



**ISTITUTO COMPRENSIVO STATALE
VIA ESTRAMURALE CASTELLO – MIGLIONICO**

Tel. 0835 559008 - 0835 550025 - e - mail: mtic83300n@istruzione.it
PEC: mtic83300n@pec.istruzione.it - C.F.93056900777- sito web: www.icmiglionico.edu.it

Circolare n. 170

I.C. - MIGLIONICO - MTIC83300N Prot. 0002118 del 11/03/2023 I (Uscita)
--

MIGLIONICO, fa fede il timbro di protocollo

- Ai docenti dell'I. C. di MIGLIONICO
- Ai genitori degli alunni della Scuola Primaria e Secondaria di I grado dell'I. C. di MIGLIONICO
- AI DSGA
- Atti – Sito Web

Oggetto: Stima della prevalenza delle varianti VOC (Variant Of Concern) e di altre varianti di SARS – CoV-2 in Italia.

Facendo seguito a quanto già comunicato nella nota e nell'allegato n. 17975 del 17/03/2022 si proseguono le indagini rapide (*quick surveys*) al fine di stimare la prevalenza delle varianti VOC e di altre varianti del virus SARS-CoV-2 in Italia. Questa valutazione prenderà in considerazione i campioni dai casi notificati il 07/03/2023, corrispondenti a prime infezioni, da analizzare tramite sequenziamento genomico.

La metodologia della presente indagine rapida è dettagliata nella nota tecnica allegata alla presente.

Cordialità.

**Il Dirigente Scolastico
dott.ssa Alma TIGRE**

*(Firma autografa sostituita a mezzo stampa ai sensi
dell'art. 3, comma 2, del D.Lgs. 39/93)*

Allegato

Stima della prevalenza delle varianti VOC (*Variant Of Concern*) e di altre varianti del virus SARS-CoV-2 in Italia

(Indagine del 07/03/2023)

Al fine di stabilire una mappatura del grado di diffusione delle varianti VOC, ed in particolare della variante omicron e dei suoi sottolignaggi in Italia, verrà realizzata una indagine rapida (*quick survey*) coordinata dall'Istituto Superiore di Sanità con il supporto della Fondazione Bruno Kessler e in collaborazione con il Ministero della Salute, le Regioni e le PPAA (Provincie Autonome). L'obiettivo di questa indagine sarà quello di identificare, tra i campioni con risultato positivo per SARS-CoV-2 in RTPCR possibili casi di infezione riconducibili a queste varianti.

Questa valutazione prenderà in considerazione i campioni notificati il 7 marzo 2023 (prime infezioni non follow-up) da analizzare tramite sequenziamento genomico.

La dimensione campionaria per Regione/PPAA è stata calcolata dalla Fondazione Bruno Kessler. Il campione necessario n per poter osservare una variante con prevalenza p sul territorio nazionale, in una popolazione di ampiezza N (popolazione dei positivi notificati) e stimare tale prevalenza con una precisione ε e livello di confidenza $(1 - \alpha)\%$ è dato dalla seguente formula:

$$n \geq \frac{Nz_{\alpha/2}^2 p(1-p)}{\varepsilon^2(N-1) + z_{\alpha/2}^2 p(1-p)}$$

Verranno considerate 4 macroaree (nomenclatura NUTS): Nord-Ovest (Piemonte, Valle d'Aosta, Liguria, Lombardia), Nord-Est (Trentino-Alto Adige, Veneto, Friuli-Venezia Giulia, Emilia-Romagna), Centro (Toscana, Umbria, Marche, Lazio), Sud e Isole (Abruzzo, Molise, Campania, Puglia, Basilicata, Calabria, Sardegna, Sicilia).

Assumendo di voler stimare una prevalenza del 5% con precisione 2% in queste macroaree, la tabella 1 riporta i valori dell'ampiezza campionaria richiesta in base ai casi COVID-19 positivi notificati il 2 marzo 2023.

Tabella 1.

Macroarea	Casi notificati al 02/03/2023	Ampiezza campionaria ($p=5\%$, $\varepsilon=2\%$)
Nord-Est	809	295
Nord-Ovest	790	293
Centro	956	312
Sud e Isole	949	313
TOTALE	3504	1213

L'ampiezza campionaria in ciascuna macroarea è stata quindi ridistribuita nelle Regioni/PPAA corrispondenti in base alla percentuale di casi COVID-19 positivi notificati il 2 marzo 2023 sul totale di casi notificati nella macroarea di riferimento (Tabella 2).

Tabella 2.

Regione	Macroarea	Casi notificati il 02/03/2023	% casi nella macroarea	Ampiezza campionaria (p=5%, ε=2%)
Abruzzo	Sud	107	11,3%	35
Basilicata	Sud	9	0,9%	3
Calabria	Sud	99	10,4%	33
Campania	Sud	288	30,3%	94
Emilia-Romagna	Nord-Est	297	36,7%	108
Friuli Venezia Giulia	Nord-Est	80	9,9%	29
Lazio	Centro	569	59,5%	185
Liguria	Nord-Ovest	74	9,4%	28
Lombardia	Nord-Ovest	565	71,5%	208
Marche	Centro	70	7,3%	23
Molise	Sud	4	0,4%	2
P.A. Bolzano	Nord-Est	70	8,7%	26
P.A. Trento	Nord-Est	31	3,8%	12
Piemonte	Nord-Ovest	148	18,7%	55
Puglia	Sud	161	17,0%	53
Sardegna	Isole	75	7,9%	25
Sicilia	Isole	206	21,7%	68
Toscana	Centro	224	23,4%	73
Umbria	Centro	93	9,7%	31
Valle d'Aosta	Nord-Ovest	3	0,4%	2
Veneto	Nord-Est	331	40,9%	120
TOTALE		3504		1213

Si calcola che, con l'ampiezza campionaria scelta, sia possibile stimare prevalenze intorno a 1%, 10% o 50% con precisione rispettivamente intorno a 0.9%, 2.7% e 4.6% nelle 4 macro-aree considerate. Inoltre, seguendo il protocollo ECDC sul sequenziamento del SARS-CoV-2¹, con l'ampiezza campionaria scelta è possibile osservare in ogni macro-regione varianti che circolano intorno allo 0.5-1% con un livello di confidenza del 95%.

Il campione richiesto per ciascuna Regione/PPAA è indicato nella tabella 2 nella colonna “Ampiezza campionaria” e dovrà essere scelto in modo casuale fra i campioni positivi garantendo la rappresentatività geografica e se possibile, la rappresentatività per fasce di età.

Per garantire il raggiungimento della numerosità campionaria richiesta, in caso di scarsità di campioni eleggibili per il sequenziamento, si suggerisce di estendere la scelta casuale ai casi notificati nella giornata precedente o successiva a quella di riferimento, e di specificarlo nei risultati riportati.

Le Regioni/PPAA dovranno inviare i dati in formato Excel secondo lo schema riportato di seguito, entro il 16 marzo 2023 alle ore 12:00 agli indirizzi:

a.mammone@sanita.it
m.saneschepisi@sanita.it
ftrentini@fbk.eu e in cc a:
paola.stefanelli@iss.it

Si raccomanda l'invio di un solo file per ogni Regione/PPAA secondo il formato Excel riportato di seguito, che tiene conto della classificazione delle varianti del virus SARS-CoV-2 pubblicata da ECDC²

REGIONE/PA	N. LABORATORI coinvolti nella Regione/PA	N. campioni positivi in RT-PCR	N. campioni SEQUENZIATI	N. sequenze ottenute per l'analisi	Variante* OMICRON (indicare lignaggio o sottolignaggio)	N. e nome di altra variante* (indicare il lignaggio, classificazione secondo PANGOLIN)	Elencare eventuali mutazioni di interesse nel gene S

* <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>

Come riportato nella nota e nell'allegato n. 17975 del 17/03/2022, tutti i risultati ottenuti in questa indagine dovranno essere inseriti dalle Regioni/PPAA:

- nella piattaforma I-Co-Gen, con i principali dati relativi al caso, oltre alla data di prelievo del tampone; si ricorda di compilare il campo “campione casuale”;
- nella piattaforma della Sorveglianza Integrata COVID-19 dell'Istituto Superiore di Sanità, indicando in nota “Campione da quick survey”;

Bibliografia

1. ECDC Sequencing of SARS-CoV-2: first update.

<https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/Sequencing-of-SARS-CoV-2-firstupdate.pdf>

2. SARS-CoV-2 variants of concern as of 23 February 2023

<https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>