



COVID-19 Sorveglianza delle varianti di SARS-CoV-2

Varianti del virus

I virus, in particolare quelli a Rna come i coronavirus, evolvono costantemente attraverso mutazioni del loro genoma. Mutazioni del virus Sars-CoV-2 sono state osservate in tutto il mondo fin dall'inizio della pandemia. Mentre la maggior parte delle mutazioni non ha un impatto significativo qualcuna può dare al virus alcune caratteristiche come ad esempio un vantaggio selettivo rispetto alle altre attraverso una maggiore trasmissibilità, una maggiore patogenicità con forme più severe di malattia o la possibilità di aggirare l'immunità precedentemente acquisita da un individuo o per infezione naturale o per vaccinazione. In questi casi diventano motivo di preoccupazione, e devono essere monitorate con attenzione.

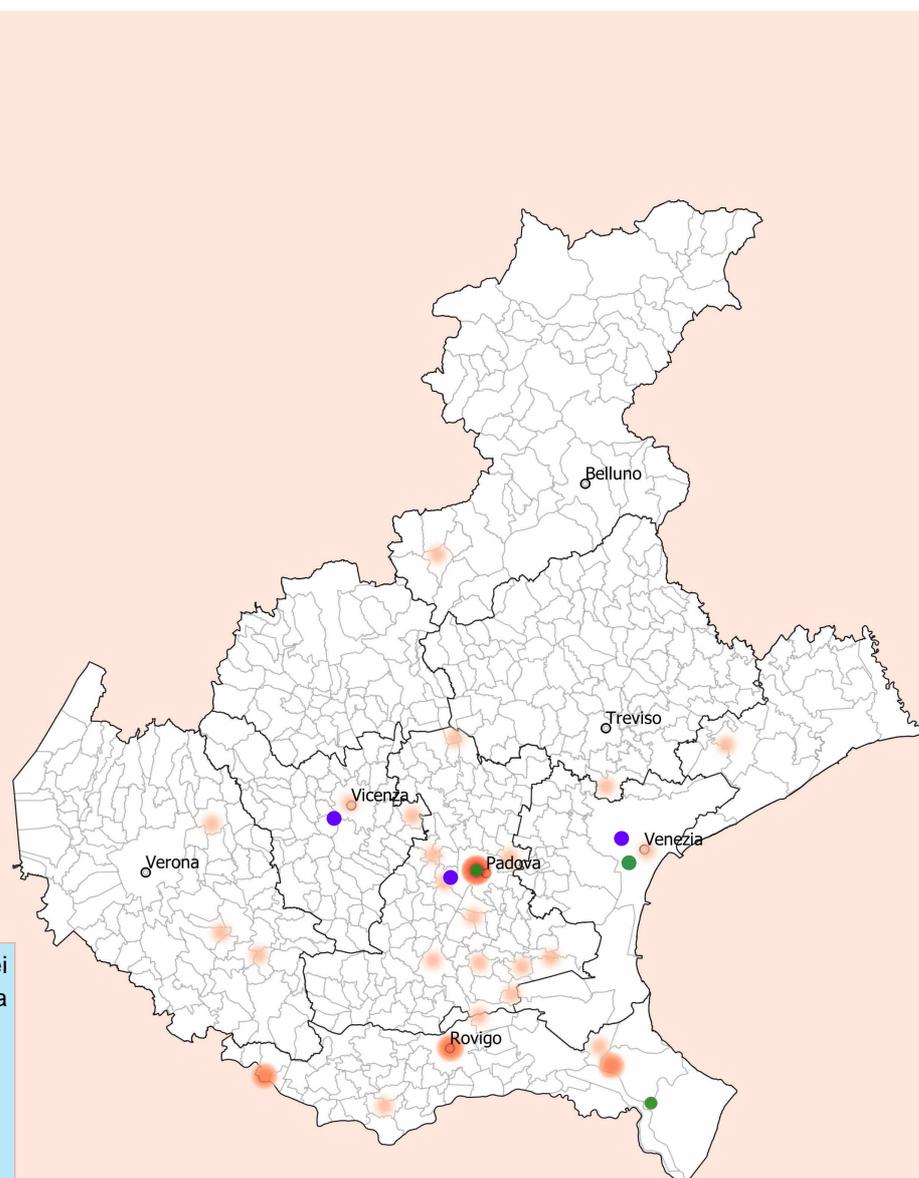


Fig. 1 - Distribuzione geografica dei casi da variante SARS CoV-2 nella Regione Veneto:

- 202012/01 UK
- P.1 Brasiliana
- B.1.617 Indiana

Al momento sono tre le varianti che vengono attentamente monitorate e che prendono il nome dal luogo dove sono state osservate per la prima volta. In tutti e tre i casi il virus presenta delle mutazioni sulla cosiddetta proteina 'spike', che è quella con cui il virus 'si attacca' alla cellula.

Monitoraggio delle varianti in Italia

- La **variante Alfa (inglese, VOC 202012/01)** è stata isolata per la prima volta nel settembre 2020 in Gran Bretagna, mentre in Europa il primo caso rilevato risale al 9 novembre 2020. E' monitorata perché ha una trasmissibilità più elevata, ipotizzata anche un maggiore patogenicità, ma al momento non sono emerse evidenze di un effetto negativo sull'efficacia dei vaccini.
- La **variante Beta (sudafricana, 501 Y.V2)** è stata isolata per la prima volta nell'ottobre 2020 in Sud Africa, mentre in Europa il primo caso rilevato risale al 28 dicembre 2020. E' monitorata perché ha una trasmissibilità più elevata, e perché dai primi studi sembra che possa diminuire l'efficacia del vaccino. Si studia se possa causare un maggior numero di reinfezioni in soggetti già guariti da COVID-19.
- La **variante Gamma (brasiliiana, P.1)** è stata isolata per la prima volta nel gennaio 2021 in Brasile e Giappone. Alla data del 25 gennaio 2021 è stata segnalata in 8 paesi, compresa l'Italia. E' monitorata perché è ipotizzata una trasmissibilità più elevata e perché dai primi studi sembra che possa diminuire l'efficacia del vaccino. Si studia se possa causare un maggior numero di reinfezioni in soggetti già guariti da COVID-19.
- La **variante Eta (nigeriana, B.1.525)** è stata identificata per la prima volta nel Regno Unito e in Nigeria nel dicembre 2020.
- La **variante Delta (indiana, B.1.617)** variante emergente SARS-CoV-2, identificata per la prima volta nell'Ottobre del 2020 in India, è stata recentemente riportata come una VOI (Variant of Interest) dall'India. Al 27 Aprile sono state identificate 1200 sequenze assegnate al lineage B.1.617 da almeno 17 Paesi, con prevalenza dall'India, Inghilterra e Singapore. Questo lineage comprende molti sub-lineages inclusi B.1.617.1 (variante Kappa), B.1.617.2 and B.1.617.3.

Al fine di stimare la diffusione delle varianti in Italia è stata disegnata un'indagine rapida coordinata dall'Istituto Superiore di Sanità in collaborazione con il Ministero della Salute e le Regioni e PPAA ed in particolare con i laboratori da queste ultime identificati. L'obiettivo di questa indagine è l'identificazione di possibili casi di infezione riconducibili a queste varianti, tra i campioni con risultato positivo per SARS-coV-2 in Rt-PCR.

I campioni analizzati tramite sequenziamento genomico vengono selezionati casualmente con le seguenti priorità: individui vaccinati contro SARS-CoV-2 che successivamente si infettano nonostante una risposta immunitaria al vaccino; contesti ad alto rischio, quali ospedali nei quali vengono ricoverati pazienti immunocompromessi positivi a SARS-CoV-2 per lunghi periodi; casi di reinfezione; individui in arrivo da paesi con alta incidenza di varianti SARS-CoV-2; aumento dei casi o cambiamento nella trasmissibilità e/o virulenza in un'area; cambiamento nelle performance di strumenti diagnostici o terapie; analisi di cluster, per valutare la catena di trasmissione e/o l'efficacia di strategie di contenimento dell'infezione. (*Report ISS Prevalenza delle VOC (Variant Of Concern) del virus SARS-CoV-2 in Italia: lineage B.1.1.7, P.1, B.1.617 e B.1.351, e altre varianti (Variant Of Interest, VOI) tra cui lineage P.2 e lineage B.1.525 indagine del 18/05/2021*).

Dati sulle varianti
Regione Veneto

Nella Regione del Veneto i casi di sospetta variante di SARS-CoV-2 vengono inviati per il sequenziamento all'Istituto Zooprofilattico delle Venezie (IZSVE) da parte dei laboratori di microbiologia su richiesta del Servizio Igiene Sanità Pubblica (SISP) o dello stesso laboratorio. L'IZSVE ritorna l'esito del sequenziamento del genoma completo sia al Laboratorio di Microbiologia che al SISP il quale provvede alla registrazione del dato sul sequenziamento nella piattaforma informatica SIAVr COVID-19 e ad attivare le misure di sanità pubblica per la ricerca e gestione dei contatti previste secondo quanto indicato nella circolare prot.n.26746 del 21.05.2021 "Aggiornamento sulla definizione di caso COVID-19 sospetto per variante VOC 202012/01 e sulle misure di quarantena e di isolamento raccomandate alla luce della diffusione in Italia delle nuove varianti SARS-CoV-2", che aggiorna le precedenti circolari n. 3787 del 31.01.2021 e n. 15127 del 12.04.2021.

Da ora sono attivi anche i Laboratori di Microbiologia di Padova e Mestre per il sequenziamento rapido dei campioni che vengono inviati poi all'IZSVE per il sequenziamento completo. I risultati del test rapido vengono resi disponibili ai SISP di riferimento.

I dati del presente bollettino vengono elaborati dalla piattaforma SIAVr COVID-19 e presentano i casi suddivisi per Azienda Ulss, per tipologia di variante e fascia di età.

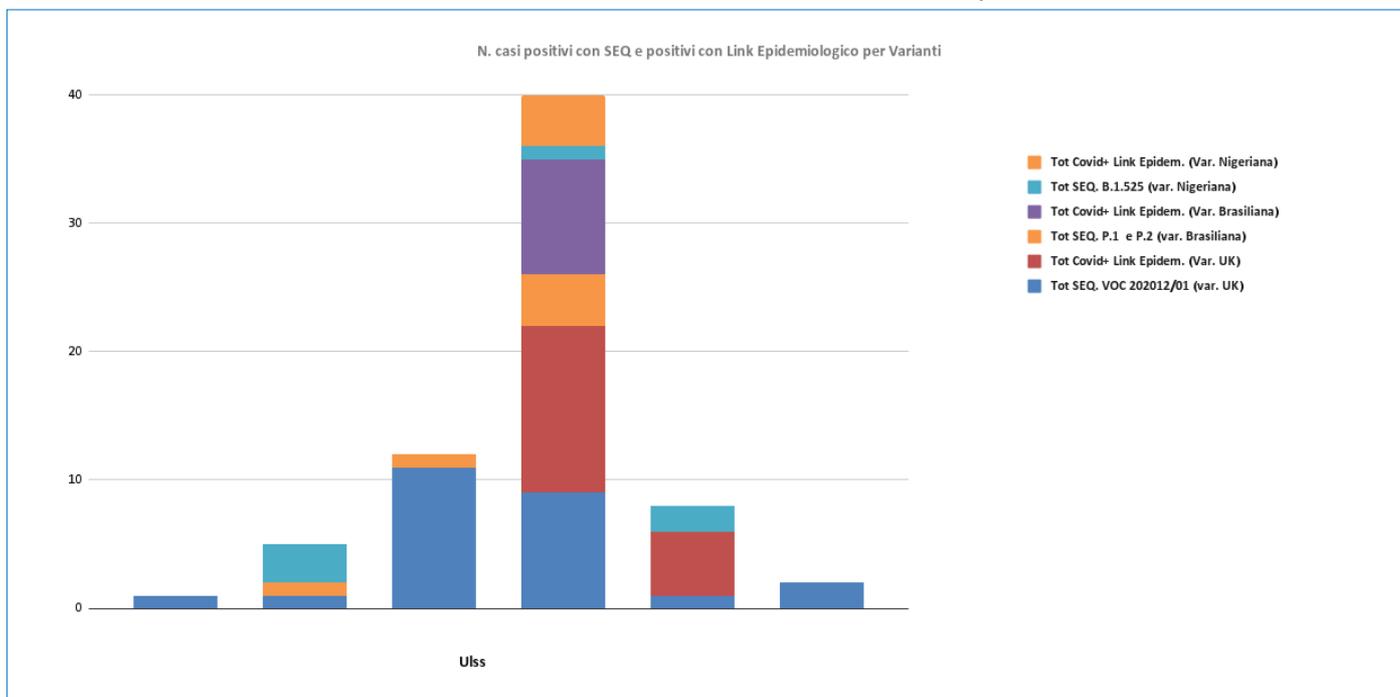
N. casi attualmente positivi per Ulss e per variante al 30/06/2021										
	variante UK		variante Brasiliana		variante Nigeriana		variante Indiana		variante Sudafrica	
	VOC 202012/01		P.1 e P.2		B.1.525		B.1.617.1		501Y.V2	
ULSS	n. casi SEQ	n. casi Link Epidem.	n. casi	n. casi Link Epidem.	n. casi	n. casi Link Epidem.	n. casi	n. casi Link Epidem.	n. casi	n. casi Link Epidem.
1										
2	1									
3	1		1				3			
4										
5	11		1							
6	9	13	4	9			1	4		
7										
8	1	5					2			
9	2									
TOTALE	25	18	6	9			6	4	0	0

N. casi attualmente positivi per variante e per fasce d'età al 30/06/2021*						
	variante UK	variante Brasiliana	variante Nigeriana	variante Indiana	variante Sudafrica	Tot Casi
	VOC 202012/01	P.1 e P.2	B.1.525	B.1.617.1	501Y.V2	
0-2	2	1				3
3-5						0
6-10		2		3		5
11-13	2	2		2		6
14-18	3					3
19-24	1					1
25-44	8	4		1		13
45-64	12	6		4		22
65-79	9					9
80-84	2					2
85+	4					4
TOT casi	43	15		10	0	68

* positivi al sequenziamento e positivi con link epidemiologico da confermare

Totale persone vaccinate con 2 dosi n. 13

Totale persone vaccinate con 1 dosi n. 2



Dati elaborati dalla piattaforma SIAVr COVID19* 30/06/2021 ore 9.00

*Esclusi guariti, guariti clinicamente, deceduti, fine isolamento, non reperibile.

1. CLUSTER Variante Delta - Camping ISAMAR Chioggia

CASO INDICE (sospetto): ragazzo di 10 anni residente in provincia di Padova

CONTATTI POSITIVIZZATI di competenza territoriale AULSS 6 Euganea (PD): n. 8 di cui una persona non presente al campus (genitore) e uno dello staff.

CONTATTI POSITIVIZZATI di competenza territoriale altre AULSS:

Aulss 2 Marca Trevigiana (TV): n. 2 casi

Aulss 8 Berica (VI): n. 3 casi

2 residenti fuori regione: Lazio e Liguria

INDAGINE EPIDEMIOLOGICA:

Il caso indice è stato sottoposto a tampone in data 24/06/2021 presso i Covid Point dell'AULSS 3 Chioggia per sintomi insorti dal 22/06/2021 (cefalea).

Riscontrata la positività, i medici USCA di Chioggia hanno provveduto a sottoporre a tampone molecolare 21 utenti (tra compagni di squadra, allenatori/animatori e membri del Camping) in data 25/06/2021. Si sono presentati al Drive In dell'AULSS 3 altri 17 utenti epidemiologicamente collegati al cluster di ISAMAR. Altri 11 utenti hanno provveduto autonomamente a recarsi nei Covid Point dell'AULSS di appartenenza per il tampone.

Per tutti i positivi dell'AULSS 3 e dell'AULSS 6 sono stati chiesti ed attivati i sequenziamenti. Il primo caso con variante delta residente in provincia di Padova è stato in data 29/06/2021.

Sono stati attivati i tamponi di controllo per i contatti e conviventi presso i Covid Point per i giorni 29/06/2021 e 03/07/2021 al fine di contenere mediante misure contumaciali i contatti stretti e non stretti.

Il campus rugby si è svolto separatamente dal resto dei vacanzieri presenti nel campeggio con spazi a loro riservati (accesso alla piscina, accesso ai pasti, accesso alle docce, accesso agli alloggi).

Non è emerso una linea di contagio con storia di importazione, è chiaramente certa invece la diffusione tipica dei cluster pediatrici.

Non risultano altresì positivi sintomatici vaccinati. L'unico genitore positivamente in seguito al contatto con il figlio positivo risulta vaccinata con 2 dosi di MODERNA, asintomatica.

2. CLUSTER Variante Delta—AULSS 6 Euganea

In data 29/06 è pervenuto esito sequenziamento del tampone eseguito il 25/6 di signora di anni 50, ricoverata dal 25/6 in Azienda Ospedaliera di Padova in terapia intensiva (area critica).

La signora è residente a Padova, con il figlio (2009) e il marito (1970), entrambi positivi. Il marito lavora presso Padova Nuoto SRL – centro sportivo militare, come ristoratore. Tutti i colleghi del marito hanno eseguito in data 29/6 un tampone molecolare, tutti con esito negativo.

Il figlio frequenta il centro estivo presso la medesima struttura. Il gruppo del centro estivo è stato posto in quarantena ed è in attesa di eseguire i tamponi molecolari di controllo.

Tra i contatti positivizzati della signora vi è una ragazza di 13 anni, positiva il 25/6, e i relativi genitori.

La ragazza ha frequentato fino al 25/6 il centro estivo San Paolo. Il gruppo di bambini è stato posto in quarantena e si è in attesa degli esiti dei tamponi molecolari eseguiti in data 29/6.

Il signora, come riferito dal marito, insegna ginnastica a un gruppo di anziani nel comune di Ponte San Nicolò, ad ora non si è riusciti a identificare i contatti legati alla sua attività lavorativa.

3. CLUSTER Variante Gamma (P.1) - AULSS 6 Euganea

In data 16/06/2021 il SISIP di Padova riceve l'esito del sequenziamento del caso indice, di anni 34, che confermava variante gamma (P.1). La signora, in gravidanza al sesto mese, è stata ricoverata presso l'Azienda Ospedaliera di Padova in malattie infettive e tropicali in area non critica dal 05/06 al 11/06.

La signora, disoccupata, condivide l'abitazione a Padova con il figlio (mai positivizzato, in attesa dell'ultimo tampone di controllo), la figlia e il marito entrambi ora negativizzati.

In data 20/06 il SISIP riceve ulteriore segnalazione di un altro caso di anni 32, positiva al tampone del 18/06/2021 è stata ricoverata presso l'Azienda Ospedaliera di Padova in terapia intensiva, area critica.

La signora abita a Padova con il marito e i tre figli, ad oggi tutti positivi.

Richiesto il sequenziamento, l'esito conferma il 23/06 variante gamma (P.1).

A seguito della positività delle due donne, originarie del Bangladesh e che non si dichiarano possedere un legame di parentela, è stata posta particolare attenzione ai cittadini residenti a Padova della stessa nazionalità.

È stato riscontrato a partire dall'inizio del mese di giugno un aumento significativo dei positivi di origine bengalese. Questi casi positivi non dividevano solo le origini ma anche la residenza. Si tratta di un condominio di circa 60 appartamenti in cui sono residenti registrate 134 persone.

In data 24/06 due medici USCA, un assistente sanitario e un mediatore culturale hanno eseguito tamponi per tutti i residenti del condominio. Su 40 tamponi eseguiti sono state riscontrate 3 nuove positività.

È in corso l'organizzazione di una ulteriore giornata dedicata all'esecuzione dei tamponi per i residenti del condominio.

Ad oggi all'interno del condominio sono state riscontrate 7 famiglie positive.

Per ciascun caso indice delle diverse famiglie coinvolte è stato richiesto sequenziamento urgente dei tamponi per individuare eventuali varianti.

Nuove indicazioni del Ministero della Salute sulla sorveglianza delle varianti

Con la nota prot. 289579 del 25.06..2021 è stata trasmessa la **Circolare del Ministero della Salute** n. 28537 del 25/06/2021 *“Aggiornamento della classificazione delle nuove varianti SARS-CoV-2, loro diffusione in Italia e rafforzamento del tracciamento, con particolare riferimento alla variante Delta.”* che riporta l’aggiornamento della classificazione a livello globale delle nuove varianti SARS-CoV-2 come da definizione dell’OMS.

Alcune varianti di SARS-CoV-2, comprese tutte le varianti VOC attualmente identificate, mostrano una maggiore trasmissibilità rispetto alle varianti precedenti/co-circolanti ed è quindi necessario mantenere una stretta aderenza alle misure di contenimento della trasmissione previste.

Si raccomanda di continuare a monitorare con grande attenzione la circolazione delle varianti del virus SARS-CoV-2, di rafforzare le attività di tracciamento dei casi e dei contatti di caso e di applicare tempestivamente e scrupolosamente sia le misure di contenimento della trasmissione previste, che le misure di isolamento e quarantena in caso di VOC Delta sospetta o confermata come già indicato dalla D.G.R. 727 del 08/06/2021 e dalla D.G.R. 805 del 22/06/2021 trasmessa con nota n. 285172 del 23/06/2021.

La situazione aggiornata sulla diffusione delle varianti in Italia è consultabile online al bollettino *“Prevalenza e distribuzione delle varianti del virus SARS-CoV-2 di interesse per la sanità pubblica in Italia”* redatta dall’Istituto Superiore di Sanità.