



# Ministero della Salute

DIREZIONE GENERALE DELLA PREVENZIONE SANITARIA

**IL DIRETTORE GENERALE**

**A:**

Assessorati alla Sanità Regioni Statuto Ordinario e Speciale LORO SEDI

Assessorati alla Sanità Province Autonome Trento e Bolzano LORO SEDI

Regione Veneto – Assessorato alla sanità  
Direzione Regionale Prevenzione  
Coordinamento Interregionale della Prevenzione  
[francesca.russo@regione.veneto.it](mailto:francesca.russo@regione.veneto.it)  
[coordinamentointerregionaleprevenzione@regione.veneto.it](mailto:coordinamentointerregionaleprevenzione@regione.veneto.it)

e, p.c. ALL'UFFICIO DI GABINETTO

**Oggetto: Diffusione nuova variante VOC B.1.1.529 (Omicron)**

Il gruppo indipendente di esperti OMS “*Technical Advisory Group on SARS-CoV-2 Virus Evolution (TAG-VE)*” ha classificato in data odierna la variante B.1.1.529 come VOC (*Variant of Concern*), attribuendo la denominazione di variante Omicron (classificazione disponibile al sito: [https://www.who.int/news/item/26-11-2021-classification-of-omicron-\(b.1.1.529\)-sars-cov-2-variant-of-concern](https://www.who.int/news/item/26-11-2021-classification-of-omicron-(b.1.1.529)-sars-cov-2-variant-of-concern)).

L'aggiornamento del 26/11/2021 “*ECDC SARS-CoV-2 variants of concern as of 26 November 2021*” consultabile al link <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern>, segnala la diffusione di una nuova variante VOC appartenente al lignaggio Pango B.1.1.529, finora rilevata in Botswana (6), Sud Africa (59), Hong Kong (2) e Israele (1) secondo i dati riportati nel database GISAID EpiCoV.

In Belgio è stato identificato un caso di SARS-Cov-2 da variante B.1.1.529 in una giovane donna che ha sviluppato i sintomi 11 giorni dopo aver viaggiato in Egitto via Turchia.

La variante B.1.1.529 presenta un numero elevato di mutazioni del gene S rispetto al virus originale (A67V, D614G, D796Y, E484A, G142D, G339D, G446S, G496S, H69del, V70del, H655Y, ins214EPE, K417N, L212I, L981F, N211del, N440K, N501Y, N679K, N764K, N856K, N969K, P681H, Q493R, Q498R, Q954H, S371L, S373P, S375F, S477N, T95I, T478K, T547K, V143del, Y144del, Y145del, Y505H) e mostra un *S-gene target failure (SGTF)* in RT-PCR. Questa caratteristica può essere utilizzata come proxy per una rapida identificazione nel caso che non vi sia contemporanea circolazione di altre varianti con la stessa caratteristica.

Si teme che l'elevato numero di mutazioni della proteina spike possa portare a un cambiamento significativo delle proprietà antigeniche del virus, ma finora non sono state effettuate caratterizzazioni virologiche e non ci sono prove di modificazioni nella trasmissibilità, nella gravità dell'infezione, o nella potenziale evasione della risposta immunitaria.

In via precauzionale, alla luce di quanto sopra riportato, si raccomanda di:

- rafforzare e monitorare le attività di tracciamento e sequenziamento in caso di:
  - viaggiatori provenienti da Paesi con diffusione di tale variante e loro contatti;
  - focolai caratterizzati da rapido ed anomalo incremento di casi;
  
- applicare tempestivamente e scrupolosamente le misure previste dalla circolare n. 36254 dell'11/08/201 "Aggiornamento sulle misure di quarantena e isolamento raccomandate alla luce della circolazione delle nuove varianti SARS-Cov-2 in Italia ed in particolare della diffusione della variante Delta (lignaggio B.1.1.617.2)" e, nel caso di identificazione di variante B.1.1.529, applicare le misure già previste per la variante Beta.

IL DIRETTORE GENERALE  
\*F.to Dott. Giovanni Rezza

Il Direttore dell'Ufficio 5  
Dott. Francesco Maraglino

*Referenti/Responsabili del procedimento:*

*Monica Sane Schepisi  
Alessia Mammone  
Federica Ferraro*

*\*"firma autografa sostituita a mezzo stampa, ai sensi dell'art. 3, comma 2, del D. Lgs. n. 39/1993"*