

**Чумачкова Е.А., Краснов Я.М., Дмитриева Л.Н., Осина Н.А., Зимирова А.А., Иванова А.В., Карнаухов И.Г., Караваева Т.Б., Щербакова С.А., Кутырев В.В.**

**Распространение вариантов вируса SARS-COV-2, вызывающих интерес (VOI) и субвариантов Omicron, находящихся под наблюдением (VUM), на основе количества их геномов, депонированных в базу данных GISAID за неделю с 12.08.2023 г. по 18.08.2023 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 12.08.2023 г. по 18.08.2023 г.

По состоянию на 18 августа 2023 г. в соответствии с классификацией ВОЗ к вариантам вируса SARS-COV-2, вызывающих интерес (VOI), отнесены субварианты ХВВ.1.5, ХВВ.1.16 и EG.5 (добавлен 19.07.2023г., классифицирован как VOI 09.08.2023г.). В группу циркулирующих вариантов, находящихся под наблюдением (VUM) включены генетические линии: ВА.2.75, СН.1.1, ХВВ, ХВВ.1.9.1, ХВВ.1.9.2, ХВВ.2.3., ВА.2.86.

На сегодняшний день в базе данных GISAID всего представлено 15 882 849 геномов вируса SARS-COV-2 (за неделю депонировано 23 967 последовательностей). В мире странами – лидерами по количеству депонированных геномных последовательностей вируса SARS-CoV-2 остаются США – (4 861 435 геном – 30,6 % от всех размещенных в GISAID) и Великобритания (3 096 537 геномов – 19,5 %).

Всего в базу данных GISAID депонировано 8 406 767 геномов варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 11 772 геномные последовательности – 49,1 % от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 99,1 %). Российскими лабораториями размещены 78 353 геномные последовательности вируса SARS-COV-2, в том числе варианта Omicron – 46 211 геномов.

На сегодняшний день в базе данных GISAID зафиксировано депонирование варианта Omicron из 211 стран и территорий (на предыдущей неделе – 211): 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, Респблика Вануту, Румыния, Россия, Руанда, Сальвадор, Сен-Мартен, Синт-Мартен, Саудовская Аравия, Северная Македония, Северные Марианские острова, Сенегал, Союз Коморских Островов, Сьерра-Леоне, Словакия, Словения, Сингапур, Сирия, США, Сент-Китс и Невис, Сент-Винсент и Гренадины, Сент-Люсия, Синт-Мартен, Содружество Багамских Островов, Сомали, Судан, Таиланд, Тайвань, Танзания, Теркс и Кайкос, Того, Тринидад и Тобаго, Тунис, Турция, Уганда, Узбекистан, Украина, Уругвай, Финляндия, Франция, Французская Гвиана, Французская Полинезия, Филиппины, Хорватия, Черногория, Чехия, Чили, Чад, ЦАР, Швеция, Швейцария, Шри-Ланка, Эквадор, Эстония, Эсватини, Эфиопия, Экваториальная Гвинея, ЮАР, Южная Корея, Южный Судан, Япония, Ямайка.

За прошедшие 4 недели 47 стран (22,3 %) (за предыдущие – 43 страны (16,6 %)) дополнили данные о депонировании геномных последовательностей 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 EG.5.1 (19,74 %), ХВВ.1.16 (13,95 %) и ХВВ.1.5 (6,36 %).

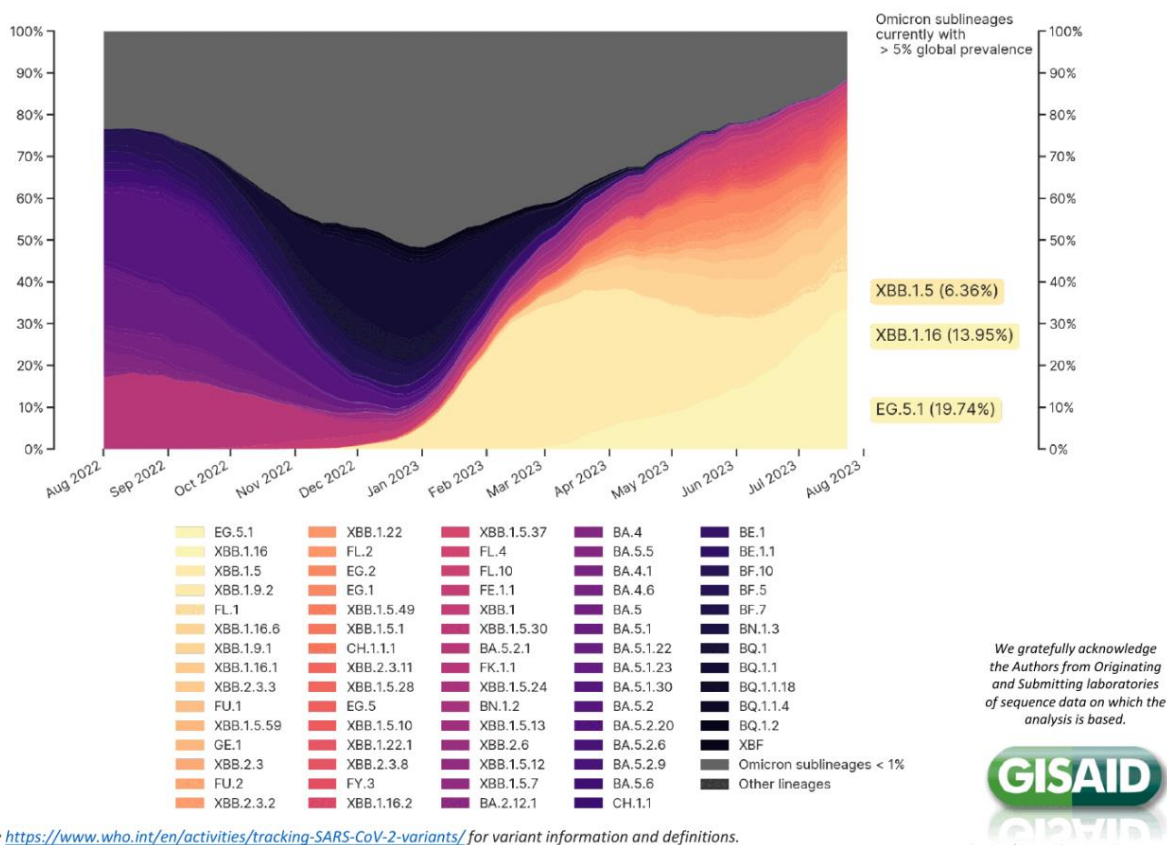


Рисунок 1. Распространение субвариантов Omicron в мире (по состоянию на 15.08.2023 г.)

Генетическое разнообразие циркулирующих в регионах мира субвариантов Omicron за последние 4 недели показано на рисунке 2. В Северной Америке, как и в предыдущие 4 недели, доминировали субварианты EG.5.1 (15,09 %) и XBB.1.16 (12,12 %), Европе – EG 5.1 (23,21 %) и XBB.1.16 (19,38), в странах Азии – EG.5.1 (25,45 %) и XBB.1.16 (14,53 %), в Тихоокеанском регионе – XBB.1.16 (19,39 %) и EG 5.1 (8,18 %), Южной Америке – XBB.1.5 (40,74 %), в Африке – исключительно XBB.1.16 (100 %).

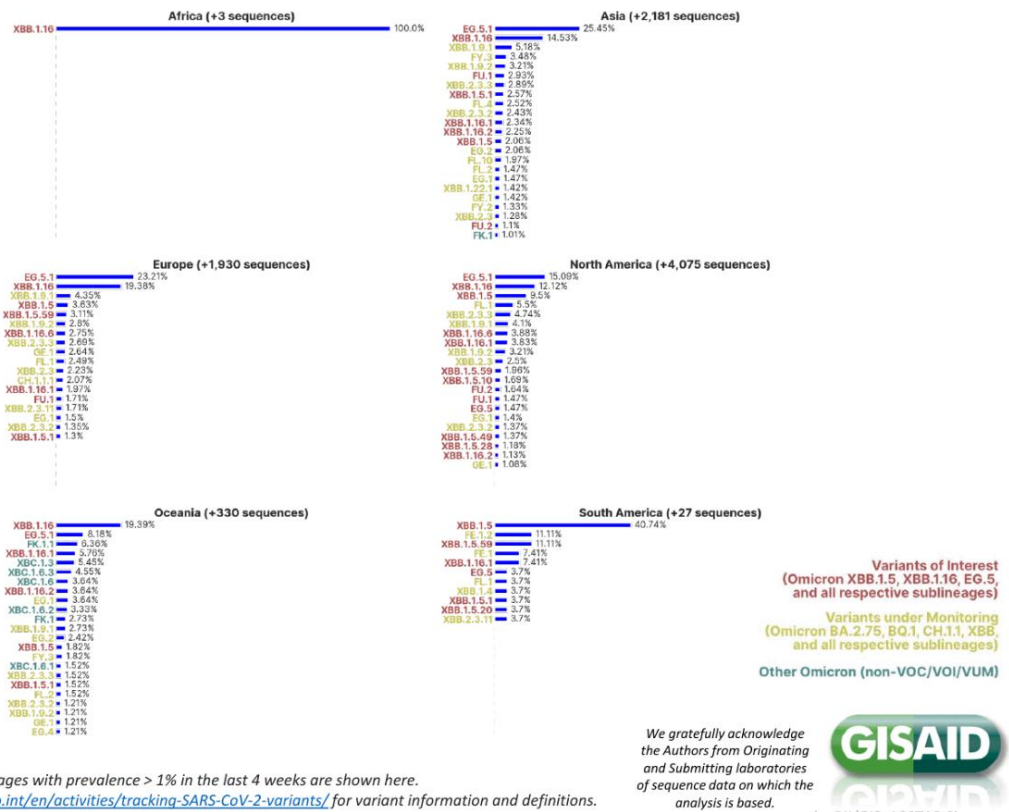


Рисунок 2. Распространение субвариантов Omicron в регионах мира за 4 недели (с 18 июля по 15 августа 2023 г.)

Несмотря на снижение в мире распространенности вариантов VOI, их доля остается преобладающей среди секвенированных за последние 4 недели геномов коронавируса SARS-CoV-2, во всех регионах, наибольшая наблюдается в странах Африки, Европы, Южной и Северной Америк (100,0 %, 64,6 %, 70,4 % и 63,4 соответственно). Доля субвариантов VUM снизилась во всех регионах, наибольшее количество циркулирует в Азии, Европе и Северной Америки (39,3 %, 34,0 % и 35,7 % соответственно) (рис. 3).

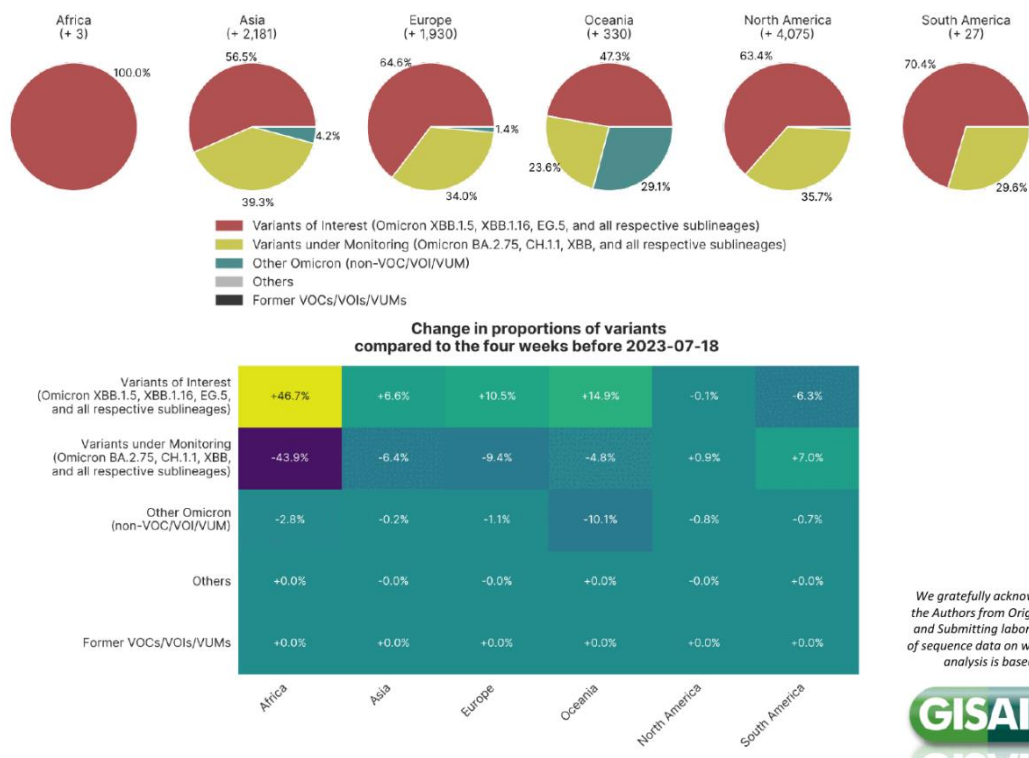


Рисунок 3. Распространение субвариантов Omicron в регионах мира, секвенированных с 18 июля по 15 августа 2023 г.

### **Варианты, вызывающие интерес (VOI)**

По состоянию на 9 августа 2023 г. в базу данных GISAID EpiCoV последовательности, относящиеся к XBB.1.5 (Kraken) депонированы из 120 стран, доля геноварианта составляет 2 % от всех депонированных. За последние 4 недели, как и на прошлой неделе, наибольшее распространение субвариант получил в Ирландии - 18 %, США – 21 %, Канаде – 19 %, Испании – 23 %.

Субвариант XBB.1.16 (Arcturus) депонирован из 88 стран. В общей структуре депонированных геновариантов составляет 1 %. За последние 4 недели субвариант преимущественно выделяли в Великобритании (45 %), Бельгия (41 %), Швеция (30 %), Ирландия (30 %), Австрия (30 %), США (25 %), Японии (26 %), Италии (24 %), Исландия (24 %).

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

Субвариант XBB.1.9 (Hurregion) секвенирован лабораториями 109 стран, доля геноварианта составляет 1 % от всех депонированных. Наибольшее распространение XBB.1.9 за последние 4 недели отмечено в следующих странах: Доминиканской Республике (71 %), Израиле (59 %), Китае (57 %), Франции (53 %), Дания (51 %), Канада (48 %), Италия (46 %), Исландия (44 %), Швеция (41 %).

На 07 августа количество стран, из которых представлены геномные последовательности субварианта XBB.2.3 (Asruх) увеличилось до 80 стран, доля выделения

субварианта в мире составляет менее 0,5 %. За последние 4 недели его обнаружили среди секвенированных штаммов в Сингапуре (27 %), Испании (14%), Великобритании (13 %), Израиле (13 %), США (13 %).

В базе данных GISAID геномы субварианта CH.1.1 (Orthrus) депонированы из 95 стран, его доля составила 1 % от всех геновариантов Omicron. В Ирландии, Австралии и Испании за последние 4 недели зафиксировано наибольшее распространение субварианта на уровне 9, 8 и 6 %% соответственно.

По состоянию на 10 августа 2023 года ECDC классифицировал все ХВВ.1.5-подобные линии с дополнительным изменением шиповидного белка F456L как представляющие интерес варианты SARS-CoV-2 (VOI). Основаниями для такой классификации являются: а) быстрое увеличение доли этой мутации в положительных образцах из стран Европы, б) небольшое увеличение эпидемиологических показателей внебольничной передачи, и в) мутация прогнозируется и подтверждается исследованием *in vitro*.

Субвариант EG.5.1, впервые обнаруженный в феврале 2023 г., в настоящее время по распространенности занимает первое место среди доминирующих вариантов в Азии, Северной Америке, Европе. Секвенирован лабораториями 41 страны. В базе данных GISAID депонировано 10 606 геномов субварианта, (на прошлой неделе – 8411 геномов), из которых более 56,6 % из стран Азии, в том числе Китай депонировал 3363 последовательности.

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 (22.07. – 18.08.2023 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	162215	309	92,2
Австрия (стабилизация заболеваемости)	Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	191239	5	62,5
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	574	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	120	1	100,0
Ангилья (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The Universi-	54	0	0,0

	ty of the West Indies			
Ангола (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform	169	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	130	0	0,0
Аргентина (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional Enfermedades Infecciosas C.G.Malbran	9445	12	92,3
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	9	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	2119	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	191	0	0,0
Бахрейн (стабилизация заболеваемости)	Communicable Disease Laboratory, Public Health Directorate	7092	0	0,0
Беларусь (стабилизация за-	Laboratory for HIV and opportunistic infections	120	0	0,0



болеваемости)	diagnosis The Republican Research and Practical Center for Epidemiology and Microbiology(RRPCEM)			
Белиз (стабилизация заболеваемости)	Texas Children's Microbiome Center	703	0	0,0
Бельгия (рост заболеваемости)	KU Leuven, Rega Institute, Clinical and Epidemiological Virology	94499	19	65,5
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	195	0	0,0
Бонэйр (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	1068	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	3413	0	0,0
Бразилия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Adolfo Lutz, Interdisciplinary Procedures Center, Strategic Laboratory	111241	11	91,7
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 Ref-	6033	22	88,0

	erence Laboratory)			
Бутан (стабилизация заболеваемости)	AFRIMS	92	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.	1 468 974	546	79,0
Венгрия (стабилизация заболеваемости)	National Laboratory of Virology, Szentágothai Research Centre	469	0	0,0
Венесуэла (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio de Virología Molecular	757	0	0,0
Вьетнам (стабилизация заболеваемости)	National Influenza Center, National Institute of Hygiene and Epidemiology(NIHE)	6278	0	0,0
Габон (стабилизация заболеваемости)	Centre de recherches médicales de Lambaréné(CERMEL)	2	0	0,0
Гаити (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire National de Santé Publique – LNSP(HAITI – LNSP)	425	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	2343	0	0,0
Гваделупа (стабилизация	National Reference Center for Viruses of Respira-	665	0	0,0

заболеваемости)	tory Infections, Institut Pasteur, Paris			
Гватемала (стабилизация заболеваемости)	Asociación de Salud Integral/Clínica Familiar Luis Ángel García	3687	42	89,4
Гвинея (стабилизация заболеваемости)	Centre de Recherche et de Formation en Infectiologie Guinée	514	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.	574268	27	56,2
Гибралтар (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Virus Unit, National Infection Service, Public Health England	122	0	0,0
Гондурас (стабилизация заболеваемости)	Genomics and Proteomics Department, Gorgas Memorial Institute For Health Studies	124	0	0,0
Гонконг (стабилизация заболеваемости)	Hong Kong Department of Health	13457	8	50,0
Гренада	WINDREF/SGU Laboratory	106	0	0,0
Греция (стабилизация заболеваемости)	Greek Genome Center, Biomedical Research Foundation of the Academy of Athens(BRFAA)	18943	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.	2249	2	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.	356739	50	62,5

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	1920	37	94,9
Демократическая Республика Конго (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Sequencing Lab, National Institute for Biomedical Research(INRB)	567	0	0,0
ДР Сент Томе и Принсипи (стабилизация заболеваемости)	LNR-TB	1	0	0,0
Египет (стабилизация заболеваемости)	Main Chemical Laboratories Egypt Army	1903	0	0,0
Замбия (стабилизация заболеваемости)	University of Zambia, School of Veterinary Medicine	1223	0	0,0
Зимбабве (стабилизация заболеваемости)	National Microbiology Reference Laboratory(Quadram Institute Bioscience)	316	0	0,0
Израиль (стабилизация заболеваемости)	Central Virology Laboratory, Israel Ministry of Health	116361	158	68,4
Индия (стабилизация заболеваемости)	Department of Neurovirology, National Institute of Mental Health and Neurosciences(NIMHANS).CSIR–Centre for Cellular and Molecular Biology	141459	17	100,0
Индонезия (стабилизация заболеваемости)	National Institute of Health Research and Development	39373	0	0,0
Иордания (стабилизация заболеваемости)	Andersen lab at Scripps Research, CA, USA	232	0	0,0
Ирак (стабилизация заболе-	Biology, College of Education Department of Vi-	382	0	0,0

ваемости)	rology, Faculty of Medicine, University of Helsinki, Helsinki, Finland generated and submitted to GISAID			
Иран (стабилизация заболеваемости)	National Reference Laboratory for COVID-19, Pasteur Institute of Iran	2649	0	0,0
Ирландия (стабилизация заболеваемости)	National Virus Reference Laboratory	57864	148	70,1
Исландия (стабилизация заболеваемости)	Landspítali Department of Clinical Microbiology	10634	46	75,4
Испания (стабилизация заболеваемости)	Hospital Universitario 12 de Octubre	121940	334	78,4
Италия (стабилизация заболеваемости)	Army Medical Center, Scientific Department, Virology Laboratory	88114	73	80,2
Кабо-Верде (стабилизация заболеваемости)	Institut Pasteur de Dakar	718	1	100,0
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	0	0,0
Камерун (стабилизация заболеваемости)	CREMER(Centre de Recherches sur les Maladies Emergentes et Ré-émergentes)	1306	0	0,0
Канада (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de santé publique du Québec	297311	816	75,3
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	5457	0	0,0
Кипр (стабилизация заболе-	Department of Molecular Virology, Cyprus Insti-	465	0	0,0

ваемости)	tute of Neurology and Genetics			
Китай (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Viral Disease Control and Prevention	48546	310	50,7
Колумбия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Salud– Dirección de Investigación en Salud Pública	14668	1	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	901	0	0,0
Коста–Рика (стабилизация заболеваемости)	Inciensa, Instituto Costarricense de Investigación y Enseñanza en Nutrición y Salud	9276	0	0,0
Кот Д'Ивуар (стабилизация заболеваемости)	Molecular diagnostic unit for viral haemorrhagic fevers and emerging viruses, Bouaké CHU Laboratory	234	0	0,0
Куба (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Infections Laboratory	526	0	0,0
Кувейт (стабилизация заболеваемости)	Virology Unit, Department of Microbiology, Faculty of Medicine, Kuwait	893	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)	1214	0	0,0
Лаос (стабилизация заболеваемости)	LOMWRU/Microbiology Laboratory, Mahosot Hospital	781	2	100,0
Латвия (стабилизация заболеваемости)	Latvian Biomedical Research and Study Centre	13883	0	0,0
Лесото (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Communicable Diseases of the National Health Laboratory Service	138	0	0,0
Либерия (стабилизация за-	Center for Infection and Immunity, Columbia	33	0	0,0

болеваемости)	University			
Ливан (стабилизация заболеваемости)	Laboratory of Molecular Biology and Cancer Immunology, Lebanese University Public Health England	653	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	11163	0	0,0
Лихтенштейн (стабилизация заболеваемости)	Berghaler 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	35765	2	50,0
Макао (стабилизация заболеваемости)	Centro de Sequenciamento Genômico	1	0	0,0
Маврикий (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	7375	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
Мадагаскар (стабилизация заболеваемости)	Virology Unit, Institut Pasteur de Madagascar	57	0	0,0
Малайзия (стабилизация заболеваемости)	Institute for Medical Research, Infectious Disease Research Centre, National Institutes of Health, Ministry of Health Malaysia	31761	20	90,9
Малави (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform	283	0	0,0
Мали (стабилизация забо-	Northwestern University – Center for Patho-	159	0	0,0

леваемости)	gen Genomics 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	1289	1	100,0
Мартиника (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	1452	0	0,0
Мексика (стабилизация заболеваемости)	Instituto de Diagnostico y Referencia Epidemiologicos (INDRE)	41898	11	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 Communication 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	128	0	0,0
Намибия (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Communicable Diseases of the National Health Laboratory Service	806	0	0,0
Непал (стабилизация забо-	Molecular and Genomics Research Lab, Dhulikhel	1260	0	0,0



леваемости)	Hospital, Kathmandu University Hospital School of Public Health, The University of Hong Kong			
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	3152	0	0,0
Нидерланды (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	76214	33	76,7
Новая Зеландия (стабилизация заболеваемости)	Institute of Environmental Science and Research(ESR)	30629	0	0,0
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	34965	0	0,0
ОАЭ (стабилизация заболеваемости)	Wellcome Sanger Institute for the COVID-19 Genomics UK(COG-UK) Consortium	734	0	0,0
Оман (стабилизация заболеваемости)	Oman-National Influenza Center	423	0	0,0
Пакистан (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Public Health Laboratories Division	3270	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	3226	5	83,3
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	2124	0	0,0
Перу (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio de Referencia Nacional de Biotecnología y Biología Molecular. Instituto Nacional de Salud Perú	35187	1	100,0
Польша (стабилизация заболеваемости)	genXone SA, Research & Development Laboratory	44755	0	0,0
Португалия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Saude(INSA)	22807	0	0,0
Пуэрто Рико (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	17066	55	94,8
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	210	0	0,0
Республика Мадагаскар (стабилизация заболеваемости)	Virology Unit, Institut Pasteur de Madagascar	57	0	0,0
Республика Никарагуа (стабилизация заболеваемости)	MSSH Pathogen Surveillance Program, CNDR, Departamento de Virología	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	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 Surveillance. State Research Center of Virology and Biotechnology VECTOR, Department of Collection of Microorganisms.	46167	2	100,0
Руанда (стабилизация заболеваемости)	GIGA Medical Genomics	197	0	0,0
Румыния (стабилизация заболеваемости)	National Institute of Infectious Diseases–Prof. Dr. Matei Bals Molecular Diagnostics Laboratory	10975	0	0,0
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	2089	0	0,0
Сейшелы (стабилизация за-	KEMRI– Wellcome Trust Research Programme,	619	0	0,0

болеваемости)	Kilifi			
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	186	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	27132	177	78,7
Сен-Мартин (стабилизация заболеваемости)	Institut Pasteur	301	0	0,0
Синт-Мартен (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	880	2	100,0
Сирия (стабилизация заболеваемости)	CASE-2021-0266829	72	0	0,0
Словакия (стабилизация заболеваемости)	Faculty of Natural Sciences, Comenius University	27302	0	0,0
Словения (стабилизация заболеваемости)	Institute of Microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, University of Ljubljana	35880	3	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	11	0	0,0

Судан (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Communicable Diseases of the National Health Laboratory Service	208	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.	2456342	3598	84,7
Сьерра-Леоне (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Reference Laboratory	1	0	0,0
Таиланд (стабилизация заболеваемости)	COVID-19 Network Investigations(CONI) Alliance	28416	7	100,0
Тайвань (стабилизация заболеваемости)	Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision Medicine	3278	7	87,5
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)	455	0	0,0
Тринидад и Тобаго (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies	2647	0	0,0

Тунис (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de linique linique – Institut Pasteur de Tunis	610	0	0,0
Турция (стабилизация заболеваемости)	Ministry of Health Turkey	21376	0	0,0
Уганда (стабилизация заболеваемости)	MRC/UVRI & LSHTM Uganda Research Unit	804	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”	3388	0	0,0
Узбекистан (стабилизация заболеваемости)	Center for Advanced Technologies	40	0	0,0
Уругвай (стабилизация заболеваемости)	Departamento Laboratorios de Salud Pública (DLSP) Ministerio de Salud Pública	228	0	0,0
Федеративные штаты Микронезии (стабилизация заболеваемости)	Pohnpei State Hospital, State Laboratories Division, Hawaii State Department of Health	85	0	0,0
Филиппины (стабилизация заболеваемости)	Philippine Genome Center	14862	8	100,0
Финляндия (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Faculty of Medicine, University of Helsinki	23161	26	81,2
Франция (снижение заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	366942	134	66,0
Французская Гвиана (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	1644	0	0,0
Французская Полинезия (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	13	0	0,0
Хорватия (стабилизация за-	Croatian Institute of Public Health	24202	0	0,0

болеваемости)				
ЦАР (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Sequencing Lab, National Institute for Biomedical Research(INRB)	72	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 (снижение заболеваемости)	Instituto de Salud Publica de Chile	25780	0	0,0
Швейцария (стабилизация заболеваемости)	Department of Biosystems Science and Engineering, ETH Zürich.	54457	0	0,0
Швеция (стабилизация заболеваемости)	The Public Health Agency of Sweden	114021	132	80,5
Шри-Ланка (стабилизация заболеваемости)	Centre for Dengue Research and AICBU, Department of Immunology and Molecular Medicine	1171	0	0,0
Эквадор (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Investigaciones Salud Pública, INSPI	6057	9	90,0
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 забо-	KRISP, KZN Research Innovation and Sequenc-	26392	0	0,0

леваемости)	ing Platform.			
Южная Корея (стабилизация заболеваемости)	Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency	130173	156	82,5
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	3214	0	0,0
Япония (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Genomics Center, National Institute of Infectious Diseases	427738	990	80,4



## Еженедельное эпидобновление ВОЗ № 156 от 17.08.2023

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

#### Географическое распространение и распространенность

Во всем мире с 17 июля по 13 августа 2023 года (28 дней) в GISAID было передано 9052 последовательностей SARS-CoV-2.

В настоящее время ВОЗ отслеживает несколько вариантов SARS-CoV-2, в том числе:

- три варианта, представляющих интерес (VOI): XBB.1.16, XBB.1.5 и EG.5;
- шесть вариантов под мониторингом (VUM) и их подлинии: BA.2.75, BA.2.86, CH.1.1, XBB, XBB.1.9.1, XBB.1.9.2 и XBB.2.3.

17 августа 2023 года ВОЗ определила новый вариант SARS-CoV-2, которому было присвоено научное название (обозначение линии Pango) BA.2.86 как VUM из-за большого количества (> 30) мутаций, которые он несет в гене S. В настоящее время известно только о четырех последовательностях этого подварианта из двух стран Европейского региона и одной страны Американского региона, при этом известных эпидемиологических взаимосвязей нет. Потенциальное влияние мутаций у подварианта BA.2.86 в настоящее время неизвестно и они подвергаются тщательной оценке (таблица 3). ВОЗ продолжает призывать к улучшению эпиднадзора, секвенирования и отчетности по COVID-19, поскольку этот вирус продолжает циркулировать и эволюционировать.

В глобальном масштабе XBB.1.16 и EG.5 остаются наиболее распространенными VOI, зарегистрированными в общей сложности в 101 стране и 50 странах, соответственно. На XBB.1.16 и EG.5 приходилось по 21,1% последовательностей на 30-й эпидемиологической неделе (с 24 по 30 июля 2023 г.). При этом отмечено двукратное увеличение EG.5 по сравнению с 10,2% на 26-й эпидемиологической неделе (26 июня–2 июля 2023 г.).

XBB.1.5, вариант, о котором сообщили в общей сложности 121 страна мира, продолжает демонстрировать тенденцию к снижению. На XBB.1.5 приходилось 11,0% последовательностей на 30-й неделе по сравнению с 14,5% на 26-й неделе.

В таблице 3 показано количество стран, сообщивших об VOI и VUM, а также их распространенность с 25-й по 29-ю неделю. VOI и VUM, показавшие тенденцию к росту, выделены оранжевым цветом, те, которые остались стабильными, выделены синим цветом, а те, у которых тенденция к снижению, выделены зеленым цветом.

Среди VUM XBB.1.9.2 показал тенденцию к снижению распространенности с 7,1% на 26-й неделе до 5,2% на 30-й неделе; в то время как другие VUM показали стабильные тенденции в течение того же отчетного периода (таблица 3).

Таблица 3. Еженедельная распространенность (%) VOI и VUM SARS-CoV-2, с 26 по 30 неделю 2023 г.

Линия	Страны <sup>§</sup>	Последовательность <sup>§</sup>	2023-26	2023-27	2023-28	2023-29	2023-30
<b>VOIs</b>							
ХВВ.1.5*	121	265053	14.5	13.8	12.0	13.2	11.6
ХВВ.1.16*	101	46752	22.1	21.7	22.8	21.7	18.4
EG.5	50	7988	10.2	10.5	12.2	14.6	17.4
<b>VUMs</b>							
ВА.2.75*	125	123 414	2.7	2.8	2.5	2.5	1.8
ВА.2.86	3	4					
СН.1.1*	96	42 886	0.5	0.6	0.5	0.7	0.5
ХВВ*	130	68382	6.0	6.6	6.5	6.9	5.4
ХВВ.1.9.1*	102	55183	15.3	13.5	12.5	11.6	14.7
ХВВ.1.9.2*	86	25989	7.1	7.6	7.2	5.8	5.2
ХВВ.2.3*	70	9437	4.3	4.6	4.7	5.1	4.7
Незначенные	94	152253	6.0	4.8	4.0	3.1	2.8
Другие <sup>+</sup>	209	6 768445	10.8	11.2	11.3	10.6	10.9

§ Количество стран и последовательностей с момента появления вариантов

\* Включает потомки, за исключением тех, которые указаны отдельно в других местах таблицы. Например, ХВВ\* не включает ХВВ.1.5, ХВВ.1.16, EG.5, ХВВ.1.9.1, ХВВ.1.9.2 и ХВВ.2.3.

+ «Другие» представляет другие циркулирующие родословные, за исключением VOI, VUMs, ВА.1\*, ВА.2\*, ВА.3\*, ВА.4\*, ВА.5\*. Из-за задержек или ретроспективного отнесения вариантов к подгруппе следует соблюдать осторожность при интерпретации распространенности категории «Другие».

Распространенность ВА.2.86 не может быть подсчитана ввиду малого количества последовательностей на данный момент.

## Публикации:

Drug Resist Updat. 2023 Jul 31;71:100991.

doi: 10.1016/j.drug.2023.100991. Online ahead of print.

### **Analysis of SARS-CoV-2 mutations associated with resistance to therapeutic monoclonal antibodies that emerge after treatment**

**Анализ мутаций SARS-CoV-2, связанных с резистентностью к терапевтическим моноклональным антителам, возникающим после лечения**

Daniele Focosi, Scott McConnell, David J Sullivan, Arturo Casadevall

Представлены результаты систематического обзора медицинской литературы о случаях ускользания от иммунного ответа, возникающего при лечении моноклональными антителами против Spike (mAb), которое определяется как появление мутации, вызывающей резистентность, по крайней мере, в 20% последовательностей генома вируса у данного хозяина в данный момент времени. Авторы обнаружили 32 публикации с подробным описанием 216 случаев, которые включали различные VOC, и обнаружили, что частота возникновения резистентности к лечению колебалась от 10% до 50%. Большинство случаев резистентности, возникшей на фоне лечения, возникали у пациентов с ослабленным иммунитетом. Интересно, что резистентность также возникала к коктейлям из двух mAb, хотя и с более низкой частотой. Гетерогенное лечение этих больных не позволяет сделать вывод о клиническом исходе у пациентов с резистентностью, возникшей после лечения. Кроме того, отмечена временная корреляция между введением терапии mAb и последующим увеличением последовательностей SARS-CoV-2 по всему миру, несущих мутации, придающие устойчивость к этому mAb, что вызывает опасения относительно того, возникли ли они у лиц, получавших mAb. Эти результаты подтверждают, что возникающее при лечении иммунное ускользание к mAb против Spike представляет собой частое и тревожное явление, вероятно связанное с использованием mAb у лиц с подавленным иммунитетом.

Virus Evol. 2023 Jun 29;9(2):vead040.

doi: 10.1093/ve/vead040. eCollection 2023.

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

**Эволюционные изменения количества диссоциируемых аминокислот на шиповидных белках и нуклеопротеинах у вариантов SARS-CoV-2**

Anže Božič, Rudolf Podgornik

Недавние исследования показали, что с появлением новых линий SARS-CoV-2 положительный заряд шиповидного белка увеличивается, при этом некоторые положительно заряженные аминокислоты (AA) улучшают его связывание с клеточными рецепторами. Авторы провели подробный анализ диссоциирующих AA более чем у 1400 различных линий SARS-CoV-2, который подтверждает эти наблюдения и дает основание предполагать, что эта прогрессия достигла плато у варианта Omicron и его подвариантов и что положительный заряд больше не увеличивается. Анализ белка нуклеокапсида не показывает аналогичного увеличения положительного заряда с появлением новых подвариантов, что также указывает на то, что положительный заряд шиповидного белка подвергается эволюционному от-

бору. Кроме того, сравнение с шиповидными белками известных коронавирусов показывает, что уже шиповидный белок SARS-CoV-2 дикого типа несет необычно большое количество положительно заряженных аминокислот по сравнению с большинством других бета-коронавирусов. Это исследование проливает свет на эволюционные изменения количества диссоциируемых аминокислот в шиповидном белке SARS-CoV-2, дополняя существующие данные и способствуя лучшему пониманию взаимосвязи между зарядом шиповидного белка и инфекционностью и трансмиссивностью вируса.

Front Microbiol. 2023 Jul 25;14:1228128.

doi: 10.3389/fmicb.2023.1228128. eCollection 2023.

**The effects of amino acid substitution of spike protein and genomic recombination on the evolution of SARS-CoV-2**

**Влияние аминокислотной замены шиповидного белка и геномной рекомбинации на эволюцию SARS-CoV-2**

Letian Fang, Jie Xu, Yue Zhao, Junyan Fan, Jiaying Shen, Wenbin Liu, Guangwen Cao

Обзор. За три года пандемии COVID-19 последовательно возникли многочисленные варианты и подварианты, которые превзошли более ранние варианты и стали преобладающими. Последовательное возникновение вариантов отражает эволюционный процесс мутации-селекции-адаптации вируса SARS-CoV-2. Аминокислотные замены/вставки/делеции в белке шипа вызывает изменение антигенности, трансмиссивности и патогенности SARS-CoV-2. В начале пандемии мутация D614G наделяла вирус преимуществами по сравнению с предыдущими вариантами и повышенной трансмиссивностью, а также закладывала консервативный фон для последующих существенных мутаций. Роль геномной рекомбинации в эволюции SARS-CoV-2 вызвала растущую озабоченность в связи с появлением новых рекомбинантов, таких как Deltacron, XBB.1.5, XBB.1.9.1 и XBB.1.16, на поздней стадии пандемии. Ко-циркуляция различных вариантов и ко-инфекция у пациентов с ослабленным иммунитетом ускоряют появление рекомбинантов. Наблюдение за геномными вариациями SARS-CoV-2, в частности, за мутациями и рекомбинациями шиповидных белков, имеет важное значение для выявления текущих изменений в вирусном геноме и антигенных эпитопах.

J Virol. 2023 Aug 14;e0082223.

doi: 10.1128/jvi.00822-23. Online ahead of print.

**Structural evolution of SARS-CoV-2 omicron in human receptor recognition**

**Структурная эволюция омикрон SARS-CoV-2 в распознавании рецепторами человека**

Wei Zhang, Ke Shi, Qibin Geng и др.

Внезапное появление и продолжающаяся эволюция варианта SARS-CoV-2 omicron оставили без ответа многие загадки, такие как происхождение ранних подвариантов omicron и факторы, определяющие их эволюцию. В этом исследовании авторы определили кристаллические структуры рецептор-связывающих доменов (RBD) из циркулирующих в настоящее время подвариантов omicron XBB.1 и XBB.1.5 (XBB.1.9.1). Результаты показали, что аминокислоты в позиции 493 и 496

гена S, которые демонстрировали хорошую адаптацию к ACE2 в вариантах до омикрона, эволюционировали к плохой адаптации в ранних подвариантах омикрон (но с хорошей адаптацией к мышинному ACE2), а затем вернулись к хорошей адаптации в недавних подвариантах омикрон. Кроме того, аминокислота 486, которая демонстрировала хорошую адаптацию к человеческому ACE2 у ранних подвариантов омикрон, эволюционировал до плохой адаптации у более поздних подвариантов, а затем вернулся к хорошей адаптации в последних подвариантах омикрон. Глубокий структурный анализ проливает свет на то, как специфические мутации RBD адаптируются к человеческому или мышинному ACE2, и дает основание предполагать, что животные и отклонение от иммунитета могли повлиять на эволюцию омикрон на разных стадиях пандемии. Эти результаты дают ценную информацию о механизмах, лежащих в основе эволюции омикрон, углубляют наше понимание пандемии COVID-19 и имеют важное значение для предотвращения будущих пандемий коронавируса.

EBioMedicine. 2023 Aug 12;95:104753.

doi: 10.1016/j.ebiom.2023.104753. Online ahead of print.

### **The viral fitness and intrinsic pathogenicity of dominant SARS-CoV-2 Omicron sublineages BA.1, BA.2, and BA.5**

#### **Вирусная приспособленность и внутренняя патогенность доминирующих сублиний SARS-CoV-2 Omicron BA.1, BA.2 и BA.5**

Huiping Shuai, Jasper Fuk-Woo Chan, Bingjie Hu и др.

Среди новых подлиний Omicron BA.1, BA.2, BA.5 и родственные им подлинии привели к наибольшему количеству случаев заражения. Хотя недавние исследования показали, что все сублинии Омикрон надежно избегают реакции нейтрализующих антител, остается неясным, имеют ли они какой-либо общий образец эволюционной траектории в отношении эффективности репликации и внутренней патогенности в дыхательных путях. Авторы сравнили вирусологические особенности, репликационную способность доминантных сублиний омикронов BA.1, BA.2 и BA.5 в носовом эпителии человека и охарактеризовали их патогенность в отношении K18-hACE2, A129, молодых C57BL/6 и старых C57BL/6 мышей. Обнаружено, что BA.5 реплицируется наиболее сильно, за ним следуют BA.2 и BA.1 в дифференцированном носовом эпителии человека. Соответственно, инфекция BA.5 приводила к более высокой копийности вирусного гена, инфекционным вирусным титрам и более обильной экспрессии вирусного антигена в носовых раковинах инфицированных трансгенных мышей K18-hACE2. Напротив, сублинии Omicron постоянно аттенуируются в легких инфицированных мышей K18-hACE2 и C57BL/6, что приводит к снижению патогенности. Тем не менее, легочные проявления остаются тяжелыми у мышей A129, инфицированных подлиниями Omicron, и у старых мышей C57BL/6. Эти результаты показали, что подлинии Омикрон могут приобретать внутреннюю способность к репликации в верхних дыхательных путях, что подчеркивает важность глобального наблюдения за появлением гипертрансмиссивных подвариантов Омикрон. Напротив, предполагается, что репликация и внутренняя патогенность Омикрона еще больше ослабляются в нижних дыхательных путях. Для предотвращения тяжелых инфекций среди групп риска с ослабленным иммунитетом необходимы эффективная вакцинация и другие меры предосторожности.

Virology. 2023 Jul 28;587:109850.

doi: 10.1016/j.virol.2023.109850. Online ahead of print.

**Physicochemical effects of emerging exchanges on the spike protein's RBM of the SARS-CoV-2 Omicron subvariants BA.1-BA.5 and its influence on the biological properties and attributes developed by these subvariants**

**Физико-химические эффекты возникающих обменов на RBM спайкового белка субвариантов BA.1-BA.5 SARS-CoV-2 Omicron и его влияние на биологические свойства и признаки, появившиеся у этих субвариантов**

Robério Amorim de Almeida Pondé

В этом обзоре описаны аминокислотные замены, которые произошли в RBM подвариантов BA.1–BA.5 SARS-CoV-2, возникших из Omicron. Описаны также физико-химические эффекты, оказываемые ими на шиповидный белок, а также их влияние на биологические свойства и признаки, появившиеся у подвариантов BA.1, BA.2, BA.3, BA.4 и BA.5.