

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

Rapporto n. 16 del 19 gennaio 2022

(dati aggiornati al 10 gennaio 2022)

In evidenza

- ✓ Secondo le indicazioni del Centro Europeo per la Prevenzione e Controllo delle Malattie (ECDC) per la sorveglianza genomica, il numero di sequenziamenti da effettuare nei diversi paesi deve essere tale da garantire l'identificazione di varianti che circolano con una prevalenza del 5% o inferiore. Attualmente nei report ECDC che monitorano le attività di sequenziamento, l'Italia è sempre collocata tra i Paesi europei che rispettano tale livello di performance. L'Italia infatti oggi sequenzia una percentuale di campioni positivi che permette di stimare la proporzione di varianti con una precisione sufficiente ad **intercettare una prevalenza compresa tra 1% e 2.5%**. L'analisi dei dati di sequenziamento si avvale oggi in Italia di diversi flussi:

- ✓ **Analisi rapida di prevalenza delle varianti (Flash Survey)**

In base all'indagine rapida più recente del 03/01/2022, la variante prevalente in Italia è la variante **Omicron**, presente **nell'80,75%** (range regionale: 33,3% - 100%) dei campioni esaminati su tutto il territorio nazionale.

- ✓ **Analisi delle sequenze sulla piattaforma (I-Co-Gen).**

La piattaforma per la sorveglianza genomica delle varianti di SARS-CoV-2 (I-Co-Gen), che viene 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 **93.700 sequenze**. L'analisi dei dati della piattaforma mostra che:

- Sono stati identificati oltre 100 lignaggi differenti che, ad oggi, non sono ancora oggetto di monitoraggio da parte del Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19;
- Negli ultimi 45 giorni il 78,7% dei sequenziamenti depositati in I-Co-Gen, era riconducibile alla **variante Delta** di cui sono stati identificati circa 100 sotto-lignaggi. Tra questi, è stata riscontrata **una** prevalenza di campioni ascrivibili, nell'ordine, ai sotto-lignaggi AY.43, AY.122, e AY.4;
- Considerando l'arco di tempo compreso tra il 21 dicembre 2021 e il 9 gennaio 2022, la percentuale complessiva dei sequenziamenti attribuiti alla **variante Omicron** dalla piattaforma I-Co-Gen era del 65,3%. In particolare, **la variante Omicron è passata dallo 0,97%** dei sequenziamenti effettuati dai tamponi prelevati nella settimana 29 novembre 2021 – 5 dicembre 2021 **al 80,4%** di quelli prelevati nella settimana 3 gennaio 2022 – 9 gennaio 2022

- ✓ **Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19.**

Il sistema raccoglie l'indicazione di specifiche varianti individuate dalle Regioni/PA ed è in grado di collegare la variante con le caratteristiche del paziente da cui è stata identificata (età, status vaccinale, residenza, ecc) ma ha un fisiologico ritardo di notifica rispetto alla piattaforma I-Co-Gen, come spiegato nella [FAQ](https://bit.ly/35fyEBv) specifica <https://bit.ly/35fyEBv>.

- Il sistema di sorveglianza integrata, al 10 gennaio 2022, riporta 9229 e 7818 casi confermati di infezione da SARS-CoV-2 sequenziati/genotipizzati nei mesi di novembre e dicembre rispettivamente;
- anche questo sistema conferma che la prevalenza di casi di infezione da variante Omicron in Italia è aumentata molto rapidamente nel periodo di riferimento da un minimo dell'1% nel periodo 27 novembre -12 dicembre 2021 ad un massimo del 71% nel periodo 3-10 gennaio 2022. 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 3 gennaio 2022;
- sono molto rari i nuovi casi di infezione causati dalla variante Gamma (lignaggio P.1 e relativi sotto-lignaggi) e Beta (lignaggio B.1.351 e relativi sotto-lignaggi).

In conclusione:

- ✓ Il sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 censisce un periodo di transizione in un contesto in cui aumenta rapidamente la rilevazione di casi di infezione causati dalla variante Omicron di SARS-CoV-2.
- ✓ 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.

Sommario

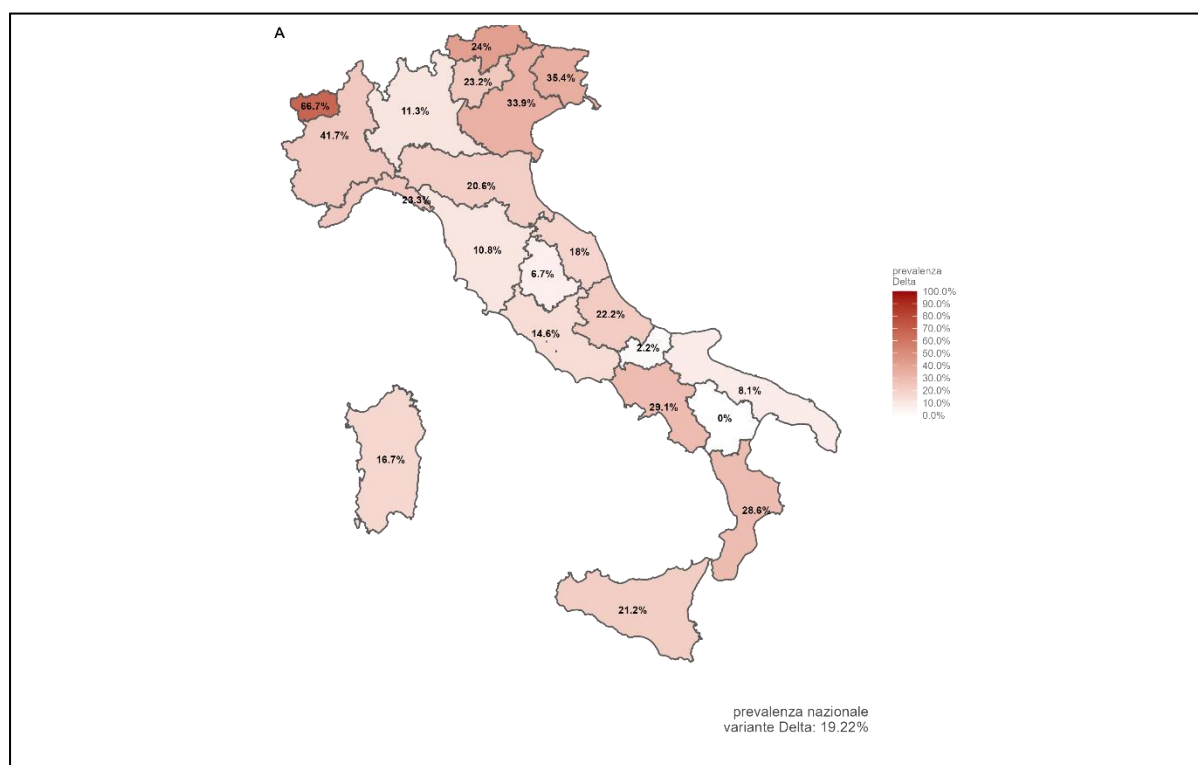
1. Stima di prevalenza delle varianti del virus SARS-CoV-2 di interesse per la sanità pubblica in Italia dalle più recenti "indagini rapide"	3
2. Piattaforma per la sorveglianza genomica delle varianti di SARS-CoV-2, I-Co-Gen.	5
3. Segnalazioni di casi di infezione causati da varianti di SARS-CoV-2 di interesse per la sanità pubblica sul territorio nazionale (dati dal Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19, dell'ISS)	23
Note di lettura.....	33

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 – 10 gennaio 2022**, con approfondimenti per il periodo **27 novembre – 10 gennaio 2022**) e dalla piattaforma open-source **I-Co-Gen (Italian COVID-19 Genomic)**, attiva dal **29 aprile 2021**.

Il Centro Europeo per la Prevenzione e Controllo delle Malattie (ECDC) ha certificato il **6 gennaio 2022** che il numero di sequenziamenti/genotipizzazioni realizzate in Italia alla settimana 52 del 2021 (26 dicembre 2021 – 1 gennaio 2022) permette di stimare la proporzione di varianti con una precisione sufficiente ad **intercettare una prevalenza compresa tra 1% e 2.5%** (molto migliore della soglia minima del 5% suggerita precedentemente da ECDC).

1. Stima di prevalenza delle varianti del virus SARS-CoV-2 di interesse per la sanità pubblica in Italia dalle più recenti “indagini rapide”.

In base all'indagine rapida più recente (**03/01/2022**, [disponibile online sul sito dell'Istituto Superiore di Sanità](https://www.epicentro.iss.it/coronavirus/sars-cov-2-monitoraggio-varianti-indagini-rapide) <https://www.epicentro.iss.it/coronavirus/sars-cov-2-monitoraggio-varianti-indagini-rapide>), la variante prevalente in Italia è la **variante Omicron**, presente nell'**80,75%** (range regionale: 33,3% - 100%) dei campioni esaminati su tutto il territorio nazionale (**Figura 1B**), in aumento rispetto alla precedente indagine rapida (**20/12/2021**, [disponibile online sul sito dell'Istituto Superiore di Sanità](https://www.epicentro.iss.it/coronavirus/sars-cov-2-monitoraggio-varianti-indagini-rapide), <https://www.epicentro.iss.it/coronavirus/sars-cov-2-monitoraggio-varianti-indagini-rapide>) dove la prevalenza era stata stimata al 21% a livello nazionale (range regionale: 3,0%-65,0%) (**Figura 2B**). La **variante Delta** (**Figura 1A**) è stata individuata in quasi tutte le Regioni/PPAA; la prevalenza di tale variante si attesta al 19,22% a livello nazionale (range regionale: 0,0%-66,7%), ben al di sotto del valore osservato nell'indagine rapida precedente (**20/12/2021**), con prevalenza pari al 79% (range regionale: 35,0%-97,0%) (**Figura 2A**). L'indagine rapida non ha invece evidenziato la presenza, sul territorio nazionale, della **variante Gamma** e della **variante Beta**.



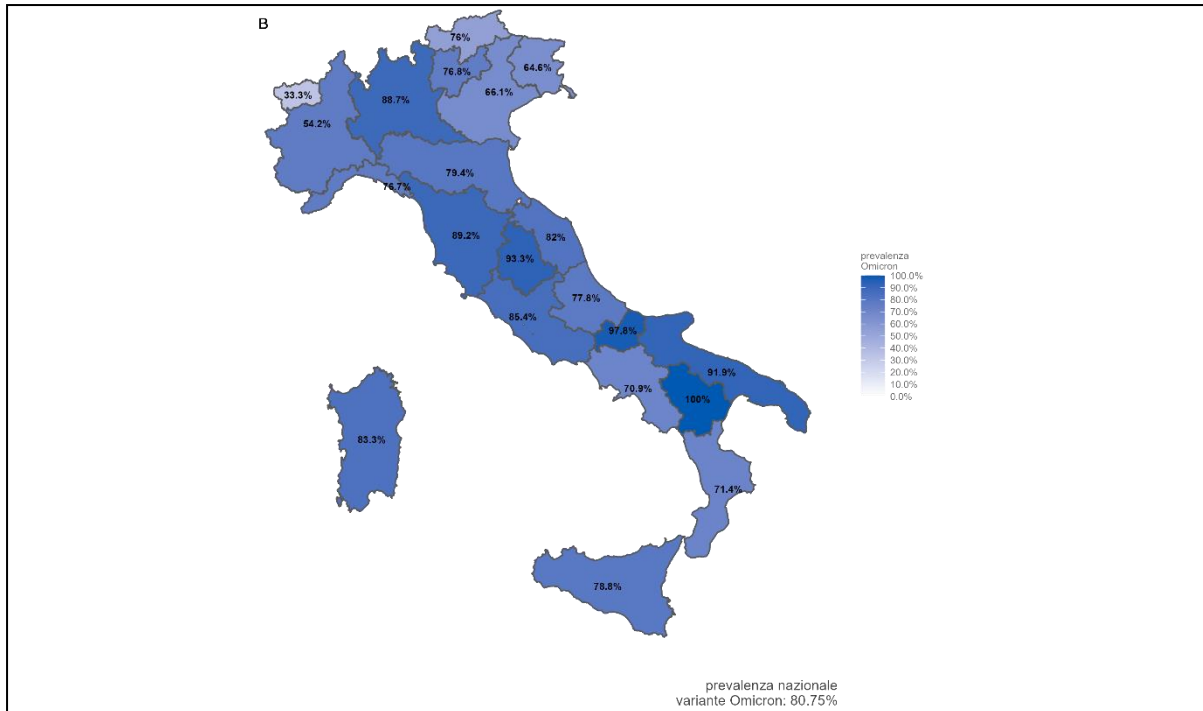
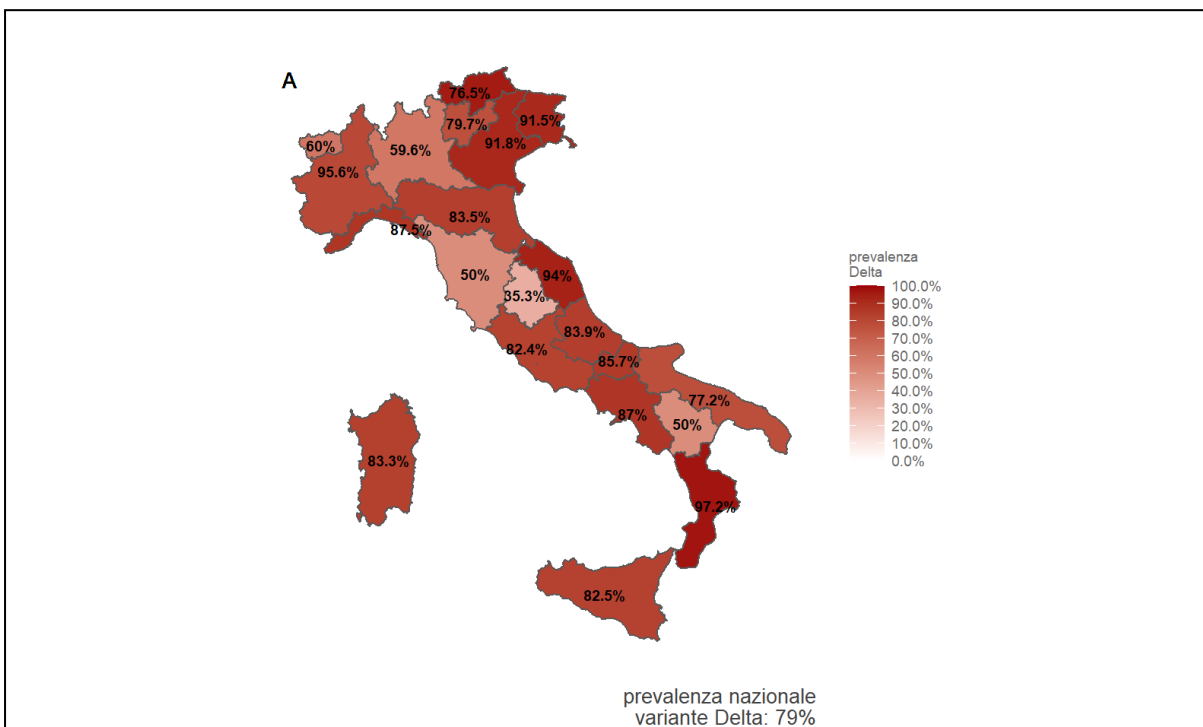


Figura 1 – Prevalenza della variante Delta – lignaggio B.1.617.2* (A) e della variante Omicron – lignaggio B.1.1.529* (B) in Italia, indagine rapida del 3 gennaio 2021.
*Include tutti i sotto-lignaggi, come da documento ECDC, consultabile al link: <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>



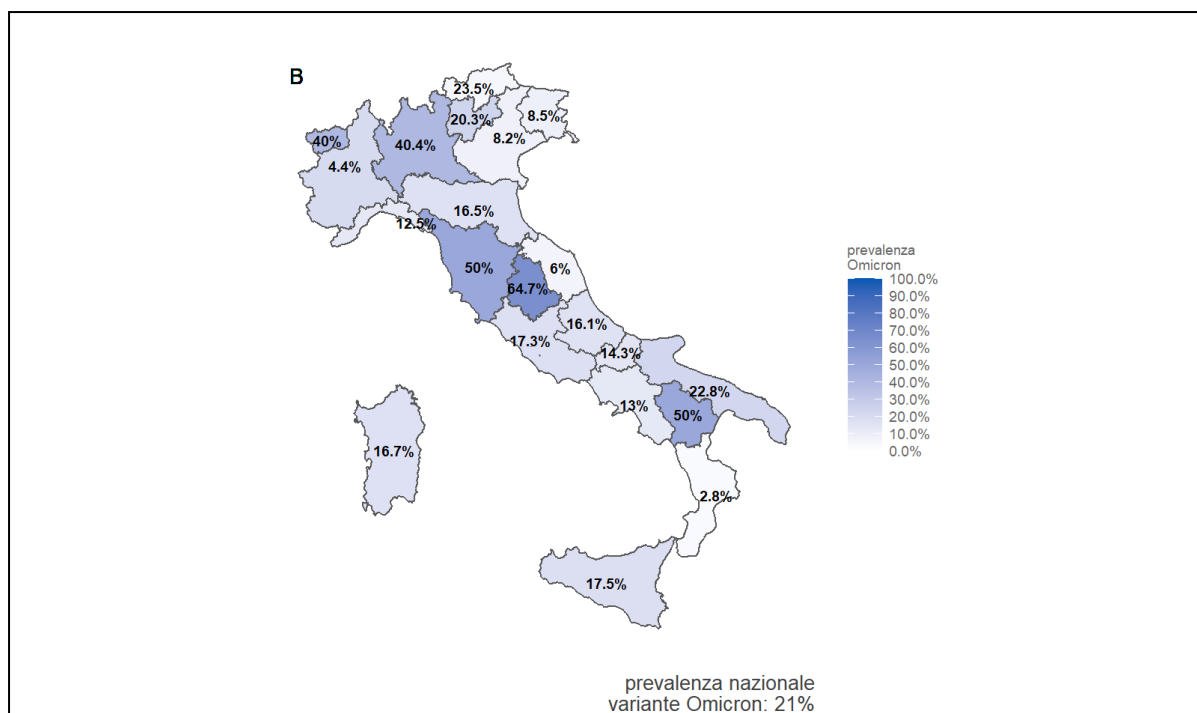


Figura 2 – Prevalenza della variante Delta – lignaggio B.1.617.2* (A) e della variante Omicron – lignaggio B.1.1.529* (B) in Italia, indagine rapida del 20 dicembre 2021.

*Include tutti i sotto-lignaggi, come da documento ECDC, consultabile al link: <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>

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

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

Alla data del 10 gennaio 2022 risultano accreditati per il caricamento/analisi e visualizzazione dei dati nella piattaforma I-Co-Gen, 75 utenti da 65 strutture sul territorio, a cui vanno aggiunti 7 utenti abilitati alla sola visualizzazione dei dati contenuti sulla piattaforma.

Le sequenze presenti nella piattaforma I-Co-Gen alla data del 10 gennaio 2022 (data di estrazione dei dati per la redazione del presente rapporto) sono **93.748** di cui 90.828 con data di campionamento dal 28 dicembre 2020 (**Figura 3A, 3B**).

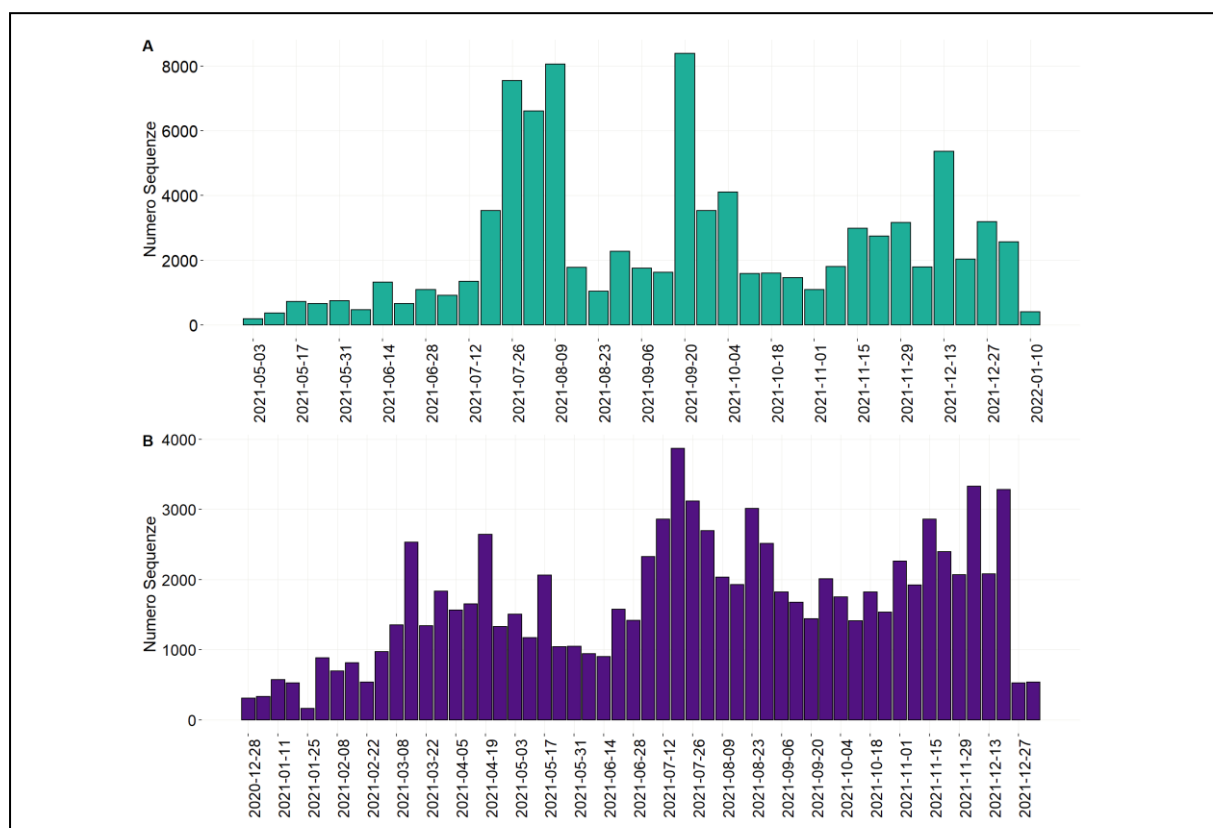


Figura 3 - Numero di sequenze depositate nella piattaforma I-Co-Gen per settimana di prelievo del campione, 28 dicembre 2020 – 10 gennaio 2022 (A). Numero di sequenze depositate sulla piattaforma I-Co-Gen per data di caricamento, dall'inizio della raccolta nazionale (03 maggio 2021) alla data di estrazione dei dati (10 gennaio 2022) (B).

L'analisi dei lignaggi ha preso in considerazione le assegnazioni ottenute con la versione 3.1.17 del software Pangolin (PangoLEARN 2022-01-05), l'ultima disponibile alla data di estrazione dei dati per la preparazione di questo bollettino (il software è in costante aggiornamento). Di conseguenza, ogni volta che una nuova versione del software o dell'algoritmo di "machine learning" di cui è equipaggiato viene rilasciata, tutte le sequenze depositate nella piattaforma vengono rianalizzate e parte dei lignaggi potrebbero essere soggetti a riassegnazione. Relativamente ai dati utilizzati per la redazione di questo bollettino, l'assegnazione del lignaggio è stata possibile per 81.451 sequenze con parametri di qualità al di sopra della soglia stabilita nella piattaforma I-Co-Gen su un totale di 83.313 sequenze ottenute tramite *Next Generation Sequencing* (NGS), da campioni raccolti tra il 28 dicembre 2020 e il 10 gennaio 2022. Al contrario, l'assegnazione del lignaggio alle sequenze del solo gene codificante la proteina Spike, ottenute mediante sequenziamento Sanger (N=7.515), non può considerarsi definitiva e pertanto queste sequenze sono state utilizzate per l'analisi con il solo dato di assegnazione del "clade", ottenuto con il software NextClade (Ver. 1.8.1). La **variante Delta** viene suddivisa in tre "clades": 21A, 21I e 21J, così come la **variante Omicron**: 21K, 21L e 21M.

Come illustrato in **Tabella 1**, valutando i dati degli ultimi 45 giorni, la **variante Delta** (lignaggio B.1.617.2 + AY.n, clade 21A + 21I + 21J) risulta la variante dominante. Nel periodo in esame, il 78,7% dei sequenziamenti caricati apparteneva a tale variante, con una prevalenza di campioni ascrivibili, nell'ordine, ai sotto-lignaggi AY.43, AY.122 e AY.4. Nello stesso periodo, la **variante Omicron** (lignaggio B.1.1.529 + BA.n, clade 21K + 21L + 21M) ha rappresentato il 21,1% dei sequenziamenti caricati. L'analisi dei dati in piattaforma ha consentito di identificare un periodo medio di circa 7-10 giorni tra il prelievo del campione e il sequenziamento. Questa osservazione ci consente di considerare il dato relativo all'ultima settimana di campionamento come non ancora consolidato. Tuttavia, in questo periodo di campionamento si evidenzia come la variante Omicron (N=505) sia già maggiormente rappresentata rispetto alla variante Delta (N=98). In particolare, si è osservato un trend in crescita per questa variante, la cui

prevalenza è passata dallo 0,97% dei sequenziamenti effettuati dai tamponi prelevati nella settimana 29 novembre 2021 – 5 dicembre 2021 al 80,4% di quelli prelevati nella settimana 3 gennaio 2022 – 9 gennaio 2022.

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, dati riferiti ai campioni con data di prelievo **28 dicembre 2020 – 10 gennaio 2022** e sottomissione al 10 gennaio 2022. La Tabella mostra i dati in percentuale in relazione al numero dei sequenziamenti depositati in I-Co-Gen (dati cumulativi e ultimi 45 giorni).

Nomenclatura OMS	Lignaggio/Clade [§]	Numero sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
Alfa	B.1.1.7	18.431	21,33	4	0,03
	B.1.1.7 + E484K	33	0,04	0	0,00
	Q.1	110	0,13	0	0,00
	Q.2	1.004	1,16	0	0,00
	Q.4	6	0,01	1	0,01
	Q.7	1	<0,01	0	0,00
	Q.8	6	0,01	0	0,00
	20I (Alpha, V1)	85	0,10	0	0,00
	Totale Alfa	19.677	22,77	5	0,04
Beta	B.1.351	59	0,07	0	0,00
	B.1.351.2	3	<0,01	0	0,00
	B.1.351.3	38	0,04	0	0,00
	B.1.351.5	6	0,01	0	0,00
	20H (Beta, V2)	29	0,03	0	0,00
	Totale Beta	135	0,16	0	0,00
Gamma	P.1	187	0,22	0	0,00
	P.1.1	2.238	2,59	0	0,00
	P.1.2	2	<0,01	0	0,00
	P.1.7	1	<0,01	0	0,00
	P.1.10	1	<0,01	0	0,00
	P.1.12	7	0,01	0	0,00
	P.1.12.1	3	<0,01	0	0,00
	P.1.14	3	<0,01	0	0,00
	P.1.15	19	0,02	0	0,00
	P.1.16	5	0,01	0	0,00
	P.1.17	2	<0,01	0	0,00
	P.1.17.1	2	<0,01	0	0,00
	20J (Gamma, V3)	162	0,19	0	0,00
	Totale Gamma	2.632	3,05	0	0,00
Delta	B.1.617.2	2.066	2,39	279	2,29
	AY.1	8	0,01	0	0,00
	AY.3	24	0,03	0	0,00
	AY.4	4.387	5,08	980	8,06

Nomenclatura OMS	Lignaggio/Clade [§]	Numero sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
	AY.4.2	164	0,19	78	0,64
	AY.4.2.1	22	0,03	12	0,10
	AY.4.2.2	80	0,09	71	0,58
	AY.4.2.3	631	0,73	235	1,93
	AY.4.3	30	0,03	2	0,02
	AY.4.4	57	0,07	3	0,02
	AY.4.5	368	0,43	125	1,03
	AY.4.6	27	0,03	7	0,06
	AY.4.7	185	0,21	3	0,02
	AY.4.8	34	0,04	16	0,13
	AY.4.9	268	0,31	25	0,21
	AY.5	456	0,53	33	0,27
	AY.5.2	1	<0,01	1	0,01
	AY.5.3	3	<0,01	0	0,00
	AY.5.4	235	0,27	16	0,13
	AY.5.5	33	0,04	0	0,00
	AY.6	407	0,47	24	0,20
	AY.7	24	0,03	0	0,00
	AY.7.1	15	0,02	6	0,05
	AY.7.2	895	1,04	18	0,15
	AY.9	188	0,22	19	0,16
	AY.9.2	1.097	1,27	142	1,17
	AY.10	1	<0,01	0	0,00
	AY.11	1	<0,01	0	0,00
	AY.13	3	<0,01	0	0,00
	AY.14	40	0,05	0	0,00
	AY.16.1	2	<0,01	0	0,00
	AY.19	5	0,01	1	0,01
	AY.20	51	0,06	9	0,07
	AY.20.1	1	<0,01	1	0,01
	AY.21	285	0,33	0	0,00
	AY.22	4	<0,01	0	0,00
	AY.23	243	0,28	110	0,90
	AY.23.2	16	0,02	1	0,01
	AY.24	21	0,02	1	0,01
	AY.25	35	0,04	1	0,01
	AY.25.1	68	0,08	7	0,06
	AY.26	11	0,01	0	0,00

Nomenclatura OMS	Lignaggio/ Clade [§]	Numero sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
	AY.27	5	0,01	4	0,03
	AY.28	28	0,03	0	0,00
	AY.29	6	0,01	0	0,00
	AY.29.1	7	0,01	4	0,03
	AY.30	1	<0,01	0	0,00
	AY.32	86	0,10	4	0,03
	AY.33	412	0,48	13	0,11
	AY.34	279	0,32	35	0,29
	AY.34.1	92	0,11	13	0,11
	AY.34.1.1	10	0,01	0	0,00
	AY.34.2	1	<0,01	1	0,01
	AY.35	6	0,01	0	0,00
	AY.36	252	0,29	60	0,49
	AY.37	50	0,06	0	0,00
	AY.38	25	0,03	0	0,00
	AY.39	183	0,21	26	0,21
	AY.39.1	3	<0,01	2	0,02
	AY.39.2	16	0,02	12	0,10
	AY.40	4	<0,01	0	0,00
	AY.41	26	0,03	2	0,02
	AY.42	1.555	1,80	161	1,32
	AY.43	12.339	14,28	2.302	18,92
	AY.43.1	1	<0,01	0	0,00
	AY.43.2	1	<0,01	0	0,00
	AY.43.3	3	<0,01	1	0,01
	AY.43.4	14	0,02	4	0,03
	AY.43.5	7	0,01	4	0,03
	AY.43.6	1	<0,01	0	0,00
	AY.44	329	0,38	38	0,31
	AY.45	66	0,08	2	0,02
	AY.46	352	0,41	96	0,79
	AY.46.1	5	0,01	0	0,00
	AY.46.2	10	0,01	4	0,03
	AY.46.4	2	<0,01	0	0,00
	AY.46.5	6	0,01	0	0,00
	AY.46.6	1.835	2,12	390	3,21
	AY.46.6.1	172	0,20	119	0,98
	AY.47	35	0,04	1	0,01

Nomenclatura OMS	Lignaggio/Clade [§]	Numero sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
	AY.48	8	0,01	0	0,00
	AY.50	4	<0,01	0	0,00
	AY.51	75	0,09	3	0,02
	AY.53	184	0,21	1	0,01
	AY.54	5	0,01	2	0,02
	AY.55	7	0,01	0	0,00
	AY.57	5	0,01	0	0,00
	AY.58	719	0,83	83	0,68
	AY.59	11	0,01	1	0,01
	AY.60	2	<0,01	0	0,00
	AY.61	1.399	1,62	3	0,02
	AY.62	62	0,07	0	0,00
	AY.64	11	0,01	0	0,00
	AY.65	13	0,02	2	0,02
	AY.66	8	0,01	0	0,00
	AY.67	1	<0,01	0	0,00
	AY.68	430	0,50	28	0,23
	AY.69	4	<0,01	0	0,00
	AY.70	107	0,12	30	0,25
	AY.71	336	0,39	0	0,00
	AY.72	45	0,05	3	0,02
	AY.73	15	0,02	0	0,00
	AY.74	1	<0,01	0	0,00
	AY.75	94	0,11	9	0,07
	AY.75.2	3	<0,01	0	0,00
	AY.76	1	<0,01	0	0,00
	AY.77	1	<0,01	0	0,00
	AY.78	5	0,01	3	0,02
	AY.81	2	<0,01	1	0,01
	AY.84	24	0,03	2	0,02
	AY.85	10	0,01	0	0,00
	AY.86	5	0,01	2	0,02
	AY.87	21	0,02	3	0,02
	AY.88	22	0,03	0	0,00
	AY.89	6	0,01	0	0,00
	AY.90	4	<0,01	0	0,00
	AY.91	18	0,02	0	0,00
	AY.91.1	2	<0,01	0	0,00

Nomenclatura OMS	Lignaggio/Clade [§]	Numero sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
	AY.92	354	0,41	13	0,11
	AY.93	5	0,01	1	0,01
	AY.94	16	0,02	1	0,01
	AY.95	65	0,08	1	0,01
	AY.96	3	<0,01	1	0,01
	AY.98	220	0,25	73	0,60
	AY.98.1	2.161	2,50	378	3,11
	AY.99	9	0,01	0	0,00
	AY.99.1	1	<0,01	0	0,00
	AY.99.2	5	0,01	2	0,02
	AY.100	42	0,05	9	0,07
	AY.101	24	0,03	19	0,16
	AY.102	652	0,75	130	1,07
	AY.103	236	0,27	74	0,61
	AY.104	2	<0,01	0	0,00
	AY.105	1	<0,01	1	0,01
	AY.106	57	0,07	15	0,12
	AY.107	1	<0,01	0	0,00
	AY.108	3	<0,01	1	0,01
	AY.109	31	0,04	5	0,04
	AY.110	93	0,11	22	0,18
	AY.111	19	0,02	3	0,02
	AY.112	267	0,31	40	0,33
	AY.113	31	0,04	13	0,11
	AY.114	4	<0,01	0	0,00
	AY.116	153	0,18	11	0,09
	AY.117	36	0,04	3	0,02
	AY.118	74	0,09	5	0,04
	AY.119	13	0,02	4	0,03
	AY.119.2	415	0,48	87	0,72
	AY.120	191	0,22	43	0,35
	AY.120.1	5	0,01	1	0,01
	AY.120.2	10	0,01	6	0,05
	AY.120.2.1	36	0,04	0	0,00
	AY.121	370	0,43	116	0,95
	AY.121.1	12	0,01	6	0,05
	AY.122	8.343	9,65	1.378	11,33
	AY.122.1	5	0,01	0	0,00

Nomenclatura OMS	Lignaggio/ Clade [§]	Numero sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
	AY.122.2	2	<0,01	0	0,00
	AY.123	8	0,01	2	0,02
	AY.124	352	0,41	57	0,47
	AY.124.1	6	0,01	1	0,01
	AY.125	1.596	1,85	122	1,00
	AY.126	524	0,61	253	2,08
	AY.127	373	0,43	145	1,19
	AY.128	13	0,02	1	0,01
	AY.129	474	0,55	59	0,49
	AY.131	2	<0,01	0	0,00
	AY.132	6	0,01	1	0,01
	AY.133	47	0,05	5	0,04
	21A (Delta)	2.110	2,44	316	2,60
	21I (Delta)	325	0,38	45	0,37
	21J (Delta)	1.954	2,26	402	3,30
	Totale Delta	56.144	64,96	9.571	78,68
Lambda	C.37	15	0,02	0	0,00
	C.37.1	4	<0,01	0	0,00
	Totale Lambda	19	0,02	0	0,00
Omicron	B.1.1.529	147	0,17	146	1,20
	BA.1	2.172	2,51	2.170	17,84
	21K (Omicron)	255	0,30	254	2,09
	Totale Omicron	2.574	2,98	2.570	21,13
ND^{a,b}	B.1.525	429	0,50	0	0,00
	21D	58	0,07	0	0,00
	Totale	487	0,56	0	0,00
ND^{a,b}	B.1.617.1	19	0,02	0	0,00
ND^{a,b}	P.2	5	0,01	0	0,00
	Altri lignaggi	4.740	5,48	18	0,15
Totale		83.682	100	11.731	100

§: al fine della caratterizzazione della variante è stato considerato il lignaggio per le sequenze del genoma intero, il clade per le sequenze della sola proteina spike.

* periodo 28 dicembre 2020 – 10 gennaio 2022; ** periodo 27 novembre 2021 – 10 gennaio 2022

a: non disponibile; b: precedentemente "eta" (B.1.525), "kappa" (B.1.617.1) e "zeta" (P.2).

In **Figura 4**, si evidenzia l'andamento dei lignaggi attribuibili alla **variante Delta** identificati nei campioni sequenziati e depositati nella piattaforma I-Co-Gen negli ultimi 7 mesi.

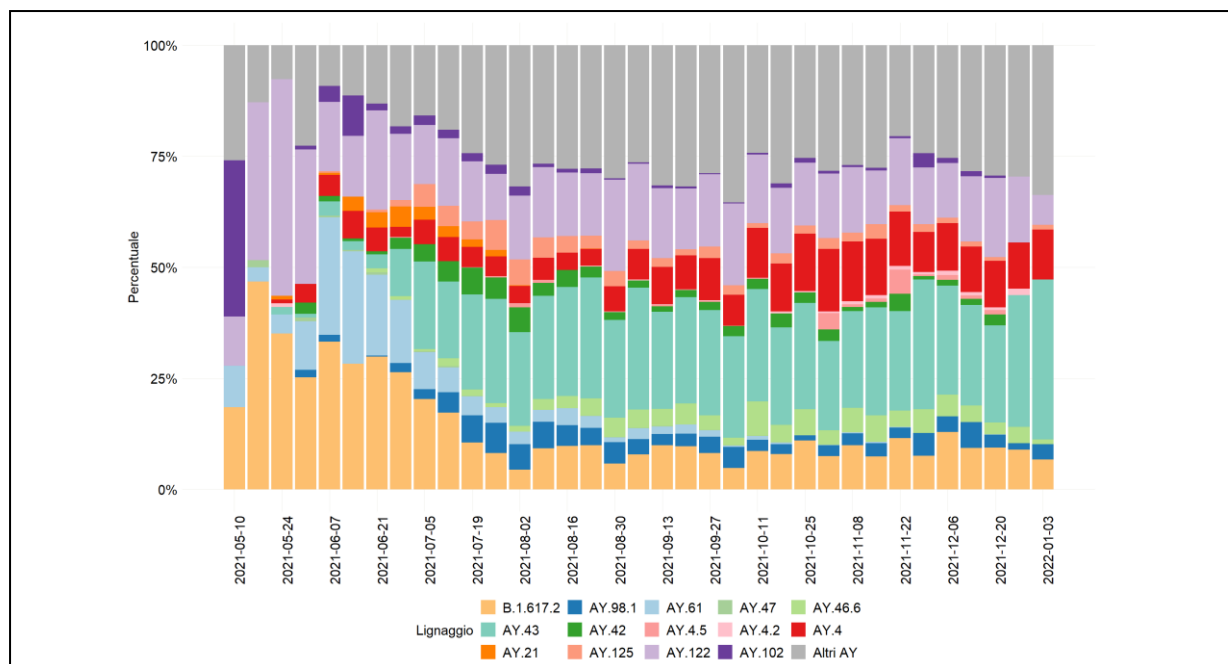


Figura 4 – Distribuzione percentuale dei diversi lignaggi della variante Delta identificati mediante sequenziamento dal software della piattaforma I-Co-Gen, per settimana di campionamento (10 maggio 2021 – 10 gennaio 2022). L'assegnazione dei lignaggi è quella ottenute con la versione 3.1.17 di Pangolin con 2022-01-05 di PangoLEARN.

La **Figura 5** mostra la distribuzione temporale delle sequenze di lignaggio AY.4.2 e sotto-lignaggi AY.4.2.n con mutazioni caratterizzanti Y145H e A222V per ciascuna regione. Contemporaneamente alla minore presenza relativa della variante Delta in generale, c'è stato un calo notevole nel rilevamento del lignaggio AY.4.2.

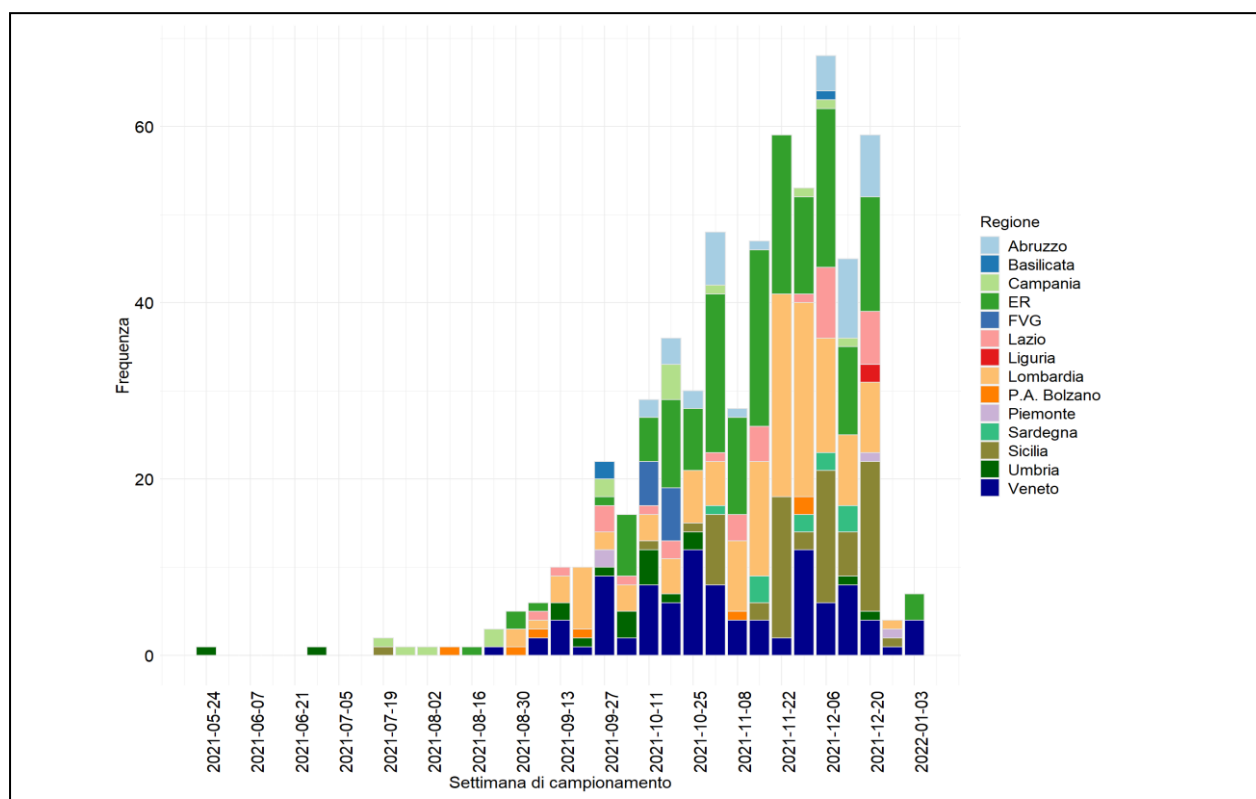


Figura 5 – Andamento del lignaggio AY.4.2 e AY.4.2.1 con mutazioni Y145H e A222V per settimana di campionamento e regione (dati al 10 gennaio 2022).

Dalla fine del mese novembre 2021, dopo la prima identificazione in Sud Africa, la variante Omicron è stata posta sotto stretto monitoraggio. OmicronL’analisi filogenetica delle sequenze dei ceppi Omicron a livello globale ha evidenziato l’esistenza di tre clades, 21K, 21L e 21M, e quattro lignaggi che includono: BA.1, che presenta le tipiche mutazioni descritte per questa variante, un gruppo più piccolo (B.1.1.529) che presenta solo alcune di queste e i lignaggi BA.2 e BA.3. In Italia, al momento della redazione di questo rapporto sono stati identificati ceppi circolanti appartenenti solo ai lignaggi BA.1 e B.1.1.529. La variante Omicron è caratterizzata da un elevato numero di mutazioni nella regione che codifica la proteina Spike, in particolare nella regione del sito di legame al recettore e del dominio N-terminale. La maggior parte delle sequenze dei ceppi della variante Omicron descritte, presentano una delezione del gene S in posizione 69/70 (IHV68I_del) che può causare il fallimento dell’amplificazione del gene S in alcuni saggi Real-time PCR diagnostici (risultato definito come S-gene target failure o SGTF). In **Tabella 2** è riportato il numero delle sequenze appartenenti alle **varianti Delta e Omicron**, presenti nel database della piattaforma I-Co-GEN, che hanno la delezione in posizione 69/70.

Tabella 2. Frequenza della delezione IHV68I_del presente nelle sequenze delle varianti Delta e Omicron. Dati riferiti a campioni con data prelievo 28 dicembre 2020 – 10 gennaio 2022

Mutazione IHV68I_del	Numero sequenze (%)
Sequenze Clade 21A, 21I o 21J (variante Delta)	206 (0,36)
Sequenze Clade 21K, 21L o 21M (variante Omicron)	2130 (82,7)

Tale delezione è presente nella maggior parte delle sequenze **Omicron** 82.7% depositate nella piattaforma I-Co-Gen. La stessa delezione è stata descritta ed è molto frequente (N= 19.664) nella **variante Alpha** 20I (Alpha, V1). La variante Alfa negli ultimi 45 giorni è stata rilevata solo nello 0,04% (5 sequenze) delle sequenze depositate nella piattaforma I-Co-Gen.

Il SGTF può rappresentare un'indicazione della presenza di una variante Omicron già nella fase di screening diagnostico. Tuttavia, la conferma dovrebbe essere ottenuta mediante sequenziamento, sia perché alcuni ceppi appartenenti a questa variante mancano di questa delezione sia perché la stessa è presente anche in altre VOC (ad es. Alfa e sottoinsiemi di Gamma e Delta), ancora circolanti a livello globale ([WHO - Enhancing Readiness for Omicron \(B.1.1.529\): Technical Brief and Priority Actions for Member States](#)).

In **Figura 6**, si evidenzia l'andamento delle VOC identificate in Italia nei campioni sequenziati e depositati nella piattaforma I-Co-Gen. Si osserva come la **variante Alfa** era la VOC prevalente nelle fasi iniziali dell'attività di sequenziamento. A partire dal mese di luglio 2021, la **variante Delta** è divenuta prevalente rispetto a tutte le altre varianti identificate.

Dalla sua prima identificazione in Italia alla fine di novembre 2021, la **variante Omicron** ha mostrato una crescita costante rappresentando una frazione significativa (2.062 nel mese di dicembre) delle sequenze depositate nella piattaforma I-Co-Gen alla data di redazione del presente bollettino.

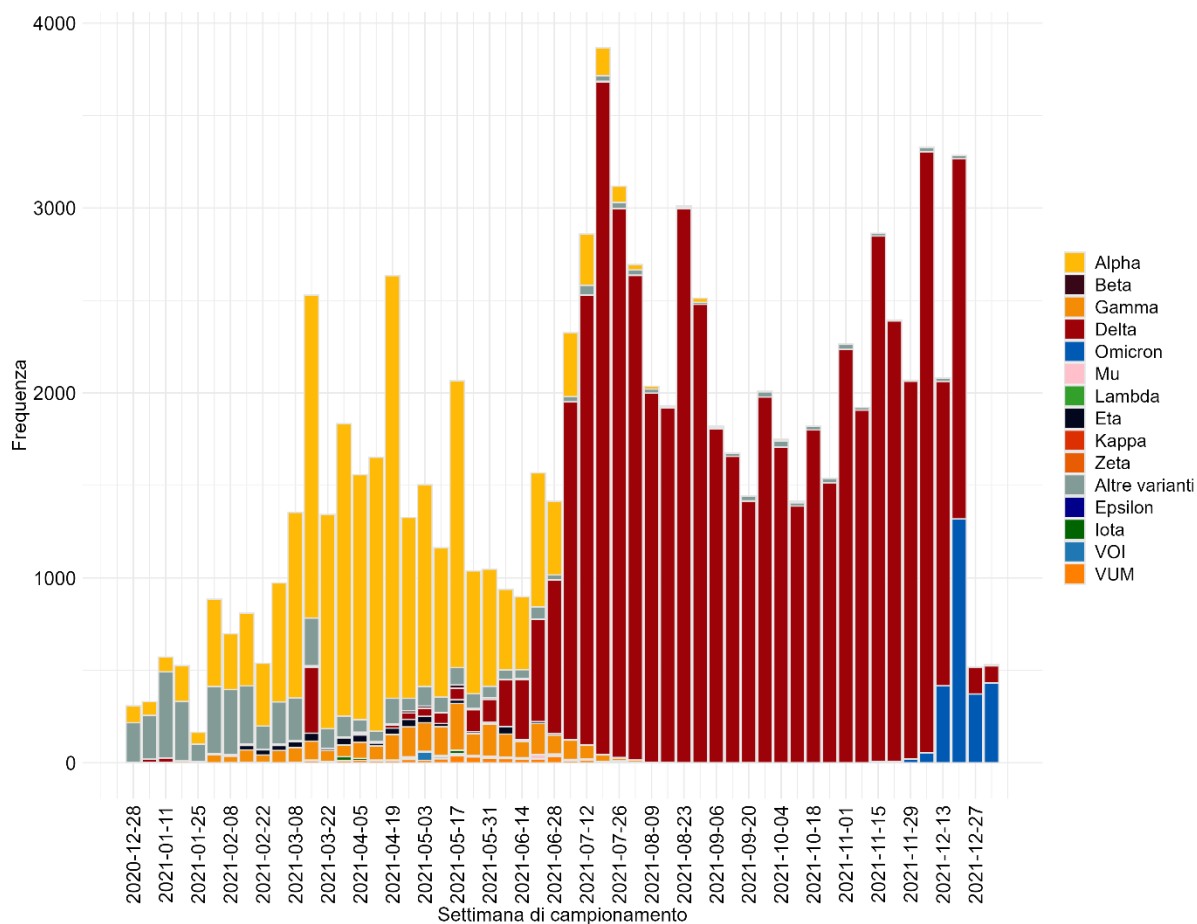


Figura 6 – Andamento delle principali VOC identificate mediante sequenziamento dal software della piattaforma I-Co-Gen, per settimana di campionamento (28 dicembre 2020 – 10 gennaio 2022).

In **Figura 7** è mostrata la distribuzione geografica al 10 gennaio 2022 dei sequenziamenti depositati nella piattaforma I-Co-Gen ed attribuibili alla **variante Omicron**. È possibile evidenziare che tutte le regioni/PPAA hanno riportato nel database almeno una sequenza Omicron.



Figura 7 – Distribuzione geografica delle sequenze attribuibili alla variante Omicron al 10 gennaio 2022.

Il tracciamento dei lignaggi non monitorati dal Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19, o non ancora considerati rilevanti per la Sanità Pubblica in Italia, ha evidenziato la circolazione nel nostro paese di lignaggi addizionali, rappresentanti il 5,5% del totale delle sequenze 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>). Queste varianti sono meno diffuse ma devono essere monitorate per la rapida rilevazione di possibili nuovi percorsi nell'evoluzione del virus. Negli ultimi 45 giorni la loro presenza relativa risulta pari allo 0,15% ($n=18$) delle sequenze effettuate dai tamponi positivi prelevati in questo intervallo temporale (**Tabella 3**).

Tabella 3 - Distribuzione dei lignaggi non oggetto di monitoraggio da parte del Sistema di Sorveglianza Integrata COVID- 19, o non ancora considerati rilevanti per la Sanità Pubblica in Italia, identificati dal software della piattaforma I-Co-Gen (Pangolin vers. 3.1.17 con 2022-01-05 di PangoLEARN). Dati riferiti a campioni con data prelievo 28 dicembre 2020 – 10 gennaio 2022 (dati cumulativi e ultimi 45 giorni).

Nomenclatura OMS	Lignaggio/Clade	Monitoraggio	Numero di sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero di sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
ND	A.15	ND	1	0,02	0	0,00
ND	A.2.5	ND	2	0,04	0	0,00
ND	A.2.5.1	ND	3	0,06	1	5,56
ND	A.2.5.2	ND	17	0,36	0	0,00
ND	A.21	ND	1	0,02	0	0,00
ND	A.23.1	DEESC	4	0,08	0	0,00
ND	A.27	DEESC	7	0,15	0	0,00
ND	A.28	DEESC	14	0,30	0	0,00
ND	A.29	ND	1	0,02	0	0,00
ND	AA.7	ND	2	0,04	0	0,00
ND	AH.1	ND	2	0,04	0	0,00
ND	AZ.2	VUM	17	0,36	0	0,00
ND	AZ.2.1	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.1	ND	852	17,97	4	22,22
ND	B.1.1.1	ND	8	0,17	0	0,00
ND	B.1.1.10	ND	4	0,08	2	11,11
ND	B.1.1.117	ND	1	0,02	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	7	0,15	0	0,00
ND	B.1.1.163	ND	1	0,02	1	5,56
ND	B.1.1.171	ND	4	0,08	0	0,00
ND	B.1.1.174	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.1.189	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.1.192	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.1.208	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.1.229	ND	5	0,11	0	0,00
ND	B.1.1.263	ND	4	0,08	4	22,22
ND	B.1.1.277	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.1.28	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.1.294	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.1.305	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.1.315	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	68	1,43	0	0,00
ND	B.1.1.33	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.1.351	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.1.353	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.1.371	ND	1	0,02	0	0,00

Nomenclatura OMS	Lignaggio/Clade	Monitoraggio	Numero di sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero di sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
ND	B.1.1.372	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.1.39	ND	3	0,06	0	0,00
ND	B.1.1.409	ND	32	0,68	0	0,00
ND	B.1.1.418	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.1.420	ND	183	3,86	0	0,00
ND	B.1.1.51	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.1.512	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.1.515	ND	6	0,13	0	0,00
ND	B.1.1.519	DEESC	7	0,15	1	5,56
ND	B.1.1.523	ND	7	0,15	0	0,00
ND	B.1.1.524	ND	3	0,06	0	0,00
ND	B.1.160	ND	194	4,09	0	0,00
ND	B.1.160.25	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.160.30	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.160.32	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.160.8	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.165	ND	6	0,13	0	0,00
ND	B.1.177	ND	1.388	29,28	0	0,00
ND	B.1.177.10	ND	8	0,17	0	0,00
ND	B.1.177.12	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.177.15	ND	3	0,06	0	0,00
ND	B.1.177.16	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.177.17	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.177.23	ND	6	0,13	0	0,00
ND	B.1.177.28	ND	3	0,06	0	0,00
ND	B.1.177.29	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.177.33	ND	47	0,99	0	0,00
ND	B.1.177.35	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.177.4	ND	3	0,06	0	0,00
ND	B.1.177.43	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.177.45	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.177.51	ND	28	0,59	0	0,00
ND	B.1.177.52	ND	10	0,21	0	0,00
ND	B.1.177.53	ND	32	0,68	0	0,00
ND	B.1.177.57	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.177.66	ND	4	0,08	0	0,00
ND	B.1.177.72	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.177.75	ND	232	4,89	0	0,00
ND	B.1.177.77	ND	4	0,08	0	0,00
ND	B.1.177.81	ND	28	0,59	0	0,00
ND	B.1.177.82	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.177.83	ND	99	2,09	0	0,00
ND	B.1.177.84	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.177.86	ND	2	0,04	0	0,00

Nomenclatura OMS	Lignaggio/Clade	Monitoraggio	Numero di sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero di sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
ND	B.1.177.87	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.177.88	ND	60	1,27	0	0,00
ND	B.1.2	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.214.2	DEESC	3	0,06	0	0,00
ND	B.1.221	ND	22	0,46	0	0,00
ND	B.1.222	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.240	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.258	ND	108	2,28	0	0,00
ND	B.1.258.14	ND	293	6,18	0	0,00
ND	B.1.258.17	ND	50	1,05	0	0,00
ND	B.1.258.3	ND	1	0,02	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.1.36	ND	3	0,06	0	0,00
ND	B.1.366	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.367	ND	20	0,42	0	0,00
ND	B.1.375	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.381	ND	4	0,08	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.1.403	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.416	ND	3	0,06	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.1.459	ND	4	0,08	0	0,00
ND	B.1.467	ND	1	0,02	0	0,00
ND	B.1.469	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	ND	13	0,27	0	0,00
ND	B.1.544	ND	1	0,02	0	0,00
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.1.619	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.620	DEESC	60	1,27	0	0,00
Mu	B.1.621	VOI	59	1,24	0	0,00
Mu	B.1.621.1	VOI	17	0,36	0	0,00
ND	B.1.629	ND	16	0,34	0	0,00
ND	B.1.630	ND	5	0,11	0	0,00
ND	B.1.636	ND	2	0,04	0	0,00
ND	B.1.639	ND	4	0,08	1	5,56
ND	B.1.640.1	ND	18	0,38	1	5,56

Nomenclatura OMS	Lignaggio/Clade	Monitoraggio	Numero di sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero di sequenze (ultimi 45 giorni)**	% (ultimi 45 giorni)**
ND	B.35	ND	2	0,04	0	0,00
ND	BB.2	ND	3	0,06	0	0,00
ND	C.16	DEESC	2	0,04	0	0,00
ND	C.17	ND	3	0,06	0	0,00
ND	C.18	ND	29	0,61	0	0,00
ND	C.35	ND	2	0,04	0	0,00
ND	C.36 + L452R	VUM	10	0,21	0	0,00
ND	C.36	ND	4	0,08	0	0,00
ND	C.36.3 + L452R	VUM	240	5,06	0	0,00
ND	C.36.3	ND	2	0,04	0	0,00
ND	C.36.3.1 + L452R	VUM	3	0,06	0	0,00
ND	C.36.3.1	ND	2	0,04	0	0,00
ND	C.38	ND	15	0,32	0	0,00
ND	C.6	ND	1	0,02	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	DEESC	1	0,02	0	0,00
ND	R.1	ND	1	0,02	0	0,00
ND	W.4	ND	2	0,04	0	0,00
ND	Altri§	ND	200	4,22	3	16,67
Totale			4.737	100	18	100

* periodo 28 dicembre 2020 – 10 gennaio 2022; ** periodo 27 novembre 2021 – 10 gennaio 2022

ND: non disponibile

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> § sono incluse tutte le sequenze appartenenti ai lignaggi A, B o B.1.

2.1 Analisi delle mutazioni identificate nella sequenza della proteina Spike

L'importanza del monitoraggio delle mutazioni presenti nella proteina Spike, oltre che dei lignaggi prevalenti, è sottolineata dalle evidenze riportate in letteratura che associano la presenza di alcune di queste mutazioni a proprietà antigeniche del virus importanti nella patogenesi.

In particolare, le mutazioni presenti nella regione del dominio di legame al recettore (RBD, residui 319-541), nella regione di giunzione S1/S2 della proteina Spike e parte della S2 (residui 613-705) possono avere impatto sull'evasione della risposta immunitaria.

In **Tabella 4** sono riportate, per i campioni assegnati alla **variante Delta** (clade 21A, 21I e 21J) le mutazioni identificate, dal software che opera nella piattaforma I-Co-Gen, all'interno del dominio RBD e della giunzione S1/S2 della proteina Spike e segnalate come mutazioni di interesse dall'ECDC e altre mutazioni in posizioni che, da evidenze scientifiche, vengono considerate rilevanti (<http://sars2.cvr.gla.ac.uk/cog-uk/>). Alcune associazioni tra lignaggi e specifiche mutazioni nella proteina Spike sono state inserite nell'elenco delle varianti sotto monitoraggio (Variants Under Monitoring, VUM) dall'ECDC (<https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>). Nella **Tabella 4**, in grassetto vengono evidenziate le mutazioni che se associate alla variante Delta rientrano tra le VUM.

Tabella 4. Frequenza di alcune mutazioni di interesse riscontrate nelle sequenze amminoacidiche della regione spike dei ceppi di SARS-CoV-2 appartenenti al clade 21A, 21I o 21J variante Delta. Dati riferiti a campioni con data prelievo 28 dicembre 2020 – 10 gennaio 2022 (dati cumulativi e ultimi 45 giorni).

Mutazioni	Sequenze Clade 21A, 21I o 21J (variante Delta) Numero sequenze (cumulativi)*	Sequenze Clade 21A, 21I o 21J (variante Delta) Numero sequenze (ultimi 45 giorni)**
Y145H	711	546
A222V	6.742	1.705
K417N	24	8
L452R	55.321	19.708
T478K	54.548	19.360
E484K	111	58
E484Q	64	39
E484A	59	58
E484G	7	5
E484D	4	2
E484V	4	2
N501Y	383	4
Q613H	1.329	254
D614G	55.120	19.278
Q677H	1.447	290
P681R	55.110	19.385
D796G	294	292
Totale sequenze^a	57.054	20.169

* periodo 28 dicembre 2020 – 10 gennaio 2022; ** periodo 27 novembre 2021 – 10 gennaio 2022

a: totale sequenze Delta depositate, compresi sia genomi completi che sequenze regione Spike.

A partire dal 15 ottobre 2021, è stato sviluppato un algoritmo che identifica in autonomia nuove mutazioni comparse per la prima volta nelle sequenze depositate nella piattaforma I-Co-Gen. Le nuove mutazioni nella proteina Spike identificate sono monitorate nel tempo per controllare la possibile emergenza di nuovi ceppi o per identificare cluster o varianti.

Ad oggi, di tutte le mutazioni identificate, dal 15 ottobre 2021, solo tre hanno raggiunto un numero consistente. In particolare, la mutazione D796G è presente in 294 sequenze e la mutazione V622G in 79 sequenze tutte assegnate alla variante Delta.

La ricerca di tali mutazioni nei genomi presenti nella piattaforma genomica di condivisione internazionale GISAID (<https://www.gisaid.org/>), ha evidenziato una distribuzione geografica differente dei genomi contenenti le due mutazioni.

La prima mutazione, D796G, è presente principalmente in sequenze Italiane, la seconda, V622G, in sequenze depositate da Regno Unito, Francia e Italia.

Interessante è anche il numero crescente di sequenze recanti la mutazione I1081V (N=71 in piattaforma I-Co-Gen) per lo più assegnate alla variante Omicron (N=61). Tale mutazione è ampiamente rappresentata nel database GISAID con, ad oggi, 12.616 sequenze provenienti da molti paesi non solo europei.

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

3.1 Numero di genotipizzazione/sequenziamento

Nel periodo dal **28 dicembre 2020** al **10 gennaio 2022**, sono stati segnalati al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 un totale di **92.446** casi di infezione da SARS-CoV-2 con sequenziamento/genotipizzazione, su un totale di 5.006.982 casi notificati (pari complessivamente al 1,8%).

Resta alto il numero di casi genotipizzati/sequenziati, segnalati al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 negli ultimi 45 giorni (**27 novembre - 10 gennaio 2022**) rispetto all'ultimo rilevamento (6 novembre – 20 dicembre 2021), **9.197** e **10.051** rispettivamente.

Analizzando i dati per mese (**Tabella 5**), si rileva che nel mese di ottobre il 5,8% (n = 5.833) dei casi comunicati al Sistema di Sorveglianza Integrata sono stati genotipizzati/sequenziati, mentre nel mese di novembre, mese con una maggiore incidenza rispetto al precedente, sono stati genotipizzati/sequenziati 9229 casi (3,3%). Si sottolinea come il non completo consolidamento dei dati dei mesi di dicembre 2021 e gennaio 2022 renda tali dati ancora provvisori.

L'attuale volume di sequenziamento è idoneo a stimare la proporzione di varianti con una precisione sufficiente ad intercettare una prevalenza compresa tra 1% e 2.5% (fonte ECDC al [6 gennaio 2022](#) relativo alla settimana 52 del 2021, 26 dicembre 2021 – 1 gennaio 2022), ovvero ad intercettare varianti circolanti sul territorio nazionale più rare rispetto a quanto previsto dalla soglia minima di precisione europea del 5%.

Tabella 5 - Frequenza di genotipizzazione/sequenziamento di campioni clinici di casi di infezione da virus SARS-CoV-2, Italia, dati cumulativi e percentuali ed incidenza di infezione nella popolazione per mese, gennaio 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	2.618	0,6	684
febbraio	5.556	1,5	684
marzo	10.001	1,5	1079
aprile	9.175	2,2	710
maggio	5.585	3,2	285
giugno	4.418	11,0	67
luglio	12.777	13,0	160
agosto	10.879	5,6	316
settembre	7.893	6,3	212
ottobre	5.889	5,9	164
novembre	9.229	3,3	474
dicembre*	7.818	0,6	2095
gennaio *,\$	251	0,0	3766

*dati in fase di consolidamento, § dato riferito al periodo 1-10 gennaio 2022

In **Figura 8** è riportato il numero di casi di infezione confermata da SARS-CoV-2, riportati al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19, per settimana di prelievo/diagnosi, per i quali sia stata effettuata una genotipizzazione/sequenziamento, nel periodo 28 dicembre 2020 – 10 gennaio 2022. I dati delle ultime settimane, contrassegnati dal riquadro grigio, sono parziali e, quindi, non devono essere interpretati come definitivi.

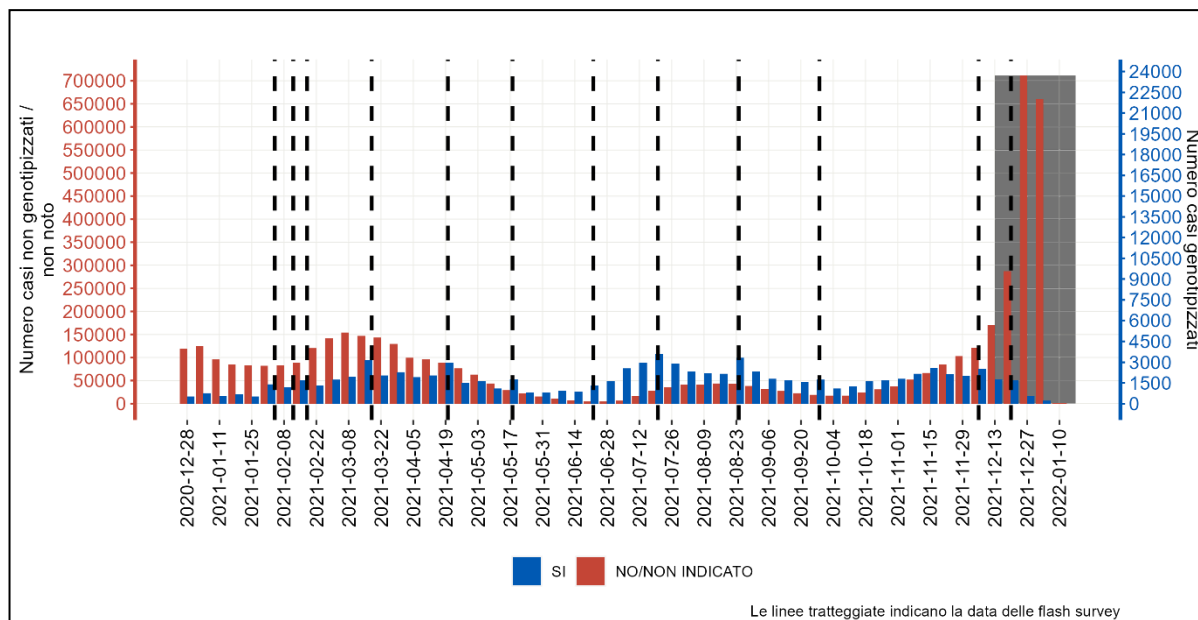


Figura 8 – Numero di casi di infezione confermata da SARS-CoV-2 riportati al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19, per settimana di prelievo/diagnosi, per i quali sia stata effettuata (blu) o meno (rosso) una genotipizzazione/sequenziamento, 28 dicembre 2020 – 10 gennaio 2022. Il box grigio indica che i dati relativi all'ultimo mese sono ancora incompleti e non consolidati.

3.2 Frequenza e diffusione delle varianti di interesse sanitario in Italia nel periodo 27 novembre 2021 – 10 gennaio 2022

In Italia si conferma la circolazione dominante della **variante Delta** di SARS-CoV-2 (lignaggio B.1.617.2 e relativi sotto-lignaggi), in un contesto in cui aumentano le segnalazioni di casi di infezione causati dalla **variante Omicron** di SARS-CoV-2 (lignaggio B.1.1.52).

Negli ultimi 45 giorni (27 novembre 2021– 10 gennaio 2022) la **variante Delta** è stata individuata nell'66,7% ($n = 6.134$) dei casi riportati al Sistema di Sorveglianza Integrata mentre, il 15,5% dei casi ($n = 1.437$) di infezione erano causati dalla **variante Omicron** (Tabella 6).

Si osserva infine che il 15,8% di genotipizzazioni/sequenziamenti non sono riconducibili ad un lignaggio o sotto-lignaggio non sorvegliato, che in parte potrebbe dipendere dal mancato raggiungimento per alcune delle genotipizzazioni/sequenziamenti realizzate/i nel periodo di riferimento dei tempi tecnici per la realizzazione delle analisi e per la notifica del loro esito.

Tabella 6 - Frequenza di genotipizzazione/sequenziamento per variante di SARS-CoV-2, Italia, dati cumulativi (periodo 28 dicembre 2020 – 10 gennaio 2022) e relativi agli ultimi 45 giorni (27 novembre 2021– 10 gennaio 2022).

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Numero casi (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero casi (ultimi 45 gg)**	% (ultimi 45 gg)**
Alfa	B.1.1.7	28.118	30,4	114	1,2
	B.1.1.7 + E484K	75	0,1	0	0,0
Beta ^a	B.1.351	289	0,3	0	0,0
Gamma ^b	P.1	2.858	3,1	8	0,1
Delta ^c	B.1.617.2	48.912	52,9	6.134	66,7
Omicron ^d	B.1.1.529	1.437 §	1,6	1.426	15,5
ND ^{e,f}	B.1.525	485	0,5	1	<0,1
ND ^{e,f}	B.1.617.1	633	0,7	59	0,6
ND ^e	B.1.617.3	31	<0,1	0	0,0
ND ^{e,f}	P.2	5	<0,1	0	0,0
	Altro lignaggio /non indicato ^g	9.603	10,4	1.455	15,8
Totale		92.446	100,0	9.197	100,0

* periodo 28 dicembre 2020 – 10 gennaio 2022; ** periodo 27 novembre 2021 – 10 gennaio 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.

§ di questi, 5 casi, con data prelievo/diagnosi antecedente al 27/11/2021, sono in fase di verifica

Il trend assoluto e relativo di casi di infezione causati da **variante Delta** è in diminuzione mentre aumentano le segnalazioni relative ad infezioni causate da **variante Omicron** (Figura 9 e 10).

In particolare, la prevalenza di casi di infezione da variante Omicron in Italia è **aumentata molto rapidamente** nel periodo di riferimento da un minimo dell'1% nel periodo 27 novembre -12 dicembre 2021 ad un massimo del 71% nel periodo 3-10 gennaio 2022. 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 3 gennaio 2022.

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

La **Figura 10** riporta la distribuzione percentuale delle varianti monitorate nella Sorveglianza Integrata COVID-19 per settimana.

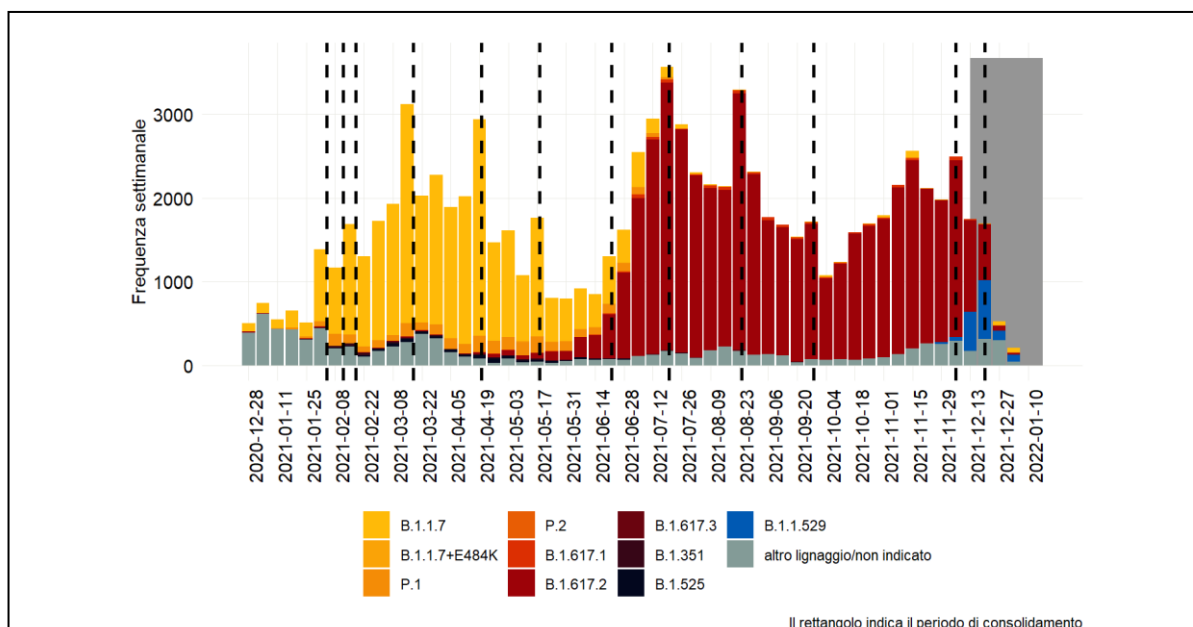


Figura 9 – Frequenza assoluta settimanale di casi di infezione da SARS-CoV-2 genotipizzati/sequenziati e indicati per lignaggio^a. Italia, 28 dicembre 2020 – 10 gennaio 2022.

a: 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

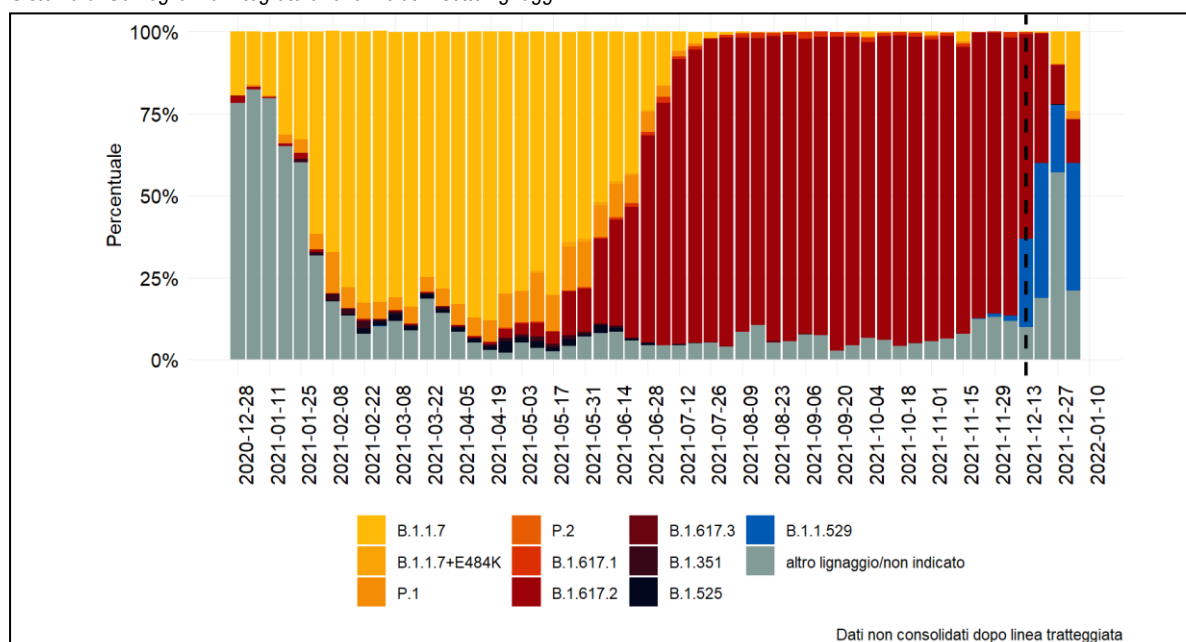


Figura 10 - Distribuzione percentuale dei lignaggi^a monitorati nella Sorveglianza Integrata COVID-19 per settimana. Italia, 28 dicembre 2020 – 10 gennaio 2022.

a: 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

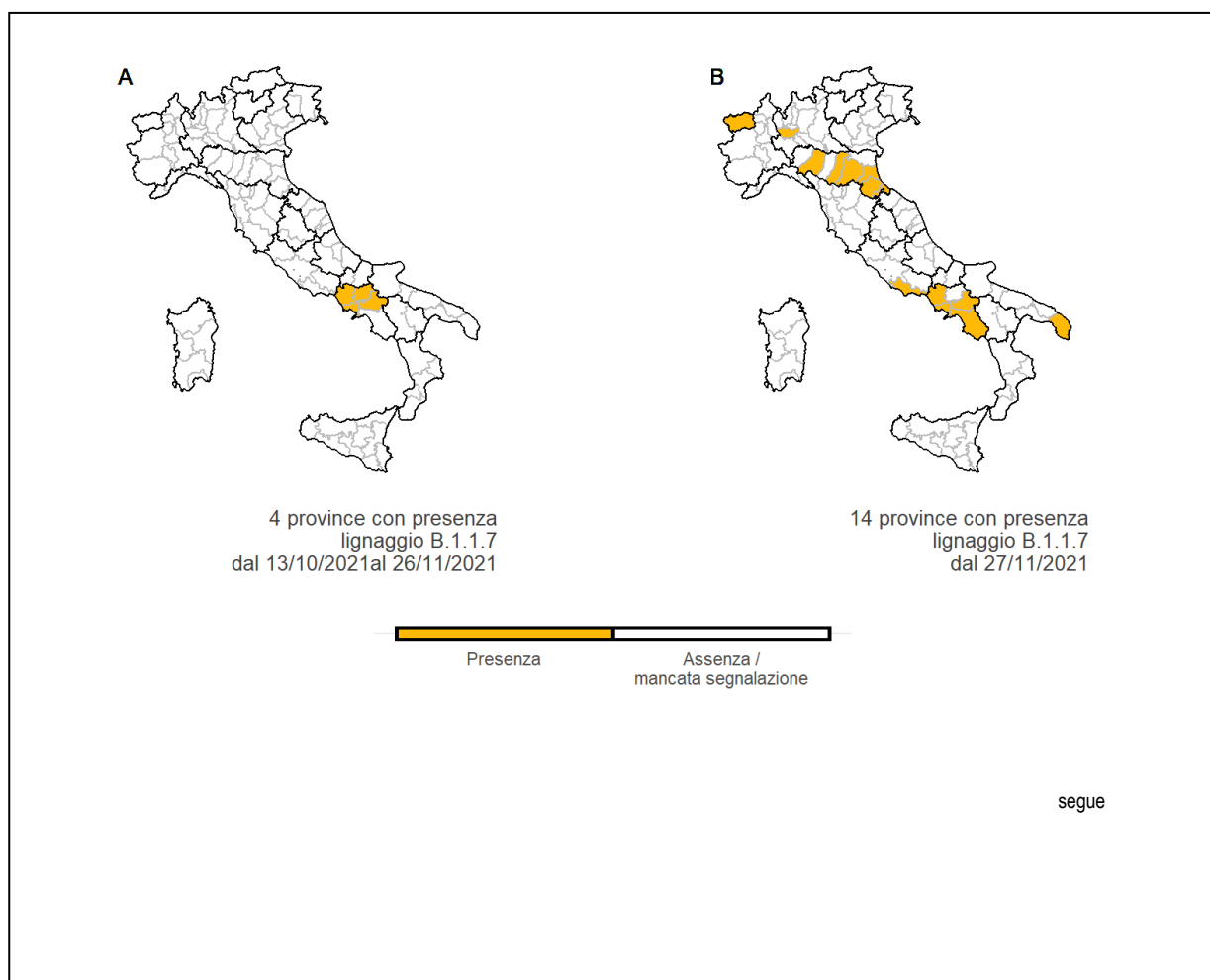
La **Figura 11** mostra la distribuzione geografica delle cinque varianti individuate dall'OMS come varianti preoccupanti per la sanità pubblica (*Variants of Concern, VOC*): **Alfa**, declassificata nell'ultimo periodo dall'ECDC (vedi Note di Lettura), **Beta**, **Gamma**, **Delta** e **Omicron** aggiornata al 10 gennaio 2022.

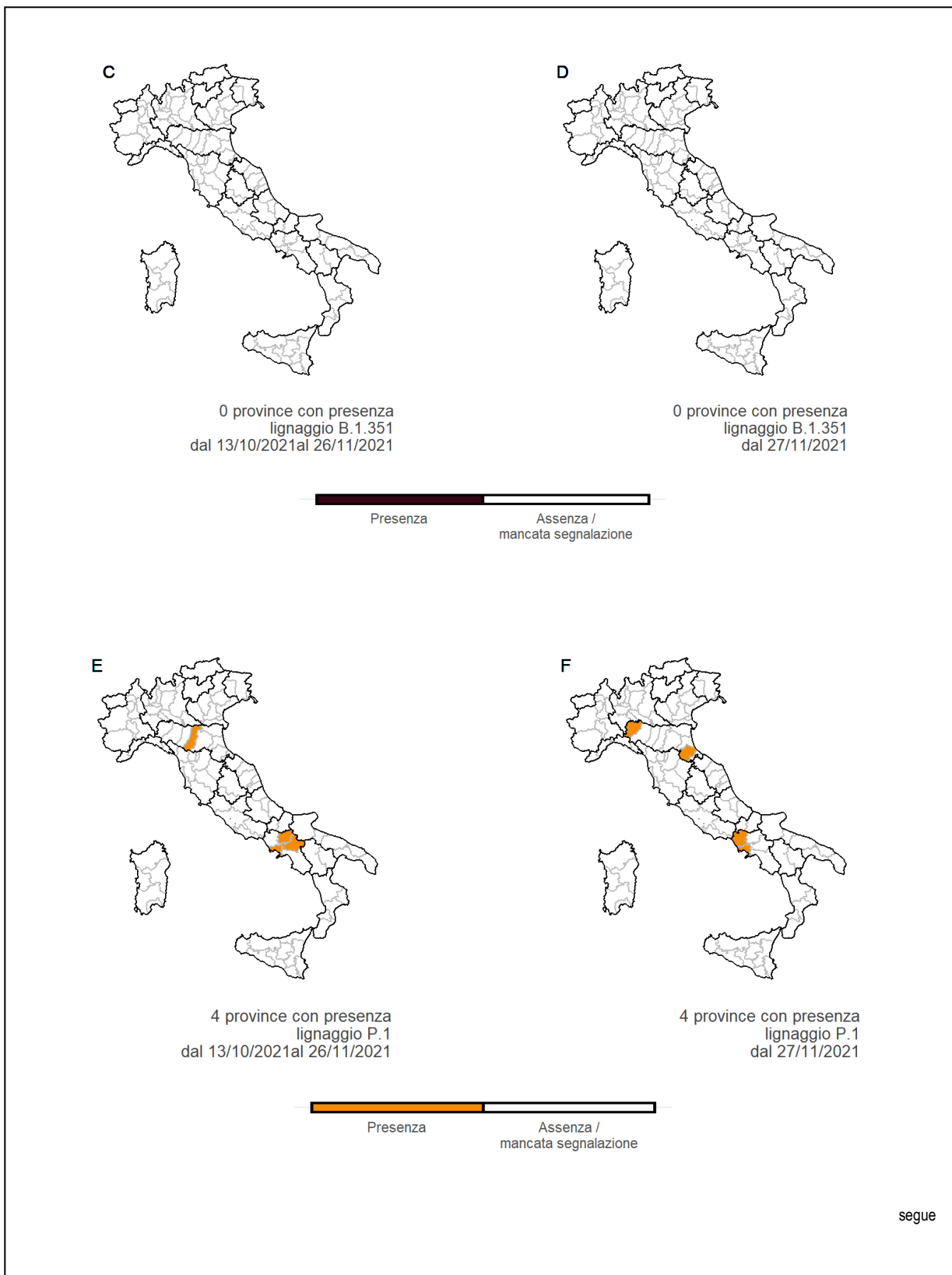
Nelle mappe vengono messe in evidenza tutte le province che hanno segnalato almeno un caso di infezione causata da una variante di SARS-CoV-2 di interesse per la pubblica sanità nei periodi: 13 ottobre – 26 novembre 2021 e 27 novembre 2021– 10 gennaio 2022. Il colore bianco, attribuito ad alcune province, può indicare sia l'assenza di casi associati alla specifica variante, sia una mancata segnalazione da parte della Regione/PA al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 dell'ISS.

Negli ultimi 45 giorni (27 novembre 2021 – 10 gennaio 2022), le varianti **Alfa**, **Beta** e **Gamma** sono risultate assenti o identificate in aree territoriali molto limitate (Figure **11B**, **11D** e **11F**).

Si continua ad osservare una estesa diffusione di casi di infezione causati dalla **variante Delta** di SARS-CoV-2, con almeno un caso stato segnalato in 85 province italiane negli ultimi 45 giorni (**Figura 11H**).

La diffusione di casi di infezione causati dalla **variante Omicron** di SARS-CoV-2 è in forte aumento con almeno un caso stato segnalato in 77 province italiane negli ultimi 45 giorni (**Figura 11L**).





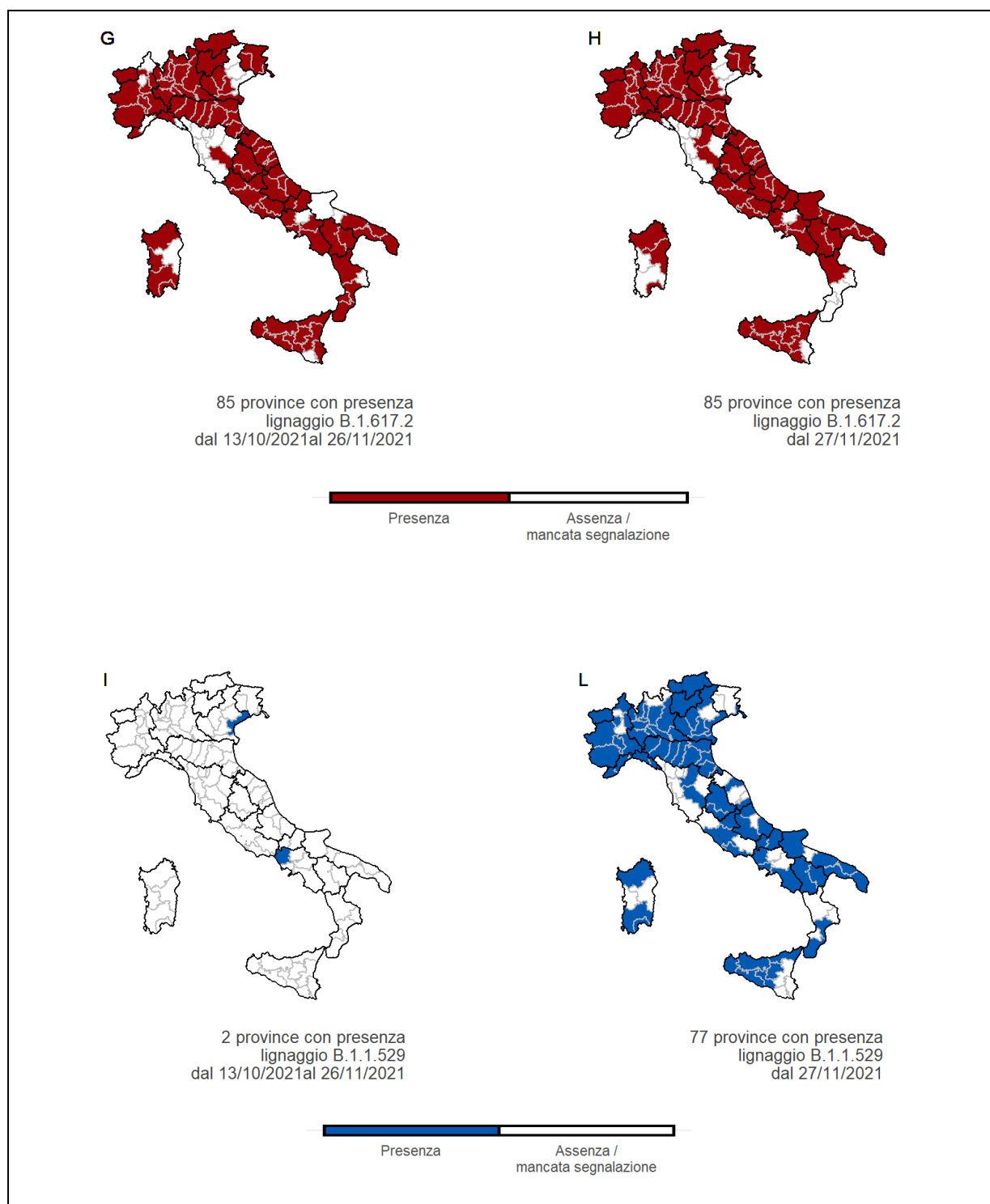


Figura 11 – Province italiane in cui è stato segnalato almeno un caso di infezione da SARS-CoV-2 causato dalla variante Alfa (lignaggio B.1.1.7) (A - B), dalla variante Beta (lignaggio B.1.351^a) (C - D), dalla variante Gamma (lignaggio P.1^b) (E - F), dalla variante Delta (lignaggio B.1.617.2^c) (G - H), dalla variante Omicron (lignaggio B.1.1.529^d) (I - L); Italia, 13 ottobre – 26 novembre 2021, 27 novembre 2021 – 10 gennaio 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

Negli ultimi 45 giorni (dal 27 novembre al 10 gennaio 2022), la maggior parte dei casi d'infezione causati da varianti VOC di SARS-CoV-2 rilevate dal Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19, è stata **contratta sul territorio italiano**.

Tabella 7 - 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 – 20 dicembre 2021, 6 novembre - 20 dicembre 2021.

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Dati cumulativi*						Ultimi 45 gg**					
		Caso autoctono		Caso importato		Non noto		Caso autoctono		Caso importato		Non noto	
		N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%
Alfa	B.1.1.7	20.859	74,2	341	1,2	6.918	24,6	114	100,0	0	0,0	0	0,0
	B.1.1.7 + E484K	73	97,3	0	0,0	2	2,7	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Beta ^a	B.1.351	263	91,0	11	3,8	15	5,2	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Gamma ^b	P.1	2.258	79,0	39	1,4	561	19,6	8	100,0	0	0,0	0	0,0
Delta ^c	B.1.617.2	42.114	86,1	1.877	3,8	4.921	10,1	5.410	88,2	45	0,7	679	11,1
Omicron ^d	B.1.1.529	1.290	89,8	46	3,2	101	7,0	1.281	89,8	44	3,1	101	7,1
ND ^{e,f}	B.1.525	359	74,0	102	21,0	24	4,9	1	100,0	0	0,0	0	0,0
ND ^{e,f}	B.1.617.1	630	99,5	2	0,3	1	0,2	59	100,0	0	0,0	0	0,0
ND ^e	B.1.617.3	26	83,9	5	16,1	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
ND ^{e,f}	P.2	5	100,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
	Altro lignaggio/non indicato ^g	8.325	86,7	260	2,7	1.018	10,6	1.352	92,9	11	0,8	92	6,3

* periodo 28 dicembre 2020 – 10 gennaio 2022; ** periodo 27 novembre 2021 – 10 gennaio 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.

La distribuzione delle infezioni causate dalle varianti virali sotto sorveglianza riflette la prevalenza sul territorio nazionale senza evidenti differenze per sesso (**Tabella 8**).

Tabella 8 – Casi di infezione da SARS-CoV-2 causati da varianti di interesse sanitario, Italia, 28 dicembre 2020 – 10 gennaio 2022, 27 novembre 2021 - 10 gennaio 2022. 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	14.040	30,5	14.078	30,4	58	1,2	56	1,3
	B.1.1.7 + E484K	37	0,1	38	0,1	0	0,0	0	0,0
Beta ^a	B.1.351	134	0,3	155	0,3	0	0,0	0	0,0
Gamma ^b	P.1	1.404	3,0	1.454	3,1	4	0,1	4	0,1
Delta ^c	B.1.617.2	24.367	52,9	24.545	52,9	3.195	66,4	2.939	67,0
Omicron ^d	B.1.1.529	769	1,7	668	1,4	762	15,8	664	15,1
ND ^{e,f}	B.1.525	192	0,4	293	0,6	0	0,0	1	<0,1
ND ^{e,f}	B.1.617.1	329	0,7	304	0,7	29	0,6	30	0,7
ND ^e	B.1.617.3	20	<0,1	11	<0,1	0	0,0	0	0,0
ND ^{e,f}	P.2	1	<0,1	4	<0,1	0	0,0	0	0,0
	Altro lignaggio/non indicato ^g	4.787	10,4	4.816	10,4	765	15,9	690	15,7
Totale		46.080	100,0	46.366	100,0	4.813	100,0	4.384	100,0

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.

La distribuzione per fascia di età (**Figura 12**) evidenzia come nel periodo di riferimento in tutte le età siano più frequenti i casi di infezione causati dalla **variante Delta** di SARS-CoV-2.

I casi di infezione causati dalla **variante Omicron** sono documentati in tutte le fasce di età e, nell'intero periodo di riferimento, sono risultati più frequenti nei soggetti di età compresa tra i 20 e i 39 anni.

Tuttavia, analizzando il periodo di riferimento in maggiore dettaglio, si osserva che nella prima metà del periodo (27 novembre 2021 – 18 dicembre 2021), la maggior parte dei casi era identificata nelle fasce di età 20-29 e 30-39 anni. Nei 23 giorni successivi (19 dicembre 2021 – 10 gennaio 2022) sono stati identificati casi in tutte le fasce di età con aumenti più rilevanti rispetto al primo periodo nelle fasce di età >80anni, 0-9 anni e 60-69 anni. Questo suggerisce che si stia verificando una **transizione demografica** nella diffusione delle infezioni causate da variante Omicron di SARS-CoV-2 sul territorio nazionale.

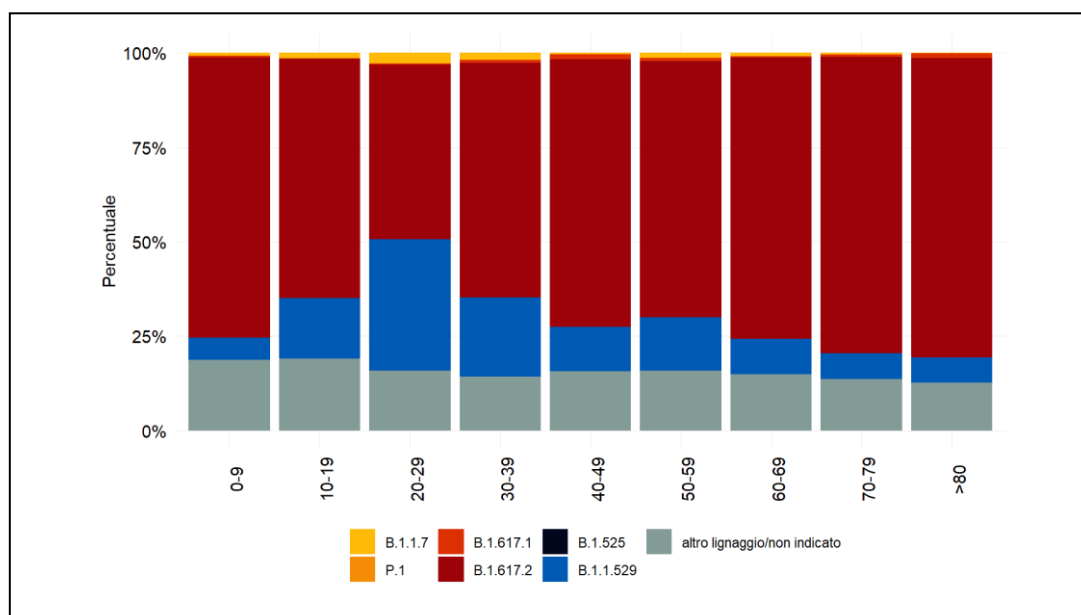


Figura 12 - Casi di infezione da SARS-CoV-2 causati da varianti di interesse sanitario, Italia, 27 novembre 2021 - 10 gennaio 2022. Distribuzione per fascia di età e lignaggio^a.

a: 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

Dei 1,426 casi di infezione causati da variante Omicron nel periodo di riferimento, in 20 casi è stata segnalata una sintomatologia severa o critica, pari all' 1,4% rispetto al 8,3% dei casi dovuti ad infezione da variante Delta nello stesso periodo. **Questo dato va tuttavia interpretato con cautela** poiché nel caso di infezioni recenti è possibile che i tempi di osservazione non siano sufficienti a documentare eventuali aggravamenti clinici e perché la percentuale di casi per cui il dato sullo stato clinico è assente è maggiore nel caso di infezioni causate da variante Omicron di SARS-CoV-2 (**Tabella 9**).

Tabella 9 – Stato clinico più grave (numero assoluto e percentuale) riportato per i casi di infezione causati da variante Omicron e Delta riportati al sistema di sorveglianza, Italia, 27 novembre 2021 - 10 gennaio 2022.

Stato clinico peggiore	Frequenza Omicron	Percentuale Omicron	Frequenza Delta	Percentuale Delta
Asintomatico	561	39,3%	2.371	38,7%
Pauci-Sintomatico	530	37,2%	2.061	33,6%
Lieve	195	13,7%	1.081	17,6%
Severo	19	1,3%	429	7,0%
Critico	1	0,1%	78	1,3%
Mancante	120	8,4%	114	1,9%
Totale	1426	100%	6134	100%

Complessivamente, 40 casi di infezione causati da variante Omicron di SARS-CoV-2 diagnosticati nel periodo di riferimento risultano essere stati ricoverati in area medica ed uno in terapia intensiva. Non sono stati segnalati decessi.

Note di lettura

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

La lista delle varianti di SARS-CoV-2 sotto sorveglianza viene continuamente aggiornata man mano che vengono riconosciute nuove varianti di interesse per la sanità pubblica denominate "Variants of Concern" (VOC), "Variants of Interest" (VOI) e "Variants under Monitoring" (<https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>). Il 31 maggio 2021, l'Organizzazione Mondiale della Sanità (OMS) ha definito delle "etichette" con cui designare le varianti di SARS-CoV-2 che fossero più facili da pronunciare e da ricordare rispetto ai lignaggi/clade utilizzati nelle diverse piattaforme. Per quanto riguarda le varianti preoccupanti (VOC) e le varianti d'interesse (VOI), al momento in cui viene redatto questo rapporto, la classificazione in vigore è la seguente (<https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>, aggiornamento del 10 gennaio 2022).

Tabella 10 - Varianti preoccupanti per la Sanità Pubblica (Variants of Concern - VOC) – classificazione OMS

Nomenclatura OMS	Lignaggio Pango*	Clade GISAID	Clade Nextstrain	Primi campioni documentati	Data di designazione
Alfa[#]	B.1.1.7	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	G/478K.V1	21A	India ottobre-2020	VOI: 4-aprile -2021 VOC: 11-maggio-2021
Omicron	B.1.1.529	GR/484A	21K	Paesi multipli Novembre-2021	VUM: 24-novembre-2021 VOC: 26-novembre-2021

*Include tutti i lignaggi discendenti

[#]la variante Alfa è stata recentemente declassificata dall'ECDC (<https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>)

Tabella 11 - Varianti di interesse per la Sanità Pubblica (Variants of Interest - VOI) – classificazione OMS

Nomenclatura OMS	Lignaggio Pango*	Clade GISAID	Clade Nextstrain	Primi campioni documentati	Data di designazione
Lambda	C.37	GR/452Q.V1	21G	Perù, dicembre-2020	14-giugno-2021
Mu	B.1.621	GH	21H	Colombia, gennaio-2021	30-agosto-2021

*Include tutti i lignaggi discendenti

I dati analizzati sono in continua fase di aggiornamento, pertanto le segnalazioni delle varianti soprattutto quelle dell'ultimo mese, devono essere sempre interpretate come provvisorie, con cautela, in quanto possono subire variazioni e/o essere ulteriormente integrate con report successivi. L'assenza o un numero relativamente basso di casi genotipizzati riportati può essere dovuto sia ad una minore

percentuale di casi genotipizzati che ad una mancata segnalazione nel Sistema di Sorveglianza Integrata Nazionale COVID-19 da parte della Regione/PA.

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

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

I dati qui presentati riferiscono a dati inviati dalle Regioni/PPAA e con una diagnosi di infezione da SARS-CoV-2 (definita come tampone positivo ai sensi della [circolare del Ministero della Salute n. 0644 dell'8 gennaio 2021](#)) tra il **28 dicembre 2020** ed il **10 gennaio 2022**.

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 1,8%. Analizzando i dati per mese, si rileva che nel mese di ottobre il 5,8% dei casi comunicati al Sistema di Sorveglianza Integrata sono stati genotipizzati/sequenziati, mentre nel mese di novembre, mese con una maggiore incidenza rispetto al precedente, sono stati genotipizzati/sequenziati il 3,3% dei casi.

La **Figura 9**, 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 **3 gennaio 2021**). Inoltre, la percentuale di casi di infezione confermata da SARS-CoV-2 in cui è stata realizzata una genotipizzazione, riportata al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19, nel periodo **28 dicembre 2020 – 10 gennaio 2022**, varia da regione a regione (**Figura 13A**); si può notare però un sostanziale incremento su quasi tutto il territorio (**Figura 13B**) nel periodo più recente (**27 novembre 2021 – 10 gennaio 2022**). Questo elemento deve essere considerato nella lettura delle mappe riportate in questo rapporto.

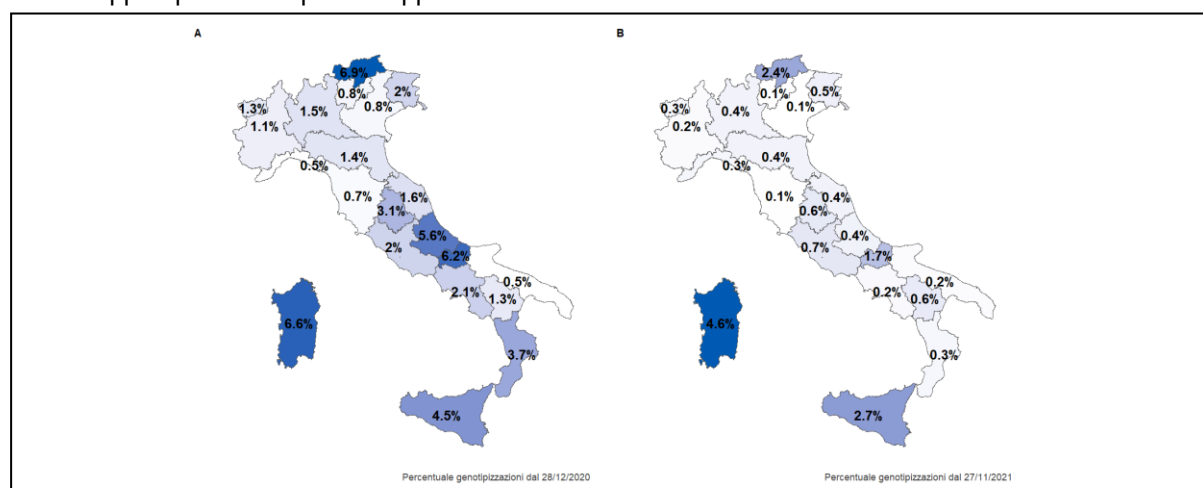


Figura 13- Percentuale di casi di infezione confermata da SARS-CoV-2 in cui è stata realizzata una genotipizzazione riportata al Sistema di Sorveglianza Integrata COVID-19 per Regione/PA nel periodo 28 dicembre 2020 – 10 gennaio 2021 (A) e nel periodo 6 novembre 2021 – 20 dicembre 2021 (B).

In **Tabella 12** sono riportati, per lo stesso periodo, i dati di genotipizzazione estrapolati, per alcune varianti degne di nota, dalla piattaforma genomica di condivisione internazionale GISAID (<https://www.gisaid.org/>) e relativi a casi per i quali è nota la data, anche parziale, di campionamento.

Tabella 12 - *Frequenza di genotipizzazione di alcune varianti di SARS-CoV-2 in Italia - fonte GISAID, dati cumulativi (periodo 28 dicembre 2020 – 10 gennaio 2022) e relativi agli ultimi 45 giorni (27 novembre 2021 – 10 gennaio 2022) (<https://www.gisaid.org/>, sottomissioni al 10 gennaio 2022).*

Nomenclatura OMS	Lignaggio	Numero sequenze (cumulativi)*	% (cumulativi)*	Numero sequenze (ultimi 45 gg)**	% (ultimi 45 gg)**
Alfa ^a	B.1.1.7	26.628	30,82	5	0,06
Beta ^a	B.1.351	142	0,16	0	0,00
Gamma ^a	P.1	2.699	3,12	0	0,00
Delta ^a	B.1.617.2	42.062	48,68	6.812	76,14
Lambda ^a	C.37	18	0,02	0	0,00
Mu	B.1.621	82	0,09	0	0,00
Omicron ^a	B.1.1.529	1.869	2,16	1.868	20,88
ND ^{a,b}	B.1.640	15	0,02	1	0,01
ND ^{b,c}	B.1.525	469	0,54	0	0,00
ND ^{b,c}	B.1.617.1	19	0,02	0	0,00
ND ^b	B.1.617.3	0	0,00	0	0,00
ND ^{b,c}	P.2	3	0,00	0	0,00
	Altro lignaggio	12.404	14,35	261	2,92
Totale		86.410	86.410	100	8.947

* periodo 28 dicembre 2020 – 10 gennaio 2022; ** periodo 27 novembre 2021 – 10 gennaio 2022

a: la variante include anche i relativi sotto-lignaggi

b: non disponibile

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

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

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; Claudio Farina, Marco Arosio, Laboratorio di Microbiologia e Virologia dell'ASST Papa Giovanni XXIII, Bergamo; Gabriele Ibba, AMES Centro Polidiagnostico Strumentale S.r.l., Azienda Ospedaliero-Universitaria di Sassari, Sassari; Davide Cacchiarelli, Telethon Institute of Genetics and Medicine, Pozzuoli; Maria Teresa Fiorillo, Azienda Sanitaria Provinciale di Reggio Calabria, Reggio Calabria; Maurizio Sanguinetti, Istituto di Microbiologia e Virologia, Fondazione Policlinico Universitario A. Gemelli IRCCS, Roma.

Fondazione Bruno Kessler

Filippo Trentini, Giorgio Guzzetta, Valentina Marziano, Piero Poletti, Stefano Merler.

Referenti Regionali

Antonia Petrucci (Abruzzo); Michele La Bianca (Basilicata); Anna Domenica Mignuoli (Calabria); Pietro Buono (Campania); Erika Massimiliani (Emilia-Romagna); Fabio Barbone (Friuli Venezia Giulia); Francesco Vairo (Lazio); Camilla Sticchi (Liguria); Danilo Cereda (Lombardia); Lucia Di Furia (Marche); Raffaele Malatesta (Molise); Annamaria Bassot (P.A. Bolzano); Pier Paolo Benetollo (P.A. Trento); Chiara Pasqualini (Piemonte); Lucia Bisceglia (Puglia); Maria Antonietta Palmas (Sardegna); Salvatore Scondotto (Sicilia); Emanuela Balocchini (Toscana); Anna Tosti (Umbria); Mauro Ruffier (Valle D'Aosta); Filippo Da Re (Veneto).

Istituto Superiore di Sanità

Stefano Fiore, Concetta Fabiani, 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.