

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 интерес (VOI) и субвариантов Omicron, находящихся под наблюдением (VUM), на основе количества их геномов, депонированных в базу данных GISAID за неделю с 11.03.2023 г. по 17.03.2023 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 интерес (VOI) и субвариантов Omicron, находящихся под наблюдением (VUM), геномные последовательности которых размещены в международной базе данных GISAID за неделю с 11 по 17 марта 2023 г.

На сегодняшний день в базе данных GISAID всего представлено 15 210 895 геномов вируса SARS-COV-2. За анализируемую неделю размещено еще 46 795 геномных последовательностей (за предыдущую неделю – 60 275).

В мире странами – лидерами по количеству депонированных геномных последовательностей вируса SARS-CoV-2 остаются США – (4 689 381 геном – 30,8% от всех размещенных в GISAID) и Великобритания (3 045 517 – 20,0 %).

ВОЗ обновила свою систему отслеживания и рабочие определения вариантов SARS-CoV-2. Эксперты Технической консультативной группы ВОЗ по эволюции вируса SARS-CoV-2 (TAG-VE) пришли к консенсусу, что с момента своего появления вирусы Омикрон продолжали эволюционировать генетически и антигенно с расширяющимся диапазоном сублиний, которые до сих пор характеризовались свойствами уклонения от существующего популяционного иммунитета и предпочтением вызывать заболевания верхних дыхательных путей, по сравнению с VOC до Omicron. С 15 марта 2023 г. система отслеживания вариантов ВОЗ будет рассматривать классификацию сублиний Omicron независимо как варианты, находящиеся под наблюдением (VUM), VOI или VOC. С учетом этих изменений ВОЗ классифицирует альфа, бета, гамма, дельта, а также родительскую линию Omicron (B.1.1.529) как ранее циркулировавшие VOC, к VOI отнесен субвариант ХВВ.1.5. В группу VUM включены генетические линии BQ.1, BA.2.75, CH.1.1, ХВВ, ХВФ.

В дальнейшем ВОЗ будет присваивать греческие буквы только VOC. VOI будут обозначаться с использованием установленных систем научной номенклатуры, таких как Nextstrain и Pango (например, ХВВ.1.5/23А).

ВОЗ подчеркивает, что эти изменения не означают, что циркуляция варианта Омикрон больше не представляет угрозы для здоровья населения. Скорее, изменения были внесены для того, чтобы лучше идентифицировать дополнительные или новые угрозы помимо тех, которые представляют циркулирующие субварианты Омикрон.

Циркуляция вируса SARS-COV-2 геноварианта Омикрон зарегистрирована в 218 странах (по данным СММ на 17.03.2023 г.).

Всего в базу данных GISAID депонировано 7 778 103 генома варианта Омикрон. За анализируемую неделю доля Омикрон составила 98,2 % от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-COV-2 (за предыдущую неделю – 98,1 %).

Российскими лабораториями всего размещено 66 338 геномных последовательностей вируса SARS-COV-2, в том числе варианта Омикрон – 40 460 геномов.

На сегодняшний день в базе данных GISAID зафиксировано депонирование варианта Омикрон из 210 стран и территорий (на предыдущей неделе – 210): 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, 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 55 (26,2 %) стран (за предыдущие – 56 стран (26,7 %) 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.

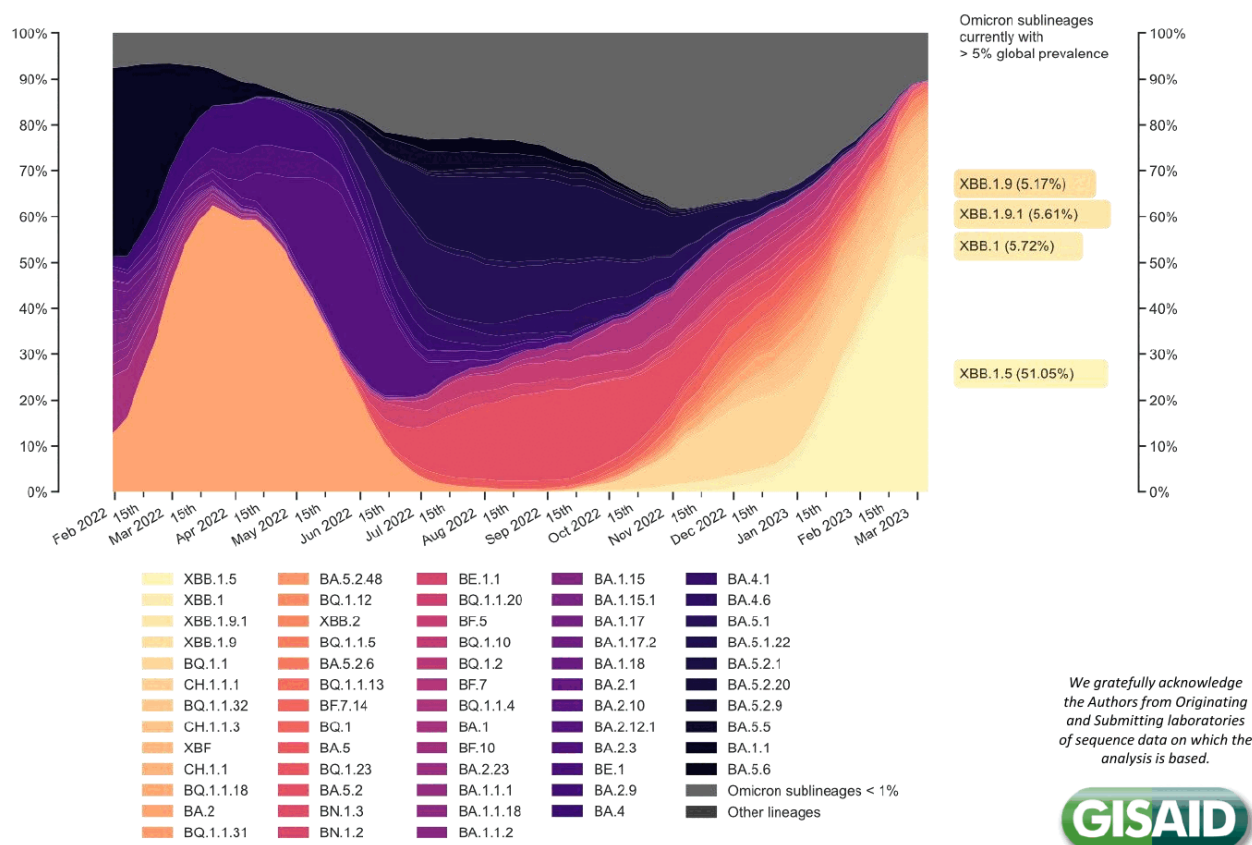


Рис. 1 Распространение субвариантов Omicron в мире (по состоянию на 14.03.2023 г.)

Динамика распространения вариантов различается в зависимости от регионов ВОЗ. За последние 4 недели доминировали следующие субварианты Omicron: в странах Африки – XBB.1.5 (72,9 % от всех секвенированных вариантов Omicron), Северной Америки – XBB.1.5 (72,07 %), Южной Америки – XBB.1.5 (66,32 %), Европы – XBB.1.5 (40,2 %), Океании – XBF и XBB.1.5 (35,44 %), Азии – BN.1.2, BA.5.2.48, BN.1.3, XBB.1.5 (38,6 %) (Рис. 2).

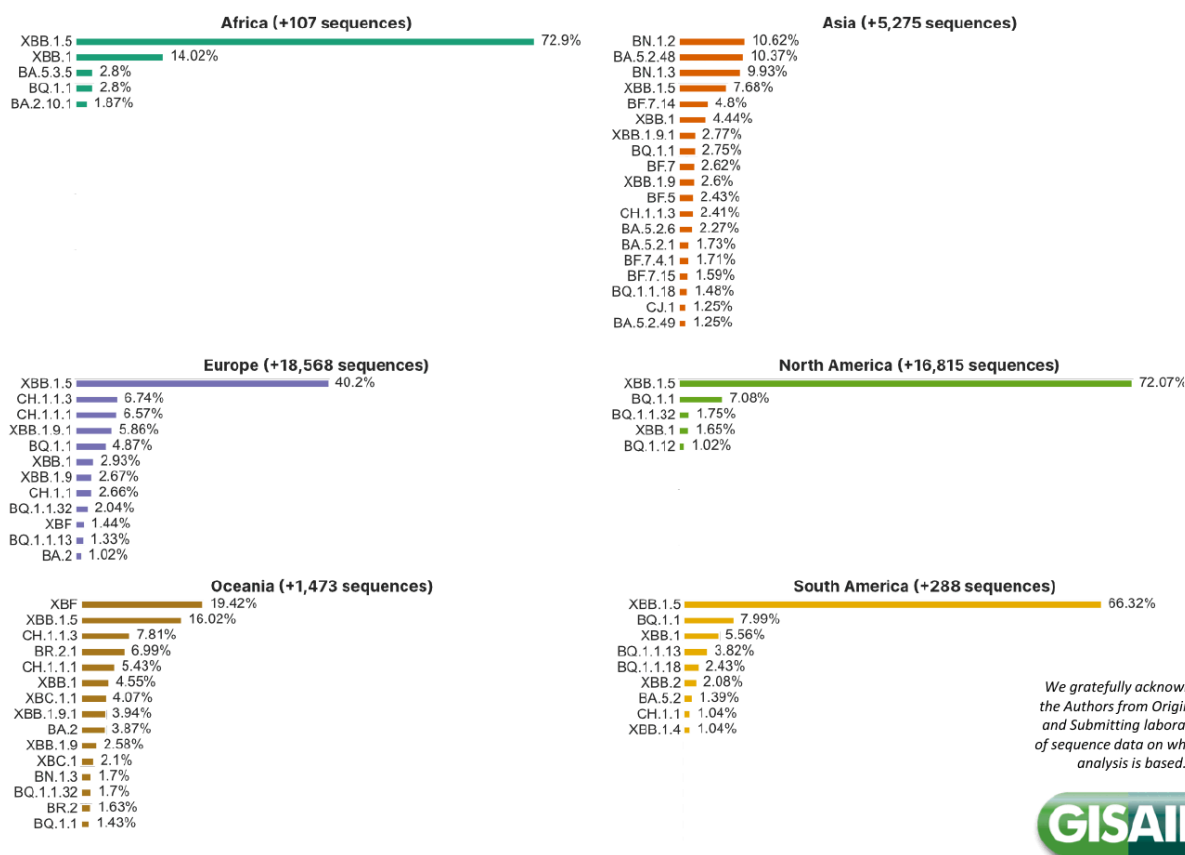
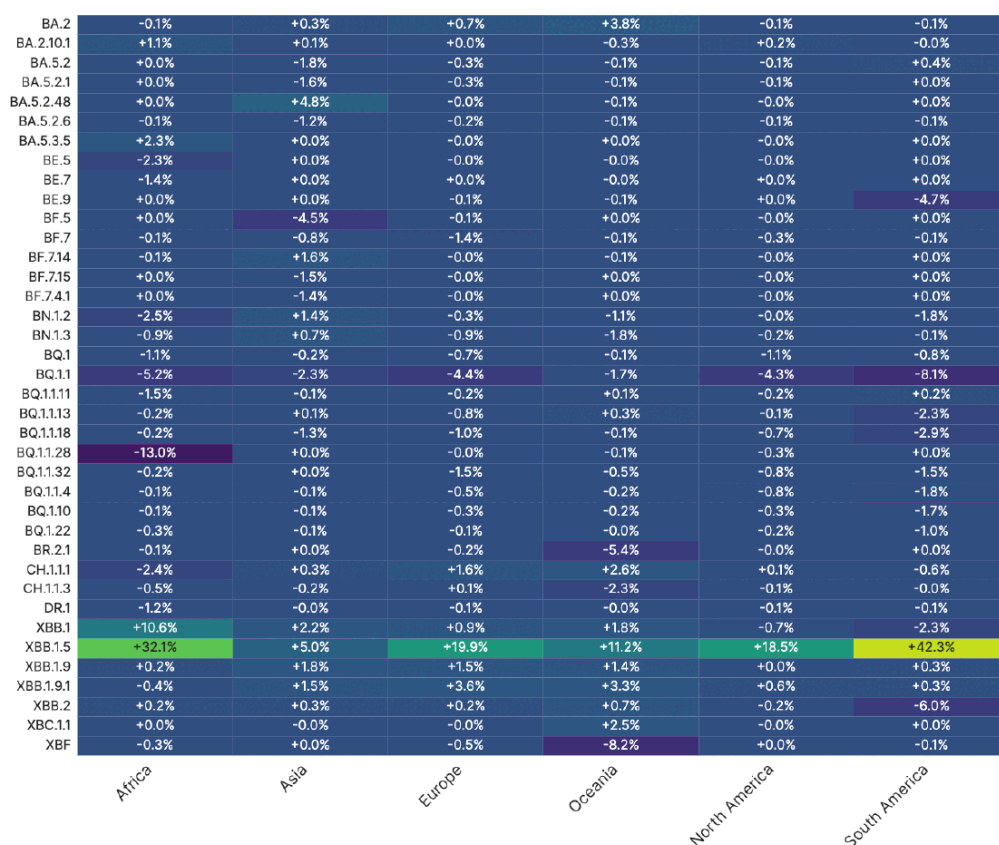


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в регионах мира секвенированные за 4 недели (с 14.02.2023 г. по 14.03.2023 г.).

(Рис. 3).



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 this analysis is based



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

По состоянию на 17 марта 2023 г. в базу данных GISAID EpiCoV было депонировано 97 235 последовательностей, относящихся к XBB.1.5, из 84 стран. Лабораториями США секвенировано и размещено 62,9 % от всех геномных последовательностей XBB.1.5. За последние 4 недели наибольшее распространение субвариант получил в ЮАР – 81%, США и Бразилии – 79%, Чехии – 71%, Чили – 70%, Австрии – 56%, Ирландии – 53%, Канаде и Испании – 47%, Польше – 43%.

В США по данным Национальной системы геномного надзора, опубликованном на сайте CDC, на неделе с 5 по 11 марта 2023 г. среди циркулирующих субвариантов Omicron доминирует XBB.1.5 (89,5 %), доля которого по сравнению с предшествующей неделей уменьшилась на 0,1 %. В штатах Коннектикут, Массачусетс, Мэн, Вермонт, Род-Айленд, Нью-Гэмпшир распространение XBB.1.5 составило 96% (на прошлой неделе 98,4%), в штатах Нью-Джерси, Нью-Йорк, территориях Виргинских островов и Пуэрто-Рика – 96,1% (на прошлой неделе 98,7%). Распространение субвариантов BQ.1.1 и BQ.1 продолжало снижаться, их удельный вес в структуре секвенированных штаммов составил 4,7 % и 1 % соответственно.

По данным ECDC, среди 8 стран (Австрия, Дания, Франция, Германия, Италия, Латвия, Нидерланды и Швеция) с достаточным объемом секвенирования или генотипирования в период с 13 по 26 февраля 2023 г. оценочное распределение вариантов Omicron составило для ХВВ.1.5 – 38,6 %, ВQ.1 – 23,7 %, ВА.2.75 – 21,7 %, ВА.5 – 7,4%, ХВВ – 4,0 %, ВА.2 – 1,5 % и ВА.4 – 0,2%

Из 5 вариантов Omicron, находящихся под наблюдением, в базу данных GISAID было загружено 352 081 геномная последовательность субварианта ВQ.1 из 38 стран. За последние 4 недели доля субварианта ВQ.1 от числа всех секвенированных штаммов составила в Португалии – 44%, Канаде – 43%, Франции – 39%, Италии – 35%, Польше – 30%, Бельгии – 37%.

В базе данных GISAID геномные последовательности субварианта ВА.2.75 представлены из 123 стран. За последние 4 недели распространенность ВА.2.75 составила в Таиланде – 85%, Южной Корее – 72%, Литве – 57%, Австралии – 29%, Швеции – 28%, Финляндии – 27%, Дании – 26%, Великобритании – 25%, Малайзии – 21%.

Субвариант СН.1.1 впервые обнаружен в Юго-Восточной Азии в ноябре 2022 г. В базе данных GISAID депонировано 30 254 генома из 79 стран. За последние 4 недели в Литве доля субварианта СН.1.1 составила 43% от секвенированных штаммов, Гонконге – 34%, Швеции – 25%, Финляндии – 24%, Великобритании – 24%, Дании – 23%, Ирландии – 18%, Австралии – 15%, Бельгии – 14%, Нидерландах – 14%, Германии – 12%.

Лабораториями 109 стран в базе GISAID размещено 21 383 генома субварианта ХВВ.1. Распространенность субварианта ХВВ.1 составила в Гватемале – 38%, Индонезии – 27%, Индии – 25%, Доминиканской Республике – 23%, Пакистане – 22%, Малайзии – 21%.

В GISAID депонировано 7 991 геномная последовательность субварианта ХВF из 52 стран, более половины (52,1%) геномов размещены лабораториями Австралии. Распространенность субварианта ХВF составила в Австралии 11,4%, Новой Зеландии – 4,9%.

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 (18.02. – 17.03.2023 г.)	Процент геномов, относящихся к варианту Omicron (B.1.1.529). депонированных за последние 4 недели
Австралия (снижение заболеваемости)	NSW Health Pathology – Institute of Clinical Pathology and Medical Research; Westmead Hospital; University of Sydney	136017	1503	97,0
Австрия (стабилизация заболеваемости)	Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	176018	4970	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	479	1	100,0
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	0	0,0
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)	988	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 (стабилизация заболеваемости)	Communicable Disease Laboratory, Public Health Directorate	6993	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	90317	742	99,5
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	136	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	195	5	100,0
Ботсвана (стабилизация заболеваемости)	Botswana Institute for Technology Research and Innovation	3344	0	0,0
Бразилия (рост заболеваемости)	Instituto Adolfo Lutz, Interdisciplinary Procedures Center, Strategic Laboratory	101376	44	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)	5115	186	100,0
Бутан (стабилизация заболеваемости)	AFRIMS	57	0	0,0
Буркина Фасо (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire bacteriologie virologie CHUSS	66	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.	1418315	10011	100,0
Венгрия (стабилизация заболеваемости)	National Laboratory of Virology, Szentágotthai Research Centre	381	0	0,0
Венесуэла (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio de Virología Molecular	574	0	0,0
Вьетнам (стабилизация заболеваемости)	National Influenza Center, National Institute of Hygiene and Epidemiology(NIHE)	5408	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)	381	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	604	0	0,0
Гватемала (стабилизация заболеваемости)	Asociación de Salud Integral/Clínica Familiar Luis Ángel García	3024	12	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	20	0	0,0
Германия (стабилизация заболеваемости)	Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie. Institute of infectious medicine & hospital hygiene, CaSe-Group.	546050	4779	99,7

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	11480	38	100,0
Греция (стабилизация заболеваемости)	Greek Genome Center, Biomedical Research Foundation of the Academy of Athens(BRFAA)	14116	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.	2011	17	100,0
Гуам (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	487	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.	352586	1236	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	5	100,0
ДР Конго (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Sequencing Lab, National Institute for Biomedical Research(INRB)	511	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	1162	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	112575	678	80,5
Индия (рост заболеваемости)	Department of Neurovirology, National Institute of Mental Health and Neurosciences(NIMHANS).CSIR–Centre for Cellular and Molecular Biology	125470	116	95,1
Индонезия (рост заболеваемости)	National Institute of Health Research and Development	34728	102	100,0
Иордания (стабилизация заболеваемости)	Andersen lab at Scripps Research, CA, USA	228	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	0	0,0
Ирландия (стабилизация заболеваемости)	National Virus Reference Laboratory	54809	497	100,0
Исландия (стабилизация заболеваемости)	Landspítali Department of Clinical Microbiology	10168	121	100,0
Испания (рост заболеваемости)	Hospital Universitario 12 de Octubre	101522	633	99,5
Италия (стабилизация заболеваемости)	Army Medical Center, Scientific Department, Virology Laboratory	80021	1056	99,5
Кабо–Верде (стабилизация заболеваемости)	Institut Pasteur de Dakar	542	0	0,0
Казахстан (стабилизация заболеваемости)	Reference laboratory for the control of viral infections	1088	0	0,0

Камбоджа (стабилизация заболеваемости)	Virology Unit, Institut Pasteur du Cambodge	1801	1	100,0
Камерун (стабилизация заболеваемости)	CREMER(Centre de Recherches sur les Maladies Emergentes et Ré-émergentes)	699	0	0,0
Канада (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de santé publique du Québec	264188	4824	99,9
Каймановы острова		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	4896	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	18078	1155	100,0
Колумбия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Salud- Dirección de Investigación en Salud Pública	12745	3	100,0
Коморские острова (стабилизация заболеваемости)	KEMRI-Wellcome Trust Research Programme/KEMRI-CGMR-C Kilifi	11	0	0,0
Косово (стабилизация заболеваемости)	Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie	686	0	0,0
Коста-Рика (стабилизация заболеваемости)	Inciensa, Instituto Costarricense de Investigación y Enseñanza en Nutrición y Salud	7811	27	100,0
Кот Д'Ивуар (стабилизация заболеваемости)	Molecular diagnostic unit for viral haemorrhagic fevers and emerging viruses, Bouaké CHU Laboratory	231	12	100,0
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)	1172	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	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 (рост заболеваемости)	Vilnius University Hospital Santaros Klinikos, Center of Laboratory Medicine	10635	15	100,0
Лихтенштейн (стабилизация заболеваемости)	Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	1377	1	100,0
Люксембург (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire national de santé, Microbiology, Microbial Genomics Platform	33168	286	100,0
Макао (стабилизация заболеваемости)	Centro de Sequenciamento Genômico	1	0	0,0
Маврикий (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	5772	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 (снижение заболеваемости)	Institute for Medical Research, Infectious Disease Research Centre, National Institutes of Health, Ministry of Health Malaysia	27308	49	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	1	100,0
Марокко (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de Biotechnologie	1191	0	0,0
Мартиника (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	1393	0	0,0
Мексика (стабилизация заболеваемости)	Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos (INDRE)	39855	89	100,0
Мозамбик (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform, South Africa	561	0	0,0
Молдавия (снижение заболеваемости)	ONCOGENE LLC	651	0	0,0
Монако (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	16	0	0,0
Монголия (стабилизация заболеваемости)	National Centre for Communication Disease (NCCD) National Influenza Center	721	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	71	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)	71203	1107	100,0
Новая Зеландия (стабилизация заболеваемости)	Institute of Environmental Science and Research(ESR)	26256	0	0,0
Новая Каледония (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de Microbiologie Centre Hospitalier Territorial de Nouvelle-Calédonie	58	0	0,0
Норвегия (стабилизация заболеваемости)	Norwegian Institute of Public Health, Department of Virology	32966	0	0,0
ОАЭ (рост 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	0	0,0
Пакистан (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Public Health Laboratories Division	2792	75	96,2
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	0	0,0
Папуа Новая Гвинея (стабилизация заболеваемости)	Queensland Health Forensic and Scientific Services	924	0	0,0
Парагвай (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio Central de Salud Publica de Paraguay	1599	0	0,0

Перу (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio de Referencia Nacional de Biotecnología y Biología Molecular. Instituto Nacional de Salud Perú	30847	0	0,0
Польша (стабилизация заболеваемости)	genXone SA, Research & Development Laboratory	42574	699	100,0
Португалия (снижение заболеваемости)	Instituto Nacional de Saude(INSA)	20821	88	100,0
Пуэрто Рико (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	13402	11	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 Departament, 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 (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 Ap-	40460	0	0,0

	plied Microbiology & Biotechnology. Group of Genetic Engineering and Biotechnology, Federal Budget Institution of Science 'Central Research Institute of Epidemiology' of The Federal Service on Customers' Rights Protection and Human Well-being Surveillance. State Research Center of Virology and Biotechnology VECTOR, Department of Collection of Microorganisms.			
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	0,0
Саудовская Аравия (рост заболеваемости)	Infectious Diseases, King Faisal Hospital Research Center	888	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	2080	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	1529	0	0,0
Сингапур (стабилизация заболеваемости)	National Public Health Laboratory, National Centre for Infectious Diseases	20049	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)	850	0	0,0
Сирия (стабилизация заболеваемости)	CASE-2021-0266829	72	0	0,0
Словакия (снижение заболеваемости)	Faculty of Natural Sciences, Comenius University	26064	0	0,0
Словения (стабилизация заболеваемости)	Institute of Microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, University of Ljubljana	33772	0	0,0
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.	2295397	15707	99,3
Сьерра-Леоне (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Reference Laboratory	1	0	0,0
Таиланд (стабилизация заболеваемости)	COVID-19 Network Investigations(CONI) Alliance	25462	0	0,0
Тайвань (стабилизация заболеваемости)	Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision Medicine	2488	15	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)	409	0	0,0
Тринидад и Тобаго (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies	2469	24	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	552	0	0,0
Украина (рост заболеваемости)	Department of Respiratory and other Viral Infections of L.V.Gromashevsky Institute of Epidemiology & Infectious Diseases NAMS of Ukraine, JSC “Farmak”	1608	1	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	72	16	100,0
Филиппины (стабилизация заболеваемости)	Philippine Genome Center	13469	0	0,0

Финляндия (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Faculty of Medicine, University of Helsinki	20473	100	100,0
Франция (снижение заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	340273	1298	99,4
Французская Гвиана (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	1522	3	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	0	0,0
ЦАР (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Sequencing Lab, National Institute for Biomedical Research(INRB)	32	0	0,0
Черногория (стабилизация заболеваемости)	Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie	390	0	0,0
Чехия (стабилизация заболеваемости)	The National Institute of Public Health	32293	85	100,0
Чили (рост заболеваемости)	Instituto de Salud Publica de Chile	23552	368	99,5
Швейцария (стабилизация заболеваемости)	Department of Biosystems Science and Engineering, ETH Zürich.	52703	154	100,0
Швеция (стабилизация заболеваемости)	The Public Health Agency of Sweden	97698	465	100,0
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	0	0,0
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)	676	0	0,0

Эстония (стабилизация заболеваемости)	Laboratory of Communicable Diseases(Estonia); Eurofins Genomics Europe Sequencing GmbH	6158	0	0,0
Эфиопия (стабилизация заболеваемости)	International Centre for Genetic Engineering and Biotechnology(ICGEB) and ARGO Open Lab for Genome Sequencing	103	0	0,0
ЮАР (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform.	23837	99	98,0
Южная Корея (стабилизация заболеваемости)	Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency	95159	1318	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 (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Genomics Center, National Institute of Infectious Diseases	393237	1634	99,9

ВОЗ, еженедельное эпидемиологическое обновление № 134 от 15 марта 2023
Варианты SARS-CoV-2, вызывающие обеспокоенность (VOC), и субварианты Omicron, находящиеся под наблюдением (VOI)

Географическое распределение

Во всем мире с 13 февраля по 13 марта 2023 г. (28 дней) в базу GISAID было передано 65348 последовательностей SARS-CoV-2. Среди них 64324 последовательности принадлежали линиям потомкам Omicron, что составляет более 98,4% последовательностей, зарегистрированных во всем мире.

Глобальная картина характеризуется непрерывным увеличением распространенности рекомбинантного подварианта Omicron XBB и его потомков. XBB представляет собой рекомбинант BA.2.10.1 и BA.2.75, о котором впервые сообщили 13 августа 2022 года и который, с тех пор распространился в 115 странах. XBB был определен как подвариант Omicron, находящийся под мониторингом, из-за его генетической характеристики и первоначальных данных о высокой способности вызывать повторное заражение. Впоследствии XBB диверсифицировался в 25 линий-потомков, три из которых демонстрируют непрерывное преимущество роста и увеличение распространенности, а именно: XBB.1.5, XBB.1.9 и XBB.1.9.1. Последние два имеют одно и то же генетическое созвездие в области шиповидного белка и, как ожидается, будут иметь аналогичные фенотипические характеристики, что и XBB.1.5. ВОЗ отслеживает все линии-потомки XBB и проводит регулярные оценки риска (таблица 2, рисунок 4).

На глобальном уровне распространенность XBB (XBB и его потомки, за исключением XBB.1.5) и XBB.1.5 увеличивается во всех регионах ВОЗ и они стали доминирующими в пяти из шести регионов, за исключением Региона Западной части Тихого океана. Из-за преимущества роста этого рекомбинантного подварианта ожидалась замена ранее циркулирующих подвариантов. Несмотря на некоторые региональные различия, такие как более высокая доля XBB или XBB.1.5, модели замещения XBB и XBB.1.5 являются общими для стран и регионов (таблица 3).

Важно отметить, что, исходя из доступной информации из глобальных, региональных и эпидемиологических отчетов из стран, XBB и XBB.1.5 представляют такой же уровень риска для здоровья населения, как и другие линии-потомки Omicron. XBB.1.5 действительно показывает преимущество роста и более высокую способность ускользать от иммунного ответа, в то время как данные из нескольких стран не предполагают, что XBB и XBB.1.5 связаны с повышенной тяжестью течения болезни или смертностью.

На подварианты BA.1, BA.3 и BA.4 в совокупности приходилось менее 0,1% последовательностей на 8-й эпидемиологической неделе. Распространенность BA.2 и BA.5 снизилась; их охват составил 13,1% и 20,1% на 8-й неделе (по сравнению с 15,2% и 46,8% на 4-й неделе). Распространенность объединенного класса рекомбинантов увеличилась до 46,7% на 8-й неделе (с 31,2% на 4-й неделе). Незначительные последовательности (все предположительно потомки Omicron) составляли 20,1% от общих последовательностей на 8-й неделе.

ВОЗ обновила свою систему отслеживания и рабочие определения вариантов SARS-CoV-2, чтобы она лучше соответствовала текущему глобальному ландшафту вариантов. Каждая сублиния Омикрон будет оцениваться индивидуально и классифицироваться на основе ее фенотипа. Таким образом, с 15 марта 2023 г. система отслеживания вариантов ВОЗ будет рассматривать классификацию каждой подлинии Омикрон независимо, а не автоматически классифицировать ее как VOC только потому, что она является подлинией установленного VOC Омикрон.

Рисунок 4. Панели А и В: количество и процент последовательностей SARS-CoV-2 с 1 сентября по 26 февраля 2023 г.

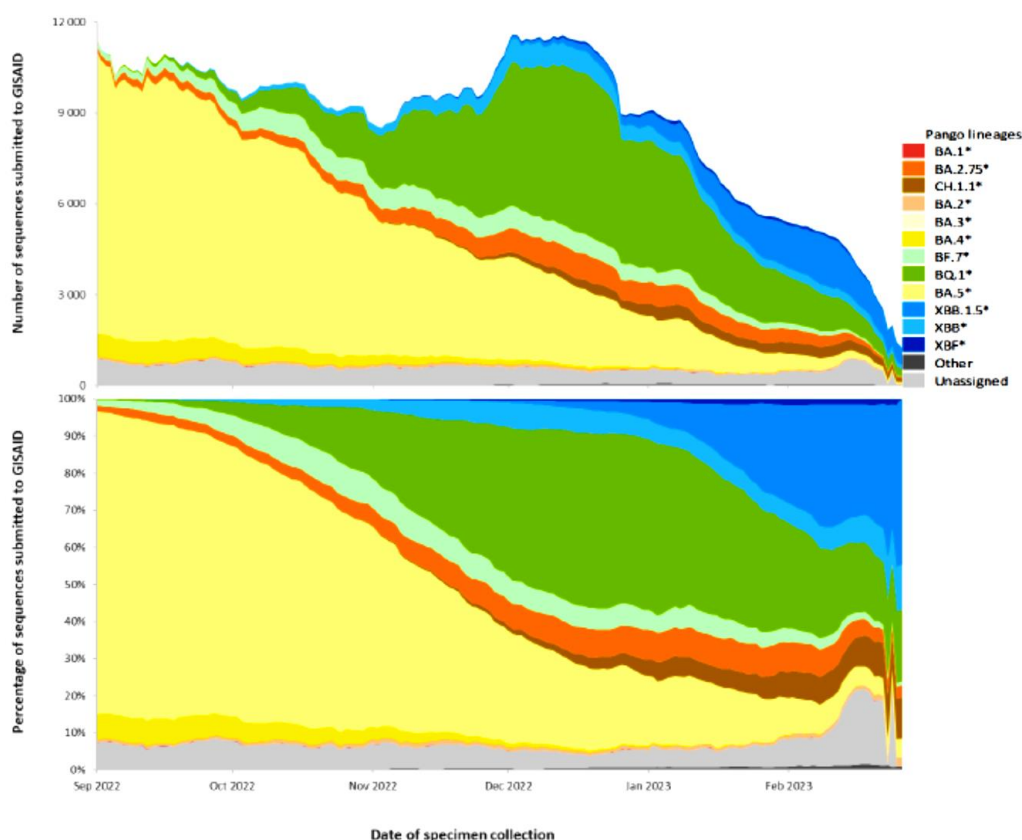


Рисунок 4. На панели А показано количество, а на панели В процент всех циркулирующих вариантов с июля 2022 года. Приведены линии Омикрон BA.1, BA.2, BA.3, BA.4 и BA.5 и их линии-потомки, находящиеся под дальнейшим мониторингом. BA.1*, BA.2*, BA.3*, BA.4* и BA.5* (* указывает на включение потомков) включают все BA.1, BA.2, BA.3, BA.4 и BA.5 объединенные линии-потомки, за исключением отслеживаемых подвариантов Омикрона, показанных индивидуально. Категория «Неназначенные» включает линии, ожидающие присвоения 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 сентября по 26 февраля 2023 г.

Таблица 2. Относительные доли последовательностей SARS-CoV-2 с 30 января по 26 февраля 2023 г. по дате сбора образцов

Lineage	Countries	Sequences	2023-04	2023-05	2023-06	2023-07	2023-08
BA.1*	189	2 232 340	0.02	0.01	0.01	0.01	0.01
BA.2*	182	2 069 495	0.86	1.03	1.01	1.34	1.82
BA.3*	28	782	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
BA.4*	145	178 112	0.16	0.13	0.06	0.07	0.02
BA.5*	167	1 620 923	11.45	9.02	7.12	5.15	4.09
BA.2.75*	116	93 885	8.13	7.83	6.66	3.82	2.63
BF.7*	106	92 821	3.88	3.30	2.79	1.97	0.90
BQ.1*	137	379 063	31.50	26.74	22.23	18.46	15.06
XBB*	115	60 627	5.09	5.76	6.16	7.97	9.69
XBB.1.5*	82	69 267	24.41	28.73	32.33	30.30	35.05
XBF*	44	6935	1.42	1.58	1.45	1.58	1.15
Unassigned	94	281 634	6.09	7.49	11.71	19.22	20.08
Other	207	6 678 493	0.75	1.05	1.12	1.46	0.80

В таблице 2 показано количество стран, сообщивших об указанных линиях, общее количество зарегистрированных последовательностей и распространенность линий за последние пять недель. BA.1*, BA.2*, BA.3*, BA.4* и BA.5* (* указывает на включение потомков) включают все объединенные линии-потомки BA.1, BA.2, BA.3, BA.4 и BA.5, за исключением отслеживаемых подвариантов Омикрона, показанных индивидуально. Категория «Неназначенные» включает линии, ожидающие присвоения имени PANGO, тогда как категория «Другие» включает линии, отличные от перечисленных в легенде. Источник данных: последовательности и метаданные из GISAID, полученные 13 марта 2023 г. Пропорции указаны в процентах.

Таблица 3. Относительные доли последовательностей SARS-CoV-2 XBB* и XBB.1.5* с 30 января по 26 февраля 2023 г. по дате сбора образцов

Region / Lineage	Countries	Sequences	2022-04	2023-05	2023-06	2023-07	2023-08
AFR/XBB.1.5*	4	358	12.05	53.52	73.05	94.44	na
AFR/XBB*	14	504	8.43	8.59	9.93	na	na
EUR/XBB.1.5*	34	18 102	11.46	16.63	22.72	25.35	29.87
EUR/XBB*	36	17 589	4.63	6.28	8.42	9.83	11.02
EMR/XBB.1.5*	3	38	6.82	3.47	6.17	na	na
EMR/XBB*	12	863	78.03	80.56	81.48	100	na
SEAR/XBB.1.5*	3	78	6.06	5.20	4.88	12.50	22.86
SEAR/XBB*	7	6 147	53.10	50.29	59.76	62.50	68.57
AMR/XBB.1.5*	28	49 861	47.02	56.03	56.03	48.21	58.22
AMR/XBB*	31	25 000	5.63	3.96	2.80	2.65	3.37
WPR/XBB.1.5*	10	830	1.10	2.00	3.04	6.73	8.93
WPR/XBB*	15	10 524	2.88	5.35	5.44	10.48	14.77

В таблице 3 показано количество стран, сообщивших о ХВВ.1.5 и ХВВ (* указывает на включение линий-потомков), общее количество зарегистрированных последовательностей и распространенность линий за последние пять недель. Источник данных: последовательности и метаданные из GISAID, полученные 13 марта 2023 г. Пропорции указаны в процентах. «па» указывает на то, что информация о последовательности недоступна на этой неделе. AFR = Африканский регион; EUR = Европейский регион; EMR = Регион Восточного Средиземноморья; SEAR = регион Юго-Восточной Азии; AMR = регион Америки; WPR = Западно-Тихоокеанский регион

Публикации:

bioRxiv препринт doi:<https://doi.org/10.1101/2023.03.11.532204>

Development of monoclonal antibody-based blocking ELISA for detecting SARS-CoV-2 exposure in animals

Разработка блокирующего ИФА на основе моноклональных антител для выявления воздействия SARS-CoV-2 на животных

Fangfeng Yuan, Chi Chen^{1a}, Lina M. Covalada, Mathias Martins, Jennifer M. Reinhart

Глобальная пандемия SARS-CoV-2 представляет значительную угрозу для общественного здравоохранения. Помимо людей, SARS-CoV-2 может инфицировать несколько видов животных. Для быстрого выявления и реализации стратегий профилактики и контроля инфекции у животных срочно необходимы высокочувствительные и специфические диагностические реагенты и анализы. В этом исследовании мы разработали панель моноклональных антител (mAb) против нуклеокапсидного (N) белка SARS-CoV-2. Для выявления антител SARS-CoV-2 у широкого спектра видов животных был разработан тест bELISA на основе mAb. Валидация теста с использованием набора образцов сыворотки животных с известным инфекционным статусом позволила получить оптимальный процент отсека ингибирования (PI) 17,6% при диагностической чувствительности 97,8% и диагностической специфичности 98,9%. Анализ демонстрирует высокую повторяемость, определяемую низким коэффициентом вариации (7,23%, 6,95% и 5,15%) между запусками, внутри запуска и внутри планшета, соответственно. Тестирование образцов, собранных с течением времени у экспериментально инфицированных кошек, показало, что bELISA способен обнаруживать сероконверсию уже через 7 дней после заражения. Впоследствии bELISA был применен для тестирования домашних животных с симптомами, подобными COVID-19, и у двух собак были обнаружены специфические реакции антител. Панель MAB, созданная в этом исследовании, представляет собой ценный инструмент для диагностики и исследований SARS-CoV-2. bELISA на основе mAb обеспечивает серологический тест в помощь эпиднадзору за COVID-19 у животных.

bioRxiv препринт doi:<https://doi.org/10.1101/2023.03.12.532219>

Evolutionary changes in the number of dissociable amino acids on spike proteins and nucleoproteins of SARS-CoV-2 variants

Эволюционные изменения в количестве диссоциируемых аминокислот в белках S и нуклеопротеина вариантов SARS-CoV-2

Anže Božič and Rudolf Podgornik

Спайковый белок SARS-CoV-2 отвечает за распознавание цели, проникновение в клетку и эндосомальный выход вируса. В то же время это именно та часть вируса, которая демонстрирует наибольшую вариабельность последовательности среди

многих вариантов, возникших в ходе его эволюции. Недавние исследования показали, что с появлением прогрессирующей линии SARS-CoV-2 положительный заряд на спайковом белке увеличивается, а некоторые положительно заряженные аминокислоты улучшают связывание спайкового белка с клеточными рецепторами. Мы провели подробный анализ диссоциируемых аминокислот более чем 1400 различных линий SARS-CoV-2, который подтверждает эти наблюдения, предполагая, что эта прогрессия достигла плато с омикроном и его субвариантами и что положительный заряд больше не увеличивается. Анализ белка нуклеокапсида не показывает аналогичного увеличения положительного заряда с новыми подвариантами, что дополнительно указывает на то, что положительный заряд белка шипа отбирается эволюционно. Кроме того, сравнение со спайковыми белками известных коронавирусов показывает, что спайковый белок SARS-CoV-2 дикого типа уже содержит необычно большое количество положительно заряженных аминокислот по сравнению с большинством других бетакоронавирусов. Наше исследование проливает свет на эволюционные изменения количества диссоциируемых аминокислот в спайковом белке SARS-CoV-2, дополняя существующие исследования и обеспечивая ступеньку к лучшему пониманию взаимосвязи между зарядом спайкового белка и вирусной инфекционностью и трансмиссивностью.

Genome Biol. 2023 Mar 13;24(1):47. doi: 10.1186/s13059-023-02881-5.

The P323L substitution in the SARS-CoV-2 polymerase (NSP12) confers a selective advantage during infection

Замена P323L в полимеразе SARS-CoV-2 (NSP12) дает селективное преимущество во время инфекции

Hannah Goldswain, Xiaofeng Dong, Rebekah Penrice-Randal, Muhannad Alruwaili, Ghada T Shawli

Предыстория: Мутационный ландшафт SARS-CoV-2 варьируется в зависимости от доминирующей последовательности вирусного генома и популяции второстепенных геномных вариантов. Во время пандемии COVID-19 ранней заменой в геноме было изменение D614G в белке spike, связанное с увеличением трансмиссивности. Геномы с D614G сопровождаются заменой P323L в вирусной полимеразе (NSP12). Однако считается, что P323L не подвергается сильному селективному давлению.

Результаты: Исследование замен P323L / D614G в популяции показывает быстрое появление во время фазы сдерживания и ранней фазы всплеска во время первой волны. Эти замены возникают из минорных геномных вариантов, которые становятся доминирующей последовательностью вирусного генома. Это исследовано *in vivo* и *in vitro* с использованием SARS-CoV-2 с P323 и D614 в доминантной последовательности генома и L323 и G614 в популяции минорных вариантов. Во время инфекции происходит быстрый отбор L323 в доминирующую последовательность вирусного генома, но не G614. Обратная генетика используется для создания двух

вирусов (либо P323, либо L323) с одинаковым генетическим фоном. L323 демонстрирует большее количество вирусной РНК и белков и меньшую морфологию бляшек, чем P323.

Выводы: Эти данные свидетельствуют о том, что P323L вносит важный вклад в появление вариантов с преимуществами передачи. Анализ последовательности вирусных популяций предполагает, что возможно может предсказать появление нового варианта на основе отслеживания частоты геномов с минорным вариантом. Способность прогнозировать появление нового варианта SARS-CoV-2 в глобальном ландшафте может помочь в оценке медицинских контрмер и немедикаментозных вмешательств.

Bull Exp Biol Med. 2023 Mar 11;1-6. doi: 10.1007/s10517-023-05742-0.

SARS-CoV-2 Mutations Lead to a Decrease in the Number of Tissue-Specific MicroRNA-Binding Regions in the Lung

Мутации SARS-CoV-2 приводят к уменьшению количества тканеспецифичных областей, связывающих микроРНК в легких

A P Zhiyanov , M Yu Shkurnikov

РНК-интерференция у позвоночных действует как противовирусный механизм только в недифференцированных эмбриональных стволовых клетках и опосредуется микроРНК. В соматических клетках микроРНК хозяина также связываются с геномами РНК-вирусов, регулируя их трансляцию и репликацию. Было показано, что вирусная (+) РНК может эволюционировать под влиянием микроРНК клетки-хозяина. За более чем два года пандемии вирус SARS-CoV-2 значительно мутировал. Вполне возможно, что некоторые мутации могли сохраняться в геноме вируса под влиянием микроРНК, продуцируемых альвеолярными клетками. Мы продемонстрировали, что микроРНК в легочной ткани человека оказывают эволюционное давление на геном SARS-CoV-2. Более того, значительное количество сайтов связывания микроРНК хозяина с геномом вируса расположено в области NSP3-NSP5, ответственной за аутопротеолиз вирусных полипептидов.

PLoS One. 2023 Mar 10;18(3):e0282389. doi: 10.1371/journal.pone.0282389.

The clinical characteristics of pediatric patients infected by SARS-CoV-2 Omicron variant and whole viral genome sequencing analysis

Клинические характеристики детей, инфицированных вариантом SARS-CoV-2 Omicron, и анализ секвенирования всего вирусного генома

Hin Fung Tsang, Allen Chi Shing Yu, Aldrin Kay Yuen Yim, Nana Jin, Yu On Wu

Детская популяция, как правило, была менее подвержена клиническому воздействию инфекции SARS-CoV-2. Однако во время вспышки COVID-19, в которой доминировал вариант Омикрона, наблюдалось быстрое увеличение частоты госпитализаций детей, инфицированных SARS-CoV-2. В этом исследовании мы проанализировали последовательности генома B.1.1.529 (Omicron), полученные из материала

собранного от больных детей. В этом исследовании также представлены демографические, эпидемиологические и клинические данные об этих педиатрических пациентах. Лихорадка, кашель, насморк, боль в горле и рвота были наиболее распространенными симптомами у детей, инфицированных вариантом Омикрона. В области ORF1b (NSP12) генома варианта Омикрона была обнаружена новая мутация со сдвигом рамки. Семь мутаций были идентифицированы в целевых регионах праймеров и зондов SARS-CoV-2, перечисленных ВОЗ. На уровне белка было выявлено восемьдесят три аминокислотных замены и пятнадцать аминокислотных делеций. Наши результаты показывают, что бессимптомная инфекция и передача среди детей, инфицированных субвариантами омикрона BA.2.2 и BA.2.10.1, встречаются нечасто. Омикрон может иметь различный патогенез в детской популяции.

