

TOPIC: Il Biennio COVID-19: situazione attuale e prospettive future

Titolo

Il sequenziamento genomico nel tracciamento delle varianti di SARS-CoV-2: situazione attuale e prospettive in sanità pubblica

Autori

Luigina Ambrosio¹, Angela Di Martino¹, Alessandra Lo Presti¹, Anna Teresa Palamara¹, **Paola Stefanelli^{1*}** e la “Rete Italiana per il Sequenziamento genomico di SARS-CoV-2”

Dipartimento Malattie Infettive, Istituto Superiore di Sanità, Roma

La sorveglianza genomica rappresenta uno dei pilastri nella gestione della pandemia COVID-19 con importanti implicazioni nella eventuale messa a punto di vaccini adattati. In Italia, tale attività si avvale di due fonti, coordinate dell'Istituto Superiore di Sanità (ISS), in collaborazione con il Ministero della Salute e le Regioni/PPAAA: (i) “indagini rapide”, realizzate sottoponendo a sequenziamento un numero di campioni rappresentativi delle diverse realtà territoriali, per stimare, con cadenza regolare, la prevalenza delle VOCs (Variants of Concern) e di altre varianti circolanti; (ii) “ITALIAN-COVID19-GENOMIC” (I-Co-Gen), infrastruttura collaborativa per la continua raccolta, analisi e condivisione internazionale dei dati di sequenziamento provenienti da 65 laboratori, dislocati sull'intero territorio nazionale, che operano secondo precisi standard qualitativi.

Le indagini rapide hanno permesso di monitorare, a partire da febbraio 2021 le varianti VOC in Italia. Dall'ultima indagine rapida, e relativa ai casi notificati il 7 Marzo 2021, la variante omicron è la variante predominante con i sottolignaggi BA.1 e BA.2 presenti in tutte le Regioni /PPAA. Per quanto riguarda la piattaforma I-Co-Gen, invece, al 17.03.2022, risultano inserite più di 118.000 sequenze, e i dati relativi all'anno 2021, evidenziano un *trend* in crescita nel numero di campioni sequenziati per ciascun trimestre. La mediana del numero di sottomissioni per settimana di campionamento è risultata pari a 1.687 (*range*: 165 – 4.713), valore ritenuto da ECDC sufficiente ad intercettare una variante nuova o emergente quando raggiunge una proporzione relativa uguale o superiore all'1% in condizioni di elevata circolazione virale (>100.000 casi/settimana). Più di 390 differenti lignaggi sono stati assegnati dalla piattaforma. A partire dalla seconda metà di dicembre 2021, entrambi i flussi hanno censito un rapido incremento dei sequenziamenti associati alla variante Omicron, divenuta in seguito maggioritaria, e, contestualmente, una riduzione nel numero e nella diversità dei sequenziamenti associati alla variante Delta. Tale *trend* risulta attualmente caratterizzato da una crescita nella proporzione di sequenze attribuibili al sotto-lignaggio omicron BA.2 pari a circa il 40% delle sequenze finora segnalate.

Il monitoraggio in tempo “quasi” reale delle VOCs, con un sistema di *alert* per sequenze o mutazioni di particolare interesse permette di mappare la circolazione dei diversi ceppi virali e il loro impatto in sanità pubblica. Questo approccio permetterà una continua e migliore comprensione della diffusione di varianti virali a maggiore trasmissibilità e/o con mutazioni correlate a potenziale evasione della risposta immunitaria.