

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 28.01.2023 г. по 03.02.2023 г.

*ФКУН Российской 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 28 января по 3 февраля 2023 г.

На сегодняшний день в базе данных GISAID всего представлено 14 833 474 генома вируса SARS-COV-2. За анализируемую неделю размещено еще 91 497 геномных последовательностей (за предыдущую неделю – 94 579).

В мире странами – лидерами по количеству депонированных геномных последовательностей вируса SARS-CoV-2 остаются США – (4 547 946 геномов – 30,7% от всех размещенных в GISAID) и Великобритания (3 018 928 – 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 03.02.2023 г.).

Всего в базу данных GISAID депонировано 7 341 117 геномов варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 90 345 геномных последовательностей – 98,7 % от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-COV-2 (за предыдущую неделю – 81 754 генома – 98,6 % соответственно).

Российскими лабораториями всего размещено 65 344 геномных последовательностей вируса SARS-COV-2, в том числе варианта Omicron – 39 520 геномов.

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 Кaledония, Никарагуа, Оман, ОАЭ, Пакистан, Палестина, Панама, Палау, Парагвай, Папуа-Новая Гвинея, Перу, Португалия, Польша, Пуэрто-Рико, Реюньон, Республика Конго, Республика Сейшельские Острова, Республика Гвинея-Бисау, Республика 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 геномов, представленных в GISAID.

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

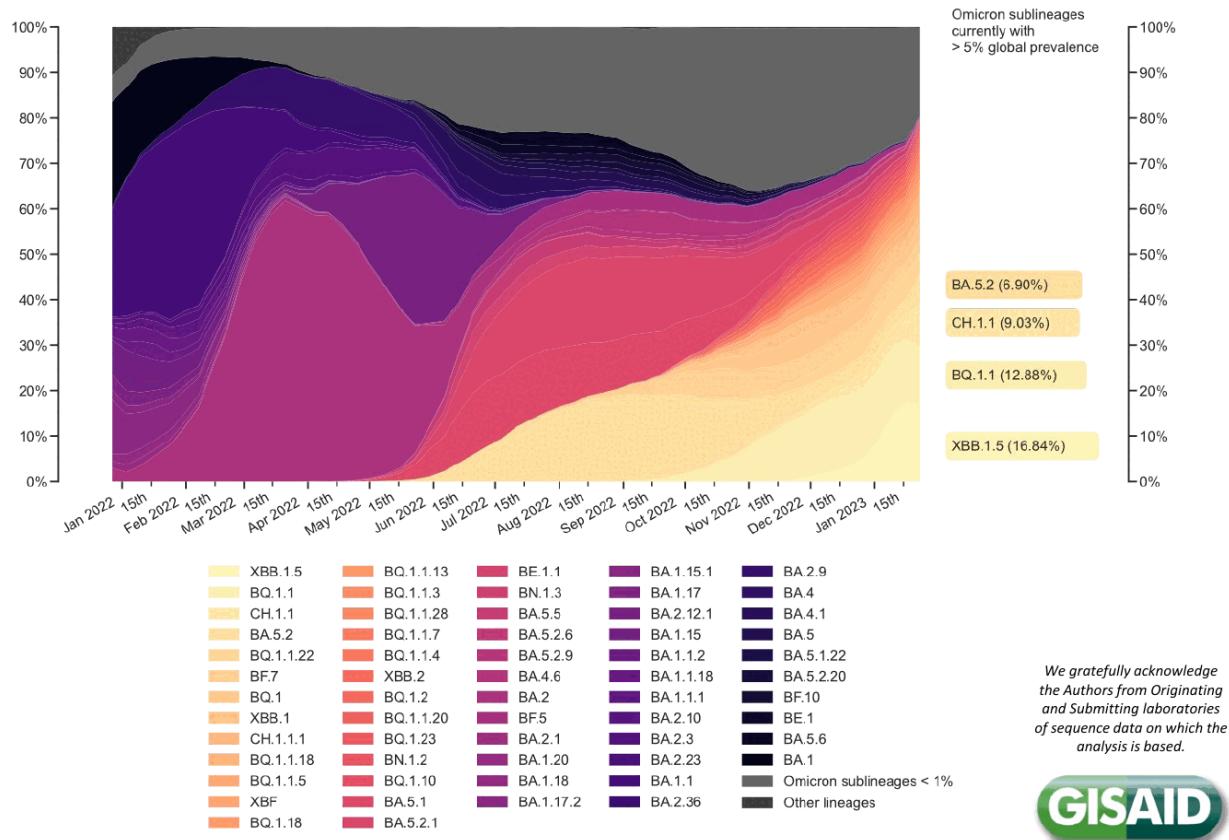


Рис. 1 Распространение субвариантов Omicron в мире (по состоянию на 31.01.2023 г.)

Динамика вариантов различается в зависимости от регионов ВОЗ. За последние 4 недели доминировали следующие субварианты Omicron: в странах Южной Америки – BQ.1.1, XBB.1, BQ.1.1.13, XBB.1.5 (49,93% от всех депонированных вариантов Omicron), Океании – XBF, BR.2.1 (46,02 %), Северной Америки – XBB.1.5, BQ.1.1 (44,32 %), Африки – BQ.1.1, XBB.1.5, BQ.1.1.28 (43,43%), Азии – BA.5.2, BF.7, BF.5 (42,92 %), Европы – BQ.1.1, CH.1.1, BQ.1.1.22 (29,84 %) (Рис. 2).

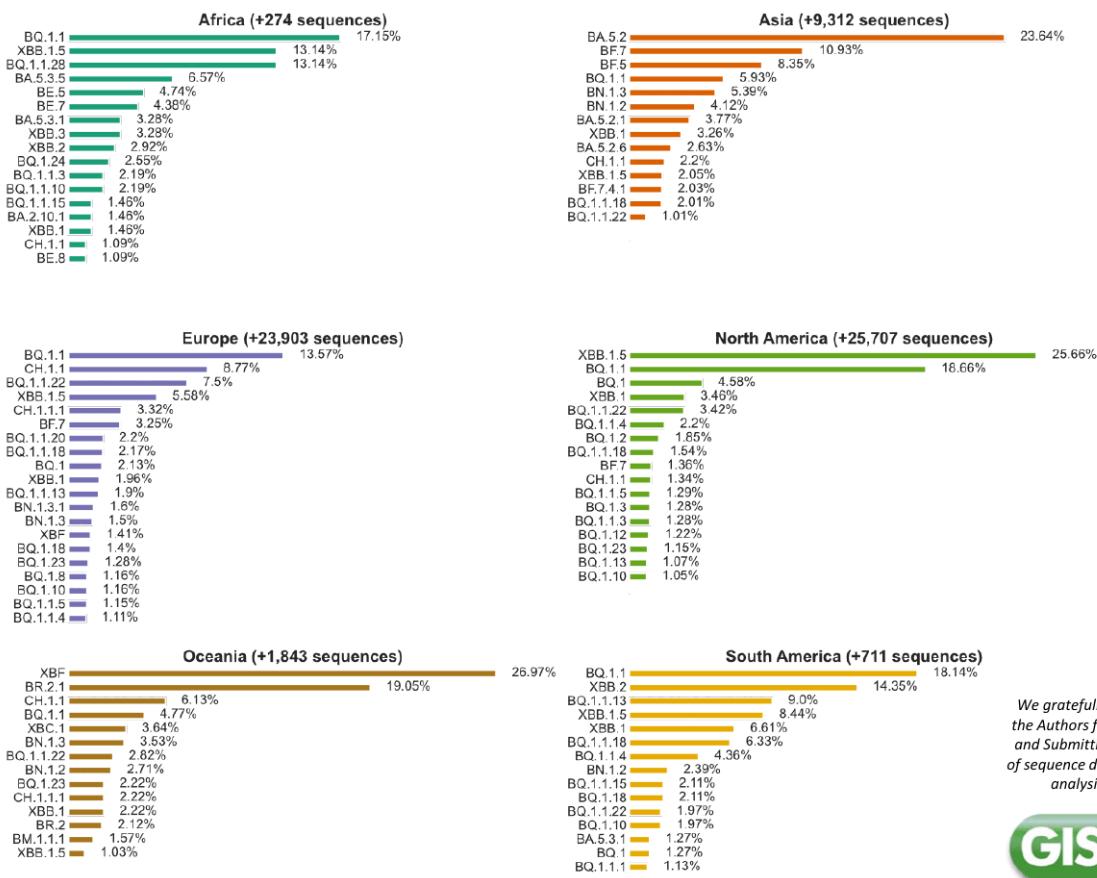


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в регионах мира за 4 недели (с 04.01.2023 г. по 31.01.2023 г.).

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

По состоянию на 3 февраля 2023 г. в базу данных GISAID EpiCoV было депонировано 21 855 последовательностей, относящихся к XBB.1.5 из 62 стран (на предыдущей неделе 14 056 последовательностей из 56 стран). Данный субвариант в основном размещен лабораториями США (77,1 %).

По данным CDC на неделе с 22 по 28 января 2023 г. в США случаи заболевания COVID-19, вызванные субвариантом XBB.1.5 составили 61,3 % от всех зарегистрированных по сравнению с 49,1% неделей ранее, BQ.1.1 – 21,8 % (26,9 % неделей ранее), BQ.1 – 9,3 % (13,3 % неделей ранее).

По данным опубликованным на сайте ECDC (с 9 по 22 января 2023 г.) в странах Европы с адекватным объемом секвенирования или генотипирования оценочное распределение XBB.1.5 составило 4,2 % (1,7–14,3%), BQ.1 – 48,5% (39,9–74,7%), BA.5 – 17,6% (6,4–68,6%), BA.2.75 – 20,2% (8,1–36,4%), XBB – 3,6% (1,1–7,3%), BA.2 – 1,1% (0,2–16,2%), BA.4 – 0,2% (0,1–1,0%).

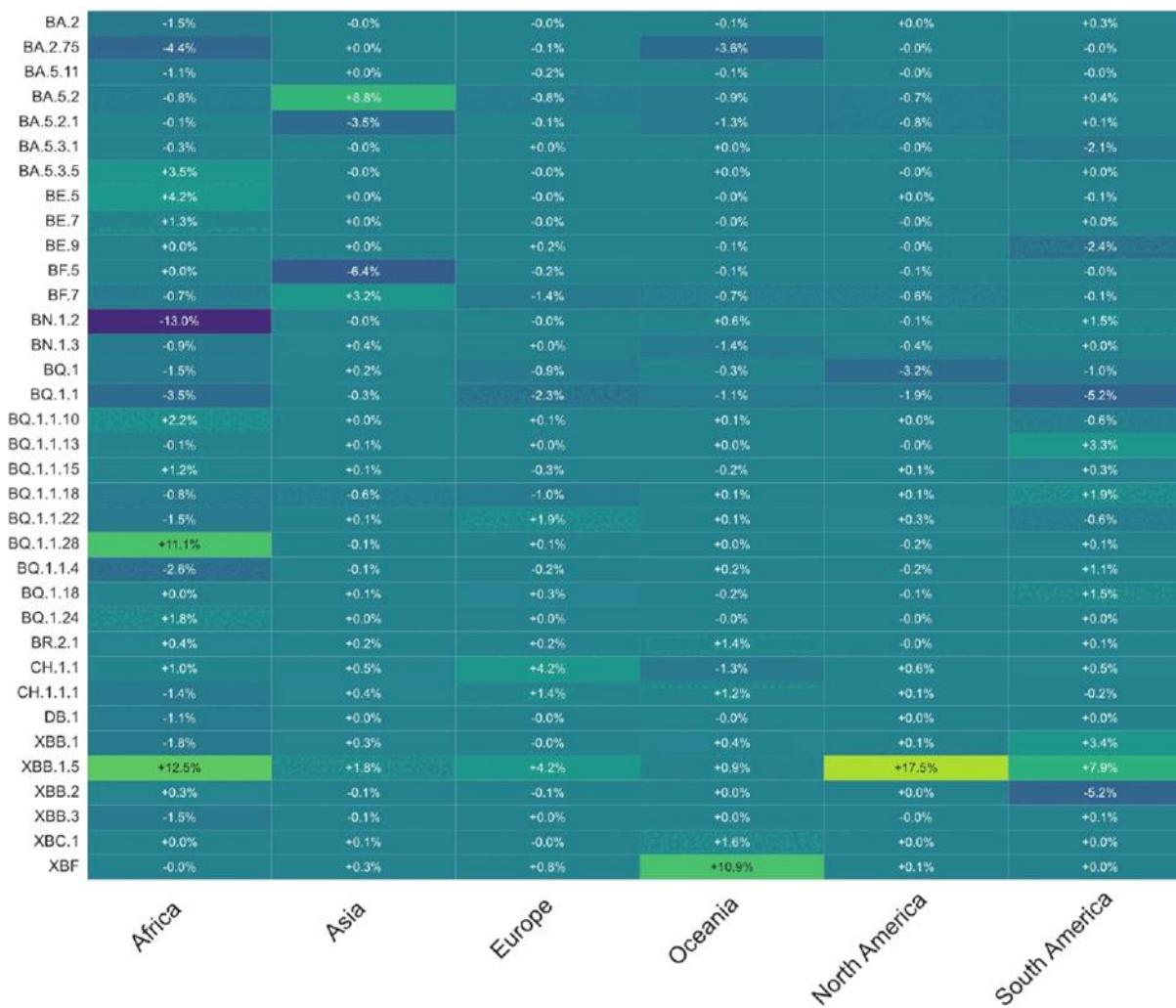


Рисунок 3 Изменение доли субвариантов Omicron в регионах мира за периоды с 7 декабря 2022 г. по 4 января 2023 г. и с 4 января по 1 февраля 2023 г.

В настоящее время ВОЗ отслеживает четыре субварианта Omicron, находящихся под наблюдением. В базу данных GISAID было загружено:

- 64 768 геномных последовательностей субварианта BF.7;
- 42 842 генома субварианта BQ.1;
- 89 916 геномов субварианта BA.2.75;
- 21 285 геномов субварианта XBB.1

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 удельный вес субварианта BF.7 составил 25,0 % от всех секвенированных образцов – в Китае, 10% – в Германии, 10,0 % – в Японии, 6,0 % – в Австрии 5,0 % – в Италии. Распространенность субварианта составляет в Китае – 29,0 %, Германии – 15,0 %, Греции – 13,0 %.

BQ.1 входит в число более 300 сублиний варианта Omicron. Распространенность субварианта составляет в Аргентине и Колумбии – 84,0 %, Франции – 79,0 %, Канаде – 66,0 %, США – 61,0 %.

Распространенность BA.2.75 составляет в Таиланде – 86,0 %, Вьетнаме – 91,0 %, Австралии – 48,0%, Индии – 18,0%.

Распространенность субварианта XBB.1 в Доминиканской Республике – 71,0 %, Пакистане – 61,0 %, Индонезии – 52,0 %.

Информация по обновленным данным о депонированных геномах вируса SARS-COV-2 варианта **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.*⁴) в базе GISAID

Страна	Учреждение, проводившее секвенирование	Количество депонированных геномов Omicron (B.1.1.529)	В том числе количество геномов Omicron, депонированных за последние 4 недели (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	130287	1846	99,7
Австрия (стабилизация заболеваемости)	Berghaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	160647	4236	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	117	3	100,0
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	168	0	0,0

Андорра (стабилизация заболеваемости)	Instituto de Salud Carlos III	323	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	6208	12	100,0
Армения (стабилизация заболеваемости)	Institute of Molecular Biology NAS RA, Republic of Armenia, Department of Bioengineering, Bioinformatics Institute and Molecular Biology IBMPPh RAU, Republic of Armenia	17	0	0,0
Аруба (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	873	0	0,0
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	1998	2	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(RRPECM)	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	88364	490	100,0
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	0	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	3321	24	100,0
Бразилия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Adolfo Lutz, Interdisciplinary Procedures Center, Strategic Laboratory	94143	46	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	0	0,0
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.	1391892	6892	100,0
Венгрия (стабилизация заболеваемости)	National Laboratory of Virology, Szentágothai Research Centre	179	0	0,0
Венесуэла (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio de Virología Molecular	421	0	0,0
Вьетнам (стабилизация заболеваемости)	National Influenza Center, National Institute of Hygiene and Epidemiology(NIHE)	5262	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)	177	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	2100	0	0,0
Гваделупа (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	594	6	100,0
Гватемала (стабилизация заболеваемости)	Asociación de Salud Integral/Clínica Familiar Luis Ángel García	2796	152	99,3
Гвинея (стабилизация заболеваемости)	Centre de Recherche et de Formation en Infectiologie Guinée	455	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.	524536	4265	100,0
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 (снижение заболеваемости)	Hong Kong Department of Health	11280	47	100,0
Греция (стабилизация заболеваемости)	Greek Genome Center, Biomedical Research Foundation of the Academy of Athens(BRFAA)	14102	0	0
Грузия (стабилизация заболеваемости)	Department for Virology, Molecular Biology and Genome Research, R. G. Lugar Center for Public Health	1839	21	100,0

	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	477	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.	349301	3135	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	9	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	937	0	0,0
Зимбабве (стабилизация заболеваемости)	National Microbiology Reference Laboratory(Quadram Institute Bioscience)	271	0	0,0
Израиль (стабилизация заболеваемости)	Central Virology Laboratory, Israel Ministry of Health	111141	718	89,0
Индия (стабилизация заболеваемости)	Department of Neurovirology, National Institute of Mental Health and Neurosciences(NIMHANS).CSIR-Centre for Cellular and Molecular Biology	124402	98	93,3
Индонезия (стабилизация заболеваемости)	National Institute of Health Research and Development	33944	120	97,6

Иордания (стабилизация заболеваemости)	Andersen lab at Scripps Research, CA, USA	169	0	0,0
Ирак (стабилизация заболеваemости)	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 заболеваemости)	National Reference Laboratory for COVID–19, Pasteur Institute of Iran	1977	12	100,0
Ирландия (стабилизация заболеваemости)	National Virus Reference Laboratory	52885	959	100,0
Исландия (стабилизация заболеваemости)	Landspitali Department of Clinical Microbiology	3162	231	100,0
Испания (стабилизация заболеваemости)	Hospital Universitario 12 de Octubre	95948	800	99,0
Италия (стабилизация заболеваemости)	Army Medical Center, Scientific Department, Virology Laboratory	75470	1849	98,8
Кабо–Верде (стабилизация заболеваemости)	Institut Pasteur de Dakar	479	0	0,0
Казахстан (стабилизация заболеваemости)	Reference laboratory for the control of viral infections	902	0	0,0
Камбоджа (стабилизация заболеваemости)	Virology Unit, Institut Pasteur du Cambodge	1781	2	100,0
Камерун (стабилизация заболеваemости)	CREMER(Centre de Rechercherches sur les Maladies Emergentes et Ré–émergentes)	576	0	0,0
Канада (стабилизация заболеваemости)	Laboratoire de santé publique du Québec	245978	7139	100,0
Катар (снижение заболеваемости)	Biomedical Research Center(BRC), Qatar University / Qatar Genome Project(QGP)	1524	0	0,0
Кения (стабилизация заболеваemости)	KEMRI–Wellcome Trust Research Programme/KEMRI–CGMR–C Kilifi	4859	0	0,0
Кипр (стабилизация заболеваemости)	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	11266	2257	100,0

Колумбия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Salud– Dirección de Investigación en Salud Pública	12269	21	100,0
Коморские острова (стабилизация заболеваемости)	KEMRI–Wellcome Trust Research Programme/KEMRI–CGMR–C Kilifi	11	0	0,0
Косово (стабилизация заболеваемости)	Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie	686	0	0,0
Коста-Рика (стабилизация заболеваемости)	Inciensa, Instituto Costarricense de Investigación y Enseñanza en Nutrición y Salud	6814	0	0,0
Кот Д'Ивуар (стабилизация заболеваемости)	Molecular diagnostic unit for viral haemorrhagic fevers and emerging viruses, Bouaké CHU Laboratory	193	0	0
Куба (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Infections Laboratory	520	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	0	0,0
Лаос (стабилизация заболеваемости)	LOMWRU/Microbiology Laboratory, Mahosot Hospital	546	0	0,0
Латвия (стабилизация заболеваемости)	Latvian Biomedical Research and Study Centre	13883	0	0,0
Лесото (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Communicable Diseases of the National Health Laboratory Service	137	1	100,0
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	593	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	10313	70	100,0

Лихтенштейн (стабилизация заболеваемости)	Berghaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	1371	1	100,0
Люксембург (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire national de santé, Microbiology, Microbial Genomics Platform	31943	476	100,0
Макао (стабилизация заболеваемости)	Centro de Sequenciamento Genômico	1	0	0,0
Маврикий (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	5324	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	26721	76	97,4
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	1187	0	0,0
Мартиника (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	1389	6	100,0
Мексика (снижение заболеваемости)	Instituto de Diagnostic y Referencia Epidemiologicos (INDRE)	37021	179	100,0

Мозамбик (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform, South Africa	561	42	76,4
Молдавия (стабилизация заболеваемости)	ONCOGENE LLC	587	6	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	3068	1	100,0
Нидерланды (снижение заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	67064	578	100,0
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	31954	17	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	187	5	100,0
Пакистан (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Public Health Laboratories Division	2627	22	95,7
Палау (стабилизация заболеваемости)	Can Ruti SARS-CoV-2 Sequencing Hub (HUGTiP/IrsiCaixa/IGTP)	55	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 SaludPerú	28162	68	100,0
Польша (стабилизация заболеваемости)	genXone SA, Research & Development Laboratory	41322	126	100,0
Португалия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Saude(INSA)	20165	121	100,0
Пуэрто Рико (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	11345	69	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	9113	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 Micro-organisms.	39520	8	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	9597	12	100,0
Саудовская Аравия (стабилизация заболеваемости)	Infectious Diseases, King Faisal Hospital Research Center	823	0	0,0
Северная Македония (стабилизация заболеваемости)	Institute of Public Health of Republic of North Macedonia Laboratory of Virology and Molecular Diagnostics	243	11	100,0
Северные Марианские острова (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	2070	0	0,0

Сейшельы (стабилизация заболеваемости)	KEMRI– Wellcome Trust Research Programme, Kilifi	618	0	0,0
Сенегал (стабилизация заболеваемости)	IRESSEF GENOMICS LAB	1561	0	0,0
Сент–Винсент и Гренадины (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies	84	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	18602	685	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	0	0,0
Сирия (стабилизация заболеваемости)	CASE-2021-0266829	72	0	0,0
Словакия (стабилизация заболеваемости)	Faculty of Natural Sciences, Comenius University	25741	7	100,0
Словения (снижение заболеваемости)	Institute of Microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, University of Ljubljana	33222	221	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.	2170711	21145	99,7
Сьерра-Леоне (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Reference Laboratory	1	0	0,0
Таиланд (стабилизация заболеваемости)	COVID–19 Network Investigations(CONI) Alliance	23284	12	100,0
Тайвань (стабилизация заболеваемости)	Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision Medicine	2299	36	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	2289	61	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	0	0
Уганда (стабилизация заболеваемости)	MRC/UVRI & LSHTM Uganda Research Unit	470	0	0,0

Украина (стабилизация заболеваemости)	Department of Respiratory and other Viral Infections of L.V.Gromashevsky Institute of Epidemiology & Infectious Diseases NAMS of Ukraine, JSC “Farmak”	1135	15	100,0
Узбекистан (стабилизация заболеваemости)	Center for Advanced Technologies	40	0	0,0
Уругвай (стабилизация заболеваemости)	Departamento Laboratorios de Salud Pública (DLSP) Ministerio de Salud Pública	179	15	100,0
Федеративные штаты Микронезии (стабилизация заболеваemости)	Pohnpei State Hospital	51	0	0,0
Филиппины (стабилизация заболеваemости)	Philippine Genome Center	12514	6	100,0
Финляндия (стабилизация заболеваemости)	Department of Virology, Faculty of Medicine, University of Helsinki	19688	316	100,0
Франция (снижение заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	332565	1801	99,4
Французская Гвиана (стабилизация заболеваemости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	1513	0	0,0
Французская Полинезия (стабилизация заболеваemости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	13	0	0,0
Хорватия (стабилизация заболеваemости)	Croatian Institute of Public Health	22363	117	100,0
ЦАР (стабилизация заболеваemости)	Pathogen Sequencing Lab, National Institute for Biomedical Research(INRB)	32	0	0,0
Черногория (стабилизация заболеваemости)	Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie	379	0	0,0
Чехия (стабилизация заболеваemости)	The National Institute of Public Health	31869	39	100,0
Чили (снижение заболеваемости)	Instituto de Salud Publica de Chile	21838	466	98,1
Швейцария (стабилизация заболеваemости)	Department of Biosystems Science and Engineering, ETH Zürich.	52049	130	100,0

Швеция (стабилизация заболеваemости)	The Public Health Agency of Sweden	91447	1056	100,0
Шри-Ланка (стабилизация заболеваemости)	Centre for Dengue Research and AICBU, Department of Immunology and Molecular Medicine	1125	0	0,0
Эквадор (стабилизация заболеваemости)	Instituto Nacional de Investigaciónen Salud Pública, INSPI	5098	63	82,9
Экваториальная Гвинея (стабилизация заболеваemости)	Swiss Tropical and Public Health Institute	2	0	0,0
Эсватини (стабилизация заболеваemости)	Nhlangano Health Centre(National Institute for Communicable Diseases of the National Health Laboratory Service)	537	0	0,0
Эстония (стабилизация заболеваemости)	Laboratory of Communicable Diseases(Estonia); Eurofins Genomics Europe Sequencing GmbH	6158	0	0,0
Эфиопия (стабилизация заболеваemости)	International Centre for Genetic Engineering and Biotechnology(ICGEB) and ARGO Open Lab for Genome Sequencing	103	0	0,0
ЮАР (стабилизация заболеваemости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform.	22610	408	99,8
Южная Корея (снижение заболеваemости)	Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency	82186	1244	100,0
Южный Судан (стабилизация заболеваemости)	MRC/UVRI & LSHTM Uganda Research Unit, South Sudan Ministry of Health, WHO South Sudan	28	0	0,0
Ямайка (стабилизация заболеваemости)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies	1694	0	0,0
Япония (снижение заболеваemости)	Pathogen Genomics Center, National Institute of Infectious Diseases	361405	5042	100,0

ВОЗ, еженедельное эпидемиологическое обновление № 128 от 01 февраля 2023

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

Географическое распределение

Во всем мире с 30 декабря 2022 г. по 30 января 2023 г. в GISAID было передано 90985 последовательностей SARS-CoV-2. Среди них 90937 последовательностей были вызывающим обеспокоенность вариантом (VOC) Omicron, что составляет более 99,9% последовательностей, о которых сообщалось во всем мире за последние 30 дней. На глобальном уровне субварианты BA.5 и его потомки остаются доминирующими. В эпидемиологическую неделю 2 (с 9 по 15 января 2023 г.) они составляли 65,7% (с 16 357 последовательностями) всех последовательностей, отправленных в GISAID. Распространенность субвариантов BA.2 и его потомков составила 14,6% (3645 последовательностей), тогда как BA.4 и его потомков – 0,3% (68 последовательностей). В январе 2023 года в тройку лидирующих субвариантов Omicron в мире вошли BQ.1.1 (28,2%), BQ.1 (14,1%) и XBB.1.5 (11,5%). Субварианты BQ.1.1 и BQ.1 являются потомками субварианта BA.5, тогда как XBB.1.5 является рекомбинантной линией потомков субварианта BA.2. Динамика циркуляции вариантов различается по регионам ВОЗ и между странами в пределах одного региона из-за множества факторов, включая предыдущие циркулирующие варианты, охват вакцинацией и принятые меры общественного здравоохранения.

В январе 2023 года три самых распространенных субварианта Omicron в каждом регионе были следующими:

- Африка (332 последовательности): BQ.1.1 (23,7%), BA.2.10.1 (12,3%) и XBB.2 (12,1%);
- Америка (40010 последовательностей): BQ.1.1 (37,5%), XBB.1.5 (19,6%) и BQ.1 (19,6%);
- Восточное Средиземноморье (85 последовательностей): XBB.1 (37,2%), BN.1 (10,3%) и BA.5.2 (10,3%);
- Европа (40379 последовательностей): BQ.1.1 (31,3%), BQ.1 (13,0%) и CH.1.1 (12,3%);
- Юго-Восточная Азия (389 последовательностей): XBB.1 (41,1%), BQ.1.1 (14,3%) и BA.2.10.1 (6,0%);
- Западно-Тихоокеанский регион (15515 последовательностей): BA.5.2 (30,1%), BF.7 (13,2%) и BQ.1.1 (8,5%).

В настоящее время ВОЗ уделяет первоочередное внимание отслеживанию четырех потомков Omicron. Эти субварианты включены на основании данных об увеличении распространенности или признаков преимущества в скорости распространения в некоторых странах по сравнению с другими циркулирующими вариантами, а также дополнительных изменений аминокислот, которые, как известно или предполагается, обеспечивают преимущество в приспособленности. В течение второй

эпидемиологической недели по всему миру было передано в GISAID: 1147 последовательностей BF.7 (4,6%); 11674 последовательностей BQ.1* (46,9%), включая BQ.1.1 (7189 последовательностей, 28,9%); 3473 последовательности BA.2.75* (13,9%), включая BA.2.75.2 (35 последовательностей, <1%) и CH.1.1 (1672 последовательности, 6,7%); последовательностей XBB* - 4049 (16,3%), включая XBB.1.5 (3005 последовательностей, 12,1%).

Публикации:

J Biosaf Biosecur. 2023 Jan 25;5(1):14-20.

doi: 10.1016/j.jobb.2023.01.002. Online ahead of print.

Evolutionary analysis of Omicron variant BF.7 and BA.5.2 pandemic in China

Эволюционный анализ пандемии варианта Omicron BF.7 и BA.5.2 в Китае

Yamin Sun, Min Wang, Wenchao Lin, Wei Dong, Jianguo Xu

В данном исследовании 665 геномов SARS-CoV-2 из Китая, депонированных в общедоступной базе данных, использовались для анализа доли различных вариантов; чтобы определить состав вариантов в Китае по разным провинциям; и проанализировать частоту специфических мутаций, сосредоточив внимание на 12 аминокислотных остатках, опосредующих иммунное ускользание. Результаты показали, что в этих остатках не возникло новых мутаций. Эволюционный анализ варианта BF.7, циркулирующего в Китае, показал, что существует независимая эволюционная ветвь с уникальными сайтами мутаций, официально названная PANGO BF.7.14. Этот вариант мог быть завезен из России во Внутреннюю Монголию в конце сентября 2022 г. и продолжил свое распространение в Китае. Эволюционный анализ варианта BA.5.2 показывает, что этот вариант состоит из двух подвариантов, названных PANGO BA.5.248 и BA.5.2.49 соответственно. Этот вариант мог быть импортирован из-за границы в Пекин в начале сентября 2022 года и после передачи внутри страны образовал два подварианта. Наконец, это исследование показало, что текущие эпидемические варианты в Китае уже циркулируют в других странах, и не было никаких дополнительных мутаций способствующих ускользанию от иммунитета, которые могли бы представлять угрозу для других стран.

Brief Funct Genomics. 2023 Feb 1;elac053.

doi: 10.1093/bfgp/elac053. Online ahead of print.

The evolution of the spike protein and hACE2 interface of SARS-CoV-2 omicron variants determined by hydrogen bond formation

Эволюция шиповидного белка и интерфейса hACE2 вариантов SARS-CoV омикрон определяется образованием водородных связей

Yu-Yuan Yang, Yufeng Jane Tseng

Чтобы исследовать высокую трансмиссионность вариантов омикрон, авторы оценили комплекс рецептор-связывающего домена спайкового белка 1 (S1RBD) и человеческого ангиотензинпревращающего фермента 2 (hACE2) из банка данных белков (6m0j, 7a91, 7mjn, 7v80, 7v84, 7v8b, 7wbl и 7xo9) и напрямую изменили определенные аминокислоты для имитации нескольких вариантов, включая VOC (альфа, бета, гамма, дельта), вызывающие интерес варианты (дельта плюс, эпсилон, лямбда, мю, мю без R346K) и подварианты омикрон (BA.1, BA.2, BA.2.12.1, BA.4, BA.5).

Затем было проведено моделирование молекулярной динамики (МД) в течение 100 нс в физиологических условиях. Было обнаружено, что комплексы омикрон S1RBD-hACE2 становятся более компактными с увеличением взаимодействия водородных связей на границе раздела, что связано с трансмиссионностью SARS-CoV-2. Кроме того, время релаксации водородных связей относительно мало у подвариантов омикрон, это означает, что изменения конформации интерфейса происходят быстро. С молекулярной точки зрения, PHE486 и TYR501 в omicron S1RBD должны включать водородные связи и гидрофобные взаимодействия на границе раздела. Это исследование раскрывает структурные особенности доминирующих вариантов, которые объясняют тенденцию эволюции и их повышенную контагиозность и, таким образом, также могут пролить свет на будущие изменения вариантов.

PNAS Nexus. 2022 Mar 10;1(1):pgac018.

doi: 10.1093/pnasnexus/pgac018. eCollection 2022 Mar.

Continuous genomic diversification of long polynucleotide fragments drives the emergence of new SARS-CoV-2 variants of concern

Непрерывная геномная диверсификация длинных полинуклеотидных фрагментов приводит к появлению новых вызывающих обеспокоенность вариантов SARS-CoV-2

Karthik Murugadoss, Michiel J M Niesen, Bharathwaj Raghunathan, Patrick J Lenahan, Pritha Ghosh, Tyler Feener, Praveen Anand, Safak Simsek, Rohit Suratekar, Travis K Hughes, Venky Soundararajan

Представлен метод количественной оценки полногеномной различимости полинуклеотидных фрагментов (от 3 до 240-меров), которые составляют последовательности SARS-CoV-2. По сравнению со стандартными филогенетическими метриками и мутационной нагрузкой, новая метрика обеспечивает улучшенное разделение между вызывающими обеспокоенность вариантами (VOCs; референс = 89, IQR: 65-108; альфа = 166, IQR: 149-181; бета 131, IQR: 114-149; Гамма = 164, MKP: 150-178; Дельта = 235, MKP: 217-255 и Омикрон = 459, MKP: 395-521). Высокая геномная самобытность Omicron может дать преимущество перед предшествующими VOC и недавно появившейся и сильно мутировавшей линией B.1.640.2 (IHU). Оценка 883 родословных показывает, что геномная самобытность увеличилась с течением времени ($R^2 = 0,37$) и что вклад VOCs значительно выше, чем у современных линий, не относящихся к VOCs, причем Омикрон входит в число наиболее характерных наблюдаемых линий. Это исследование демонстрирует ценность характеристики вариантов SARS-CoV-2 по полинуклеотидной специфике всего генома и подчеркивает необходимость выхода за рамки узкого набора мутаций в известных сайтах шиповидного белка. Стабильно более высокая отличимость каждого нового VOC по сравнению с предыдущими VOC предполагает, что мониторинг геномной отличительности будет способствовать быстрой оценке приспособленности вируса.

PNAS Nexus. 2022 Sep 1;1(4):pgac181.

doi: 10.1093/pnasnexus/pgac181. eCollection 2022 Sep.

Subtyping of major SARS-CoV-2 variants reveals different transmission dynamics based on 10 million genomes

Субтипирование на основе 10 миллионов геномов основных вариантов SARS-CoV-2 выявляет различную динамику передачи

Hsin-Chou Yang, Jen-Hung Wang, Chih-Ting Yang, Yin-Chun Lin, Han-Ni Hsieh, Po-Wen Chen, Hsiao-Chi Liao, Chun-Houh Chen, James C Liao

Авторы разработали систематические подходы, основанные на наборах коррелированных однонуклеотидных вариаций (SNV) для всестороннего субтипирования и распознавания паттернов динамики передачи. Подход превзошел сканирование с одиночным SNV и спайк-центрическим сканированием. Кроме того, производные подтипы объясняют взаимосвязь сигнатурных SNV и динамику передачи. Авторы обнаружили, что разные подтипы одного и того же варианта, включая Дельта и Омикрон, демонстрируют разные временные траектории. Например, некоторые подтипы Дельта и Омикрон не распространялись быстро, в то время как другие распространялись. Идентифицированы наборы характерных SNV, которые, по-видимому, усиливали передачу или снижали эффективность антител для некоторых подтипов. Также определили набор SNV, которые, по-видимому, подавляли передачу или повышали чувствительность вируса к антителам. Для варианта омикрон, доминирующего типа в мире, определили подтипы с усиленной и подавленной передачей при анализе восьми миллионов геномов по состоянию на март 2022 года и дополнительно подтвердили результаты более позднего анализа десяти миллионов геномов по состоянию на май 2022 года. В то время как «энхансерные» SNV демонстрировали повышенное присутствие на шиповом белке, «супрессорные» SNV в основном находятся в другом месте генома. Нарушение корреляции SNV в значительной степени разрушило явления энхансер-супрессор. Эти результаты свидетельствуют о важности точного подтиповирования вариантов и указывают на потенциальные сложные взаимодействия между SNV.

Glycobiology. 2023 Feb 1;cwad007.

doi: 10.1093/glycob/cwad007. Online ahead of print.

Quantitative profiling of N-glycosylation of SARS-CoV-2 spike protein variants

Количественное профилирование N-гликозилирования вариантов шиповидного белка SARS-CoV-2

Yongjing Xie, Michael Butler

Количественно исследовали профили N-гликозилирования шипов семи основных вариантов, включая исходный, альфа (B.1.1.7), бета (B.1.351), гамма (P.1), каппа (B.1.671.1), Дельта (B.1.671.2) и Омикрон (B.1.1.529). Цель состояла в том,

чтобы понять характер изменения профилей N-гликанов в эволюции SARS-CoV-2 в дополнение к широко изученным аминокислотным мутациям. Различные варианты шипов демонстрируют существенные вариации относительного содержания различных пиков и подклассов гликанов, хотя ни один конкретный вид гликанов не присутствует исключительно в каком-либо конкретном варианте или отсутствует в нем. Кластерный анализ показывает, что профили N-гликозилирования могут иметь потенциал для классификации шипов у вариантов SARS-CoV-2. Варианты Alpha и Beta демонстрируют наибольшее сходство с оригиналом, а вариант Delta демонстрирует существенное сходство с вариантами Gamma и Каппа, в то время как вариант Omicron значительно отличается от своих аналогов. Показано, что существует количественная разница в профилях N-гликозилирования среди разных вариантов шипа. Текущее исследование и наблюдения обеспечивают ценную основу для количественного профилирования N-гликозилирования новых появляющихся вирусных вариантов и дают более полную картину эволюции COVID-19.