

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) и субвариантов Omicron, находящихся под мониторингом, на основе количества их геномов, депонированных в базу данных GISAID за неделю с 25.02.2023 г. по 03.03.2023 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 25 февраля по 3 марта 2023 г.

На сегодняшний день в базе данных GISAID всего представлено 15 071 296 геномов вируса SARS-COV-2. За анализируемую неделю размещено еще 48 499 геномных последовательностей (за предыдущую неделю – 57 449).

В мире странами – лидерами по количеству депонированных геномных последовательностей вируса SARS-CoV-2 остаются США – (4 618 061 геном – 30,6% от всех размещенных в GISAID) и Великобритания (3 035 418– 20,1 %).

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 XE.

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.

Циркуляция вируса SARS-COV-2 геноварианта Omicron зарегистрирована в 218 странах (по данным СМИ на 03.03.2023 г.).

Всего в базу данных GISAID депонировано 7 653 210 генома варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 45 180 геномных последовательностей –

93,1 % от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-COV-2 (за предыдущую неделю – 55 463 генома – 96,5 % соответственно).

Российскими лабораториями всего размещено 65 574 геномных последовательностей вируса SARS-COV-2, в том числе варианта Omicron – 39 743 генома.

На сегодняшний день в базе данных GISAID зафиксировано депонирование варианта Omicron из 210 стран и территорий (на предыдущей неделе – 209): 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, Бутан, 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, Каймановы Острова, Камбоджа, Камерун, Канада, Катар, Кения, Кипр, Китай, Кирибати, Колумбия, Косово, Коста-Рика, Кот-д'Ивуар, Куба, Кувейт, Кыргызстан, Кюрасао, Лаос, Латвия, Либерия, Ливан, Ливия, Лихтенштейн, Литва, Лесото (Королевство Лесото), Люксембург, Мадагаскар, Маврикий, Мавритания, Макао, Малави, Малайзия, Мальдивы, Мальта, Мали, Марокко, Мартиника, Маршалловы Острова, Майотта, Мексика, Мозамбик, Молдова, Монако, Монголия, Монтсеррат, Мьянма, Микронезия, Намибия, Нидерланды, Нигер, Нигерия, Непал, Норвегия, Новая Зеландия, Новая Каледония, Никаргуа, Оман, ОАЭ, Пакистан, Палестина, Панама, Палау, Парагвай, Папуа-Новая Гвинея, Перу, Португалия, Польша, Пуэрто-Рико, Реюньон, Республика Конго, Республика Сейшельские Острова, Республика Гвинея-Бисау, Респблика Вануту, Румыния, Россия, Руанда, Сальвадор, Сен-Мартен, Синт-Мартен, Саудовская Аравия, Северная Македония, Северные Марианские острова, Сенегал, Союз Коморских Островов, Сьерра-Леоне, Словакия, Словения, Сингапур, Сирия, США, Сент-Китс и Невис, Сент-Винсент и Гренадины, Сент-Люсия, Синт-Мартен, Содружество Багамских Островов, Сомали, Судан, Таиланд, Тайвань, Танзания, Теркс и Кайкос, Того, Тринидад и Тобаго, Тунис, Турция, Уганда, Узбекистан, Украина, Уругвай, Финляндия, Франция, Французская Гвиана, Французская Полинезия, Филиппины, Хорватия, Черногория, Чехия, Чили, Чад, ЦАР, Швеция, Швейцария, Шри-Ланка, Эквадор, Эстония, Эсватини, Эфиопия, Экваториальная Гвинея, ЮАР, Южная Корея, Южный Судан, Япония, Ямайка.

За прошедшие 4 недели 58 (27,7 %) стран (за предыдущие – 29 стран (13,4 %) дополнили данные о размещенных ранее геномных последовательностях Omicron в GISAID.

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

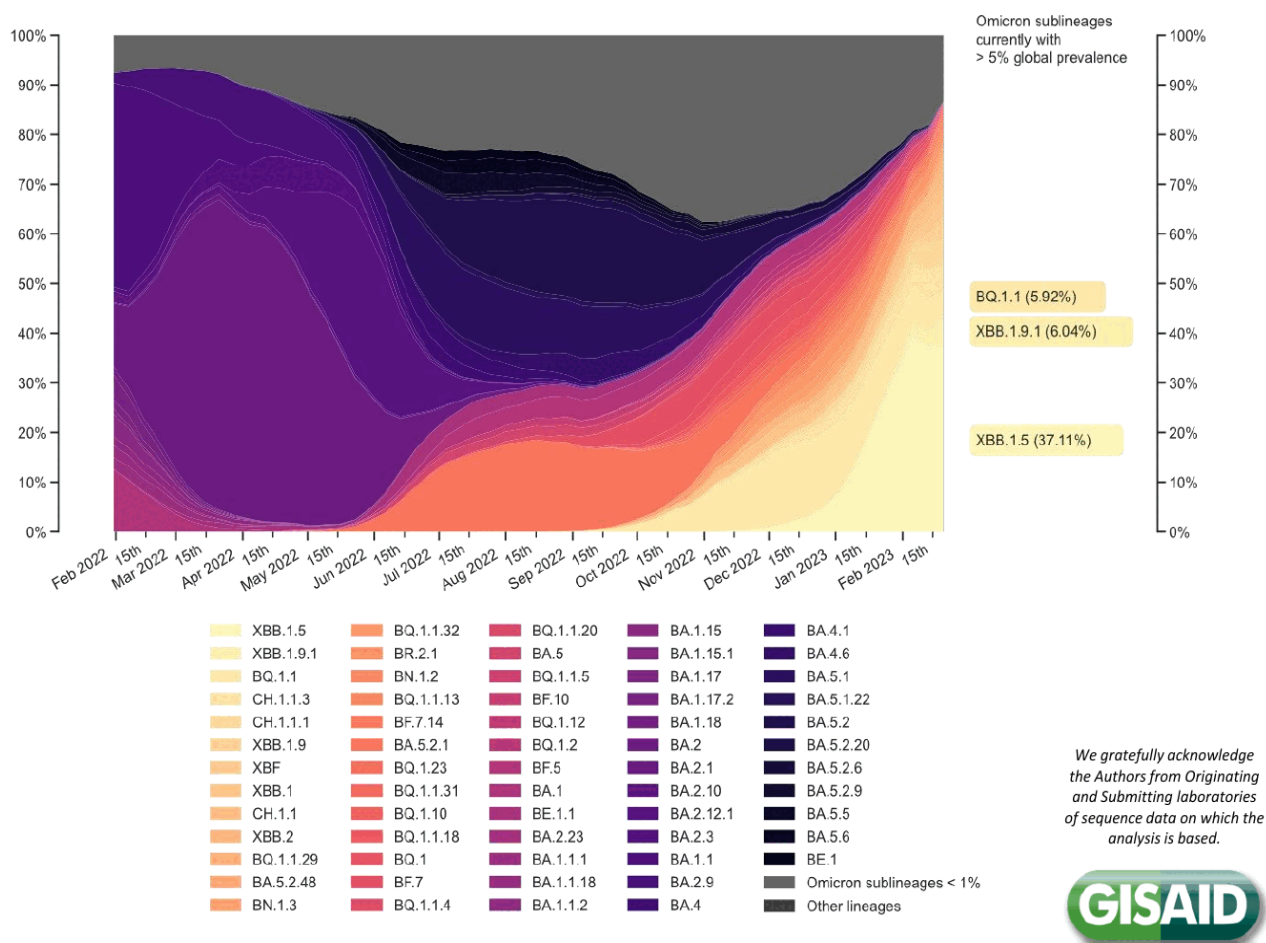
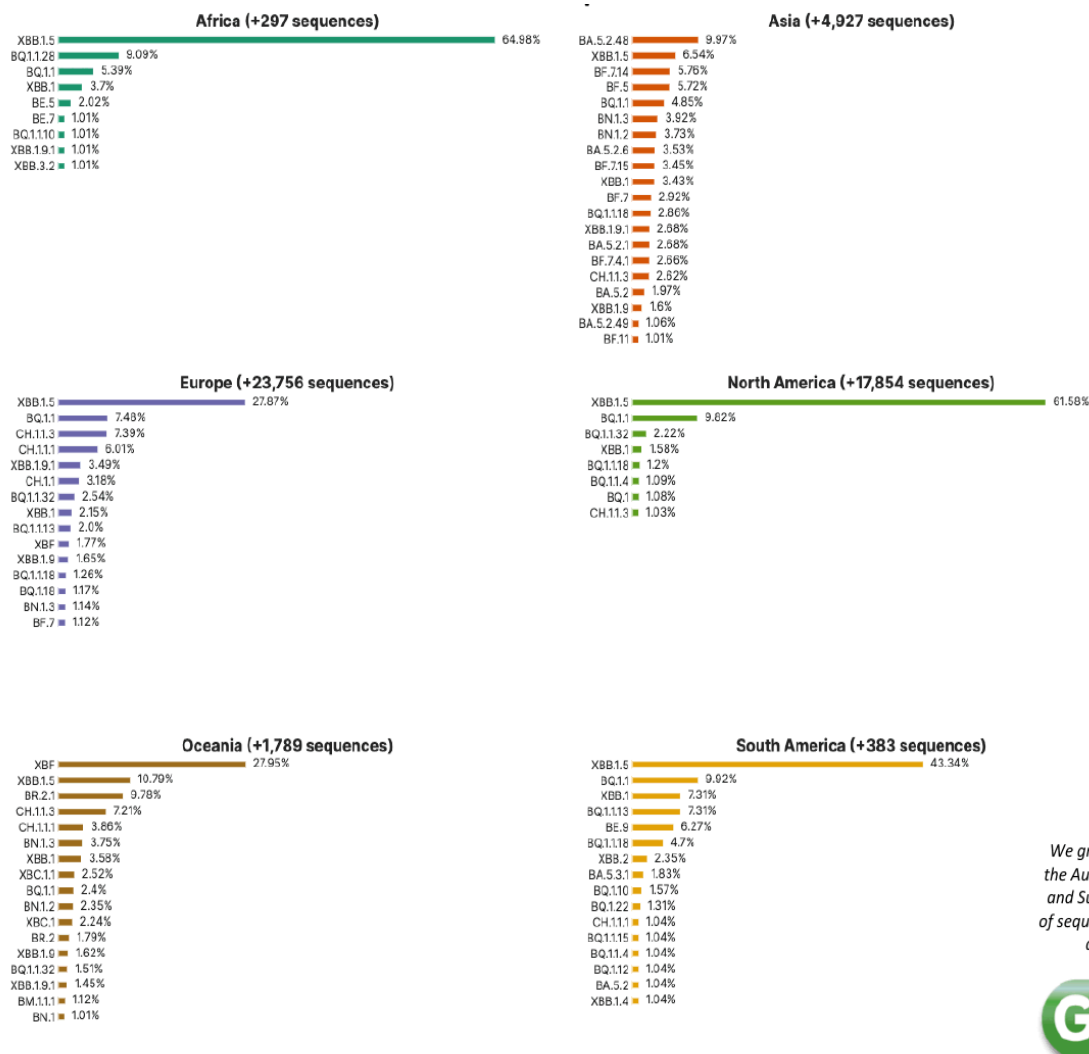


Рис. 1 Распространение субвариантов Omicron в мире (по состоянию на 28.02.2023 г.)

Динамика распространения вариантов различается в зависимости от регионов ВОЗ. За последние 4 недели доминировали следующие субварианты Omicron: в странах Африки – XBB.1.5 (64,98 % от всех секвенированных вариантов Omicron), Северной Америки – XBB.1.5 (61,58 %), Южной Америки – XBB.1.5 (43,34 %), Европы – XBB.1.5 (27,87 %), Океании – XBF (27,95 %), Азии – BA.5.2.48, BN.1.3, BN.1.2 (24,4 %) (Рис. 2).



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



Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в регионах мира секвенированные за 4 недели (с 31.01.2023 г. по 28.02.2023 г.).

В сравнении с предыдущими 4 неделями во всех регионах зарегистрировано увеличение доли субвариантов XBB.1.5 среди секвенированных геномов коронавируса SARS-CoV-2 (Рис. 3). По состоянию на 3 марта 2023 г. в базу данных GISAID EpiCoV было депонировано 66 674 последовательностей, относящихся к XBB.1.5, из 76 стран. Данный субвариант в основном размещен лабораториями США (65,8 %).

В США по данным Национальной системы геномного надзора, опубликованном на сайте CDC, на неделе с 19 по 25 февраля 2023 г. среди циркулирующих субвариантов Omicron доминирует ХВВ.1.5 (85,0 %), доля которого по сравнению с предшествующей неделей выросла на 4,8 %. Продолжилось снижение распространения субвариантов BQ.1.1 и BQ.1, их удельный вес в структуре секвенированных штаммов составил 9,4 % и 2,6 % соответственно.

По данным ECDC, среди 10 стран (Австрия, Дания, Франция, Германия, Ирландия, Италия, Латвия, Люксембург, Нидерланды и Швеция) с достаточным объемом секвенирования или генотипирования в период с 6 по 19 февраля 2023 г. оценочное распределение вариантов Omicron составило для ХВВ.1.5 – 33,8 %, BQ.1 – 26,8%, BA.2.75 – 22,2%, BA.5 – 7,0%, ХВВ – 5,7%, BA.2 – 1,2% и BA.4 – 0,3%.

BA.5.2	-0.2%	-2.3%	-0.5%	-0.3%	-0.2%	+0.6%
BA.5.2.1	+0.0%	-1.9%	-0.3%	-0.0%	-0.1%	-0.1%
BA.5.2.48	-0.1%	+2.4%	-0.0%	-0.3%	-0.0%	+0.0%
BA.5.3.1	-1.1%	-0.0%	+0.0%	-0.0%	-0.0%	+0.9%
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%	-1.1%
BE.5	-1.8%	+0.0%	-0.0%	-0.0%	+0.0%	+0.0%
BE.7	-2.4%	+0.0%	+0.0%	-0.0%	-0.0%	+0.0%
BE.9	+0.0%	-0.0%	+0.0%	+0.0%	+0.0%	+3.2%
BF.5	+0.0%	-4.5%	-0.1%	+0.0%	-0.0%	+0.0%
BF.7	+0.0%	-0.9%	-2.1%	-0.3%	-0.6%	+0.3%
BF.7.14	-0.1%	+1.9%	-0.0%	-0.1%	-0.0%	+0.0%
BN.1.2	-3.5%	-2.4%	-0.3%	+0.2%	-0.1%	-2.0%
BN.1.3	-0.6%	-2.5%	-0.4%	+0.2%	-0.2%	-0.1%
BQ.1	-1.9%	-0.1%	-0.8%	-0.4%	-1.9%	-0.7%
BQ.1.1	-10.1%	-1.2%	-4.8%	-1.5%	-6.3%	-9.1%
BQ.1.1.1	-1.7%	-0.1%	-0.1%	-0.1%	-0.2%	-0.5%
BQ.1.1.18	-1.7%	-0.4%	-1.2%	+0.1%	-0.8%	-0.2%
BQ.1.1.28	-7.7%	+0.0%	+0.1%	+0.1%	-0.2%	-0.6%
BQ.1.1.32	-2.0%	+0.2%	-1.8%	-0.5%	-0.9%	-1.7%
BQ.1.1.4	-0.8%	-0.2%	-0.4%	+0.0%	-0.8%	-2.4%
BQ.1.1.6	-0.1%	-0.0%	-0.2%	+0.0%	-0.1%	-1.0%
BR.2.1	+0.3%	+0.1%	-0.1%	-6.2%	-0.0%	-0.1%
CH.1.1.1	-1.6%	+0.6%	+2.5%	+2.1%	+0.2%	+0.0%
CH.1.1.3	-1.3%	+0.6%	+1.3%	-5.0%	+0.1%	-0.2%
DR.1	-1.6%	-0.0%	-0.1%	+0.4%	-0.1%	+0.3%
XBB.1	+0.9%	+2.0%	+0.7%	+1.8%	-1.7%	+0.4%
XBB.1.5	+54.9%	+5.5%	+19.2%	+8.9%	+27.4%	+34.4%
XBB.1.9	+0.3%	+1.3%	+1.2%	+1.0%	+0.0%	-0.1%
XBB.1.9.1	+0.9%	+2.5%	+2.8%	+1.2%	+0.1%	+0.0%
XBB.2	-0.6%	+0.2%	+0.0%	-0.1%	-0.2%	-14.5%
XBB.3	-2.4%	-0.0%	-0.0%	+0.0%	-0.0%	-0.1%
XBC.1.1	+0.0%	+0.0%	-0.0%	+1.1%	-0.0%	+0.0%
XBF	+0.3%	+0.6%	+0.2%	+2.1%	+0.0%	-0.1%
Africa Asia Europe Oceania North America South America						

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

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

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



Рисунок 3 Изменение доли субвариантов Omicron в регионах мира за периоды с 3 по 31 января 2023 г. и с 31 января по 28 февраля 2023 г.

Из семи вариантов Omicron, находящихся под наблюдением, в базу данных GISAID было загружено 61 706 геномных последовательностей субварианта BF.7 из

100 стран. Распространен в Китае (28,4%), Бельгии (18,0%), Германии (14,7%), Нидерландах (13,2%), Словении (11,1%), Хорватии (11,0%), Швеции (10,4%).

За последние 4 недели доля субварианта от числа всех секвенированных штаммов составила в Хорватии – 10%, Литве – 5%, Словении – 4%, Финляндии и Японии – 3%.

Субвариант BQ.1, известный как «Тифон», является дочерней линией BA.5. На сегодняшний день в GISAID депонировано 329 297 геномов субварианта BQ.1 из 129 стран. Наибольшее распространение субвариант получил в Аргентине (75%), Бразилии (65%), Франции (67%), Италии (63%), Канаде (61%), Колумбии (59%), Испании (59%), Румынии (56%), Финляндии (54%), ЮАР (52%), Чили (49%), Уганде (41%), США (40%), Великобритании (37%).

В базу данных GISAID геномных последовательности субварианта BA.2.75 представлены из 129 стран. За последние 4 недели распространенность BA.2.75 составила в Таиланде – 87%, Грузии (68%), Южной Корее (61%), Литве – 44%, Австралии – 41%, Великобритании – 30%, Малайзии – 32%, Дании – 28,0%.

Субвариант CH.1.1 впервые обнаружен в Юго-Восточной Азии в ноябре 2022 г. В базе данных GISAID депонировано 24 159 геномов из 75 стран. За последние 4 недели CH.1.1 в Литве составил 35% от секвенированных штаммов, Великобритании – 27%, Швеции – 26%, Дании – 21%, Ирландии – 20%, Нидерландах – 17,0%, Бельгии – 16%.

Лабораториями 101 страны в базе GISAID размещено 20 983 генома субварианта XBB.1. Распространенность субварианта XBB.1 составила в Гватемале – 80%, Доминиканской Республике – 37%, Индонезии – 31%, Панаме – 33%, Малайзии – 24%, Пакистане – 24%, Уганде – 23%, Эквадоре – 20%, Мексике – 18%, Колумбии – 18%.

Субвариант XBF связан с недавним подъемом заболеваемости в Австралии и Швеции. В GISAID загружено 7 709 геномных последовательностей субварианта из 46 стран. В Австралии распространение XBF составило 25,0%.

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.*) 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 (28.01. – 24.02.2023 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	134360	1628	99,8
Австрия (рост заболеваемости)	Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	17063	5381	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	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	108	1	100,0
Аргентина (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional Enfermedades Infecciosas C.G.Malbran	6323	0	0,0
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)	972	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	97	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 (снижение 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	619	0	0,0

Бельгия (рост заболеваемости)	KU Leuven, Rega Institute, Clinical and Epidemiological Virology	89517	653	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)	1067	0	0,0
Босния и Герцеговина (стабилизация заболеваемости)	University of Sarajevo, Veterinary Faculty, Laboratory for Molecular Diagnostic and Research Laboratory	188	0	0,0
Ботсвана (стабилизация заболеваемости)	Botswana Institute for Technology Research and Innovation	3321	0	0,0
Бразилия (рост заболеваемости)	Instituto Adolfo Lutz, Interdisciplinary Procedures Center, Strategic Laboratory	100869	91	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)	4767	0	0,0
Бутан (стабилизация заболеваемости)	AFRIMS	57	0	0,0
Буркина Фасо (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire bacteriologie virologie CHUSS	60	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.	1408518	9224	100,0
Венгрия (стабилизация заболеваемости)	National Laboratory of Virology, Szentágotthai Research Centre	381	0	0,0
Венесуэла (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio de Virología Molecular	507	0	0,0
Вьетнам (стабилизация заболеваемости)	National Influenza Center, National Institute of Hygiene and Epidemiology(NIHE)	5307	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	596	0	0,0
Гватемала (стабилизация заболеваемости)	Asociación de Salud Integral/Clínica Familiar Luis Ángel García	2848	2	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 (пост заболеваемости)	Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie. Institute of infectious medicine & hospital hygiene, CaSe-Group.	539215	5151	99,9

Гибралтар (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Virus Unit, National Infection Service, Public Health England	122	0	0,0
Гондурас (стабилизация заболеваемости)	Genomics and Proteomics Department, Gorgas Memorial Institute For Health Studies	48	0	0,0
Гонконг (снижение заболеваемости)	Hong Kong Department of Health	11430	78	100,0
Греция (рост 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.	1970	46	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.	351728	1622	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	1377	19	100,0
ДР Конго (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Sequencing Lab, National Institute for Biomedical Research(INRB)	484	0	0,0
ДР Сент Томе и Принсипи (стабилизация заболеваемости)	LNR-TB	1	0	0,0
Египет (стабилизация заболеваемости)	Main Chemical Laboratories Egypt Army	1137	0	0,0

Замбия (стабилизация заболеваемости)	University of Zambia, School of Veterinary Medicine	1089	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	111856	359	95,7
Индия (стабилизация заболеваемости)	Department of Neurovirology, National Institute of Mental Health and Neurosciences(NIMHANS).CSIR–Centre for Cellular and Molecular Biology	125255	22	88,0
Индонезия (рост заболеваемости)	National Institute of Health Research and Development	34470	75	100,0
Иордания (стабилизация заболеваемости)	Andersen lab at Scripps Research, CA, USA	228	6	100,0
Ирак (стабилизация заболеваемости)	Biology, College of Education Department of Virology, Faculty of Medicine, University of Helsinki, Helsinki, Finland generated and submitted to GISAIID	381	0	0,0
Иран (рост заболеваемости)	National Reference Laboratory for COVID–19, Pasteur Institute of Iran	1977	0	0,0
Ирландия (стабилизация заболеваемости)	National Virus Reference Laboratory	54424	581	100,0
Исландия (стабилизация заболеваемости)	Landspítali Department of Clinical Microbiology	9998	61	100,0
Испания (стабилизация заболеваемости)	Hospital Universitario 12 de Octubre	99511	616	99,4
Италия (стабилизация заболеваемости)	Army Medical Center, Scientific Department, Virology Laboratory	79114	1559	99,2
Кабо–Верде (стабилизация заболеваемости)	Institut Pasteur de Dakar	542	0	0,0
Казахстан (стабилизация заболеваемости)	Reference laboratory for the control of viral infections	1026	0	0,0

Камбоджа (стабилизация заболеваемости)	Virology Unit, Institut Pasteur du Cambodge	1800	4	100,0
Камерун (стабилизация заболеваемости)	CREMER(Centre de Recherches sur les Maladies Emergentes et Ré-émergentes)	592	0	0,0
Канада (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de santé publique du Québec	257881	5426	99,9
Каймановы острова	Cayman Islands Molecular Biology Laboratory	286	0	0,0
Катар (снижение заболеваемости)	Biomedical Research Center(BRC), Qatar University / Qatar Genome Project(QGP)	1524	0	0,0
Кения (стабилизация заболеваемости)	KEMRI-Wellcome Trust Research Programme/KEMRI-CGMR-C Kilifi	4865	0	0,0
Кипр (стабилизация заболеваемости)	Department of Molecular Virology, Cyprus Institute of Neurology and Genetics	465	0	0,0
Китай (снижение заболеваемости)	National Institute for Viral Disease Control and Prevention	15912	868	100,0
Колумбия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Salud- Dirección de Investigación en Salud Pública	12697	0	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	7550	43	100,0
Кот Д'Ивуар (стабилизация заболеваемости)	Molecular diagnostic unit for viral haemorrhagic fevers and emerging viruses, Bouaké CHU Laboratory	197		0
Куба (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Infections Laboratory	520	0	0,0
Кувейт (стабилизация заболеваемости)	Virology Unit, Department of Microbiology, Faculty of Medicine, Kuwait	602	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	0	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	0	0,0
Либерия (стабилизация заболеваемости)	Center for Infection and Immunity, Columbia University	33	0	0,0
Ливан (стабилизация заболеваемости)	Laboratory of Molecular Biology and Cancer Immunology, Lebanese University Public Health England	603	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	10486	27	100,0
Лихтенштейн (стабилизация заболеваемости)	Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	1375	1	99,3
Люксембург (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire national de santé, Microbiology, Microbial Genomics Platform	32918	577	100,0
Макао (стабилизация заболеваемости)	Centro de Sequenciamento Genômico	1	0	0,0
Маврикий (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	5545	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	27123	68	100,0

Малави (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform	235	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	1393	0	0,0
Мексика (снижение заболеваемости)	Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos (INDRE)	39602	62	95,4
Мозамбик (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform, South Africa	561	0	0,0
Молдавия (рост заболеваемости)	ONCOGENE LLC	651	15	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	788	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	3077	0	0,0
Нидерланды (рост заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	69223	420	100,0
Новая Зеландия (снижение заболеваемости)	Institute of Environmental Science and Research(ESR)	26256	84	100,0
Новая Каледония (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de Microbiologie Centre Hospitalier Territorial de Nouvelle-Calédonie	55	0	0,0
Норвегия (стабилизация заболеваемости)	Norwegian Institute of Public Health, Department of Virology	32496	10	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	224	22	100,0
Пакистан (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Public Health Laboratories Division	2715	37	92,5
Палау (стабилизация заболеваемости)	Can Ruti SARS-CoV-2 Sequencing Hub (HUGTiP/Ir-siCaixa/IGTP)	66	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	2952	4	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 (рост заболеваемости)	Laboratorio de Referencia Nacional de Biotecnología y Biología Molecular. Instituto Nacional de Salud Perú	30024	0	0,0
Польша (рост заболеваемости)	genXone SA, Research & Development Laboratory	41852	269	99,6
Португалия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Saude(INSA)	20618	90	100,0
Пуэрто Рико (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	13244	61	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	184	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	335	0	0,0
Республика Сальвадор (стабилизация заболеваемости)	Genomics and Proteomics Department, Gorgas Memorial Institute For Health Studies	311	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	9838	0	0,0
Россия (снижение заболеваемости)	WHO National Influenza Centre Russian Federation. Center for Precision Genome Editing and Genetic Technologies for Biomedicine, Pirogov Medical University, Moscow, Russian Federation. Federal Budget Institution of Science, State Research Center for Applied Microbiology & Biotechnology. Group of Genetic Engineering and Biotechnology, Federal Budget	39743	0	0,0

	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.			
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	9780	0	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	0	0,0
Северные Марианские острова (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	2077	0	0,0
Сейшелы (стабилизация заболеваемости)	KEMRI– Wellcome Trust Research Programme, Kilifi	618	0	0,0
Сенегал (стабилизация заболеваемости)	IRESSEF GENOMICS LAB	1561	0	0,0
Сент–Винсент и Гренадины (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies	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	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	19592	696	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 (стабилизация 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	33688	48	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.	2239362	15701	99,4
Сьерра-Леоне (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Reference Laboratory	1	0	0,0
Таиланд (стабилизация заболеваемости)	COVID-19 Network Investigations(CONI) Alliance	25038	51	100,0
Тайвань (стабилизация заболеваемости)	Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision Medicine	2441	16	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	2421	3	100,0
Тунис (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de linique linique – Institut Pasteur de Tunis	495	0	0,0
Турция (стабилизация заболеваемости)	Ministry of Health Turkey	21361	0	0,0
Уганда (стабилизация заболеваемости)	MRC/UVRI & LSHTM Uganda Research Unit	548	0	0,0
Украина (стабилизация заболеваемости)	Department of Respiratory and other Viral Infections of L.V.Gromashevsky Institute of Epidemiology & Infectious Diseases NAMS of Ukraine, JSC “Farmak”	1507	13	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	0	0,0
Федеративные штаты Микронезии (стабилизация заболеваемости)	Pohnpei State Hospital	53	0	0,0
Филиппины (стабилизация заболеваемости)	Philippine Genome Center	13420	24	0,0
Финляндия (рост заболеваемости)	Department of Virology, Faculty of Medicine, University of Helsinki	20359	279	100,0

Франция (снижение заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	338134	903	98,8
Французская Гвиана (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	1518	0	0,0
Французская Полинезия (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	13	0	0,0
Хорватия (стабилизация заболеваемости)	Croatian Institute of Public Health	22713	7	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	0	0,0
Чехия (рост заболеваемости)	The National Institute of Public Health	32133	56	100,0
Чили (рост заболеваемости)	Instituto de Salud Publica de Chile	23013	223	100,0
Швейцария (стабилизация заболеваемости)	Department of Biosystems Science and Engineering, ETH Zürich.	52468	104	100,0
Швеция (стабилизация заболеваемости)	The Public Health Agency of Sweden	94858	586	99,7
Шри-Ланка (стабилизация заболеваемости)	Centre for Dengue Research and AICBU, Department of Immunology and Molecular Medicine	1150	0	0,0
Эквадор (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Investigaciónes Salud Pública, INSPI	5251	8	100,0
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.	23649	269	98,9
Южная Корея (снижение заболеваемости)	Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency	89011	195	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	1827	0	0,0
Япония (снижение заболеваемости)	Pathogen Genomics Center, National Institute of Infectious Diseases	388012	2748	100,0

ВОЗ, еженедельное эпидемиологическое обновление от 1 марта № 132

Варианты SARS-CoV-2, вызывающие беспокойство, и подварианты Omicron, находящиеся под мониторингом

Географическое распространение и распространенность

Во всем мире с 30 января по 26 февраля 2023 г. (28 дней) в GISAID было передано 60 559 последовательностей SARS-CoV-2. Среди них 60 521 последовательность (99,9%) представляли вариант Omicron.

Наблюдается тенденция к увеличению доли рекомбинантных линий. На 6-й эпидемиологической неделе (с 6 по 12 февраля 2023 г.) объединенные последовательности рекомбинантных вариантов составляли 41,5% (7748 последовательностей) последовательностей, что означает увеличение с 18,7% (8919 последовательностей) на неделе 2 (9–15 января 2023 г.). Большинство этих рекомбинантных вариантов на 6-й неделе представляли собой ХВВ.1.5 (32,6% всех последовательностей). Рекомбинантный вариант ХВФ составлял 1,2% всех последовательностей. За тот же отчетный период на Omicron BA.5 и его потомки приходилось 31,8% всех общих последовательностей (5936 последовательностей), что меньше по сравнению с 61,8% на неделе 2 (с 9 по 15 января 2023 г.). Распространенность Omicron BA.2 и его потомков оставалась стабильной (13,7% по сравнению с 13,9% на 2-й неделе 2023 г.). Неназначенные последовательности (все, предположительно, Omicron) составляли 12,9% общего числа последовательностей на 6-й неделе. Варианты Omicron BA.1, BA.3 и BA.4 и их потомки составляли менее 1% на 6-й неделе.

В настоящее время ВОЗ отслеживает семь подвариантов Omicron5. К ним относятся BF.7 (мутация BA.5 + R346T в шипе); BQ.1 (включая BQ.1.1, с мутациями BA.5 + R346T, K444T, N460K в шипе); BA.2.75*; Ч.1.1 (BA.2.75 + L452R, F486S); ХВВ*, за исключением ХВВ.1.5 (рекомбинантные BA.2.10.1 и BA.2.75); ХВВ.1.5 и ХВФ (рекомбинантные BA.5.2.3 и BA.2.75.3). Эти варианты отслеживаются из-за их наблюдаемого преимущества передачи по сравнению с другими циркулирующими вариантами и дополнительных аминокислотных изменений, которые, как известно или предполагается, обеспечивают преимущество в приспособленности. 24 февраля 2023 г. ВОЗ опубликовала обновленную оценку риска ХВВ.1.5. Текущая доступная информация не предполагает, что ХВВ.1.5 имеет дополнительные риски для здоровья населения по сравнению с другими циркулирующими в настоящее время потомками Omicron.

ХВВ.1.5 Обновленная оценка рисков, 24 февраля 2023 г.

ХВВ.1.5 является потомком ХВВ, который представляет собой рекомбинант двух потомков BA.2. С 22 октября 2022 г. по 21 февраля 2023 г. 45193 последовательности варианта Omicron ХВВ.1.5 были загружены из 74 стран. Большинство этих последовательностей – из Соединенных Штатов Америки (72,2%). Другие

страны включают Великобританию (7,3%), Канаду (5,0%), Германию (2,7%), Австрию (1,8%). Дания (1,1%) и Франция (1,0%). С учетом своих генетических характеристик и доступных оценок скорости распространения, ХВВ.1.5, вероятно, будет способствовать дальнейшему увеличению заболеваемости во всем мире. Имеются убедительные доказательства повышенного риска передачи и умеренные доказательства ускользания от иммунитета. Число случаев, связанных с ХВВ.1.5, во многих странах по-прежнему невелико, и, судя по отчетам нескольких стран, никаких ранних сигналов об изменениях или усилении тяжести течения болезни не наблюдалось. В настоящее время, поскольку количество имеющихся данных ограничено, полная оценка серьезности ХВВ.1.5 еще не может быть достоверно оценена. В совокупности имеющаяся информация не предполагает, что ХВВ.1.5 представляет дополнительный риск для здоровья населения по сравнению с другими циркулирующими в настоящее время линиями потомков Омикронов.

ВОЗ и ее Техническая консультативная группа по эволюции SARS-CoV-2 (TAG-VE) продолжают рекомендовать государствам-членам уделять первоочередное внимание следующим исследованиям, чтобы лучше устранить неопределенности, связанные с ускользанием от антител и тяжестью ХВВ.1.5. Предлагаемые сроки являются оценочными и будут варьироваться от одной страны к другой в зависимости от национальных возможностей:

- Анализы нейтрализации с использованием сыворотки человека, представителя пораженного сообщества (сообществ) и живых изолятов вируса ХВВ.1.5 (2–4 недели, результаты проведенных исследований см. в таблице ниже).

- Сравнительная оценка для выявления изменений ускользания или специальных показателей тяжести (4-12 недель, результаты проведенных исследований см. в таблице ниже) Техническая консультативная группа ВОЗ по составу вакцины против COVID-19 (TAG-CO-VAC) продолжает регулярно оценивать влияние вариантов на эффективность вакцин против COVID-19 для обоснования решений об обновлении состава вакцины. Приведенная ниже обновленная оценка рисков основана на имеющихся в настоящее время данных и будет регулярно пересматриваться по мере поступления дополнительных данных и данных из других стран.

Показатель	Данные	Уверенность в точности оценки риска
Преимущество роста и распространения	В Соединенных Штатах Америки (США) ХВВ.1.5 в настоящее время составляет 23–86% циркулирующих вариантов в различных регионах страны. С 1 февраля 2023 г. по настоящее время и в странах, где получены более чем 100 последовательностей, таких как Великобритания, Канада, Германия, Австрия и Дания, ХВВ.1.5 составляет 13-36% последовательностей, представленных в GISAID. В регионе ЕВРО в период с первой по пятую неделю 2023 г. медианная доля всех изолятов вируса ХВВ.1.5, секвенирован-	Высокий

	<p>ных на национальном уровне, составляла 5,0% (диапазон: 0,3-13,9%, из 16 стран или регионов)⁵. В Африканском регионе Южная Африка сообщила о значительном увеличении ХВВ.1.5 с 1% в декабре 2022 г. до 10% в январе 2023 г. и 76% по данным последнего отчета за февраль 2023 г.</p> <p>Дополнительно, анализ <i>in silico</i> показал, что мутация S:F486S (имеющаяся у ХВВ.1) устраняет локальное гидрофобное взаимодействие с ACE-2, тогда как 486P (присутствующая у ХВВ.1.5) восстанавливает его. Замена аминокислоты на 486P способствует более высокой аффинности связывания ACE-2 и предполагает механизм, благодаря которому ХВВ.1.5 имеет более высокое преимущество роста по сравнению с его родительской линией ХВВ.1.</p>	
Ускользание от антител	<p>С использованием тестов нейтрализации псевдотипированного вируса, было показано, что ХВВ.1.5 так же уклоняется от иммунного ответа, как и ХВВ.1, и является одним из подвариантов Omicron с самым высоким уровнем ускользания от иммунного ответа на сегодняшний день. Титры антител против ХВВ.1 в большинстве случаев отсутствовали у лиц, иммунизированных история вакцинами на основе индексного вируса (2-4 дозы), были выше у тех, кто недавно получил ревакцинацию двухвалентной (ВА.5) вакциной, и выше у лиц с гибридным иммунитетом. Данные нейтрализации с использованием живого вируса согласовывались с данными о нейтрализации псевдовируса, показывая, что бустерная бивалентная мРНК восстанавливает ответ антител.</p> <p>В другом исследовании нейтрализации псевдовирусов сообщалось, что титры антител к ХВВ.1.5 у лиц, прошедших бустерную иммунизацию двухвалентной мРНК, через 3 месяца снизились до уровней до бустерной вакцинации, в то время как титры антител к другим линиям Omicron снизились менее заметно. Тем не менее, перекрестно-реактивные Т-клеточные ответы, которые присутствовали до буст-иммунизации, вероятно, продолжают обеспечивать защиту от тяжелого заболевания.</p>	На среднем уровне
Тяжесть течения болезни и клинические аспекты	<p>Оценка степени тяжести среди населения продолжается. Анализ из Индии не выявил каких-либо различий в клинической тяжести для ХВВ и его потомков по сравнению с другими линиями Omicron. Предварительный анализ из США сообщает, что нет различий в количестве смертей среди госпитализированных пациентов с ХВВ .1.5 по сравнению с другими линиями Омикрон. Такие показатели, как количество</p>	Низкая

	госпитализаций на один случай и количество смертей на один случай, трудно оценить и интерпретировать из-за того, что текущие случаи не полностью выявляются в большинстве стран, которые, как правило, переоценивают тяжесть циркулирующих в настоящее время вариантов по сравнению с ранее циркулировавшими вариантами. (Источник: внутренний анализ CDC США).	
Оценка рисков	В настоящее время нет данных о реальной эффективности вакцин против тяжелых заболеваний или смерти. ХВВ.1.5 не несет никаких известных мутаций, связанных с потенциальными изменениями тяжести (например, S:P681R) ^{16,17} . Недавнее исследование показало, что противовирусные препараты ремдесивир, молнупиравир, нирматрелвир и энзитрелвир остаются эффективными против ХВВ.1.5 и ХВВ in vitro, в то время как моноклональные антитела имдевимаб-казиривилаб, тиксагевимаб-цилгавимаб, сотровимаб и бебтеловимаб могут быть неэффективны против ХВВ.1.5 в лечебных учреждениях.	
Заключение по оценке рисков	С учетом генетических характеристик и оценок скорости распространения, ХВВ.1.5, вероятно, будет способствовать дальнейшему увеличению заболеваемости во всем мире. Имеются убедительные доказательства повышенного риска передачи и умеренные доказательства ускользания от иммунитета. Судя по сообщениям нескольких стран, никаких ранних сигналов об усилении тяжести не наблюдалось. В совокупности имеющаяся информация не предполагает, что ХВВ.1.5 несет дополнительные риски для здоровья населения по сравнению с другими циркулирующими в настоящее время линиями потомков Омикронов.	

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

	Экспресс-показатели: 0-4 недели	Уровень доверия к оценке рисков		
		Низкий	Средний	Высокий
Преимущество роста и распространения	Свидетельства о преимуществе роста, скорее всего, приведут к преобладанию варианта на глобальном уровне А. Увеличение вариант-специфического Rt	Все данные получены из одной страны	Минимум две модели; данные из двух стран, не связанных близкими поездками	Не менее двух моделей и не менее трех стран в трех регионах в течение более двух недель.

	<p>В. Логистический рост (по сравнению с циркулирующим в настоящее время вариантом)</p> <p>(варианты с ограниченным ростом на субнациональном уровне не оцениваются).</p>			
<p>Ускользание от иммунного ответа</p>	<p>Оценка геномной (прогностической) и структурной биологии</p> <p>Нейтрализация псевдовируса с использованием сыровороток вакцинированных лиц или результатов серологических обследований предварительно отобранного населения</p> <ul style="list-style-type: none"> • Частота повторного заражения через когортное исследование или систему эпиднадзора • Сигналы от расследований вспышек <p>(быстрая ЭВ маловероятна к 28 дню, поэтому быстрая ОР не может достигать высокого уровня доверия).</p>	<p>Один индикатор (повторная инфекция, модель нейтрализации или структурная модель)</p>	<p>Два индикатора, включая данные о нейтрализации</p>	<p>[быстрая эффективность вакцинации]</p>
<p>Тяжесть течения болезни и клинические аспекты</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Изменение скользящей метрики эпиднадзора для тяжести течения болезни синхронизировано с увеличением числа случаев, вызванных вариантом, например • Коэффициент инфекционной госпитализации 	<p>Один показатель, одна страна</p>	<p>Несколько показателей, одна страна ИЛИ один и тот же метод в нескольких странах</p>	<p>Несколько показателей, несколько стран в нескольких регионах</p>

	<ul style="list-style-type: none"> • Показатели сети дозорных больниц (например, эпиднадзор за тяжелыми острыми респираторными инфекциями) • Сравнение тенденций госпитализации с предыдущими вариантами • Изменение демографического профиля госпитализированных • Изменение клинического фенотипа • проблемы с тестированием/терапией 			
Оценка рисков	Включая общее представление об угрозе в более широком контексте, уровень достоверности оценки и определение неотложной приоритетной работы.			

Публикации:

doi: <https://doi.org/10.1101/2023.02.26.23285573>

Association of SARS-CoV-2 Nucleocapsid Protein Mutations with Patient Demographic and Clinical Characteristics during the Delta and Omicron Waves

Связь мутаций нуклеокапсидного белка SARS-CoV-2 с демографическими и клиническими характеристиками пациентов во время волн, вызванных дельта и омикроном

Feda A. Alsuwairi, Asma N. Alsaleh, Madain S. Alsanea и др.

Геномные мутации SARS-CoV-2 за пределами шиповидного белка, которые могут увеличить трансмиссивность и тяжесть вызываемого заболевания, не были хорошо охарактеризованы. Это исследование выявило мутации в нуклеокапсидном белке и их возможную связь с характеристиками пациентов. Проанализировали 695 образцов от пациентов с подтвержденным COVID-19 в Саудовской Аравии в период с 1 апреля 2021 г. по 30 апреля 2022 г. Мутации белка нуклеокапсида были идентифицированы с помощью полногеномного секвенирования. Тесты χ^2 и Т-тесты оценивали связь между мутациями и характеристиками пациентов. Логистическая регрессия оценила риск госпитализации в отделение интенсивной терапии (ОИТ) или

смерти. Из 60 идентифицированных мутаций наиболее часто встречалась R203K, за которой следуют G204R, P13L и E31del, R32del и S33del. Эти мутации были связаны со сниженным риском госпитализации в ОИТ. P13L, E31del, R32del и S33del также были связаны со сниженным риском смерти. Напротив, D63G, R203M и D377Y были связаны с повышенным риском госпитализации в отделение интенсивной терапии. Большинство мутаций было обнаружено в области, богатой SR, что было связано с низким риском смерти. Участки С-хвоста и центрального линкера были связаны с повышенным риском госпитализации в ОИТ, тогда как область N-плеча была связана со сниженным риском госпитализации в ОИТ. Некоторые мутации аминокислот в нуклеокапсиде SARS-CoV-2 могут усиливать вирусную инфекцию и тяжесть заболевания COVID-19.

Viruses. 2023 Feb 6;15(2):447.

doi: 10.3390/v15020447.

SARS-CoV-2 Omicron Subvariants Balance Host Cell Membrane, Receptor, and Antibody Docking via an Overlapping Target Site

Подварианты Omicron SARS-CoV-2 уравнивают мембрану клетки-хозяина, рецептор и стыковку антител через перекрывающийся целевой сайт

Michael Overduin , Rakesh K Bhat, Troy A Kervin

Авторы сравнили поверхности связывания мембран у подвариантов Omicron с использованием криоэлектронной микроскопии (сЕМ) структур шиповидных тримеров из подвариантов: BA.2, BA.2.12.1, BA.2.13, BA.2.75, BA.3, BA.4, и BA.5. Несмотря на значительные различия вокруг мутантных сайтов, все они сохраняют сильную склонность к связыванию с мембраной, которая впервые появилась у BA.1. Как их закрытое, так и открытое состояния сохраняют повышенную способность к стыковке с мембраной, хотя наличие более закрытых, чем открытых состояний уменьшает возможности связывания рецепторов, усиливая взаимодействие с мембраной. Электростатические диполи обычно сохраняются. Однако диполь шипа BA.2.75 нарушен, и его сродство к ACE-2 увеличено, а BA.3 демонстрирует противоположную картину. Предполагают, что в основе эволюции бета-коронавируса лежит уравнивание функциональных императивов стабильного, легко расщепляемого шипа, который задействует как липидные бислои, так и рецепторы, избегая защиты хозяина. Это обеспечивает прогностические критерии для рационализации будущих волн пандемии и трансмиссивности COVID-19, а также освещает критические участки и стратегии для одновременной борьбы с несколькими вариантами.

Viruses. 2023 Jan 31;15(2):408.

doi: 10.3390/v15020408.

The Spread of SARS-CoV-2 Omicron Variant in CALABRIA: A Spatio-Temporal Report of Viral Genome Evolution

Распространение варианта SARS-CoV-2 омикрон в Калабрии: пространственно-временной отчет об эволюции вирусного генома

Claudia Veneziano, Nadia Marascio, Carmela De Marco и др.

Исследовали эволюцию распространения SARS-CoV-2 в Калабрии, Южная Италия, в 2022 г. В общей сложности 272 изолята РНК из носоглоточных мазков лиц, инфицированных SARS-CoV-2, были секвенированы с помощью полногеномного секвенирования (N = 172) и /или секвенирования по Сэнгеру (N = 100). Анализ распространения вариантов Omicron в Калабрии выявил преобладание 10 различных подвариантов (рекомбинантные BA.1/BA.2, BA.1, BA.1.1, BA.2, BA.2.9, BA.2.10, BA.2.12.1, BA.4, BA.5, BE.1). Отмечено, что распространение Омикрона в Калабрии имеет ту же тенденцию, что и в Италии в целом, за некоторыми заметными исключениями: BA.1 исчез в апреле в Калабрии, но не в остальной части Италии; рекомбинантный BA.1/BA.2 показал более высокую частоту в Калабрии (13%), чем в остальной части Италии (0,02%); BA.2.9, BA.4 и BA.5 появились в Калабрии позже, чем в других регионах Италии. Кроме того, у варианта Omicron из Калабрии представлено 16 неканонических мутаций в белке S и 151 неканоническая мутация в неструктурных белках. Большинство неканонических мутаций в белке S произошло в основном в BA.5, тогда как неканонические мутации в неструктурных или дополнительных белках (ORF1ab, ORF3a, ORF8 и N) были идентифицированы в подлиниях BA.2 и BA.5. Эти данные подчеркивают важность мониторинга всего генома SARS-CoV-2.