di SARS-CoV-2 (I-Co-Gen), alimentata da un flusso continuo di dati provenienti dalle Regioni/PA, è dedicata all'analisi e condivisione dei dati di sequenziamento di SARS-CoV-2 e conta ad oggi più di **135.000 sequenze**. Nella piattaforma è impostato un sistema di "alert" per l'individuazione rapida di nuovi lignaggi e nuove mutazioni.

L'analisi delle sequenze depositate in I-Co-Gen negli ultimi 45 giorni mostra che:

- La **variante omicron** rappresenta il 97% dei sequenziamenti depositati;
- Il sottolignaggio BA.2 risulta essere il più frequente (93% dei sequenziamenti ascrivibili alla variante omicron), seguito dal BA.2.9 (14%), dal BA.2.3 (6%) e dal BA.1.1 (3%);
- Altri 37 sottolignaggi della variante omicron sono stati identificati con frequenza inferiore al 2%.

Aggiornamento del Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19

Il sistema raccoglie alcune varianti VOC segnalate dalle Regioni/PPAA e le caratteristiche dei pazienti in cui sono state identificate (età, stato vaccinale, residenza, ecc.) ma ha un fisiologico ritardo di notifica rispetto alla piattaforma I-Co-Gen, come spiegato nella Faq specifica.

- Il Sistema di Sorveglianza Integrata riporta 4.654 casi confermati di infezione da SARS-CoV-2 sequenziati/genotipizzati nel mese di aprile 2022, ultimo mese per il quale il dato può ritenersi consolidato;
- Nel periodo 9 aprile 2022 - 23 maggio 2022 anche questo sistema conferma la prevalenza di casi di infezione da variante omicron in Italia, prevalentemente riconducibili a trasmissione autoctona, in tutte le fasce di età.

In conclusione

- **La variante omicron risulta ormai l'unica variante di SARS-CoV-2 circolante nel nostro Paese e che il sottolignaggio BA.2 è il predominante.**
- La prevalenza di casi dovuti ad infezione da variante omicron del virus SARS-CoV-2 si osserva **in tutte le fasce di età.**
- Nell'attuale scenario è necessario continuare a monitorare, in coerenza con le raccomandazioni nazionali ed internazionali, la diffusione delle varianti virali circolanti nel Paese attraverso il sequenziamento dei campioni positivi per COVID -19.

INDICE

1. Stima della prevalenza delle varianti VOC (Variant Of Concern) e di altre varianti di SARS-CoV-2 in Italia (“indagine rapida”).....	4
2. Piattaforma per la sorveglianza genomica delle varianti di SARS-CoV-2, I-Co-Gen.....	5
3. Segnalazioni di infezioni causate da varianti del virus SARS-CoV-2 di interesse per la sanità pubblica (dati dal Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19).....	8

1. Stima della prevalenza delle varianti VOC (Variant Of Concern) e di altre varianti di SARS-CoV-2 in Italia ("indagine rapida").

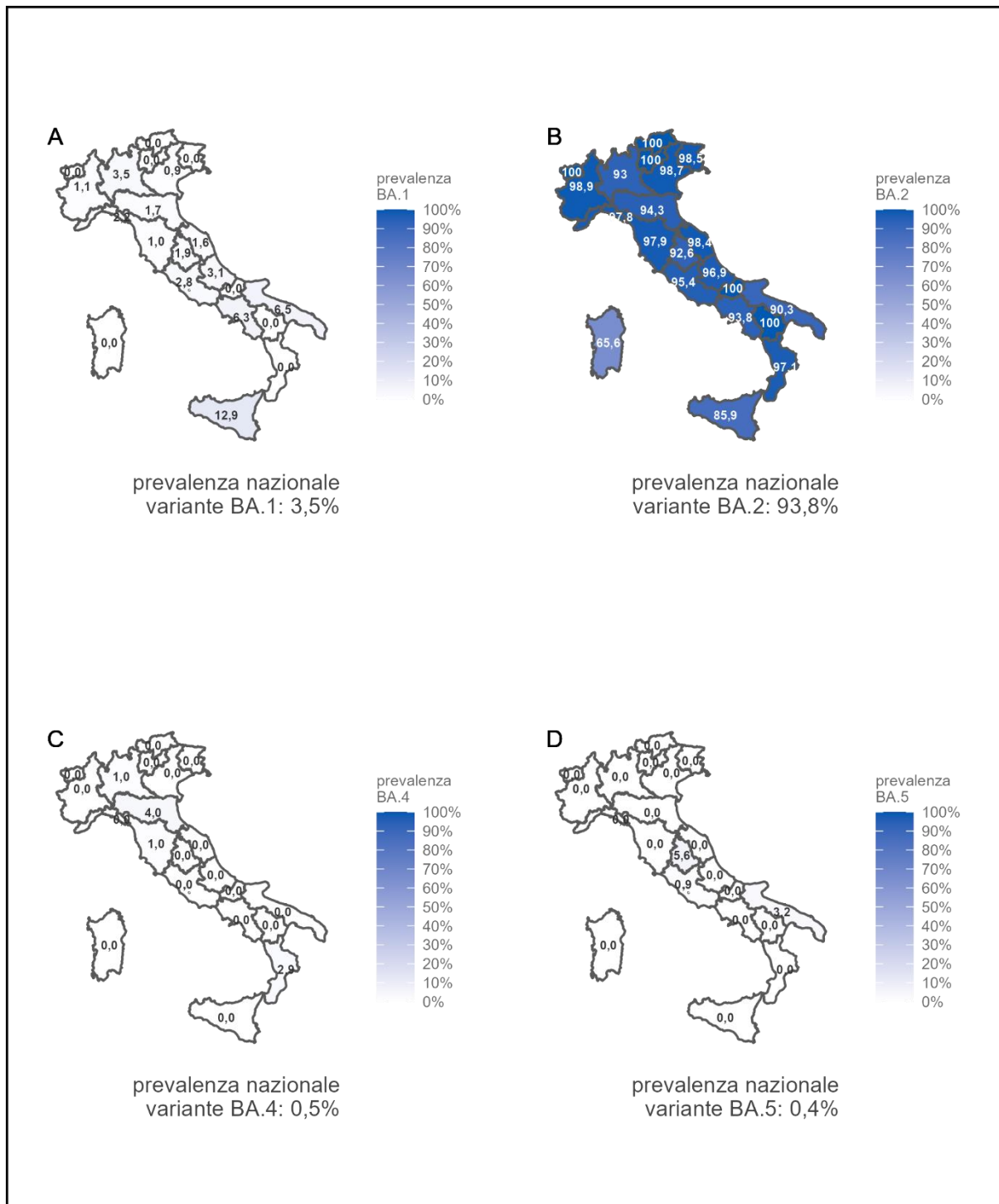


Figura 1 - Prevalenza del sotto-lignaggio BA.1 (A), BA.2 (B), BA.4 (C) e BA.5 (D) in Italia, indagine rapida del 03 maggio 2022. Dalla mappa si evince la diffusione su tutto il territorio del sotto-lignaggio BA.2 (range: 65,6% - 100%). Una frazione minoritaria di sequenziamenti è risultata associata al sottolignaggio BA.3 e ad alcuni possibili ricombinati BA.1/BA.2.

2. Piattaforma per la sorveglianza genomica delle varianti di SARS-CoV-2, I-Co-Gen.

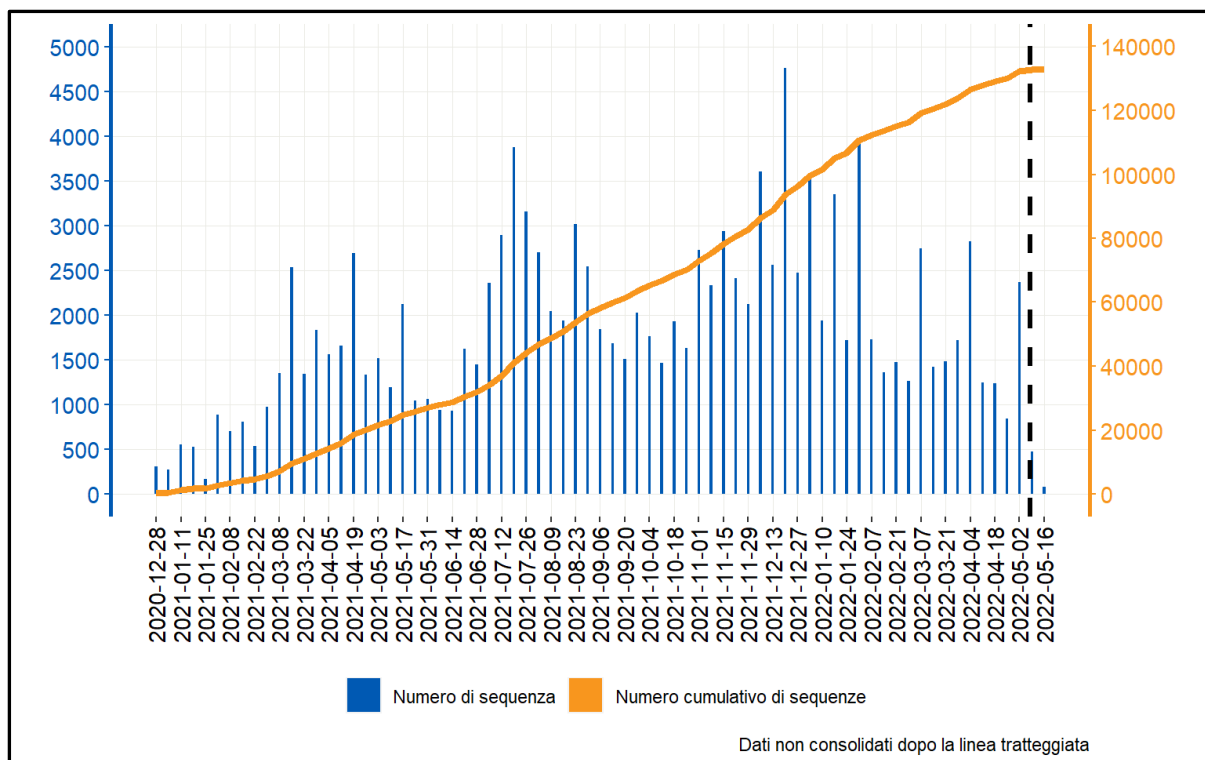
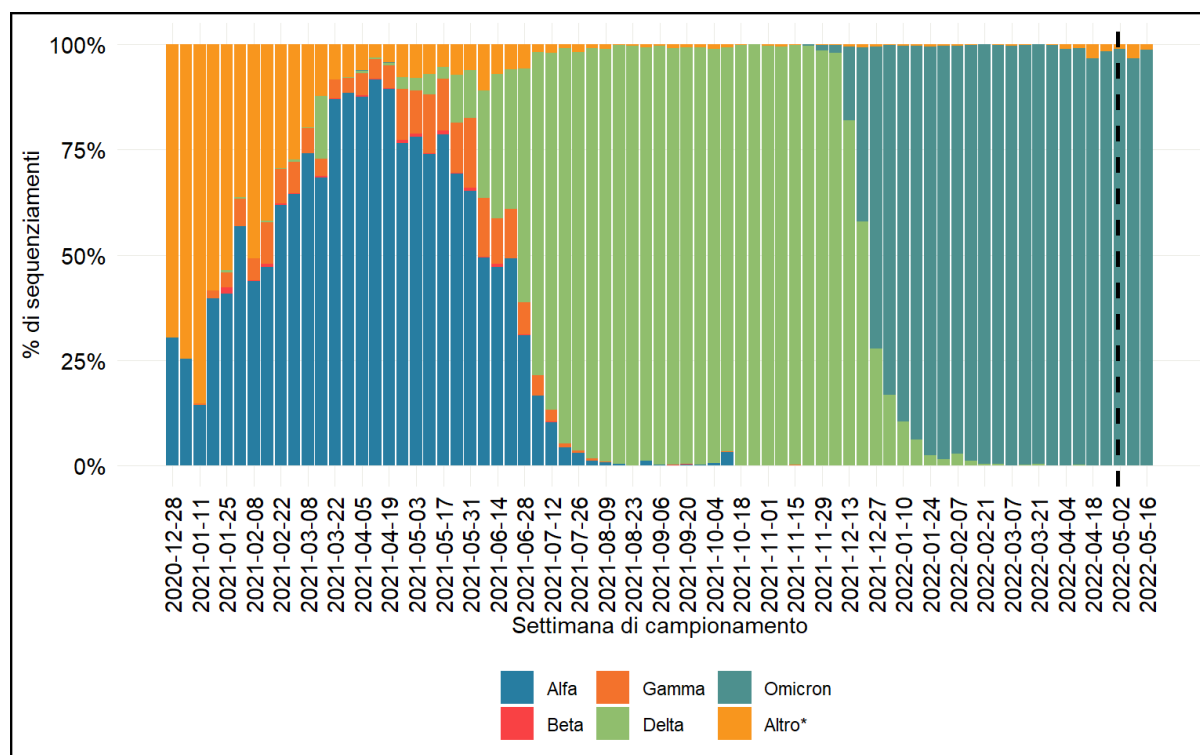


Figura 2 - Numero di sequenze presenti nella piattaforma I-Co-Gen per settimana di campionamento e numero cumulativo, 28 dicembre 2021 - 23 maggio 2022. Alla data di estrazione dei dati (23 maggio 2022) risultano accreditati per il caricamento/analisi e visualizzazione dei dati nella piattaforma I-Co-Gen 93 utenti da 70 strutture sul territorio, a cui vanno aggiunti 11 utenti abilitati alla sola visualizzazione dei dati. Le sequenze presenti nella piattaforma I-Co-Gen alla data del 23 maggio 2022 sono **135.593**. Il dato relativo alle ultime due settimane di campionamento (linea tratteggiata del grafico) è da considerarsi non ancora consolidato.



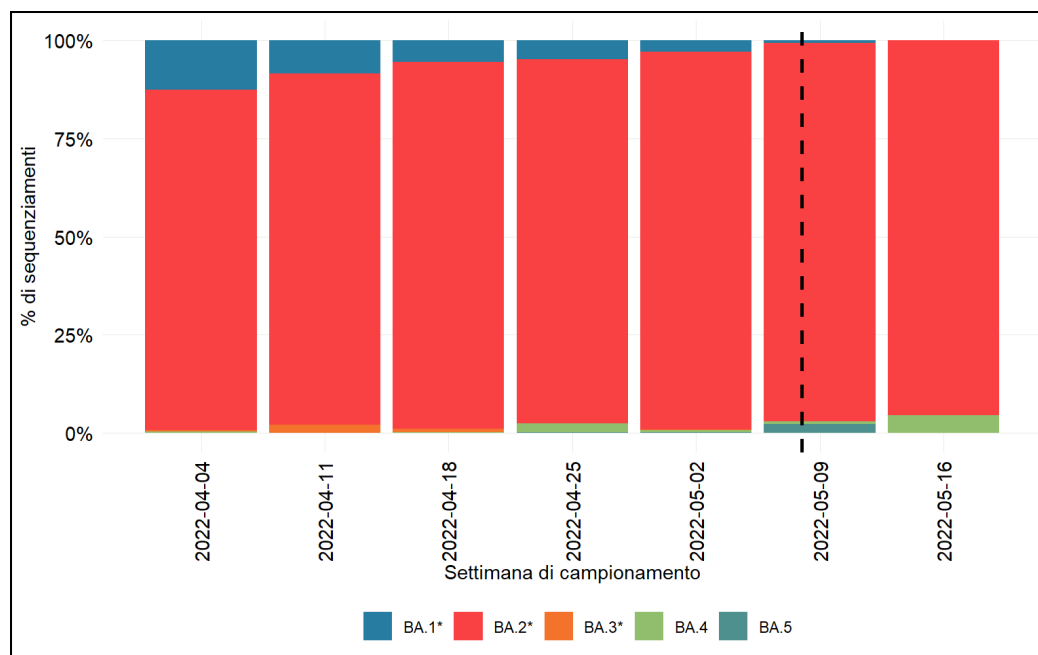
* Include sequenziamenti associati ad altre varianti/lignaggi e sequenziamenti non classificabili.

Figura 3 - Andamento delle principali varianti identificate mediante sequenziamento dal software della piattaforma I-Co-Gen, per settimana di campionamento (28 dicembre 2020 – 23 maggio 2022). A partire dall'ultima settimana di dicembre 2021, si evince un rapido incremento nella proporzione di sequenze attribuibili alla variante omicron, divenuta poi predominante. Il dato relativo alle ultime due settimane di campionamento - linea tratteggiata nel grafico - è da considerarsi non ancora consolidato. L'assegnazione dei lignaggi/varianti è quella ottenuta con la versione 4.0.6 di Pangolin con PUSHER-v1.8 e 1.11.0 di NextClade. Sono escluse da questa aggregazione le sequenze Sanger della sola regione del gene S.

Tabella 1 – Frequenza dei diversi sottolignaggi di omicron identificati dal software che opera nella piattaforma I-Co-Gen (versione 4.0.6 di Pangolin con PUSHER-v1.8). Dati riferiti a campioni con data campionamento 09 aprile 2022 - 23 maggio 2022). Sono escluse da questa aggregazione le sequenze Sanger della sola regione del gene S.

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Numero sequenze	%
Omicron	BA.1	35	0,61
	BA.1.1	158	2,76
	BA.1.1.1	37	0,65
	BA.1.1.11	1	0,02
	BA.1.1.14	6	0,10
	BA.1.1.2	1	0,02
	BA.1.1.7	2	0,03
	BA.1.15	2	0,03
	BA.1.15.1	1	0,02
	BA.1.17	7	0,12
	BA.1.17.2	25	0,44
	BA.1.18	3	0,05

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Numero sequenze	%
	BA.1.19	1	0,02
	BA.1.21	5	0,09
	BA.1.21.1	5	0,09
	Totale BA.1	289	5,05
	BA.2	4007	70,04
	BA.2.1	13	0,23
	BA.2.10	72	1,26
	BA.2.10.1	6	0,10
	BA.2.12	13	0,23
	BA.2.12.1	7	0,12
	BA.2.13	3	0,05
	BA.2.14	2	0,03
	BA.2.18	6	0,10
	BA.2.19	1	0,02
	BA.2.2	1	0,02
	BA.2.21	1	0,02
	BA.2.22	4	0,07
	BA.2.23	26	0,45
	BA.2.25	1	0,02
	BA.2.3	363	6,35
	BA.2.3.3	1	0,02
	BA.2.31	1	0,02
	BA.2.34	1	0,02
	BA.2.5	18	0,31
	BA.2.7	4	0,07
	BA.2.9	791	13,83
	Totale BA.2	5342	93,38
	BA.3	35	0,61
	BA.3.1	3	0,05
	Totale BA.3	38	0,66
	BA.4	36	0,63
	BA.5	16	0,28
	Totale Omicron	5721	100



* Include i relativi sottolignaggi

Figura 4 – Distribuzione percentuale dei diversi lignaggi omicron identificati mediante sequenziamento genomico dal software della piattaforma I-Co-Gen, per settimana di campionamento (09 aprile 2022 - 23 maggio 2022). Nel periodo considerato BA.2 si conferma prevalente. Il dato relativo alle ultime due settimane di campionamento (linea tratteggiata nel grafico) è da considerarsi non ancora consolidato. L'assegnazione dei lignaggi è quella ottenute con la versione 4.0.6 di Pangolin con PUSHER-v1.8. Sono escluse da questa aggregazione le sequenze Sanger della sola regione del gene S.

3. Segnalazioni di infezioni causate da varianti del virus SARS-CoV-2 di interesse per la sanità pubblica (dati dal Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19).

Numero di genotipizzazioni/sequenziamenti

Tabella 2 - Frequenza di genotipizzazione/sequenziamento di campioni positivi al virus SARS-CoV-2, Italia, dati cumulativi e percentuali ed incidenza di infezione nella popolazione per mese, gennaio 2021 - maggio 2022 *

Mese 2021-2022	Numero casi di infezione da SARS-CoV-2 con campioni clinici genotipizzati/sequenziati	%	Incidenza mensile (x 100 000)
gennaio 2021	2.644	0,6	679
febbraio 2021	5.654	1,5	685
marzo 2021	10.927	1,7	1.081
aprile 2021	10.220	2,4	711
maggio 2021	5.887	3,4	286
giugno 2021	4.578	11,4	68

Mese 2021-2022	Numero casi di infezione da SARS-CoV-2 con campioni clinici genotipizzati/sequenziati	%	Incidenza mensile (x 100 000)
luglio 2021	13.027	13,2	161
agosto 2021	11.058	5,7	317
settembre 2021	8.168	6,5	213
ottobre 2021	6.105	6,1	165
novembre 2021	9.687	3,4	476
dicembre 2021	14.173	1,0	2.261
gennaio 2022	10.159	0,2	7.770
febbraio 2022	4.471	0,3	2.993
marzo 2022	6.086	0,3	3.145
aprile 2022	4.654	0,3	3.021
maggio 2022 *	1.390	0,2	1.548

* dati in fase di consolidamento.

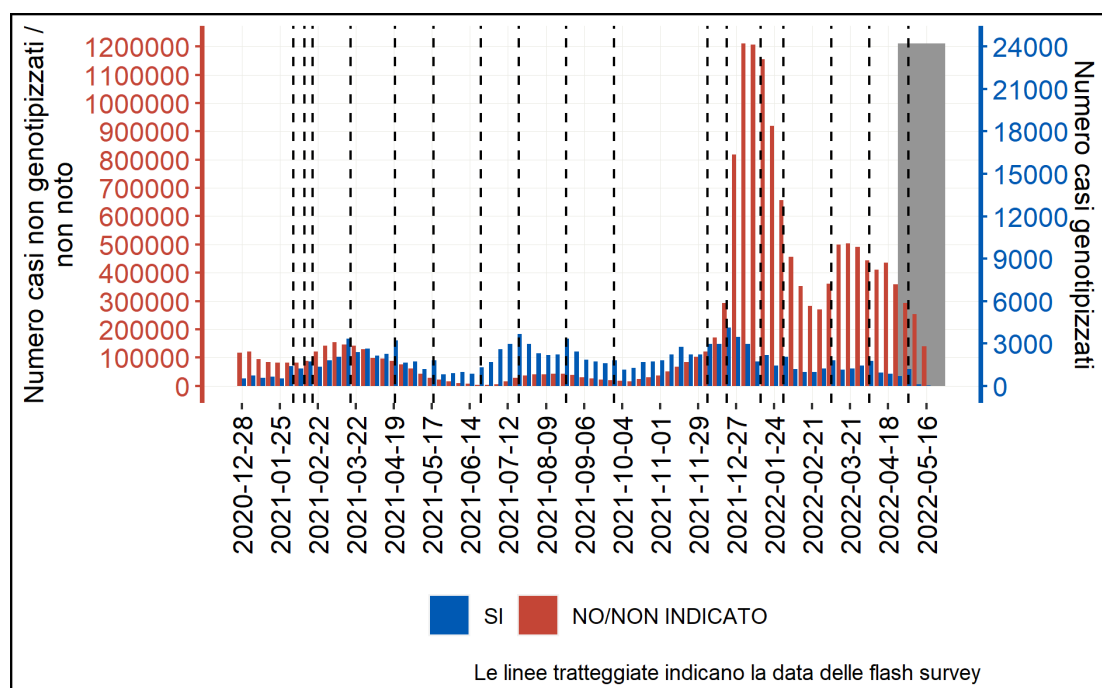


Figura 5 – Numero di casi di infezione confermata da SARS-CoV-2 riportati al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19, per settimana di prelievo/diagnosi, per i quali sia stata effettuata (blu) o meno (rosso) una genotipizzazione/sequenziamento, 28 dicembre 2020 – 23 maggio 2022. Il box grigio indica che i dati relativi all'ultimo mese sono ancora incompleti e non consolidati.

Frequenza e diffusione delle varianti di interesse sanitario in Italia

Tabella 3 - Frequenza di genotipizzazione/sequenziamento per variante di SARS-CoV-2, Italia, dati relativi agli ultimi 45 giorni (09 aprile 2022 - 23 maggio 2022).

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Numero casi *	% *
Alfa	B.1.1.7	0	0,0
	B.1.1.7+E484K	0	0,0
Beta #	B.1.351	1	<0,1
Gamma #	P.1	0	0,0
Delta #	B.1.617.2	2	0,1
Omicron #	B.1.1.529	3.473	87,2
ND ##,**	B.1.525	0	0,0
ND ##,**	B.1.617.1	0	0,0
ND ##	B.1.617.3	0	0,0
ND ##,**	P.2	0	0,0
	altro lignaggio/non indicato §	507	12,7
Totale		3.983	100,0

* 09 aprile 2022 - 23 maggio 2022

la variante include nel Sistema di Sorveglianza Integrata anche i relativi sotto-lignaggi

non disponibile

** precedentemente 'eta' (B.1.525), 'kappa' (B.1.617.1) e 'zeta' (P.2)

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

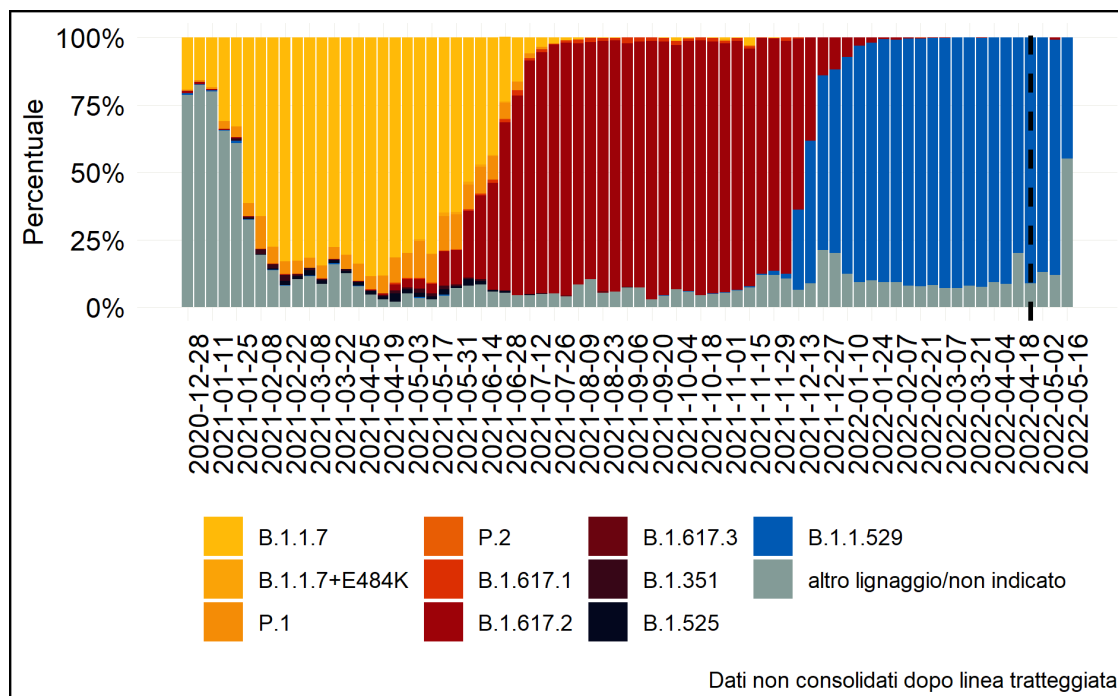


Figura 6 - Distribuzione percentuale dei lignaggi monitorati* nella Sorveglianza Integrata COVID-19 per settimana. Italia, 28 dicembre 2020 –23 maggio 2022.

* i lignaggi B.1.351 (variante Beta), P.1 (variante Gamma), B.1.617.2 (variante Delta) e B.1.1.529 (variante Omicron) includono nel Sistema di Sorveglianza Integrata anche i relativi sotto-lignaggi

Caratteristiche epidemiologiche delle varianti di interesse sanitario riportate in Italia negli ultimi 45 giorni (09 aprile 2022 - 23 maggio 2022)

Tabella 4 - Numero e percentuale di casi di infezione causati da varianti di SARS-CoV-2 di interesse sanitario per luogo di infezione, dati relativi agli ultimi 45 giorni (09 aprile 2022 - 23 maggio 2022).

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Ultimi 45 giorni *					
		Caso autoctono		Caso importato		Non noto	
		N	%	N	%	N	%
Alfa	B.1.1.7	0	0,0	0	0,0	0	0,0
	B.1.1.7+E484K	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Beta #	B.1.351	1	100,0	0	0,0	0	0,0
Gamma #	P.1	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Delta #	B.1.617.2	2	100,0	0	0,0	0	0,0
Omicron #	B.1.1.529	2.727	78,5	1	0,0	745	21,5
ND ##,**	B.1.525	0	0,0	0	0,0	0	0,0
ND ##,**	B.1.617.1	0	0,0	0	0,0	0	0,0
ND ##	B.1.617.3	0	0,0	0	0,0	0	0,0
ND ##,**	P.2	0	0,0	0	0,0	0	0,0
	altro lignaggio/non indicato §	482	95,1	3	0,6	22	4,3

* 09 aprile 2022 - 23 maggio 2022

la variante include nel Sistema di Sorveglianza Integrata anche i relativi sotto-lignaggi

non disponibile

** precedentemente 'eta' (B.1.525), 'kappa' (B.1.617.1) e 'zeta' (P.2)

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

Tabella 5 - Casi di infezione da SARS-CoV-2 causati da varianti di interesse sanitario, Italia, 09 aprile 2022 - 23 maggio 2022. Distribuzione per sesso e variante.

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Ultimi 45 giorni *			
		Femmine		Maschi	
		N	%	N	%
Alfa	B.1.1.7	0	0,0	0	0,0
	B.1.1.7+E484K	0	0,0	0	0,0
Beta #	B.1.351	0	0,0	1	0,1
Gamma #	P.1	0	0,0	0	0,0
Delta #	B.1.617.2	0	0,0	2	0,1
Omicron #	B.1.1.529	1.859	86,2	1.614	88,3
ND ##,**	B.1.525	0	0,0	0	0,0
ND ##,**	B.1.617.1	0	0,0	0	0,0
ND ##	B.1.617.3	0	0,0	0	0,0
ND ##,**	P.2	0	0,0	0	0,0
	altro lignaggio/non indicato §	297	13,8	210	11,5
Totale		2.156	100,0	1.827	100,0

* 09 aprile 2022 - 23 maggio 2022

la variante include nel Sistema di Sorveglianza Integrata anche i relativi sotto-lignaggi

non disponibile

** precedentemente 'eta' (B.1.525), 'kappa' (B.1.617.1) e 'zeta' (P.2)

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

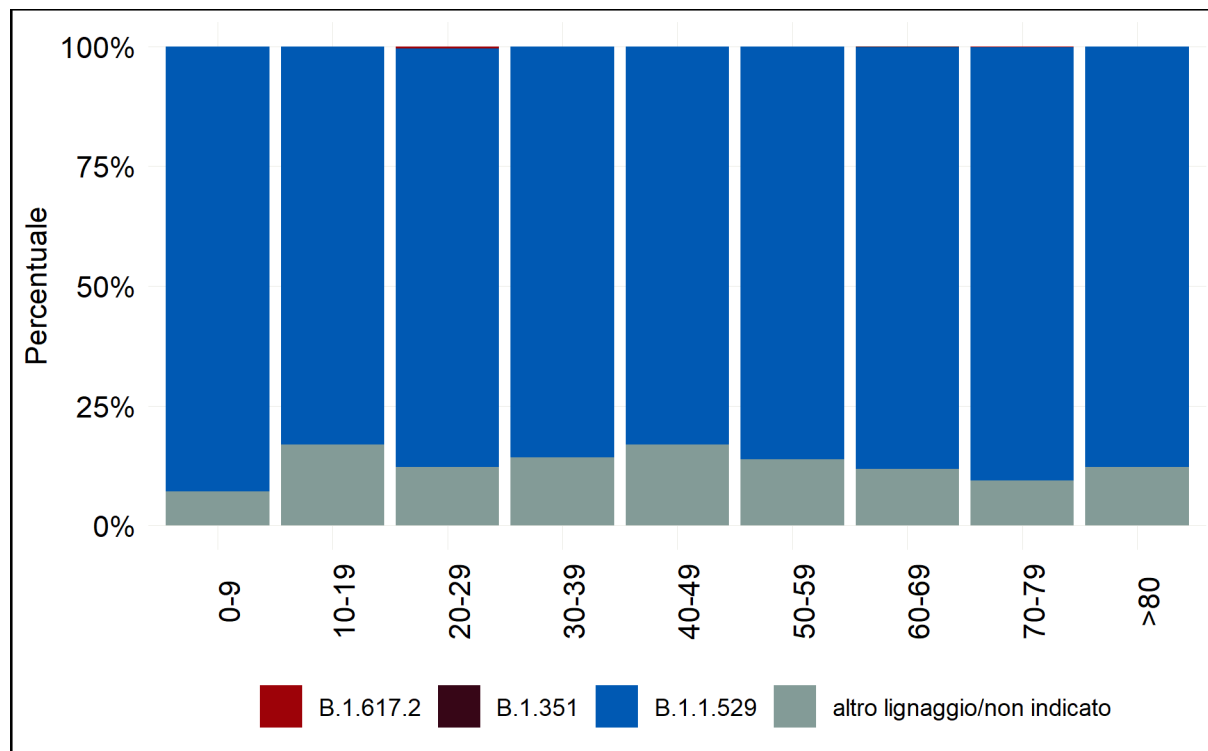


Figura 7 - Casi di infezione da SARS-CoV-2 causati da varianti di interesse sanitario, Italia, dati relativi agli ultimi 45 giorni (09 aprile 2022 - 23 maggio 2022). Distribuzione per fascia di età e lignaggio*.

* i lignaggi B.1.351 (variante Beta), P.1 (variante Gamma), B.1.617.2 (variante Delta) e B.1.1.529 (variante Omicron) includono nel Sistema di Sorveglianza Integrata anche i relativi sotto-lignaggi

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), e successivo Decreto-Legge n. 24 (art. 13) del 24 marzo 2022, 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. Al momento in cui viene redatto questo rapporto, la classificazione in vigore è la seguente (<https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>; <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>).

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. **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**, 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 e 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.

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

In collaborazione con

Laboratori Regionali/PPAA

Liborio Stuppia, Federico Anaclerio, Laboratorio di Genetica Molecolare, Centro Studi e Tecnologie Avanzate (CAST), Università degli Studi "G. d'Annunzio", Chieti; Giovanni Savini, Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Abruzzo e del Molise "Giuseppe Caporale", Teramo; Antonio Picerno, Teresa Lopizzo, UOC Analisi Chimico Cliniche e Microbiologiche, AOR "San Carlo", Potenza; Domenico Dell'Edera, UOSD Laboratorio di Genetica Medica, P.O. "Madonna delle Grazie", Matera; Pasquale Minchella, SOC Microbiologia e Virologia, AO "Pugliese-Ciaccio", Catanzaro; Francesca Greco, UOC Microbiologia e Virologia, PO "Annunziata", Cosenza; Giuseppe Viglietto, Laboratorio di Genomica Funzionale e Patologia Molecolare, Università degli Studi "Magna Graecia", Catanzaro; Maria Teresa Fiorillo, Azienda Sanitaria Provinciale di Reggio Calabria, Reggio Calabria; Luigi Atripaldi, AORN "Azienda Sanitaria dei Colli", Napoli; Antonio Limone, Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Mezzogiorno, Portici, Napoli; Davide Cacchiarelli, Istituto Telethon di Genetica e Medicina (TIGEM), Pozzuoli, Napoli; Pierlanfranco D'Agaro, SC UCO Igiene e Sanità Pubblica, Azienda Sanitaria Universitaria Giuliano-Isontina (ASUGI), Trieste; Danilo Licastro, Laboratorio Genomica ed Epigenomica, Area Science Park, Basovizza, Trieste; Federica Baldan, Sabrina Lombino, Dipartimento di Medicina di Laboratorio, Azienda Sanitaria Universitaria Friuli Centrale (ASU FC); Stefano Pongolini, Unità di Analisi del Rischio ed Epidemiologia Genomica, Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia-Romagna, Parma; Tiziana Lazzarotto, Giada Rossini, Laboratori CRREM, UO Microbiologia, AOU "Policlinico di S'Orsola" (IRCCS), Bologna; Vittorio Sambri, Dipartimento di Medicina Specialistica Diagnostica e Sperimentale (DIMES), Università di Bologna, Bologna, & UOC Microbiologia, AUSL della Romagna, Cesena; Giorgio Dirani, Silvia Zannoli, UOC Microbiologia, AUSL della Romagna, Cesena; Paola Affanni, Maria Eugenia Colucci, Laboratorio di Igiene e Sanità Pubblica, Dipartimento di Medicina e Chirurgia, Università degli Studi di Parma, Parma; Maria Rosaria Capobianchi, Emanuela Giombini, Laboratorio di Virologia, Istituto Nazionale Malattie Infettive IRCCS "L. Spallanzani", Roma; Florigio Lista, Dipartimento Scientifico, Policlinico Militare di Roma, Roma; Patricia Alba, Diagnostica Generale, Dipartimento di Virologia, Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Lazio e della Toscana (IZSLT), Roma; Alice Massacci, IRCCS "Regina Elena" Istituto Nazionale Tumori, Roma; Carlo Federico Perno, Unità Complessa di Microbiologia ed Immunologia Diagnostica, Ospedale Pediatrico "Bambino Gesù", Roma; Maurizio Sanguinetti, Istituto di Microbiologia e Virologia, Fondazione Policlinico Universitario "A. Gemelli" IRCCS, Roma; Elisabetta Riva, Fondazione Policlinico-Università Campus Bio-Medico, Roma; Ombretta Turriziani, Dipartimento di Medicina Molecolare, Policlinico Umberto I, Roma; Bianca Bruzzone, Laboratorio di Riferimento Regionale per la diagnosi molecolare di SARS-CoV-2, U.O. Igiene, Ospedale Policlinico "San Martino" IRCCS, Università degli Studi di Genova, Genova, & Laboratorio di Riferimento Regionale per le Emergenze di Sanità Pubblica (LaRESP), Liguria; Giancarlo Icardi, Flavia Lillo, Andrea Orsi, Laboratorio di Riferimento Regionale per le Emergenze di Sanità Pubblica (LaRESP), Liguria; Elena Pariani, Dipartimento di Scienze Biomediche per la Salute, Università degli Studi di Milano, Milano; Fausto Baldanti, Unità Virologia Molecolare, Fondazione IRCCS Policlinico "San Matteo", Pavia, & Università di Pavia, Pavia; Maria Rita Gismondo, Valeria Micheli, U.O.C Microbiologia Clinica, Virologia e diagnostica delle Bioemergenze, ASST "Fatebenefratelli-Sacco", Milano; Fabrizio Maggi, SC Laboratorio Microbiologia, ASST "Sette Laghi", Varese; Arnaldo Caruso, Laboratorio di Microbiologia e Virologia, 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; Alice Nava, ASST Grande Ospedale Metropolitano Niguarda, Milano; Erminio Torresani, IRCCS Istituto Auxologico Italiano, Milano; Fabiana Cro, Cristina Lapucci, SYNLAB ITALIA, Brescia; Enzo Boeri, Nicola Clementi, Laboratorio di Microbiologia, Dipartimento di Medicina di Laboratorio, Ospedale "San Raffaele", Milano; Marina Noris, Istituto di Ricerche Farmacologiche "Mario Negri" IRCCS, Milano; Giulia Bassanini, Laboratorio SMEL, PTP Science Park S.c.a.r.l., Lodi; Claudio Farina, Marco Arosio, Laboratorio di Microbiologia e Virologia, ASST "Papa Giovanni XXIII", Bergamo; Maria Oggionni, ASST Bergamo Ovest, Bergamo; Sergio Malandrini, Annalisa Cavallero, Laboratorio di Microbiologia e Virologia, ASST Monza, Monza; Valerio Leoni, ASST della Brianza - Laboratorio Analisi "Ospedale di Circolo" Desio; Fabio Sagradi, ASST Cremona; Flavia Maggiolini, Lifebrain Lombardia S.r.l. - Centro Diagnostico San Nicola Laboratorio Analisi; Stefano Menzo, SOD Virologia, AOU "Ospedali Riuniti", Ancona; Silvio Garofalo, Massimiliano Scutellà, UOC Laboratorio Analisi, POA "Cardarelli", Campobasso; Elisabetta Pagani, Laboratorio Aziendale di Microbiologia e Virologia,

Azienda Sanitaria dell'Alto Adige, Bolzano; Lucia Collini, Microbiologia e Virologia, Presidio Ospedaliero "Santa Chiara", Trento; Valeria Ghisetti, Centro di Riferimento Regionale per validazione e controllo di qualità SARS-CoV-2, Ospedale Amedeo di Savoia, Torino; Silvia Brossa, Paola Marino, Giorgia Migliardi, IRCCS Fondazione del Piemonte per l'Oncologia, Candiolo; Giuseppe Ru, Elena Bozzetta, Simone Peletto, Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Piemonte, Liguria e Valle d'Aosta, Torino; Maria Chironna, Laboratorio di Epidemiologia Molecolare e Sanità Pubblica, AOUC Policlinico di Bari, Bari; Antonio Parisi, Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Puglia e della Basilicata, Putignano, Bari; Rosella De Nittis, Laboratorio di Microbiologia e Virologia, Policlinico Riuniti - Azienda Ospedaliero Universitaria, Foggia; Salvatore Rubino, Sergio Uzzau, Flavia Angioj, Gabriele Ibba, Caterina Serra, S.C. Microbiologia e Virologia, Laboratorio Virologia, AOU di Sassari, Sassari; Giovanna Piras, UOC Ematologia, P.O. "San Francesco", Azienda Tutela Salute, ASSSL Nuoro, Nuoro; Giuseppe Mameli, Laboratorio di Patologia Clinica, P.O. "San Francesco", Azienda Tutela Salute, ASSSL Nuoro; Ferdinando Coghe, Laboratorio Generale (HUB) di Analisi Chimico Cliniche e Microbiologia, PO "Dulio Casula", AOU di Cagliari, Cagliari; Francesco Vitale, Fabio Tramuto, Laboratorio di Riferimento Regionale per la Sorveglianza Epidemiologica e Virologica del PROMISE - AOUP "Giaccone", Palermo; Guido Scalia, Concetta Ilenia Palermo, Laboratorio di Virologia Clinica, AOUP "V. Emanuele", PO "Gaspere Rodolico", Catania; Giuseppe Mancuso, UOC Microbiologia, AOU "G. Martino", Messina; Teresa Pollicino, Laboratorio di Diagnostica Molecolare dell'Unità Gestione Centralizzata Laboratori, Messina; Francesca Di Gaudio, Centro Regionale per la Qualità (CRQ), Palermo; Stefano Vullo, Stefano Reale, Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Sicilia, Palermo; Vincenzo Bramanti, U.O.C. Laboratorio Analisi - Asp Ragusa, Ragusa; Maria Grazia Cusi, UOC Microbiologia e Virologia, Azienda Ospedaliera Universitaria Senese, & Dipartimento di Biotecnologie Mediche, Università degli Studi di Siena, Siena; Gian Maria Rossolini, SOD Microbiologia e Virologia, AOU "Careggi", Firenze; Mauro Pistello, UOC Virologia, AOU Pisana, Pisa; Antonella Mencacci, Barbara Camilloni, S.C. Microbiologia, Dipartimento di Medicina e Chirurgia, Università di Perugia, Perugia; Silvano Severini, Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Umbria e delle Marche, Perugia; Massimo Di Benedetto, Laboratorio Analisi Cliniche, Ospedale "Parini", Aosta; Calogero Terregino, Isabella Monne, Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Padova; Valeria Biscaro, UOC Microbiologia-Virologia, AULSS2 La Marca, PO Treviso, Treviso.

Ministero della Salute

Alessia Mammone, Monica Sane Schepisi, Francesco Maraglino, Giovanni Rezza

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, Giuseppina Di Mario, Marzia Facchini, Laura Calzoletti, Simona Puzelli, Giulietta Venturi, Claudia Fortuna, Giulia Marsili, Antonello Amendola, Alberto Mateo Urdiales, Massimo Fabiani, Stefano Boros, Fortunato (Paolo) D'Ancona, Maria Cristina Rota, Antonietta Filia, Maria Fenicia Vescio, Corrado Di Benedetto, Marco Tallon, Luca De Sabato.