

Sars CoV-2 epidemiological investigation and genome sequencing in Lazio region: the experience at Fondazione Policlinico Universitario Campus Bio-Medico

Maria Francesconi^{1,2}, Marta Fogolari^{1,2}, Lucia De Florio^{1,2}, Marta Giovanetti^{3,4}, Roberta Veralli^{1,5}, Cecilia De Flora^{1,2}, Antonello Maruotti⁶, Fabio Scarpa⁷, Silvia Spoto⁸, Federica Sambuco⁹, Elisabetta Riva^{1,5}, Massimo Ciccozzi^{1,10}, Silvia Angeletti^{1,2}

¹ Operative Research Unit of Clinical Laboratory, Fondazione Policlinico Universitario Campus Bio-Medico, Roma

² Unit of Clinical Laboratory Science, Università Campus Bio-Medico, Roma

³ Laboratório de Flavivirus, Instituto Oswaldo Cruz, Fundação Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro (Brazil)

⁴ Department of Science and Technology for Humans and the Environment, Università Campus Bio-Medico, Roma

⁵ Unit of Virology, Università Campus Bio-Medico, Roma

⁶ Dipartimento di Scienze Economiche, Politiche e delle Lingue Moderne, Libera Università Maria Ss Assunta, Roma

⁷ Department of Biomedical Sciences, Università degli Studi, Sassari

⁸ Diagnostic and Therapeutic Medicine Department, Policlinico Universitario Campus Bio-Medico, Roma

⁹ Emergency Department, Fondazione Policlinico Universitario Campus Bio-Medico, Roma

¹⁰ Unit of Medical Statistic and Molecular Epidemiology, Università Campus Bio-Medico, Roma

Il presente contributo è derivato dalla tesi di Specializzazione in Patologia Clinica e Biochimica Clinica (svolta presso la Fondazione Policlinico Universitario Campus Bio-Medico, Roma) della Dott.ssa Maria Francesconi risultata vincitrice del premio Claudio Dotti 2023 assegnato da ELAS Italia a una tesi di specializzazione su argomenti riguardanti lo sviluppo e le applicazioni delle determinazioni immunochimiche.

RIASSUNTO *Indagine epidemiologica e sequenziamenti del genoma di SARS-CoV-2 nella regione Lazio: il contributo del Campus Biomedico.*

Dal 2020 si è assistito all'emergere del virus SARS-CoV-2 e delle sue nuove varianti che hanno influenzato gli aspetti epidemiologici e clinici della pandemia da COVID-19. In questo studio, è stata eseguita un'analisi sul monitoraggio genomico e su tutti i campioni positivi per SARS-CoV-2 analizzati presso la Fondazione Policlinico Universitario Campus Bio-Medico, a Roma, Italia, tra dicembre 2021 e marzo 2022. Millequattrocentonove campioni nasofaringei positivi per SARS-CoV-2 sono stati sottoposti a sequenziamento mediante Illumina MiSeq. Le sequenze consenso sono state generate tramite assemblaggio de novo utilizzando lo strumento iVar e depositate nel database GISAID. L'assegnazione del lignaggio è stata eseguita utilizzando la classificazione Pangolin. Sono stati identificati 7 genomi B.1.1.7 (variante alpha), 3 genomi P.1* (Variante gamma), 1.282 genomi con Variante Delta (di cui 71 genomi B.1.617.2 e 1212 genomi AY*) ed 112 genomi della variante Omicron di SARS-CoV-2. Per studiare l'importanza della vaccinazione per la prevenzione della malattia grave da COVID-19, è stato condotto uno studio incentrato su 43 pazienti con infezione da SARS-CoV-2 ricoverati al Pronto Soccorso (PS) della Fondazione Policlinico Universitario Campus Bio-Medico, tra il 22 gennaio 2022 e il 7 marzo 2022. Il 51% dei pazienti non era vaccinato o era stato vaccinato con una singola dose e il 49% aveva completato il ciclo vaccinale con due o tre dosi. Nel gruppo vaccinato, il 38% è stato ricoverato per sintomatologia COVID-19 correlata, contro il 94,5% del gruppo non vaccinato. Il 70% dei pazienti vaccinati che sono stati ricoverati in ospedale presentava comorbidità importanti contro il 38% del gruppo non vaccinato. Due pazienti non vaccinati che necessitavano di terapia intensiva presentavano comorbidità rilevanti e sono deceduti. I dati hanno mostrato i modelli di migrazione nazionale e internazionale del SARS-CoV-2 e l'utilità della vaccinazione per la prevenzione delle forme gravi di malattia COVID-19.

Parole chiave: COVID-19; SARS-CoV-2; Variante di interesse (VOC); Sequenziamento; Vaccinazione; Omicron

ABSTRACT *Since 2020, the emergence of the SARS-CoV-2 virus and its novel variants has had a significant impact on the epidemiological and clinical aspects of the ongoing pandemic, also known as COVID-19.*

In this study, an analysis was conducted on genomic monitoring of all SARS-CoV-2 positive samples analysed at the Fondazione Policlinico Universitario Campus Bio-Medico in Rome, Italy, between December 2021 and March 2022. A total of 1,409 SARS-CoV-2 positive nasopharyngeal samples were subjected to sequencing using the Illumina MiSeq II platform. Consensus sequences were generated by de novo assembly using the iVar tool and subsequently deposited in the GISAID database. Lineage assignment was conducted in accordance with the Pangolin classification. The analysis identified seven B.1.1.7 genomes (alpha variant), three P.1* genomes (gamma variant), 1,282 Delta variant genomes (including 71 B.1.617.2 genomes and 1,212 AY* genomes), and 112 Omicron variant genomes of SARS-CoV-2. To investigate the role of vaccination in the prevention of severe disease associated with SARS-CoV-2, a study was conducted on 43 patients with SARS-CoV-2 infection admitted to the Emergency Department (ED) of the Fondazione Policlinico Universitario Campus Bio-Medico between 22 January 2022 and 7 March 2022. Of the patients, 51% had not been vaccinated, or had only received a single dose, while 49% had completed the vaccination cycle with two or three doses. In the vaccinated cohort, 38% were hospitalised for symptoms related to SARS-CoV-2 infection, compared to 94.5% in the unvaccinated group. Among the vaccinated patients who were admitted to the hospital, 70% had major comorbidities, compared to 38% of the unvaccinated group. Two unvaccinated patients who required intensive care had major comorbidities and died. The data demonstrated the national and international migration patterns of SARS-CoV-2 and the efficacy of vaccination in preventing severe outcomes associated with the disease.

Keywords: COVID-19; SARS-CoV-2; Variant of Concern (VOC); Sequencing; Vaccination; Omicron