

**Чумачкова Е.А., Краснов Я. М, Дмитриева Л. Н., 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 08.04.2023 г. по 14.04.2023 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 8 по 14 апреля 2023 г.

На сегодняшний день в базе данных GISAID всего представлено 15 400 781 геном вируса SARS-COV-2 (за неделю депонировано 35 846 последовательностей вируса). В мире странами – лидерами по количеству депонированных геномных последовательностей вируса SARS-CoV-2 остаются США – (4 739 339 генома – 30,8% от всех размещенных в GISAID) и Великобритания (3 061 095 – 19,9 %).

С 30 марта 2023 г. к ранее циркулировавшим VOC отнесены варианты альфа, бета, гамма, дельта, а также линия Omicron (B.1.1.529), к VOI – субвариант ХВВ.1.5. В группу VUM включены генетические линии BQ.1, BA.2.75, CH.1.1, ХВВ, ХВВ.1.16, ХВВ.1.9.1, ХВФ.

Циркуляция вируса SARS-COV-2 геноварианта Omicron зарегистрирована в 218 странах (по данным СМН на 14.04.2023 г.).

Всего в базу данных GISAID депонировано 7 959 482 генома варианта Omicron. За анализируемую неделю доля представленных Omicron составила 99,7 % от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-COV-2 (за предыдущую неделю – 89,9 %).

Российскими лабораториями размещено 67 323 генома, в том числе варианта Omicron – 41 436 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, Гваде-

лупа, Гватемала, Гвинея, Германия, Гибралтар, Гондурас, Гонконг, Греция, Грузия, Гуам, Габон, Дания, Джибути, Доминиканская Республика, Доминика, ДРК Демократическая Республика Восточный Тимор, Демократическая Республика Сан-Томе и Принсипи, Египет, Замбия, Зимбабве, Израиль, Индия, Индонезия, Иордания, Ирак, Иран, Ирландия, Исландия, Испания, Италия, Кабо-Верде, Казахстан, Каймановы Острова, Камбоджа, Камерун, Канада, Катар, Кения, Кипр, Китай, Кирибати, Колумбия, Косово, Коста-Рика, Кот-д'Ивуар, Куба, Кувейт, Кыргызстан, Кюрасао, Лаос, Латвия, Либерия, Ливан, Ливия, Лихтенштейн, Литва, Лесото (Королевство Лесото), Люксембург, Мадагаскар, Маврикий, Мавритания, Макао, Малави, Малайзия, Мальдивы, Мальта, Мали, Марокко, Мартиника, Маршалловы Острова, Майотта, Мексика, Мозамбик, Молдова, Монако, Монголия, Монтсеррат, Мьянма, Микронезия, Намибия, Нидерланды, Нигер, Нигерия, Непал, Норвегия, Новая Зеландия, Новая Каледония, Никаргуа, Оман, ОАЭ, Пакистан, Палестина, Панама, Палау, Парагвай, Папуа-Новая Гвинея, Перу, Португалия, Польша, Пуэрто-Рико, Реюньон, Республика Конго, Республика Сейшельские Острова, Республика Гвинея-Бисау, Респблика Вануту, Румыния, Россия, Руанда, Сальвадор, Сен-Мартен, Синт-Мартен, Саудовская Аравия, Северная Македония, Северные Марианские острова, Сенегал, Союз Коморских Островов, Сьерра-Леоне, Словакия, Словения, Сингапур, Сирия, США, Сент-Китс и Невис, Сент-Винсент и Гренадины, Сент-Люсия, Синт-Мартен, Содружество Багамских Островов, Сомали, Судан, Таиланд, Тайвань, Танзания, Теркс и Кайкос, Того, Тринидад и Тобаго, Тунис, Турция, Уганда, Узбекистан, Украина, Уругвай, Финляндия, Франция, Французская Гвиана, Французская Полинезия, Филиппины, Хорватия, Черногория, Чехия, Чили, Чад, ЦАР, Швеция, Швейцария, Шри-Ланка, Эквадор, Эстония, Эсватини, Эфиопия, Экваториальная Гвинея, ЮАР, Южная Корея, Южный Судан, Япония, Ямайка.

За прошедшие 4 недели 51 (24,3%) стран обновили данные о размещенных ранее геномных последовательностях Omicron в GISAID (за предыдущие – 57 стран (27,1 %)).

Распространение в мире субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID представлено на рисунке 1.

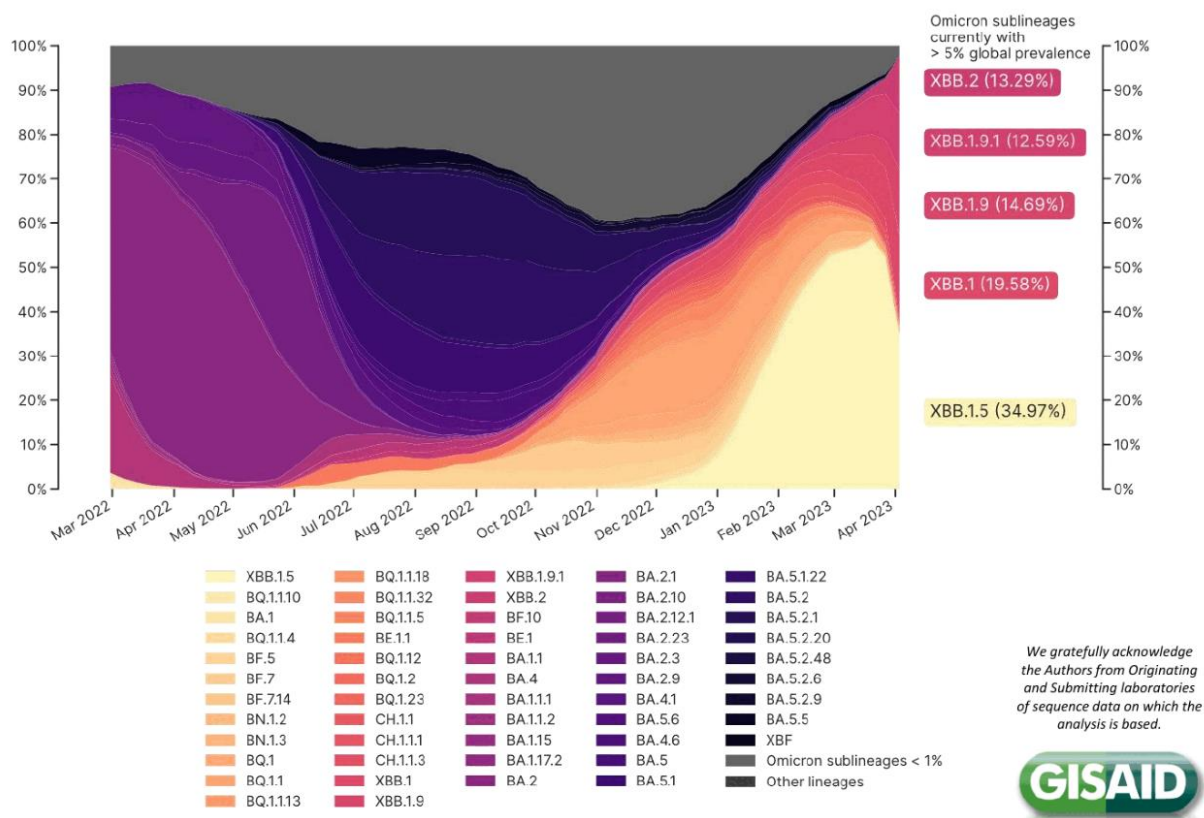


Рис. 1 Распространение субвариантов Omicron в мире (по состоянию на 11.04.2023 г.)

Динамика распространения субвариантов Omicron в регионах за последние 4 недели представлена на рисунке 2. В странах Северной и Южной Америки генетический фон представлен субвариантом XBB.1.5 в 78,5 % и 80,59 % соответственно. Доли XBB.1.5 среди циркулирующих субвариантов в Африке составила 58,8 %, в Европе – 52,67 %, Тихоокеанском регионе – 25,95 %. В странах Азии доминирует субвариант XBB.1 (26,09 %).

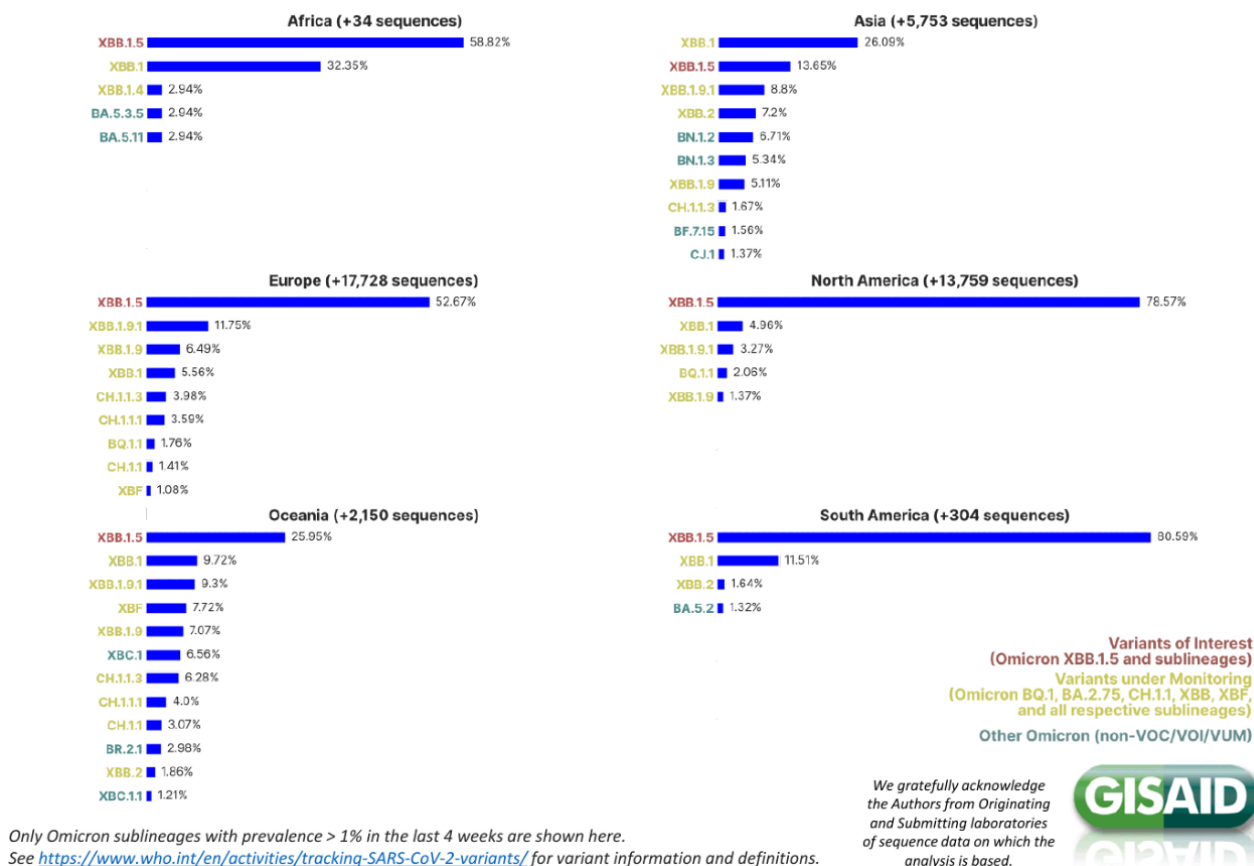


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в регионах мира секвенированные за 4 недели (с 14 марта по 11 апреля 2023 г.).

В сравнении с предыдущими 4 неделями среди секвенированных геномов коронавируса SARS-CoV-2 отмечено увеличение доли субвариантов XBB.1 – в Азии и Африке, XBB.1.5 – в Южной Америке; уменьшение доли XBB.1.9.1 – в Африке, XBF – в Тихоокеанском регионе (рис. 3).

BA.2	-0.1%	+0.2%	-0.3%	-1.3%	-0.2%	+0.0%
BA.2.10.1	-1.2%	-0.2%	-0.0%	+0.4%	-0.3%	-0.5%
BA.5.11	+2.9%	+0.0%	-0.0%	+0.0%	-0.0%	+0.0%
BA.5.2.48	+0.0%	-5.9%	-0.0%	+0.0%	+0.0%	+0.0%
BA.5.3.5	+2.5%	-0.0%	+0.0%	-0.0%	-0.0%	+0.0%
BE.5	-1.3%	+0.0%	-0.0%	+0.0%	-0.0%	+0.0%
BF.5	+0.0%	-1.6%	-0.0%	+0.0%	+0.0%	+0.0%
BF.7	+0.0%	-1.4%	-0.2%	-0.0%	-0.1%	+0.0%
BF.7.14	+0.0%	-2.6%	+0.0%	+0.0%	+0.0%	+0.0%
BN.1.2	+0.0%	-5.0%	-0.1%	-0.5%	+0.0%	-0.2%
BN.1.3	-0.2%	-4.2%	-0.4%	-1.3%	-0.0%	+0.0%
BQ.1.1	-2.0%	-1.4%	-2.4%	-0.4%	-3.1%	-3.2%
BQ.1.1.13	+0.0%	+0.1%	-0.8%	-0.2%	-0.2%	-1.6%
BQ.1.1.28	-2.7%	+0.0%	-0.1%	+0.1%	-0.1%	+0.0%
BQ.1.1.32	-0.4%	-0.3%	-1.0%	-0.4%	-0.7%	-0.2%
BR.2.1	+0.0%	-0.0%	-0.0%	-4.2%	-0.0%	+0.0%
CH.1.1	-0.5%	-0.3%	-1.1%	-0.9%	+0.1%	-0.4%
CH.1.1.1	-2.6%	+0.3%	-1.4%	-1.0%	+0.2%	-0.2%
CH.1.1.3	+0.0%	-0.5%	-1.0%	-2.8%	+0.0%	-0.2%
XBB.1	+16.7%	+18.6%	+2.0%	+6.4%	+2.9%	-1.4%
XBB.1.4	+2.9%	-0.0%	+0.0%	+0.0%	+0.0%	+0.1%
XBB.1.5	+4.8%	+4.8%	+8.8%	+5.3%	+3.4%	+13.3%
XBB.1.9	-1.5%	+1.8%	+3.0%	+5.1%	+1.0%	+0.1%
XBB.1.9.1	-13.5%	+4.5%	+4.0%	+4.1%	+2.2%	-0.2%
XBB.2	-0.6%	+5.6%	+0.3%	+0.8%	+0.4%	-1.7%
XBC.1	+0.0%	-0.3%	-0.0%	+3.9%	+0.0%	+0.0%
XBC.1.1	+0.0%	-0.0%	+0.0%	-1.0%	-0.0%	+0.0%
XBF	+0.0%	-0.1%	-0.4%	-8.9%	-0.0%	+0.0%
	Africa	Asia	Europe	Oceania	North America	South America

Рисунок 3 Изменение доли субвариантов Omicron в регионах мира за периоды с 14 февраля по 14 марта и с 14 марта по 11 апреля 2023 г.

По состоянию на 14 апреля 2023 г. в базу данных GISAID EpiCoV из 98 стран было депонировано 176 919 последовательностей, относящихся к XBB.1.5. За последние 4 недели наибольшее распространение субвариант получил в Чили – 82 %, США -76 %, Польша – 71 %, Канада – 66 %, Испания – 60 %, Франция – 56 %, Великобритания – 56 %.

В США, по данным Национальной системы геномного надзора, опубликованном на сайте CDC, на неделе с 2 по 8 апреля 2023 г. среди циркулирующих субвариантов Omicron доминировал субвариант XBB.1.5 – 88,3 % (в сравнении с предыдущей неделей увеличение на 0,4%). В штатах Нью-Джерси, Нью-Йорк, территориях Виргинских островов и Пуэрто-Рика распространение XBB.1.5 составило – 91,3% (на прошлой неделе 94,1 %); в штатах Коннектикут, Массачусетс, Мэн, Вермонт, Род-Айленд, Нью-Гэмпшир – 92,8 % (на прошлой неделе 94,5 %). Распространение субварианта BQ.1.1 продолжало снижаться, его удельный вес в структуре секвенированных штаммов составил 1,4 % (на прошлой неделе 2,0 %).

По данным ECDC, среди 7 стран (Австрия, Хорватия, Дания, Франция, Германия, Ирландия и Нидерланды) с достаточным объемом секвенирования или генотипирования в период с 13 по 26 марта 2023 г. оценочное распределение субвариантов Omicron составило для ХВВ.1.5 – 57,2 % (на предыдущей неделе 54,3 %), ХВВ – 15,9% (на предыдущей неделе 12,2 %), ВА.2.75 – 14,1% (на предыдущей неделе 11,7 %), ВQ.1 – 10,1% (на предыдущей неделе 11,6 %), ВА.5 – 1,0% (на предыдущей неделе 1,9 %), ВА.2 – 0,3% (на предыдущей неделе 0,6 %) и ВА.4 – 0,1% (на предыдущей неделе 0,3%).

К концу 14-й недели года (заканчивающейся 9 апреля 2023 г.) в целом по большинству показателей в странах Европы наблюдались тенденции к снижению и стабилизации эпидемического процесса. Показатели заболеваемости среди лиц в возрасте 65 лет и старше увеличились только во Франции, тенденция в этой стране сохраняется в течение последних пяти недель. Совокупный уровень смертности от COVID-19 снизился по сравнению с предыдущей неделей, зарегистрировано 632 случая смерти в 25 странах региона. Одна страна региона – Латвия сообщила об увеличении общего числа смертей от COVID-19 за последние две недели. О росте смертности в возрастных группах 65–79 лет и 80 лет и старше сообщили соответственно одна (Румыния) и четыре (Хорватия, Эстония, Латвия и Мальта) из 23 стран региона.

Из вариантов Omicron, находящихся под наблюдением (VUM), в базу данных GISAID было загружено 373 443 геномных последовательностей субварианта ВQ.1 из 141 страны. За последние 4 недели распространенность субварианта ВQ.1 составила в Словении – 20 %, Италии – 16 %, Канаде – 12 %, Португалии – 10 %, Финляндии – 10 %, Швеции – 17 %, Японии – 13 %, Германии – 10 %, Польше – 10 %, Испании – 6 %.

140 654 геномные последовательности субварианта ВА.2.75 в базе данных GISAID представлены из 124 стран. За последние 4 недели наибольшее распространение ВА.2.75 получил в Южной Корее – 54%, Дании – 21 %, Финляндии – 19 %, Словакии – 15 %, Словении – 13%, Японии – 22 %, Великобритании – 11 %, Австралии – 11%, Нидерландах – 11 %, .

В базе данных GISAID депонировано 37 572 генома субварианта СН.1.1 из 85 стран. За последние 4 недели распространенность субварианта СН.1.1 составила в Финляндии – 19%, Нидерландах – 11 %, Великобритании – 10%, Бельгии – 10 %, Швеция – 9 %, Германии – 8%, Австралии – 7%.

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**

<b>Страна</b>	<b>Учреждение, проводившее секвенирование</b>	<b>Количество депонированных геномов Omicron (B.1.1.529)</b>	<b>В том числе количество геномов Omicron, депонированных за последние 4 недели (18.03. – 14.03.2023 г.)</b>	<b>Процент геномов, относящихся к варианту Omicron (B.1.1.529). депонированных за последние 4 недели</b>
Австралия (стабилизация заболеваемости)	NSW Health Pathology – Institute of Clinical Pathology and Medical Research; Westmead Hospital; University of Sydney	139689	1895	94,2
Австрия (стабилизация заболеваемости)	Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	185391	3139	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	758	0	0,0
Алжир (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	491	0	0,0
Американские Виргинские острова (стабилизация заболеваемости)	UW Virology Lab	1451	0	0,0
Американское Самоа (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	117	0	0,0
Ангилья (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies	52	0	0,0
Ангола (стабилизация заболе-	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing	168	0	0,0

ваемости)	Platform			
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	6332	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)	1030	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 Epidemiolog-	92199	332	99,7



	ical Virology			
Бенин (стабилизация заболеваемости)	Institut für Virologie – Institute of Virology – Charite	517	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	6855	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	216	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	103012	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)	5389	101	100,0
Бутан (стабилизация заболеваемости)	AFRIMS	57	0	0,0
Буркина Фасо (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire bacteriologie virologie CHUSS	70	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 Ge-	1433934	5879	100,0

	nomics UK (COG–UK) consortium.			
Венгрия (стабилизация заболеваемости)	National Laboratory of Virology, Szentágothai Research Centre	411	0	0,0
Венесуэла (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio de Virología Molecular	699	1	100,0
Вьетнам (стабилизация заболеваемости)	National Influenza Center, National Institute of Hygiene and Epidemiology(NIHE)	5589	0	0,0
Габон (стабилизация заболеваемости)	Centre de recherches médicales de Lambaréné(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	2268	0	0,0
Гваделупа (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	609	0	0,0
Гватемала (стабилизация заболеваемости)	Asociación de Salud Integral/Clínica Familiar Luis Ángel García	3094	13	100,0
Гвинея (стабилизация заболеваемости)	Centre de Recherche et de Formation en Infectiologie Guinée	484	14	100,0
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.	566322	2167	100,0
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	11556	40	100,0
Греция (стабилизация заболеваемости)	Greek Genome Center, Biomedical Research Foundation of the Academy of Athens(BRFAA)	16747	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.	2043	0	0,0
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.	354722	1538	99,9
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	1386	1	100,0
ДР Конго (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Sequencing Lab, National Institute for Biomedical Research(INRB)	520	0	0,0
ДР Сент Томе и Принсипи (стабилизация заболеваемости)	LNR-TB	1	0	0,0
Египет (стабилизация заболеваемости)	Main Chemical Laboratories Egypt Army	1704	0	0,0
Замбия (стабилизация заболеваемости)	University of Zambia, School of Veterinary Medicine	1177	0	0,0

Зимбабве (стабилизация заболеваемости)	National Microbiology Reference Laboratory(Quadram Institute Bioscience)	316	0	0,0
Израиль (стабилизация заболеваемости)	Central Virology Laboratory, Israel Ministry of Health	113228	319	97,6
Индия (рост заболеваемости)	Department of Neurovirology, National Institute of Mental Health and Neurosciences(NIMHANS).CSIR–Centre for Cellular and Molecular Biology	128925	1406	93,9
Индонезия (стабилизация заболеваемости)	National Institute of Health Research and Development	35240	82	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	2107	0	0,0
Ирландия (стабилизация заболеваемости)	National Virus Reference Laboratory	56207	614	100,0
Исландия (стабилизация заболеваемости)	Landspítali Department of Clinical Microbiology	10336	44	100,0
Испания (стабилизация заболеваемости)	Hospital Universitario 12 de Octubre	106423	497	100,0
Италия (стабилизация заболеваемости)	Army Medical Center, Scientific Department, Virology Laboratory	82670	1016	99,1
Кабо–Верде (стабилизация заболеваемости)	Institut Pasteur de Dakar	542	0	0,0
Казахстан (стабилизация заболеваемости)	Reference laboratory for the control of viral infections	1684	0	0,0
Камбоджа (стабилизация заболеваемости)	Virology Unit, Institut Pasteur du Cambodge	1801	0	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	274833	4628	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	4909	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	19114	57	100,0
Колумбия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Salud– Dirección de Investigación en Salud Pública	12960	0	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	807	0	0,0
Коста-Рика (рост заболеваемости)	Inciensa, Instituto Costarricense de Investigación y Enseñanza en Nutrición y Salud	8188	0	0,0
Кот Д'Ивуар (стабилизация заболеваемости)	Molecular diagnostic unit for viral haemorrhagic fevers and emerging viruses, Bouaké CHU Laboratory	234	0	0,0
Куба (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Infections Laboratory	520	0	0,0
Кувейт (стабилизация заболеваемости)	Virology Unit, Department of Microbiology, Faculty of Medicine, Kuwait	616	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)	1173	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

ваемости)				
Лесото (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Communicable Diseases of the National Health Laboratory Service	137	0	0,0
Либерия (стабилизация заболеваемости)	Center for Infection and Immunity, Columbia University	33	0	0,0
Ливан (стабилизация заболеваемости)	Laboratory of Molecular Biology and Cancer Immunology, Lebanese University Public Health England	603	0	0,0
Ливия (стабилизация заболеваемости)	Reference Lab for Public Health, NCDC	31	0	0,0
Литва (стабилизация заболеваемости)	Vilnius University Hospital Santaros Klinikos, Center of Laboratory Medicine	10918	14	100,0
Лихтенштейн (стабилизация заболеваемости)	Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	1381	1	100,0
Люксембург (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire national de santé, Microbiology, Microbial Genomics Platform	34377	326	99,1
Макао (стабилизация заболеваемости)	Centro de Sequenciamento Genômico	1	0	0,0
Маврикий (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	6179	35	100,0
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	28060	158	98,8
Малави (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform	265	0	0,0
Мали (стабилизация заболеваемости)	Northwestern University – Center for Pathogen Genomics and Microbial Evolution	144	0	0,0
Мальдивы (стабилизация за-	Indira Gandhi Memorial Hospital	333	0	0,0

болеваемости)				
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	35	0	0,0
Марокко (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de Biotechnologie	1195	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)	40462	0	0,0
Мозамбик (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform, South Africa	667	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 Infec-	3104	0	0,0

леваемости)	tious Diseases(ACEGID), Redeemer's University			
Нидерланды (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	73562	565	100,0
Новая Зеландия (снижение заболеваемости)	Institute of Environmental Science and Research(ESR)	27665	305	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	33094	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	284	0	0,0
Пакистан (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Public Health Laboratories Division	2958	54	90,0
Палау (стабилизация заболеваемости)	Can Ruti SARS-CoV-2 Sequencing Hub (HUGTiP/IrsiCaixa/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	3011	11	100,0
Папуа Новая Гвинея (стабилизация заболеваемости)	Queensland Health Forensic and Scientific Services	924	0	0,0
Парагвай (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio Central de Salud Publica de Paraguay	1599	0	0,0
Перу (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio de Referencia Nacional de Biotecnología y Biología Molecular. Instituto Nacional de SaludPerú	31700	0	0,0
Польша (стабилизация заболеваемости)	genXone SA, Research & Development Laboratory	43869	509	99,6
Португалия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Saude(INSA)	21320	106	100,0
Пуэрто Рико (стабилизация	Centers for Disease Control and Prevention Division	14258	6	100,0



заболеваемости)	of Viral Diseases, Pathogen Discovery			
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	190	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	382	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 Applied Microbiology & Biotechnology. Group of Genetic Engineering and Biotechnology, Federal Budget Institution of Science ‘Central Research Institute of Epidemiology’ of The Federal Service on Customers’ Rights Protection and Human Well-being Surveillance. State Research Center of Virology and Biotechnology VECTOR, Department of Collection of Microorganisms.	41436	0	0,0

Руанда (стабилизация заболеваемости)	GIGA Medical Genomics	197	0	0,0
Румыния (стабилизация заболеваемости)	National Institute of Infectious Diseases–Prof. Dr. Matei Bals Molecular Diagnostics Laboratory	10212	26	100,0
Саудовская Аравия (стабилизация заболеваемости)	Infectious Diseases, King Faisal Hospital Research Center	1076	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	2086	0	0,0
Сейшелы (стабилизация заболеваемости)	KEMRI– Wellcome Trust Research Programme, Kilifi	618	0	0,0
Сенегал (стабилизация заболеваемости)	IRESEF GENOMICS LAB	1572	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	21747	1211	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)	852	0	0,0

Сирия (стабилизация заболеваемости)	CASE-2021-0266829	72	0	0,0
Словакия (стабилизация заболеваемости)	Faculty of Natural Sciences, Comenius University	26298	41	100,0
Словения (стабилизация заболеваемости)	Institute of Microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, University of Ljubljana	34526	112	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	143	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.	2345790	10041	99,7
Сьерра-Леоне (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Reference Laboratory	1	0	0,0
Таиланд (стабилизация заболеваемости)	COVID-19 Network Investigations(CONI) Alliance	25674	16	100,0
Тайвань (стабилизация заболеваемости)	Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision Medicine	2555	2	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	409	0	0,0

емости)	IRD – U1175 INSERM – Université de Montpellier) IRD(Institut de recherche pour le développement)			
Тринидад и Тобаго (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies	2549	10	100,0
Тунис (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de linique linique – Institut Pasteur de Tunis	501	0	0,0
Турция (стабилизация заболеваемости)	Ministry of Health Turkey	21364	0	0,0
Уганда (стабилизация заболеваемости)	MRC/UVRI & LSHTM Uganda Research Unit	608	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”	1865	6	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	215	0	0,0
Федеративные штаты Микронезии (стабилизация заболеваемости)	Pohnpei State Hospital	82	0	0,0
Филиппины (стабилизация заболеваемости)	Philippine Genome Center	13825	0	0,0
Финляндия (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Faculty of Medicine, University of Helsinki	21151	88	100,0
Франция (снижение заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	345850	1554	100,0
Французская Гвиана (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	1522	0	0,0
Французская Полинезия (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	13	0	0,0
Хорватия (стабилизация забо-	Croatian Institute of Public Health	23027	0	0,0

леваемости)				
ЦАР (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Sequencing Lab, National Institute for Biomedical Research(INRB)	59	0	0,0
Черногория (стабилизация заболеваемости)	Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie	475	0	0,0
Чехия (рост заболеваемости)	The National Institute of Public Health	32721	13	100,0
Чили (снижение заболеваемости)	Instituto de Salud Publica de Chile	24264	221	100,0
Швейцария (стабилизация заболеваемости)	Department of Biosystems Science and Engineering, ETH Zürich.	53283	128	100,0
Швеция (стабилизация заболеваемости)	The Public Health Agency of Sweden	99800	971	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	5290	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.	24895	15	100,0
Южная Корея (стабилизация заболеваемости)	Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency	102304	1289	99,8
Южный Судан (стабилизация	MRC/UVRI & LSHTM Uganda Research Unit, South	28	0	0,0

заболеваемости)	Sudan Ministry of Health, WHO South Sudan			
Ямайка (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies	2272	0	0,0
Япония (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Genomics Center, National Institute of Infectious Diseases	405133	1079	100,0

**Эпидемиологическое обновление ВОЗ № 138 от 13 апреля 2023 года**  
**Варианты SARS-CoV-2 вызывающие интерес и варианты, находящиеся под наблюдением**

**Географическое распространение и распространенность**

В общем итоге с 13 марта по 9 апреля 2023 года (28 дней) в базу GISAID было передано 49809 последовательностей SARS-CoV-2.

В настоящее время ВОЗ внимательно отслеживает один вариант вызывающий интерес (VOI), ХВВ.1.5 и семь вариантов находящихся под мониторингом (VUM) и их линии-потомки. VUM: BA.2.75\*, CH.1.1\*, BQ.1\*, ХВВ\* (за исключением ХВВ.1.5\*, ХВВ.1.16\* и ХВВ.1.9.1\*) и ХВФ\*.

Во всем мире ХВВ.1.5 (VOI) был обнаружен в 95 странах и продолжает оставаться наиболее распространенным вариантом, на который приходится 47,9% случаев на 12-й эпидемиологической неделе (с 20 по 26 марта 2023 г.) по сравнению с 39,8% на 8-й неделе (с 20 по 26 февраля 2023 г.). В таблице 2 показано количество стран, сообщивших об VOI и VUM, а также их распространенность с 8-й по 12-ю неделю. В период с 11 февраля по 12 марта 2023 г. 70 стран выявили на своей территории ХВВ.1.5 и загрузили данные секвенирования в GISAID, а среди 43 стран, которые загрузили более 50 последовательностей, распространенность ХВВ.1.5 достигла более 50% в 11 странах. На рисунке 4 показана глобальная распространенность ХВВ.1.5 за 30-дневный период на основе имеющихся данных.

Сравнение последовательностей, представленных в GISAID с 8 по 12 неделю, показывает, что среди вариантов, находящихся под наблюдением (VUM), ХВВ\* (за исключением ХВВ.1.5\*, ХВВ.1.16\* и ХВВ.1.9.1\*), ХВВ.1.9.1 \* и ХВВ.1.16\* демонстрируют тенденцию к росту. На эти три VUM приходилось 17,6%, 7,6% и 4,0% последовательностей соответственно на 12-й неделе по сравнению с 6,7%, 3,0% и 0,2% на 8-й неделе. Другие VUM показали тенденцию к снижению в течение того же периода.

В настоящее время нет сообщений, связывающих VOI и VUM с повышенной тяжестью течения болезни. Недавнее лабораторное исследование ХВВ.1.16 показывает, что этот вариант имеет повышенную скорость распространения по сравнению с ХВВ и ХВВ.1.5 соответственно. Однако их показатели уклонения от иммунитета схожи.

Глобальная тенденция в отношении количества и процента последовательностей SARS-CoV-2 показана на рисунке 5. В связи с наблюдаемым во всем мире снижением тенденций тестирования и секвенирования серьезность воздействия вариантов SARS-CoV-2 с мутациями, которые обеспечивают более высокую трансмиссивность, остается неясной. Низкие и нерепрезентативные уровни геномного эпиднадзора за SARS-CoV-2 по-прежнему создают проблемы для адекватной оценки ландшафта вариантов SARS-CoV-2.

Таблица 2. Еженедельная распространенность VOI и VUM SARS-CoV-2, с 8 по 12 неделю 2023 г.

Lineage	Countries	Sequences	2023-08	2023-09	2023-10	2023-11	2023-12
XBB.1.5* (VOI)	95	154 278	43.50	46.01	47.02	47.03	47.91
BA.2.75*	121	105 680	5.91	5.18	4.98	4.78	1.95
CH.1.1*	88	40 873	6.69	6.43	5.70	5.49	5.17
BQ.1*	142	411 323	15.01	11.21	9.21	7.56	5.11
XBB*	122	80 144	6.69	8.39	11.64	14.33	17.64
XBB.1.9.1*	61	10 432	3.01	4.29	5.28	6.15	7.59
XBF*	49	8 852	1.24	1.09	1.23	0.97	0.83
Unassigned	98	292 966	8.78	10.57	9.03	9.45	10.40
Other*	207	6 692 332	1.08	1.09	1.06	1.04	1.67
XBB.1.16 <sup>§</sup>	29	2222	0.21	0.53	1.21	1.92	3.96

\* включает линии-потомки, за исключением тех, которые индивидуально указаны в другом месте.

§ Информация о распространенности XBB.1.16 была получена из GISAID 11 апреля 2023 г. с использованием нуклеотидов T12730A, T28297C, A28447G.

+ Другие — это другие циркулирующие линии, за исключением VOI, VUMs, BA.1\*, BA.2\*, BA.3\*, BA.4\*, BA.5\*.

Рисунок 4. Глобальная 30-дневная распространенность XBB.1.5, 11 февраля – 12 марта 2023 г.

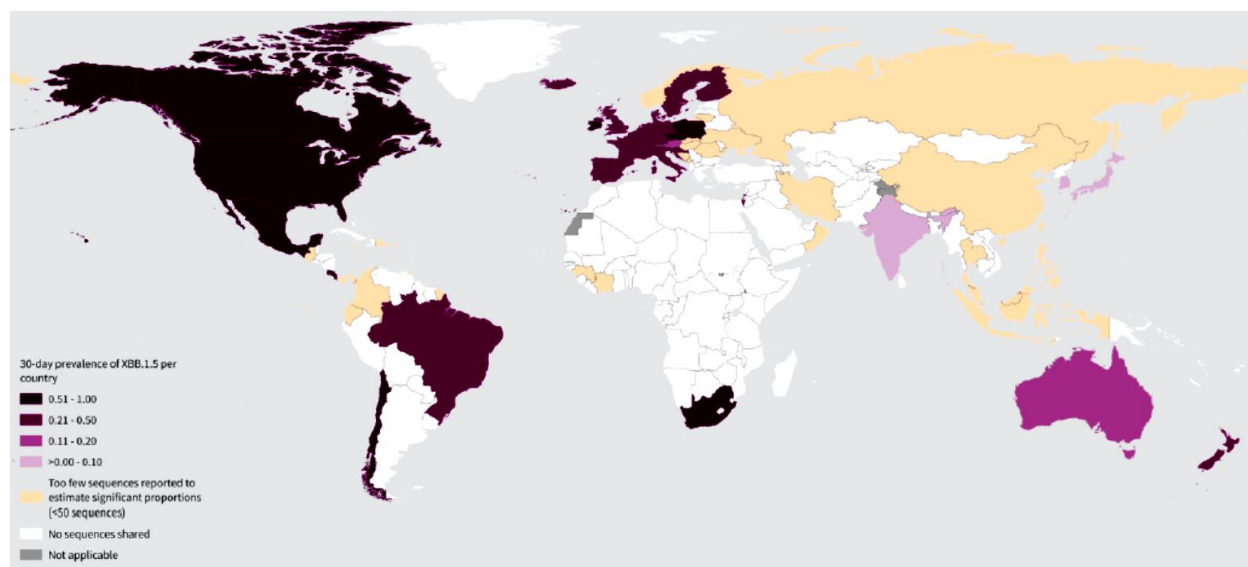
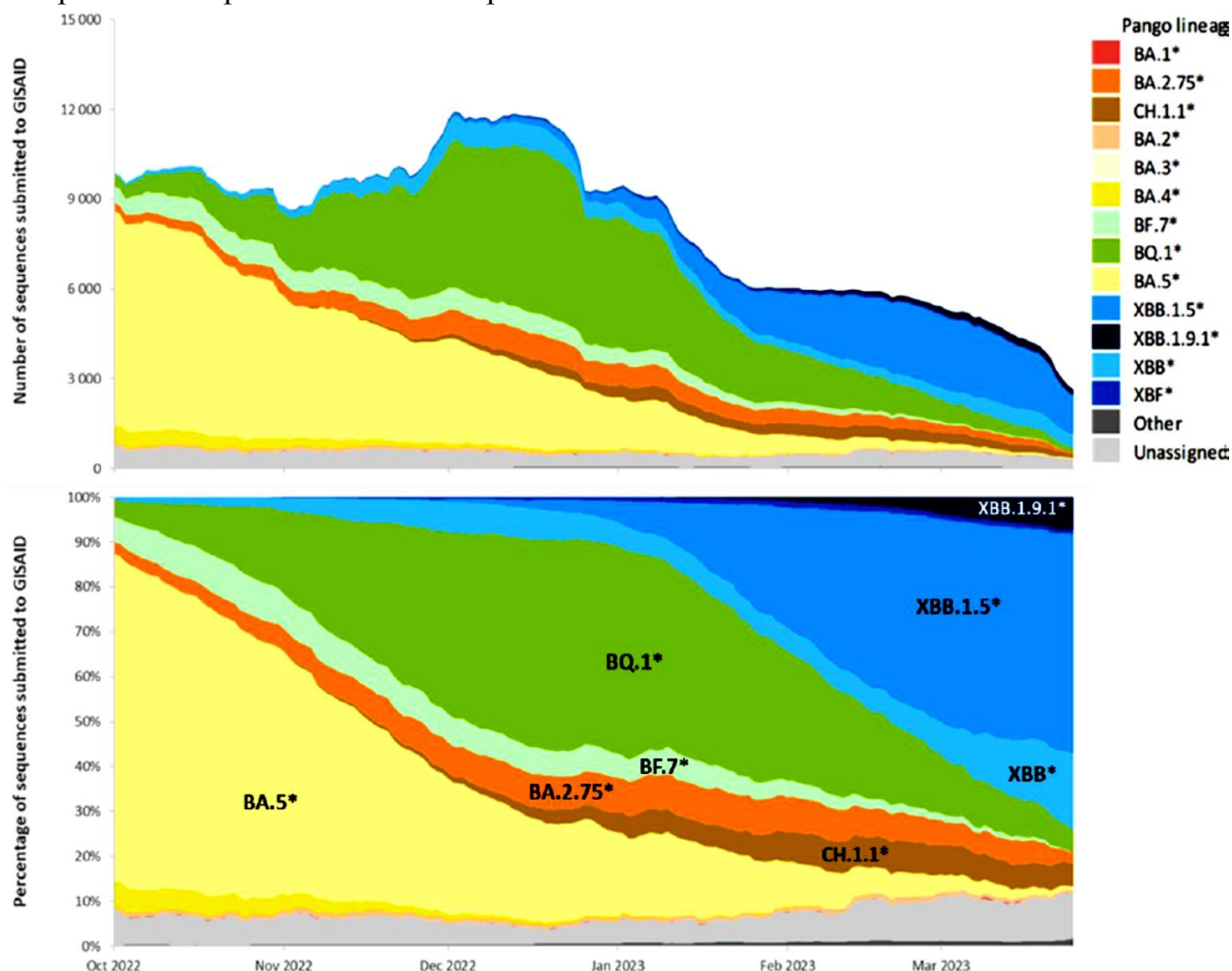




Рисунок 5. Панели А и В: количество и процент последовательностей SARS-CoV-2 во всем мире с 1 октября 2022 г. по 25 марта 2023 г.



На панели А (Рисунок 5) показано количество, а на панели В – процент всех циркулирующих вариантов с октября 2022 года. Показаны сестринские линии Omicron и дополнительные потомки VOC Omicron, находящиеся под дальнейшим мониторингом. *BA.1\**, *BA.2\**, *BA.3\**, *BA.4\** и *BA.5\** (\* указывает на включение линий-потомков) включают все *BA.1*, *BA.2*, *BA.3*, *BA.4* и *BA.5* объединенные линии-потомки, за исключением циркулирующих в настоящее время вариантов, показанных индивидуально. Категория «Неназначенные» включает линии, ожидающие получения обозначения в PANGO, тогда как категория «Другие» включает линии, которые приписаны, но не перечислены в легенде. Поскольку *XBB.1.16\** не была приписана в GISAID, она не отображается отдельно. Источник: данные о последовательностях SARS-CoV-2 и метаданные GISAID за период с 1 октября 2022 г. по 25 марта 2023 г.

### Эффективность вакцины первичной серии и бустерной вакцинации против вызывающего беспокойство варианта Омикрон

#### Эффективность вакцины

Графики, демонстрирующие эффективность вакцин против COVID-19 против вызывающего беспокойство варианта Omicron (VOC), доступны на View-hub.org и регулярно обновляются (последнее обновление 6 апреля 2023 г.). Все данные собираются в рамках постоянного систематического обзора исследований эффективности вакцины

(VE) против COVID-19. Результаты по анализу VE против COVID-19 обобщены на следующих графиках, где доступны данные по:

- VE первичной серии и первой бустерной дозы вакцины для всех вакцин
- VE для различных подгрупп населения, представляющих интерес
- Абсолютная и относительная VE второй бустерной дозы (для получения дополнительной информации об интерпретации относительной VE см. специальный раздел об относительной эффективности вакцины в Ежеженедельном эпидемиологическом бюллетене от 29 июня 2022 г.)
- Продолжительность VE во времени для различных вакцин
- Абсолютная VE бивалентных вакцин, вводимых в виде первой, второй или третьей бустерной дозы.

В целом, результаты исследований VE против COVID-19 показывают снижение VE вакцин первичной серии против варианта Омикрон для всех исходов (тяжелое заболевание, симптоматическое заболевание и заражение) по сравнению с индексным вирусом и четырьмя предыдущими VOC (альфа, бета, гамма и дельта). Важно, однако, что оценки VE против варианта Omicron остаются выше в отношении предотвращения тяжелой формы болезни, чем для других исходов. VE первичной вакцинации против симптоматического заболевания и заражения быстро снижалась с течением времени. Первая бустерная вакцинация, независимо от вакцины, используемой в первичной серии, значительно улучшает VE для всех исходов, при этом VE снижается в большей степени в первые шесть месяцев после первой бустерной вакцинации в отношении симптоматического заболевания и заражения, чем тяжелой формы болезни. VE второй бустерной дозы с моновалентной мРНК-вакциной имеет сходную модель улучшения VE с последующим снижением, как и после первой бустерной дозы. Новые данные о бивалентных мРНК вакцинах, которые содержат как предковый штамм, так и штамм Омикрон, показывают, что бивалентная вакцина, введенная в виде первой, второй или третьей бустерной дозы, улучшает защиту от симптоматического заболевания и тяжелого заболевания; кроме того, лица, получившие бивалентную вакцину в виде второй или третьей бустерной дозы, имели улучшенную защиту по сравнению с лицами, получившими моновалентную мРНК-вакцину в виде первой или второй бустерной дозы соответственно. Однако, поскольку бивалентные мРНК-вакцины оценивались в разные периоды времени, чем моновалентные мРНК-вакцины, прямое сравнение в наблюдательных исследованиях VE оказалось затруднительным из-за потенциальной путаницы, связанной со временем (например, время с момента последней дозы вакцины, субвариантная циркуляция, заболеваемость).

## **Нейтрализация**

Исследования нейтрализующих антител могут дать раннее представление об эффективности вакцин против новых и появляющихся вариантов, вызывающих обеспокоенность, и их подвариантов. Совокупность имеющихся на сегодняшний день данных свидетельствует о том, что нейтрализующий гуморальный ответ на первую бустерную вакцинацию против Омикрон BA.1 примерно в шесть раз ниже по сравнению с исход-

ным штаммом, что является более значительным снижением, чем наблюдалось с предыдущими VOC. Кроме того, медиана кратности уменьшения средних геометрических титров была в два раза ниже для ВА.4/ВА.5 по сравнению с ВА.1. Недавний отчет предполагает, что VE против ВА.4/ВА.5, вероятно, ниже, чем против ВА.1, хотя причины этого могут быть связаны как с более низкими титрами нейтрализации, так и с методологическими факторами в том, как проводились исследования VE. Первые данные свидетельствуют о еще большем снижении нейтрализующей способности в отношении новых подвариантов BQ.1/BQ.1.1 и XBB/XBB.1/XBB.1.5. Уровень нейтрализации первичной серии против Омикрона (без бустера) был слишком низкий, чтобы можно было точно сравнивать тенденции снижения для подвариантов.

## Публикации:

Mol Biol Evol. 2023 Apr 11;msad085.

doi: 10.1093/molbev/msad085. Online ahead of print.

### **Evolution of the SARS-CoV-2 mutational spectrum**

#### **Эволюция мутационного спектра SARS-CoV-2**

Jesse D Bloom, Annabel C Beichman, Richard A Neher, Kelley Harris

Вирус SARS-CoV-2 быстро развивается отчасти из-за высокой скорости мутаций. Авторы исследуют, изменился ли сам этот мутационный процесс в ходе эволюции вируса. Для этого количественно оценивают относительную частоту различных типов однонуклеотидных мутаций в четырехкратно вырожденных участках вирусного генома в миллионах последовательностей SARS-CoV-2. Обнаружены явные сдвиги в относительных скоростях нескольких типов мутаций в ходе эволюции SARS-CoV-2. Наиболее удивительной тенденцией является примерно двукратное снижение относительной частоты мутаций G→T в Omicron по сравнению с ранними кладами, как было недавно отмечено Ruis et al (2022). Также наблюдается снижение относительной частоты мутаций C→T в Delta и другие тонкие изменения в спектре мутаций на протяжении филогенеза. Предполагают, что эти изменения в спектре мутаций могут быть вызваны вирусными мутациями, которые влияют на репликацию генома, упаковку и антагонизм к факторам врожденного иммунитета хозяина, хотя факторы окружающей среды также могут играть роль. Интересно, что спектр мутаций Omicron больше похож на спектр более ранних кладов SARS-CoV-2, который сформировал долгосрочную эволюцию сарбековирусов. В целом эта работа показывает, что процесс мутации сам по себе является динамической переменной во время эволюции SARS-CoV-2, и предполагает, что человеческий SARS-CoV-2 может иметь тенденцию к спектру мутаций, более похожему на таковой сарбековирусов других животных.

Emerg Microbes Infect. 2023 Apr 10;2202263.

doi: 10.1080/22221751.2023.2202263. Online ahead of print.

### **Omicron BA.1 breakthrough infections in inactivated COVID-19 vaccine recipients induced distinct pattern of antibody and T cell responses to different Omicron sublineages**

**Прорывные инфекции Omicron BA.1 у реципиентов инактивированной вакцины против COVID-19 индуцировали различную картину ответов антител и Т-клеток на различные сублинии Omicron.**

Li Guo, Qiao Zhang, Jingchuan Zhong и др.

Адаптивный иммунитет против штамма-прототипа SARS-CoV-2 и сублиний Omicron, индуцированный прорывной инфекцией BA.1 у лиц, вакцинированных инактивированными вакцинами против COVID-19, не был хорошо охарактеризован. Авторы сообщают, что прорывная инфекция BA.1 индуцировала sIgA слизистых оболочек и приводила к более высоким титрам IgG против прототипного штамма SARS-CoV-2 и

подлиний Omicron у вакцинированных, чем у людей, ранее невакцинированных. Прорывная инфекция BA.1 также усиливала антителозависимую клеточную цитотоксичность и антителозависимый клеточный фагоцитоз в отношении штамма-прототипа SARS-CoV-2 и BA.1, BA.1.1, BA.2, BA.2.12.1 и BA.2.75, но не на BA.4/5 и индуцировала ответы нейтрализующих антител (NAb) против штамма-прототипа и BA.1, BA.1.1, BA.2, BA.2.12.1, BA.2.75 и BA.4/5, но не против BF.7, BQ.1 и XBB. В целом у индивидуумов с прорывной инфекцией BA.1 возникали менее обширные ответы sIgA, IgG плазмы и NAb против подлиний Omicron по сравнению с таковыми против штамма-прототипа. Кроме того, прорывная инфекция BA.1 индуцировала ответ В-клеток памяти на штамм-прототип и вариант Омикрон, главным образом нацеленный на В-клетки памяти, продуцирующие консервативные эпитопы. Ответы Т-клеток памяти против Омикрона в значительной степени сохранены. Подлинии Omicron, особенно те, которые возникли после штамма BA.4/5, уклоняются от NAb, вызванных прорывной инфекцией BA.1. Необходимо срочно оптимизировать дизайн и составы вакцинных иммуногенов для вариантов SARS-CoV-2.

Proc Natl Acad Sci U S A. 2023 Apr 18;120(16):e2221652120.

doi: 10.1073/pnas.2221652120. Epub 2023 Apr 10.

#### **Enhanced inhibition of MHC-I expression by SARS-CoV-2 Omicron subvariants**

#### **Усиленное ингибирование экспрессии MHC-I субвариантами SARS-CoV-2 Omicron**

Miyu Moriyama , Carolina Lucas, Valter Silva Monteiro и др.

Показано, что все VOC SARS-CoV-2 обладают способностью подавлять экспрессию главного комплекса гистосовместимости класса I (MHC-I). Авторы идентифицировали несколько вирусных генов, которые способствуют подавлению экспрессии MHC I. Примечательно, что активация MHC-I была сильно подавлена после инфицирования вирусом SARS-CoV-2, но не после заражения вирусом гриппа *in vivo*. В то время как более ранние VOC обладают такой же способностью, как и предковый штамм, подавлять MHC-I, подварианты Omicron проявляли большую способность подавлять поверхностную экспрессию MHC-I. Авторы выявили распространенную мутацию в белке E Omicron, которая дополнительно подавляла экспрессию MHC-I. В совокупности эти данные свидетельствуют о том, что в дополнение к ускользанию от нейтрализующих антител, успех подвариантов Omicron в том, что касается прорывной инфекции и повторного заражения, может быть частично обусловлен его оптимизированным уклонением от распознавания Т-клетками.

J Transl Med. 2023 Apr 10;21(1):251.

doi: 10.1186/s12967-023-04095-6.

#### **SARS-CoV-2 before and after Omicron: two different viruses and two different diseases?**

## **SARS-CoV-2 до и после Омикрона: два разных вируса и два разных заболевания?**

Renata Gili , Roberto Burioni

Впервые в истории медицины стало возможным описать — после межвидового перехода — эволюцию нового человеческого вируса, распространяющегося в неиммунной популяции. Это позволило наблюдать не только последующее появление вариантов, наделенных признаками, обеспечивающими вирусу эволюционное преимущество, но и смену путей репликации вируса и приобретение признаков ускользания от иммунитета. Эти характеристики оказали заметное влияние на распространение SARS-CoV-2, а также на клиническую картину и прогноз COVID-19. В этом обзоре описаны и прокомментированы генетические, антигенные, вирусологические, клинко-эпидемиологические характеристики Омикрона и возникших до него вариантов. По мнению авторов, они демонстрируют, что вирус резко изменился, и что мы сталкиваемся с болезнью, во многом отличной от той, которую вызывают варианты, предшественники Омикрона.

Int J Mol Sci. 2023 Apr 2;24(7):6642.

doi: 10.3390/ijms24076642.

## **Coarse-Grained Molecular Simulations and Ensemble-Based Mutational Profiling of Protein Stability in the Different Functional Forms of the SARS-CoV-2 Spike Trimers: Balancing Stability and Adaptability in BA.1, BA.2 and BA.2.75 Variants**

**Крупнозернистое молекулярное моделирование и мутационное профилирование на основе ансамбля стабильности белка в различных функциональных формах тримеров шипов SARS-CoV-2: баланс стабильности и адаптивности в вариантах BA.1, BA.2 и BA.2.75**

Gennady Verkhivker, Mohammed Alshahrani , Grace Gupta

В этом исследовании авторы приступили к систематическому сравнительному анализу конформационной динамики, электростатики, стабильности белков и аллостерии в различных функциональных состояниях тримеров шипа для подвариантов BA.1, BA.2 и BA.2.75. Используя эффективное и точное моделирование и атомистическую реконструкцию ансамблей, они изучили конформационную динамику тримеров шипов и получили результаты, которые согласуются с недавними функциональными исследованиями и дают основание предполагать, что тримеры BA.2.75 являются наиболее стабильными среди этих вариантов. Систематическое мутационное сканирование межпротомерных интерфейсов в тримерах шипов выявило группу консервативных очагов структурной стабильности, которые играют ключевую роль в модуляции функциональной динамики, а также участвуют в межпротомерных взаимодействиях через локальные контакты и сети взаимодействия с мутационными сайтами Омикрон. Результаты мутационного сканирования свидетельствовали о том, что тримеры BA.2.75 более стабильны, чем BA.2, и сравнимы по стабильности с вариантом BA.1. Используя динамическое сетевое моделирование тримеров S Omicron BA.1, BA.2 и BA.2.75, авторы показали, что ключевые сетевые медиаторы аллостерических взаимодействий связаны

с основными точками стабильности, которые взаимосвязаны вдоль потенциальных путей коммуникации. Сетевой анализ тримеров ВА.1, ВА.2 и ВА.2.75 показал, что повышенная термодинамическая стабильность варианта ВА.2.75 может быть связана с организацией и модульностью сети взаимодействия остатков, которая обеспечивает аллостерические связи между структурными «горячими точками» стабильности и мутационными сайтами Омикрона. Это исследование представило обоснование механизма, в котором мутации Omicron могут возникать путем нацеливания на уязвимые участки конформационной адаптивности, чтобы вызвать ускользание от иммунного ответа, при сохранении контроля над балансом стабильности белка и функциональности посредством надежных аллостерических связей с горячими точками стабильности.