

**Дмитриева Л. Н., Краснов Я. М., Чумачкова Е.А., Осина Н. А., Зимирова А.А.,
Иванова А.В., Карнаухов И. Г., Караваева Т.Б.,
Щербакова С. А., Кутырев В. В**

**Распространение вариантов вируса SARS-COV-2, вызывающих озабоченность
(VOC) на основе количества их геномов, депонированных в базу данных GISAID за
неделю с 07.01.2023 г. по 13.01.2023 г.**

*ФКУН Российской научно-исследовательский противочумный институт «Микроб»
Роспотребнадзора, Саратов, Российской Федерации*

В обзоре представлена информация по циркулирующим в настоящее время вариантам вируса SARS-COV-2 вызывающих озабоченность (VOC), геномные последовательности которых размещены в международной базе данных GISAID за неделю с 7 по 13 января 2023 г.

На сегодняшний день в базе данных GISAID всего представлено 14 569 394 генома вируса SARS-COV-2. За анализируемую неделю размещено еще 97 550 геномных последовательностей (за предыдущую неделю – 60 968).

В мире странами – лидерами по количеству депонированных геномных последовательностей вируса SARS-CoV-2 остаются США – (4 469 820 геномов – 30,7% от всех размещенных в GISAID) и Великобритания (3 006 048 – 20,6 %).

Варианты, вызывающие озабоченность (VOC)

В настоящее время в соответствии с классификацией ВОЗ к вариантам вируса SARS-COV-2 вызывающих беспокойство (VOC) отнесен Омикрон B.1.1.529, включая BA.1, BA.2, BA.3, BA.4, BA.5 и все нисходящие линии, а также – циркулирующие рекомбинантные формы BA.1/BA.2, такие как XE.

Из-за значительного распространения Omicron и его подвидов по всему миру в систему отслеживания генетических линий SARS-CoV-2 включена еще одна категория вариантов называемую «подштаммы «Омикрон» под наблюдением» отнесены подварианты BA.5, BA.2.75, BA.4.6, XBB, BA.2.3.20.

Циркуляция вируса SARS-COV-2 геноварианта Omicron зарегистрирована в 218 странах (по данным СМИ на 13.01.2023 г.)

Информация по обновленным данным о депонированных геномах вируса SARS-COV-2 варианта VOC **Omicron (B.1.1.529+BA.*)** в базе GISAID дана в таблице 1.

Вариант Omicron (B.1.1.529+BA.*)

На сегодняшний день в базе данных GISAID зафиксировано депонирование варианта Omicron из 208 стран и территорий (на предыдущей неделе – 208): Австралия, Австрия, Азербайджан, Албания, Алжир, Американское Самоа, Андорра, Ангола, Антигуа и Барбуда, Ангилья, Аргентина, Армения, Аруба, Афганистан, Бангладеш, Барбадос, Бахрейн, Беларусь, Бельгия, Бермудские Острова, Белиз, Бенин, Болгария, Боливия, Ботсвана,

Босния и Герцеговина, Бонайре, Бразилия, Бруней, Британские Виргинские острова, Бурundi, Буркина-Фасо, Великобритания, Венесуэла, Венгрия, Виргинские Острова (США), Вьетнам, Гана, Гаити, Гамбия, Гайана, Гаваделупа, Гватемала, Гвинея, Германия, Гибралтар, Гондурас, Гонконг, Греция, Грузия, Гуам, Габон, Дания, Джибути, Доминиканская Республика, Доминика, ДРК Демократическая Республика Восточный Тимор, Демократическая Республика Сан-Томе и Принсипи, Египет, Замбия, Зимбабве, Израиль, Индия, Индонезия, Иордания, Ирак, Иран, Ирландия, Исландия, Испания, Италия, Кабо-Верде, Казахстан, Камбоджа, Камерун, Канада, Катар, Кения, Кипр, Китай, Кирибати, Колумбия, Косово, Ко-ста-Рика, Кот-д'Ивуар, Куба, Кувейт, Кыргызстан, Кюрасао, Лаос, Латвия, Либерия, Ливан, Ливия, Лихтенштейн, Литва, Лесото (Королевство Лесото), Люксембург, Мадагаскар, Маврикий, Мавритания, Макао, Малави, Малайзия, Мальдивы, Мальта, Мали, Марокко, Мартиника, Маршалловы Острова, Майотта, Мексика, Мозамбик, Молдова, Монако, Монголия, Монтсеррат, Мьянма, Микронезия, Намибия, Нидерланды, Нигер, Нигерия, Непал, Норвегия, Новая Зеландия, Новая Кaledония, Никарагуа, Оман, ОАЭ, Пакистан, Палестина, Панама, Палау, Парагвай, Папуа-Новая Гвинея, Перу, Португалия, Польша, Пуэрто-Рико, Реюньон, Республика Конго, Республика Сейшельские Острова, Республика Гвинея-Бисау, Республика Вануату, Румыния, Россия, Руанда, Сальвадор, Сен-Мартен, Сент-Мартен, Саудовская Аравия, Северная Македония, Северные Марианские острова, Сенегал, Союз Коморских Островов, Сьерра-Леоне, Словакия, Словения, Сингапур, Сирия, США, Сент-Китс и Невис, Сент-Винсент и Гренадины, Сент-Люсия, Сент-Мартен, Содружество Багамских Островов, Сомали, Судан, Таиланд, Тайвань, Танзания, Теркс и Кайкос, Того, Тринидад и Тобаго, Тунис, Турция, Уганда, Узбекистан, Украина, Уругвай, Финляндия, Франция, Французская Гвиана, Французская Полинезия, Филиппины, Хорватия, Черногория, Чехия, Чили, Чад, ЦАР, Швеция, Швейцария, Шри-Ланка, Эквадор, Эстония, Эсватини, Эфиопия, Экваториальная Гвинея, ЮАР, Южная Корея, Южный Судан, Япония, Ямайка.

Всего депонировано 7 169 018 геномных последовательностей варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 94 662 геномов – 98,0 % от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-COV-2 (за предыдущую неделю – 58 300 геномов – 95,6 % соответственно).

Российскими лабораториями всего размещено 65 015 геномных последовательностей вируса SARS-COV-2, в том числе варианта Omicron – 39 271 геном.

На начало января глобальное распространение получили субварианты Omicron BQ.1 и BA.2.75, составив 31,4 % от всех секвенированных и загруженных вариантов Omicron в базу данных GISAIG (Рис. 1)

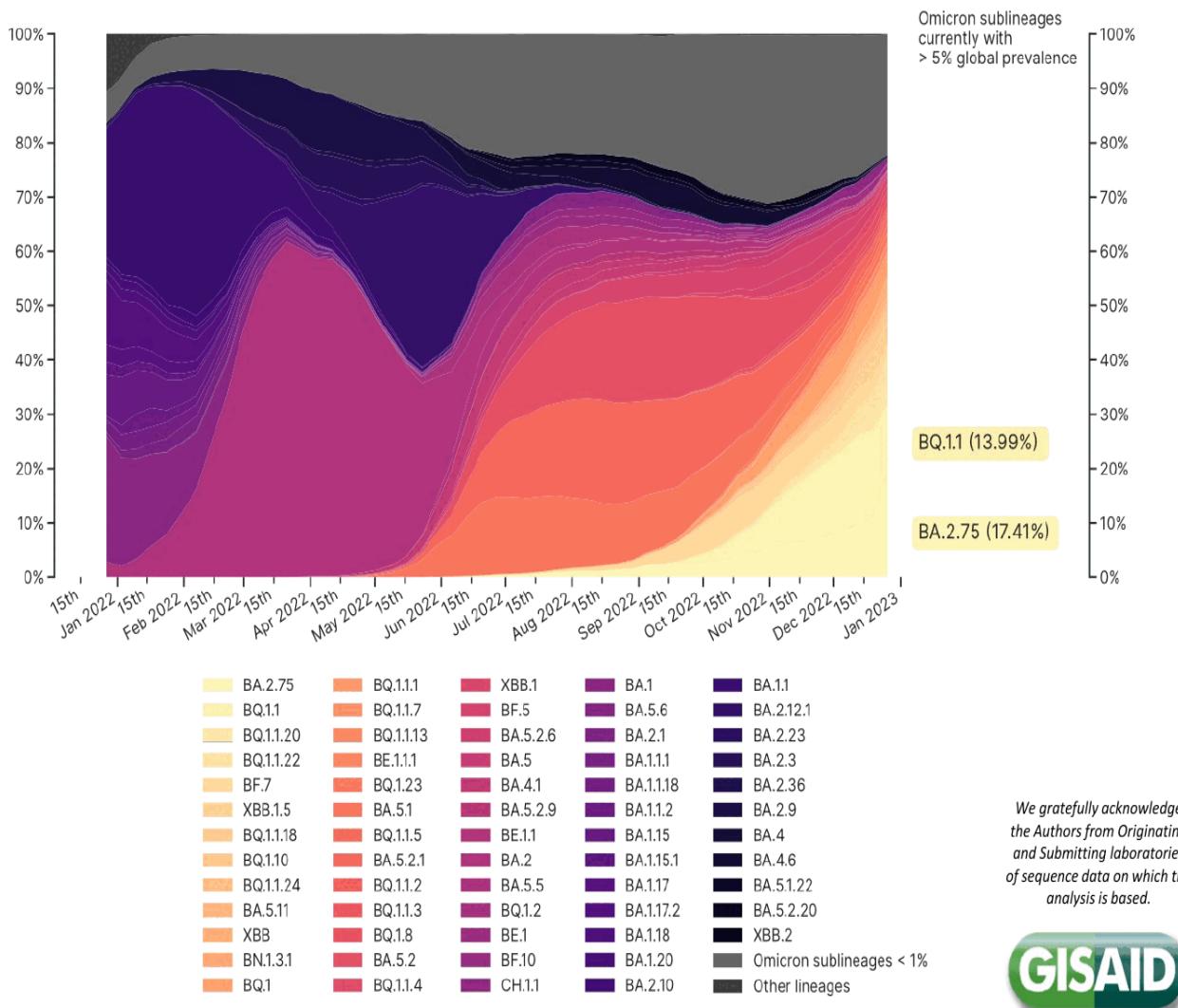
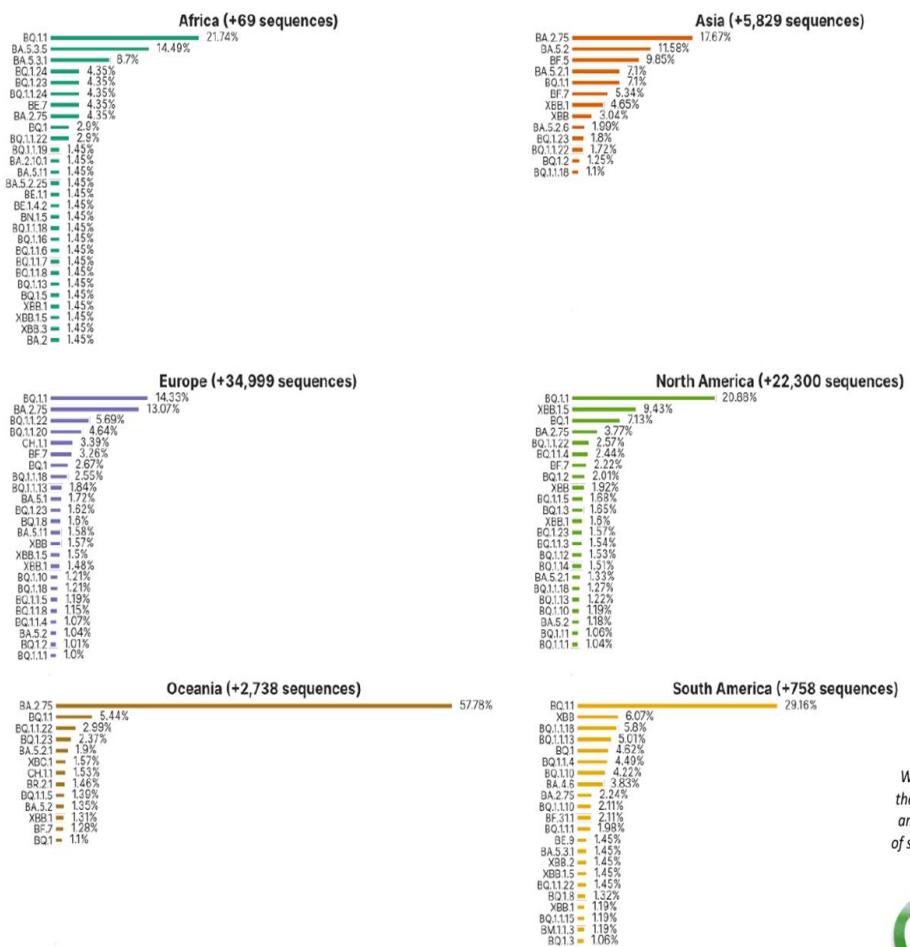


Рис. 1 Распространение субвариантов Omicron в мире (на 10.01.2023 г.)

За последние 4 недели в структуре Omicron доминировали следующие субварианты: в странах Океании – BA.2.75 (57,78 % от всех депронированных вариантов Omicron), Африки – BQ.1.1, BA.5.35, BA.5.31 (44,93 %), Азии – BA.2.75, BA.5.2, BF.5, (39,08 %), Северной Америки – BQ.1.1, XBB.1.5, BQ.1 (37,44 %), Европы – BQ.1.1, BA.2.75, BQ.1.1.22 (33,09 %), Южной Америки – BQ.1.1 (29,16 %) (Рис. 2).

Regional trends of Omicron variant sublineages in sequences collected from 2022-12-13 to 2023-01-10



We gratefully acknowledge
the Authors from Originating
and Submitting laboratories
of sequence data on which the
analysis is based.



Only Omicron sublineages with prevalence > 1% in the last 4 weeks are shown here.

See <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/> for variant information and definitions.

Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в регионах мира за последние 4 недели.

В сравнении с предыдущими 4 неделями в мире отмечен рост распространенности субвариантов BA.2.75 в странах (Океании – на 15,9 %, Азии – 8,0 %, Европы – 7,2 %), BQ.1.1 (Южной Америки – на 6,8 %, Африки – 5,2 %, Северной Америки – 4,9 %), BQ.1.1.1 (Южной Америки – 8,4 %), XBB. 1.5 (Северной Америки – 7,2 %) (Рис. 3).

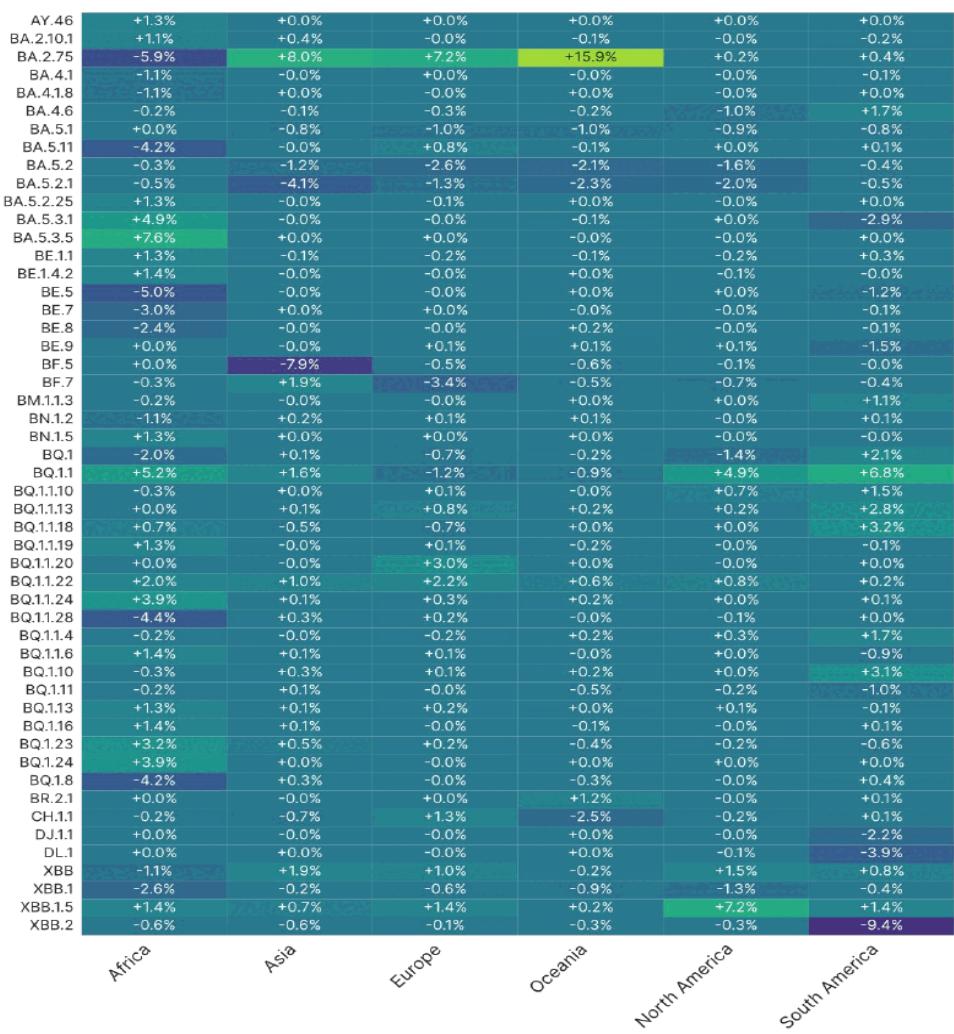


Рисунок 3 Изменение доли субвариантов Omicron в регионах мира за периоды с 15 ноября по 13 декабря 2022 г и с 13 декабря 2022 г. 10 января 2023 г.

По данным Технической консультативной группы по эволюции вирусов (TAG-VE) Всемирной организации здравоохранения отмечается значительный рост доли новой подлинии Omicron – XBB.1.5. По заявлению ВОЗ данный вариант является самым трансмиссивным из уже известных. Основываясь на своих генетических характеристиках и оценках ранних темпов роста, XBB.1.5 может способствовать увеличению частоты случаев заболевания. Подвариант XBB.1.5 был выявлен в октябре 2022 года и является рекомбинантом сублиний Omicron BA.2. В настоящее время ВОЗ продолжает проводить оценку риска в отношении XBB.1.5.

По состоянию на 13 января 2023 г. в базу данных GISAID EpiCoV было депонировано 6 142 последовательности, относящихся к XBB.1.5 из 40 стран. Большинство этих субвариантов размещено лабораториями США (4 959 геномных последовательностей) и Великобритании (531).

В России зафиксирован 1 сл. заражения субвариантом XBB.1.5 («Кракен») в Пензенской области. Субвариант выявлен в рамках мониторинга данных секвенирования геномов SARS-CoV-2, загружаемых в национальную базу VGARus. В настоящее время в Российской Федерации установлена широкая линейка разновидностей штамма Omicron, но доминирующей остается линия BA.5.

Таблица 1 – Количество депонированных геномов вариантов вируса SARS-CoV-2 Omicron (B.1.1.529+BA.*⁴) в базе GISAID

| Страна | Учреждение, проводившее секвенирование | Количество депонированных геномов Omicron (B.1.1.529) | В том числе количество геномов Omicron, депонированных за последние 4 недели (17.12.2022 г. – 13.01.2023 г.) | Процент геномов, относящихся к варианту Omicron (B.1.1.529), депонированных за последние 4 недели |
|---|--|---|--|---|
| Австралия (рост заболеваемости) | NSW Health Pathology – Institute of Clinical Pathology and Medical Research; Westmead Hospital; University of Sydney | 126479 | 1569 | 99,9 |
| Австрия (стабилизация заболеваемости) | Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences | 140819 | 3236 | 100,0 |
| Азербайджан (рост заболеваемости) | National Hematology and Transfusiology Center | 20 | 0 | 0,0 |
| Албания (стабилизация заболеваемости) | Respiratory Virus Unit, National Infection Service, Public Health England | 2 | 0 | 0,0 |
| Алжир (стабилизация заболеваемости) | National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris | 446 | 0 | 0,0 |
| Американские Виргинские острова (стабилизация заболеваемости) | UW Virology Lab | 1451 | 0 | 0,0 |
| Американское Самоа (стабилизация заболеваемости) | Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery | 107 | 0 | 0,0 |
| Ангилья (стабилизация заболеваемости) | Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies | 50 | 0 | 0,0 |
| Ангола (стабилизация заболеваемости) | KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform | 157 | 0 | 0,0 |

| | | | | |
|---|---|-------|-------|-------|
| Андорра (стабилизация заболеваемости) | Instituto de Salud Carlos III | 316 | 0 | 0,0 |
| Антигуа и Барбуда (стабилизация заболеваемости) | Carrington Lab, Department of Preclinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies, St Augustine Campus | 88 | 0 | 0,0 |
| Аргентина (рост заболеваемости) | Instituto Nacional Enfermedades Infecciosas C.G.Malbran | 5929 | 6 | 100,0 |
| Армения (стабилизация заболеваемости) | Institute of Molecular Biology NAS RA, Republic of Armenia, Department of Bioengineering, Bioinformatics Institute and Molecular Biology IBMPh RAU, Republic of Armenia | 17 | 0 | 0,0 |
| Аруба (стабилизация заболеваемости) | National Institute for Public Health and the Environment(RIVM) | 841 | 30 | 100,0 |
| Афганистан (стабилизация заболеваемости) | Central Public Health Lab | 8 | 0 | 0,0 |
| Багамские острова (стабилизация заболеваемости) | Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ | 1 | 0 0,0 | |
| Бангладеш (стабилизация заболеваемости) | Child Health Research Foundation | 1983 | 0 | 0,0 |
| Барбадос (стабилизация заболеваемости) | Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Building 36, First Floor Biochemistry Unit, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies | 132 | 0 | 0,0 |
| Бахрейн (стабилизация заболеваемости) | Communicable Disease Laboratory, Public Health Directorate | 6286 | 0 | 0,0 |
| Беларусь (стабилизация заболеваемости) | Laboratory for HIV and opportunistic infections diagnosis The Republican Research and Practical Center for Epidemiology and Microbiology(RRPCEM) | 120 | 0 | 0,0 |
| Белиз (стабилизация заболеваемости) | Texas Children's Microbiome Center | 578 | 0 | 0,0 |
| Бельгия (стабилизация заболеваемости) | KU Leuven, Rega Institute, Clinical and Epidemiological Virology | 87510 | 709 | 99,6 |

| | | | | |
|---|---|---------|-------|-------|
| Бенин (стабилизация заболеваемости) | Institut für Virologie – Institute of Virology – Charite | 513 | 0 | 0,0 |
| Бермудские острова (стабилизация заболеваемости) | Respiratory Virus Unit, National Infection Service, Public Health England | 152 | 0 | 0,0 |
| Болгария (стабилизация заболеваемости) | National Center of Infectious and Parasitic Diseases | 6768 | 0 | 0,0 |
| Боливия (снижение заболеваемости) | Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ | 67 | 0 | 0,0 |
| Бонэйр (стабилизация заболеваемости) | National Institute for Public Health and the Environment(RIVM) | 1038 | 26 | 100,0 |
| Босния и Герцеговина (стабилизация заболеваемости) | University of Sarajevo, Veterinary Faculty, Laboratory for Molecular Diagnostic and Research Laboratory | 144 | 0 | 0,0 |
| Ботсвана (стабилизация заболеваемости) | Botswana Institute for Technology Research and Innovation | 3252 | 1 | 50,0 |
| Бразилия (рост заболеваемости) | Instituto Adolfo Lutz, Interdisciplinary Procedures Center, Strategic Laboratory | 90293 | 123 | 99,2 |
| Британские Виргинские Острова (стабилизация заболеваемости) | Caribbean Public Health Agency | 44 | 0 | 0,0 |
| Бруней (стабилизация заболеваемости) | National Public Health Laboratory, National Centre for Infectious Diseases(National Virology Reference Laboratory) | 4246 | 89 | 100,0 |
| Буркина Фасо (стабилизация заболеваемости) | Laboratoire bacteriologie virologie CHUSS | 17 | 0 | 0,0 |
| Бурунди (стабилизация заболеваемости) | MRC/UVRI & LSHTM Uganda Research Unit, National Institute of Public Health | 93 | 0 | 0,0 |
| Великобритания (стабилизация заболеваемости) | COVID–19 Genomics UK (COG–UK) Consortium. Wellcome Sanger Institute for the COVID–19 Genomics UK (COG–UK) consortium. | 1376984 | 13364 | 99,7 |

| | | | | |
|--|--|--------|------|-------|
| Венгрия (стабилизация заболеваемости) | National Laboratory of Virology, Szentágothai Research Centre | 121 | 0 | 0,0 |
| Венесуэла (снижение заболеваемости) | Laboratorio de Virología Molecular | 394 | 5 | 100,0 |
| Вьетнам (стабилизация заболеваемости) | National Influenza Center, National Institute of Hygiene and Epidemiology(NIHE) | 4979 | 8 | 100,0 |
| Габон (стабилизация заболеваемости) | Centre de recherches médicales de Lambaréné(CERMEL) | 2 | 0 | 0,0 |
| Гаити (стабилизация заболеваемости) | Laboratoire National de Santé Publique – LNSP(HAITI – LNSP) | 76 | 0 | 0,0 |
| Гайана (рост заболеваемости) | CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD | 80 | 0 | 0,0 |
| Гамбия (стабилизация заболеваемости) | MRCG at LSHTM Genomics lab | 333 | 0 | 0,0 |
| Гана (стабилизация заболеваемости) | Department of Biochemistry, Cell and Molecular Biology, West African Centre for Cell Biology of Infectious Pathogens(WACCBIP), University of Ghana | 1763 | 0 | 0,0 |
| Гваделупа (стабилизация заболеваемости) | National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris | 588 | 4 | 100,0 |
| Гватемала (стабилизация заболеваемости) | Asociación de Salud Integral/Clínica Familiar Luis Ángel García | 2225 | 9 | 100,0 |
| Гвинея (стабилизация заболеваемости) | Centre de Recherche et de Formation en Infectiologie Guinée | 514 | 0 | 0,0 |
| Гвинея-Бисау (стабилизация заболеваемости) | MRCG at LSHTM, Genomics lab | 1 | 0 | 0,0 |
| Германия (стабилизация заболеваемости) | Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie. Institute of infectious medicine & hospital hygiene, CaSe-Group. | 509623 | 2195 | 99,9 |
| Гибралтар (стабилизация заболеваемости) | Respiratory Virus Unit, National Infection Service, Public Health England | 122 | 0 | 0,0 |
| Гондурас (стабилизация заболеваемости) | Genomics and Proteomics Department, Gorgas Memorial Institute For Health Studies | 48 | 0 | 0,0 |

| | | | | |
|--|--|--------|------|-------|
| Гонконг (рост заболеваемости) | Hong Kong Department of Health | 11125 | 65 | 100,0 |
| Греция (стабилизация заболеваемости) | Greek Genome Center, Biomedical Research Foundation of the Academy of Athens(BRFAA) | 10586 | 12 | 100,0 |
| Грузия (стабилизация заболеваемости) | Department for Virology, Molecular Biology and Genome Research, R. G. Lugar Center for Public Health Research, National Center for Disease Control and Public Health(NCDC) of Georgia. | 1613 | 0 | 0,0 |
| Гуам (стабилизация заболеваемости) | Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery | 453 | 0 | 0,0 |
| Дания (стабилизация заболеваемости) | Albertsen lab, Department of Chemistry and Bioscience, Aalborg University. Department of Virus and Microbiological Special Diagnostics, Statens Serum Institut. | 345426 | 9751 | 100,0 |
| Доминика (стабилизация заболеваемости) | Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies, St Augustine Campus | 10 | 0 | 0,0 |
| Доминиканская Республика (стабилизация заболеваемости) | Respiratory Viruses Branch, Centers for Disease Control and Prevention, USA | 1279 | 59 | 96,7 |
| ДР Конго (стабилизация заболеваемости) | Pathogen Sequencing Lab, National Institute for Biomedical Research(INRB) | 463 | 0 | 0,0 |
| ДР Сент Томе и Принсипи (стабилизация заболеваемости) | LNR-TB | 1 | 0 | 0,0 |
| Египет (стабилизация заболеваемости) | Main Chemical Laboratories Egypt Army | 1135 | 0 | 0,0 |
| Замбия (стабилизация заболеваемости) | University of Zambia, School of Veterinary Medicine | 774 | 0 | 0,0 |
| Зимбабве (стабилизация заболеваемости) | National Microbiology Reference Laboratory(Quadram Institute Bioscience) | 248 | 0 | 0,0 |
| Израиль (стабилизация заболеваемости) | Central Virology Laboratory, Israel Ministry of Health | 109045 | 643 | 99,1 |

| | | | | |
|--|--|--------|------|-------|
| Индия (стабилизация заболеваемости) | Department of Neurovirology, National Institute of Mental Health and Neurosciences(NIMHANS).CSIR–Centre for Cellular and Molecular Biology | 123510 | 207 | 97,2 |
| Индонезия (снижение заболеваемости) | National Institute of Health Research and Development | 32358 | 87 | 100,0 |
| Иордания (стабилизация заболеваемости) | Andersen lab at Scripps Research, CA, USA | 162 | 0 | 0,0 |
| Ирак (стабилизация заболеваемости) | Biology, College of Education Department of Virology, Faculty of Medicine, University of Helsinki, Helsinki, Finland generated and submitted to GISAID | 373 | 0 | 0,0 |
| Иран (стабилизация заболеваемости) | National Reference Laboratory for COVID–19, Pasteur Institute of Iran | 1921 | 0 | 0,0 |
| Ирландия (стабилизация заболеваемости) | National Virus Reference Laboratory | 50068 | 626 | 100,0 |
| Исландия (стабилизация заболеваемости) | Landspitali Department of Clinical Microbiology | 2912 | 229 | 100,0 |
| Испания (снижение заболеваемости) | Hospital Universitario 12 de Octubre | 92447 | 776 | 100,0 |
| Италия (рост заболеваемости) | Army Medical Center, Scientific Department, Virology Laboratory | 71729 | 1140 | 99,7 |
| Кабо–Верде (стабилизация заболеваемости) | Institut Pasteur de Dakar | 479 | 0 | 0,0 |
| Казахстан (стабилизация заболеваемости) | Reference laboratory for the control of viral infections | 824 | 0 | 0,0 |
| Камбоджа (стабилизация заболеваемости) | Virology Unit, Institut Pasteur du Cambodge | 1777 | 59 | 100,0 |
| Камерун (стабилизация заболеваемости) | CREMER(Centre de Recherches sur les Maladies Emergentes et Ré–émergentes) | 576 | 0 | 0,0 |
| Канада (стабилизация заболеваемости) | Laboratoire de santé publique du Québec | 233431 | 6259 | 100,0 |
| Катар (снижение заболеваемости) | Biomedical Research Center(BRC), Qatar University / Qatar Genome Project(QGP) | 524 | 0 | 0,0 |

| | | | | |
|---|---|-------|-----|-------|
| Кения (стабилизация заболеваемости) | KEMRI–Wellcome Trust Research Programme/KEMRI–CGMR–C Kilifi | 4705 | 0 | 0,0 |
| Кипр (стабилизация заболеваемости) | Department of Molecular Virology, Cyprus Institute of Neurology and Genetics | 465 | 0 | 0,0 |
| Китай (рост заболеваемости) | National Institute for Viral Disease Control and Prevention | 1691 | 324 | 100,0 |
| Колумбия (стабилизация заболеваемости) | Instituto Nacional de Salud– Dirección de Investigación en Salud Pública | 11936 | 55 | 100,0 |
| Коморские острова (стабилизация заболеваемости) | KEMRI–Wellcome Trust Research Programme/KEMRI–CGMR–C Kilifi | 11 | 0 | 0,0 |
| Косово (стабилизация заболеваемости) | Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie | 686 | 0 | 0,0 |
| Коста–Рика (стабилизация заболеваемости) | Inciensa, Instituto Costarricense de Investigación y Enseñanza en Nutrición y Salud | 6548 | 13 | 100,0 |
| Кот Д'Ивуар (стабилизация заболеваемости) | Molecular diagnostic unit for viral haemorrhagic fevers and emerging viruses, Bouaké CHU Laboratory | 193 | 2 | 100,0 |
| Куба (стабилизация заболеваемости) | Respiratory Infections Laboratory | 467 | 0 | 0,0 |
| Кувейт (стабилизация заболеваемости) | Virology Unit, Department of Microbiology, Faculty of Medicine, Kuwait | 593 | 0 | 0,0 |
| Кыргызстан (стабилизация заболеваемости) | SRC VB “Vector”, “Collection of microorganisms” Department | 45 | 0 | 0,0 |
| Кюрасао (стабилизация заболеваемости) | National Institute for Public Health and the Environment(RIVM) | 1125 | 8 | 100,0 |
| Лаос (стабилизация заболеваемости) | LOMWRU/Microbiology Laboratory, Mahosot Hospital | 532 | 0 | 0,0 |
| Латвия (стабилизация заболеваемости) | Latvian Biomedical Research and Study Centre | 5166 | 0 | 0,0 |
| Лесото (стабилизация заболеваемости) | National Institute for Communicable Diseases of the National Health Laboratory Service | 130 | 0 | 0,0 |
| Либерия (стабилизация заболеваемости) | Center for Infection and Immunity, Columbia University | 33 | 0 | 0,0 |

| | | | | |
|--|--|-------|-----|-------|
| Ливан (рост заболеваемости) | Laboratory of Molecular Biology and Cancer Immunology, Lebanese University Public Health England | 376 | 0 | 0,0 |
| Ливия (стабилизация заболеваемости) | Reference Lab for Public Health, NCDC | 31 | 0 | 0,0 |
| Литва (стабилизация заболеваемости) | Vilnius University Hospital Santaros Klinikos, Center of Laboratory Medicine | 10191 | 116 | 0,0 |
| Лихтенштейн (стабилизация заболеваемости) | Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences | 1367 | 37 | 100,0 |
| Люксембург (стабилизация заболеваемости) | Laboratoire national de santé, Microbiology, Microbial Genomics Platform | 29945 | 0 | 0,0 |
| Макао (стабилизация заболеваемости) | Centro de Sequenciamento Genômico | 1 | 0 | 0,0 |
| Маврикий (стабилизация заболеваемости) | CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD | 4892 | 0 | 0,0 |
| Мавритания (стабилизация заболеваемости) | INRSP-Mauritania | 7 | 0 | 0,0 |
| Майотта (стабилизация заболеваемости) | National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris | 361 | 0 | 0,0 |
| Малайзия (стабилизация заболеваемости) | Institute for Medical Research, Infectious Disease Research Centre, National Institutes of Health, Ministry of Health Malaysia | 26159 | 142 | 100,0 |
| Малави (стабилизация заболеваемости) | KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform | 226 | 0 | 0,0 |
| Мали (стабилизация заболеваемости) | Northwestern University – Center for Pathogen Genomics and Microbial Evolution | 111 | 0 | 0,0 |
| Мальдивы (стабилизация заболеваемости) | Indira Gandhi Memorial Hospital | 333 | 0 | 0,0 |
| Мальта (стабилизация заболеваемости) | Molecular Diagnostics Pathology Department Mater Dei Hospital Malta | 163 | 0 | 0,0 |
| Маршалловы острова (стабилизация заболеваемости) | State Laboratories Division, Hawaii State Department of Health | 26 | 0 | 0,0 |

| | | | | |
|--|---|-------|------|-------|
| Марокко (стабилизация заболеваемости) | Laboratoire de Biotechnologie | 1135 | 12 | 100,0 |
| Мартиника (стабилизация заболеваемости) | CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD | | | |
| Мексика (рост заболеваемости) | Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológico (INDRE) | 1364 | 17 | 100,0 |
| Мозамбик (стабилизация заболеваемости) | KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform, South Africa | 423 | 0 | 0,0 |
| Молдавия (стабилизация заболеваемости) | ONCOGENE LLC | 526 | 0 | 0,0 |
| Монако (стабилизация заболеваемости) | National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris | 16 | 0 | 0,0 |
| Монголия (стабилизация заболеваемости) | National Centre for Communicable Disease (NCCD) National Influenza Center | 721 | 1 | 100,0 |
| Монтсеррат (стабилизация заболеваемости) | Carrington Lab, Department of Preclinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies | 12 | 0 | 0,0 |
| Мьянма (стабилизация заболеваемости) | DSMRC | 54 | 0 | 0,0 |
| Намибия (стабилизация заболеваемости) | National Institute for Communicable Diseases of the National Health Laboratory Service | 751 | 0 | 0,0 |
| Непал (стабилизация заболеваемости) | Molecular and Genomics Research Lab, Dhulikhel Hospital, Kathmandu University Hospital School of Public Health, The University of Hong Kong | 1162 | 0 | 0,0 |
| Нигер (стабилизация заболеваемости) | National Reference Laboratory, Nigeria Centre for Disease Control | 79 | 0 | 0,0 |
| Нигерия (стабилизация заболеваемости) | African Centre of Excellence for Genomics of Infectious Diseases(ACEGID), Redeemer's University | 3049 | 0 | 0,0 |
| Нидерланды (снижение заболеваемости) | National Institute for Public Health and the Environment(RIVM) | 64936 | 1049 | 100,0 |
| Новая Зеландия (снижение заболеваемости) | Institute of Environmental Science and Research(ESR) | 24587 | 583 | 100,0 |

| | | | | |
|--|---|-------|-----|-------|
| Новая Каледония (стабилизация заболеваемости) | Laboratoire de Microbiologie Centre Hospitalier Territorial de Nouvelle-Calédonie | 55 | 0 | 0,0 |
| Норвегия (стабилизация заболеваемости) | Norwegian Institute of Public Health, Department of Virology | 31739 | 13 | 100,0 |
| ОАЭ (стабилизация заболеваемости) | Wellcome Sanger Institute for the COVID–19 Genomics UK(COG–UK) Consortium | 2 | 0 | 0,0 |
| Оман (стабилизация заболеваемости) | Oman–National Influenza Center | 166 | 0 | 0,0 |
| Пакистан (стабилизация заболеваемости) | Department of Virology, Public Health Laboratories Division | 2577 | 25 | 96,2 |
| Палау (стабилизация заболеваемости) | Can Ruti SARS-CoV-2 Sequencing Hub (HUGTiP/IrsiCaixa/IGTP) | 45 | 0 | 0,0 |
| Палестина (стабилизация заболеваемости) | Biochemistry and Molecular Biology Department–Faculty of Medicine, Al–Quds University | 44 | 0 | 0,0 |
| Панама (стабилизация заболеваемости) | Gorgas memorial Institute For Health Studies | 2891 | 0 | 0,0 |
| Папуа Новая Гвинея (стабилизация заболеваемости) | Queensland Health Forensic and Scientific Services | 589 | 0 | 0,0 |
| Парагвай (стабилизация заболеваемости) | Laboratorio Central de Salud Publica de Paraguay | 1599 | 0 | 0,0 |
| Перу (стабилизация заболеваемости) | Laboratorio de Referencia Nacional de Biotecnología y Biología Molecular. Instituto Nacional de SaludPerú | 2578 | 0 | 0,0 |
| Польша (стабилизация заболеваемости) | genXone SA, Research & Development Laboratory | 41093 | 183 | 100,0 |
| Португалия (стабилизация заболеваемости) | Instituto Nacional de Saude(INSa) | 19853 | 210 | 100,0 |
| Пуэрто Рико (стабилизация заболеваемости) | Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery | 11050 | 99 | 100,0 |
| Республика Вануату (стабилизация заболеваемости) | Microbiological Diagnostic Unit - Public Health Laboratory (MDU-PHL) | 100 | 0 | 0,0 |

| | | | | |
|---|---|-------|---|-------|
| Республика Джибути (стабилизация заболе- ваемости) | Naval Medical Research Center Biological Defense Re- search Di-rectorate | 506 | 0 | 0,0 |
| Республика Кирибати (стабилизация заболе- ваемости) | Microbiological Diagnostic Unit - Public Health Labora- tory (MDU-PHL) | 136 | 0 | 0,0 |
| Республика Конго (ста- билизация заболевае- мости) | Institute of Tropical Medicine | 164 | 0 | 0,0 |
| Республика Мадагаскар (стабилизация заболе- ваемости) | Virology Unit, Institut Pasteur de Madagascar | 57 | 0 | 0 |
| Республика Никарагуа (стабилизация заболе- ваемости) | MSHS Pathogen Surveillance Program | 165 | 0 | 0,0 |
| Республика Сальвадор (стабилизация заболе- ваемости) | Genomics and Proteomics Departament, Gorgas Memorial Institute For Health Studies | 298 | 0 | 0,0 |
| Республика Чад (стаби- лизация заболеваемо- сти) | Pathogen Genomics Lab, National Institute for Biomedical Research (INRB) | 8 | 0 | 0,0 |
| Реюньон (стабилизация заболеваемости) | CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD | 8268 | 0 | 0,0 |
| Россия (снижение забо- леваемости) | WHO National Influenza Centre Russian Federation. Cen- ter for Precision Genome Editing and Genetic Technolo- gies for Biomedicine, Pirogov Medical University, Mos- cow, Russian Federation. Federal Budget Institution of Science, State Research Center for Applied Microbiology & Biotechnology. Group of Genetic Engeneering and Bio- technology, Federal Budget Institution of Science ‘Central Research Institute of Epidemiology’ of The Federal Ser- vice on Customers’ Rights Protection and Human Well- being Surveillance. State Research Center of Virology and | 39271 | 2 | 100,0 |

| | | | | |
|---|--|-------|-----|-------|
| | Biotechnology VECTOR, Department of Collection of Microorganisms. | | | |
| Руанда (стабилизация заболеваемости) | GIGA Medical Genomics | 197 | 0 | 0,0 |
| Румыния (рост заболеваемости) | National Institute of Infectious Diseases–Prof. Dr. Matei Bals Molecular Diagnostics Laboratory | 9565 | 0 | 0,0 |
| Саудовская Аравия (стабилизация заболеваемости) | Infectious Diseases, King Faisal Hospital Research Center | 684 | 0 | 0,0 |
| Северная Македония (стабилизация заболеваемости) | Institute of Public Health of Republic of North Macedonia Laboratory of Virology and Molecular Diagnostics | 211 | 0 | 0,0 |
| Северные Марианские острова (стабилизация заболеваемости) | Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery | 2060 | 0 | 0,0 |
| Сейшельы (стабилизация заболеваемости) | KEMRI– Wellcome Trust Research Programme, Kilifi | 618 | 0 | 0,0 |
| Сенегал (стабилизация заболеваемости) | IRESSEF GENOMICS LAB | 1561 | 0 | 0,0 |
| Сент–Винсент и Гренадины (стабилизация заболеваемости) | Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies | 76 | 0 | 0,0 |
| Сент–Китс и Невис (стабилизация заболеваемости) | Carrington Lab, Department of Preclinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies | 16 | 0 | 0,0 |
| Сент–Люсия (стабилизация заболеваемости) | Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences | 136 | 0 | 0,0 |
| Сербия (стабилизация заболеваемости) | Institute of microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, University of Belgrade | 1499 | 0 | 0,0 |
| Сингапур (стабилизация заболеваемости) | National Public Health Laboratory, National Centre for Infectious Diseases | 17711 | 881 | 100,0 |
| Сен–Мартин (стабилизация заболеваемости) | Institut Pasteur | 297 | 0 | 0,0 |

| | | | | |
|--|---|---------|-------|-------|
| Синт–Мартен (стабилизация заболеваемости) | National Institute for Public Health and the Environment(RIVM) | 826 | 0 | 0,0 |
| Сирия (стабилизация заболеваемости) | CASE-2021-0266829 | 72 | 0 | 0,0 |
| Словакия (стабилизация заболеваемости) | Faculty of Natural Sciences, Comenius University | 25583 | 0 | 0,0 |
| Словения (снижение заболеваемости) | Institute of Microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, University of Ljubljana | 32413 | 841 | 100,0 |
| Соломоновы острова (стабилизация заболеваемости) | Microbiological Diagnostic Unit - Public Health Laboratory (MDU-PHL) | 247 | 0 | 0,0 |
| Сомали (стабилизация заболеваемости) | National Public Health Lab- Mogadishu | 2 | 0 | 0,0 |
| Судан (стабилизация заболеваемости) | National Institute for Communicable Diseases of the National Health Laboratory Service | 131 | 0 | 0,0 |
| Суринам (стабилизация заболеваемости) | National Institute for Public Health and the Environment(RIVM) | 154 | 0 | 0,0 |
| США (стабилизация заболеваемости) | Colorado Department of Public Health & Environment. Maine Health and Environmental Testing Laboratory. California Department of Public Health. UCSD EXCITE. | 2088697 | 17240 | 99,9 |
| Сьерра–Леоне (стабилизация заболеваемости) | Central Public Health Reference Laboratory | 1 | 0 | 0,0 |
| Таиланд (стабилизация заболеваемости) | COVID–19 Network Investigations(CONI) Alliance | 22632 | 24 | 80,0 |
| Тайвань (стабилизация заболеваемости) | Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision Medicine | 2229 | 4 | 100,0 |
| Танзания (стабилизация заболеваемости) | Jiaxing Center for Disease Control and Prevention | 11 | 0 | 0,0 |
| Теркс и Кайкос (стабилизация заболеваемости) | Carrington Lab, Department of Preclinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies, St Augustine Campus | 17 | 0 | 0,0 |

| | | | | |
|---|--|--------|------|-------|
| Тимор-Лешти (стабилизация заболеваемости) | Microbiological Diagnostic Unit – Public Health Laboratory (MDU–PHL) | 1 | 0 | 0,0 |
| Того (стабилизация заболеваемости) | Unité Mixte Internationale TransVIHMI(UMI 233 IRD – U1175 INSERM – Université de Montpellier) IRD(Institut de recherche pour le développement) | 341 | 0 | 0,0 |
| Тринидад и Тобаго (стабилизация заболеваемости) | Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies | 2106 | 21 | 100,0 |
| Тунис (стабилизация заболеваемости) | Laboratoire de linique linique – Institut Pasteur de Tunis | 472 | 0 | 0,0 |
| Турция (стабилизация заболеваемости) | Ministry of Health Turkey | 21312 | 464 | 100,0 |
| Уганда (стабилизация заболеваемости) | MRC/UVRI & LSHTM Uganda Research Unit | 416 | 0 | 0,0 |
| Украина (стабилизация заболеваемости) | Department of Respiratory and other Viral Infections of L.V.Gromashevsky Institute of Epidemiology & Infectious Diseases NAMS of Ukraine, JSC “Farmak” | 1016 | 0 | 0,0 |
| Узбекистан (снижение заболеваемости) | Center for Advanced Technologies | 40 | 0 | 0,0 |
| Уругвай (стабилизация заболеваемости) | Departamento Laboratorios de Salud Pública (DLSP) Ministerio de Salud Pública | 151 | 0 | 0,0 |
| Федеративные штаты Микронезии (стабилизация заболеваемости) | Pohnpei State Hospital | 51 | 0 | 0,0 |
| Филиппины (стабилизация заболеваемости) | Philippine Genome Center | 12284 | 0 | 0,0 |
| Финляндия (стабилизация заболеваемости) | Dep6rtment of Virology, Faculty of Medicine, University of Helsinki | 19008 | 459 | 100,0 |
| Франция (снижение заболеваемости) | CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD | 325403 | 2861 | 94,7 |

| | | | | |
|---|---|-------|------|-------|
| Французская Гвиана (стабилизация заболе- ваемости) | National Reference Center for Viruses of Respiratory In- fections, Institut Pasteur, Paris | 1499 | 9 | 100,0 |
| Французская Полине- зия (стабилизация забо- леваемости) | National Reference Center for Viruses of Respiratory In- fections, Institut Pasteur, Paris | 13 | 0 | 0,0 |
| Хорватия (стабилиза- ция заболеваемости) | Croatian Institute of Public Health | 21573 | 0 | 0,0 |
| ЦАР (стабилизация за- болеваемости) | Pathogen Sequencing Lab, National Institute for Biomedical Research(INRB) | 32 | 0 | 0,0 |
| Черногория (стабилиза- ция заболеваемости) | Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie | 211 | 0 | 0,0 |
| Чехия (стабилизация заболеваемости) | The National Institute of Public Health | 31460 | 31 | 100,0 |
| Чили (снижение забо- леваемости) | Instituto de Salud Publica de Chile | 20594 | 393 | 99,5 |
| Швейцария (стабилиза- ция заболеваемости) | Department of Biosystems Science and Engineering, ETH Zürich. | 51303 | 548 | 100,0 |
| Швеция (стабилизация заболеваемости) | The Public Health Agency of Sweden | 86800 | 1649 | 99,9 |
| Шри-Ланка (стабилиза- ция заболеваемости) | Centre for Dengue Research and AICBU, Department of Immunology and Molecular Medicine | 1125 | 0 | 0,0 |
| Эквадор (стабилизация заболеваемости) | Instituto Nacional de Investigaciónen Salud Pública, INSPI | 4625 | 140 | 99,3 |
| Экваториальная Гвинея (стабилизация заболе- ваемости) | Swiss Tropical and Public Health Institute | 2 | 0 | 0,0 |
| Эсватини (стабилиза- ция заболеваемости) | Nhlangano Health Centre(National Institute for Communicable Diseases of the National Health Laboratory Service) | 537 | 0 | 0,0 |
| Эстония (стабилизация заболеваемости) | Laboratory of Communicable Diseases(Estonia); Eurofins Genomics Europe Sequencing GmbH | 6158 | 0 | 0,0 |

| | | | | |
|---|--|--------|------|-------|
| Эфиопия (стабилизация заболеваемости) | International Centre for Genetic Engineering and Biotechnology(ICGEB) and ARGO Open Lab for Genome Sequencing | 103 | 0 | 0,0 |
| ЮАР (стабилизация заболеваемости) | KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform. | 21934 | 43 | 100,0 |
| Южная Корея (стабилизация заболеваемости) | Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency | 77084 | 1303 | 100,0 |
| Южный Судан (стабилизация заболеваемости) | MRC/UVRI & LSHTM Uganda Research Unit, South Sudan Ministry of Health, WHO South Sudan | 28 | 0 | 0,0 |
| Ямайка (стабилизация заболеваемости) | Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies | 1694 | 0 | 0,0 |
| Япония (рост заболеваемости) | Pathogen Genomics Center, National Institute of Infectious Diseases | 330861 | 3248 | 100,0 |

Эпидемиологическое обновление ВОЗ № 125 от 11 января 2023 г.

Варианты SARS-CoV-2, вызывающие обеспокоенность, и подварианты Omicron, находящиеся под наблюдением

Географическое распространение и распространенность

Во всем мире с 9 декабря 2022 г. по 9 января 2023 г. в GISAID было передано 97 693 последовательностей SARS-CoV-2. Среди них 97 603 последовательности были вызывающим обеспокоенность вариантом Omicron (VOC), что составляет 99,9% последовательностей, о которых сообщалось во всем мире за последние 30 дней.

BA.5 и его потомки по-прежнему доминируют в мире: 9685 последовательностей (59,7%) были переданы в GISAID на 51-й неделе (с 19 по 25 декабря 2022 г.). Распространенность BA.2 и его потомков растет, эта тенденция основана на 2201 последовательности (13,6%), представленной во всем мире на 51-й неделе. BA.4 и его потомки снижаются с распространностью 0,6% на 51-й неделе. остальные 3439 последовательностей (21,1%) классифицируются как «неназначенные» или «другие» на 51-й неделе. Предполагается, что они являются потомками Омикрона, которые еще не назначены.

На шесть отслеживаемых вариантов Omicron приходится 76,2% всех последовательностей, представленных на 51-й неделе. Среди этих шести вариантов распространность составляет 53,4% для BQ.1*; 9,7% для BA.5 с одной или несколькими из пяти мутаций (S:R346X, S:K444X, S:V445X, S:N450D, S:N460X); 8,1% для BA.2.75*; 4,6% для XBB*; 0,4% для BA.4.6*; и <0,1% для BA.2.3.20*.

ВОЗ по рекомендации Технической консультативной группы по эволюции вирусов (TAG-VE) провела глобальную экспресс-оценку риска для XBB.1.5 (см. Приложение 3). XBB.1.5 представляет собой сублинию зарегистрировано 5288 последовательностей XBB.1.5 из 38 стран. Таким образом, данные по XBB.1.5 ограничены; однако, основываясь на доступной в настоящее время информации из одной страны, XBB.1.5 имеет преимущество в распространении по сравнению с другими циркулирующими подлинами Omicron. Предварительные лабораторные исследования ускользания от антител показывают, что XBB.1.5 имеет более высокий уровень уклонения от иммунного ответа, чем предыдущие линии потомков Omicron; однако это еще не подтверждено эпидемиологическими данными у людей. В настоящее время нет доступной информации о клинической тяжести XBB.1.5.

Приложение 3. Оперативная оценка риска XBB.1.5, 11 января 2023 г.

Вариант Omicron XBB.1.5 представляет собой сублинию XBB, которая является рекомбинантом двух сублиний BA.2. С 22 октября 2022 г. по 11 января 2023 г. сообщалось о 5 288 последовательностях варианта Omicron XBB.1.5 из 38 стран. Большинство этих последовательностей происходят из Соединенных Штатов Америки (82,2%), Великобритании (8,1%) и Дании (2,2%).

Техническая консультативная группа ВОЗ по эволюции вирусов (TAG-VE) собралась 5 января 2023 г., чтобы обсудить последние данные о XBB.1.5 и оценить риск для общественного здравоохранения, связанный с этим вариантом. На основании генетических характеристиках и оценках скорости роста, проведенных ранее, XBB.1.5 может способствовать росту заболеваемости. На сегодняшний день общее доверие к оценке низкое, поскольку оценки преимуществ роста относятся только к одной стране, Соединенным Штатам Америки.

ВОЗ и TAG-VE рекомендуют государствам-членам уделить первоочередное внимание следующим исследованиям, чтобы лучше устраниć неопределенностей, связанных с преимуществами распространения, ускользанием от антителного ответа и тяжестью болезни, вызванной XBB.1.5. Предлагаемые сроки являются ориентировочными и будут варьироваться от одной страны к другой в зависимости от национальных возможностей:

- Анализ преимущества распространения из других стран, в которых был обнаружен XBB.1.5 (1-3 недели).

- Исследования нейтрализации с использованием репрезентативной человеческой сыворотки из пораженного сообщества (сообществ) и живых изолятов вируса XBB.1.5 (2-6 недель).

- Сравнительная оценка для выявления изменений скользящих или специальных показателей тяжести течения болезни (4–12 недель) (табл. 2-3).

Приведенная ниже экспресс-оценка риска основана на имеющихся в настоящее время данных и будет регулярно пересматриваться по мере поступления дополнительных сведений и данных из других стран.

Таблица 2

Сравнительная оценка для выявления изменений скользящих или специальных показателей тяжести течения болезни, вызванной вариантом Omicron XBB.1.5

| | Показатель | Уверенность в точности оценки риска |
|---|--|-------------------------------------|
| Преимущество роста и распространения | Преимущество национального еженедельного роста в Соединенных Штатах Америки, но сообщается о внутристрановых региональных различиях с увеличением доли с 1% (95% ДИ 0,3–2,2%) на 47-й неделе до 8% (95% ДИ 3,4–15,3%) на 50-й неделе и быстрое увеличение доли в северо-восточной части Соединенных Штатов Америки. На момент публикации имеющиеся данные доступны только по одной стране, поэтому достоверность глобальной оценки низкая. | Низкая |
| Ускользание от антителного ответа | Наряду с вариантами BQ.1*, варианты XBB* на сегодняшний день являются наиболее устойчивыми к антителам вариантами. При помощи тестов нейтрализации псевдотипированного вируса, показано, что XBB.1.5 в равной степени уклоняется от иммунитета, как и XBB.1, а подвариант Omicron является вариантом с самым высоким уровнем ускользания от иммунитета на сегодняшний день. Исследования выявили, что сыворотка от лиц с а) BA.1, б) BA.5 или в) BF.7 вызванной прорывной инфекцией и получивших три дозы инактивированной вакцины (Coronavac) или с г) BA .5 инфекцией после введения трех или четырех доз мРНК-вакцины (BNT162b2 или мРНК-1273) не вызывает высоких титров нейтрализации против XBB.1.5. В настоящее время нет данных о реальной эффективности вакцины в мире в отношении предотвращения тяжелой формы болезни или смерти. | На среднем уровне |
| Тяжесть течения болезни и | Нет данных. Оценка тяжести течения болезни продолжается. | Низкая |

| | | |
|----------------------------|---|--|
| клинические аспекты | XBB.1.5 не содержит никаких известных мутаций, связанных с потенциальным изменением тяжести заболевания (например, таких как S:P681R). | |
| Оценка рисков | На основании генетических характеристиках и ранних оценках преимущества распространения, XBB.1.5 может способствовать росту заболеваемости в мире. На сегодняшний день общее доверие к оценке рисков низкое, поскольку оценки преимущества роста относятся только к одной стране, Соединенным Штатам Америки. | |

Таблица 3

Структура оценки риска и индикаторы, используемые для оценки риска и уровень доверия с учетом имеющихся данных

| | Экспресс-показатели: 0-4 недели | Уровень доверия к оценке рисков | | |
|---|--|--|---|--|
| | | Низкий | Средний | Высокий |
| Преимущество роста и распространения | Свидетельства о преимуществе роста из одной страны, скорее всего, приведут к преобладанию варианта на глобальном уровне А. Увеличение вариант-специфических экспресс-тестов В. Логистический рост (по сравнению с циркулирующим в настоящее время вариантом) (варианты с ограниченным ростом на субнациональном уровне не оцениваются). | Все данные получены из одной страны | Минимум две модели; данные из двух стран, не связанных близкими поездками | Не менее двух моделей и не менее трех стран в трех регионах в течение более двух недель. |
| Ускользание от иммунного ответа | <ul style="list-style-type: none"> • Оценка геномной (прогностической) и структурной биологии • Нейтрализация псевдовируса с использованием сывороток вакцинированных лиц или результатов серологических обследований предварительно отобранного населения • Частота повторного заражения через когортное исследование или систему эпиднадзора • Сигналы от расследований вспышек (быстрая ЭВ маловероятна к 28 дню, поэтому | Один индикатор (повторная инфекция, модель нейтрализации или структурная модель) | Два индикатора, включая данные о нейтрализации | [быстрая эффективность вакцины] |

| | | | | |
|--|---|------------------------------|---|--|
| | быстрая ОР не может достигать высокого уровня доверия). | | | |
| Тяжесть течения болезни и клинические аспекты | <ul style="list-style-type: none"> Изменение скользящей метрики эпиднадзора для тяжести течения болезни синхронизировано с увеличением числа случаев, вызванных вариантом, например <ul style="list-style-type: none"> Коэффициент инфекционной госпитализации Показатели сети дозорных больниц (например, эпиднадзор за тяжелыми острыми респираторными инфекциями) Сравнение тенденций госпитализации с предыдущими вариантами Изменение демографического профиля госпитализированных Изменение клинического фенотипа проблемы с тестированием/терапией | Один показатель, одна страна | Несколько показателей, одна страна ИЛИ один и тот же метод в нескольких странах | Несколько показателей, несколько стран в нескольких регионах |
| Оценка рисков | Включая общее представление об угрозе в более широком контексте, уровень достоверности оценки и определение неотложной приоритетной работы. | | | |

Публикации:

Int J Med Sci. 2023 Jan 1;20(1):151-162.

doi: 10.7150/ijms.79116. eCollection 2023.

Characterization of SARS-CoV-2 recombinants and emerging Omicron sublineages

Характеристика рекомбинантов SARS-CoV-2 и новых сублиний Omicron

Yuliang Wang, Yiyin Long, Feng Wang, Changlin Li, Wei Liu

Обзор. SARS-CoV-2 Omicron в настоящее время является преобладающим циркулирующим вариантом при пандемии COVID-19. Доминирующие сублинии омикрон реагируют на иммунное давление хозяина, и у них имеют место полезные мутации или генетическая рекомбинация, в результате чего появляются варианты, которые являются более заразными или лучше избегают иммунных ответов на предыдущую инфекцию или вакцинацию. Между тем, в случаях коинфекции сообщалось о множественных событиях генетической рекомбинации, большинство из которых возникло в результате рекомбинации между совместно циркулирующим Omicron BA.1 (или BA.1.1) и дельта-вариантом или BA.2. Рассмотрены данные о рекомбинации SARS-CoV-2 на уровне популяции, представ-

лена обновленная информация о появлении новых циркулирующих сублиний Omicron, обсуждена эффективность новых вакцин/терапевтических препаратов против варианта Omicron.

J Virol. 2023 Jan 12;e0136622.

doi: 10.1128/jvi.01366-22.

Impact of Reinfection with SARS-CoV-2 Omicron Variants in Previously Infected Hamsters

Влияние повторного заражения вариантами омикрон SARS-CoV-2 на ранее инфицированных хомяков

Nozomi Shiwa-Sudo, Yusuke Sakai, Naoko Iwata-Yoshikawa и др.

Использовали модель заражения хомяков *in vivo* для оценки вероятности повторного заражения людей, ранее инфицированных вариантом Omicron SARS-CoV-2. Первоначально сирийских хомячков прививали линиями A, B.1.1.7, B.1.351, B.1.617.2 или подвариантом Omicron, штамм BA.1, а затем через 5 недель повторно заражали штаммом BA.1. Впоследствии было изучено влияние повторного заражения подвариантами Омикрона (BA.1 и BA.2) на лиц, ранее инфицированных штаммом BA.1. После повторного заражения в дыхательных путях большинства хомяков была обнаружена ассоциированная с вирусом РНК. Репликация вируса в нижних дыхательных путях подавлена сильнее, чем в верхних. Последовательные аминокислотные замены наблюдались в верхних дыхательных путях инфицированных хомяков после первичного заражения вариантом BA.1, тогда как разнообразные мутации появлялись у хомяков, реинфицированных тем же вариантом. Полученные результаты показали, в том числе, что более разнообразные несинонимичные мутации появлялись в верхних дыхательных путях реинфицированных хомяков, приобретших иммунитет к первичной инфекции. Эта модель демонстрирует эволюцию SARS-CoV-2 внутри хозяина, а также предоставляет важную информацию для контрмер против разнообразных вариантов SARS-CoV-2.

mBio. 2023 Jan 10;e0317622.

doi: 10.1128/mbio.03176-22.

Determinants and Mechanisms of the Low Fusogenicity and High Dependence on Endosomal Entry of Omicron Subvariants

Детерминанты и механизмы низкой фузогенности и высокой зависимости от эндосомального проникновения у субвариантов Omicron

Panke Qu, John P Evans, Chaitanya Kurhade, и др

Быстрое распространение и сильное уклонение от иммунитета подвариантов Omicron SARS-CoV-2 вызвали серьезную озабоченность по поводу глобальной пандемии COVID-19. Эти новые варианты в целом проявляют сниженную фузогенность и повышенное использование пути проникновения в эндосомы по сравнению с вариантом D614G, основные механизмы которого остаются неясными. Авторы показывают, что С-концевые мутации S1 субварианта BA.1.1, H655Y и T547K, критически определяют низкую фузогенность Omicron. Примечательно, что H655Y также диктует усиленное использование путей входа в эндосому. Механически T547K и H655Y, вероятно, стабилизируют конформацию три-

мера шипа, о чем свидетельствуют повышенные молекулярные взаимодействия при структурном моделировании и усиленное выделение S1 у их реверсивных мутантов K547T и Y655H в клетках-продуцентах вируса. Важно отметить, что мутация H655Y также определяет низкую фузогенность и повышенную зависимость от пути проникновения в эндосомы других субвариантов Omicron, включая BA.2, BA.2.12.1, BA.4/5 и BA.2.75. Вместе эти результаты раскрывают механизмы, управляющие проникновением субвариантов Omicron, и дают представление об измененном тропизме к тканям у Omicron.

Nature . 2023 Jan 11.

doi: 10.1038/s41586-023-05697-2.

Spike and nsp6 are key determinants of SARS-CoV-2 Omicron BA.1 attenuation

Спайк и nsp6 являются ключевыми детерминантами аттенуации SARS-CoV-2 Omicron

BA.1

Da-Yuan Chen, Chue Vin Chin, Devin Kenney , и др.

Создан химерный рекомбинантный SARS-CoV-2, кодирующий ген S Omicron (линия BA.1) на основе предкового изолята SARS-CoV-2, и этот вирус сравнили с циркулирующим в природе вариантом Omicron. Вирус, несущий Omicron S, надежно избежал индуцированного вакциной гуморального иммунитета, в основном из-за мутаций в рецептор-связывающем мотиве (RBM), но, в отличие от встречающегося в природе Omicron, эффективно реплицировался в клеточных линиях и клетках дистальных отделов легких. Точно так же у мышей K18-hACE2, хотя вирус, несущий Omicron S, вызывал менее тяжелое заболевание по сравнению с наследственным вирусом, он не смог достичь уровня аттенуации Omicron. Дальнейшее исследование показало, что мутации nsp6 в дополнение к S было достаточно, чтобы воспроизвести аттенуированный фенотип Omicron. Это указывает на то, что в то время как ускользание Omicron от вакцины обусловлено мутациями в S, его патогенность определяется мутациями как внутри, так и вне S.