

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 10.06.2023 г. по 16.06.2023 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 10.06.2023 г. по 16.06.2023 г.

По состоянию на 16 июня 2023 г. в соответствии с классификацией ВОЗ к вариантам вируса SARS-COV-2 вызывающих интерес (VOI) отнесены субварианты ХВВ.1.5 и ХВВ.1.16. В группу вариантов под наблюдением (VUM) включены генетические линии ВА.2.75, СН.1.1, ВQ.1, ХВВ, ХВВ.1.9.1, ХВВ.1.9.2 и ХВВ.2.3.

На сегодняшний день в базе данных GISAID всего представлено 15 688 433 генома вируса SARS-COV-2 (за неделю депонировано 19 755 последовательностей). В мире странами – лидерами по количеству депонированных геномных последовательностей вируса SARS-CoV-2 остаются США – (4 808 921 геном – 30,7 % от всех размещенных в GISAID) и Великобритания (3 074 372 – 19,6 %).

Циркуляция вируса SARS-COV-2 геноварианта Omicron зарегистрирована в 218 странах (по данным СМИ на 16.06.2023 г.).

Всего в базу данных GISAID депонировано 8 219 684 генома варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 19 299 геномных последовательностей – 97,7 % от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2. Российскими лабораториями размещено 70 745 геномных последовательностей вируса SARS-COV-2, в том числе варианта Omicron – 44 827 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 только 50 (23,8 %) стран (за предыдущие – 55 стран (26,2 %)) дополнили данные о размещенных ранее геномных последовательностях Omicron в GISAID.

Динамика распространения в мире субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID представлена на рисунке 1. Среди циркулирующих штаммов коронавируса доминируют три субварианта ХВВ.1.5, ХВВ.1.9.1 и ХВВ.1.6.

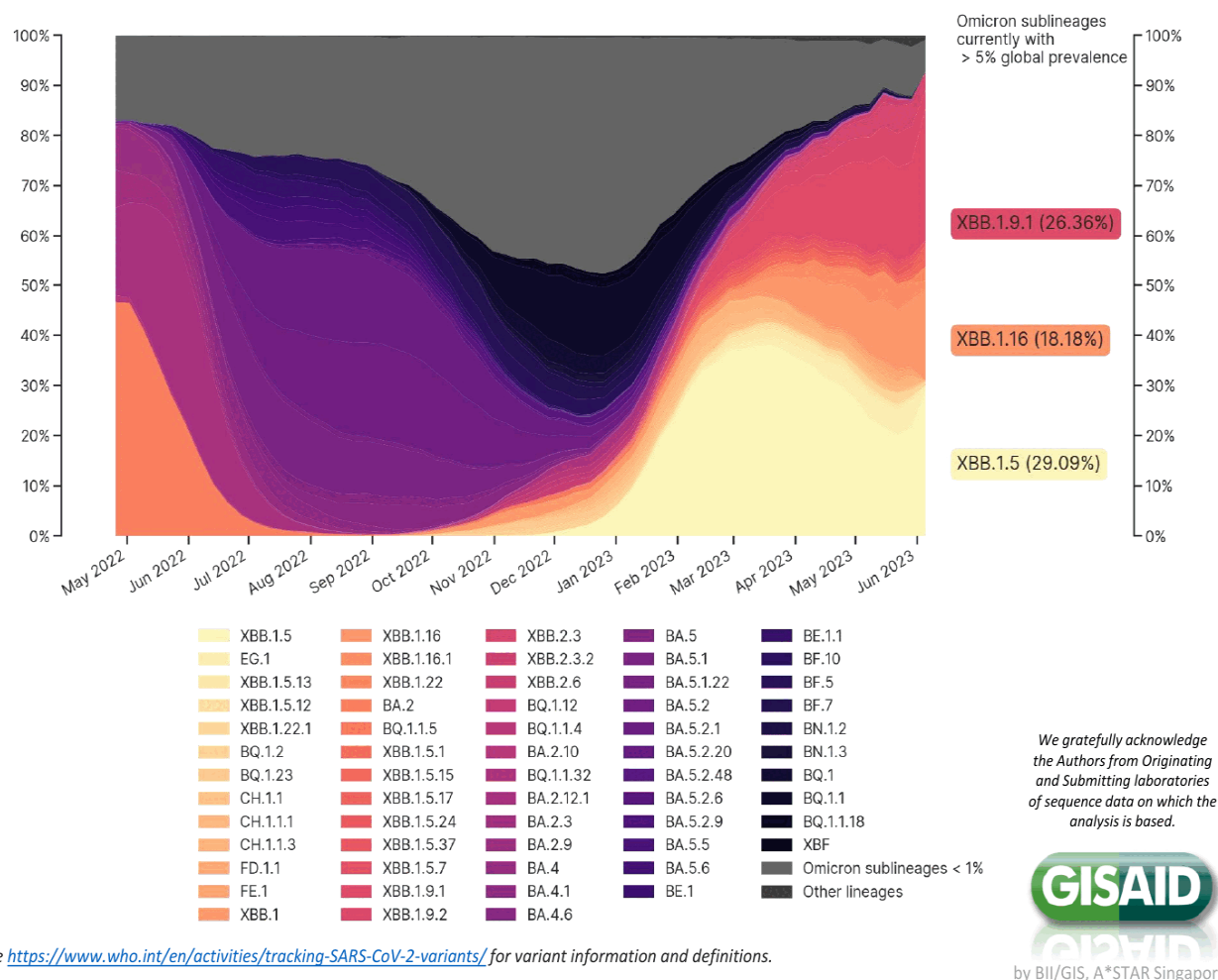


Рис. 1 Распространение субвариантов Omicron в мире (по состоянию на 13.06.2023 г.)

Динамика распространения субвариантов Omicron в регионах за последние 4 недели показана на рисунке 2. В странах Южной и Северной Америки генетический фон представлен субвариантом XBB.1.5 в 54,12 %. Доля XBB.1.5 среди циркулирующих субвариантов в Северной Америке составила 29,82 %, Европе – 22,3 %. В странах Азии доминирует субвариант XBB.1.9.1 (25,03 %), в Тихоокеанском регионе – XBB.1.16 (17,82 %) и XBB.1.9.1 (11,35 %), Африке – XBB.1.22.1 (36,96 %).

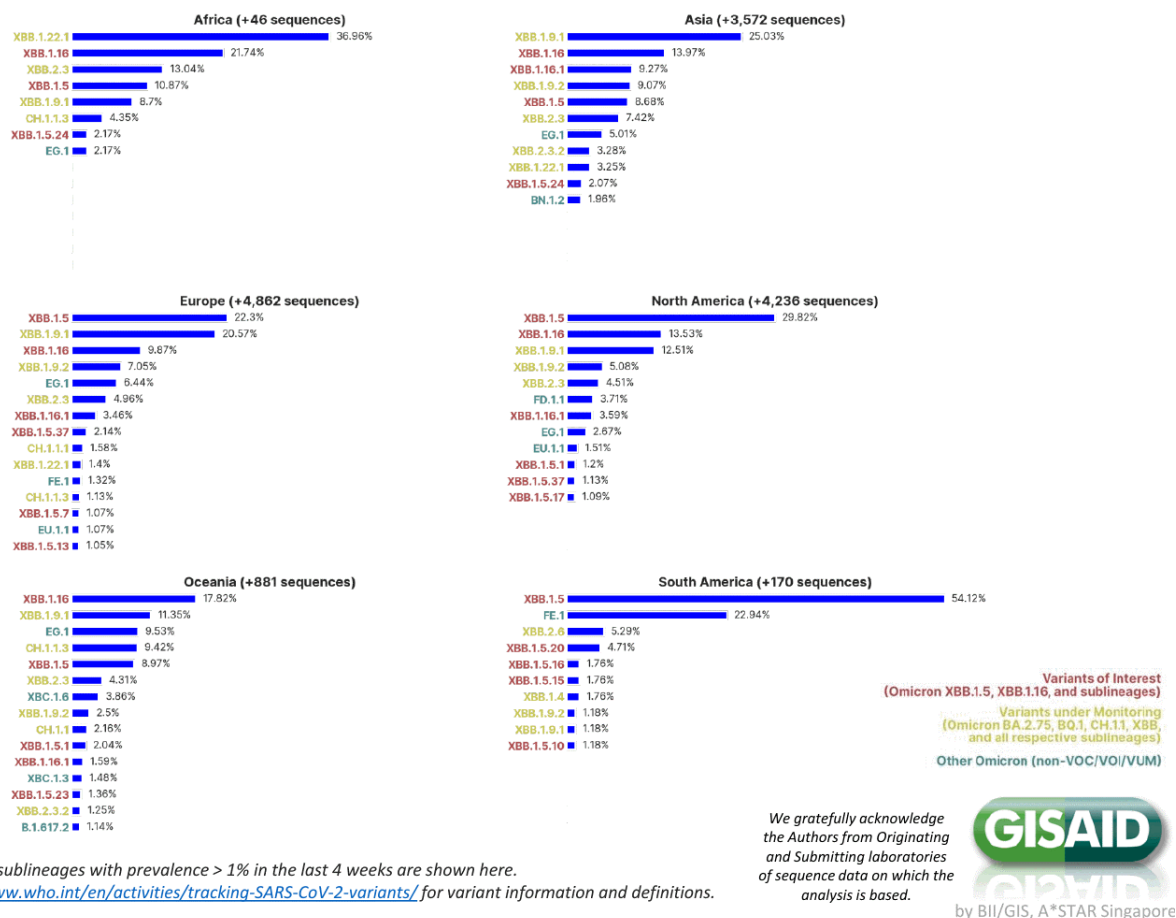
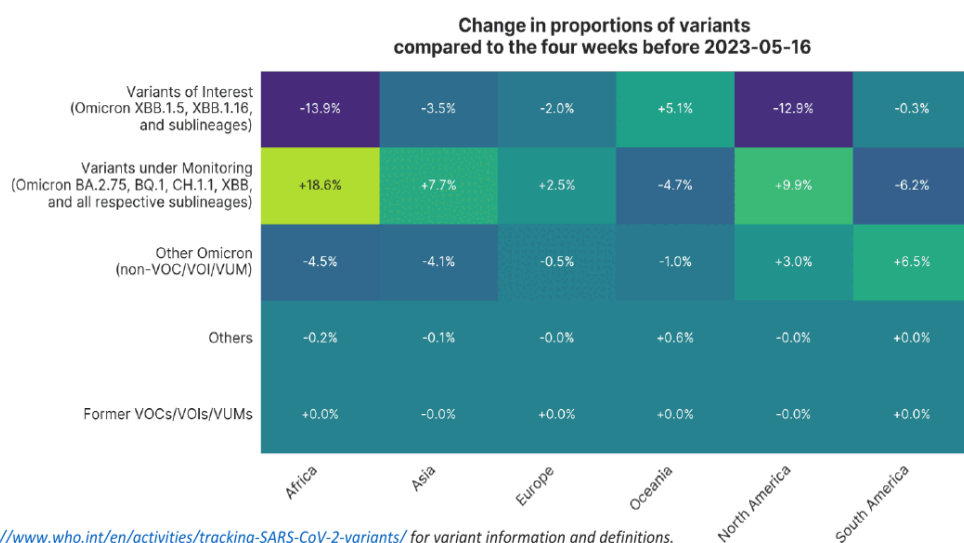
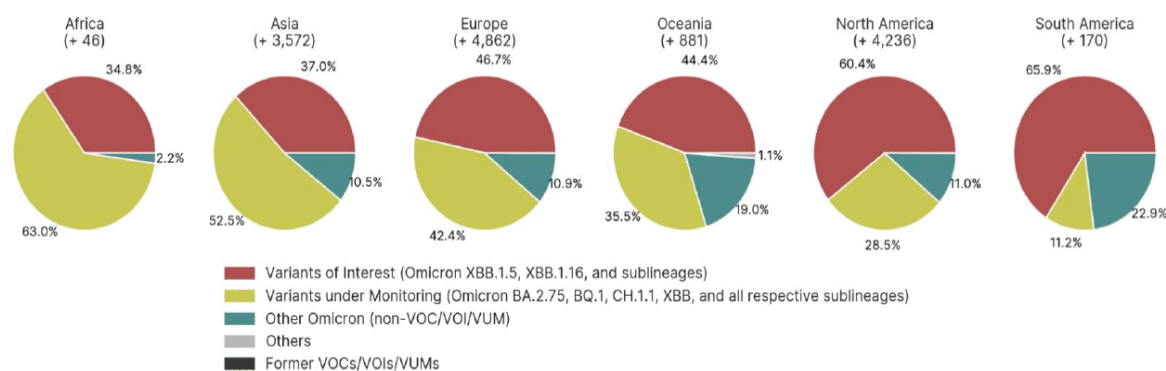


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в регионах мира за 4 недели (с 16 мая по 13 июня 2023 г.).

В сравнении с предыдущими 4 неделями среди секвенированных геномов коронавируса SARS-CoV-2 в странах Африки, Азии, Европы и Северной Америки отмечено увеличение доли вариантов VUM, в странах Тихоокеанского региона – VOI (рис. 3).



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



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

Рисунок 3 Распространение субвариантов Omicron в регионах мира за 4 недели (с 16 мая по 13 июня 2023 г.)

### Варианты, вызывающие интерес (VOI)

По состоянию на 16 июня 2023 г. в базу данных GISAID EpiCoV последовательности, относящиеся к ХВВ.1.5, депонированы из 116 стран. За последние 4 недели наибольшее распространение субвариант получил в Эквадоре – 98% от всех секвенированных штаммов, Колумбии – 94%, Коста-Рике – 90%, Перу – 74%, Германии – 67%, Гватемале – 63 %, Польше – 54 %, США – 51%, Канаде – 49 %, Португалии – 47 %.

Субвариант ХВВ.1.16 (Arcturus), появившийся в конце марта 2023 года, в настоящее время обнаружен в 71 стране. Всего секвенировано и размещено в GISAID 20 750 геномных последовательностей ХВВ.1.16. За последние 4 недели субвариант доминировал в Ботсване (100%), Индии (68%), Лаосе (50%), Малайзии (46%), Таиланде (42%), Новой Зеландии (33%), Сингапуре (31%), Японии (28%), Австралии (27%).

В США по данным Национальной системы геномного надзора, опубликованном на сайте CDC, за период с 28 мая по 10 июня 2023 г. среди циркулирующих субвариантов Omicron доминировал ХВВ.1.5 – 53,8% (снижение на 13,9%). Доля геноварианта ХВВ.1.16 увеличилась с 15,1 % до 18,2 %, геноварианта ХВВ. 1.9.1 – с 11,8 % до 12,5 %.

В Европейском регионе ВОЗ на неделе 22/2023 было 89 705 новых подтвержденных случаев COVID-19 и 806 новых случаев смерти, о которых сообщили национальные власти, что означает снижение числа новых случаев на 10,5% и снижение числа смертей на 8,1% по сравнению с 21/2023 недель. По данным ECDC к концу 22-й недели (заканчивающейся 4 июня 2023 года) среди 17 стран (Австрия, Бельгия, Дания, Эстония, Финляндия, Франция, Греция, Исландия, Ирландия, Италия, Нидерланды, Норвегия, Польша, Португалия, Румыния, Испания и Швеция), сообщивших о результатах секвенирования или генотипирования вируса SARS-CoV-2, распределение вариантов вируса составило для ХВВ.1,5 – 92,9% (45,8-98,2% из 15 стран).

#### **Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)**

Среди вариантов Omicron, находящихся под наблюдением, субвариант ХВВ.1.9.1 демонстрирует тенденцию к росту в Азии, Северной Америке и Тихоокеанском регионе (2,7%, 5,0% и 0,4% соответственно). Секвенирован лабораториями 90 стран. Наибольшее распространение за последние 4 недели ХВВ.1.9.1 отмечено в следующих странах: Украина (52%), Финляндия (31%), Швейцария (22%), Дания (18%).

Также наблюдается рост распространенности субвариантов ХВВ.2.3.(в Индии и Сингапуре) и ХВВ. Циркуляция ХВВ.1.9.2 зафиксирована в 68 странах, распространенность – 6,9% (Франция – 8%, Люксембург – 10%, Тайвань – 14%).

В базе данных GISAID депонировано более 47 тыс. геномов субварианта СН.1.1 из 93 стран, распространенность – 2,1% (за последние 4 недели в Исландии – 22 %, Финляндии и Новой Зеландии – 16%, Чехии – 13%, Австралии – 12%, Люксембурге – 10%).

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 (20.05. – 16.06.2023 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	148210	1306	92,9
Австрия (стабилизация заболеваемости)	Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	189804	482	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	777	0	0,0
Алжир (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	536	0	0,0
Американские Виргинские острова (стабилизация заболеваемости)	UW Virology Lab	1451	0	0,0
Американское Самоа (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	117	0	0,0
Ангилья (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies	52	0	0,0
Ангола (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform	168	0	0,0

Андорра (стабилизация заболеваемости)	Instituto de Salud Carlos III	323	0	0,0
Антигуа и Барбуда (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of Preclinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies, St Augustine Campus	108	0	0,0
Аргентина (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional Enfermedades Infecciosas C.G.Malbran	7240	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	2016	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	190	0	0,0
Бахрейн (стабилизация заболеваемости)	Communicable Disease Laboratory, Public Health Directorate	7082	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 (стабилизация заболеваемости)	KU Leuven, Rega Institute, Clinical and Epidemiological Virology	94062	84	98,8



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	7149	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	0	0,0
Ботсвана (стабилизация заболеваемости)	Botswana Institute for Technology Research and Innovation	3359	0	0,0
Бразилия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Adolfo Lutz, Interdisciplinary Procedures Center, Strategic Laboratory	108343	41	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)	5694	0	0,0
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 Genomics UK (COG–UK) consortium.	1447525	810	100,0

Венгрия (стабилизация заболеваемости)	National Laboratory of Virology, Szentágothai Research Centre	436	0	0,0
Венесуэла (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio de Virología Molecular	699	0	0,0
Вьетнам (стабилизация заболеваемости)	National Influenza Center, National Institute of Hygiene and Epidemiology(NIHE)	6167	1	100,0
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	2324	0	0,0
Гваделупа (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	652	11	100,0
Гватемала (стабилизация заболеваемости)	Asociación de Salud Integral/Clínica Familiar Luis Ángel García	3241	4	100,0
Гвинея (стабилизация заболеваемости)	Centre de Recherche et de Formation en Infectiologie Guinée	498	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.	572919	33	100,0
Гибралтар (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Virus Unit, National Infection Service, Public Health England	122	0	0,0
Гондурас (стабилизация забо-	Genomics and Proteomics Departament, Gorgas Me-	69	0	0,0

леваемости)	morial Institute For Health Studies			
Гонконг (стабилизация заболеваемости)	Hong Kong Department of Health	13270	54	100,0
Греция (стабилизация заболеваемости)	Greek Genome Center, Biomedical Research Foundation of the Academy of Athens(BRFAA)	17774	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.	356339	122	99,2
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	0	0,0
ДР Конго (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Sequencing Lab, National Institute for Biomedical Research(INRB)	534	0	0,0
ДР Сент Томе и Принсипи (стабилизация заболеваемости)	LNR-TB	1	0	0,0
Египет (стабилизация заболеваемости)	Main Chemical Laboratories Egypt Army	1814	0	0,0
Замбия (стабилизация заболеваемости)	University of Zambia, School of Veterinary Medicine	1203	0	0,0
Зимбабве (стабилизация забо-	National Microbiology Reference Laborato-	316	0	0,0

леваемости)	ry(Quadram Institute Bioscience)			
Израиль (стабилизация заболеваемости)	Central Virology Laboratory, Israel Ministry of Health	114728	0	0,0
Индия (стабилизация заболеваемости)	Department of Neurovirology, National Institute of Mental Health and Neurosciences(NIMHANS).CSIR–Centre for Cellular and Molecular Biology	138244	28	82,4
Индонезия (стабилизация заболеваемости)	National Institute of Health Research and Development	38314	97	92,4
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 (стабилизация заболеваемости)	National Reference Laboratory for COVID–19, Pasteur Institute of Iran	2229	0	0,0
Ирландия (стабилизация заболеваемости)	National Virus Reference Laboratory	57399	212	100,0
Исландия (стабилизация заболеваемости)	Landspítali Department of Clinical Microbiology	10477	15	100,0
Испания (стабилизация заболеваемости)	Hospital Universitario 12 de Octubre	116190	896	100,0
Италия (стабилизация заболеваемости)	Army Medical Center, Scientific Department, Virology Laboratory	86688	323	98,5
Кабо–Верде (стабилизация заболеваемости)	Institut Pasteur de Dakar	557	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	1831	8	100,0
Камерун (стабилизация заболеваемости)	CREMER(Centre de Recherches sur les Maladies Emergentes et Ré–émergentes)	776	0	0,0

Канада (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de santé publique du Québec	291147	2013	100,0
Каймановы острова	Cayman Islands Molecular Biology Laboratory	286	0	0,0
Катар (стабилизация заболеваемости)	Biomedical Research Center(BRC), Qatar University / Qatar Genome Project(QGP)	1525	0	0,0
Кения (стабилизация заболеваемости)	KEMRI–Wellcome Trust Research Programme/KEMRI–CGMR–C Kilifi	5212	36	100,0
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	37553	1830	100,0
Колумбия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Salud– Dirección de Investigación en Salud Pública	13852	23	100,0
Коморские острова (стабилизация заболеваемости)	KEMRI–Wellcome Trust Research Programme/KEMRI–CGMR–C Kilifi	11	0	0,0
Косово (стабилизация заболеваемости)	Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie	898	0	0,0
Коста-Рика (стабилизация заболеваемости)	Inciensa, Instituto Costarricense de Investigación y Enseñanza en Nutrición y Salud	8893	49	100,0
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	526	0	0,0
Кувейт (стабилизация заболеваемости)	Virology Unit, Department of Microbiology, Faculty of Medicine, Kuwait	627	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)	1186	0	0,0
Лаос (стабилизация заболеваемости)	LOMWRU/Microbiology Laboratory, Mahosot Hospital	662	8	100,0
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	651	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	11132	0	0,0
Лихтенштейн (стабилизация заболеваемости)	Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	1383	0	0,0
Люксембург (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire national de santé, Microbiology, Microbial Genomics Platform	35555	67	100,0
Макао (стабилизация заболеваемости)	Centro de Sequenciamento Genômico	1	0	0,0
Маврикий (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	6782	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	370	0	0,0
Малайзия (стабилизация заболеваемости)	Institute for Medical Research, Infectious Disease Research Centre, National Institutes of Health, Ministry of Health Malaysia	30155	77	98,7
Малави (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform	268	0	0,0
Мали (стабилизация заболеваемости)	Northwestern University – Center for Pathogen Genomics and Microbial Evolution	159	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	1275	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)	41517	0	0,0
Мозамбик (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform, South Africa	708	0	0,0
Молдавия (стабилизация заболеваемости)	ONCOGENE LLC	683	2	100,0
Монако (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	16	0	0,0
Монголия (стабилизация заболеваемости)	National Centre for Communication Disease (NCCD) National Influenza Center	829	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	92	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	1213	0	0,0
Нигер (стабилизация заболеваемости)	National Reference Laboratory, Nigeria Centre for Disease Control	120	0	0,0

Нигерия (стабилизация заболеваемости)	African Centre of Excellence for Genomics of Infectious Diseases(ACEGID), Redeemer's University	3119	0	0,0
Нидерланды (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	75834	92	100,0
Новая Зеландия (снижение заболеваемости)	Institute of Environmental Science and Research(ESR)	29406	61	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	34849	6	100,0
ОАЭ (стабилизация заболеваемости)	Wellcome Sanger Institute for the COVID-19 Genomics UK(COG-UK) Consortium	734	0	0,0
Оман (стабилизация заболеваемости)	Oman-National Influenza Center	384	0	0,0
Пакистан (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Public Health Laboratories Division	3084	0	0,0
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	68	0	0,0
Панама (стабилизация заболеваемости)	Gorgas memorial Institute For Health Studies	3119	41	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	2061	0	0,0
Перу (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio de Referencia Nacional de Biotecnología y Biología Molecular. Instituto Nacional de SaludPerú	34492	21	100,0
Польша (стабилизация заболеваемости)	genXone SA, Research & Development Laboratory	44673	26	100,0
Португалия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Saude(INSA)	22493	191	100,0



Пуэрто Рико (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	15480	0	0,0
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	633	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	209	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	11150	10	100,0
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 Micro-	44827	0	0,0

	organisms.			
Руанда (стабилизация заболеваемости)	GIGA Medical Genomics	197	0	0,0
Румыния (стабилизация заболеваемости)	National Institute of Infectious Diseases–Prof. Dr. Matei Bals Molecular Diagnostics Laboratory	10811	0	0,0
Саудовская Аравия (стабилизация заболеваемости)	Infectious Diseases, King Faisal Hospital Research Center	1330	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	2088	0	0,0
Сейшелы (стабилизация заболеваемости)	KEMRI– Wellcome Trust Research Programme, Kilifi	618	0	0,0
Сенегал (стабилизация заболеваемости)	IRESSEF GENOMICS LAB	1630	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	171	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	25606	1140	100,0
Сен-Мартин (стабилизация заболеваемости)	Institut Pasteur	301	0	0,0
Синт–Мартен (стабилизация	National Institute for Public Health and the Environ-	860	0	0,0

заболеваемости)	ment(RIVM)			
Сирия (стабилизация заболеваемости)	CASE-2021-0266829	72	0	0,0
Словакия (стабилизация заболеваемости)	Faculty of Natural Sciences, Comenius University	26837	0	0,0
Словения (стабилизация заболеваемости)	Institute of Microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, University of Ljubljana	35653	73	100,0
Соломоновы острова (стабилизация заболеваемости)	Microbiological Diagnostic Unit - Public Health Laboratory (MDU-PHL)	247	0	0,0
Сомали (стабилизация заболеваемости)	National Public Health Lab- Mogadishu	2	0	0,0
Судан (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Communicable Diseases of the National Health Laboratory Service	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.	2406737	2284	98,2
Сьерра-Леоне (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Reference Laboratory	1	0	0,0
Таиланд (стабилизация заболеваемости)	COVID-19 Network Investigations(CONI) Alliance	27409	253	99,6
Тайвань (стабилизация заболеваемости)	Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision Medicine	2916	1	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)	422	0	0,0
Тринидад и Тобаго (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies	2626	0	0,0
Тунис (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de linique linique – Institut Pasteur de Tunis	600	0	0,0
Турция (стабилизация заболеваемости)	Ministry of Health Turkey	21365	0	0,0
Уганда (стабилизация заболеваемости)	MRC/UVRI & LSHTM Uganda Research Unit	649	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”	2707	15	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	85	0	0,0
Филиппины (стабилизация заболеваемости)	Philippine Genome Center	14088	0	0,0
Финляндия (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Faculty of Medicine, University of Helsinki	22585	98	100,0
Франция (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	364358	884	99,9
Французская Гвиана (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	1619	0	0,0
Французская Полинезия (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	13	0	0,0

Хорватия (стабилизация заболеваемости)	Croatian Institute of Public Health	24201	13	100,0
ЦАР (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Sequencing Lab, National Institute for Biomedical Research(INRB)	62	0	0,0
Черногория (стабилизация заболеваемости)	Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie	475	0	0,0
Чехия (стабилизация заболеваемости)	The National Institute of Public Health	33453	4	80,0
Чили (стабилизация заболеваемости)	Instituto de Salud Publica de Chile	24948	0	0,0
Швейцария (стабилизация заболеваемости)	Department of Biosystems Science and Engineering, ETH Zürich.	54232	113	100,0
Швеция (стабилизация заболеваемости)	The Public Health Agency of Sweden	109210	482	99,8
Шри-Ланка (стабилизация заболеваемости)	Centre for Dengue Research and AICBU, Department of Immunology and Molecular Medicine	1168	0	0,0
Эквадор (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Investigaciónes Salud Pública, INSPI	5639	107	100,0
Экваториальная Гвинея (стабилизация заболеваемости)	Swiss Tropical and Public Health Institute	2	0	0,0
Эсватини (стабилизация заболеваемости)	Nhlangano Health Centre(National Institute for Communicable Diseases of the National Health Laboratory Service)	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	119	0	0,0
ЮАР (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform.	25580	0	0,0
Южная Корея (стабилизация заболеваемости)	Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease	118417	935	99,9

	Control and Prevention Agency			
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	3118	0	0,0
Япония (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Genomics Center, National Institute of Infectious Diseases	412121	65	100,0

## Еженедельное эпидобновление ВОЗ № 147 от 15.06.2023

### Варианты SARS-CoV-2, представляющие интерес, и варианты, находящиеся под наблюдением

#### Географическое распространение и распространенность

Во всем мире с 15 мая по 11 июня 2023 года (28 дней) в GISAID было передано 15 789 последовательностей SARS-CoV-2. В настоящее время ВОЗ отслеживает два представляющих интерес варианта (VOI), ХВВ.1.5 и ХВВ.1.16, а также семь вариантов под наблюдением (VUM) и их потомков: ВА.2.75, СН.1.1, ВQ.1, ХВВ, ХВВ.1.9.1, ХВВ.1.9.2 и ХВВ.2.3. В глобальном масштабе сообщения о ХВВ.1.5 поступили из 116 стран с момента его появления. Хотя ХВВ.1.5 остается доминирующим в мире, его распространенность неуклонно снижается. На 21-й эпидемиологической неделе (с 22 по 28 мая 2023 г.) на ХВВ.1.5 приходилось 30% последовательностей, что меньше, чем 43,5% на 17-й неделе (24–30 апреля 2023 г.). Сообщения о ХВВ.1.16 поступили из 69 стран. На 21-й неделе на ХВВ.1.16 приходилось 18% последовательностей, что больше по сравнению с 10,9% на 17-й неделе. В таблице 2 показано количество стран, сообщивших об VOI и VUM, а также их распространенность с 17 по 21 неделю. VOI и VUM, демонстрирующие тенденцию к росту, выделены оранжевым цветом, а с тенденциями к снижению — зеленым. Среди VUM ХВВ, ХВВ.1.9.1, ХВВ.1.9.2 и ХВВ.2.3 в последние недели продемонстрировали тенденцию к росту, при этом на ХВВ.1.9.1 приходится почти половина зарегистрированных последовательностей VUM. В целом, другие VUM демонстрируют снижающиеся или стабильные тенденции за тот же отчетный период.

Таблица 2. Еженедельная распространенность VOI и VUM SARS-CoV-2, с 16 по 20 неделю 2023 г.

Линия	Страны	Последовательности	2023-17	2023-18	2023-19	2023-20	2023-21
ХВВ.1.5* (VOI)	116	246663	43.46	43.42	39.30	33.22	30.01
ХВВ.1.16* (VOI)	69	18898	10.91	13.60	15.18	17.52	17.95
ВА.2.75*	124	112254	1.77	2.00	1.77	0.93	0.86
СН.1.1*	92	47698	3.46	3.33	3.36	2.84	2.07
ВQ.1*	150	411988	1.36	0.90	0.68	0.40	0.40
ХВВ*	128	65296	4.78	5.00	5.07	5.05	5.12
ХВВ.1.9.1*	93	34308	15.30	16.75	18.40	18.79	19.22
ХВВ.1.9.2*	68	9141	4.55	4.60	5.28	5.68	6.91
ХВВ.2.3*	615	7010	3.65	4.140	5.09	5.57	7.46
Неназначенные	103	1496839	0.88	0.59	1.15	7	9.22
Другие+	208	6727113	8.10	8.53	9.91	9.62	10.42

\* Включает потомки, за исключением тех, которые указаны отдельно в других местах таблицы. Например, ХВВ\* не включает ХВВ.1.5, ХВВ.1.9.1, ХВВ.1.9.2, ХВВ.1.16 и ХВВ.2.3.

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

§ Страны и последовательности с момента появления вариантов.

## Публикации

Heliyon. 2023 Jun;9(6):e16750.

doi: 10.1016/j.heliyon.2023.e16750. Epub 2023 Jun 3.

**Changes within the P681 residue of spike dictate cell fusion and syncytia formation of Delta and Omicron variants of SARS-CoV-2 with no effects on neutralization or infectivity**

**Изменения в остатке Р681 шипа обуславливают слияние клеток и образование синцитиев у дельта и омикрон вариантов SARS-CoV-2 без влияния на нейтрализацию или инфекционность.**

Alona Kuzmina, Dina Korovin, Ido Cohen Lass

Авторы отслеживали уровни инфекционности и потенциал нейтрализации у псевдовирусов дикого типа человеческого коронавируса 2019 (hCoV-19), Delta и Omicron SARS-CoV-2 в отношении образцов сыворотки, взятых через четыре месяца после введения третьей дозы мРНК-вакцины BNT162b2. Их результаты показывают, что по сравнению с hCoV-19 и Delta SARS-CoV-2 линии Omicron BA.1 и BA.2 демонстрируют повышенную инфекционность и резкое снижение чувствительности к нейтрализующим антителам, индуцированным вакциной. Интересно, что мутации Р681 внутри вирусного шипа не играют роли в потенциале нейтрализации или инфекционности псевдовирусов SARS-Cov-2, несущих мутации в этом положении. Однако остаток Р681 определяет способность шиповидного белка способствовать слиянию и образованию синцитиев между инфицированными клетками. В то время как спайк от hCoV-19 (Р681) и Omicron (Н681) способствуют лишь умеренному слиянию клеток и образованию синцитиев между клетками, которые экспрессируют спайк-белок, дельта-спайк (R681) проявляет повышенную фузогенную активность и способствует образованию синцитиев. Дополнительный анализ показывает, что одна мутация Р681R в шипе hCoV-19 или Н681R в шипе Omicron восстанавливает потенциал слияния до уровня, аналогичного наблюдаемому для шипа Delta R681. Наоборот, точечная мутация R681P внутри шипа дельта-псевдовируса отменяет эффективное слияние и образование синцитиев. Это исследование также показывает, что шиповидные белки hCoV-19 и Delta SARS-CoV-2 эффективнее включаются в вирусные частицы по сравнению с шиповидными линиями Omicron. Они также показывают, что остаток Р681 в шипе определяет слия-



ние клеток и образование синцитиев без влияния на инфекционность конкретного варианта вируса и на его чувствительность к опосредованной вакциной нейтрализации.

Microbiol Spectr. 2023 Jun 12;e0525822.

doi: 10.1128/spectrum.05258-22. Online ahead of print.

### **Digital PCR Discriminates between SARS-CoV-2 Omicron Variants and Immune Escape Mutations**

#### **Цифровая ПЦР различает варианты SARS-CoV-2 Omicron и мутации иммунного ускользания**

Steven C Holland, LaRinda A Holland, Matthew F Smith

Авторы разработали панель тестов dPCR в отношении SARS-CoV-2 и продемонстрировали ее применение для типирования линий вариантов вируса и устойчивости к терапевтическим моноклональным антителам. Сначала они разработали мультиплексные тесты dPCR для SNP, расположенных в остатке 3395 в гене *orf1ab*, которые различают линии Delta, Omicron BA.1 и Omicron BA.2. Показана их эффективность на 596 клинических образцах слюны, последовательность SARS-CoV-2 в которых была подтверждена с помощью полногеномного секвенирования Illumina. Затем разработали тесты dPCR для мутаций шипа R346T, K444T, N460K, F486V и F486S, которые связаны с уклонением от иммунитета хозяина и снижением терапевтической эффективности моноклональных антител. Показано, что эти тесты могут выполняться индивидуально или мультиплексно для обнаружения присутствия до 4 SNP в одном тесте. На 81 клиническом образце слюны, положительном на SARS-CoV-2, правильно идентифицированы мутации в подвариантах Omicron BA.2.75.2, BM.1.1, BN.1, BF.7, BQ.1, BQ.1.1, и ХББ. Таким образом, dPCR может служить полезным инструментом для определения того, содержат ли клинические образцы терапевтически значимые мутации, и информирования пациентов о лечении. Таким образом, авторы демонстрируют доказательство того, что dPCR можно использовать для типирования мутаций, определяющих происхождение, и мутаций, связанных с устойчивостью к моноклональным антителам, в образцах слюны. То есть, цифровую ПЦР можно использовать в качестве персонализированного диагностического инструмента для индивидуального лечения пациентов.

MMWR Morb Mortal Wkly Rep. 2023 Jun 16;72(24):651-656.

doi: 10.15585/mmwr.mm7224a2.

### **Genomic Surveillance for SARS-CoV-2 Variants: Circulation of Omicron Lineages - United States, January 2022-May 2023**

#### **Геномный надзор за вариантами SARS-CoV-2: циркуляция линий Omicron — США, январь 2022 г. — май 2023 г.**

Kevin C Ma, Philip Shirk, Anastasia S Lambrou, и др.

CDC использует национальный геномный надзор с декабря 2020 года для мониторинга вариантов SARS-CoV-2, появившихся во время пандемии COVID-19, включая вариант Omicron. В этом отчете обобщены характерные для США тенденции в отношении пропорций вариантов по данным за период с января 2022 г. по май 2023 г. В течение этого периода вариант Омикрон оставался преобладающим, при этом различные потомки достигли преобладания в стране (распространенность > 50%). В первой половине 2022 г. BA.1.1 достиг преобладания к неделе, закончившейся 8 января 2022 г., за ней следовали BA.2 (26 марта), BA.2.12.1 (14 мая) и BA.5 (2 июля); преобладание каждого варианта совпало со всплесками случаев COVID-19. Вторая половина 2022 г. характеризовалась циркуляцией подлиний BA.2, BA.4 и BA.5 (например, BQ.1 и BQ.1.1), некоторые из которых независимо приобрели сходные белковые замены спайков, связанные с уклонением от иммунного ответа. К концу января 2023 года XBB.1.5 стал преобладающим. По состоянию на 13 мая 2023 г. наиболее распространенными циркулирующими линиями были XBB.1.5 (61,5%), XBB.1.9.1 (10,0%) и XBB.1.16 (9,4%); XBB.1.16 и XBB.1.16.1 (2,4%), содержащие замену K478R, и XBB.2.3 (3,2%), содержащие замену P521S, имели самое быстрое время удвоения в этот момент. Аналитические методы для оценки пропорций вариантов были обновлены, поскольку доступность образцов для секвенирования снизилась. Продолжающаяся эволюция линий Omicron подчеркивает важность геномного надзора для отслеживания новых вариантов.

PLoS One. 2023 Jun 15;18(6):e0279221.

doi: 10.1371/journal.pone.0279221. eCollection 2023.

### **Genome characterization based on the Spike-614 and NS8-84 loci of SARS-CoV-2 reveals two major possible onsets of the COVID-19 pandemic**

**Характеристика генома на основе локусов Spike-614 и NS8-84 SARS-CoV-2 выявляет два основных возможных начала пандемии COVID-19.**

**Xiaowen Hu, Yaojia Mu, Ruru Deng, и др.**

Проанализировали генотипы 3,14 миллиона геномов SARS-CoV-2 на основе аминокислоты 614 шипа (S) и аминокислоты 84 NS8 (неструктурный белок 8) и определили 16 гаплотипов сцепления. Гаплотип GL (S\_614G и NS8\_84L) был основным гаплотипом, вызвавшим глобальную пандемию, и на его долю приходилось 99,2% секвенированных геномов, в то время как гаплотип DL (S\_614D и NS8\_84L) вызвал пандемию в Китае весной 2020 г. и составил около 60 % геномов в Китае и 0,45% геномов в мире. Гаплотипы GS (S\_614G и NS8\_84S), DS (S\_614D и NS8\_84S) и NS (S\_614N и NS8\_84S) составляли 0,26%, 0,06% и 0,0067% геномов соответственно. Основная эволюционная траектория SARS-CoV-2 — DS→DL→GL, тогда как другие гаплотипы являются второстепенными побочными продуктами эволюции. Удивительно, но новейший гаплотип GL имел самое давнее время появления самого последнего общего предка (tMRCA), которое в среднем было 1 мая 2019 г., в то время как самый старый гаплотип DS имел самое новое

время tMRCA со средним значением 17 октября, что указывает на то, что предковые штаммы, которые дали рождение GL вымерли и заменены более адаптированным новичком в месте его происхождения, точно так же, как последовательный рост и падение вариантов дельта и омикрон. Однако появился гаплотип DL, который превратился в токсичные штаммы и спровоцировал пандемию в Китае, куда штаммы GL не прибыли к концу 2019 года. Штаммы GL распространились по всему миру до того, как были обнаружены, и спровоцировали глобальную пандемию, которую не замечали, пока о появлении вируса не было объявлено в Китае. Однако гаплотип GL не имел большого влияния в Китае на ранней стадии пандемии из-за его позднего прибытия, а также из-за строгого контроля передачи в Китае. Поэтому предлагают два основных варианта начала пандемии COVID-19, одно из которых было в основном вызвано гаплотипом DL в Китае, а другое было вызвано гаплотипом GL во всем мире.

Virology. 2023 Jun 5;585:78-81.

doi: 10.1016/j.virol.2023.04.014. Online ahead of print.

### **Emergence of SARS-CoV-2 serotype(s): Is it a matter of time?**

#### **Появление серотипа(ов) SARS-CoV-2: вопрос времени?**

José Valter Joaquim Silva Júnior, Ricardo Durães-Carvalho, Joelma Rodrigues de Souza

С момента обнаружения в конце 2019 года SARS-CoV-2 претерпел многочисленные мутации, что привело к появлению нескольких вариантов вируса, которые могут различаться по трансмиссивности, вирулентности и/или уклонению от иммунитета хозяина. В частности, изменения, связанные с иммунитетом, были хорошо задокументированы у варианта Омикрон, включая сообщения об ускользании от нейтрализующих антител, вызванных инфекцией/вакцинацией гетерологичным SARS-CoV-2 или использованных в серологической терапии. Эти результаты могут вызвать некоторые дискуссии о возможности того, что Омикрон является отдельным серотипом SARS-CoV-2. Чтобы внести свой вклад в решение этой проблемы, авторы объединили концепции иммунологии, вирусологии и эволюции и изучили гипотезу о том, что Омикрон является отдельным серотипом SARS-CoV-2. Кроме того, обсудили вероятность появления серотипов SARS-CoV-2 с течением времени, что не обязательно может быть связано с Omicron. Понимание этой темы может иметь прямое значение для составов вакцин, иммунодиагностических платформ и серологических методов лечения, способствуя лучшему управлению будущими вспышками или волнами.