

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

Rapporto n. 17 del 18 febbraio 2022

(dati aggiornati al 14 febbraio 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 (31 gennaio 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 **1 gennaio – 14 febbraio 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 3 e 4 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 ([31 gennaio 2022](#)), la variante omicron risulta ormai predominante nel nostro Paese (prevalenza stimata a livello nazionale pari al 99%). Si ricorda, a tal proposito, che nell'indagine precedente, relativa ai campioni prelevati il 17 gennaio 2022, la prevalenza della variante omicron era già al 95.8%.

In questa indagine, il 3% della variante omicron appartiene al lignaggio BA.2 (nell'indagine precedente era pari all'1%).

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/Province Autonome e dedicata all'analisi e condivisione dei dati di sequenziamento di SARS-CoV-2, conta, ad oggi, più di **107.000 sequenze** provenienti da **65 strutture** dislocate sull'intero territorio nazionale. Grazie a tale flusso, è stato possibile impostare un sistema di "alert" per l'individuazione rapida di nuovi lignaggi e nuove mutazioni.

L'analisi dei dati depositati in piattaforma negli ultimi 45 giorni mostra che:

- La **variante omicron** rappresenta il 90% dei sequenziamenti. Dei tre lignaggi identificati (BA.1, BA.1.1 e BA.2), BA.1 risulta essere il più frequente.
- Il numero di sequenziamenti ascrivibili ai sotto-lignaggi **BA.1 e BA.1.1 con mutazione R346K**, situata nel dominio RBD della proteina Spike, è in aumento.
- Il sotto-lignaggio omicron **BA.2**, responsabile di un recente incremento nel numero di casi in diversi Paesi Europei, rappresenta una frazione minoritaria dei sequenziamenti; nonostante ciò, dati preliminari relativi all'ultima settimana oggetto d'indagine (7-13 febbraio), ne evidenziano un trend in lenta crescita.

Aggiornamento del Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19

Il sistema raccoglie alcune varianti VOC segnalate dalle Regioni/PPAA e le caratteristiche del paziente da cui sono state identificate (età, vaccinazione, residenza, ecc) **ma ha un fisiologico ritardo di notifica** rispetto alla piattaforma I-Co-Gen, come spiegato nella [Faq](#) specifica <https://bit.ly/35fyEBv>.

- Il sistema di sorveglianza integrata riporta 11.612 casi confermati di infezione da SARS-CoV-2 sequenziati/genotipizzati nel dicembre 2021, ultimo mese per il quale il dato può ritenersi consolidato;
- anche questo sistema conferma che la prevalenza di casi di infezione da variante Omicron in Italia è aumentata molto rapidamente. Tenendo conto dei tempi più lunghi di consolidamento del dato della sorveglianza integrata COVID-19, questo andamento è coerente con quanto osservato nell'indagine di prevalenza realizzata nella giornata del 31 gennaio 2022.

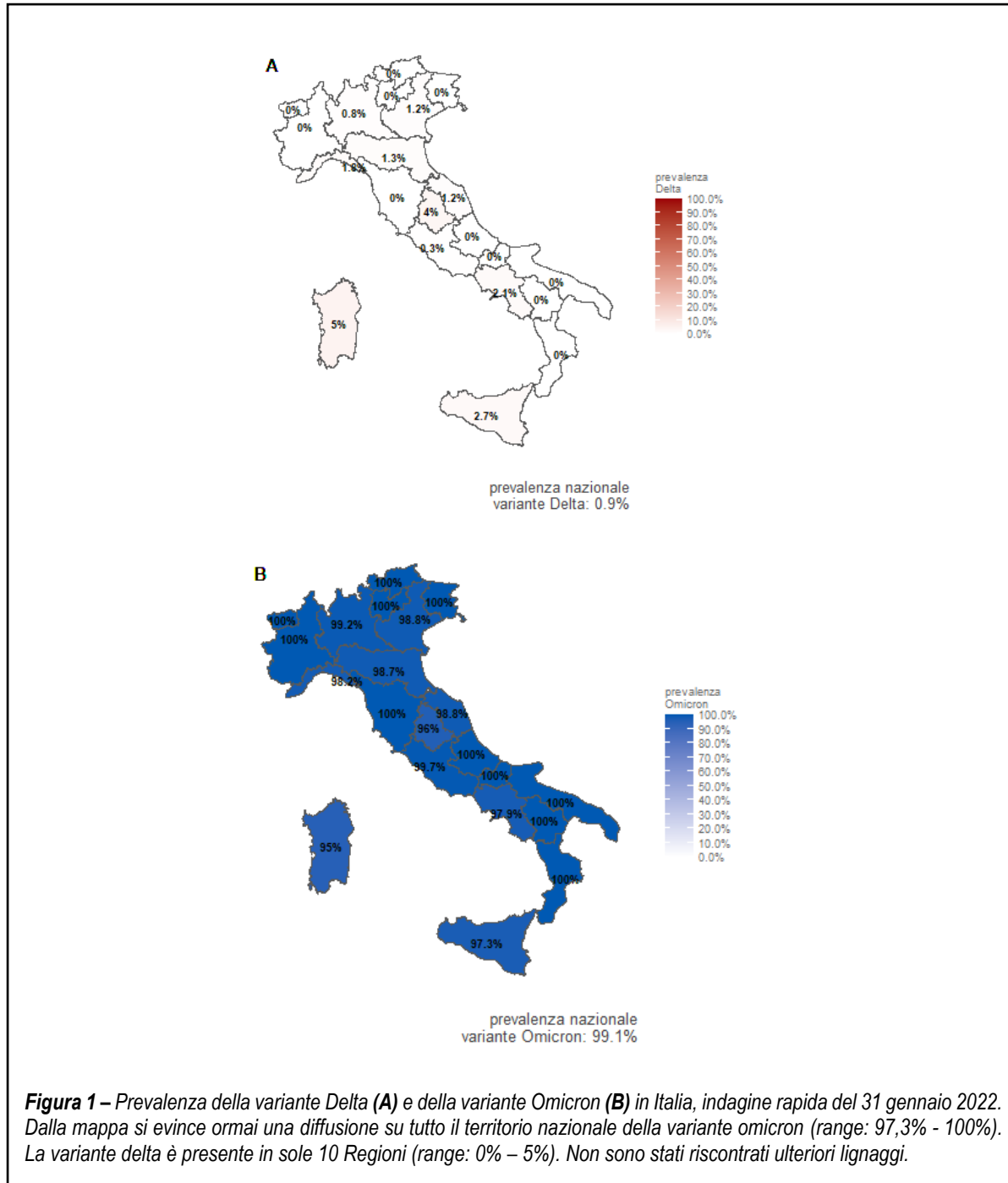
In conclusione

- Dall'**indagine rapida** sulle varianti, per stimare la prevalenza su tutto il territorio nazionale, si evince come ormai la **variante omicron** (lignaggio BA.1) sia **predominante**. Il lignaggio BA.2 rappresenta il 3% in quella indagine. Ad oggi, non sono disponibili sufficienti evidenze per definire una maggiore trasmissibilità e/o patogenicità associate all'infezione da SARS-CoV-2 lignaggio BA.2. La variante delta è presente con una prevalenza inferiore all'1% in quella indagine.
- L'impatto della variante omicron che si è diffusa molto velocemente in Europa ed in Italia ed i meccanismi della sua elevata trasmissibilità sono ancora oggetto di studio.
- 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 a 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).....	7
Note di lettura	11

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



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

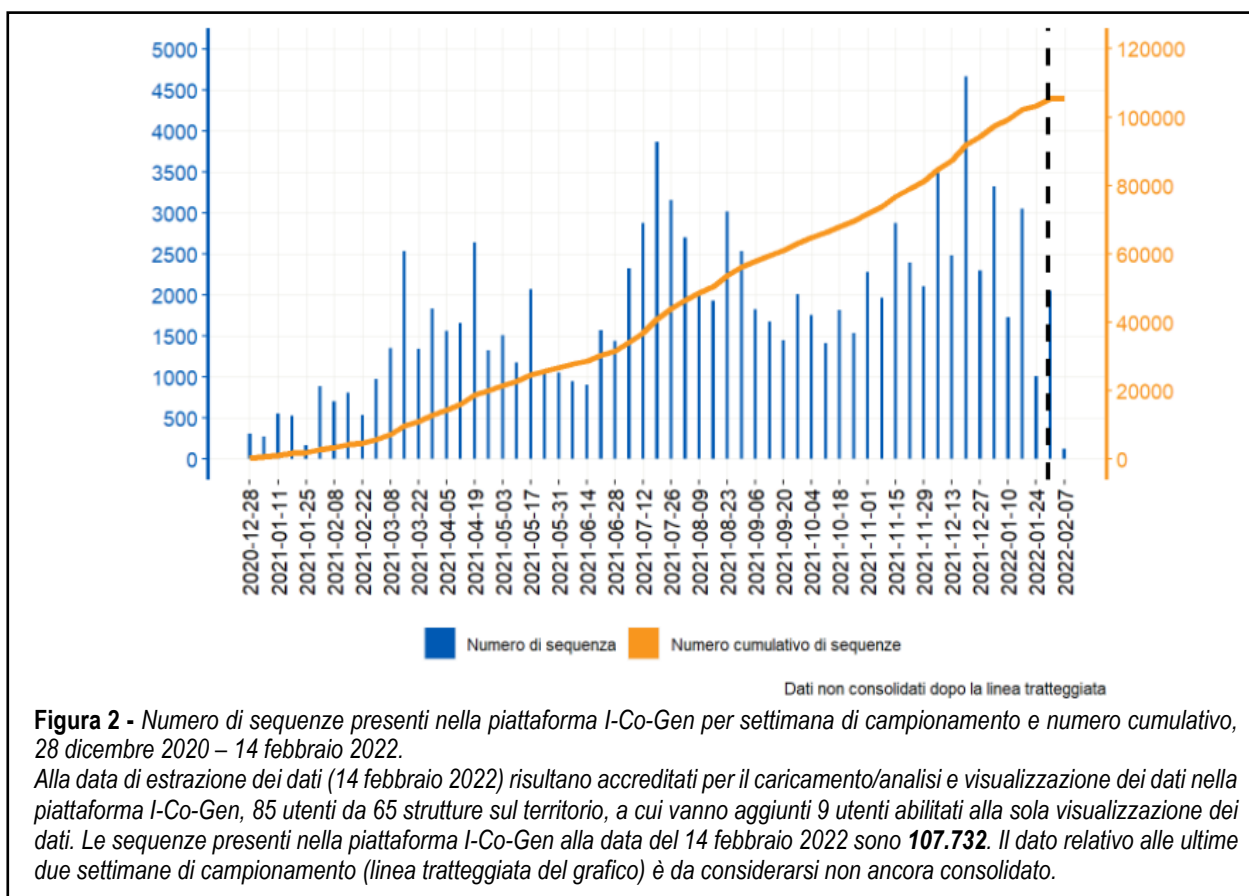


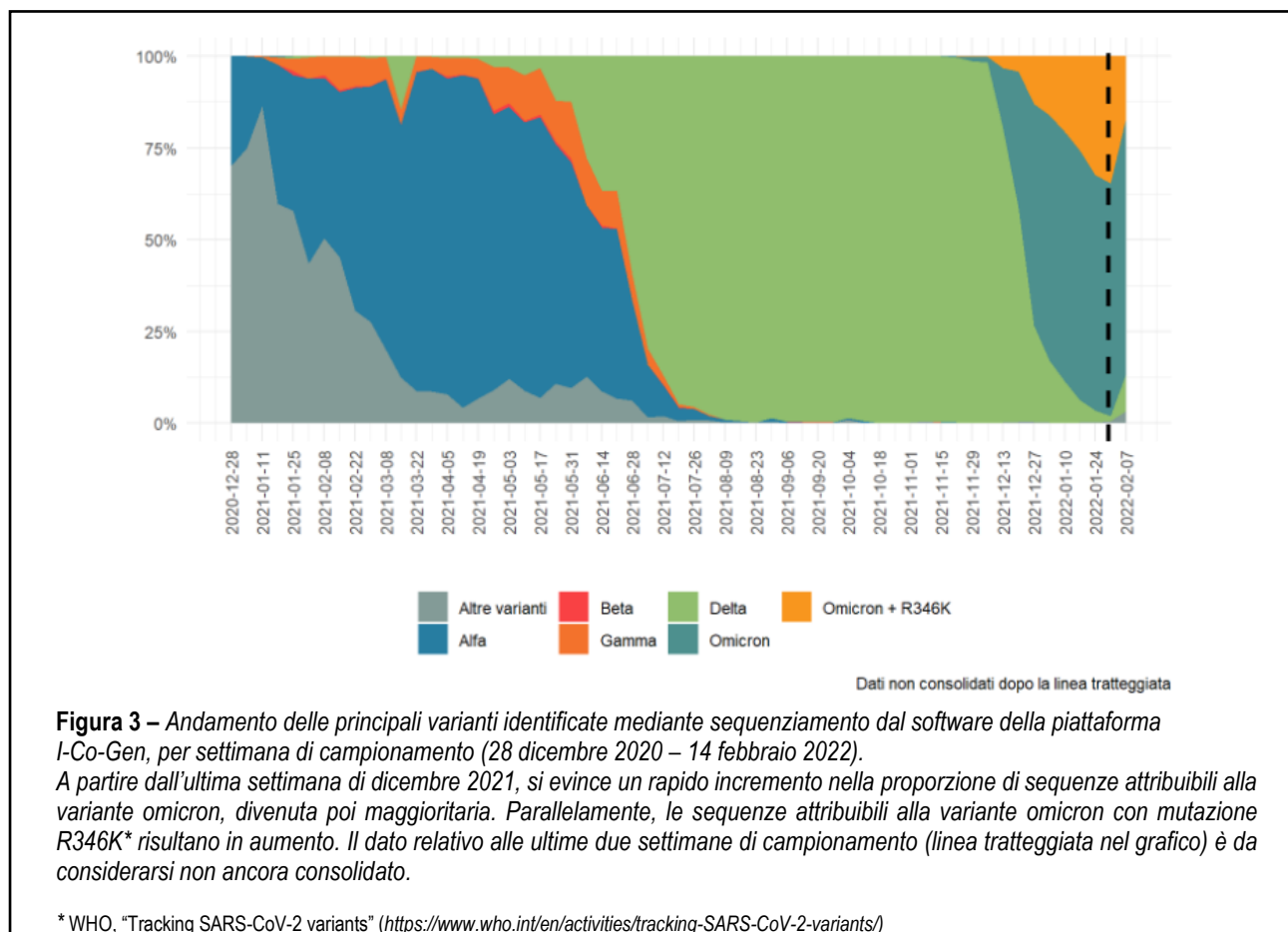
Tabella 1 - Frequenza delle varianti di SARS-CoV-2 e di altri lignaggi rilevanti per la Sanità pubblica identificati dal software che opera nella piattaforma I-Co-Gen (v. 3.1.20 di Pangolin con PangoLEARN 2022-02-02), dati riferiti a campioni con data campionamento dal 1 gennaio 2022 al 14 febbraio 2022. La Tabella mostra i dati in relazione al numero dei sequenziamenti depositati in I-Co-Gen.

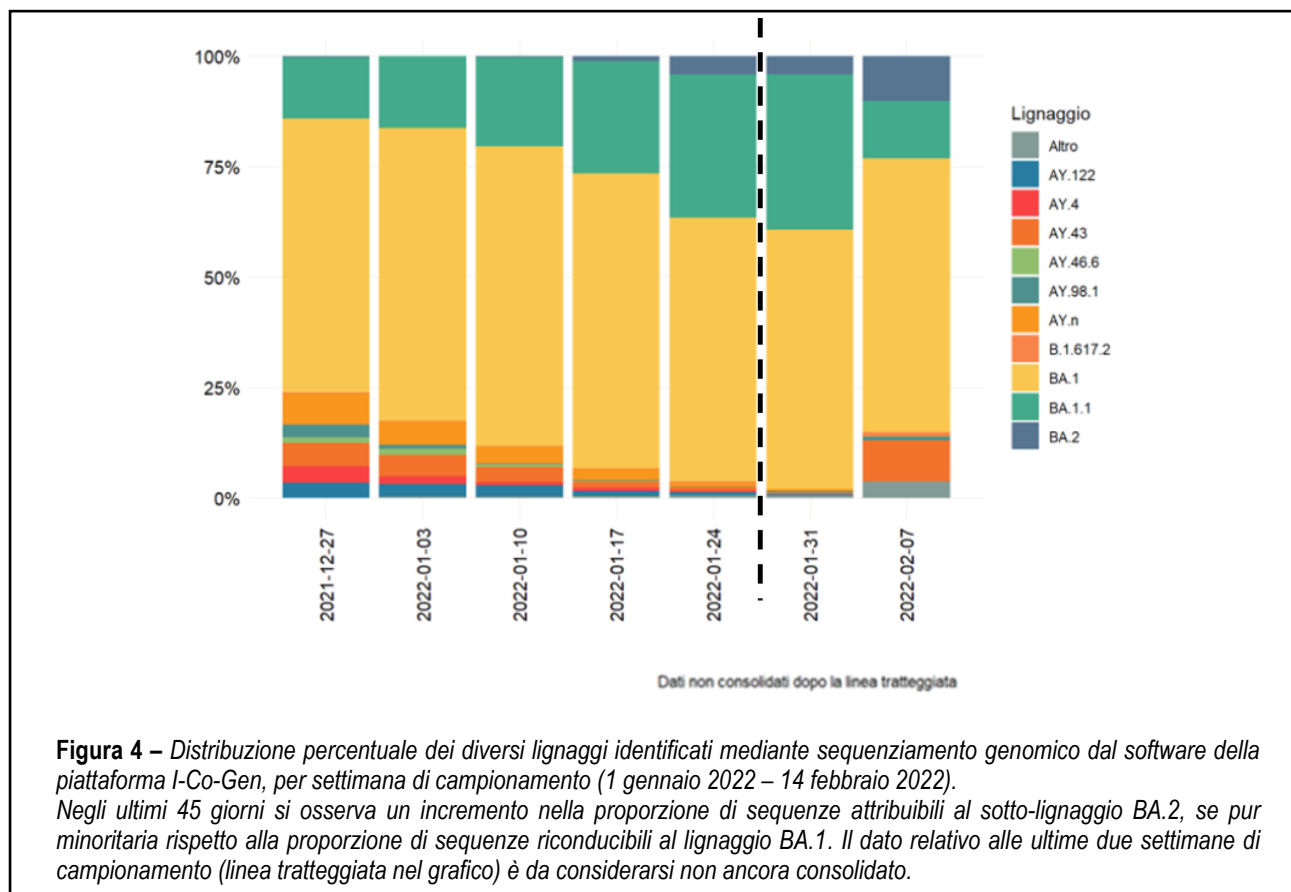
Nomenclatura OMS	Lignaggio/ Clade [§]	Numero sequenze*	%
Alfa	Totale Alfa	0	0,00
Beta	Totale Beta	0	0,00
Gamma	Totale Gamma	0	0,00
Delta	B.1.617.2	15	0,13
	AY.4	101	0,88
	AY.43	284	2,47
	AY.46.6	64	0,56
	AY.98.1	55	0,48
	AY.122	184	1,60
	Altri AY.n	331	2,88
	21A (Delta)	13	0,11

Nomenclatura OMS	Lignaggio/ Clade [§]	Numero sequenze*	%
	21I (Delta)	0	0,00
	21J (Delta)	46	0,40
	Totale Delta	1.093	9,52
Omicron	B.1.1.529	0	0,00
	BA.1	6.782	59,05
	BA.1.1	2.473	21,53
	BA.2	156	1,36
	BA.3	0	0,00
	21K (Omicron)	905	7,88
	21L (Omicron)	30	0,26
	21M (Omicron)	5	0,04
	Totale Omicron	10.351	90,12
	Altri lignaggi	42	0,37
Totale		11.486	100

§: al fine della caratterizzazione della variante è stato considerato il lignaggio per le sequenze con genoma intero, il clade, invece, per le sequenze del solo gene codificante la proteina Spike.

* periodo 1 gennaio 2022 – 14 febbraio 2022.





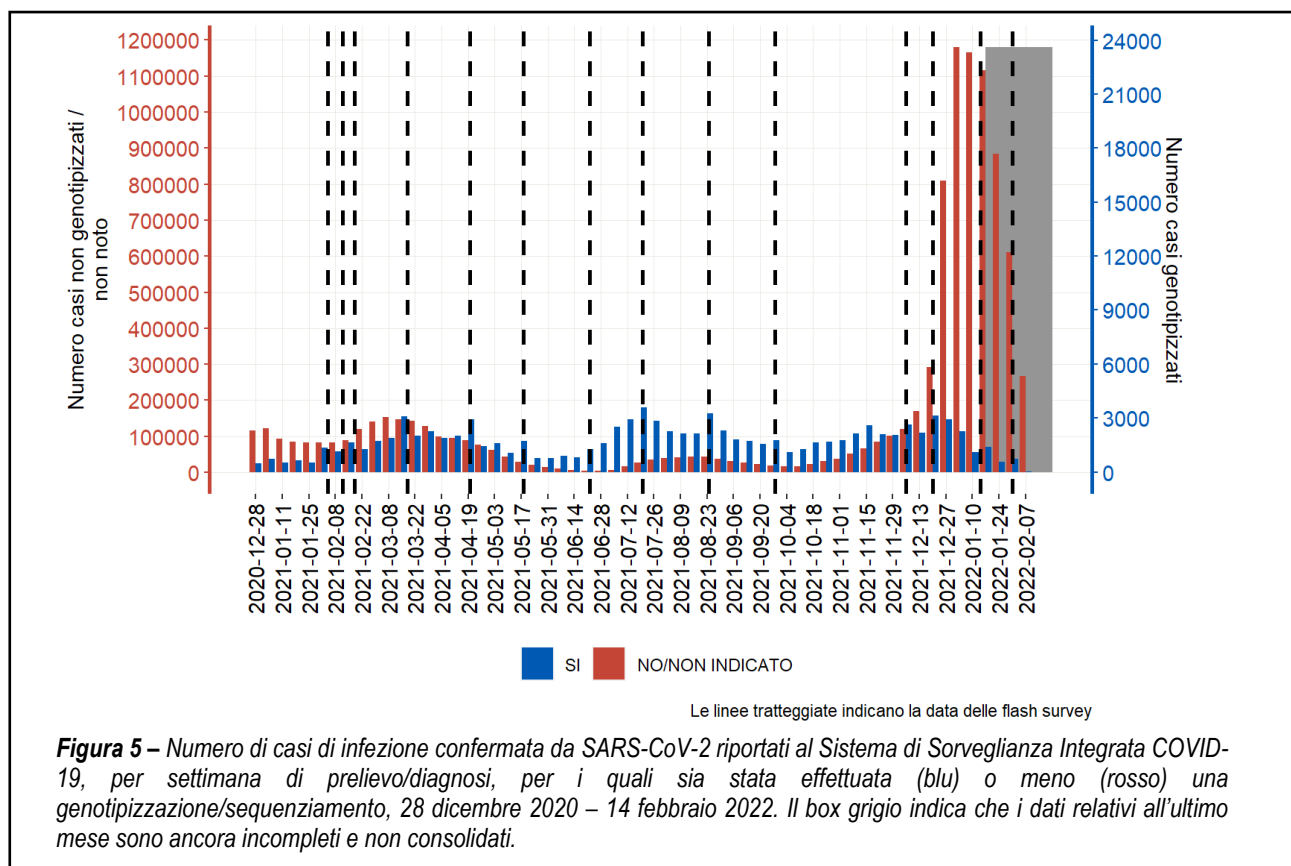
3. Segnalazioni di infezioni causate da varianti del virus SARS-CoV-2 di interesse per la sanità pubblica (dati dal Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19).

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 - gennaio 2022 *

Mese (2021-2022)	Numero casi di infezione da SARS-CoV-2 con campioni clinici genotipizzati/sequenziati	%	Incidenza mensile (x 100 000)
gennaio	2.624	0,6	678
febbraio	5.524	1,5	684
marzo	9.974	1,5	1080
aprile	9.151	2,2	710
maggio	5.539	3,2	286
giugno	4.476	10,9	68
luglio	12.777	13,0	160
agosto	10.905	5,6	316
settembre	8.030	6,4	212
ottobre	6.082	6,0	164
novembre	9.329	3,3	474
dicembre	11.612	0,8	2240
gennaio *	6.741	0,1	7506

*dati in fase di consolidamento



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 (periodo 1 gennaio 2022 – 14 febbraio 2022).

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Numero casi *	% *
Alfa	B.1.1.7	0	0,0
	B.1.1.7 + E484K	0	0,0
Beta ^a	B.1.351	0	0,0
Gamma ^b	P.1	0	0,0
Delta ^c	B.1.617.2	497	7,1
Omicron ^d	B.1.1.529	5.010	71,4
ND ^{e,f}	B.1.525	0	0,0
ND ^{e,f}	B.1.617.1	0	0,0
ND ^e	B.1.617.3	0	0,0
ND ^{e,f}	P.2	0	0,0
	Altro lignaggio /non indicato ^g	1.506	21,0
Totale		7.013	100,0

* periodo 1 gennaio 2022 – 14 febbraio 2022

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

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

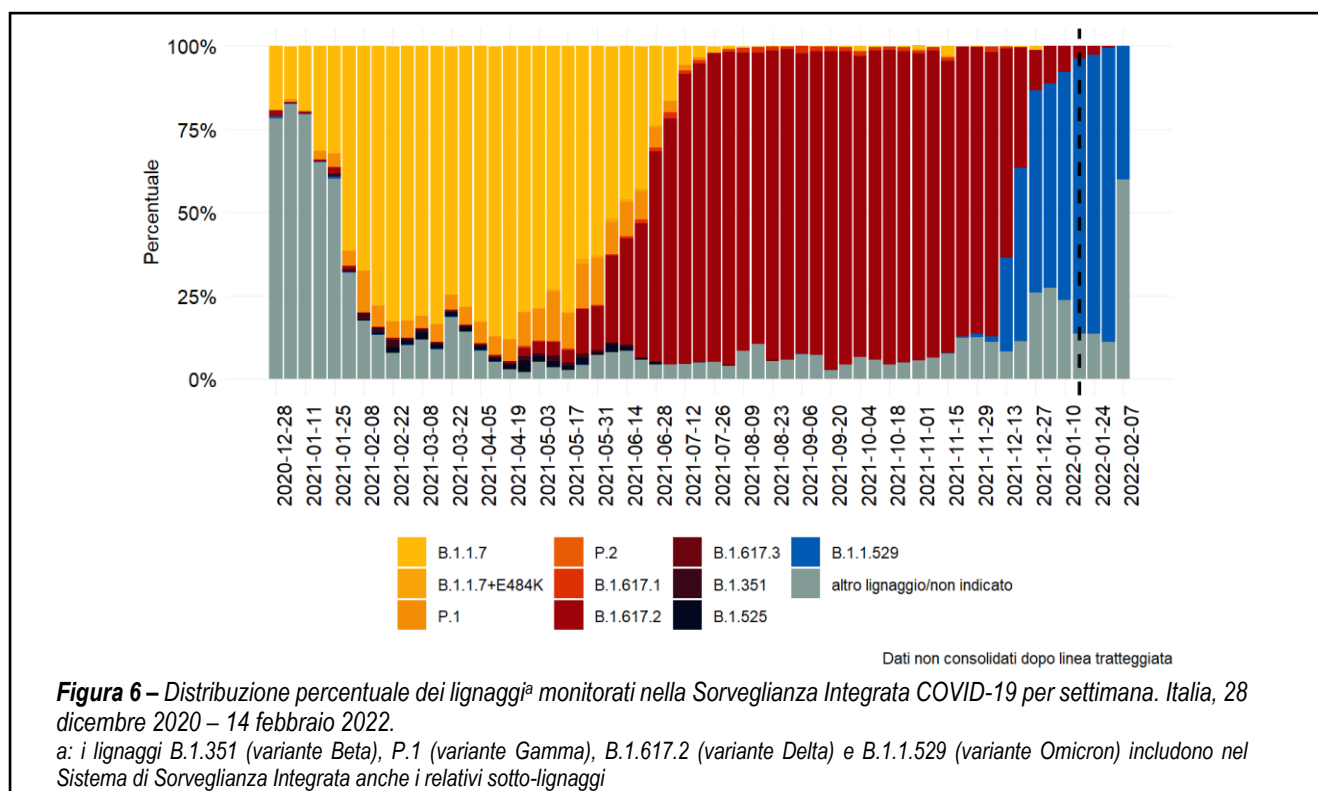
c: la variante Delta include nel Sistema di Sorveglianza Integrata anche i relativi sotto-lignaggi

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

e: non disponibile

f: precedentemente "eta" (B.1.525), "kappa" (B.1.617.1) e "zeta" (P.2)

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



Caratteristiche epidemiologiche delle varianti di interesse sanitario riportate in Italia negli ultimi 45 giorni (1 gennaio 2022 – 14 febbraio 2022)

Tabella 4 - Numero e percentuale di casi di infezione causati da varianti di SARS-CoV-2 di interesse sanitario per luogo di infezione, Italia, 1 gennaio 2022 - 14 febbraio 2022

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Ultimi 45 gg*					
		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 ^a	B.1.351	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Gamma ^b	P.1	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Delta ^c	B.1.617.2	461	92,8	0	0,0	36	7,2
Omicron ^d	B.1.1.529	4.421	88,2	4	0,1	585	11,7
ND ^{e,f}	B.1.525	0	0,0	0	0,0	0	0,0
ND ^{e,f}	B.1.617.1	0	0,0	0	0,0	0	0,0
ND ^e	B.1.617.3	0	0,0	0	0,0	0	0,0
ND ^{e,f}	P.2	0	0,0	0	0,0	0	0,0
	Altro lignaggio/non indicato ^g	1.424	94,6	3	0,2	79	5,2

* periodo 1 gennaio 2022 – 14 febbraio 2022

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

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

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

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

e: non disponibile

f: precedentemente "eta" (B.1.525), "kappa" (B.1.617.1) e "zeta" (P.2)

g: 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, 1 gennaio 2022 - 14 febbraio 2022. Distribuzione per sesso e variante.

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Ultimi 45 gg*			
		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 ^a	B.1.351	0	0,0	0	0,0
Gamma ^b	P.1	0	0,0	0	0,0
Delta ^c	B.1.617.2	243	6,6	254	7,7
Omicron ^d	B.1.1.529	2.685	72,5	2.325	70,2
ND ^{e,f}	B.1.525	0	0,0	0	0,0
ND ^{e,f}	B.1.617.1	0	0,0	0	0,0
ND ^e	B.1.617.3	0	0,0	0	0,0
ND ^{e,f}	P.2	0	0,0	0	0,0
	Altro lignaggio/non indicato ^g	773	20,9	733	22,1
Totale		3.701	100,0	3.312	100,0

* periodo 1 gennaio 2022 – 14 febbraio 2022

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

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

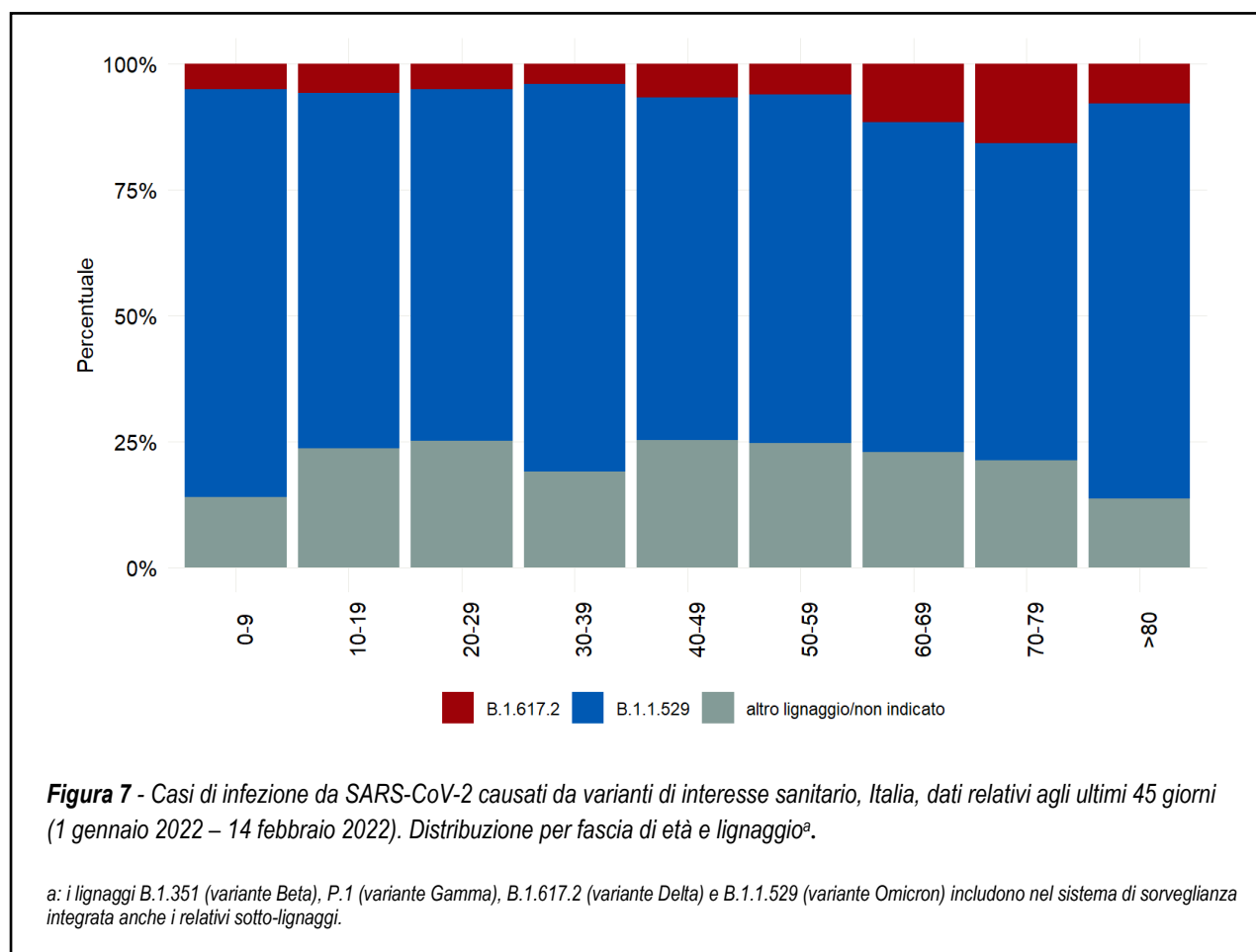
c: la variante Delta include nel Sistema di Sorveglianza Integrata anche i relativi sotto-lignaggi

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

e: non disponibile

f: precedentemente "eta" (B.1.525), "kappa" (B.1.617.1) e "zeta" (P.2)

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



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*". Per quanto riguarda le VOC e le VOI, 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, 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, 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; 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, 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 SMEI, PTP Science Park S.c.a.r.l., Lodi; Claudio Farina, Marco Arosio, Laboratorio di Microbiologia e Virologia, ASST "Papa Giovanni XXIII", 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, IRCCS

Fondazione del Piemonte per l'Oncologia, Candiolo; Giuseppe Ru, Elena Bozzetta, 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; Salvatore Rubino, Sergio Uzzau, Flavia Angioj, Gabriele Ibbi, 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, 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, PO "Duilio 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.

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.