

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 Российский научно-исследовательский противочумный институт «Микроб»  
Роспотребнадзора, Саратов, Российская Федерация*

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, Бурунди, Буркина-Фасо, Великобритания, Венесуэла, Венгрия, Виргинские Острова (США), Вьетнам, Гана, Гаити, Гамбия, Гайана, Гваделупа, 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, Коста-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 Каледония, Никаргуа, Оман, ОАЭ, Пакистан, Палестина, Панама, Палау, Парагвай, Папуа-Новая Гвинея, Перу, Португалия, Польша, Пуэрто-Рико, Реюньон, Республика Конго, Республика Сейшельские Острова, Республика Гвинея-Бисау, Респблика Вануту, Румыния, Россия, Руанда, Сальвадор, Сен-Мартен, Синт-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, Синт-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 пролучили субварианты Omicron BQ.1 и BA.2.75, составив 31,4 % от всех секвенированных и загруженных вариантов Omicron в базу данных GISAIG (Рис. 1)

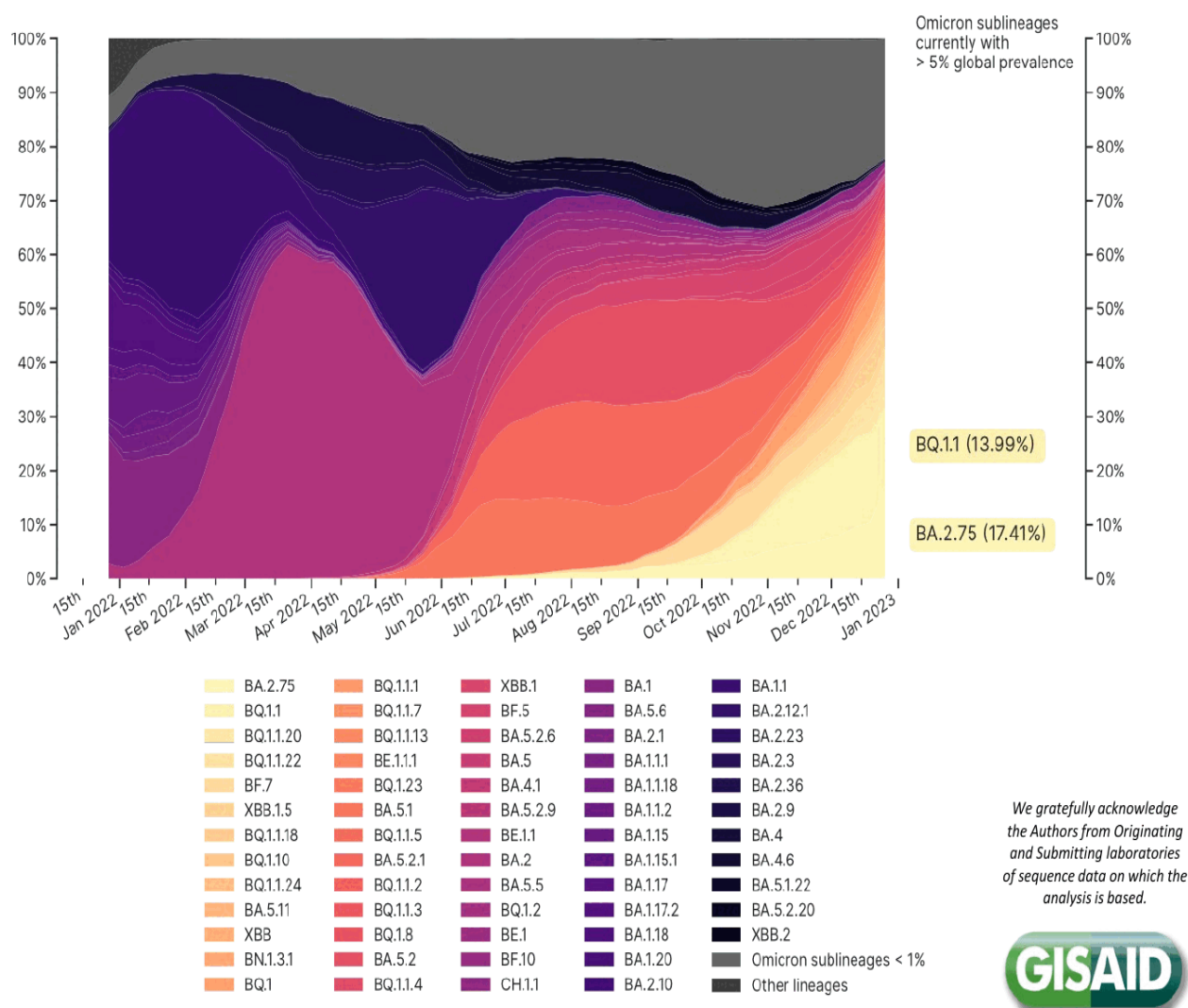
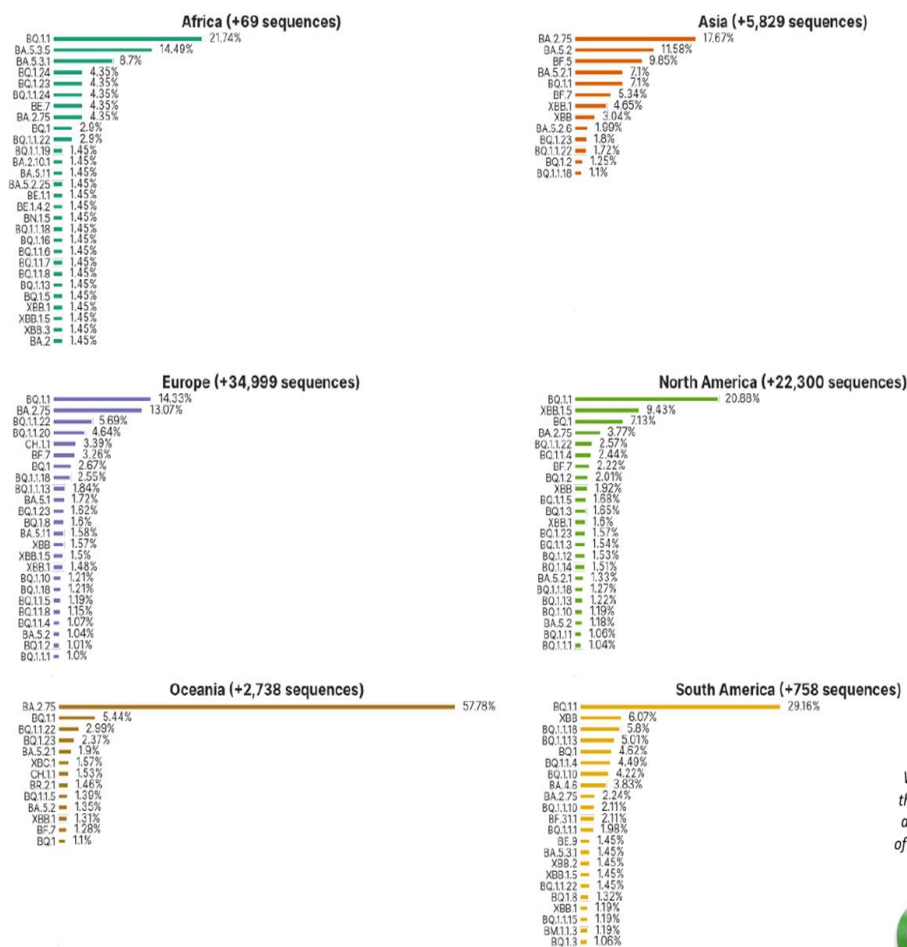


Рис. 1 Распространение субвариантов Omicron в мире (на 10.01.2023 г.)

За последние 4 недели в структуре Omicron доминировали следующие субварианты: в странах Океании – BA.2.75 (57,78 % от всех депренированных 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.2.7.5 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).

AY.46	+1.3%	+0.0%	+0.0%	+0.0%	+0.0%	+0.0%
BA.2.10.1	+1.1%	+0.4%	-0.0%	-0.1%	-0.0%	-0.2%
BA.2.75	-5.9%	+8.0%	+7.2%	+15.9%	+0.2%	+0.4%
BA.4.1	-1.1%	-0.0%	+0.0%	-0.0%	-0.0%	-0.1%
BA.4.1.8	-1.1%	+0.0%	-0.0%	+0.0%	-0.0%	+0.0%
BA.4.6	-0.2%	-0.1%	-0.3%	-0.2%	-1.0%	+1.7%
BA.5.1	+0.0%	-0.8%	-1.0%	-1.0%	-0.9%	-0.8%
BA.5.11	-4.2%	-0.0%	+0.8%	-0.1%	+0.0%	+0.1%
BA.5.2	-0.3%	-1.2%	-2.6%	-2.1%	-1.6%	-0.4%
BA.5.2.1	-0.5%	-4.1%	-1.3%	-2.3%	-2.0%	-0.5%
BA.5.2.25	+1.3%	-0.0%	-0.1%	+0.0%	-0.0%	+0.0%
BA.5.3.1	+4.9%	-0.0%	-0.0%	-0.1%	+0.0%	-2.9%
BA.5.3.5	+7.6%	+0.0%	+0.0%	-0.0%	-0.0%	+0.0%
BE.1.1	+1.3%	-0.1%	-0.2%	-0.1%	-0.2%	+0.3%
BE.1.4.2	+1.4%	-0.0%	-0.0%	+0.0%	-0.1%	-0.0%
BE.5	-5.0%	-0.0%	-0.0%	+0.0%	+0.0%	-1.2%
BE.7	-3.0%	+0.0%	+0.0%	-0.0%	-0.0%	-0.1%
BE.8	-2.4%	-0.0%	-0.0%	+0.2%	-0.0%	-0.1%
BE.9	+0.0%	-0.0%	+0.1%	+0.1%	+0.1%	-1.5%
BF.5	+0.0%	-7.9%	-0.5%	-0.6%	-0.1%	-0.0%
BF.7	-0.3%	+1.9%	-3.4%	-0.5%	-0.7%	-0.4%
BM.1.1.3	-0.2%	-0.0%	-0.0%	+0.0%	+0.0%	+1.1%
BN.1.2	-1.1%	+0.2%	+0.1%	+0.1%	-0.0%	+0.1%
BN.1.5	+1.3%	+0.0%	+0.0%	+0.0%	-0.0%	-0.0%
BQ.1	-2.0%	+0.1%	-0.7%	-0.2%	-1.4%	+2.1%
BQ.1.1	+5.2%	+1.6%	-1.2%	-0.9%	+4.9%	+6.8%
BQ.1.1.10	-0.3%	+0.0%	+0.1%	-0.0%	+0.7%	+1.5%
BQ.1.1.13	+0.0%	+0.1%	+0.8%	+0.2%	+0.2%	+2.8%
BQ.1.1.18	+0.7%	-0.5%	-0.7%	+0.0%	+0.0%	+3.2%
BQ.1.1.19	+1.3%	-0.0%	+0.1%	-0.2%	-0.0%	-0.1%
BQ.1.1.20	+0.0%	-0.0%	+3.0%	+0.0%	-0.0%	+0.0%
BQ.1.1.22	+2.0%	+1.0%	+2.2%	+0.6%	+0.8%	+0.2%
BQ.1.1.24	+3.9%	+0.1%	+0.3%	+0.2%	+0.0%	+0.1%
BQ.1.1.28	-4.4%	+0.3%	+0.2%	-0.0%	-0.1%	+0.0%
BQ.1.1.4	-0.2%	-0.0%	-0.2%	+0.2%	+0.3%	+1.7%
BQ.1.1.6	+1.4%	+0.1%	+0.1%	-0.0%	+0.0%	-0.9%
BQ.1.10	-0.3%	+0.3%	+0.1%	+0.2%	+0.0%	+3.1%
BQ.1.11	-0.2%	+0.1%	-0.0%	-0.5%	-0.2%	-1.0%
BQ.1.13	+1.3%	+0.1%	+0.2%	+0.0%	+0.1%	-0.1%
BQ.1.16	+1.4%	+0.1%	-0.0%	-0.1%	-0.0%	+0.1%
BQ.1.23	+3.2%	+0.5%	+0.2%	-0.4%	-0.2%	-0.6%
BQ.1.24	+3.9%	+0.0%	-0.0%	+0.0%	+0.0%	+0.0%
BQ.1.8	-4.2%	+0.3%	-0.0%	-0.3%	-0.0%	+0.4%
BR.2.1	+0.0%	-0.0%	+0.0%	+1.2%	-0.0%	+0.1%
CH.1.1	-0.2%	-0.7%	+1.3%	-2.5%	-0.2%	+0.1%
DJ.1.1	+0.0%	-0.0%	-0.0%	+0.0%	-0.0%	-2.2%
DL.1	+0.0%	+0.0%	-0.0%	+0.0%	-0.1%	-3.9%
XBB	-1.1%	+1.9%	+1.0%	-0.2%	+1.5%	+0.8%
XBB.1	-2.6%	-0.2%	-0.6%	-0.9%	-1.3%	-0.4%
XBB.1.5	+1.4%	+0.7%	+1.4%	+0.2%	+7.2%	+1.4%
XBB.2	-0.6%	-0.6%	-0.1%	-0.3%	-0.3%	-9.4%
Africa						
Asia						
Europe						
Oceania						
North America						
South America						

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 раст 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.\*) в базе GISAID**

<b>Страна</b>	<b>Учреждение, проводившее секвенирование</b>	<b>Количество депонированных геномов Omicron (B.1.1.529)</b>	<b>В том числе количество геномов Omicron, депонированных за последние 4 недели (17.12.2022 г. – 13.01.2023 г.)</b>	<b>Процент геномов, относящихся к варианту Omicron (B.1.1.529). депонированных за последние 4 недели</b>
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/Clinica 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 Departament, 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)	Landspítali 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)	Incienza, 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 Epidemiológicos (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 Communication 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 Salud Perú	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 заболеваемости)	Naval Medical Research Center Biological Defense Research Directorate	506	0	0,0
Республика Кирибати (стабилизация заболеваемости)	Microbiological Diagnostic Unit - Public Health Laboratory (MDU-PHL)	136	0	0,0
Республика Конго (стабилизация заболеваемости)	Institute of Tropical Medicine	164	0	0,0
Республика Мадагаскар (стабилизация заболеваемости)	Virology Unit, Institut Pasteur de Madagascar	57	0	0
Республика Никарагуа (стабилизация заболеваемости)	MSHS Pathogen Surveillance Program	165	0	0,0
Республика Сальвадор (стабилизация заболеваемости)	Genomics and Proteomics Department, Gorgas Memorial Institute For Health Studies	298	0	0,0
Республика Чад (стабилизация заболеваемости)	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 заболеваемости)	WHO National Influenza Centre Russian Federation. Center for Precision Genome Editing and Genetic Technologies for Biomedicine, Pirogov Medical University, Moscow, Russian Federation. Federal Budget Institution of Science, State Research Center for Applied Microbiology & Biotechnology. Group of Genetic Engineering and Biotechnology, Federal Budget Institution of Science ‘Central Research Institute of Epidemiology’ of The Federal Service 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
Сейшелы (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)	Department 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 заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	1499	9	100,0
Французская Полинезия (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	13	0	0,0
Хорватия (стабилизация заболеваемости)	Croatian Institute of Public Health	21573	0	0,0
ЦАР (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Sequencing Lab, National Institute for Biomedical Research(INRB)	32	0	0,0
Черногория (стабилизация 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 заболеваемости)	Instituto de Salud Publica de Chile	20594	393	99,5
Швейцария (стабилизация 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 (стабилизация заболеваемости)	Centre for Dengue Research and AICBU, Department of Immunology and Molecular Medicine	1125	0	0,0
Эквадор (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Investigaciónes Salud Pública, INSPI	4625	140	99,3
Экваториальная Гвинея (стабилизация заболеваемости)	Swiss Tropical and Public Health Institute	2	0	0,0
Эсватини (стабилизация 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 распространенностью 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 распространенность 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 подлиниями Omicron. Предварительные лабораторные исследования ускользания от антител показывают, что XBB.1.5 имеет более высокий уровень отклонения 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 характеристик 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 устранить неопределенности, связанные с преимуществами распространения, ускользанием от антительного ответа и тяжестью болезни, вызванной ХВВ.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 ХВВ.1.5 (1-3 недели).
- Исследования нейтрализации с использованием репрезентативной человеческой сыворотки из пораженного сообщества (сообществ) и живых изолятов вируса ХВВ.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 ХВВ.1.5

	Показатель	Уверенность в точности оценки риска
<b>Преимущество роста и распространения</b>	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
<b>Ускользание от антительного ответа</b>	Наряду с вариантами BQ.1*, варианты ХВВ* на сегодняшний день являются наиболее устойчивыми к антителам вариантами. При помощи тестов нейтрализации псевдотипированного вируса, показано, что ХВВ.1.5 в равной степени уклоняется от иммунитета, как и ХВВ.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 ХВВ.1.5. В настоящее время нет данных о реальной эффективности вакцины в мире в отношении предотвращения тяжелой формы болезни или смерти.	На среднем уровне
<b>Тяжесть течения болезни и</b>	Нет данных. Оценка тяжести течения болезни продолжается.	Низкая

<b>клинические аспекты</b>	ХВВ.1.5 не содержит никаких известных мутаций, связанных с потенциальным изменением тяжести заболевания (например, таких как S:P681R).	
<b>Оценка рисков</b>	На основании генетических характеристиках и ранних оценках преимущества распространения, ХВВ.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**

	<b>Экспресс-показатели: 0-4 недели</b>	<b>Уровень доверия к оценке рисков</b>		
		<b>Низкий</b>	<b>Средний</b>	<b>Высокий</b>
<b>Преимущество роста и распространения</b>	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.
<b>Ускользание от иммунного ответа</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>Оценка геномной (прогностической) и структурной биологии</li> <li>Нейтрализация псевдовируса с использованием сывороток вакцинированных лиц или результатов серологических обследований предварительно отобранного населения</li> <li>Частота повторного заражения через когортное исследование или систему эпиднадзора</li> <li>Сигналы от исследований вспышек (быстрая ЭВ маловероятна к 28 дню, поэтому</li> </ul>	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).			
<b>Тяжесть течения болезни и клинические аспекты</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Изменение скользящей метрики эпиднадзора для тяжести течения болезни синхронизировано с увеличением числа случаев, вызванных вариантом, например</li> <li>• Коэффициент инфекционной госпитализации</li> <li>• Показатели сети дозорных больниц (например, эпиднадзор за тяжелыми острыми респираторными инфекциями)</li> <li>• Сравнение тенденций госпитализации с предыдущими вариантами</li> <li>• Изменение демографического профиля госпитализированных</li> <li>• Изменение клинического фенотипа</li> <li>• проблемы с тестированием/терапией</li> </ul>	Один показатель, одна страна	Несколько показателей, одна страна ИЛИ один и тот же метод в нескольких странах	Несколько показателей, несколько стран в нескольких регионах
<b>Оценка рисков</b>	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 эндосомы. 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.