

**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 21.01.2023 г. по 27.01.2023 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 21 по 27 января 2023 г.

На сегодняшний день в базе данных GISAID всего представлено 14 746 873 генома вируса SARS-COV-2. За анализируемую неделю размещено еще 94 579 геномных последовательностей (за предыдущую неделю – 82 900).

В мире странами – лидерами по количеству депонированных геномных последовательностей вируса SARS-CoV-2 остаются США – (4 520 610 геномов – 30,7% от всех размещенных в GISAID) и Великобритания (3 015 204 – 20,4 %).

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, называемая «подштаммы «Омикрон» под наблюдением», к которой отнесены подварианты BF.7, BQ.1, BA.2.75, XBB.

Циркуляция вируса SARS-COV-2 геноварианта Omicron зарегистрирована в 218 странах (по данным СМИ на 20.01.2023 г.).

Вариант Omicron (B.1.1.529+BA.*)

Всего депонировано 7 250 772 генома варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 81 754 геномные последовательности – 98,6 % от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-COV-2 (за предыдущую неделю – 94 662 генома – 98,0 % соответственно).

Российскими лабораториями всего размещено 65 058 геномных последовательностей вируса SARS-COV-2, в том числе варианта Omicron – 39 294 генома.

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.

За прошедшие 4 недели только 70 стран (33,7 %) дополнили данные о размещенных ранее геномных последовательностях Omicron в GISAID.

BA.5 и его потомки по-прежнему доминируют в мире, на них приходится около 70,0 % от всех представленных в GISAID. Около 40,0 % геномных последовательностей, депонированных в GISAID из Российской Федерации представлена линией BA.5.

Динамика распределения подлиний вариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID представлена на рисунке 1.

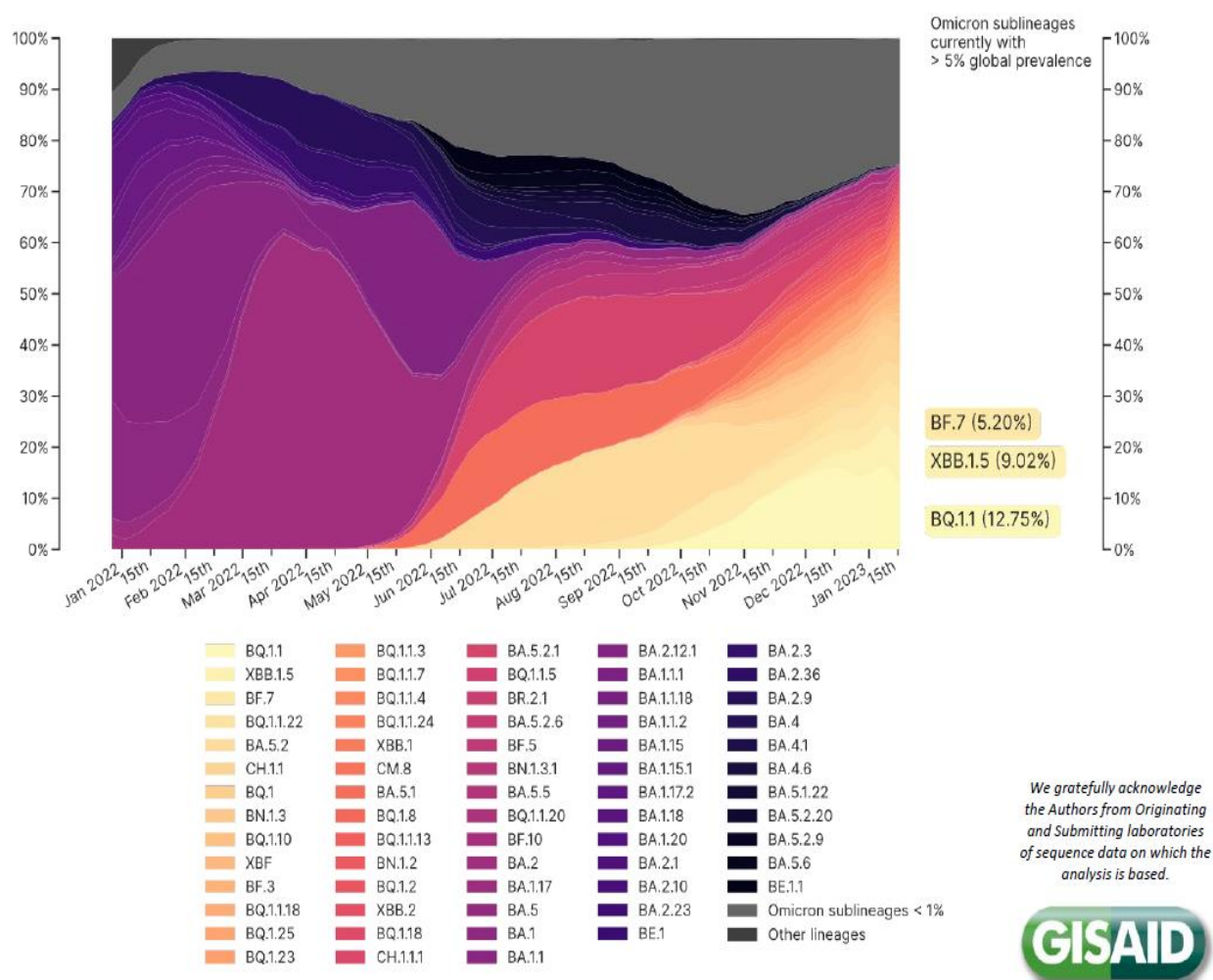
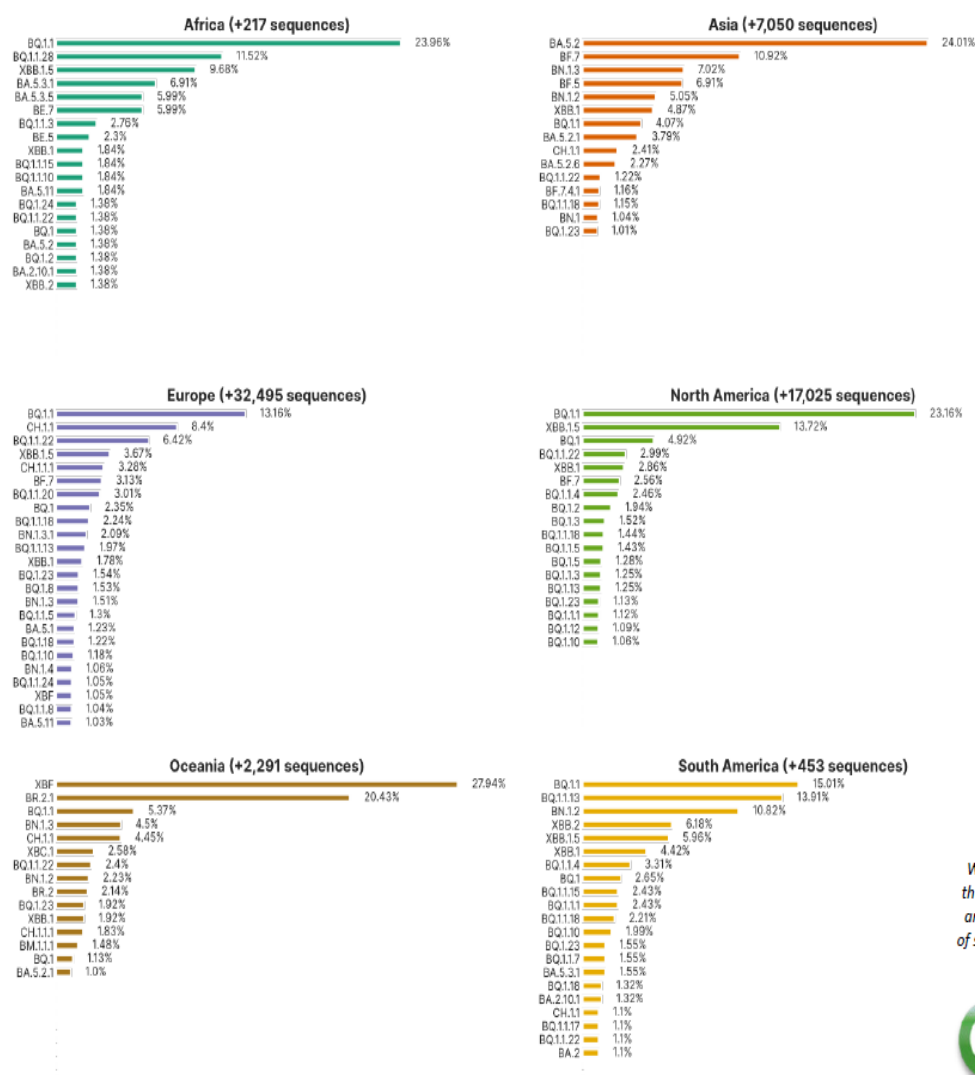


Рис. 1 Распространение субвариантов Omicron в мире (по состоянию на 24.01.2023 г.)

Динамика вариантов различается в зависимости от регионов ВОЗ. За последние 4 недели доминировали следующие субварианты Omicron: в странах Африки – BQ.1.1, BQ.1.1.28, XBB.1.5, BA.5.3.1 (50,77% от всех депонированных вариантов Omicron), Океании – XBF, BR.2.1 (48,37 %), Южной Америки – BQ.1.1, BQ.1.1.13, BN.1.2 (39,79 %), Азии – BA.5.2, BF.7, BN.1.3 (41,95 %), Северной Америки – BQ.1.1, XBB.1.5 (36,88 %), Европы – BQ.1.1, CH.1.1, BQ.1.1.22 (27,98 %) (Рис. 2).



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



Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в регионах мира за 4 недели (с 27.12.2022 г. по 24.01.2023 г.).

В сравнении с предыдущими 4 неделями во всех регионах отмечен рост удельного веса субвариантов XBB.1.5 (Рис. 3).

По состоянию на 27 января 2023 г. в базу данных GISAID EpiCoV было депонировано 14 056 последовательностей, относящихся к XBB.1.5 из 56 стран (на предыдущей неделе – 51 страна). Доля геномов размещенных лабораториями США составила 78,7 %.

По данным CDC на неделе с 15 по 21 января 2023 г. в США случаи заболевания COVID-19, вызванные субвариантом XBB.1.5 составили 49,1 % (по сравнению с 43,0% недель ранее) от всех зарегистрированных, BQ.1.1 – 26,9 % (28,8 % недель ранее), BQ.1 – 13,3 % (15,9 % недель ранее).

По данным опубликованным на сайте ECDC в странах Европы с адекватным объемом секвенирования или генотипирования оценочное распределение XBB.1.5 составило 2,7% (1,4–5,6%), BQ.1 – 56,7% (48,4–76,0%), BA.5 – 17,8% (11,3–76,9%),

BA.2.75 – 15,6% (6,6–27,8%), XBB – 2,7% (1,4–5,6%), BA.2 – 1,2% (0,3–15,3%), BA.4 – 0,2% (0,1–0,9%, 66 обнаружений из восьми стран).

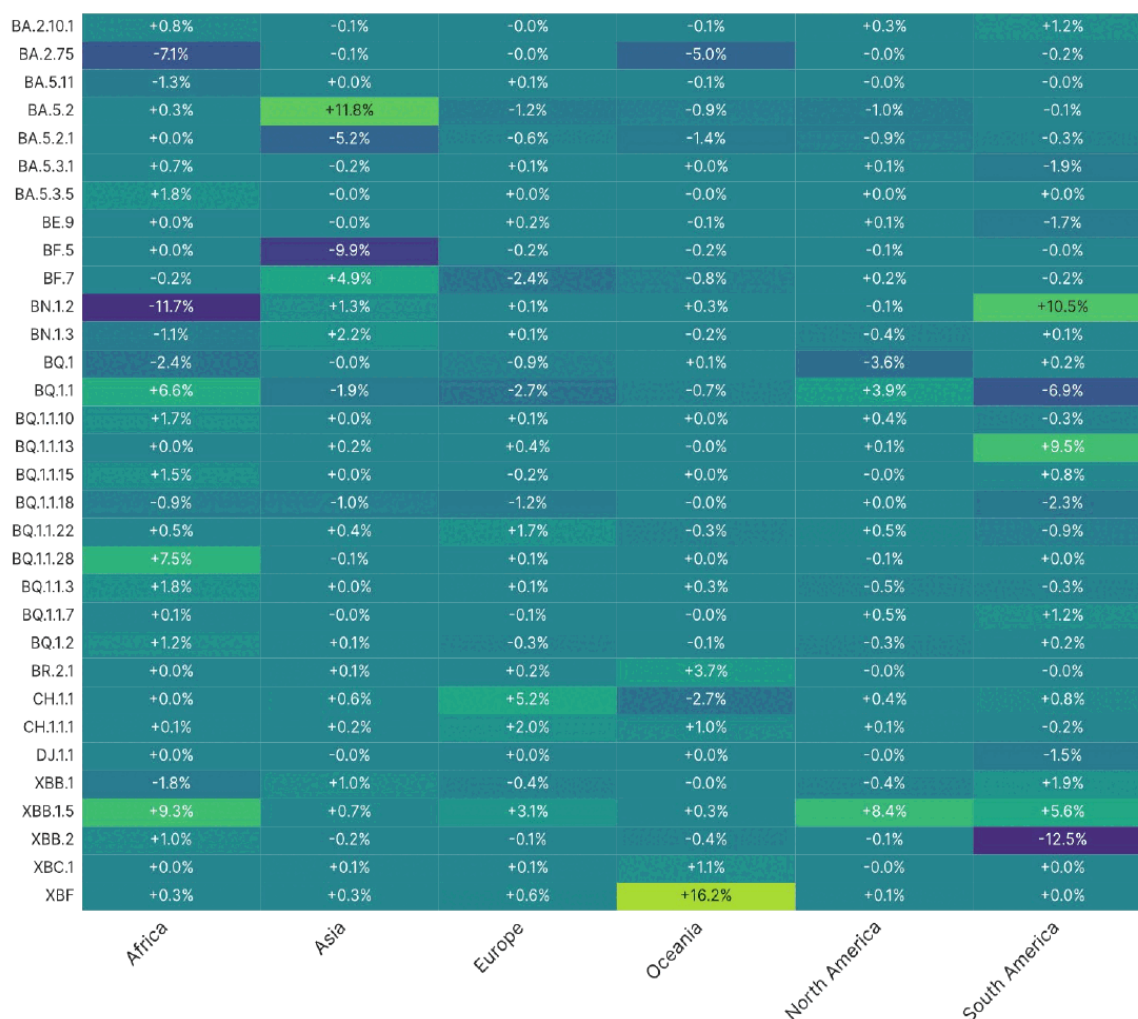


Рисунок 3 Изменение доли субвариантов Omicron в регионах мира за периоды с 29 ноября по 27 декабря 2022 г и с 27 декабря 2022 г. 24 января 2023 г.

В настоящее время ВОЗ отслеживает четыре субварианта Omicron, находящихся под наблюдением. По состоянию на 27 января 2023 г., в базу данных GISAID было загружено:

- 62 176 геномных последовательностей субварианта BF.7 из 103 стран;
- 40 131 геном субварианта BQ.1 из 129 стран;
- 85 325 геномов субварианта BA.2.75 из 106 стран;
- 2 558 геномов субварианта XBB из 103 стран

BF.7 был впервые обнаружен 13 мая 2022 г. в Бельгии. Сходимость мутаций белка spike, обнаруженных в BF.7, представляет интерес из-за их способности избегать терапии нейтрализующими антителами. За последние 4 недели BF.7 составил 27,0 % от всех секвенированных образцов в Гонконге, 26,0 % – в Китае, 12% – в Германии, 11,0 % – в Японии.

BQ.1 входит в число более 300 сублиний варианта Omicron. Распространенность BQ.1 составляет: США – 34,0 %, Франция – 17,0 %, Великобритания – 7,0 %, Канада – 7,0 %, Испания – 3,0 %.

За последние 4 недели доля BQ.1 от числа секвенированных образцов из Норвегии составила 19 %, Бельгии – 13,0 %, США – 7,0 %.

Распространенность BA.2.75. в мире составляет в Индии 70,0 %, США – 6,0 %, Канаде – 3,0%, Великобритании – 3,0%, Австралии – 3,0%.

XBB, рекомбинант BA.2.10.1 и BA.2.75, впервые обнаружен в августе 2022 г. За все время больше всего геномов депонировано из Индии – 19,7% и Филиппин – 15,5 %).

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.

Таблица 1 – Количество депонированных геномов вариантов вируса SARS-CoV-2 Omicron (B.1.1.529+BA.*) 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 (24.12.2022 г. – 20.01.2023 г.)	Процент геномов, относящихся к варианту Omicron (B.1.1.529). депонированных за последние 4 недели
Австралия (стабилизация заболеваемости)	NSW Health Pathology – Institute of Clinical Pathology and Medical Research; Westmead Hospital; University of Sydney	127662	1552	99,9
Австрия (стабилизация заболеваемости)	Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	150628	4500	100,0
Азербайджан (стабилизация 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 (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional Enfermedades Infecciosas C.G.Malbran	6072	25	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	13	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	1996	6	100,0
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	87814	527	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)	1051	12	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	3290	11	91,7
Бразилия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Adolfo Lutz, Interdisciplinary Procedures Center, Strategic Laboratory	91247	138	100,0
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)	4330	84	98,8
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.	1383341	11550	99,9
Венгрия (стабилизация заболеваемости)	National Laboratory of Virology, Szentágothai Research Centre	122	0	0,0
Венесуэла (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio de Virología Molecular	393	0	0,0
Вьетнам (стабилизация заболеваемости)	National Influenza Center, National Institute of Hygiene and Epidemiology(NIHE)	5217	0	0,0

Габон (стабилизация заболеваемости)	Centre de recherches médicales de Lamba-réné(CERMEL)	2	0	0,0
Гаити (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire National de Santé Publique – LNSP(HAITI – LNSP)	76	0	0,0
Гайана (стабилизация 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	1765	2	100,0
Гваделупа (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	588	0	0,0
Гватемала (стабилизация заболеваемости)	Asociación de Salud Integral/Clínica Familiar Luis Ángel García	2506	98	100,0
Гвинея (стабилизация заболеваемости)	Centre de Recherche et de Formation en Infectiologie Guinée	436	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.	511281	1049	99,1
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 (снижение заболеваемости)	Hong Kong Department of Health	11218	88	100,0
Греция (стабилизация заболеваемости)	Greek Genome Center, Biomedical Research Foundation of the Academy of Athens(BRFAA)	14102	29	100,0
Грузия (стабилизация заболеваемости)	Department for Virology, Molecular Biology and Genome Research, R. G. Lugar Center for Public Health	1613	0	0,0

	Research, National Center for Disease Control and Public Health(NCDC) of Georgia.			
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.	347718	8004	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	1320	35	100,0
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	109337	598	99,0
Индия (стабилизация заболеваемости)	Department of Neurovirology, National Institute of Mental Health and Neurosciences(NIMHANS).CSIR–Centre for Cellular and Molecular Biology	124084	293	94,2
Индонезия (стабилизация заболеваемости)	National Institute of Health Research and Development	33343	190	95,5

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	381	0	0,0
Иран (стабилизация заболеваемости)	National Reference Laboratory for COVID-19, Pasteur Institute of Iran	1921	36	100,0
Ирландия (стабилизация заболеваемости)	National Virus Reference Laboratory	50791	950	100,0
Исландия (стабилизация заболеваемости)	Landspítali Department of Clinical Microbiology	2994	232	100,0
Испания (стабилизация заболеваемости)	Hospital Universitario 12 de Octubre	93285	783	100,0
Италия (стабилизация заболеваемости)	Army Medical Center, Scientific Department, Virology Laboratory	72862	1468	98,7
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	1779	29	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	237571	6710	100,0
Катар (снижение заболеваемости)	Biomedical Research Center(BRC), Qatar University / Qatar Genome Project(QGP)	1524	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 (снижение заболеваемости)	National Institute for Viral Disease Control and Prevention	2037	277	100,0

Колумбия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Salud– Dirección de Investigación en Salud Pública	12165	1	20,0
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	6723	39	100,0
Кот Д'Ивуар (стабилизация заболеваемости)	Molecular diagnostic unit for viral haemorrhagic fevers and emerging viruses, Bouaké CHU Laboratory	193	1	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)	1132	11	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 (стабилизация 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	21	100,0

Лихтенштейн (стабилизация заболеваемости)	Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	1367	18	100,0
Люксембург (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire national de santé, Microbiology, Microbial Genomics Platform	31559	694	100,0
Макао (стабилизация заболеваемости)	Centro de Sequenciamento Genômico	1	0	0,0
Маврикий (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	5042	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	362	0	0,0
Малайзия (стабилизация заболеваемости)	Institute for Medical Research, Infectious Disease Research Centre, National Institutes of Health, Ministry of Health Malaysia	26421	125	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	7	100,0
Мартиника (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	1377	13	100,0
Мексика (снижение заболеваемости)	Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos (INDRE)	35649	46	100,0

Мозамбик (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform, South Africa	423	0	0,0
Молдавия (стабилизация заболеваемости)	ONCOGENE LLC	570	13	100,0
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	0	0,0
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)	65852	1044	99,9
Новая Зеландия (снижение заболеваемости)	Institute of Environmental Science and Research(ESR)	24587	0	0,0
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	31870	48	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	2582	25	92,6
Палау (стабилизация заболеваемости)	Can Ruti SARS-CoV-2 Sequencing Hub (HUGTiP/Ir-siCaixa/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	2899	0	0,0
Папуа Новая Гвинея (стабилизация заболеваемости)	Queensland Health Forensic and Scientific Services	924	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	26991	5	100,0
Польша (стабилизация заболеваемости)	genXone SA, Research & Development Laboratory	41186	153	100,0
Португалия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Saude(INSA)	19853	91	100,0
Пуэрто Рико (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	11138	67	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 Departament, 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 (рост 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 Biotechnology VECTOR, Department of Collection of Microorganisms.	39272	1	100,0
Руанда (стабилизация заболеваемости)	GIGA Medical Genomics	197	0	0,0
Румыния (стабилизация заболеваемости)	National Institute of Infectious Diseases–Prof. Dr. Matei Bals Molecular Diagnostics Laboratory	9581	11	100,0
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	84	4	100,0
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	18238	1040	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)	844	7	100,0
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	32474	329	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.	2108549	10151	99,8
Сьерра–Леоне (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Reference Laboratory	1	0	0,0
Таиланд (стабилизация заболеваемости)	COVID–19 Network Investigations(CONI) Alliance	22930	9	100,0
Тайвань (стабилизация заболеваемости)	Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision Medicine	2259	29	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	2163	59	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	223	100,0
Уганда (стабилизация заболеваемости)	MRC/UVRI & LSHTM Uganda Research Unit	421	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"	1082	0	0,0
Узбекистан (стабилизация 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	12476	0	0,0
Финляндия (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Faculty of Medicine, University of Helsinki	19260	386	100,0
Франция (снижение заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	327844	1980	98,9
Французская Гвиана (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	1499	0	0,0
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	21928	96	100,0
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	379	0	0,0
Чехия (стабилизация заболеваемости)	The National Institute of Public Health	31654	57	100,0
Чили (снижение заболеваемости)	Instituto de Salud Publica de Chile	20822	318	99,4
Швейцария (стабилизация заболеваемости)	Department of Biosystems Science and Engineering, ETH Zürich.	51717	428	100,0

Швеция (стабилизация заболеваемости)	The Public Health Agency of Sweden	88180	1151	100,0
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 Investigación en Salud Pública, INSPI	4625	72	98,6
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.	22011	96	100,0
Южная Корея (снижение заболеваемости)	Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency	79282	1628	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 (снижение заболеваемости)	Pathogen Genomics Center, National Institute of Infectious Diseases	340476	3532	100,0

ВОЗ, еженедельное эпидемиологическое обновление № 127 от 25 января 2023

Варианты SARS-CoV-2, вызывающие обеспокоенность (VOC), и субварианты Omicron, находящиеся под наблюдением (VOI)

Географическое распределение и распространенность

Во всем мире с 23 декабря 2022 г. по 23 января 2023 г. в GISAID передано 78505 последовательностей SARS-CoV-2. Среди них 78463 последовательности представляли вариант Omicron, что составляло более 99,9% последовательностей, зарегистрированных во всем мире последние 30 дней.

Субвариант омикрон BA.5 и его потомки по-прежнему доминируют. На первой неделе (со 2 по 8 января 2023 г.) на их долю приходилось 68,1% (с 12 000 последовательностей) всех последовательностей, отправленных в GISAID. Распространенность BA.2 и его потомков растет, и эта тенденция основана на 2824 последовательностях (16,0%), представленных во всем мире на 1-й неделе, по сравнению с 14,5% на 52-й неделе (с 26 декабря 2022 г. по 1 января 2023 г., 4685 последовательностей). Распространенность рекомбинантов оставалась стабильной: на 1-й неделе было представлено 1777 последовательностей (10,1%), по сравнению с 52-й неделей (3472 последовательности, 10,7%). BA.4 и его потомки также оставались стабильными, с распространенностью 0,4% на 1-й неделе по сравнению с 0,5% на 52-й неделе. Неназначенные последовательности (предположительно Omicron) составляют 5,4% последовательностей, отправленных в GISAID на 1-й неделе.

В настоящее время ВОЗ внимательно следит за четырьмя потомками Omicron. Эти варианты включены на основании сигналов о преимуществе передачи по сравнению с другими циркулирующими вариантами и дополнительных аминокислотных замен, которые, как известно или предполагается, обеспечивают их преимущество в приспособленности. Наблюдаемые подварианты: BF.7 (мутация BA.5 + R346T в шипе), BQ.1* (и BQ.1.1, с мутациями BA.5 + R346T, K444T, N460K в шипе), BA.2.75* (включая BA.2.75.2 и CH.1.1) и XBB* (включая XBB.1.5), где * указывает на всех потомков сублинии.

ВОЗ по рекомендации Технической консультативной группы по эволюции вирусов (TAG-VE) обновила глобальную экспресс-оценку риска для XBB.1.5 (табл. 2). XBB.1.5 является потомком XBB, который представляет собой рекомбинант двух потомков BA.2. Во всем мире с 22 октября 2022 г. по 23 января 2023 г. сообщалось о 8931 последовательности генома варианта Omicron XBB.1.5 из 54 стран (исключая последовательности с низким охватом). Большинство зарегистрированных последовательностей происходят из Соединенных Штатов Америки (75,0%). Другие страны, сообщающие о XBB.1.5, включают Великобританию (9,9%), Канаду (3,0%), Данию (2,0%), Германию (1,5%), Австрию (1,3%) и Ирландию (1,3%). По сравнению с началом января 2023 г., когда ВОЗ опубликовала первую экспресс-оценку риска XBB.1.5, все больше стран сообщают об увеличении распространенности XBB.1.5. Вариант XBB.1.5 имеет преимущество роста по сравнению с другими циркулирующими потомками Omicron, основываясь на отчетах из Соединенных Штатов Америки, Соединенного Королевства и Европейского центра профилактики и контроля заболеваний (ECDC), оценивающих XBB.1.5 по ряду страны в Европе. Предварительные лабораторные исследования по ускользанию от антител показывают, что XBB.1.5 имеет более высокий уровень ускользания от иммунного ответа, чем линии потомков Omicron до XBB у лиц, вакцинированных тремя дозами мРНК-вакцины, даже несмотря на то, что нейтрализация была восстановлена бивалентной ревакцинацией.

Эти результаты еще предстоит подтвердить в исследованиях эффективности вакцин. Судя по отчетам нескольких стран, не наблюдалось никаких ранних сигналов об увеличении тяжести, однако число случаев, связанных с ХВВ.1.5, все еще невелико, поэтому оценить ее степень затруднительно.

После совещания Технической консультативной группы ВОЗ по эволюции вирусов (TAG-VE) 23 января 2023 г. ВОЗ перевела уровень достоверности оценки риска для ХВВ.1.5 с «Низкого» (оценка от 11 января 2023 г.) на «Умеренный» (оценка от 25 января 2023 г.) с учетом дополнительных отчетов из стран по распространенности и преимуществу роста, а также лабораторных исследований.

ВОЗ и TAG-VE рекомендуют государствам-членам уделить первоочередное внимание следующим исследованиям, чтобы эффективно устранить неопределенности, связанные с преимуществами роста, ускользанием от антительного иммунного ответа и тяжестью инфекции, вызванной ХВВ.1.5. Предлагаемые сроки являются ориентировочными и будут варьироваться от одной страны к другой в зависимости от национальных возможностей:

- Реакции нейтрализации с использованием сыворотки пациентов, которая является репрезентативной для пораженного сообщества (сообществ) и живых изолятов вируса ХВВ.1.5 (2–4 недели).
- Сравнительная оценка для выявления изменений скользящих или специальных показателей тяжести течения болезни (см. таблицы ниже).

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

Таблица 2 Оперативная оценка риска ХВВ.1.5, 25 января 2023 г.

	Показатель	Уверенность в точности оценки риска
Преимущество роста и распространения	<p>В Соединенных Штатах Америки ХВВ.1.5 все чаще встречается во многих регионах (прогнозируется, что распространенность ХВВ.1.5 в некоторых регионах составит 80%, а в других - 20-50%). В Соединенном Королевстве Великобритании преимущество роста по сравнению с BQ.1.1 оценивается в 38,9% с высокой неопределенностью из-за небольшого числа секвенированных последовательностей ХВВ.1.5. Кроме того, Европейский CDC сообщил о росте случаев ХВВ.1.5 в нескольких странах, включая Исландию, где он находится на отметке 8,7% за вторую неделю 2023 года.</p> <p>Дополнительно, анализ <i>in silico</i> показал, что мутация S:F486S (имеющаяся у ХВВ.1) устраняет локальное гидрофобное взаимодействие с ACE-2, тогда как 486P (присутствующая у ХВВ.1.5) восстанавливает его. Замена аминокислоты на 486P способствует более высокой аффинности связывания ACE-2 и предполагает механизм, благодаря которому ХВВ.1.5 имеет более высокое преимущество роста по сравнению с его родительской линией ХВВ.1.</p>	На среднем уровне
Ускользание от антительного ответа	<p>С использованием тестов на нейтрализацию псевдотипированного вируса, было показано, что ХВВ.1.5 так же невосприимчив, как и ХВВ.1, один из подвариантов Omicron с самым высоким уровнем ускользания от иммунитета на сегодняшний день. Титры антител против ХВВ.1 по большей части не регистрировались у лиц с вакцинацией индексной вакциной в анамнезе (2-4 дозы), были выше у тех, кто недавно получил ревакцинацию бивалентной (BA.5) вакциной, и самые высокие у лиц с гибридным иммунитетом.</p> <p>В настоящее время нет данных о реальной эффективности вакцин против тяжелых форм болезни или смертельного исхода.</p>	На среднем уровне
Тяжесть течения болезни и клинические аспекты	<p>Оценка тяжести течения болезни в популяциях людей продолжается. Число случаев, связанных с ХВВ.1.5, все еще невелико, и, таким образом, клиническая тяжесть пока не может быть достоверно оценена.</p> <p>ХВВ.1.5 не содержит никаких известных мутаций, связанных с потенциальным изменением тяжести заболевания (например, таких как S:P681R).</p>	Низкая

Оценка рисков	На основании генетических характеристик и оценок преимущества распространения, ХВВ.1.5 может способствовать росту заболеваемости в мире. Имеются доказательства умеренного уровня достоверности в отношении повышенного риска передачи инфекции и ускользания от иммунитета. Судя по сообщениям нескольких стран, никаких ранних сигналов об усилении тяжести течения болезни не наблюдалось. Число случаев, связанных с ХВВ.1.5, все еще невелико, и, таким образом, степень тяжести еще не может быть достоверно оценена. В совокупности имеющаяся информация не предполагает, что ХВВ.1.5 создает дополнительные риски для здравоохранения по сравнению с другими циркулирующими в настоящее время линиями потомков варианта Омикрон.
----------------------	--

Структура оценки риска и индикаторы, используемые для оценки риска и уровень доверия с учетом имеющихся данных о ХВВ.1.5

	Экспресс-показатели: 0-4 недели	Уровень доверия к оценке рисков		
		Низкий	Средний	Высокий
Преимущество роста и распространения	Свидетельства о преимуществе роста, 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 быстрая ОР не может достигать высокого уровня доверия). 	Один индикатор (повторная инфекция, модель нейтрализации или структурная модель)	Два индикатора, включая данные о нейтрализации	[быстрая эффективность вакцинации]
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 • 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:

J Med Virol. 2023 Jan 24.

doi: 10.1002/jmv.28519. Online ahead of print.

Enhanced recombination among omicron subvariants of SARS-CoV-2 contributes to viral immune escape

Усиленная рекомбинация среди подвариантов SARS-CoV-2 omicron способствует ускользанию вируса от иммунитета

Rishad Shiraz , Shashank Tripathi

Авторы проанализировали последовательности генома SARS-CoV-2, собранные с ноября 2019 года по июль 2022 года. Они наблюдали необычайный рост появления рекомбинантных линий SARS-CoV-2 во время волны Омикрон, особенно в Северной Америке и Европе. Это явление не зависело от частоты секвенирования или генетического разнообразия циркулирующих штаммов SARS-CoV-2. Точки разрыва рекомбинации были более распространены в 3'-UTR вирусного генома. Важно отметить накопление замен некоторых аминокислот в шиповидном белке рекомбинантных линий, которые, как сообщалось, обеспечивают ускользание от нейтрализующих антител и в некоторых случаях увеличивают связывание рецептора ACE2. Они также наблюдали изменение аминокислоты I42V, генетически зафиксированное в NSP14 линии Omicron, которое нуждается в дальнейшей характеристике на предмет его потенциальной роли в усиленной рекомбинации. В целом, представлены важные и своевременные наблюдения ускоренной рекомбинации в циркулирующих в настоящее время вариантах SARS-CoV-2 Omicron.

Proc Natl Acad Sci U S A. 2023 Jan 31;120(5):e2212577120.

doi: 10.1073/pnas.2212577120. Epub 2023 Jan 24.

SARS-CoV-2 evolution influences GBP and IFITM sensitivity

Эволюция SARS-CoV-2 влияет на чувствительность к GBP и IFITM

Dejan Mesner, Ann-Kathrin Reuschl, Matthew V X Whelan

Авторы продемонстрировали интерферон-индуцируемые факторы рестрикции, гуанилат-связывающие белки (GBP) 2 и 5, препятствующие опосредованному фурином расщеплению шиповидного белка и ингибирующие инфекционность изолятов Wuhan-Hu-1 и VIC ранней линии. Напротив, VOCs Альфа и Дельта избегают рестрикции GBP2/5, которое сопоставляют с заменой D614G в шиповидном белке, присутствующей в этих VOCs. Несмотря на ингибирование расщепления шиповидного белка, эти вирусы оставались чувствительными к IFITM1 плазматической мембраны, но не к эндосомальным IFITM2 и 3, что согласуется с предпочтением зависящего от TMPRSS2 проникновения в плазматическую мембрану. Показано, что Омикрон уникален среди VOCs, будучи чувствительным к факторам рестрикции GBP2/5, а также IFITM1, 2 и 3. Используя мутанты с химерными шипами, авторы картировали фенотип Омикрона и показали, что домен S1 определяет чувствительность Омикрона к GBP2/5, тогда как домен S2' определяет его чувствительность к эндосомальному IFITM2/3 и предпочтительное использование не зависящего от TMPRSS2 проникновения. Предполагают, что эволюция SARS-CoV-2 в сторону за-

мены D614G позволила ускользнуть от рестрикционных факторов GBP, но селективное давление на Omicron в отношении спайковых изменений, которые опосредуют ускользание от антител и измененный тропизм, произошло за счет повышенной чувствительности к рестрикционным факторам врожденного иммунитета, нацеленным на проникновение вируса.

iScience. 2023 Jan 20;105981.

doi: 10.1016/j.isci.2023.105981. Online ahead of print.

Omicron Mutations Increase Interdomain Interactions and Reduce Epitope Exposure in the SARS-CoV-2 Spike

Мутации Omicron увеличивают междоменные взаимодействия и снижают воздействие эпитопов в пике SARS-CoV-2

Miłosz Wiecezór, Phu K Tang, Modesto Orozco, Pilar Cossio

Омикрон BA.1 — это высокоинфекционный вариант SARS-CoV-2, который несет более тридцати мутаций шиповидного белка по сравнению с уханьским диким типом (WT). Некоторые мутации Omicron, расположенные в рецептор-связывающем домене (RBD), как известно, способствуют иммунному уклонению. Однако влияние скрытых мутаций на конформацию RBD и на механику раскрытия шипа менее очевидно. Авторы используют моделирование молекулярной динамики (МД) всех атомов с метадиноймикой, чтобы охарактеризовать термодинамический ансамбль открытия RBD, выявляя существенные различия между WT и Omicron. В частности, мутации Omicron S371L, S373P и S375F создают больше междоменных контактов RBD во время открытия шипа. Более того, Omicron требуется больше времени для достижения переходного состояния, чем WT. Он стабилизирует конформации в активном состоянии с меньшим количеством эпитопов RBD, подвергающихся воздействию растворителя, что потенциально способствует уклонению от иммунитета.

Viral Immunol. 2023 Jan 25.

doi: 10.1089/vim.2022.0122. Online ahead of print.

Alpha to Omicron (Variants of Concern): Mutation Journey, Vaccines, and Therapy

От Альфа до Омикрон (варианты, вызывающие обеспокоенность): путь мутаций, вакцины и терапия

Mohamad Hamad, Dana M H AlKhamach, Lujain Majed Alsayadi, Sirin Abdulkafi Sarhan, Balsam Qubais Saeed, и др.

Широкое распространение различных вариантов SARS-CoV-2 представляет серьезную угрозу для здоровья населения. Был проведен обширный литературный поиск наряду с глубоким анализом для описания и оценки характеристик вызывающих обеспокоенность вариантов SARS-CoV-2 в отношении эффективности существующих вакцин и терапевтических средств. Полученные результаты показали, что во время пандемии COVID-19 возникло несколько значительных мутаций. Появившиеся варианты и их различные структурные мутации могут поставить под угрозу эффективность некоторых вакцин, ускользнуть от нейтрализующих антител и ограничить эффективность доступных терапевтических средств. Кроме того, глубокий

анализ имеющихся данных позволяет прогнозировать будущее влияние мутаций вируса на текущую пандемию, а также выбирать соответствующие вакцины и терапевтические средства.

Euro Surveill. 2023 Jan;28(2).

doi: 10.2807/1560-7917.ES.2023.28.2.2300008.

Genomic surveillance of SARS-CoV-2 positive passengers on flights from China to Italy, December 2022

Геномный надзор за пассажирами с положительным результатом на SARS-CoV-2 на рейсах из Китая в Италию, декабрь 2022 г.

Federica Novazzi, Emanuela Giombini, Martina Ruesca,

В связи с тем, что в конце 2022 года число случаев заболевания COVID-19 в Китае значительно увеличилось, некоторые страны сообщают о результатах проверки туристов из этой страны. В Италии в конце декабря 2022 года было проверено 556 авиапассажиров из двух китайских провинций. Среди этих пассажиров 126 (22,7%) дали положительный результат на SARS-CoV-2. Полногеномное секвенирование 61 положительного образца от пассажиров выявило варианты Omicron, преимущественно подлинии BA.5.2.48, BF.7.14 и BQ.1.1, в соответствии с данными, опубликованными из Китая.