

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 18.03.2023 г. по 24.03.2023 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 18 по 24 марта 2023 г.

На сегодняшний день в базе данных GISAID всего представлено 15 259 440 геномов вируса SARS-COV-2. За анализируемую неделю размещено еще 48 545 геномных последовательностей (за предыдущую неделю – 46 795).

В мире странами – лидерами по количеству депонированных геномных последовательностей вируса SARS-CoV-2 остаются США – (4 702 617 геномов – 30,8% от всех размещенных в GISAID) и Великобритания (3 050 024 – 19,9 %).

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 XBB.1.5. В группу VUM включены генетические линии BQ.1, BA.2.75, CH.1.1, XBB, XBF.

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

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 Omicron.

Циркуляция вируса SARS-COV-2 геноварианта Omicron зарегистрирована в 218 странах (по данным СМИ на 24.03.2023 г.).

Всего в базу данных GISAID депонировано 7 826 857 геномов варианта Omicron. За анализируемую неделю доля представленных по Omicron составила 99,6 % от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-COV-2 (за предыдущую неделю – 98,2 %).

Количество геномных последовательностей вируса SARS-COV-2, размещенных Российскими лабораториями на неделе не изменилось и составило 66 338 геномов, в том числе варианта Omicron – 40 460 геномов.

На сегодняшний день в базе данных GISAID зафиксировано депонирование варианта Omicron 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 56 (26,7 %) стран (за предыдущие – 55 стран (26,2 %) дополнили данные о размещенных ранее геномных последовательностях Omicron в GISAID.

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

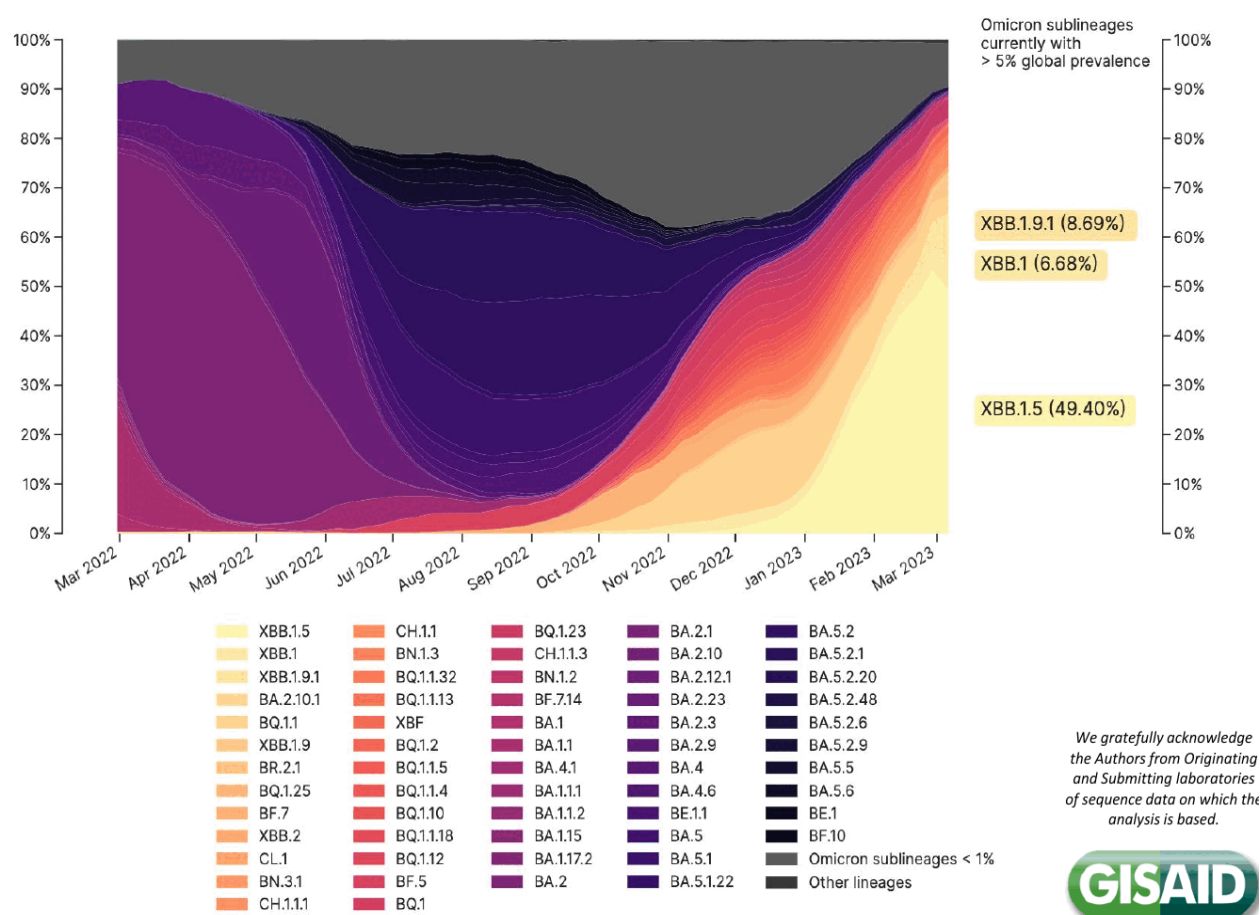
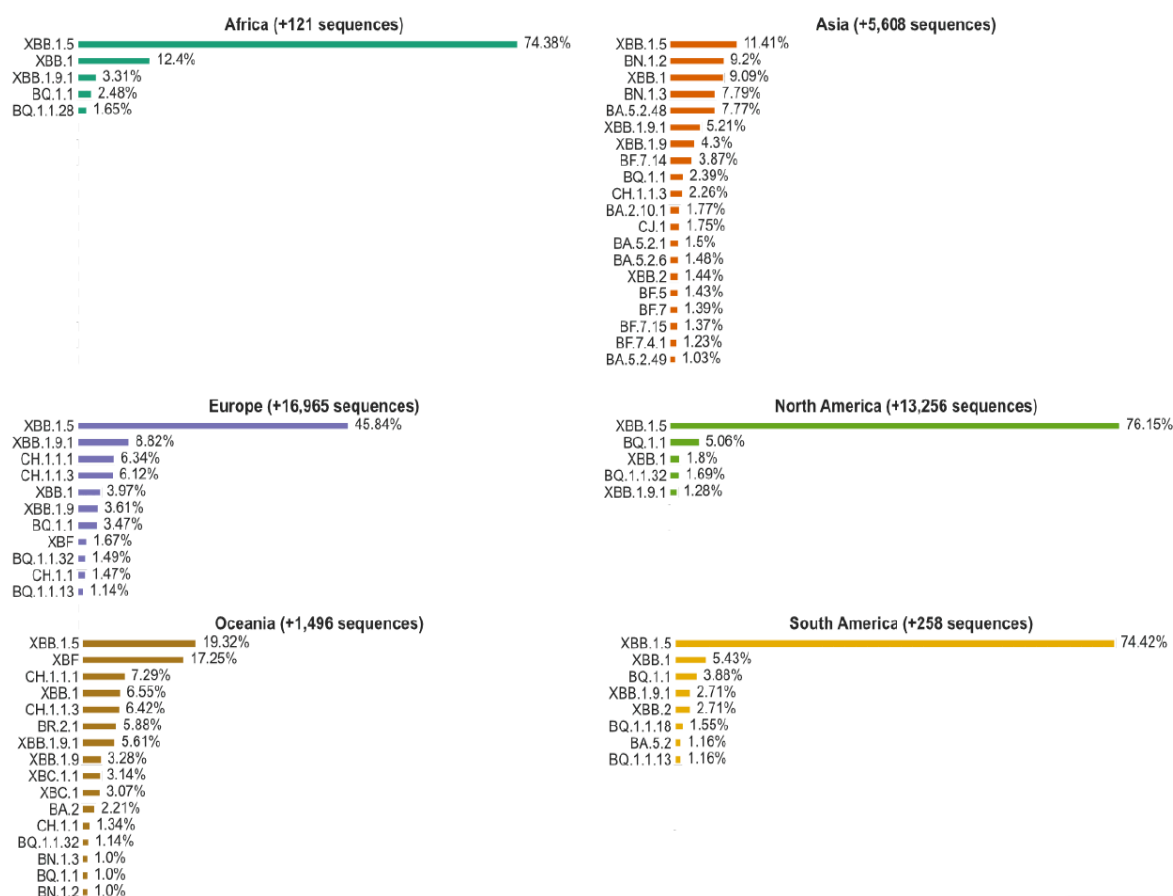


Рис. 1 Распространение субвариантов Omicron в мире (по состоянию на 21.03.2023 г.)

Динамика распространения субвариантов Omicron в регионах за последние 4 недели представлена на Рис. 2. В странах Африки, Северной и Южной Америки генетический фон представляет субвариант XBB.1.5 (от 74,4 % до 76,2 % от всех секвенированных вариантов Omicron). В странах Европы, Океании и Азии также доминировал субвариант XBB.1.5 (45,8 %, 19,3 % и 11,4 % соответственно).



Only Omicron sublineages with 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 2 Распространение субвариантов Omicron в регионах мира секвенированные за 4 недели (с 21.02.2023 г. по 21.03.2023 г.).

В сравнении с предыдущими 4 неделями во всех регионах отмечено снижение доли субварианта BQ.1.1 среди секвенированных геномов коронавируса SARS-CoV-2, рост распространения субвариантов XBB.1.5, XBB.1.9.1. В странах Африки, Азии, Европы и Океании среди секвенированных геномов увеличилась доля субварианта XBB.1 (Рис. 3).

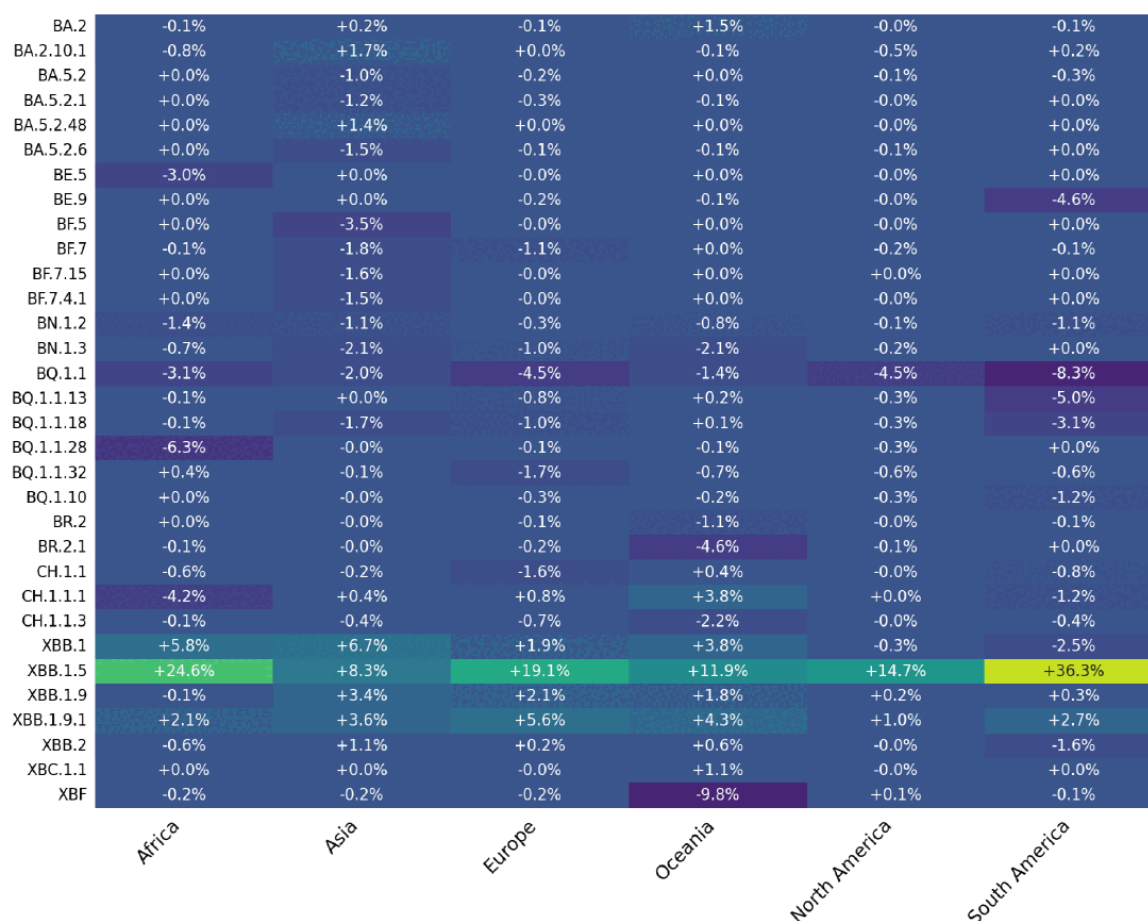


Рисунок 3 Изменение доли субвариантов Omicron в регионах мира за периоды с 24 января по 21 февраля и с 21 февраля по 21 марта 2023 г.

По состоянию на 24 марта 2023 г. в базу данных GISAID EpiCoV было депонировано 101 642 последовательности, относящиеся к XBB.1.5, из 89 стран. За последние 4 недели наибольшее распространение субвариант получил в США – 85%, Чили – 77%, ЮАР – 74%, Австрии – 64%, Канаде – 60%, Нидерландах и Франции – 55%, Польше – 54%, Великобритании – 51%.

В США по данным Национальной системы геномного надзора, опубликованном на сайте CDC, на неделе с 12 по 18 марта 2023 г. среди циркулирующих субвариантов Omicron доминирует XBB.1.5 (90,2 %), доля которого по сравнению с предшествующей неделей увеличилась на 0,7 %. В штатах Нью-Джерси, Нью-Йорк, территориях Виргинских островов и Пуэрто-Рика распространение XBB.1.5 составило – 95,3 % (на прошлой неделе 96,1 %, в штатах Коннектикут, Массачусетс, Мэн, Вермонт, Род-Айленд, Нью-Гэмпшир - 95 % (на прошлой неделе 96 %)). Распространение субвариантов BQ.1.1 и BQ.1 продолжало снижаться, их удельный вес в структуре секвенированных штаммов составил 3,5 % и 0,7 % соответственно (на прошлой неделе 4,7 % и 1 % соответственно).

По данным ECDC, среди 7 стран (Австрия, Дания, Франция, Германия, Ирландия, Латвия и Нидерланды) с достаточным объемом секвенирования или генотипирования в период с 27 февраля по 12 марта 2023 г. оценочное распределение субвариантов Omicron составило для ХВВ.1.5 – 54,4 %, ВА.2.75 – 16,8 %, ВQ.1 – 11,7 %, ХВВ – 14,3 %, ВА.5 – 1,6 %, ВА.2 – 1,1 % и ВА.4 – 0,2%.

Из 5 вариантов Omicron, находящихся под наблюдением (VUM), в базу данных GISAID было загружено 358 749 геномных последовательностей субварианта ВQ.1 из 138 стран. За последние 4 недели распространенность субварианта ВQ.1 составила в Португалии – 33%, Канаде – 32%, Италии – 30%, Испании – 21%, Польше – 20%, Германии – 18%, Франции – 17%, Финляндии – 17%, Швеции – 16 %.

В базе данных GISAID геномные последовательности субварианта ВА.2.75 представлены из 123 стран. За последние 4 недели наибольшее распространение ВА.2.75 получил в Таиланде – 83%, Южной Корее – 65%, Дании – 26%, Австралии – 25%, Японии – 22 %, Великобритании – 21%.

Субвариант СН.1.1 впервые обнаружен в Юго-Восточной Азии в ноябре 2022 г. В базе данных GISAID депонировано 32 281 геном из 80 стран. За последние 4 недели распространенность субварианта СН.1.1 составила в Дании – 23%, Великобритании – 21%, Финляндии – 19%, Швеции – 17%, Бельгии – 15%, Нидерландах – 15%, Германии – 12%, Португалии – 11%.

Лабораториями 110 стран в базе GISAID размещено 23 030 геномов субварианта ХВВ.1. За последние 4 недели наибольшее распространение субварианта ХВВ.1 отмечено в Индонезии – 31% и Пакистане – 30%.

В GISAID депонировано 5689 геномная последовательность субварианта ХВF из 46 стран. Распространенность субварианта ХВF составила в Австралии 19%.

Информация по обновленным данным о депонированных геномах вируса SARS-COV-2 варианта **Omicron** (B.1.1.529+ВА.*) 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 (25.02. – 24.03.2023 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	136697	1338	96,1
Австрия (стабилизация заболеваемости)	Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	178368	4336	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	491	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	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)	992	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	2001	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	171	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	90982	740	98,7
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	1	100,0
Ботсвана (стабилизация заболеваемости)	Botswana Institute for Technology Research and Innovation	3344	0	0,0
Бразилия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Adolfo Lutz, Interdisciplinary Procedures Center, Strategic Laboratory	101554	59	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)	5206	217	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.	1422871	9419	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)	5436	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	0	0,0
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.	550636	4779	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	11488	16	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	6	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.	353372	1551	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	0	0,0
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	112907	730	88,8
Индия (рост заболеваемости)	Department of Neurovirology, National Institute of Mental Health and Neurosciences(NIMHANS).CSIR–Centre for Cellular and Molecular Biology	126128	596	97,2
Индонезия (стабилизация заболеваемости)	National Institute of Health Research and Development	34728	41	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	55034	428	100,0
Исландия (стабилизация заболеваемости)	Landspítali Department of Clinical Microbiology	10168	73	100,0
Испания (стабилизация заболеваемости)	Hospital Universitario 12 de Octubre	103620	543	99,8
Италия (стабилизация заболеваемости)	Army Medical Center, Scientific Department, Virology Laboratory	80713	1068	97,7
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	0	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	266917	5130	99,9
Каймановы острова	Cayman Islands Molecular Biology Laboratory	286	0	0,0
Катар (рост 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	4899	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	18817	1050	100,0
Колумбия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Salud- Dirección de Investigación en Salud Pública	12775	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 (рост заболеваемости)	Inciensa, Instituto Costarricense de Investigación y Enseñanza en Nutrición y Salud	7987	5	100,0
Кот Д'Ивуар (стабилизация заболеваемости)	Molecular diagnostic unit for viral haemorrhagic fevers and emerging viruses, Bouaké CHU Laboratory	231	2	100,0
Куба (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Infections Laboratory	520	0	0,0
Кувейт (стабилизация заболеваемости)	Virology Unit, Department of Microbiology, Faculty of Medicine, Kuwait	603	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	0	0,0
Лаос (стабилизация заболеваемости)	LOMWRU/Microbiology Laboratory, Mahosot Hospital	546	0	0,0
Латвия (стабилизация заболеваемости)	Latvian Biomedical Research and Study Centre	13883	0	0,0
Лесото (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Communicable Diseases of the National Health Laboratory Service	137	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	578	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	10635	0	0,0
Лихтенштейн (стабилизация заболеваемости)	Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	1379	2	100,0
Люксембург (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire national de santé, Microbiology, Microbial Genomics Platform	33495	394	100,0
Макао (стабилизация заболеваемости)	Centro de Sequenciamento Genômico	1	0	0,0
Маврикий (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	5861	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	27442	92	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	28	0	0,0
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)	40094	55	100,0
Мозамбик (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform, South Africa	645	0	0,0
Молдавия (стабилизация 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	3095	1	100,0
Нидерланды (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	71829	1036	100,0
Новая Зеландия (снижение заболеваемости)	Institute of Environmental Science and Research(ESR)	27223	566	100,0
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 (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	0	0,0
Пакистан (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Public Health Laboratories Division	2812	64	95,5
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	2985	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 (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	42924	772	99,9
Португалия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Saude(INSA)	21075	226	100,0
Пуэрто Рико (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	13599	14	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	380	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 (стабилизация 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	9934	0	0,0
Саудовская Аравия (стабилизация заболеваемости)	Infectious Diseases, King Faisal Hospital Research Center	903	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	1685	0	0,0
Сингапур (стабилизация заболеваемости)	National Public Health Laboratory, National Centre for Infectious Diseases	20339	742	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 (стабилизация заболеваемости)	Faculty of Natural Sciences, Comenius University	26227	59	98,3
Словения (стабилизация заболеваемости)	Institute of Microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, University of Ljubljana	34200	110	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	140	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.	2307563	12862	99,5
Сьерра-Леоне (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Reference Laboratory	1	0	0,0
Таиланд (стабилизация заболеваемости)	COVID-19 Network Investigations(CONI) Alliance	25519	2	100,0
Тайвань (стабилизация заболеваемости)	Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision Medicine	2494	5	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	2479	12	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 (стабилизация заболеваемости)	Department of Respiratory and other Viral Infections of L.V.Gromashevsky Institute of Epidemiology & Infectious Diseases NAMS of Ukraine, JSC “Farmak”	1657	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	214	1	100,0
Федеративные штаты Микронезии (стабилизация заболеваемости)	Pohnpei State Hospital	72	11	100,0
Филиппины (стабилизация заболеваемости)	Philippine Genome Center	13504	0	0,0

Финляндия (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Faculty of Medicine, University of Helsinki	20833	304	100,0
Франция (снижение заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	341425	1574	99,6
Французская Гвиана (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	1522	2	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	23027	49	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	420	0	0,0
Чехия (рост заболеваемости)	The National Institute of Public Health	32401	24	100,0
Чили (снижение заболеваемости)	Instituto de Salud Publica de Chile	23961	368	99,5
Швейцария (стабилизация заболеваемости)	Department of Biosystems Science and Engineering, ETH Zürich.	52998	311	100,0
Швеция (стабилизация заболеваемости)	The Public Health Agency of Sweden	98259	378	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	5273	14	87,5
Экваториальная Гвинея (стабилизация заболеваемости)	Swiss Tropical and Public Health Institute	2	0	0,0
Эсватини (стабилизация заболеваемости)	Nhlangano Health Centre(National Institute for Communicable Diseases of the National Health Laboratory Service)	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.	24381	122	99,2
Южная Корея (стабилизация заболеваемости)	Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency	97257	1281	99,9
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	1968	0	0,0
Япония (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Genomics Center, National Institute of Infectious Diseases	395538	1249	100,0

Публикации:

Adv Virol. 2023 Mar 9;2023:6476626.

doi: 10.1155/2023/6476626. eCollection 2023.

Whole-Genome Comparison of Representatives of All Variants of SARS-CoV-2, Including Subvariant BA.2 and the GKA Clade

Полногеномное сравнение представителей всех вариантов SARS-CoV-2, включая субвариант BA.2 и кладу GKA

Ida B K Suardana, Bayu K Mahardika, Made Pharmawati и др.

Исследование генома SARS-CoV-2 необходимо для лучшего управления текущей пандемией, а также для прогнозирования возможного появления новых вариантов. Последовательность эталонного генома Wuhan-Hu-1 и приблизительно 20 представителей каждого варианта были загружены из GenBank и GISAID. Были отобраны два представителя без неопределенных нуклеотидов, а последовательности были выровнены. Место вставки/делеции в геноме картировали по открытой рамке считывания (ORF) Wuhan-Hu-1. Филогения области, кодирующей белок спайка, была построена с использованием метода максимального правдоподобия. Аминокислотные замены во всех ORF анализировали отдельно. В ORF1AB есть два индел-сайта, восемь в шипе и по одному в ORF3A, матриксе (MA), нуклеопротеине (NP) и 3'-нетранслируемых областях (3'UTR). Некоторые индел-сайты и остатки/замены не уникальны, а некоторые специфичны для вариантов. Филогения показывает, что Omicron, Deltacron и BA2 сгруппированы вместе и отделены от других вариантов со 100% бутстреп поддержкой. В заключение, полногеномное сравнение представителей всех вариантов выявило паттерны indel, специфичные для вариантов или подвариантов SARS-CoV-2. Сравнение полиморфных аминокислот во всех кодирующих областях также показало аминокислотные остатки, общие для определенных групп вариантов. Наконец, более высокая трансмиссивность BA.2 может быть обусловлена, по крайней мере частично, 48-нуклеотидными делециями в 3'UTR, в то время как кажущееся исчезновение клады GKA связано с отсутствием генетических преимуществ вследствие аминокислотных замен в различных генах.

Comput Struct Biotechnol J. 2023 Feb 13;21:1966-1977.

doi: 10.1016/j.csbj.2023.02.019. eCollection 2023.

Reversal of the unique Q493R mutation increases the affinity of Omicron S1-RBD for ACE2

Реверсия уникальной мутации Q493R увеличивает сродство Omicron S1-RBD к ACE2

Angelin M Philip, Wesam S Ahmed , Kabir H Biswas

Вариант SARS-CoV-2 Omicron, содержащий 15 мутаций, в том числе уникальную Q493R, в S1-RBD домене, обладает высокой контагиозностью. Хотя сравнение с мутациями, о которых сообщалось ранее, дает некоторое представление, механизм, лежащий в основе роста числа инфекций, и влияние реверсии уникальной мутации Q493R, наблюдаемой в линиях BA.4, BA.5, BA.2.75, BQ.1 и XBB, еще не изучены полностью. Авторы, используя структурное моделирование и моделирование молекулярной динамики (МД), показали, что мутации Omicron увеличивают сродство S1-RBD к ACE2, а реверсия уникальной мутации Q493R еще больше увеличивает сродство ACE2-S1-RBD. Авторы выполнили исследования с МД-симуляцией с использованием смоделированной структуры Omicron S1-RBD-ACE2 и сравнили траектории с комплексом штамма дикого типа (WT), выявив существенное снижение флуктуаций атома C α в Omicron S1-RBD и усиление водородной связи и других взаимодействий. Анализ уровня остатков выявил изменение взаимодействия между несколькими остатками, включая переключение во взаимодействии ACE2 D38 с S1-RBD Y449 в комплексе WT на мутантный остаток R (Q493R) в комплексе Omicron. Важно отметить, что моделирование с комплексом Revertant (Omicron без мутации Q493R) выявило дальнейшее усиление взаимодействия между S1-RBD и ACE2. Таким образом, эти результаты не только дают представление о повышенном инфекционном потенциале варианта Омикрон, но и механистическую основу реверсии мутации Q493R, наблюдаемой в некоторых линиях Омикрон, и помогут понять влияние мутаций на эволюцию SARS-CoV-2.

iScience. 2023 Apr 21;26(4):106283.

doi: 10.1016/j.isci.2023.106283. Epub 2023 Feb 27.

Additional mutations based on Omicron BA.2.75 mediate its further evasion from broadly neutralizing antibodies

Дополнительные мутации на основе Omicron BA.2.75 опосредуют его дальнейшее уклонение от нейтрализующих антител широкого спектра

Huimin Guo, Jie Jiang, Senlin Shen и др.

Подвариант SARS-CoV-2 Omicron BA.2.75 дал начало серии потомков, несущих несколько дополнительных мутаций в рецептор-связывающем домене (RBD). Авторы исследовали, влияют ли и как эти одиночные мутации, основанные на BA.2.75, на нейтрализацию доступных в настоящее время моноклональных антител (mAb) против RBD с четко определенной структурной информацией. Приблизительно 34% mAb сохраняли эффективную нейтрализующую активность против BA.2.75, что соответствовало активности против BA.2, BA.4/5 и BA.2.12.1. Единичные дополнительные мутации R346T, K356T, L452R или F486S способствовали тому, чтобы родственные BA.2.75 варианты ускользали от нейтрализующих антител (bnAbs) широкого спектра в разной степени. Только LY-CoV1404 (бебтеловимаб) продемонстрировал первоклассную эффективность нейтрализации и широту охвата всех протестированных подвариантов Omicron. В целом эти данные указывают на четкую связь

между ускользанием вируса и антителами, распознающими антигенные эпитопы, что способствует разработке универсальных bnAb следующего поколения против новых вариантов SARS-CoV-2.

Biosens Bioelectron. 2023 Mar 20;229:115238.

doi: 10.1016/j.bios.2023.115238. Online ahead of print.

CESSAT: A chemical additive-enhanced single-step accurate CRISPR/Cas13 testing system for field-deployable ultrasensitive detection and genotyping of SARS-CoV-2 variants of concern

CESSAT: одноэтапная точная система тестирования CRISPR/Cas13, усиленная химическими добавками, для сверхчувствительного обнаружения и генотипирования вызывающих беспокойство вариантов SARS-CoV-2 в полевых условиях.

Yunxiang Wang , Hong Chen , Huixia Gao и др.

Продолжающееся появление вызывающих озабоченность вариантов SARS-CoV-2 (VOC) поставило перед профилактикой и контролем эпидемий большие проблемы. Для индивидуальной диагностики и рутинного эпиднадзора срочно необходим быстрый и чувствительный метод генотипирования SARS-CoV-2 на месте. Сообщается об использовании в полевых условиях сверхчувствительной диагностической системы на основе CRISPR, называемой одноступенчатой точной системой тестирования CRISPR/Cas13, усиленной химическими добавками (CESSAT), для одновременного скрининга SARS-CoV-2 и его пяти VOCs (альфа, бета, гамма, дельта и омикрон) в течение 40 минут. В эту систему включен одноэтапный анализ амплификации полимеразы рекомбиназы с обратной транскрипцией CRISPR/Cas13a с оптимизированным лизисом вируса без экстракции и лиофилизацией реагентов, что помогло исключить сложные этапы обработки образцов и строгие условия хранения реагентов. Примечательно, что 10% глицина в качестве химической добавки может повысить чувствительность анализа в 10 раз, сделав предел обнаружения всего 1 копия/мкл (5 копий/реакция). Было разработано компактное устройство на базе смартфона со встроенным оптическим волокном для лизиса образцов, инкубации анализов, флуоресцентной визуализации и интерпретации результатов. CESSAT может специфически дифференцировать синтетический псевдовирус SARS-CoV-2 и его пять VOCs. Результаты генотипирования 40 клинических образцов соответствовали стандартному методу на 100%. Авторы считают, что эту простую, но эффективную стратегию можно широко использовать с существующими анализами на основе Cas13a, что приведет к существенному прогрессу в разработке и применении технологии быстрого, сверхчувствительного и точного анализа нуклеиновых кислот.

Acta Virol. 2023;67(1):91-98.

doi: 10.4149/av_2023_109.

High resolution melting curve analysis for rapid detection of severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) variants

Анализ кривой плавления с высоким разрешением для быстрого обнаружения вариантов коронавируса тяжелого острого респираторного синдрома 2 (SARS-CoV-2)

Seyed Jalal Kiani, Mehdi Ramshini, Farah Bokharaei-Salim и др.

С момента появления исходного штамма Wuhan SARS-CoV-2 во время пандемии появилось несколько новых вариантов вируса: Альфа, Бета, Гамма, Дельта и Омикрон. Существуют методы, способные обнаруживать мутации на уровне полиморфизма одного нуклеотида. Еще одним таким методом является анализ кривой плавления с высоким разрешением. Образцы от лиц с подтвержденной инфекцией SARS-CoV-2 были исследованы на предмет идентификации вариантов с использованием разработанного de novo анализа HRM (плавления с высоким разрешением). Чтобы выбрать мутации с наибольшим эффектом на T_m ампликона, для анализа HRM были выбраны делеционные мутации NSP6 (Del 3675-3677) и S1 (Del 144). Анализ HRM для ампликона набора праймеров-1 (NSP6) привел к различиям T_m $-0,39^{\circ}\text{C}$, $+0,4^{\circ}\text{C}$ и $-0,6^{\circ}\text{C}$ между вариантами Alpha, Delta и Omicron, соответственно, по сравнению с исходным Уханьским штаммом. Кроме того, HRM-анализ амплификации, выполненный с помощью набора праймеров-2 (S1), привел к различиям T_m $+0,32^{\circ}\text{C}$, $-0,26^{\circ}\text{C}$ и $+0,24^{\circ}\text{C}$ между вариантами Alpha, Delta и Omicron, соответственно, по сравнению с Уханьским штаммом. Тест позволил отнести каждый образец к определенному варианту с более чем 90-процентной достоверностью. Результаты, полученные в этом исследовании, демонстрируют новую возможность быстрого и надежного скрининга новых вариантов вируса.