

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 1.07.2023 г. по 7.07.2023 г.

*ФКУН Российской научно-исследовательский противочумный институт «Микроб»
Роспотребнадзора, Саратов, Российской Федерации*

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 1.07.2023 г. по 7.07.2023 г.

По состоянию на 7 июля 2023 г. в соответствии с классификацией ВОЗ к вариантам вируса SARS-COV-2 вызывающих интерес (VOI) отнесены субварианты XBB.1.5 и XBB.1.16. В группу циркулирующих вариантов, находящихся под наблюдением (VUM) включены генетические линии BA.2.75, CH.1.1, XBB, XBB.1.9.1, XBB.1.9.2 и XBB.2.3.

На сегодняшний день в базе данных GISAID всего представлено 15 765 863 генома вируса SARS-COV-2 (за неделю депонировано 10 762 последовательности). В мире странами – лидерами по количеству депонированных геномных последовательностей вируса SARS-CoV-2 остаются США – (4 832 384 генома – 30,6 % от всех размещенных в GISAID) и Великобритания (3 076 437 геномов – 19,5 %).

Циркуляция вируса SARS-COV-2 геноварианта Omicron зарегистрирована в 218 странах (по данным СМИ на 07.07.2023 г.).

Всего в базу данных GISAID депонировано 8 308 233 генома варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 10 543 геномные последовательности – 97,9 % от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2. Российскими лабораториями размещены 71 533 геномные последовательности вируса SARS-COV-2, в том числе варианта Omicron – 45 678 геномов.

На сегодняшний день в базе данных GISAID зафиксировано депонирование варианта Omicron из 211 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, Гренада, 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 49 (23,2 %) стран (за предыдущие – 53 стран (25,2 %) 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 субварианты XBB.1.5, XBB.1.9.1, XBB.1.6 и EG.5.1.

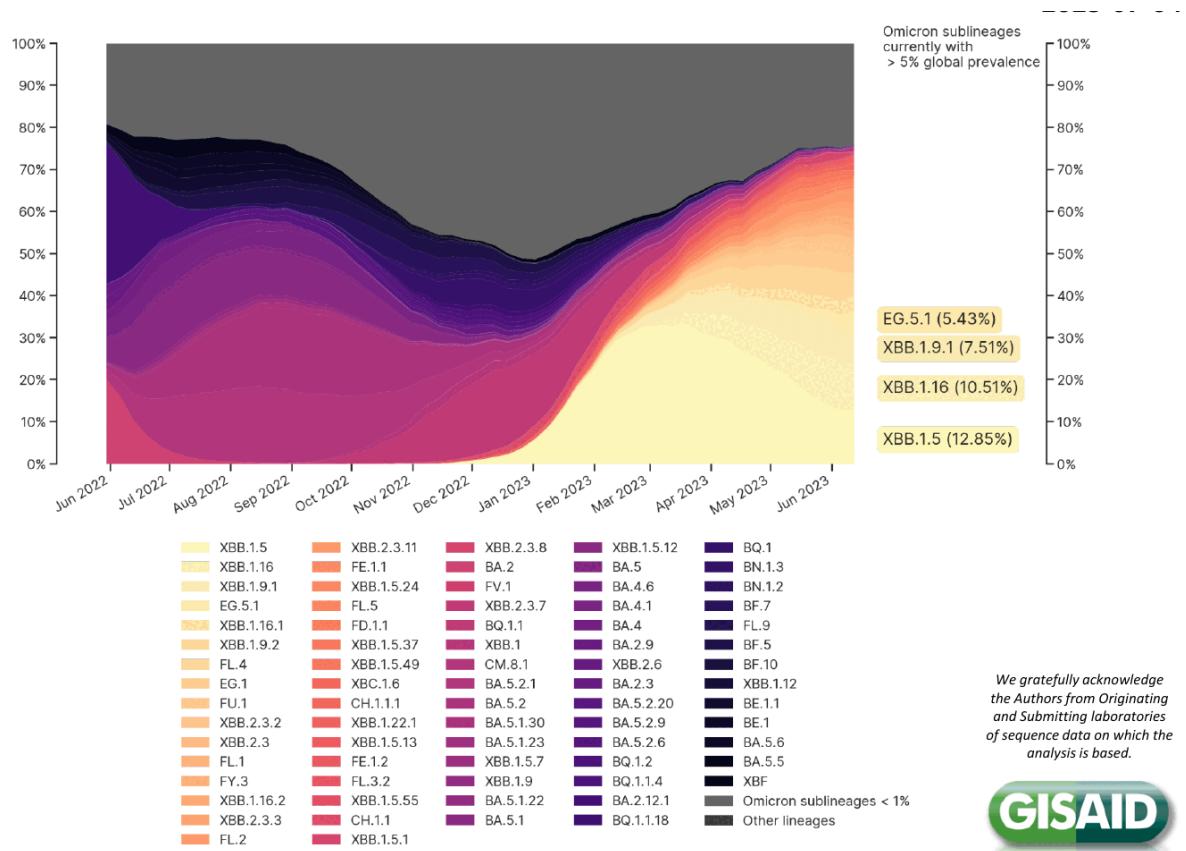
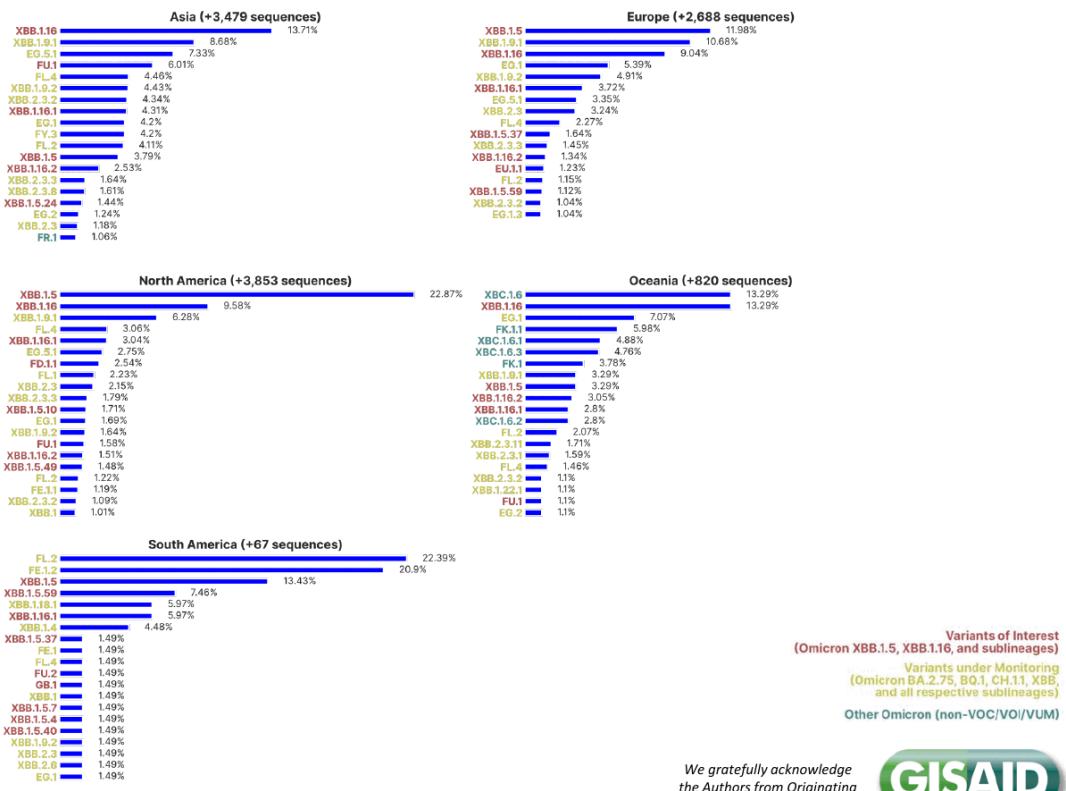


Рис. 1 Распространение субвариантов Omicron в мире (по состоянию на 04.07.2023 г.)

Генетическое разнообразие циркулирующих в регионах мира субвариантов Omicron за последние 4 недели показана на рисунке 2. В Северной Америке, как и в предыдущие 4 недели, доминируют субварианты XBB.1.5, XBB.1.16 и XBB.1.9.1, Европе – XBB.1.5 и XBB.1.9.1, в Южной Америке XBB.1.5 сменили субварианты FL.2 и FE.1.2. В странах Азии отмечена значительная распространенность геновариантов XBB.1.16 и XBB.1.9.1, в Тихоокеанском регионе – XBC.1.6 и XBB.1.16.



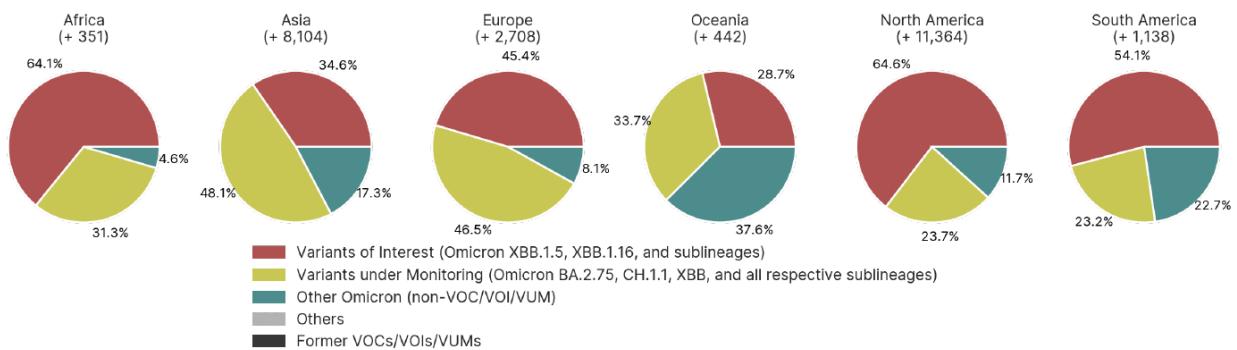
Only Omicron sublineages with prevalence > 1% in the last 4 weeks are shown here.
See <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/> for variant information and definitions.

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

GISAID
by BII/GIS, A*STAR Singapore

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

Не смотря на снижение в мире распространенности вариантов VOI, их доля остается высокой среди секвенированных геномов коронавирусов SARS-CoV-2, особенно в странах Северной Америки и Африки (64,1% и 64,6% соответственно). Рост распространенности вариантов VUM наблюдается в Тихоокеанском регионе, Северной Америке и Африке. В странах Азии и Европы увеличилась доля варианта не относящихся к VOI и VUM (в 4,27 раза и 1,97 раза соответственно) (рис. 3).



	Africa	Asia	Europe	Oceania	North America	South America
% Variants of Interest (Omicron XBB.1.5, XBB.1.16, and sublineages)	64.10	34.62	45.42	28.73	64.56	54.13
% Variants under Monitoring (Omicron BA.2.75, CH.1.1, XBB, XBF, and all respective sublineages)	31.34	48.09	46.53	33.71	23.73	23.20
% Other Omicron (non-VOC/VOI/VUM)	4.56	17.29	8.05	37.56	11.70	22.67
% Others	0	0	0	0	0	0
% Former VOCs/VOIs/VUMs	0	0	0	0	0	0

This slide shows NEW data in GISAID on 2023-07-04 submitted since last report 7 days ago
(new by submission date, not collection date)
See <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/> for variant information and definitions

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



by BII/GIS, A*STAR Singapore

Рисунок 3 Распространение субвариантов Omicron в регионах мира за неделю (с 28 июня по 4 июля 2023 г.)

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

По состоянию на 7 июля 2023 г. в базу данных GISAID EpiCoV последовательности, относящиеся к XBB.1.5, депонированы как минимум из 115 стран, его распространенность снижается стабильно. За последние 4 недели наибольшее распространение субвариант получил в Польше – 33% от всех секвенированных штаммов, Бразилии – 27%, Австрии – 23%, Нидерландах – 23%, Норвегии – 22%, Испании – 21%, Канаде – 21%.

Распространенность субварианта XBB.1.16 (Arcturus) в настоящее время увеличивается. Субвариант циркулирует в 91 стране, за последние 4 недели доминировал в Лаосе (71%), Тайване (67%), Брунее (57%), Камбодже (43%), Малайзии (36%), Таиланде (30%), Японии (20%), Южной Корее (21%), Великобритании (17%).

Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)

Среди VUM XBB, XBB.1.9.2 и XBB.2.3 сохранили тенденцию к росту распространенности в последние недели, другие VUM – снижающиеся или стабильные тенденции.

Субвариант XBB.1.9.1 (Hyperion) секвенирован лабораториями 98 стран. Наибольшее распространение XBB.1.9.1 за последние 4 недели отмечено в следую-

щих странах: Малайзия (33%), Бельгия (20%), Дания (20%), Лаос (20%), Бруней (19%), Австрия (15%), Нидерланды (15%).

Циркуляция XBB.1.9.2 зафиксирована в 82 странах. Распространенность в мире составила 12,7%, выше в Словении (17%), Германии (15%),

В базе данных GISAID геномы субварианта CH.1.1 (Orthrus) депонированы из 95 стран. Отмечена тенденция снижения распространенности CH.1.1 в мире (0,9%). Наибольшее распространение субварианта за последние 4 недели зафиксировано в Новой Зеландии, Норвегии, Финляндии, Дании, Австралии, Швеции (от 30% до 8%).

Геномные последовательности субварианта XBB.2.3 (Astrix) представлены из 63 стран, его обнаружение с среди секвенированных штаммов за последние 4 недели составило в мире 0,9%, в Бангладеш – 100%, Камбодже – 29%, Грузии – 29%, Сингапуре – 26%, Южной Корее – 14%.

Доля субварианта BA.2.75 в структуре VUM снижается и за последние 4 недели составляет в среднем 2,4%. Субвариант XBB циркулирует в 130 странах (распространенность 6,4%).

Информация по обновленным данным о депонированных геномах вируса SARS-COV-2 варианта **Omicron** (B.1.1.529+BA.*) в базе GISAID дана в таблице 1.

Таблица 1 – Количество депонированных геномов вариантов вируса SARS-CoV-2 Omicron (B.1.1.529+BA.*) в базе GISAID

Страна	Учреждение, проводившее секвенирование	Количество депонированных геномов Omicron (B.1.1.529)	В том числе количество геномов Omicron, депонированных за последние 4 недели (10.06. – 07.07.2023 г.)	Процент геномов, относящихся к варианту Omicron (B.1.1.529), депонированных за последние 4 недели
Австралия (стабилизация заболеваемости)	NSW Health Pathology – Institute of Clinical Pathology and Medical Research; Westmead Hospital; University of Sydney	159812	860	99,9
Австрия (стабилизация заболеваемости)	Berghthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	191044	499	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	54	0	0,0
Ангола (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing	169	0	0,0

ваемости)	Platform			
Андорра (стабилизация заболеваemости)	Instituto de Salud Carlos III	323	0	0,0
Антигуа и Барбуда (стабилизация заболеваemости)	Carrington Lab, Department of Preclinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies, St Augustine Campus	111	0	0,0
Аргентина (стабилизация заболеваemости)	Instituto Nacional Enfermedades Infecciosas C.G.Malbran	9068	0	0,0
Армения (стабилизация заболеваemости)	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 заболеваemости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	1030	0	0,0
Афганистан (стабилизация заболеваemости)	Central Public Health Lab	9	0	0,0
Багамские острова (стабилизация заболеваemости)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	97	0	0,0
Бангладеш (стабилизация заболеваemости)	Child Health Research Foundation	2095	13	100,0
Барбадос (стабилизация заболеваemости)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Building 36, First Floor Biochemistry Unit, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies	191	0	0,0
Бахрейн (стабилизация заболеваemости)	Communicable Disease Laboratory, Public Health Directorate	7092	0	0,0
Беларусь (стабилизация заболеваemости)	Laboratory for HIV and opportunistic infections diagnosis The Republican Research and Practical Center for Epidemiology and Microbiology(RRPCEM)	120	0	0,0
Белиз (стабилизация заболеваemости)	Texas Children's Microbiome Center	619	0	0,0
Бельгия (стабилизация забол-	KU Leuven, Rega Institute, Clinical and Epidemiolog-	94340	46	100,0

леваемости)	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	7419	0	0,0
Боливия (снижение заболеваемости)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	168	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	3407	0	0,0
Бразилия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Adolfo Lutz, Interdisciplinary Procedures Center, Strategic Laboratory	109861	114	100,0
Британские Виргинские Острова (стабилизация заболеваемости)	Caribbean Public Health Agency	46	0	0,0
Бруней (стабилизация заболеваемости)	National Public Health Laboratory, National Centre for Infectious Diseases(National Virology Reference Laboratory)	5884	21	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-	1454243	480	100,0

	nomics UK (COG-UK) consortium.			
Венгрия (стабилизация заболеваемости)	National Laboratory of Virology, Szentágothai Research Centre	469	0	0,0
Венесуэла (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio de Virología Molecular	707	0	0,0
Вьетнам (стабилизация заболеваемости)	National Influenza Center, National Institute of Hygiene and Epidemiology(NIHE)	6181	0	0,0
Габон (стабилизация заболеваемости)	Centre de recherches médicales de Lambaré-né(CERMEL)	2	0	0,0
Гаити (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire National de Santé Publique – LNSP(HAITI – LNSP)	382	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	2340	0	0,0
Гватемала (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	653	1	100,0
Гватемала (стабилизация заболеваемости)	Asociación de Salud Integral/Clínica Familiar Luis Ángel García	3524	104	100,0
Гвинея (стабилизация заболеваемости)	Centre de Recherche et de Formation en Infectiologie Guinée	500	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.	573651	20	100,0
Гибралтар (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Virus Unit, National Infection Service, Public Health England	122	0	0,0

Гондурас (стабилизация заболеваемости)	Genomics and Proteomics Departament, Gorgas Memorial Institute For Health Studies	69	0	0,0
Гонконг (снижение заболеваемости)	Hong Kong Department of Health	13426	68	100,0
Гренада	WINDREF/SGU Laboratory	6	0	0,0
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.	2205	14	100,0
Гуам (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	487	0	0,0
Дания (стабилизация заболеваемости)	Albertsen lab, Department of Chemistry and Bioscience, Aalborg University. Department of Virus and Microbiological Special Diagnostics, Statens Serum Institut.	356449	5	100,0
Доминика (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies, St Augustine Campus	10	0	0,0
Доминиканская Республика (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Viruses Branch, Centers for Disease Control and Prevention, USA	1720	200	100,0
ДР Конго (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Sequencing Lab, National Institute for Biomedical Research(INRB)	536	0	0,0
ДР Сент Томе и Принсипи (стабилизация заболеваемости)	LNR-TB	1	0	0,0
Египет (стабилизация заболеваемости)	Main Chemical Laboratories Egypt Army	1840	0	0,0
Замбия (стабилизация заболе-	University of Zambia, School of Veterinary Medicine	1220	0	0,0

ваемости)				
Зимбабве (стабилизация заболеваемости)	National Microbiology Reference Laboratory(Quadram Institute Bioscience)	316	0	0,0
Израиль (стабилизация заболеваемости)	Central Virology Laboratory, Israel Ministry of Health	115945	229	95,4
Индия (стабилизация заболеваемости)	Department of Neurovirology, National Institute of Mental Health and Neurosciences(NIMHANS).CSIR–Centre for Cellular and Molecular Biology	140913	0	0,0
Индонезия (стабилизация заболеваемости)	National Institute of Health Research and Development	38783	0	0,0
Иордания (стабилизация заболеваемости)	Andersen lab at Scripps Research, CA, USA	232	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	382	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	57567	83	100,0
Исландия (стабилизация заболеваемости)	Landspitali Department of Clinical Microbiology	10533	6	100,0
Испания (стабилизация заболеваемости)	Hospital Universitario 12 de Octubre	118827	393	100,0
Италия (стабилизация заболеваемости)	Army Medical Center, Scientific Department, Virology Laboratory	87547	185	100,0
Кабо–Верде (стабилизация заболеваемости)	Institut Pasteur de Dakar	675	0	0,0
Казахстан (стабилизация заболеваемости)	Reference laboratory for the control of viral infections	1685	0	0,0
Камбоджа (стабилизация заболеваемости)	Virology Unit, Institut Pasteur du Cambodge	1931	23	88,5

Камерун (стабилизация заболеваемости)	CREMER(Centre de Rechercherches sur les Maladies Emergentes et Ré-émergentes)	781	0	0,0
Канада (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de santé publique du Québec	294450	1610	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)	1526	0	0,0
Кения (стабилизация заболеваемости)	KEMRI-Wellcome Trust Research Programme/KEMRI-CGMR-C Kilifi	5252	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	41426	1324	100,0
Колумбия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Salud- Dirección de Investigación en Salud Pública	14114	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	899	0	0,0
Коста-Рика (стабилизация заболеваемости)	Inciensa, Instituto Costarricense de Investigación y Enseñanza en Nutrición y Salud	9071	40	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	666	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)	1199	2	100,0
Лаос (стабилизация заболевав-	LOMWRU/Microbiology Laboratory, Mahosot Hospi-	682	3	100,0

емости)	tal			
Латвия (стабилизация заболеваемости)	Latvian Biomedical Research and Study Centre	13883	0	0,0
Лесото (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Communicable Diseases of the National Health Laboratory Service	138	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	11135	0	0,0
Лихтенштейн (стабилизация заболеваемости)	Berghthaler 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	35582	0	0,0
Макао (стабилизация заболеваемости)	Centro de Sequenciamento Genômico	1	0	0,0
Маврикий (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	7068	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	373	0	0,0
Малайзия (стабилизация заболеваемости)	Institute for Medical Research, Infectious Disease Research Centre, National Institutes of Health, Ministry of Health Malaysia	30920	59	100,0
Малави (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform	283	0	0,0
Мали (стабилизация заболевав-	Northwestern University – Center for Pathogen Ge-	159	0	0,0

емости)	nomics and Microbial Evolution			
Мальдивы (стабилизация заболеваемости)	Indira Gandhi Memorial Hospital	333	0	0,0
Мальта (стабилизация заболеваемости)	Molecular Diagnostics Pathology Department Mater Dei Hospital Malta	163	0	0,0
Маршалловы острова (стабилизация заболеваемости)	State Laboratories Division, Hawaii State Department of Health	35	0	0,0
Марокко (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de Biotechnologie	1275	0	0,0
Мартиника (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	1443	0	0,0
Мексика (стабилизация заболеваемости)	Instituto de Diagnostic y Referencia Epidemiologicos (INDRE)	41658	12	100,0
Мозамбик (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform, South Africa	731	0	0,0
Молдавия (стабилизация заболеваемости)	ONCOGENE LLC	694	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 Communicable Disease (NCCD) National Influenza Center	917	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	102	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	1224	0	0,0

Нигер (стабилизация заболеваемости)	National Reference Laboratory, Nigeria Centre for Disease Control	123	0	0,0
Нигерия (стабилизация заболеваемости)	African Centre of Excellence for Genomics of Infectious Diseases(ACEGID), Redeemer's University	3141	0	0,0
Нидерланды (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	76000	44	100,0
Новая Зеландия (снижение заболеваемости)	Institute of Environmental Science and Research(ESR)	29882	325	100,0
Новая Каледония (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de Microbiologie Centre Hospitalier Territorial de Nouvelle-Calédonie	62	0	0,0
Норвегия (стабилизация заболеваемости)	Norwegian Institute of Public Health, Department of Virology	34937	9	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	412	0	0,0
Пакистан (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Public Health Laboratories Division	3184	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	73	0	0,0
Панама (стабилизация заболеваемости)	Gorgas memorial Institute For Health Studies	3158	21	100,0
Папуа Новая Гвинея (стабилизация заболеваемости)	Queensland Health Forensic and Scientific Services	924	0	0,0
Парaguay (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio Central de Salud Publica de Paraguay	2124	0	0,0
Перу (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio de Referencia Nacional de Biotecnología y Biología Molecular. Instituto Nacional de SaludPerú	34814	0	0,0
Польша (стабилизация заболеваемости)	genXone SA, Research & Development Laboratory	44745	11	100,0

Португалия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Saude(INSA)	22751	181	100,0
Пуэрто Рико (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	16031	19	100,0
Республика Вануату (стабилизация заболеваемости)	Microbiological Diagnostic Unit - Public Health Laboratory (MDU-PHL)	100	0	0,0
Республика Джибути (стабилизация заболеваемости)	Naval Medical Research Center Biological Defense Research Di-rectorate	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	210	0	0,0
Республика Мадагаскар (стабилизация заболеваемости)	Virology Unit, Institut Pasteur de Madagascar	57	0	0,0
Республика Никарагуа (стабилизация заболеваемости)	MSHS Pathogen Surveillance Program	335	0	0,0
Республика Сальвадор (стабилизация заболеваемости)	Genomics and Proteomics Departament, Gorgas Memorial Institute For Health Studies	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	11337	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 Surveil-	45678	23	100,0

	lance. State Research Center of Virology and Biotechnology VECTOR, Department of Collection of Micro-organisms.			
Руанда (стабилизация заболеваемости)	GIGA Medical Genomics	197	0	0,0
Румыния (стабилизация заболеваемости)	National Institute of Infectious Diseases–Prof. Dr. Matei Bals Molecular Diagnostics Laboratory	10862	6	100,0
Саудовская Аравия (стабилизация заболеваемости)	Infectious Diseases, King Faisal Hospital Research Center	1333	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
Сейшельы (стабилизация заболеваемости)	KEMRI– Wellcome Trust Research Programme, Kilifi	619	0	0,0
Сенегал (стабилизация заболеваемости)	IRESSEF GENOMICS LAB	1659	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	89	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	22	0	0,0
Сент–Люсия (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences	174	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	26518	807	100,0
Сен-Мартин (стабилизация	Institut Pasteur	301	0	0,0

заболеваемости)				
Синт–Мартен (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	868	0	0,0
Сирия (стабилизация заболеваемости)	CASE-2021-0266829	72	0	0,0
Словакия (стабилизация заболеваемости)	Faculty of Natural Sciences, Comenius University	26839	0	0,0
Словения (стабилизация заболеваемости)	Institute of Microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, University of Ljubljana	35753	7	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	144	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.	2430803	2238	100,0
Сьерра–Леоне (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Reference Laboratory	1	0	0,0
Таиланд (стабилизация заболеваемости)	COVID–19 Network Investigations(CONI) Alliance	28011	159	98,1
Тайвань (стабилизация заболеваемости)	Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision Medicine	3006	3	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)	443	0	0,0
Тринидад и Тобаго (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies	2633	0	0,0
Тунис (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de linique linique – Institut Pasteur de Tunis	608	0	0,0
Турция (стабилизация заболеваемости)	Ministry of Health Turkey	21373	0	0,0
Уганда (стабилизация заболеваемости)	MRC/UVRI & LSHTM Uganda Research Unit	673	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”	3036	9	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	14758	0	0,0
Финляндия (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Faculty of Medicine, University of Helsinki	22586	0	0,0
Франция (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	365646	370	100,0
Французская Гвиана (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	1644	4	100,0

Французская Полинезия (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	13	0	0,0
Хорватия (стабилизация заболеваемости)	Croatian Institute of Public Health	24203	0	0,0
ЦАР (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Sequencing Lab, National Institute for Bio-medical Research(INRB)	63	0	0,0
Черногория (стабилизация заболеваемости)	Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie	476	0	0,0
Чехия (стабилизация заболеваемости)	The National Institute of Public Health	33492	0	0,0
Чили (стабилизация заболеваемости)	Instituto de Salud Publica de Chile	25674	21	100,0
Швейцария (стабилизация заболеваемости)	Department of Biosystems Science and Engineering, ETH Zürich.	54401	38	100,0
Швеция (стабилизация заболеваемости)	The Public Health Agency of Sweden	110050	307	100,0
Шри-Ланка (стабилизация заболеваемости)	Centre for Dengue Research and AICBU, Department of Immunology and Molecular Medicine	1170	0	0,0
Эквадор (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Investigaciónen Salud Pública, INSPI	5820	120	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.	26055	0	0,0

Южная Корея (стабилизация заболеваемости)	Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency	123171	930	98,8
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	418214	415	99,3

Еженедельное эпидобновление ВОЗ № 150 от 06.07.2023
Варианты SARS-CoV-2, представляющие интерес, и варианты, находящиеся под наблюдением

Географическое распространение и распространенность

Во всем мире с 5 июня по 2 июля 2023 г. (28 дней) через GISAID было передано 13 018 последовательностей SARS-CoV-2. В настоящее время ВОЗ отслеживает два представляющих интерес варианта (VOI), XBB.1.5 и XBB.1.16, а также шесть отслеживаемых вариантов (VUM) и их потомков: BA.2.75, CH.1.1, XBB, XBB.1.9.1, XBB.1.9.2 и XBB.2.3.

В период с 15 мая по 11 июня 2023 г. (28 дней) 71 страна сообщила о последовательностях XBB.1.5, всего 115 стран по состоянию на 18 июня 2023 г. (рис. 4А, таблица 2). В течение того же 28-дневного периода 64 страны сообщили о последовательностях XBB.1.16, в результате чего общее количество стран составило 91 (рис. 4В, таблица 2). Распространенность XBB.1.5 снизилась, и его заменил XBB.1.16 как доминирующий вариант во всем мире. На 24-й эпидемиологической неделе (с 12 по 18 июня 2023 г.) на XBB.1.5 приходилось 16,3% последовательностей по сравнению с 30,1% на 20-й неделе (с 15 по 21 мая 2023 г.). За тот же отчетный период увеличилась распространенность XBB.1.16, составив 21,2% последовательностей на 24-й неделе по сравнению с 18,1% на 20-й неделе.

В таблице 3 показано количество стран, сообщающих об VOI и VUM с момента их появления, и их распространенность с 20-й по 24-ю неделю. Среди VUM XBB, XBB.1.9.2 и XBB.2.3 демонстрируют тенденцию к росту; другие VUM демонстрируют тенденцию к снижению. VOI и VUM, демонстрирующие тенденции к увеличению, выделены оранжевым цветом, а показатели с тенденциями к снижению — зеленым.

Тенденции вариантов SARS-CoV-2 по-прежнему различаются в разных регионах и странах ВОЗ. В некоторых странах в последнее время наблюдается рост числа случаев, обусловленный VOI и некоторыми VUM. В некоторых случаях увеличение числа случаев сопровождалось ростом числа госпитализаций и смертей, хотя они ниже по сравнению с предыдущими волнами. Наблюданная неоднородность в динамике циркуляции вариантов, а также более низкие показатели заболеваемости и смертности могут быть частично связаны с популяционным иммунитетом, возникшим в результате вакцинации и предшествующих инфекций SARS-CoV-2. В течение недель с 20 по 24 XBB.1.5 доминировал в Американском регионе (40% последовательностей), тогда как XBB.1.16 доминировал в Европейском регионе, Регионе Юго-Восточной Азии и Регионе Западной части Тихого океана (31%, 28 % и 17% процентов последовательностей соответственно). Африканский регион и Регион Восточного Средиземноморья в совокупности представили менее 20% последовательностей за отчетный период (рис. 5).

Глобальные тенденции количества и процента последовательностей SARS-CoV-2 показаны на Рисунке 6. В связи со снижением тенденций тестирования и секвенирования во всем мире низкие и нерепрезентативные уровни геномного эпид-

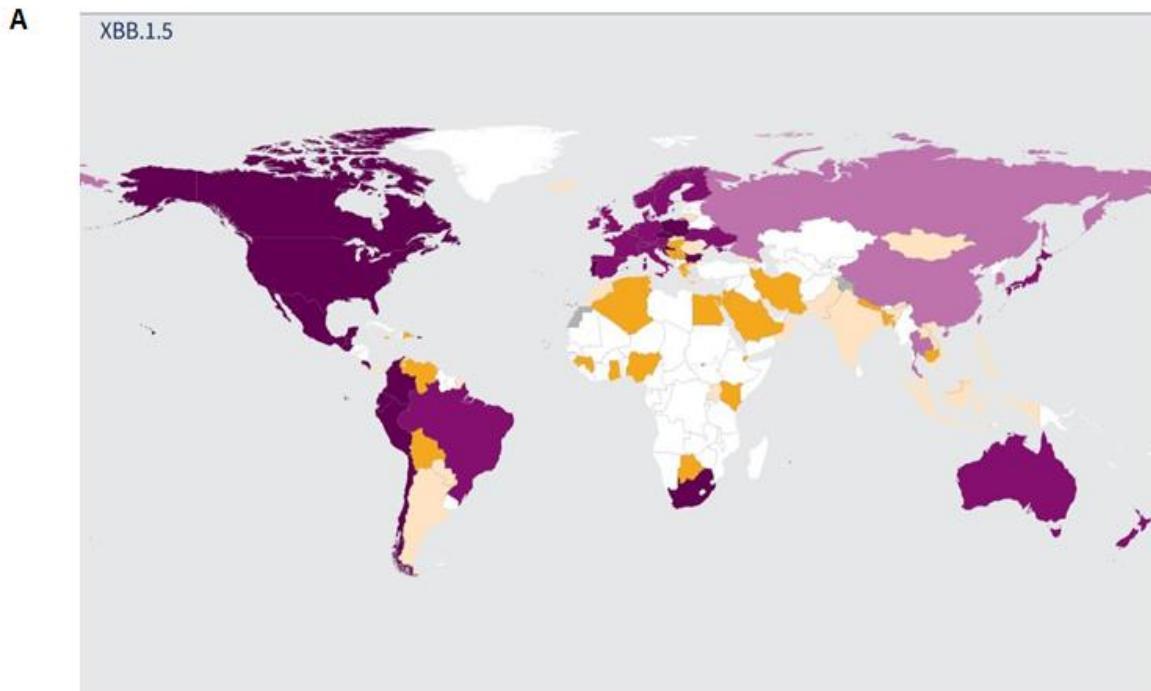
надзора за SARS-CoV-2 продолжают создавать проблемы при адекватной оценке распространенности вариантов SARS-CoV-2.

Таблица 2. Еженедельная распространность VOI и VUM SARS-CoV-2, эпидемиологическая неделя с 20 по 24 неделю 2023 г.

Линии	Страны [§]	Последовательности [§]	2023-20	2023-21	2023-22	2023-23	2023-24
XBB.1.5* (VOI)	115	250 410	30.14	26.66	22.56	21.12	16.26
XBB.1.16* (VOI)	91	31 367	18.12	18.59	20.53	21.70	21.18
BA.2.75*	124	121 110	2.91	2.64	2.71	2.27	2.33
CH.1.1*	95	42 312	1.12	0.89	0.88	0.83	0.78
XBB*	130	63 467	4.95	5.61	5.80	6.68	7.46
XBB.1.9.1*	98	43 728	18.24	18.20	18.37	18.00	16.04
XBB.1.9.2*	82	22 645	10.26	11.43	12.70	11.85	12.68
XBB.2.3*	63	6 522	3.47	4.10	4.26	3.93	4.25
Неназначенные*	92	149 333	0.97	1.29	1.88	2.73	6.36
Другие*	209	6 751 730	8.95	9.53	9.35	9.97	11.97

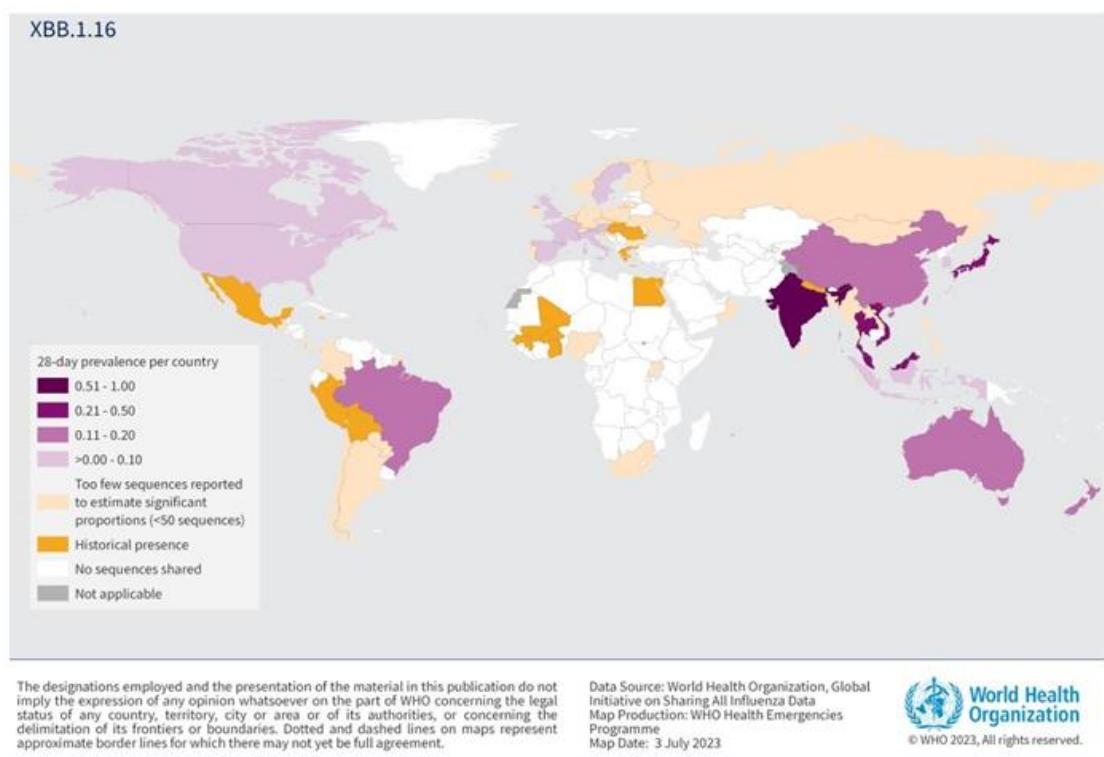
* Включает потомки, за исключением тех, которые указаны отдельно в других местах таблицы. Например, XBB* не включает XBB.1.5, XBB.1.9.1, XBB.1.9.2, XBB.1.16 и XBB.2.3. + Другие — это другие циркулирующие родословные, за исключением VOI, VUMs, BA.1*, BA.2*, BA.3*, BA.4*, BA.5*.§ Количество стран и последовательностей с момента появления вариантов

Рисунок 4. Глобальная 28-дневная распространность интересующих вариантов XBB.1.5 (A) и XBB.1.16 (B) с 15 мая по 11 июня 2023 г.*+



B

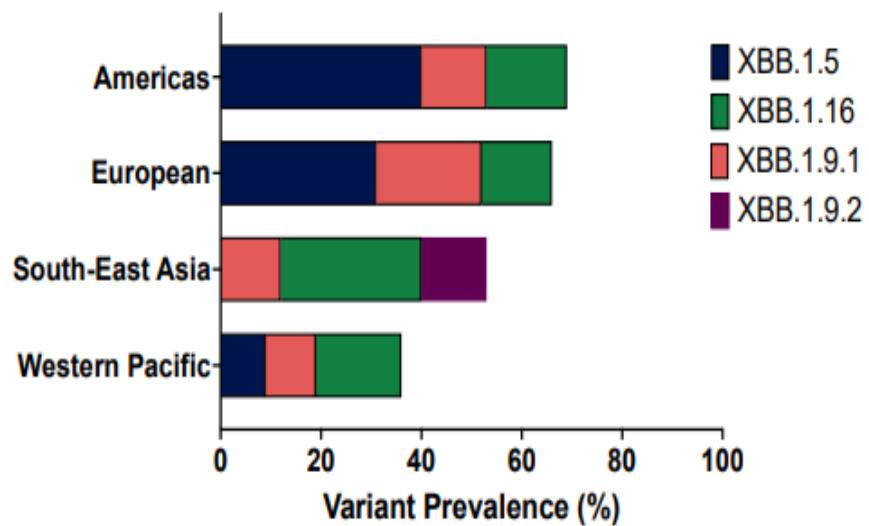
XBB.1.16



*Отчетный период для учета задержки подачи последовательности в GISAID.

+ Историческое присутствие указывает на страны, которые ранее сообщали о последовательностях XBB.1.5 и XBB.1.6, но не сообщали о них в период с 15 мая по 11 июня 2023 года.

Рисунок 5. Три основных варианта SARS-CoV-2 (включая не -VOI/VUM) по регионам ВОЗ, эпидемиологическая неделя с 20-й по 24-ю неделю 2023 г.*



*Африканский регион и Регион Восточного Средиземноморья в совокупности представили менее 20% последовательностей в рамках отчетного периода.

Рисунок 6. Количество и процент последовательностей SARS-CoV-2 с 1 января по 18 июня 2023 г.

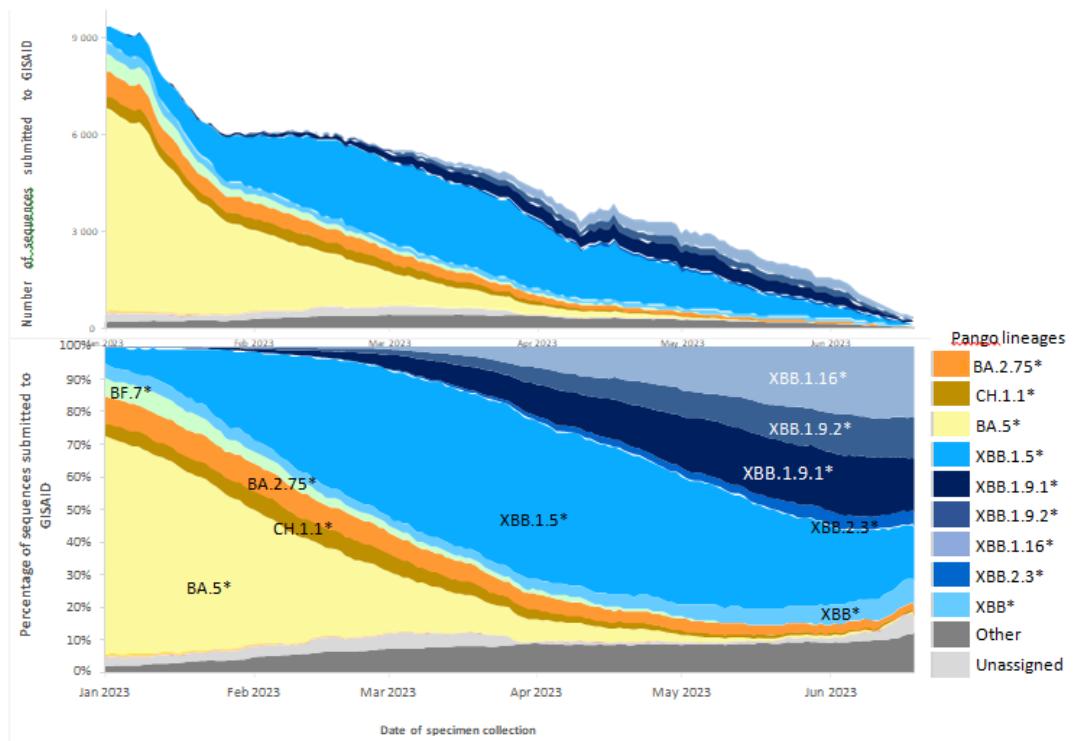


Рисунок 6. На панели А показано количество, а на панели В процент всех циркулирующих вариантов с января 2023 года. Показаны сестринские линии Omicron и дополнительные потомки Omicron VOC, находящиеся под дальнейшим мониторингом. BA.1*, BA.2*, BA.3*, BA.4* и BA.5* (* указывает на включение потомков) включают все BA.1, BA.2, BA.3, BA.4 и BA.5 объединил потомки, за исключением циркулирующих в настоящее время вариантов, показанных индивидуально. Категория «Неназначенные» включает родословные, ожидающие получения имени родословной PANGO, тогда как категория «Другие» включает родословные, которые назначены, но не перечислены в легенде. Источник: данные о последовательности SARS-CoV-2 и метаданные GISAID за период с 1 января 2023 г. по 18 июня 2023 г.

Публикации

1. Nat Commun. 2023 Jun 3;14(1):3235. doi: 10.1038/s41467-023-38867-x.
Sequential intrahost evolution and onward transmission of SARS-CoV-2 variants

Ana S Gonzalez-Reiche, Hala Alshammary, Sarah Schaefer, Gopi Patel, Jose Polanco, Juan Manuel Carreño, Angela A Amoako, Aria Rooker, Christian Cognigni, Daniel Floda, Adriana van de Guchte, Zain Khalil, Keith Farrugia, Nima Assad, Jian Zhang, Bremy Alburquerque; PARIS/PSP study group; Levy A Sominsky, Charles Gleason, Komal Srivastava, Robert Sebra, Juan David Ramirez, Radhika Banu, Paras Shrestha,

Florian Krammer, Alberto Paniz-Mondolfi, Emilia Mia Sordillo, Viviana Simon, Harm van Bake

Последовательная эволюция внутри хозяина и дальнейшая передача вариантов SARS-CoV-2

Аннотация

Сообщалось о стойких инфекциях, вызванных коронавирусом 2 тяжелого острого респираторного синдрома (SARS-CoV-2), у лиц с ослабленным иммунитетом и людей, проходящих иммуномодулирующее лечение. Хотя эволюция внутри хозяина была задокументирована, прямые доказательства последующей передачи и продолжающейся поэтапной адаптации отсутствуют. Здесь мы описываем последовательные персистирующие инфекции SARS-CoV-2 у трех человек, которые привели к возникновению, прямой передаче и продолжению эволюции новой подлинии Omicron, BA.1.23, в течение восьмимесячного периода. Первоначально переданный вариант BA.1.23 кодировал семь дополнительных аминокислотных замен в шиповидном белке (E96D, R346T, L455W, K458M, A484V, H681R, A688V) и демонстрировал значительную устойчивость к нейтрализации сывороткой из бустированного и/или Omicron BA.1 - инфицированные участники исследования. Последующая продолжающаяся репликация BA.1.23 привела к дополнительным заменам в белке шипа (S254F, N448S, F456L, M458K, F981L, S982L), а также в пяти других белках вируса. Наши результаты показывают не только то, что линия Omicron BA.1 может еще больше отличаться от своего уже исключительно мутированного генома, но также и то, что пациенты с персистирующими инфекциями могут передавать эти вирусные варианты. Таким образом, существует настоятельная необходимость в реализации стратегий по предотвращению длительной репликации SARS-CoV-2 и ограничению распространения новых, устойчивых к нейтрализации вариантов среди уязвимых пациентов.

2. 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

Xiaowen Hu, Yaojia Mu, Ruru Deng, Guohui Yi 3, Lei Yao 4, Jiaming Zhang

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

Аннотация

Глобальная пандемия COVID-19 длится уже 3 года с момента ее вспышки, однако ее происхождение до сих пор неизвестно. Здесь мы 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% мировых геномов. 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 раннее 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 дельта- и омикронных вариантов. 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 вирус не был объявлен 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 мы предлагаем два основных начала пандемии COVID-19, одно из которых было в основном вызвано гаплотипом DL в Китае, а другое было вызвано гаплотипом GL во всем мире.

3. Microbiol Spectr. 2023 Jun 15;11(3):e0345022. doi: 10.1128/spectrum.03450-22. Epub 2023 May 8.

Efficient SARS-CoV-2 Surveillance during the Pandemic-Endemic Transition Using PCR-Based Genotyping Assays

Lianne Koets, Karin van Leeuwen, Maaike Derlagen, Jalenka van Wijk, Nadia Keijzer, Jelena D M Feenstra, Manoj Gandhi, Oceane Sorel, Thijs J W van de Laar, Marco H G M Koppelman

Эффективный надзор за SARS-CoV-2 во время перехода от пандемии к эндемии с использованием методов генотипирования на основе ПЦР

Аннотация

Вызывающие озабоченность варианты (VOC) коронавируса тяжелого острого респираторного синдрома-2 (SARS-CoV-2) представляют повышенный риск для здоровья населения из-за более высокой трансмиссивности и/или ускользания от иммунитета. В этом исследовании мы оценили эффективность пользовательской панели мутаций TaqMan SARS-CoV-2, состоящей из 10 выбранных тестов генотипирования ПЦР в реальном времени (RT-PCR), по сравнению с полногеномным секвенированием (WGS) для идентификации 5 летучих органических соединений, циркулирующих в Нидерландах. Положительные на SARS-CoV-2 образцы ($N = 664$), собранные во время обычного ПЦР-скрининга ($15 \leq CT \leq 32$) в период с мая по июль 2021 г. и с декабря 2021 г. по январь 2022 г., были отобраны и проанализированы с использованием методов генотипирования ОТ-ПЦР. Происхождение

VOC определяли на основе обнаруженного профиля мутаций. Параллельно все образцы прошли WGS с исследовательской панелью Ion AmpliSeq SARS-CoV-2. Среди 664 положительных образцов SARS-CoV-2 анализы генотипирования ОТ-ПЦР классифицировали 31,2% как альфа ($N = 207$); 48,9% в виде дельты ($N = 325$); 19,4% в виде омикрон ($N = 129$), 0,3% в виде бета ($N = 2$) и 1 образец в виде нелетучих органических соединений. Результаты сопоставления были получены с использованием WGS в 100% образцов. Анализы генотипирования ОТ-ПЦР позволяют точно обнаруживать VOC SARS-CoV-2. Кроме того, они легко реализуемы, а затраты и время выполнения работ значительно сокращаются по сравнению с WGS. По этой причине можно включить более высокую долю положительных случаев SARS-CoV-2 в эпиднадзор за VOC, сохраняя при этом ценные ресурсы WGS для выявления новых вариантов. Таким образом, анализы генотипирования ОТ-ПЦР могут стать мощным методом для включения в эпиднадзор за SARS-CoV-2. **ВАЖНО!** Геном коронавируса тяжелого острого респираторного синдрома-2 (SARS-CoV-2) постоянно меняется. По оценкам, к настоящему времени существуют тысячи вариантов SARS-CoV-2. Некоторые из этих вариантов, вызывающие озабоченность (VOC), представляют повышенный риск для здоровья населения из-за более высокой трансмиссивности и/или ускользания от иммунитета. Наблюдение за патогенами помогает исследователям, эпидемиологам и представителям органов здравоохранения отслеживать эволюцию возбудителей инфекционных заболеваний, предупреждать о распространении патогенов и разрабатывать контрмеры, такие как вакцины. Метод, используемый для наблюдения за патогенами, называется анализом последовательности, который позволяет исследовать строительные блоки SARS-CoV-2. В этом исследовании представлен новый метод ПЦР, основанный на обнаружении специфических изменений этих строительных блоков. Этот метод позволяет быстро, точно и недорого определять различные летучие органические соединения SARS-CoV-2. Следовательно, это был бы мощный метод для включения в эпиднадзор за SARS-CoV-2.