

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 23 по 29 сентября 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 23 по 29 сентября 2023 г.**

По состоянию на 29 сентября 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 19.07.2023 г., классифицирован как VOI 09.08.2023г.). В группу циркулирующих вариантов, находящихся под наблюдением (VUM) включены генетические линии: BA.2.75, CH.1.1, ХВВ, ХВВ.1.9.1, ХВВ.1.9.2, ХВВ.2.3, BA.2.86 (добавлен 17.08.2023 на основании большого количества выявленных мутаций).

На сегодняшний день в базе данных GISAID всего представлено 16 058 857 геномов вируса SARS-COV-2 (за неделю депонировано 30 741 последовательность). В мире странами – лидерами по количеству депонированных геномных последовательностей вируса SARS-CoV-2 остаются США – (4 913 739 геномов – 30,6% от всех размещенных в GISAID) и Великобритания (3 107 167 геномов – 19,4%).

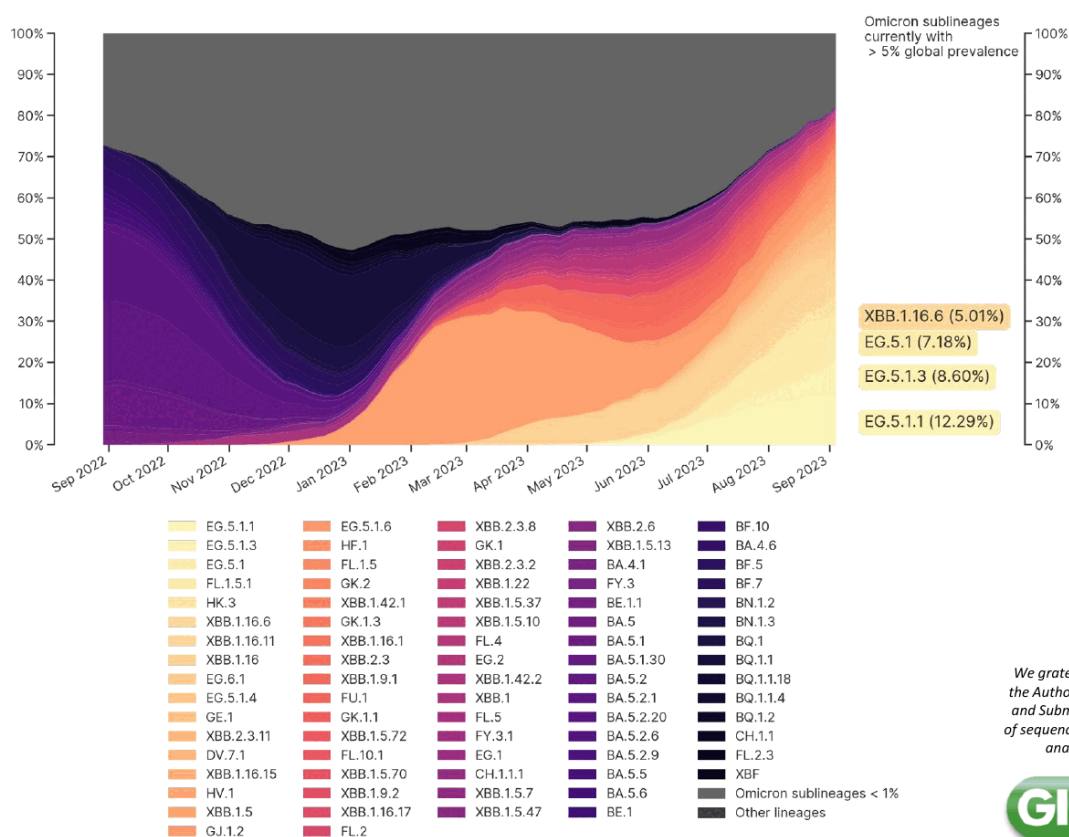
Всего в базу данных GISAID депонировано 8 576 266 геномов варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 29 823 геномные последовательности – 97,0% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 93,4%). Российскими лабораториями размещены 78 625 геномных последовательностей SARS-COV-2, в том числе варианта Omicron – 46 437 геномов.

На сегодняшний день в базе данных GISAID зафиксировано депонирование варианта Omicron из 215 стран и территорий (на предыдущей неделе – 214): 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, Независимое государство Самоа, Ниуэ, Норвегия, Новая Зеландия, Новая Каледония, Никаргуа, Оман, ОАЭ, Острова Кука, , 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, Тонга, Тринидад и Тобаго, Тунис, Турция, Уганда, Узбекистан, Украина, Уругвай, Финляндия, Франция, Французская Гвиана, Французская Полинезия, Филиппины, Хорватия, Черногория, Чехия, Чили, Чад, ЦАР, Швеция, Швейцария, Шри-Ланка, Эквадор, Эстония, Эсватини, Эфиопия, Экваториальная Гвинея, ЮАР, Южная Корея, Южный Судан, Япония, Ямайка.

За прошедшие 4 недели 51 страна (23,7%) (за предыдущие – 59 стран (27,6%)) 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 в настоящее время штаммов SARS-CoV-2 доминируют субварианты EG.5.1.1 (12,29%), EG.5.1.3 (8,6%), EG.5.1 (7,18%), XBB.1.16.6 (5,01%).



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

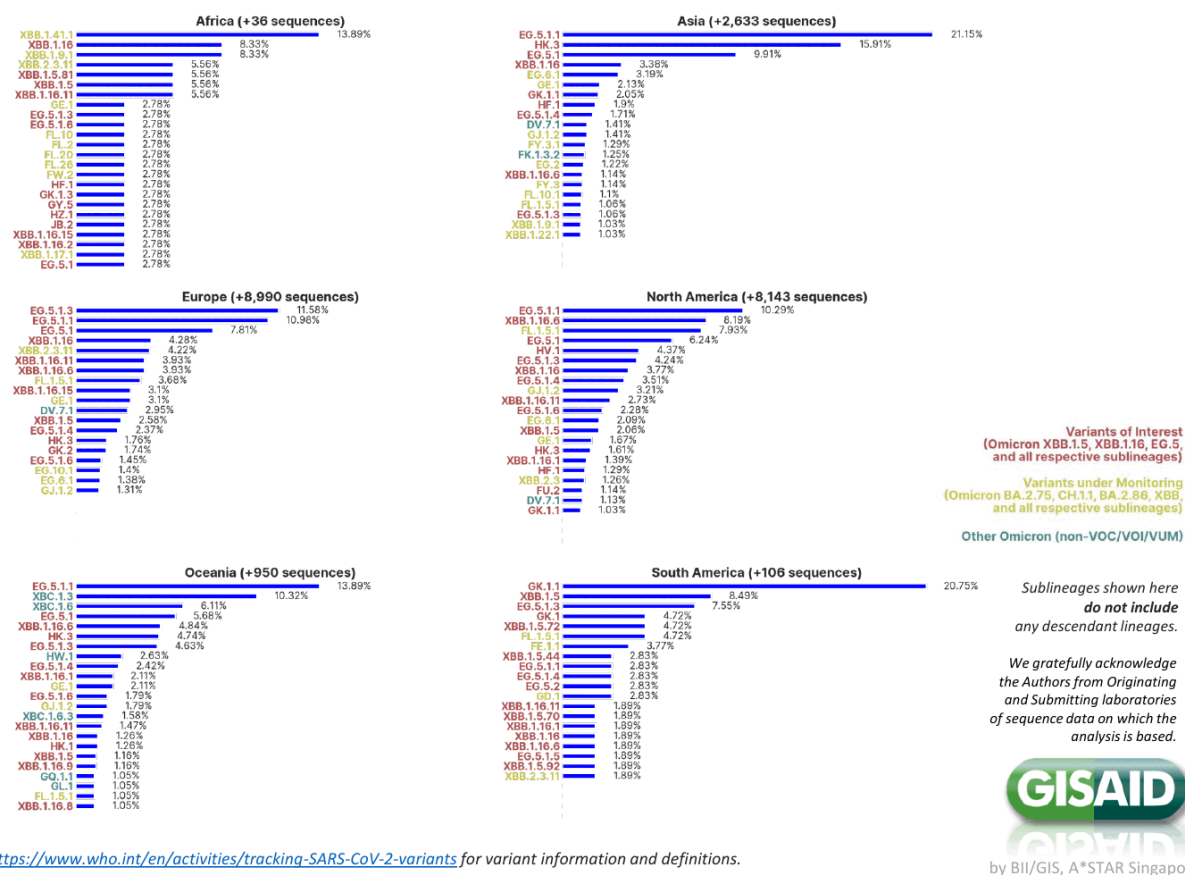


by BII/GIS, A*STAR Singapore

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

Рисунок 1. Распространение субвариантов Омикрон в мире
(по состоянию на 26.09.2023 г.)

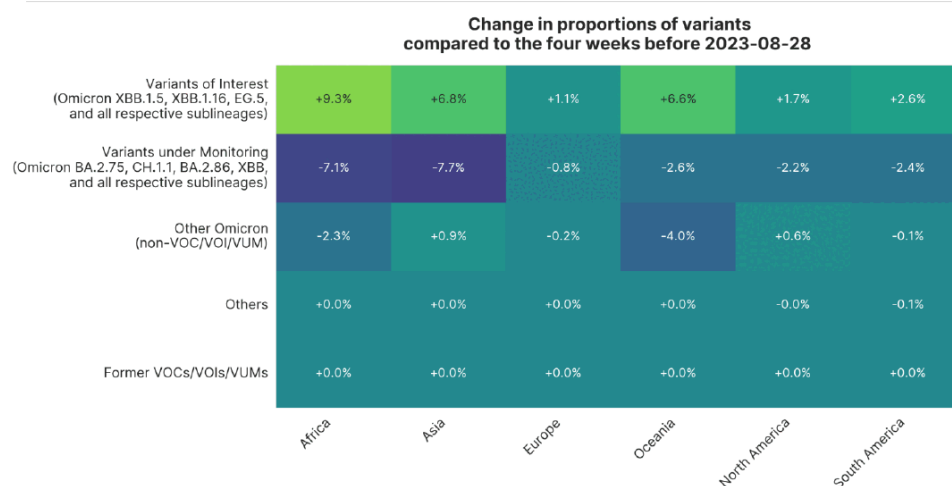
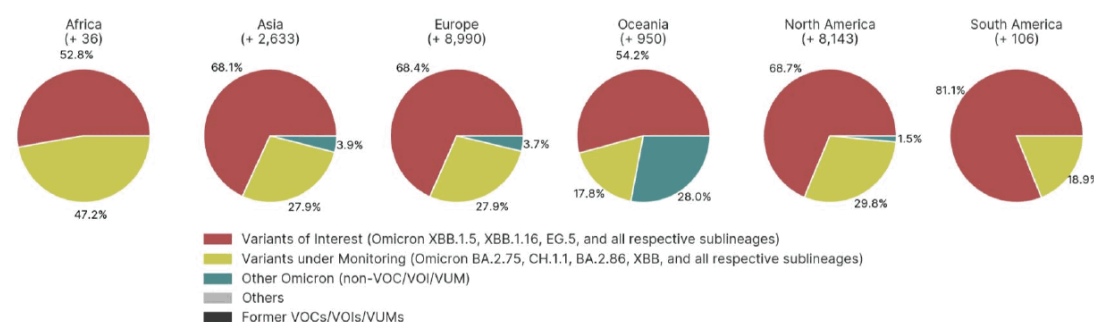
Генетическое разнообразие циркулирующих в регионах мира субвариантов Омикрон за последние 4 недели показано на рисунке 2. В Северной Америке последние 4 недели доминируют субварианты EG.5.1.1 (10,29%) и XBB.1.16.6 (8,19%), в Европе – EG 5.1.3 (11,58%) и EG.5.1.1 (10,98%), в странах Азии – EG.5.1.1 (21,15%) и HK.3 (15,91%), в Тихоокеанском регионе – EG 5.1.1 (13,89%) и XBB.1.3 (10,32), в Южной Америке – GK.1.1 (20,75%) и XBB.1.5 (8,49%), в Африке – XBB.1.41.1 (13,89%) и XBB.1.16.11 (8,33%).



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

Рисунок 2. Распространение субвариантов Омикрон в регионах мира за 4 недели (с 28 августа по 26 сентября 2023 г.)

За последние 4 недели в мире распространенность вариантов VOI во всех регионах возросла, их доля остается преобладающей среди секвенированных геномов SARS-CoV-2, наибольшая – в странах Южной Америки, Северной Америки и Азии (81,1%, 68,7%, 68,1% соответственно). Наибольшее количество субвариантов VUM циркулировало в Африке, Северной Америке и Тихоокеанском регионе (47,2%, 29,8% и 28% соответственно) (рис. 3).



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, секвенированных с 28 августа по 26 сентября 2023 г.

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

По состоянию на 29 сентября 2023 г. в базу данных GISAID EpiCoV последовательности, относящиеся к ХВВ.1.5 (Kraken) депонированы из 137 стран. Отмечена тенденция снижения в циркуляции субварианта. За последние 4 недели наибольшее распространение субвариант получил в Бразилии – 72,5%, Аргентине – 63,6%, Эквадоре – 38,5%, ЮАР – 27,3%, Испании – 16,7%, Бельгии – 14,6%.

Субвариант ХВВ.1.16 (Arcturus) депонирован из 110 стран. За последние 4 недели субвариант преимущественно выделяли в Румынии (37,8%), Индии (31%), Великобритании (30,4%), Греции (28,6%), Таиланде (26,9%), США (25,2%), Ирландии (19,4%), Бельгии (18,6%), Нидерландах (16,7%), Дании (16,3%), Японии (16,1%) и Канаде (15,9%).

Субвариант EG.5 (Eris) секвенирован лабораториями 79 стран (на предыдущей неделе – 75 страны). В базе данных GISAID депонировано 45 791 геном субварианта, (на прошлой неделе – 35 787 геномов). В Китае, Сингапуре, Южной Корее, Португалии, Швеции, Канаде и Италии доля субварианта среди секвенированных за последние 4 недели штаммов Omicron составила 84,7%, 70,2%, 51,1%, 50,6%, 46,8%, 45% и 42,5% соответственно.

Последняя обновленная оценка риска для EG.5 была опубликована ВОЗ 21 сентября 2023г. На основании имеющихся данных риск для общественного здравоохранения, создаваемый EG.5, оценивается как низкий на глобальном уровне, что соответствует риску, связанному с ХВВ.1.16 и другими циркулирующими в настоящее время VOI. Хотя EG.5 продемонстрировал повышенную распространенность, преимущество в росте и свойства уклонения от иммунитета по сравнению с другими циркулирующими в настоящее время вариантами, на сегодняшний день не зарегистрировано никаких изменений в тяжести заболевания.

Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)

Субвариант ХВВ.1.9.1 (Hupregion) секвенирован лабораториями 119 стран. Наблюдается тенденция снижения циркуляции субварианта. Наибольшее распространение ХВВ.1.9.1 за последние 4 недели отмечено в следующих странах: Грузия (66,7%), Хорватия (33,3%) и США (14,8%).

Циркуляция субварианта ХВВ.1.9.2 зафиксирована в 99 странах, по сравнению с предыдущей неделей распространенность осталась на уровне 11,2%.

На 29 сентября количество стран, из которых представлены геномные последовательности субварианта ХВВ.2.3 (Asghar) составило 100. За последние 4 недели наибольшее распространение субвариант получил в Индии (66,7%), Таиланде (23,9%), Румынии (23,4%), Франции (19,8%).

В базе данных GISAID геномы субварианта СН.1.1 (Orthrus) депонированы из 106 стран. В Швейцарии, Испании, Израиле, Австралии и Новой Зеландии за последние 4 недели зафиксировано наибольшее распространение субварианта на уровне 11,5%, 9%, 8,2% соответственно.

Субвариант ХВВ (Gryphon) циркулирует в 143 странах мира. За последние 4 недели наибольшее распространение субвариант получил в Пакистане (52,4%), Бразилии (15,4%), Японии (9,3%), Греции (8,8%), Италии (7,5%).

Субвариант ВА.2.86 (Pirola) по состоянию на 29 сентября циркулирует в 23 странах мира. За последние 4 недели наибольшее распространение субварианта отмечено в Дании (4,9%).

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 (02.09. – 29.09.2023 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	165051	471	100,0
Австрия (стабилизация заболеваемости)	Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	191519	78	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	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	124	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 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	131	0	0,0
Аргентина (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional Enfermedades Infecciosas C.G.Malbran	9531	14	100,0
Армения (стабилизация заболеваемости)	Institute of Molecular Biology NAS RA, Republic of Armenia, Department of Bioengineering, Bioinformatics Institute and Molecular Biology IBMPh RAU, Republic of Armenia	17	0	0,0
Аруба (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	1060	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	2207	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	232	0	0,0
Бахрейн (стабилизация заболеваемости)	Communicable Disease Laboratory, Public Health Directorate	7092	0	0,0
Беларусь (стабилизация заболеваемости)	Laboratory for HIV and opportunistic infections diagnosis The Republican Research and Practical	120	0	0,0

	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	95601	262	100,0
Бенин (стабилизация заболеваемости)	Institut für Virologie – Institute of Virology – Charite	518	1	100,0
Бермудские острова (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Virus Unit, National Infection Service, Public Health England	191	0	0,0
Болгария (рост заболеваемости)	National Center of Infectious and Parasitic Diseases	7420	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)	1073	0	0,0
Босния и Герцеговина (стабилизация заболеваемости)	University of Sarajevo, Veterinary Faculty, Laboratory for Molecular Diagnostic and Research Laboratory	246	0	0,0
Ботсвана (стабилизация заболеваемости)	Botswana Institute for Technology Research and Innovation	3452	0	0,0
Бразилия (рост заболеваемости)	Instituto Adolfo Lutz, Interdisciplinary Procedures Center, Strategic Laboratory	113198	61	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)	6086	5	100,0

Бутан (стабилизация заболеваемости)	AFRIMS	100	0	0,0
Буркина-Фасо (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire bacteriologie virologie CHUSS	74	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.	1479632	3037	100,0
Венгрия (рост 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)	6411	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 заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	686	1	100,0

Гватемала (стабилизация заболеваемости)	Asociación de Salud Integral/Clínica Familiar Luis Ángel García	3915	10	100,0
Гвинея (стабилизация заболеваемости)	Centre de Recherche et de Formation en Infectiologie Guinée	526	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.	575316	167	98,8
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	13694	16	100,0
Гренада	WINDREF/SGU Laboratory	106	0	0,0
Греция (рост заболеваемости)	Greek Genome Center, Biomedical Research Foundation of the Academy of Athens(BRFAA)	19920	327	100,0
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.	2383	14	100,0
Гуам (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	490	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.	365960	292	100,0
Доминика (стабилизация)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sci-	10	0	0,0

заболеваемости)	ences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies, St Augustine Campus			
Доминиканская Республика (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Viruses Branch, Centers for Disease Control and Prevention, USA	1963	2	100,0
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	2789	0	0,0
Замбия (стабилизация заболеваемости)	University of Zambia, School of Veterinary Medicine	1247	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	117450	448	98,9
Индия (стабилизация заболеваемости)	Department of Neurovirology, National Institute of Mental Health and Neurosciences(NIMHANS).CSIR–Centre for Cellular and Molecular Biology	142309	45	100,0
Индонезия (стабилизация заболеваемости)	National Institute of Health Research and Development	39687	0	0,0
Иордания (стабилизация заболеваемости)	Andersen lab at Scripps Research, CA, USA	243	0	0,0
Ирак (стабилизация заболеваемости)	Biology, College of Education Department of Virology, Faculty of Medicine, University of Helsin-	384	0	0,0

	ki, 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	58937	261	100,0
Исландия (стабилизация заболеваемости)	Landspítali Department of Clinical Microbiology	10816	55	100,0
Испания (стабилизация заболеваемости)	Hospital Universitario 12 de Octubre	127325	781	94,1
Италия (стабилизация заболеваемости)	Army Medical Center, Scientific Department, Virology Laboratory	89811	449	100,0
Кабо-Верде (стабилизация заболеваемости)	Institut Pasteur de Dakar	746	13	100,0
Казахстан (стабилизация заболеваемости)	Reference laboratory for the control of viral infections	2069	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	306437	3431	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)	1540	0	0,0
Кения (стабилизация заболеваемости)	KEMRI-Wellcome Trust Research Programme/KEMRI-CGMR-C Kilifi	5526	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	57235	858	100,0
Колумбия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Salud– Dirección de Investigación en Salud Pública	15032	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	901	0	0,0
Коста-Рика (стабилизация заболеваемости)	Inciensa, Instituto Costarricense de Investigación y Enseñanza en Nutrición y Salud	9399	2	100,0
Кот Д'Ивуар (стабилизация заболеваемости)	Molecular diagnostic unit for viral haemorrhagic fevers and emerging viruses, Bouaké CHU Laboratory	239	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	914	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)	1222	0	0,0
Лаос (стабилизация заболеваемости)	LOMWRU/Microbiology Laboratory, Mahosot Hospital	874	1	100,0
Латвия (рост заболеваемости)	Latvian Biomedical Research and Study Centre	14277	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	871	22	100,0
Ливия (стабилизация заболеваемости)	Reference Lab for Public Health, NCDC	31	0	0,0
Литва (рост заболеваемости)	Vilnius University Hospital Santaros Klinikos, Center of Laboratory Medicine	11217	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 (рост заболеваемости)	Laboratoire national de santé, Microbiology, Microbial Genomics Platform	36286	35	100,0
Макао (стабилизация заболеваемости)	Centro de Sequenciamento Genômico	1	0	0,0
Маврикий (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	7434	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	32058	0	0,0
Малави (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform	283	0	0,0
Мали (стабилизация заболеваемости)	Northwestern University – Center for Pathogen Genomics and Microbial Evolution	159	0	0,0
Мальдивы (стабилизация заболеваемости)	Indira Gandhi Memorial Hospital	333	0	0,0

Мальта (стабилизация заболеваемости)	Molecular Diagnostics Pathology Department Mater Dei Hospital Malta	163	0	0,0
Маршалловы острова (стабилизация заболеваемости)	State Laboratories Division, Hawaii State Department of Health	37	0	0,0
Марокко (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de Biotechnologie	1330	6	100,0
Мартиника (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	1544	0	0,0
Мексика (стабилизация заболеваемости)	Instituto de Diagnostico y Referencia Epidemiologicos (INDRE)	43935	12	100,0
Мозамбик (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform, South Africa	731	0	0,0
Молдавия (стабилизация заболеваемости)	ONCOGENE LLC	698	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 заболеваемости)	Molecular and Genomics Research Lab, Dhulikhel Hospital, Kathmandu University Hospital School of Public Health, The University of Hong Kong	1284	0	0,0
Нигер (стабилизация забо-	National Reference Laboratory, Nigeria Centre	123	0	0,0

леваемости)	for Disease Control			
Нигерия (стабилизация заболеваемости)	African Centre of Excellence for Genomics of Infectious Diseases(ACEGID), Redeemer's University	3168	0	0,0
Нидерланды (рост заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	77100	300	100,0
Ниуэ		39	0	0,0
Новая Зеландия (стабилизация заболеваемости)	Institute of Environmental Science and Research(ESR)	33334	316	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	35109	31	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	481	18	100,0
Острова Кука		189	0	0,0
Пакистан (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Public Health Laboratories Division	3383	16	72,7
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	81	0	0,0
Панама (стабилизация заболеваемости)	Gorgas memorial Institute For Health Studies	3234	5	100,0
Папуа Новая Гвинея (стабилизация заболеваемости)	Queensland Health Forensic and Scientific Services	924	0	0,0
Парагвай (стабилизация за-	Laboratorio Central de Salud Publica de Paraguay	2124	0	0,0

болеваемости)				
Перу (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio de Referencia Nacional de Biotecnología y Biología Molecular. Instituto Nacional de Salud Perú	35904	0	0,0
Польша (стабилизация заболеваемости)	genXone SA, Research & Development Laboratory	44793	19	100,0
Португалия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Saude(INSA)	23660	275	100,0
Пуэрто Рико (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	17619	28	100,0
Республика Вануату (стабилизация заболеваемости)	Microbiological Diagnostic Unit - Public Health Laboratory (MDU-PHL)	100	0	0,0
Республика Джибути (стабилизация заболеваемости)	Naval Medical Research Center Biological Defense Research Directorate	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, CNDR, Departamento de Virología	335	0	0,0
Республика Сальвадор (стабилизация заболеваемости)	Genomics and Proteomics Department, Gorgas Memorial Institute For Health Studies	445	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	12132	1	100,0
Россия (рост 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.	46437	6	100,0
Руанда (стабилизация заболеваемости)	GIGA Medical Genomics	197	0	0,0
Румыния (рост заболеваемости)	National Institute of Infectious Diseases–Prof. Dr. Matei Bals Molecular Diagnostics Laboratory	11671	119	100,0
Самоа	Institute of Environmental Science and Research (ESR)	169	0	0,0
Саудовская Аравия (стабилизация заболеваемости)	Infectious Diseases, King Faisal Hospital Research Center	1338	0	0,0
Северная Македония (стабилизация заболеваемости)	Institute of Public Health of Republic of North Macedonia Laboratory of Virology and Molecular Diagnostics	310	0	0,0
Северные Марианские острова (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	2090	0	0,0

ваемости)				
Сейшелы (стабилизация заболеваемости)	KEMRI– Wellcome Trust Research Programme, Kilifi	619	0	0,0
Сенегал (стабилизация заболеваемости)	IRSESSEF 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	98	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 (рост заболеваемости)	Institute of microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, University of Belgrade	1685	0	0,0
Сингапур (рост заболеваемости)	National Public Health Laboratory, National Centre for Infectious Diseases	28519	494	100,0
Сен-Мартин (стабилизация заболеваемости)	Institut Pasteur	302	0	0,0
Синт–Мартен (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	882	0	0,0
Сирия (стабилизация заболеваемости)	CASE-2021-0266829	72	0	0,0
Словакия (стабилизация заболеваемости)	Faculty of Natural Sciences, Comenius University	27412	1	100,0
Словения (рост заболеваемости)	Institute of Microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, University of Ljubljana	35945	0	0,0
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 (рост заболеваемости)	Colorado Department of Public Health & Environment. Maine Health and Environmental Testing Laboratory. California Department of Public Health. UCSD EXCITE.	2507437	8321	99,9
Сьерра-Леоне (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Reference Laboratory	1	0	0,0
Таиланд (стабилизация заболеваемости)	COVID-19 Network Investigations(CONI) Alliance	28935	13	100,0
Тайвань (стабилизация заболеваемости)	Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision Medicine	3675	0	0,0
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)	507	0	0,0
Тонга		96	0	0,0

Тринидад и Тобаго (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies	2729	5	100,0
Тунис (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de linique linique – Institut Pasteur de Tunis	688	0	0,0
Турция (стабилизация заболеваемости)	Ministry of Health Turkey	21438	0	0,0
Уганда (стабилизация заболеваемости)	MRC/UVRI & LSHTM Uganda Research Unit	806	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”	3598	3	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	247	9	100,0
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	14882	0	0,0
Финляндия (рост заболеваемости)	Department of Virology, Faculty of Medicine, University of Helsinki	23347	0	0,0
Франция (снижение заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	382840	2136	100,0
Французская Гвиана (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	1682	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	24897	33	100,0
ЦАР (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Sequencing Lab, National Institute for Biomedical Research(INRB)	80	0	0,0
Черногория (стабилизация заболеваемости)	Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie	484	0	0,0
Чехия (рост заболеваемости)	The National Institute of Public Health	33652	4	100,0
Чили (снижение заболеваемости)	Instituto de Salud Publica de Chile	25780	0	0,0
Швейцария (стабилизация заболеваемости)	Department of Biosystems Science and Engineering, ETH Zürich.	54898	89	100,0
Швеция (стабилизация заболеваемости)	The Public Health Agency of Sweden	116542	699	100,0
Шри-Ланка (стабилизация заболеваемости)	Centre for Dengue Research and AICBU, Department of Immunology and Molecular Medicine	1176	0	0,0
Эквадор (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública, INSPI	6135	28	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.	26716	18	100,0
Южная Корея (стабилизация заболеваемости)	Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency	139386	926	100,0
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	3260	0	0,0
Япония (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Genomics Center, National Institute of Infectious Diseases	439723	1323	100,0

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

Во всем мире с 28 августа по 24 сентября 2023 г. (28 дней) в GISAID было передано 21 773 последовательности SARS-CoV-2.

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

Три вызывающих интерес варианта (VOI): XBB.1.5, XBB.1.16 и EG.5. •

Семь вариантов, находящихся под мониторингом (VUM): BA.2.75, BA.2.86, CH.1.1, XBB, XBB.1.9.1, XBB.1.9.2 и XBB.2.3.

Во всем мире EG.5 в настоящее время является наиболее распространенным VOI, о нем сообщили 73 страны. Распространенность EG.5 продолжает расти: на ее долю приходится 33,6% последовательностей, представленных в GISAID на 36 неделе (с 4 по 10 сентября 2023 г.) по сравнению с 25,9% на 32 неделе (с 7 по 13 августа 2023 г.) (Рис. 4, Таблица 2). Обновленная оценка риска для EG.5 была опубликована 21 сентября 2023 г., при этом общая оценка низкого дополнительного риска для общественного здравоохранения на глобальном уровне основана на имеющихся фактических данных. Это согласуется с риском, связанным с другими циркулирующими в настоящее время VOI.

Распространенность XBB.1.5 и XBB.1.16 снижается во всем мире. На XBB.1.5 приходилось 8,6% последовательностей на 36 неделе, что меньше 12% на 32 неделе. Аналогичным образом, на XBB.1.6 приходилось 23,5% последовательностей на 32 неделе и 18,9% на 36 неделе (рисунок 5 таблица 2).

В таблице 2 показано количество стран, сообщивших о VOI и VUM, а также их распространенность с 32 по 36 неделю 2023 г. Среди VUM субвариант XBB.1.9.2 продемонстрировал тенденцию к увеличению циркуляции в течение отчетного периода, тогда как другие VUM с достаточным количеством последовательностей для проведения оценки показали тенденцию к снижению или стабилизации. Что касается BA.2.86, то хотя о последовательностях сообщалось из 21 страны в пяти регионах ВОЗ, их число остается слишком низким, чтобы определить тенденции. VOI и VUM, демонстрирующие тенденцию к увеличению, выделены желтым цветом, те, которые остались стабильными, выделены синим, а те, которые имеют тенденцию к снижению, выделены зеленым.

На региональном уровне данные секвенирования, достаточные для расчета распространенности вариантов в течение 32–36-й недель, были доступны из трех регионов ВОЗ: Американского региона, Западно-Тихоокеанского региона и Европейского региона. Среди VOI вариант EG.5 был наиболее распространенным во всех трех регионах, а XBB.1.5 и XBB.1.6 демонстрировали тенденцию к снижению или стабилизации (Таблица 3). Среди VUM во всех трех регионах наблюдались стабильные тенденции для BA.2.75 и XBB.2.3, тенденция к снижению для CH.1.1 и тенденция к увеличению для XBB.1.9.2 (таблица 3).

Учитывая тенденцию к снижению объемов тестирования и секвенирования во всем мире, становится все труднее оценить серьезность последствий вариантов SARS-CoV-2 с мутациями, которые потенциально обеспечивают более высокую заразность. В настоящее время нет лабораторных или эпидемиологических отчетов, указывающих на какую-либо связь между VOI/VUM и повышенной тяжестью заболевания. Низкие и нерепрезентативные уровни геномного надзора за SARS-CoV-2 по-прежнему создают проблемы для адекватной оценки ситуации с вариантами.

Таблица 2. Еженедельная распространенность (%) VOI и VUM SARS-CoV-2, с 32 по 36 неделю 2023 г.

Линия	Страны [§]	Последовательность [§]	2023-32	2023-33	2023-34	2023-35	2023-36
VOIs							
XBB.1.5*	125	287491	12.0	10.7	9.7	9.8	8.6
XBB.1.16*	120	69600	23.5	22.4	21.3	21.3	18.9
EG.5	73	31905	25.9	28.1	30.2	30.5	33.6
VUMs							
BA.2.75*	128	128180	1.7	1.6	1.7	2.0	2.7
BA.2.86	21	198					
CH.1.1*	99	41367	0.1	0.1	0.1	0.0	0.0
XBB*	136	76999	6.2	5.9	5.2	4.7	4.1
XBB.1.9.1*	114	65528	10.3	9.8	9.5	9.9	8.7
XBB.1.9.2*	92	34137	6.3	6.9	5.7	5.1	5.3
XBB.2.3*	89	19158	7.7	4.8	5.0	5.3	4.8
Неназначенные	92	149746	1.3	3.6	2.4	1.0	-
Другие [†]	211	6 778535	4.6	4.7	4.7	4.4	4.7

Количество стран и последовательности указаны с момента появления вариантов.

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

+ «Другое» представляет другие циркулирующие линии передачи, за исключением VOI, VUM, BA.1*, BA.2*, BA.3*, BA.4*, BA.5*. Из-за задержек или ретроспективного присвоения вариантов, следует проявлять осторожность при интерпретации распространенности категории «Другое».

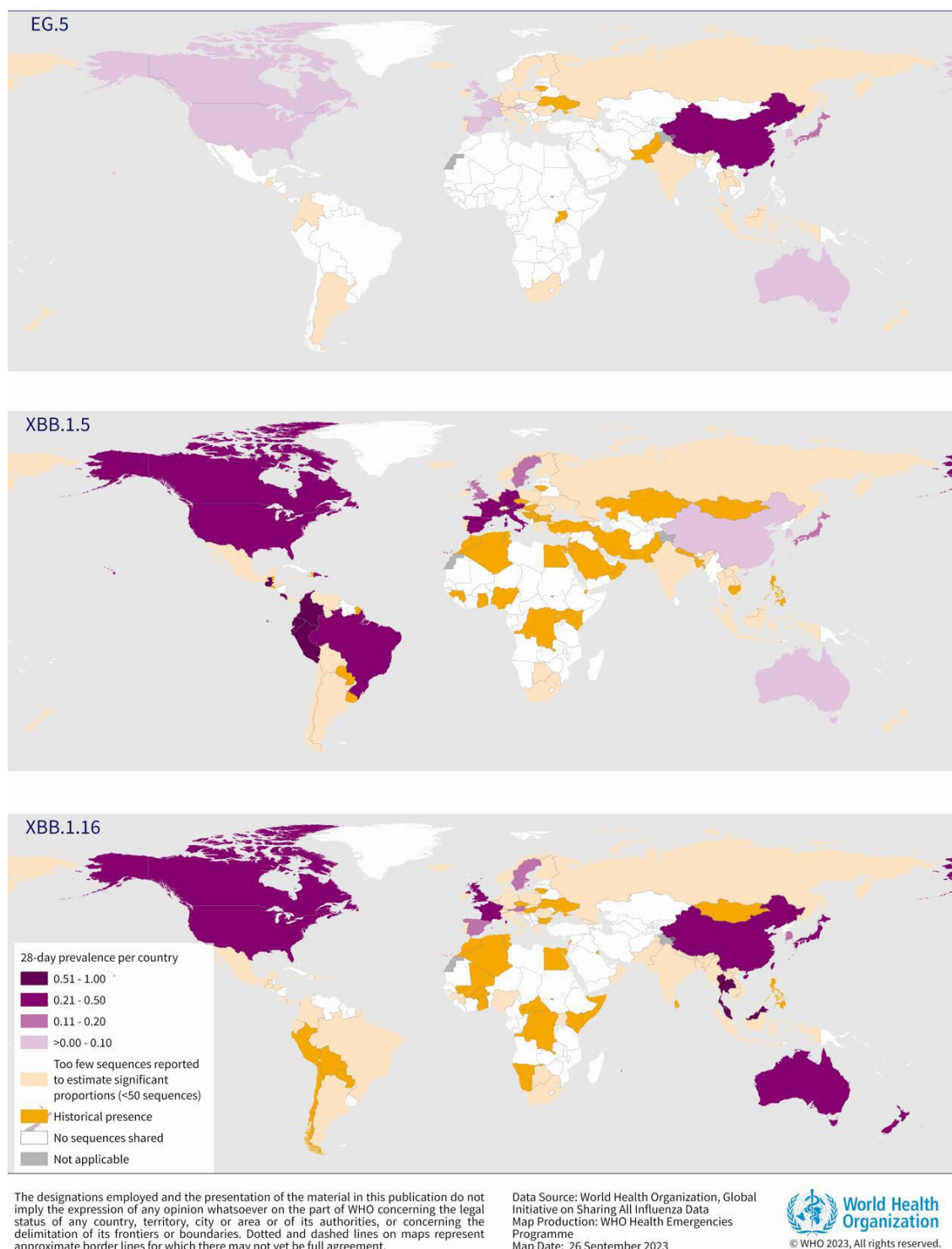
† Распространенность BA.2.86 не может быть рассчитана из-за очень небольшого количества последовательностей; это также представлено заштрихованными ячейками в таблице. Количество последовательности и страны были получены из GISAID по состоянию на 8:00 утра 29 сентября.

Таблица 3. Еженедельная распространенность VOI и VUM SARS-CoV-2 по регионам ВОЗ

Lineage (week 32 to week 36)	AMRO	AFRO [‡]	EMRO [‡]	EURO	SEARO [‡]	WPRO
VOIs						
XBB.1.5*	↓			↔		↔
XBB.1.16*	↔			↓		↓
EG.5*	↑			↑		↑
VUMs						
BA.2.75*	↔			↔		↔
BA.2.86 [†]	-			-		-
CH.1.1*	↓			↓		↓
XBB*	↓			↔		↓
XBB.1.9.1*	↔			↔		↓
XBB.1.9.2*	↑			↑		↑
XBB.2.3*	↔			↔		↔

* Включает потомки, за исключением тех, которые индивидуально указаны в других местах таблицы. Например, XBB* не включает XBB.1.5, XBB.1.16, EG.5, XBB.1.9.1, XBB.1.9.2 и XBB.2.3. † Распространенность BA.2.86 не может быть рассчитана из-за очень небольшого количества последовательностей. ‡ из-за небольшого количества последовательностей, представленных в этих регионах, не удалось определить тенденции для VOI и VUM в этих регионах; они представлены заштрихованными ячейками в таблице Желтым выделены преобладающие варианты.

Рисунок 4. Глобальная 28-дневная распространенность ХВВ.1.5, ХВВ.1.16 и EG.5, с 31 июля по 27 августа 2023 г.*+



* Отчетный период для учета задержки в представлении последовательности в GISAID. + Историческое присутствие указывает на страны, ранее сообщавшие о последовательностях VOI, но не сообщавшие об этом в период с 31 июля по 27 августа 2023 г.

Рисунок 5. Количество и процент депонированных последовательностей SARS-CoV-2 с 1 марта по 31 августа 2023 г.

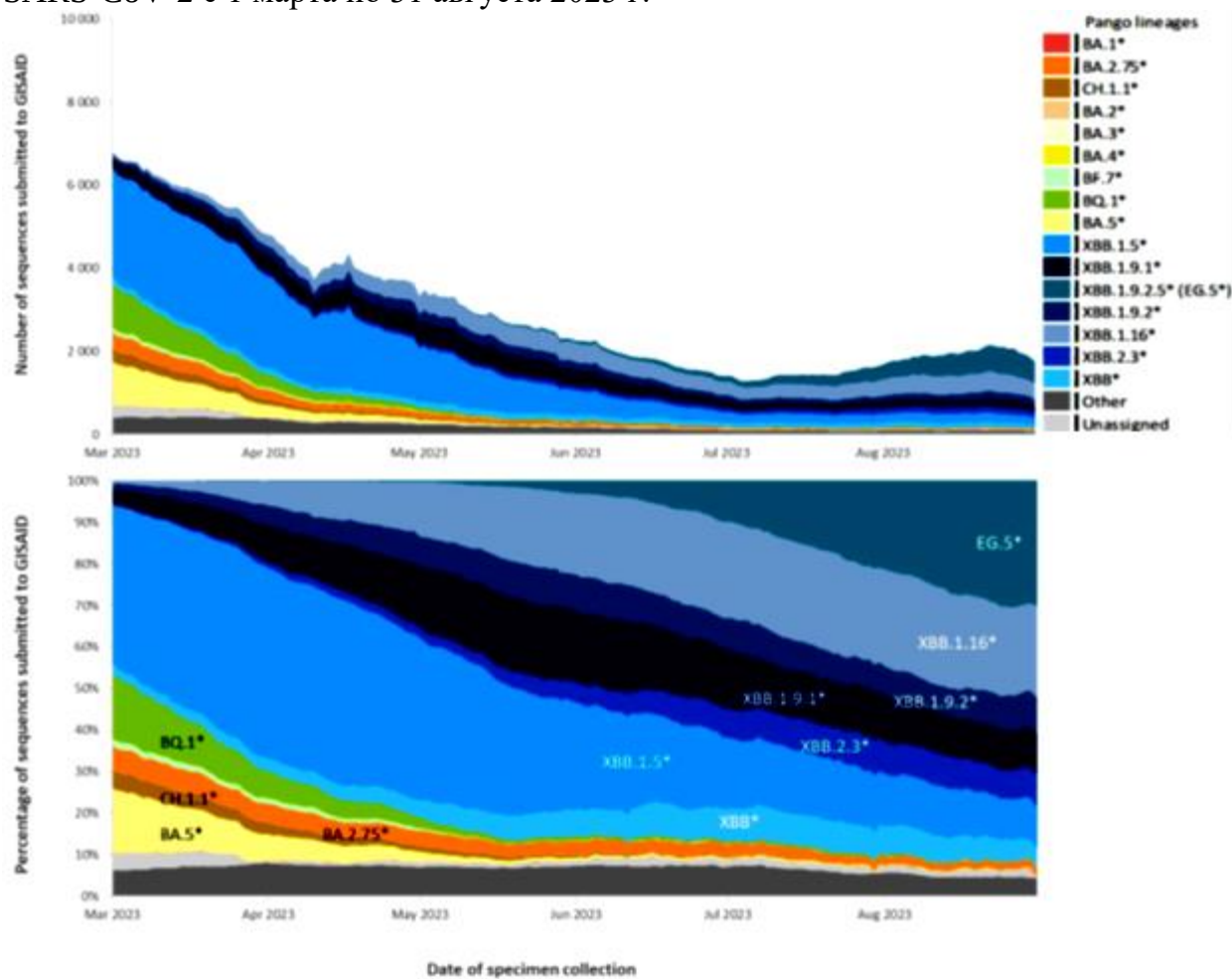


Рисунок 5. На панели А показано количество, а на панели В — процент всех циркулирующих вариантов с марта 2023 года. Показаны сестринские линии Omicron и дополнительные потомки Omicron VOC, находящиеся под дальнейшим мониторингом. BA.1*, BA.2*, BA.3*, BA.4* и BA.5* (* указывает на включение дочерних линий) 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 линии, ожидающие рассмотрения для наименования в PANGO, тогда как категория «Другие» включает линии, которые назначены, но не указаны в легенде. Источник: данные о последовательности SARS-CoV-2 и метаданные GISAID за период с 1 марта по 31 августа 2023 г.

Публикации:

doi: 10.1016/j.drug.2023.101008. Online ahead of print .

Drug Resist Updat. 2023 Sep 22;71:101008.

Antibody evasion associated with the RBD significant mutations in several emerging SARS-CoV-2 variants and its subvariants

Уклонение от антител связано со значительными мутациями RBD в нескольких новых вариантах SARS-CoV-2 и его подвариантах

Manojit Bhattacharya, Srijan Chatterjee, Sang-Soo Lee и др.

Обзор. С момента возникновения дикого штамма SARS-CoV-2 появилось несколько вариантов, которые обозначались как VOC, VOI и VUM. Вариант Омикрон отмечен как недавний VOC, появившийся в ноябре 2021 года, впоследствии возникло несколько его подвариантов, таких как BA.1/2, BA.2.75/2.75.2, BA.4/5, BF.7, BQ.1/1.1, XBB.1/1.5 и т. д., которые распространяются по всему миру. Ускользание от антител — распространенное явление, наблюдаемое у всех предыдущих VOC и VOI, включая Омикрон и его подварианты. Мутации в NTD (N-концевом домене) и RBD (рецептор-связывающем домене) шипа этих вариантов и подвариантов ответственны за ускользание от антител. В то же время было отмечено, что за последние несколько месяцев увеличилось число мутаций RBD. В этом обзоре описаны важные мутации RBD, а именно R346T, K417N/T, L452R, N460K, E484A/K/Q и N501Y, обнаруженные в предыдущих появившихся вариантах SARS-CoV-2, включая Omicron и его подварианты, с высокой частотой, а также их роль в уклонении от антител. В обзоре также описаны различные классы нейтрализующих антител (nAb) для вариантов SARS-CoV-2, и молекулярная перспектива мутаций в ускользании от nAb. Это поможет будущим исследователям разработать эффективные вакцины, которые смогут наконец предотвратить пандемию

doi: 10.3390/microorganisms11092336.

Microorganisms. 2023 Sep 18;11(9):2336.

Molecular Evolutionary Analyses of the Spike Protein Gene and Spike Protein in the SARS-CoV-2 Omicron Subvariants

Молекулярно-эволюционный анализ гена белка-шипа и белка-шипа в субвариантах омикрон SARS-CoV-2

Norika Nagasawa, Ryusuke Kimura, Mao Akagawa и др.

Авторы провели молекулярно-эволюционный анализ гена белка шипа (S)/белка S с использованием передовых технологий биоинформатики. Во-первых, в результате филогенетического временного анализа было установлено, что общий предок вариантов Ухань, Альфа, Бета, Дельта и вариантов/подвариантов Омикрон

дивергировал в мае 2020 года. После этого общий предок варианта Омикрон в течение одного года породил различные подварианты Омикрон. Кроме того, в июле 2021 года химерный вирус, промежуточный между подвариантами BM.1.1.1 и BJ.1, известный как ХВВ, дивергировал, что привело к появлению преобладающих подвариантов ХВВ.1.5 и ХВВ.1.16. Затем данные графика сходства (SimPlot) показали, что точка рекомбинации (точка разрыва) соответствует положению нуклеотида 1373. В результате субварианты ХВВ.1.5 находятся на 5'-стороне от точки разрыва, как штамм с последовательностью BJ.1, и 3'-стороне, как штамм с последовательностью BM.1.1.1. Данные геномной сети показали, что субварианты Омикрон были генетически связаны с общими предками вариантов Ухань и Дельта, что привело к множеству аминокислотных мутаций. Анализ селективного давления показал, что преобладающие подварианты ХВВ.1.5 и ХВВ.1.16 имели специфические аминокислотные мутации, такие как V445P, G446S, N460K и F486P, расположенные в RBD, если сравнивать с подвариантами BA.4 и BA.5. Более того, в этих подвариантах также были обнаружены некоторые репрезентативные аминокислотные мутации, связанные с иммуногенностью, включая L452R, F486V, R493Q и V490S. Эти замены были вовлечены в конформационные эпитопы, что подразумевает их влияние на иммуногенность и уклонение от вакцинации. Более того, эти мутации были идентифицированы как сайты положительного отбора. Эти результаты позволяют предположить, что субварианты Omicron с мутациями гена S/белка S быстро эволюционировали, а мутации, наблюдаемые в конформационных эпитопах, могут снизить эффективность существующей вакцины, включая бивалентные вакцины, такие как мРНК-вакцины, содержащие последовательности субвариантов BA.4/BA.5.

doi: 10.1016/j.virol.2023.109882. Online ahead of print
Virology. 2023 Sep 18;587:109882.

Molecular insights into the SARS-CoV-2 Omicron variant from Bangladesh suggest diverse and continuous evolution

Молекулярные данные о варианте SARS-CoV-2 Омикрон из Бангладеш предполагают разнообразную и непрерывную эволюцию

Sultana Zahura Afrin, Fardousi Akter Sathi, Mohammed Nooruzzaman, Rokshana Parvin

В ходе исследования была проанализирована молекулярная динамика циркулирующего варианта SARS-CoV-2 Омикрон с момента его идентификации в ноябре 2021 года по январь 2023 года. Изучение последовательностей SARS-CoV-2 из Бангладеш выявило три различные волны, вызванные вариантом Омикрон. В страну было завезено более 50 сублиний варианта Омикрон, большинство из которых относятся к основным линиям BA.1-подобных (24,91%), BA.2-подобных (43,35%), BA.5-подобных (5,76%), ХВВ (10,47%) и «прочие и незазначенные» (18,64%). Более того, относительная частота с течением времени показала, что линии Омикрон существовали в течение короткого периода времени, прежде чем были заменены

другими сублиниями. В рецептор-связывающем домене белка Spike было обнаружено множество потенциальных мутаций, включая G339D/H, S371 L/F, K417 N, T478K, E484A, Q493R, Q498R и N501Y. Отмечено, что вариант SARS-CoV-2 Omicron из Бангладеш продемонстрировал разнообразные генетические особенности и непрерывную эволюцию. Поэтому выбор вакцины и наблюдение за госпитализированными пациентами важны наряду с генетической характеристикой циркулирующего SARS-CoV-2.