
Sequenziata la variante XBB.1.5

LEGNARO (Padova) – Nel corso dell'ultima attività di sorveglianza genetica su Sars-CoV-2 l'Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie ha registrato la presenza di **due sequenze appartenenti al sublineage XBB.1.5 (Kraken)**, una nella provincia di Vicenza e una nella provincia di Verona. Si tratta della terza e quarta identificazione di XBB.1.5 in Veneto, dopo quelle rilevate nella provincia di Venezia dall'UOSD Genetica e Citogenetica dell'Ospedale dell'Angelo di Mestre. Non è noto se i campioni provengano da persone di ritorno dall'estero, né se queste siano residenti nel territorio regionale.

Il risultato è stato ottenuto nell'ambito dell'attività di sorveglianza "Stima della prevalenza delle varianti VOC (Variant Of Concern) e di altre varianti di SARS-CoV-2 in Italia", coordinata dall'Istituto Superiore di Sanità (ISS), sui campioni positivi per Covid-19 notificati in Veneto il 9-10 gennaio 2023.

Secondo **Alice Fusaro**, biologa del Laboratorio di genomica e trascrittomiche virale dell'IZSVe "XBB.1.5 è una delle varianti che ad oggi sta destando preoccupazione per la sua capacità di diffondersi, che sembra essere superiore a quella delle altre varianti in circolazione, ma fortunatamente non per la sua aggressività. Non sappiamo se, come negli Stati Uniti, questa variante diventerà dominante in Europa e se potrà avere un impatto nel numero di casi. Tuttavia, allo stato attuale si ritiene che sia improbabile possa causare seri problemi in un paese come l'Italia, con un'elevata copertura immunitaria data dalla vaccinazione e da precedenti infezioni. Per ora la sua frequenza in Europa è ancora bassa, circa del 4% nelle ultime due settimane, e in Italia il numero dei casi riportati è ancora sporadico. Continueremo a monitorare attentamente la diffusione della XBB.1.5 e l'acquisizione di ulteriori mutazioni che potrebbero aumentare la capacità di evasione dalla risposta immunitaria".

Diffusione della variante XBB.1.5

Il Centro europeo per la prevenzione e il controllo delle malattie (Ecdc) stima che a livello globale XBB.1.5 abbia un notevole vantaggio di crescita rispetto ai lineage circolanti in Nord America (+109%) e Europa (+113%). Tale variante desta preoccupazione soprattutto negli Stati Uniti dove, nell'ultima settimana, ha raggiunto circa il 43% delle sequenze analizzate.

Il vantaggio di crescita di questa variante sembra possa essere una conseguenza dell'**elevata capacità di evasione della risposta immunitaria** (già dimostrata da XBB), combinata a una maggiore affinità di legame per il recettore umano ACE2 (hACE2) rispetto alle sottovarianti BQ.1.1 e XBB/XBB.1. Tale affinità di legame deriva della presenza della mutazione S486P nella proteina Spike che differenzia XBB.1.5 da XBB e XBB.1.

Ad oggi, la variante XBB.1.5 non sembra presentare un vantaggio competitivo particolarmente rilevante rispetto ad altre varianti, e **le sue mutazioni non sono associate ad una maggiore severità delle manifestazioni cliniche**.

Sulla base delle sequenze depositate in GISAID al 9 gennaio 2023, tale variante è stata rilevata prevalentemente negli Stati Uniti (4.111 sequenze) e nel Regno Unito (202 sequenze) ma anche in diversi paesi Europei tra i quali l'Italia (13 sequenze individuate in altre regioni, di cui due in provincia di Venezia in campioni del 30/12/2022 da parte dell'UOSD Genetica e Citogenetica dell'Ospedale dell'Angelo di Mestre).

Le varianti Omicron in Veneto

I laboratori dell'IZSVe hanno sequenziato il genoma completo di 158 campioni inviati da 13 diversi laboratori distribuiti nella regione, in data 9 e 10 gennaio 2023. Il 100% dei campioni analizzati appartiene alla variante Omicron. All'interno della variante Omicron si distinguono cinque lineage principali BA.1, BA.2, BA.3, BA.4 e BA.5 e diversi sublineage.

Le varianti BA.4 e BA.5 complessivamente hanno raggiunto una prevalenza del 86,7% (86,1% delle quali sono BA.5), in calo rispetto alla sorveglianza del mese di dicembre (89,8%). Il lineage BA.2 è calato di 1 punto percentuale rispetto al mese di dicembre (10,2%) ed ha raggiunto una prevalenza del 8.9%. Sono stati identificati **7 campioni ricombinanti** di cui tre appartenenti alla variante XBB (un XBB.1 e due XBB.1.5) e quattro appartenenti alle varianti XBF (2), XBG (1) e XBJ (1), due delle quali (XBG e XBJ) identificate in Veneto per la prima volta. **Il numero di virus ricombinanti risulta in aumento rispetto alla sorveglianza di dicembre**, in cui sono stati rilevati 3 campioni ricombinanti, tutti appartenenti alla variante XBB.

Si ringraziano le Az. Ulss 1, Ulss 2, Ulss 4, Ulss 5, Ulss 6, Ulss 7, Ulss 8, Ulss 9, la U.O.C Microbiologia e virologia dell'Azienda ospedaliera-Università di Padova per il costante lavoro grazie al quale è possibile il monitoraggio delle varianti in Veneto. Un ringraziamento particolare va all'UOSD Genetica e Citogenetica – Az. Ulss 3 Serenissima e all'AOUI di Verona per la costante collaborazione nella generazione delle sequenze.

Contatti

Ufficio comunicazione IZSve

Tel. +39 049 8084273 - 4265 | Cell. 328-9882628 | e-mail: comunicazione@izsvenezie.it