

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 11.02.2023 г. по 17.02.2023 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 11 по 17 февраля 2023 г.

На сегодняшний день в базе данных GISAID всего представлено 14 965 348 геномов вируса SARS-COV-2. За анализируемую неделю размещено еще 69 568 геномных последовательностей (за предыдущую неделю – 62 306).

В мире странами – лидерами по количеству депонированных геномных последовательностей вируса SARS-CoV-2 остаются США – (4 586 481 геномов – 30,6% от всех размещенных в GISAID) и Великобритания (3 027 329 – 20,2 %).

Варианты, вызывающие озабоченность (VOC)

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 ХЕ.

Учитывая широкое распространения Omicron и его подвидов по всему миру ВОЗ 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, CH.1.1, XBB, XBB.1.5, XBF (по состоянию на 9 февраля 2023 г.).

Циркуляция вируса SARS-COV-2 геноварианта Omicron зарегистрирована в 218 странах (по данным СМИ на 17.02.2023 г.).

Всего в базу данных GISAID депонировано 7 552 567 геномов варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 65 713 геномных последовательностей – 94,5 % от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-COV-2 (за предыдущую неделю – 61 978 геномов – 99,6 % соответственно).

Российскими лабораториями всего размещено 65 568 геномных последовательностей вируса SARS-COV-2, в том числе варианта Omicron – 39 743 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 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, Республика Вануату, 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 65 (31,2%) стран (за предыдущие – 76 стран (31,7 %) дополнили данные о размещенных ранее геномных последовательностях Omicron в GISAID.

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

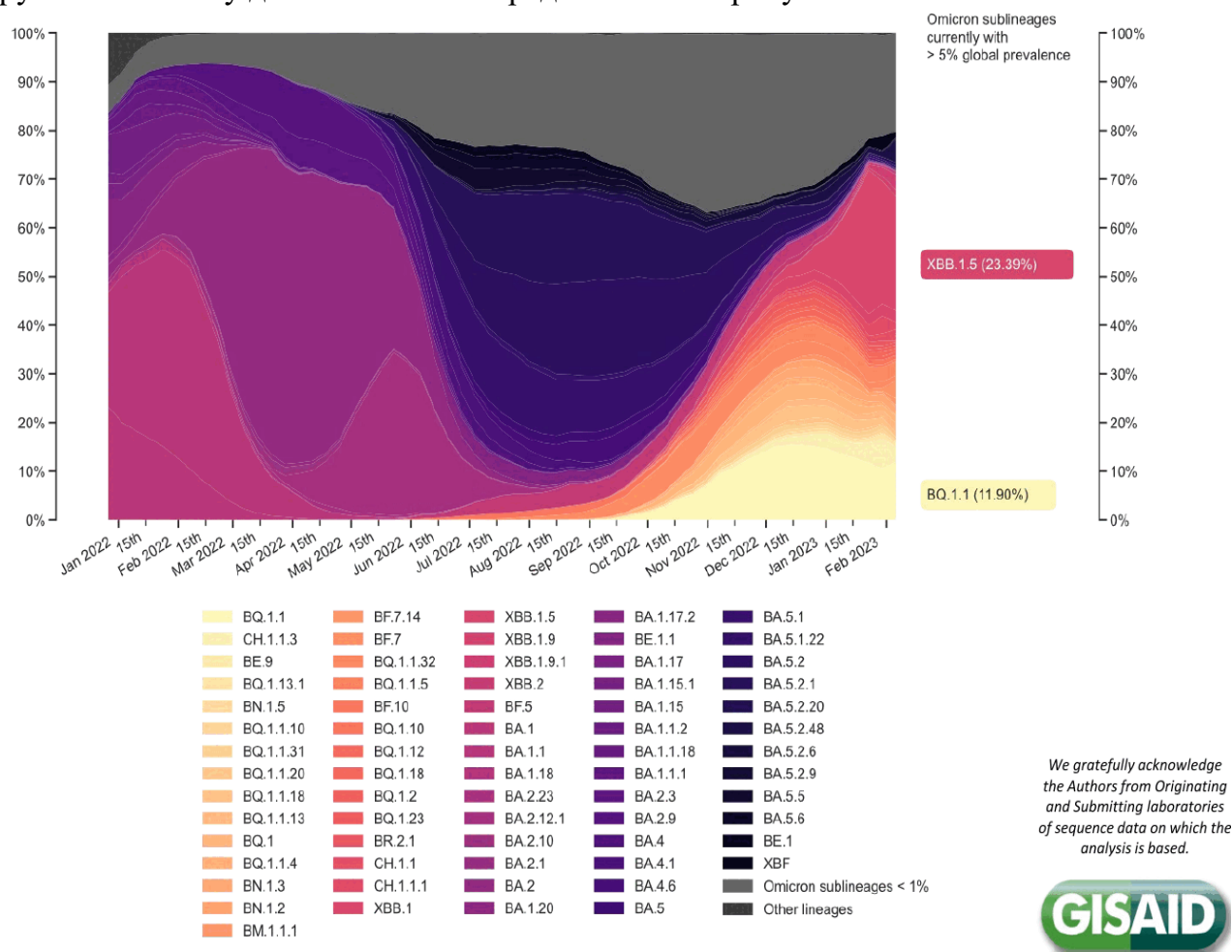


Рис. 1 Распространение субвариантов Omicron в мире (по состоянию на 14.02.2023 г.)

Динамика распространения вариантов различается в зависимости от регионов ВОЗ. За последние 4 недели доминировали следующие субварианты Omicron: в странах Северной Америки – XBB.1.5 (45,51 % от всех секвенированных вариантов Omicron), Океании – XBF, BR.2.1 (45,12 %), Южной Америки – BQ.1.1, XBB.1.5 (39,37 %), Африки – XBB.1.5, BQ.1.1.28 (46,94 %), Азии – BA.5.2.48, BN.1.3, BN.1.2 (27,59 %), Европы – BQ.1.1, XBB.1.5, CH.1.1.3 (32,15 %) (Рис. 2).

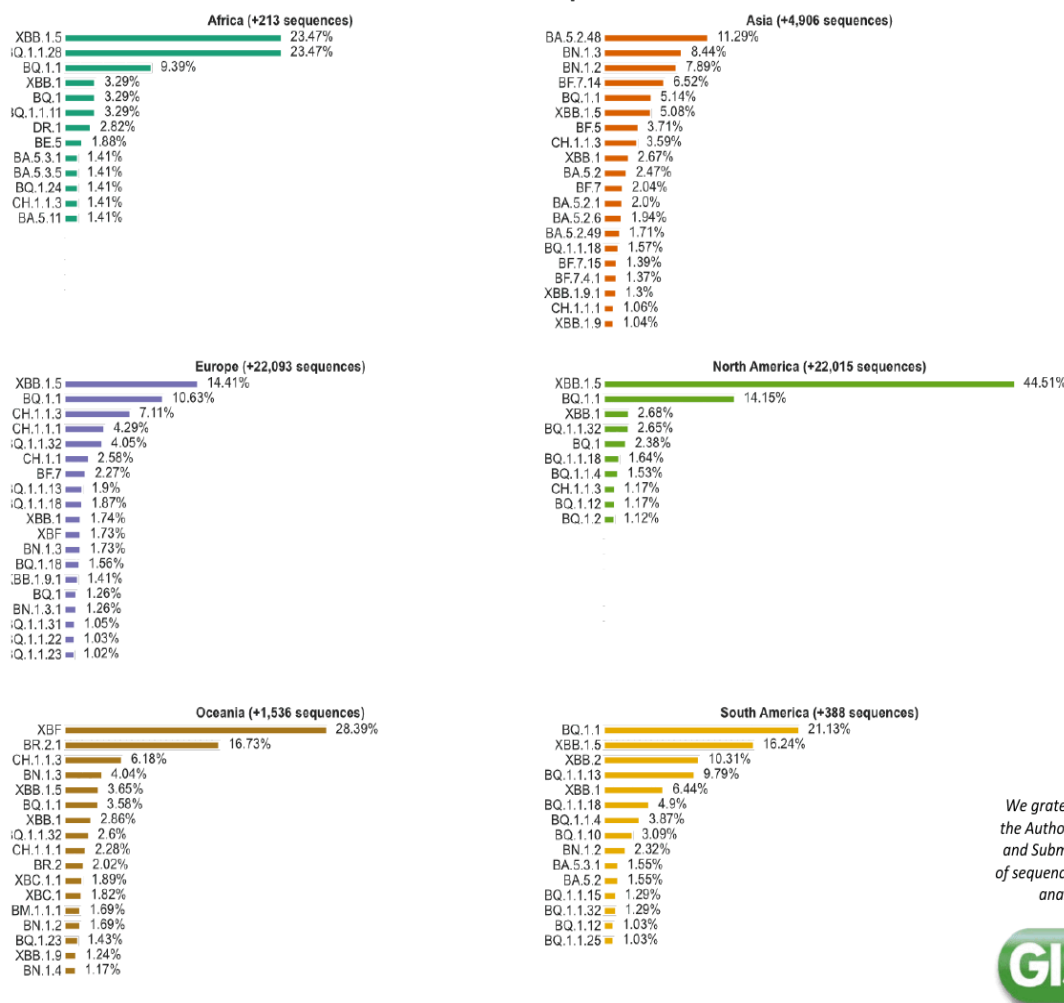


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в регионах мира за 4 недели (с 17.01.2023 г. по 14.02.2023 г.).

В сравнении с предыдущими 4 неделями во всех регионах отмечен значительный рост удельного веса субвариантов XBB.1.5 (Рис. 3). По состоянию на 17 февраля 2023 г. в базу данных GISAID EpiCoV было депонировано 42 527 последовательностей, относящихся к XBB.1.5, из 70 стран (на предыдущей неделе 30 394 последовательностей из 66 стран). Данный субвариант в основном размещен лабораториями США (74,8 %).

В США по данным Национальной системы геномного надзора, опубликованном на сайте CDC, на неделе с 2 по 11 февраля 2023 г. среди циркулирующих субвариантов Omicron доминирует XBB.1.5 (74,7 %), доля которого по сравнению с предшествующей неделей выросла на 8,3 %. Продолжилось снижение распространения субвариантов BQ.1.1 (- 4,6%) и BQ.1 (-2,2%), их удельный вес в структуре секвенированных штаммов составил 15,3 % и 5,1 % соответственно.

BA.2	-1.3%	-0.0%	+0.0%	-0.1%	+0.1%	-0.0%
BA.5.2	-0.5%	-3.3%	-0.5%	-0.3%	-0.4%	+1.3%
BA.5.2.1	+0.0%	-3.3%	-0.3%	-0.4%	-0.5%	-0.1%
BA.5.2.48	-0.5%	+1.3%	-0.1%	-0.5%	-0.1%	+0.0%
BA.5.2.6	+0.5%	-1.5%	-0.1%	-0.1%	-0.3%	+0.2%
BA.5.3.1	-1.6%	-0.1%	-0.0%	-0.0%	-0.0%	+0.7%
BA.5.3.5	-1.3%	+0.0%	-0.0%	+0.0%	-0.0%	+0.0%
BE.10	-0.1%	+0.0%	-0.0%	+0.0%	+0.0%	-1.6%
BE.5	-1.8%	+0.0%	+0.0%	-0.0%	+0.0%	+0.0%
BE.7	-2.9%	+0.0%	-0.0%	+0.1%	-0.0%	-0.0%
BE.9	+0.0%	+0.0%	+0.1%	+0.1%	-0.0%	-1.7%
BF.5	+0.0%	-7.2%	-0.1%	-0.0%	-0.1%	+0.0%
BF.7	+0.0%	-1.1%	-1.6%	-0.5%	-0.9%	-0.0%
BF.7.14	+0.4%	+1.9%	-0.1%	-0.3%	-0.1%	+0.0%
BF.7.4.1	+0.0%	-1.7%	-0.0%	-0.0%	-0.2%	-0.0%
BN.1.2	-3.5%	+2.7%	-0.3%	-1.0%	-0.1%	+0.6%
BN.1.3	-0.2%	+2.9%	+0.3%	-1.0%	-0.2%	+0.2%
BQ.1	+1.4%	+0.0%	-0.9%	-0.7%	-2.0%	-0.7%
BQ.1.1	-7.0%	-0.7%	-3.0%	-1.9%	-5.4%	+1.0%
BQ.1.1.1	+0.4%	-0.0%	-0.3%	+0.0%	-0.1%	-1.4%
BQ.1.1.11	+1.5%	-0.1%	-0.0%	-0.3%	-0.2%	-0.3%
BQ.1.1.13	-0.2%	+0.1%	-0.3%	+0.0%	-0.0%	+3.1%
BQ.1.1.18	-1.2%	-1.3%	-1.0%	-0.1%	-0.5%	-0.1%
BQ.1.1.20	+0.0%	+0.0%	-1.4%	+0.1%	+0.0%	+0.0%
BQ.1.1.28	+9.0%	-0.0%	+0.1%	+0.2%	-0.2%	-0.2%
BQ.1.1.3	-1.9%	-0.1%	-0.2%	-0.2%	-0.4%	+0.2%
BQ.1.1.32	-0.5%	+0.1%	-0.2%	+1.2%	-1.0%	-0.4%
BQ.1.1.4	-1.0%	-0.1%	-0.5%	+0.1%	-0.8%	+0.2%
BQ.1.10	-0.1%	+0.1%	-0.1%	+0.2%	-0.3%	+1.5%
BQ.1.2	-0.4%	-0.1%	-0.2%	-0.2%	-1.2%	-0.0%
BQ.1.28	+0.0%	-0.0%	-0.0%	-0.0%	-1.2%	-0.1%
BR.2.1	-0.1%	-0.1%	-0.0%	-2.5%	+0.0%	-0.0%
CH.1.1	-0.7%	+0.2%	+1.1%	+0.1%	+0.0%	+0.1%
CH.1.1.1	-0.4%	+0.9%	+1.5%	+1.0%	+0.2%	-0.8%
CH.1.1.3	+0.7%	+1.9%	+2.0%	+1.5%	+0.3%	+0.0%
DR.1	+1.7%	+0.0%	-0.1%	+0.2%	-0.1%	+0.0%
XBB.1	+1.8%	+1.4%	+0.3%	+1.7%	-0.5%	+1.9%
XBB.1.5	+19.7%	+4.9%	+10.9%	+3.2%	+28.0%	+12.7%
XBB.1.9.1	+0.5%	+1.2%	+1.3%	+0.6%	+0.2%	+0.0%
XBB.2	-2.1%	+0.2%	-0.1%	-0.1%	-0.1%	-10.7%
XBB.3	-6.3%	-0.0%	-0.0%	-0.0%	-0.0%	-0.0%
XBF	-0.5%	+0.7%	+0.8%	+3.2%	+0.1%	+0.0%
Africa						
Asia						
Europe						
Oceania						
North America						
South America						

Рисунок 3 Изменение доли субвариантов Omicron в регионах мира за периоды с 20 декабря 2022 г. по 17 января 2023 г. и с 17 января по 14 февраля 2023 г.

В базу данных GISAID было загружено 59 856 геномных последовательностей субварианта BF.7 из 98 стран. Наибольшее распространение субварианта BF.7 получил в Словакии, Германии, Греции, Украине, Хорватии (от 9 % до 22%).

Субвариант BQ.1 входит в число более 300 сублиний варианта Omicron и является дочерней линией BA.5. На сегодняшний день в GISAID депонировано 376 150 геномов субварианта BQ.1 из 123 стран.

В базу данных GISAID загружено 98 612 геномных последовательностей субварианта BA.2.75. За последние 4 недели распространенность BA.2.75 составила в Австралии – 42,0 %, Великобритании – 33,0%, дании – 29,0%, Чехии – 24,0%, Австрии – 22,0%, Португалии – 17,0%.

Субвариант CH.1.1 впервые обнаружен в Юго-Восточной Азии в ноябре 2022 г. В базе данных GISAID депонировано 13 097 геномов из 66 стран. Наибольшее распространение субвариант получил в Новой Зеландии, Гонконге, Камбодже и Ирландии.

Лабораториями 98 стран в базе GISAID размещено 19 796 геномов субварианта ХВВ.1 Распространенность субварианта ХВВ.1 составила в Гватемале – 87,0%, Доминиканской Республике – 61,0%, Индонезии – 42,0%, Малазии – 44,0%, Пакистане – 34,0%, Доминиканской Республике – 38,0 %.

Субвариант ХВF связан с недавним подъемом заболеваемости в Австралии и Швеции. В GISAID загружено 3 753 геномные последовательности из 46 стран.

В России в последние недели наблюдается рост заболеваемости COVID-19 на фоне возврата субварианта Omicron ХВВ («стелс-омикрон»). Различные формы ХВВ постепенно вытесняют линию ВА.5, которая доминировала в России многие месяцы. Параллельно фиксируются случаи заражения геновариантами «Омикрона» ВQ.1 и ВА.2.75 (кентавр)».

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.*) 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 (21.01. – 17.02.2023 г.)	Процент геномов, относящихся к варианту Omicron (B.1.1.529). депонированных за последние 4 недели
Австралия (рост заболеваемости)	NSW Health Pathology – Institute of Clinical Pathology and Medical Research; Westmead Hospital; University of Sydney	132605	1570	99,7
Австрия (рост заболеваемости)	Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	165213	4595	99,9
Азербайджан (стабилизация заболеваемости)	National Hematology and Transfusiology Center	20	0	0,0
Албания (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Virus Unit, National Infection Service, Public Health England	522	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	0	0,0
Ангилья (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies	52	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	6309	27	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)	934	20	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	1998	0	0,0
Барбадос (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Building 36, First Floor Biochemistry Unit, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies	152	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 (рост заболеваемости)	KU Leuven, Rega Institute, Clinical and Epidemiological Virology	88941	472	99,8
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	171	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	76	0	0,0
Бонэйр (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	1065	0	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	3	100,0
Бразилия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Adolfo Lutz, Interdisciplinary Procedures Center, Strategic Laboratory	97272	21	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)	4421	91	100,0
Буркина Фасо (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire bacteriologie virologie CHUSS	17	0	0,0
Бурунди (стабилизация заболеваемости)	MRC/UVRI & LSHTM Uganda Research Unit, National Institute of Public Health	93	0	0,0
Великобритания (стабилизация заболеваемости)	COVID–19 Genomics UK (COG–UK) Consortium. Wellcome Sanger Institute for the COVID–19 Genomics UK (COG–UK) consortium.	1400207	7384	100,0

Венгрия (стабилизация заболеваемости)	National Laboratory of Virology, Szentágotthai 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 Lambaré (CERMEL)	2	0	0,0
Гаити (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire National de Santé Publique – LNSP(HAITI – LNSP)	183	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	2170	0	0,0
Гваделупа (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	594	0	0,0
Гватемала (стабилизация заболеваемости)	Asociación de Salud Integral/Clinica Familiar Luis Ángel García	2796	30	100,0
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.	532564	5336	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	11347	51	100,0
Греция (стабилизация заболеваемости)	Greek Genome Center, Biomedical Research Foundation of the Academy of Athens(BRFAA)	14102	0	0,0
Грузия (стабилизация заболеваемости)	Department for Virology, Molecular Biology and Genome Research, R. G. Lugar Center for Public Health Research, National Center for Disease Control and Public Health(NCDC) of Georgia.	1911	26	100,0
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.	350510	1772	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	1356	16	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)	296	0	0,0
Израиль (стабилизация заболеваемости)	Central Virology Laboratory, Israel Ministry of Health	111313	493	85,0
Индия (стабилизация заболеваемости)	Department of Neurovirology, National Institute of Mental Health and Neurosciences(NIMHANS).CSIR–Centre for Cellular and Molecular Biology	124523	30	96,8
Индонезия (стабилизация заболеваемости)	National Institute of Health Research and Development	34213	78	100,0
Иордания (стабилизация заболеваемости)	Andersen lab at Scripps Research, CA, USA	169	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 (рост заболеваемости)	National Reference Laboratory for COVID–19, Pasteur Institute of Iran	1977	3	100,0
Ирландия (стабилизация заболеваемости)	National Virus Reference Laboratory	53667	386	99,5
Исландия (стабилизация заболеваемости)	Landspítali Department of Clinical Microbiology	9913	153	100,0
Испания (стабилизация заболеваемости)	Hospital Universitario 12 de Octubre	97639	564	99,6
Италия (стабилизация заболеваемости)	Army Medical Center, Scientific Department, Virology Laboratory	75835	1061	99,6
Кабо–Верде (стабилизация заболеваемости)	Institut Pasteur de Dakar	542	0	0,0
Казахстан (стабилизация заболеваемости)	Reference laboratory for the control of viral infections	902	0	0,0
Камбоджа (стабилизация заболеваемости)	Virology Unit, Institut Pasteur du Cambodge	1796	1	100,0
Камерун (стабилизация заболеваемости)	CREMER(Centre de Recherches sur les Maladies Emergentes et Ré–émergentes)	578	0	0,0

Канада (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de santé publique du Québec	251743	5635	100,9
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	4864	0	0,0
Кипр (стабилизация заболеваемости)	Department of Molecular Virology, Cyprus Institute of Neurology and Genetics	465	0	0,0
Китай (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Viral Disease Control and Prevention	14736	1069	100,0
Колумбия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Salud– Dirección de Investigación en Salud Pública	12588	1	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 (рост заболеваемости)	Inciensa, Instituto Costarricense de Investigación y Enseñanza en Nutrición y Salud	6937	36	100,0
Кот Д'Ивуар (стабилизация заболеваемости)	Molecular diagnostic unit for viral haemorrhagic fevers and emerging viruses, Bouaké CHU Laboratory	197	1	100,0
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)	1166	1	100,0
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	10333	7	70,0
Лихтенштейн (стабилизация заболеваемости)	Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	1373	1	100,0
Люксембург (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire national de santé, Microbiology, Microbial Genomics Platform	32435	533	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	26812	9	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	1187	0	0,0
Мартиника (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	1392	7	100,0
Мексика (рост заболеваемости)	Instituto de Diagnostico y Referencia Epidemiologicos (INDRE)	38676	26	100,0
Мозамбик (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform, South Africa	561	1	100,0
Молдавия (рост заболеваемости)	ONCOGENE LLC	635	18	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 (рост заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	68513	688	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	31985	14	100,0
ОАЭ (стабилизация заболеваемости)	Wellcome Sanger Institute for the COVID-19 Genomics UK(COG-UK) Consortium	734	0	0,0
Оман (стабилизация заболеваемости)	Oman-National Influenza Center	187	0	0,0
Пакистан (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Public Health Laboratories Division	2680	16	100,0
Палау (стабилизация заболеваемости)	Can Ruti SARS-CoV-2 Sequencing Hub (HUGTiP/Ir-siCaixa/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	2947	7	100,0
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	28171	0	0,0
Польша (рост заболеваемости)	genXone SA, Research & Development Laboratory	41539	195	100,0
Португалия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Saude(INSA)	20419	71	100,0

Пуэрто Рико (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	12003	63	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	0,0
Республика Никарагуа (стабилизация заболеваемости)	MSHS Pathogen Surveillance Program	165	0	0,0
Республика Сальвадор (стабилизация заболеваемости)	Genomics and Proteomics Department, Gorgas Memorial Institute For Health Studies	298	0	0,0
Республика Чад (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Genomics Lab, National Institute for Biomedical Research (INRB)	8	0	0,0
Реюньон (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	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 Surveil-	39743	20	100,0

	lance. State Research Center of Virology and Biotechnology VECTOR, Department of Collection of Microorganisms.			
Руанда (стабилизация заболеваемости)	GIGA Medical Genomics	197	0	0,0
Румыния (рост заболеваемости)	National Institute of Infectious Diseases–Prof. Dr. Matei Bals Molecular Diagnostics Laboratory	9656	5	100,0
Саудовская Аравия (рост 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	2	100,0
Северные Марианские острова (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	2072	0	0,0
Сейшелы (стабилизация заболеваемости)	KEMRI– Wellcome Trust Research Programme, Kilifi	618	0	0,0
Сенегал (стабилизация заболеваемости)	IRESEF 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	86	0	0,0
Сент–Китс и Невис (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of Preclinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies	18	0	0,0
Сент–Люсия (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences	153	8	100,0
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	19163	654	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)	847	0	0,0
Сирия (стабилизация заболеваемости)	CASE-2021-0266829	72	0	0,0
Словакия (рост заболеваемости)	Faculty of Natural Sciences, Comenius University	25741	0	0,0
Словения (рост заболеваемости)	Institute of Microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, University of Ljubljana	33520	73	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.	2210633	20725	99,7
Сьерра-Леоне (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Reference Laboratory	1	0	0,0
Таиланд (стабилизация заболеваемости)	COVID-19 Network Investigations(CONI) Alliance	24824	6	100,0
Тайвань (стабилизация заболеваемости)	Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision Medicine	2369	13	100,0
Танзания (стабилизация заболеваемости)	Jiaying 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	2421	91	100,0
Тунис (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de linique linique – Institut Pasteur de Tunis	495	0	0,0
Турция (стабилизация заболеваемости)	Ministry of Health Turkey	21349	0	0,0
Уганда (стабилизация заболеваемости)	MRC/UVRI & LSHTM Uganda Research Unit	514	6	100,0
Украина (стабилизация заболеваемости)	Department of Respiratory and other Viral Infections of L.V.Gromashevsky Institute of Epidemiology & Infectious Diseases NAMS of Ukraine, JSC “Farmak”	1329	21	100,0
Узбекистан (стабилизация заболеваемости)	Center for Advanced Technologies	40	0	0,0
Уругвай (стабилизация заболеваемости)	Departamento Laboratorios de Salud Pública (DLSP) Ministerio de Salud Pública	179	3	100,0
Федеративные штаты Микронезии (стабилизация заболеваемости)	Pohnpei State Hospital	51	0	0,0
Филиппины (стабилизация заболеваемости)	Philippine Genome Center	12516	0	0,0
Финляндия (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Faculty of Medicine, University of Helsinki	20038	280	100,0

Франция (снижение заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	337064	1596	99,9
Французская Гвиана (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	1518	4	100,0
Французская Полинезия (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	13	0	0,0
Хорватия (стабилизация заболеваемости)	Croatian Institute of Public Health	22713	104	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	390	6	100,0
Чехия (рост заболеваемости)	The National Institute of Public Health	32058	69	100,0
Чили (снижение заболеваемости)	Instituto de Salud Publica de Chile	22263	317	100.0%
Швейцария (стабилизация заболеваемости)	Department of Biosystems Science and Engineering, ETH Zürich.	52209	65	100,0
Швеция (стабилизация заболеваемости)	The Public Health Agency of Sweden	93456	910	100,0
Шри-Ланка (стабилизация заболеваемости)	Centre for Dengue Research and AICBU, Department of Immunology and Molecular Medicine	1134	0	0,0
Эквадор (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Investigaciones Salud Pública, INSPI	5225	29	93,5
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)	616	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 (рост заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform.	23150	185	97,9
Южная Корея (снижение заболеваемости)	Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency	87713	802	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	1786	0	0,0
Япония (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Genomics Center, National Institute of Infectious Diseases	370166	997	100,0

ВОЗ, еженедельное эпидемиологическое обновление № 130 от 15 февраля 2023

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

Географическое распределение

Во всем мире с 16 января по 12 февраля 2023 г. (28 дней) в базу GISAID было передано 63236 последовательностей SARS-CoV-2. Среди них 63113 последовательностей представляли собой вызывающий обеспокоенность вариант Omicron (VOC), что составляло более 99,8% последовательностей, зарегистрированных во всем мире.

На 4-й эпидемиологической неделе (с 23 по 29 января 2023 г.) на Omicron BA.5 и его линии-потомки приходилось 42,7% (с 6219 последовательностями) от всех представленных последовательностей. Однако их доля снизилась по сравнению с 52-й неделей (с 26 декабря 2022 г. по 1 января 2023 г., с распространенностью 70,7% или 41524 последовательности). В течение этого же отчетного периода распространенность Omicron BA.2 и его потомков оставалась стабильной (13,1% по сравнению с 13,3% на 52-й неделе). Объединенные последовательности рекомбинантных вариантов показали увеличение относительной распространенности с 10,6% (с 6243 последовательностями) на 52-й неделе 2022 г. до 32,7% (с 4758 последовательностями) на 4-й неделе 2023 г. Большинство этих рекомбинантных вариантов на 4-й неделе представляли собой ХВВ. 1.5 (26,1% среди всех последовательностей). Кроме того, рекомбинантный вариант ХВФ охватывал 1,2% всех последовательностей. На не идентифицированные последовательности (предположительно Omicron) приходится 11,4% последовательностей, отправленных в GISAID на 4-й неделе. Варианты Omicron BA.1, BA.3 и BA.4 и их потомки составляют <1%.

В настоящее время ВОЗ отслеживает семь подвариантов Omicron. К ним относятся BF.7 (BA.5 + мутация R346T в шиповидном белке); BQ.1* (включая BQ.1.1, с BA.5 + мутациями R346T, K444T, N460K в шиповидном белке); BA.2.75* (включая BA.2.75.2); CH.1.1 (BA.2.75 + L452R, F486S); ХВВ*; ХВВ.1.5 и ХВФ. После выхода последнего Еженедельного эпидемиологического бюллетеня от 8 февраля 2023 г. в список был добавлен подвариант ХВФ. Эти варианты включены в указанный перечень из-за их преимуществ передачи по сравнению с другими циркулирующими вариантами и дополнительных аминокислотных изменений, которые, как известно или предполагается, обеспечивают адаптивное преимущество.

На региональном уровне, на 4-й эпидемиологической неделе, BA.5* доминировал в Западно-Тихоокеанском регионе (18,8%, 272/1450 последовательностей), ХВВ.1.5* доминировал в Американском регионе (25,1%, 3123/12442 последовательностей), в то время как BQ.1* доминировал в Европейском регионе (21,1%, 2395/11333 последовательностей). Было невозможно определить доминирующий циркулирующий вариант для регионов, представивших менее 100 последовательностей на 4-й неделе.

XBF, о первых последовательностях которого было сообщено 27 июля 2022 г., представляет собой рекомбинант BA.5.2.3 и CJ.1 (подлиния BA.2.75.3). XBF имеет следующие дополнительные мутации в шиповидном белке по сравнению с BA.5: K147E, W152R, F157L, I210V, G257S, G339H, R346T, G446S, N460K, F486P, F490S. В лабораторных исследованиях было показано, что мутация F486P отвечает за повышенную трансмиссивность, в то время как R346T и N460K способствуют ускользанию от иммунитета. По состоянию на 12 февраля 2023 г. сообщения о XBF поступили из 46 стран. Семь из этих стран (Австралия, Новая Зеландия, Австрия, Дания, Соединенное Королевство Великобритании, Швеция и Соединенные Штаты Америки) на сегодняшний день зарегистрировали более чем 100 последовательностей.

Влияние вариантов различается от страны к стране в зависимости от различных факторов, таких как ранее сформировавшийся иммунитет и меры общественного здравоохранения и социальные меры (PHSM). В настоящее время нет эпидемиологических доказательств того, что XBF является причиной роста числа случаев, госпитализаций или смертей.

* Указывает на все линии-потомки

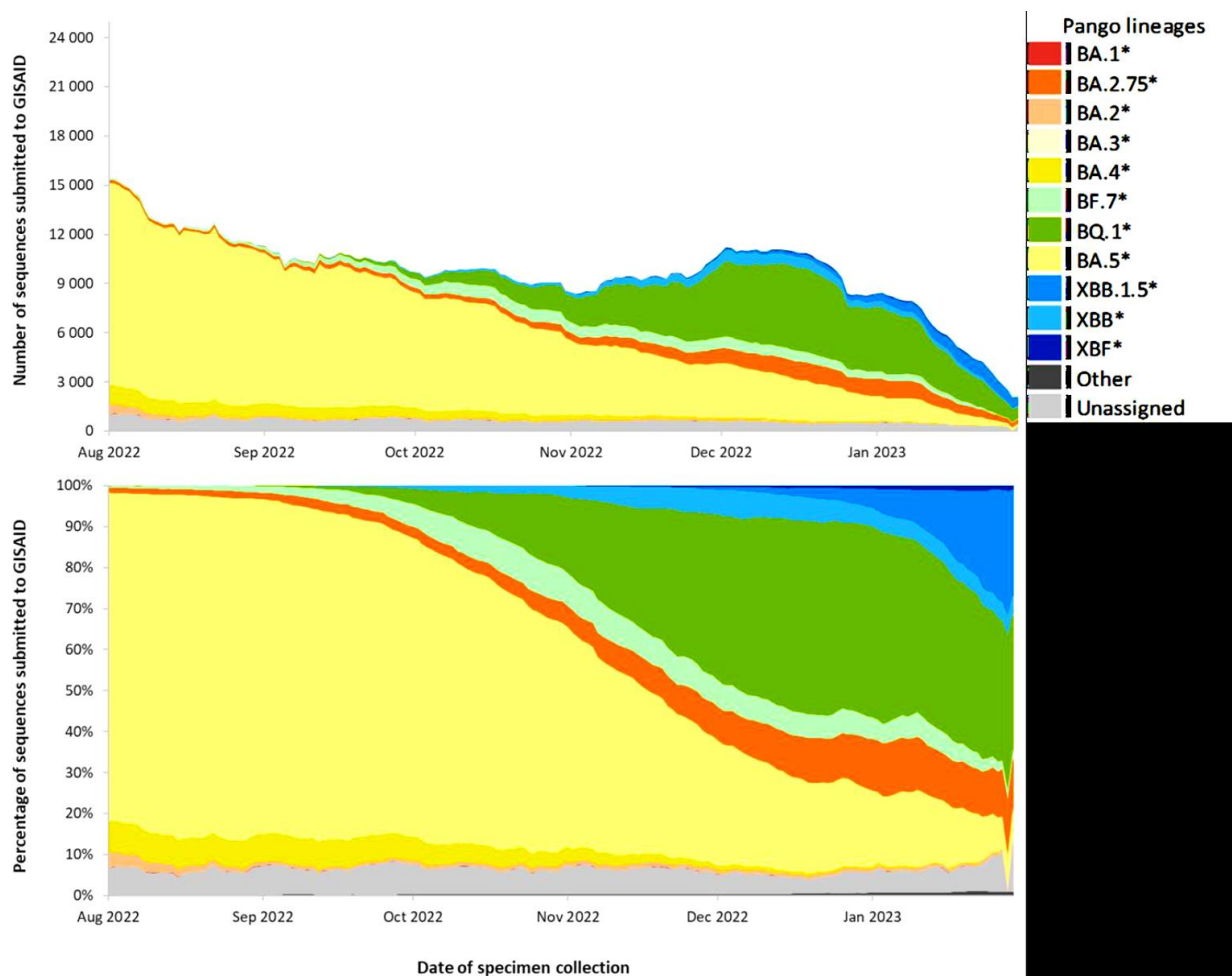


Рисунок 4. Панели А и В: количество и процент последовательностей SARS-CoV-2 в период с 1 августа 2022 г. по 29 января 2023 г.

Рисунок 4, на панели А показано количество последовательностей, а на панели В процент всех циркулирующих вариантов с июля 2022 года. Показаны сестринские линии Omicron и дополнительные линии-потомки вызывающего беспокойство варианта Omicron, находящиеся под дальнейшим мониторингом. BA.1*, BA.2*, BA.3*, BA.4* и BA.5* (* указывает на то, что учтены и линии-потомки) включают все BA.1, BA.2, BA.3, BA.4 и BA.5 объединенные линии, за исключением нескольких отслеживаемых подвариантов Омикрона, показанных индивидуально. Категория «Не приписанные» включает линии, ожидающие получения имени PANGO, тогда как категория «Другие» включает линии, которые назначены, но не перечислены в легенде. Источник: данные о последовательностях SARS-CoV-2 и метаданные GISAID за период с 1 августа 2022 г. по 29 января 2023 г.

Lineage	Countries	Sequences	2022-52	2023-01	2023-02	2023-03	2023-04
BA.1*	188	2 223 183	0.01	0.02	0.02	0.02	0.03
BA.2*	177	2 062 137	0.85	0.80	0.84	0.76	0.63
BA.3*	28	782	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
BA.4*	142	176 906	0.39	0.33	0.22	0.17	0.18
BA.5*	162	1 591 990	18.82	18.07	15.45	12.05	7.33
BF.7*	100	85 573	5.40	5.43	5.34	3.88	2.00
BQ.1*	123	329 645	46.46	43.46	41.26	38.35	33.37
BA.2.75*	112	99 594	12.47	12.87	11.45	10.99	12.43
XBB*	101	45 958	4.53	4.42	4.77	4.43	4.48
XBB.1.5*	67	28 335	4.64	7.47	12.69	20.99	26.11
XBF*	39	4494	0.83	0.98	1.18	1.34	1.19
Unassigned	88	263 776	4.96	5.44	6.12	5.96	11.36
Other	206	6 664 565	0.64	0.71	0.67	1.06	0.88

Таблица 2. Относительные доли последовательностей SARS-CoV-2 в период с 26 декабря 2022 г. по 29 января 2023 г. с распределением по дате сбора образцов

В таблице 2 показано количество стран, сообщивших об указанных сублиниях, общее количество зарегистрированных последовательностей и распространенность линий за последние пять эпидемиологических недель. BA.1*, BA.2*, BA.3*, BA.4* и BA.5* (* указывает на то, что учтены и линии-потомки) включают все BA.1, BA.2, BA.3, BA.4 и BA.5 объединенные линии-потомки, за исключением нескольких отслеживаемых подвариантов Омикрона, показанных индивидуально. Категория «Не приписанные» включает линии, ожидающие получения имени PANGO, тогда как категория «Другие» относится к линиям, не перечисленным в легенде. Источник данных: последовательности и метаданные из GISAID, полученные 13 февраля 2023 г. Пропорции указаны в процентах.

Эффективность вакцины (ЭВ) первичной серии и бустерной вакцинации против вызывающего обеспокоенность варианта Омикрон (VOC)

Графики и таблицы, демонстрирующие эффективность вакцин против COVID-19 в отношении Omicron, доступны на View-hub.org и регулярно обновляются (последнее обновление от 9 февраля 2023 г.). Все данные собираются в рамках постоянного систематического обзора исследований эффективности вакцины против COVID-19. Доступны следующие категории графиков:

- Эффективность первичной серии и бустерной дозы вакцины (VE) для всех вакцин, по которым имеются данные
- ЭВ для различных подгрупп населения, представляющих интерес
- Абсолютная и относительная эффективность второй бустерной дозы вакцины (дополнительную информацию об интерпретации относительной см. в Ежеженедельном эпидемиологическом бюллетене от 29 июня).
- ЭВ с течением времени для вакцин с доступными данными
- Абсолютная ЭВ бустерной дозы для бивалентных вакцин

Суммируя, результаты исследований эффективности вакцин показывают снижение ЭВ вакцин против COVID-19 первичной серии в отношении варианта Omicron для всех исходов (тяжелое заболевание, симптоматическое заболевание и заражение) по сравнению с той, которая наблюдалась для оригинального штамма SARS-CoV-2 и четырех предыдущих VOC. Оценки ЭВ против варианта Omicron остаются выше для предотвращения тяжелого заболевания, чем для двух других исходов. ЭВ первичной вакцинации против симптоматического заболевания и заражения быстро снижалась с течением времени. Первая ревакцинация, независимо от вакцины, используемой в первичной серии, значительно улучшает ЭВ для всех исходов, при этом ЭВ снижается в большей степени в первые шесть месяцев после первой ревакцинации для предотвращения симптоматического заболевания и заражения, чем для тяжелой формы болезни. ЭВ второй бустерной дозы с применением мРНК-вакцины имеет такие же особенности улучшения ЭВ в общем с последующим снижением, как и после первой бустерной дозы.

Новые данные о бивалентных мРНК вакцинах, которые содержат вирус предкового штамма и вариант Омикрон, свидетельствуют о том, что бустерная доза бивалентной вакцины улучшает защиту от симптоматического и тяжелого заболевания по сравнению с показателями у не вакцинированных лиц; кроме того, лица, получившие вторую или третью бустерную дозу бивалентной вакцины, имели более стойкий иммунитет по сравнению с лицами, получившими первую или вторую бустерную дозу моновалентной мРНК-вакцины соответственно. Поскольку бивалентные мРНК-вакцины и моновалентные мРНК-вакцины оценивались в разные периоды времени, прямое сравнение в обсервационных исследованиях ЭВ оказалось за-

труднительным; необходимы дополнительные доказательства, чтобы оценить, обеспечивают ли бивалентные мРНК-вакцины улучшенную защиту по сравнению с моновалентными вакцинами.

Исследования нейтрализующих антител могут дать раннее представление об эффективности вакцин против новых и появляющихся вариантов, вызывающих ообеспокоенность, и их подвариантов. Для получения дополнительной информации о способности вакцин против COVID-19 нейтрализовать различные подварианты Омикрона (см. недавний систематический обзор поствакцинальных реакций нейтрализации на Омикрон BA.1, BA.2, BA.3 и BA.4/ BA.5). Кроме того, результаты постоянного систематического обзора исследований по нейтрализации регулярно обновляются на сайте [VIEW-hub.org](https://vew.hub.org) (последнее обновление от 13 февраля 2023 г.).

Совокупность имеющихся на сегодняшний день данных свидетельствует о том, что нейтрализующий гуморальный ответ на первую бустерную вакцинацию в отношении Омикрон BA.1 примерно в шесть раз ниже по сравнению с исходным штаммом, что представляет собой большее снижение, чем наблюдалось с предыдущими VOC. Кроме того, медиана снижения средних геометрических титров была в два раза ниже для BA.4/BA.5 по сравнению с BA.1. Недавний отчет предполагает, что ЭВ против BA.4/BA.5, вероятно, ниже, чем против BA.1, хотя причины этого могут быть связаны как с более низкими титрами нейтрализации, так и с методологическими факторами того, как проводились исследования ЭВ. Первые данные свидетельствуют о дальнейшем снижении нейтрализующей способности против новых подвариантов BQ.1/BQ.1.1 и XBB/XBB.1. Нейтрализация первичной серии против варианта Омикрон (без бустера) была слишком плохой, чтобы можно было точно сравнивать кратность уменьшения в отношении подвариантов.

Публикации:

Cell Rep Med. 2023 Jan 27;100943.

doi: 10.1016/j.xcrm.2023.100943.

Accelerated SARS-CoV-2 intrahost evolution leading to distinct genotypes during chronic infection

Ускоренная эволюция SARS-CoV-2 в организме хозяина, приводящая к образованию различных генотипов при хронической инфекции

Chrispin Chaguz, Anne M Hahn, Mary E Petrone и др.

Гипотеза хронической инфекции в появлении нового варианта SARS-CoV-2 получает все большее доверие после появления Omicron. Авторы исследуют эволюцию в организме хозяина и генетическое разнообразие линии B.1.517 во время хронической инфекции SARS-CoV-2, продолжающейся в течение 471 дня (и по сей день) с постоянно восстанавливающимся инфекционным вирусом и высокой копийностью вирусного генома. Во время инфекции обнаруживается увеличенная скорость эволюции вируса, достигающая до 35 замен нуклеотидов в год, что примерно в 2 раза превышает глобальную скорость эволюции SARS-CoV-2. Эта эволюция в организме хозяина приводит к появлению и сохранению, по крайней мере, трех различных генотипов, что свидетельствует об установлении пространственно структурированных вирусных популяций, постоянно пересекающих разные генотипы в носоглотку. Наконец, отслеживается временная динамика генетического разнообразия, чтобы выявить благоприятные мутации и выделить изменения, характерные для хронической инфекции. Эти результаты показывают, что нелеченные хронические инфекции ускоряют эволюцию SARS-CoV-2, предоставляя возможность для появления генетически отличающихся вариантов.

Rev Med Virol. 2023 Feb 15;e2428.

doi: 10.1002/rmv.2428. Online ahead of print.

Clinical performance of rapid antigen tests in comparison to RT-PCR for SARS-COV-2 diagnosis in Omicron variant: A systematic review and meta-analysis

Клиническая эффективность экспресс-тестов на антигены по сравнению с ОТ-ПЦР для диагностики SARS-COV-2 Омикрон: систематический обзор и метаанализ

Zahra Eslami Mohammadie, Saeed Akhlaghi, Saeed Samaeinasab и др.

В этом систематическом обзоре и метаанализе авторы исследовали, оказывает ли Омикрон значительное влияние на эффективность экспресс-теста на антиген (RAT) по сравнению с ПЦР. Они провели систематический поиск в базах данных PubMed, Scopus, Embase и Web of Science до 1 августа 2022 года. После проверки статей оценили качество включенных исследований на основе контрольного списка

JB1. После извлечения данных провели метаанализ с использованием программного обеспечения R. Авторы включили 18 квалифицированных статей, в которых представлено достаточно данных об эффективности RAT по сравнению с RT-PCR при инфекциях Omicron. Суммарная специфичность и чувствительность RAT составляли 1,000 (0,997–1,000) и 0,671 (0,595–0,721) соответственно. Наборы, одобренные FDA, показали лучшую эффективность, чем наборы, одобренные ВОЗ, с чувствительностью 0,728 (0,620–0,815). Использование RAT с мазками из носа показало более высокую чувствительность по сравнению с мазками из носоглотки. Чувствительность для образцов со значением CT >25 составила 0,108 (0,048–0,227). Экспресс-тесты на антигены показывают снижение эффективности диагностики COVID-19, когда циркулирует вариант Omicron, особенно в образцах с низкой вирусной нагрузкой.

Antagonistic pleiotropy plays an important role in governing the evolution and genetic diversity of SARS-CoV-2

Антагонистическая плеiotропия играет важную роль в управлении эволюцией и генетическим разнообразием SARS-CoV-2.

Ding-Chin Lee, Jui-Hung Tai, Hsin-Fu Lin, Tai-Ling Chao и др.

doi: <https://doi.org/10.1101/2023.02.10.527437>

Анализ геномного разнообразия SARS-CoV-2 показал, что некоторые участки генома, по-видимому, мутировали независимо несколько раз с частотой, значительно превышающей четырехкратную, что может быть связано либо со смещением мутаций, то есть с повышенной частотой мутаций в некоторые участки генома или выбором вариантов из-за антагонистической плеiotропии, состояния, при котором мутации увеличивают одни компоненты приспособленности за счет других. Чтобы изучить, как различные силы повлияли на эволюцию SARS-CoV-2 в 2020–2021 годах, проанализировали большой набор последовательностей генома (~ 2 миллиона). Показано, что, хотя эволюция SARS-CoV-2 во время пандемии была в значительной степени обусловлена мутациями, группа несинонимичных изменений, вероятно, поддерживается антагонистической плеiotропией. Чтобы проверить эту гипотезу, изучили функцию одной такой мутации, шипа M1237I. Спайк I1237 увеличивает сборку и секрецию вируса, но снижает эффективность передачи *in vitro*. Следовательно, хотя частота M1237I может увеличиваться внутри хозяев, вирусы, несущие эту мутацию, будут проигрывать на уровне популяции. Также обсуждается, как антагонистическая плеiotропия может способствовать положительному эпистазу, для адаптации вируса.

Nat Commun. 2023 Feb 14;14(1):824.

doi: 10.1038/s41467-023-36561-6.

Resistance of Omicron subvariants BA.2.75.2, BA.4.6, and BQ.1.1 to neutralizing antibodies

Устойчивость подвариантов Омикрон BA.2.75.2, BA.4.6 и BQ.1.1 к нейтрализующим антителам

Delphine Planas, Timothée Bruel, Isabelle Staropoli и др.

Авторы разработали процедуру вирусной амплификации, чтобы легко изолировать штаммы Omicron. Они исследовали их чувствительность к 6 терапевтическим моноклональным антителам (мАт) и к 72 сывороткам от людей, вакцинированных Pfizer BNT162b2, с прорывной инфекцией BA.1/BA.2 или BA.5 или без нее. Ронапрев (Казирививимаб и Имдевивимаб) и Эвушелд (Цилгавимаб и Тиксагевимаб) теряют противовирусную эффективность в отношении BA.2.75.2 и BQ.1.1, тогда как Ксевуди (Сотровимаб) остается слабоактивным. BQ.1.1 также устойчив к бектеловимабу. Нейтрализующие титры у лиц, привитых трижды, варьируются от низких до неопределяемых против BQ.1.1 и BA.2.75.2 через 4 месяца после ревакцинации. Прорывная инфекция BA.1/BA.2 увеличивает эти титры, которые остаются примерно в 18 раз ниже против BA.2.75.2 и BQ.1.1, чем против BA.1. И наоборот, прорыв инфекции BA.5 более эффективно увеличивает нейтрализацию против BA.5 и BQ.1.1, чем против BA.2.75.2. Таким образом, эволюция новых подвариантов Омикрона способствует их распространению в иммунизированных популяциях и вызывает опасения по поводу эффективности большинства доступных моноклональных антител.

Microb Risk Anal. 2023 Feb 3;23:100250.

doi: 10.1016/j.mran.2023.100250. Online ahead of print.

Never ending story? Evolution of SARS-CoV-2 monitored through Gibbs energies of biosynthesis and antigen-receptor binding of Omicron BQ.1, BQ.1.1, XBB and XBB.1 variants

Бесконечная история? Эволюция SARS-CoV-2 отслеживается по энергиям Гиббса биосинтеза и связыванию антиген-рецептор вариантов Omicron BQ.1, BQ.1.1, XBB и XBB.1.

Marko Popovic

РНК-вирусы проявляют большую склонность к мутациям. Мутации происходят в частях генома, которые кодируют гликопротеин шипа, и реже в остальной части генома. Вот почему энергия Гиббса связывания изменяется больше, чем энергия биосинтеза. Начиная с 2019 года, дикий тип, который был помечен как Ну-1, за последние 3 года эволюционировал, дав в результате мутаций несколько десятков новых вариантов. Мутации вызывают изменения эмпирических формул новых штаммов вирусов, что приводит к изменению термодинамических свойств биосинтеза и связывания. Эти изменения вызывают изменение скорости реакции связывания вирусного антигена с рецептором клетки-хозяина и скорости размножения вируса в клетке-хозяине. Изменения термодинамических и кинетических параметров приводят к изменению биологических параметров инфекционности и патогенности. С

начала пандемии COVID-19 SARS-CoV-2 эволюционировал в сторону повышения инфекционности и сохранения постоянной патогенности, а для некоторых вариантов – небольшого снижения патогенности. У вариантов Омикрон BQ.1, BQ.1.1, ХВВ и ХВВ.1 патогенность такая же, как и у варианта Омикрон BA.2.75. С другой стороны, инфекционность вариантов Omicron BQ.1, BQ.1.1, ХВВ и ХВВ.1 выше, чем у предыдущих вариантов. Это, скорее всего, приведет к явлению асимметричной коинфекции, то есть циркуляции в популяции нескольких вариантов, некоторые из которых будут доминирующими.