



Varianti SARS-CoV-2

Flash Survey 18 maggio 2021

Nuova indagine rapida varianti VOC e VOI riferita ai casi COVID-19 notificati il 18 Maggio 2021

Prevalenza delle varianti:

- B.1.1.7 (VOC UK)
- P.1 (VOC Brasile)
- B.1.351 (VOC Sud-Africa)
- B.1.617.2 (VOC Indiana)

- P.2 (VOI Brasile)
- B.1.525 (VOI Nigeriana)

Metodologia

Campioni positivi notificati il 18 Maggio 2021 (prime infezioni non follow-up) da analizzare tramite sequenziamento genomico.

In Tabella la dimensione campionaria per REGIONE/PA.

Regione	A m p i e z z a campionaria (p=5%, ϵ =2%)
Abruzzo	13
Basilicata	13
Calabria	46
Campania	154
Emilia-Romagna	161
Friuli Venezia Giulia	26
Lazio	141
Liguria	20
Lombardia	237
Marche	50
Molise	2
P.A. Bolzano	17
P.A. Trento	14
Piemonte	120
Puglia	77
Sardegna	10
Sicilia	84
Toscana	140
Umbria	30
Valle d'Aosta	5
Veneto	122
Italia	1482

RISULTATI

In totale hanno partecipato all'indagine le 21 Regioni/PPAA e complessivamente **116** laboratori.

Sono stati sequenziati **1663** campioni.

Le stime di prevalenza a livello nazionale ottenute come la media delle prevalenze nelle diverse regioni pesate per il numero di casi regionali notificati il 13 Maggio 2021 sono:

B.1.1.7	88.1% (range: 40%-100%)
P.1	7.3% (range: 0%-60%)
B.1.351	0.3% (range: 0%-2.1%)
B.1.617.1 e B.1. 617.2	1.0% (range: 0%-3.4%)
B.1.525	0.8% (range: 0%-16.7%)
P. 2	0%

Prevalenza delle varianti oggetto dell'indagine

REGIONE/PA	Prevalenza (%)					
	B.1.1.7	P.1	B.1.351	B.1.617.1 o 2	P.2	B.1.525
ABRUZZO	68,8	10,4	-	-	-	16,7
BASILICATA	92,3	-	-	-	-	-
CALABRIA	91,3	6,5	-	-	-	2,2
CAMPANIA	89,6	9,6	-	-	-	-
EMILIA ROMAGNA	89,0	7,5	-	1,2	-	1,2
FRIULI VENEZIA GIULIA	96,3	-	-	-	-	-
LAZIO	64,2	28,4	1,4	3,4	-	-
LIGURIA	85,0	10,0	-	-	-	-
LOMBARDIA	89,1	2,1	0,8	2,5	-	-
MARCHE	91,9	-	-	-	-	10,5
MOLISE	40,0	60,0	-	-	-	-
PA BOLZANO	64,7	35,3	-	-	-	-
PA TRENTO	90,9	9,1	-	-	-	-
PIEMONTE	93,7	2,8	-	0,7	-	-
PUGLIA	98,9	-	-	1,1	-	-
SARDEGNA	97,1	-	-	2,9	-	-
SICILIA	87,6	4,8	2,1	-	-	2,8
TOSCANA	86,0	11,6	-	-	-	-
UMBRIA	82,4	11,8	-	-	-	-
VALLE D'AOSTA	100,0	-	-	-	-	-
VENETO	94,2	0,7	-	1,5	-	-
ITALIA	88,1	7,3	0,3	1,0	0	0,8

Tra i 44 genomi appartenenti ad altri lignaggi non oggetto dell'indagine, 30 sono riconducibili a VOI o VUM, in riferimento al documento ECDC del 24 maggio 2021

REGIONE/PA	<i>VARIANT OF INTEREST (VOI)</i>	<i>VARIANTS UNDER MONITORING (VUM)</i>				
	B.1.620	B.1.1.318	B.1.1.519	B.1.214.2	C.36+L452R	C.37
EMILIA ROMAGNA					2	
FRIULI VG					1	
LAZIO		1	2*			1**
LIGURIA					1	
LOMBARDIA		1			10	
PIEMONTE				1	1	
SICILIA					2	
TOSCANA					1	
UMBRIA			2			
VENETO	3				1	
Totale	3	2	4	1	19	1

LIMITI

- Tra i possibili limiti dell'indagine vanno menzionati i seguenti punti:
- Il metodo di campionamento potrebbe essere disomogeneo e non random in alcune Regioni/PPAA.
- Per alcune Regioni, essendo bassa la numerosità della popolazione, il numero di sequenze è esiguo, per cui la presenza di varianti virali circolanti potrebbe non essere individuata.
- Non sono al momento disponibili dati relativi alle fasce di età dei casi selezionati per l'indagine, alla possibile appartenenza a focolai, e alla geo-localizzazione (potenzialmente utili per valutare con maggiore accuratezza la rappresentatività geografica).

CONCLUSIONI (1)

- VOC B.1.1.7 ha una prevalenza pari a 88,1%. Un caso riconducibile a VOC B.1.1.7+E484K è stato riportato dalla Regione Lombardia.
- VOC P.1 ha una prevalenza pari al 7.3% (nella precedente era 4.5%). In termini assoluti appare in diminuzione in Toscana (5 vs 16 dell'indagine precedente) e in aumento in Campania, Molise, PA Bolzano, Sicilia.
- VOC B.1.351 è stata segnalata in questa indagine in 7 casi vs i 4 dell'indagine precedente.
- VOC B.1.617 (di cui 16 sottolignaggio 2 e 2 sottolignaggio 1) ha una prevalenza pari a 1%.
- VOI B.1.525 è riportata in 17 casi vs gli 11 dell'indagine precedente, e in questa indagine come numero assoluto in aumento in particolare in Abruzzo e in Sicilia.
- VUM C.36+L452R in 19 casi e in 8 Regioni ed, in particolare, in Lombardia.

CONCLUSIONI (2)

- Nel contesto italiano, in cui la campagna di vaccinazione sta accelerando anche se non ha ancora raggiunto coperture sufficienti, la diffusione di varianti a maggiore trasmissibilità può avere un impatto rilevante. Mentre la variante B.1.1.7 è ancora predominante, particolare attenzione va riservata alla variante P.1, la cui prevalenza è in leggero aumento rispetto alla precedente indagine. La variante B.1.167.2 è stata identificata in 16 casi totali di cui diversi autoctoni.
- Al fine di contenerne ed attenuarne l'impatto, è importante mantenere l'incidenza a valori che permettano il sistematico tracciamento della maggior parte dei casi.

Ringraziamenti

Si ringraziano tutte le Regioni/PPAA e tutti i laboratori che hanno partecipato a questa indagine.

