

**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 14 по 20 октября 2023 г.**

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

В обзоре представлена информация по циркулирующим в настоящее время вариантам вируса SARS-COV-2 вызывающих интерес (VOI) и субвариантов Omicron, находящихся под наблюдением (VUM), геномные последовательности которых размещены в международной базе данных GISAID за неделю с **14 по 20 октября 2023 г.**

По состоянию на 20 октября 2023 г. в соответствии с классификацией ВОЗ к вариантам вируса SARS-COV-2, вызывающих интерес (VOI), отнесены субварианты XBB.1.5, XBB.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, XBB, XBB.1.9.1, XBB.1.9.2, XBB.2.3, BA.2.86.

На сегодняшний день в базе данных GISAID всего представлено 16 137 884 генома вируса SARS-COV-2 (за неделю депонировано 26 022 последовательности). В мире странами – лидерами по количеству депонированных геномных последовательностей вируса SARS-CoV-2 остаются США – (4 939 375 геномов – 30,6% от всех размещенных в GISAID) и Великобритания (3 114 072 генома – 19,3%).

Всего в базу данных GISAID депонировано 8 654 057 геномов варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 25 726 геномных последовательностей – 98,9% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 97,8%). 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 – 215): 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 Кaledония, Никарагуа, 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, Республика Вануату, Румыния, Россия, Руанда, Сальвадор, Сен-Мартен, Сент-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, Сент-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 49 стран (22,8%) (за предыдущие – 52 страны (24,2%) 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, как и на прошлой неделе, доминируют субварианты EG.5.1.1 (11,34%), EG.5.1.3 (7,8%), EG.5.1 (7,1%), FL.1.5.1 (6,91%), НК.3 (6,89%), XBB.1.16.6 (5,91%).

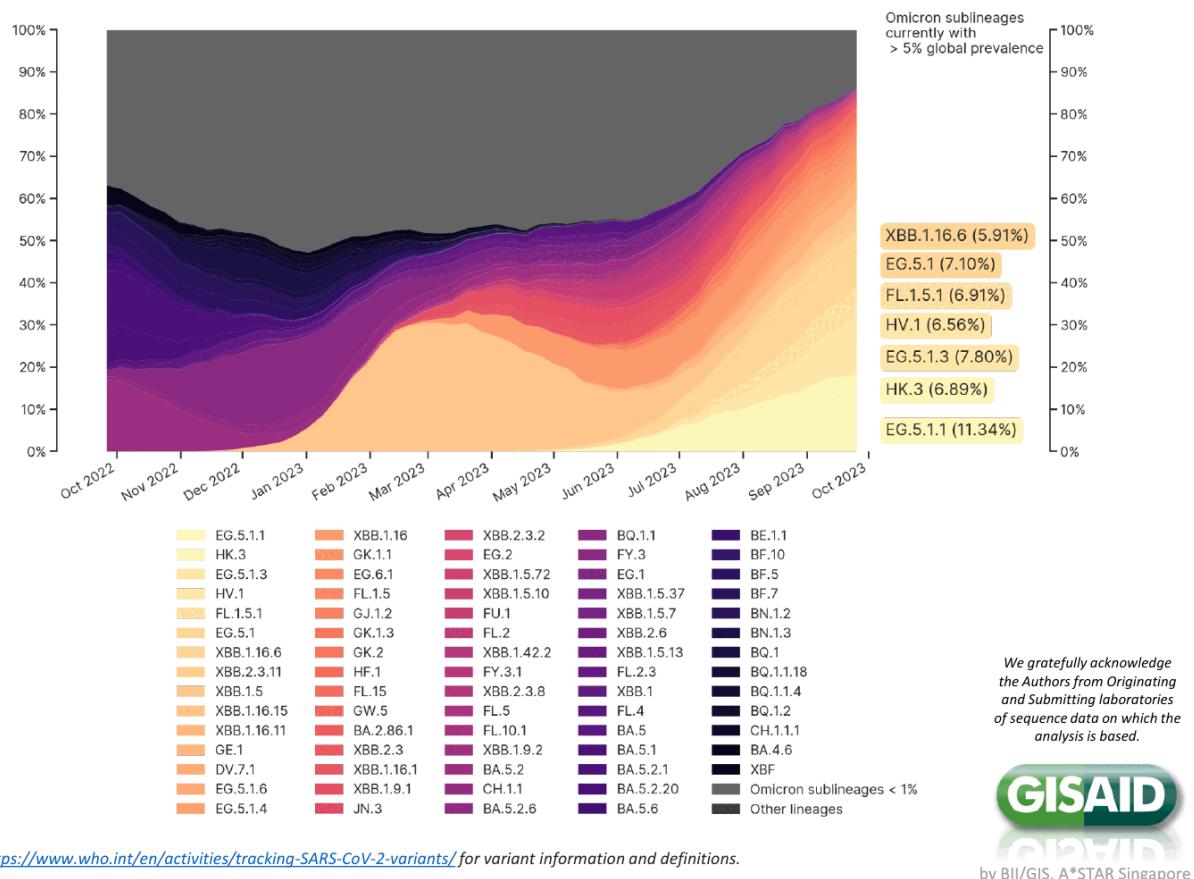


Рисунок 1. Распространение субвариантов Omicron в мире (по состоянию на 17.10.2023 г.)

Генетическое разнообразие циркулирующих в регионах мира субвариантов Omicron за последние 4 недели показано на рисунке 2. В Европе продолжают доминировать субварианты EG 5.1.3 и EG.5.1.1 (12,14% и 11,42% соответственно), в странах Азии – HK.3 (24,73%) и EG.5.1.1 (16,88%), в Тихоокеанском регионе – EG 5.1.1 (13,87%) и HK.3 (12,23%), в Южной Америке – XBB.1.5 (16,67%). В Северной Америке за последние 4 недели преобладали субварианты HV.1 (12,28%), EG.5.1.1 (10,37%) и FL.1.5.1 (9,84%). В странах Африки – BA.2.86.2 и XBB.1.5.59 (50% и 50% соответственно).

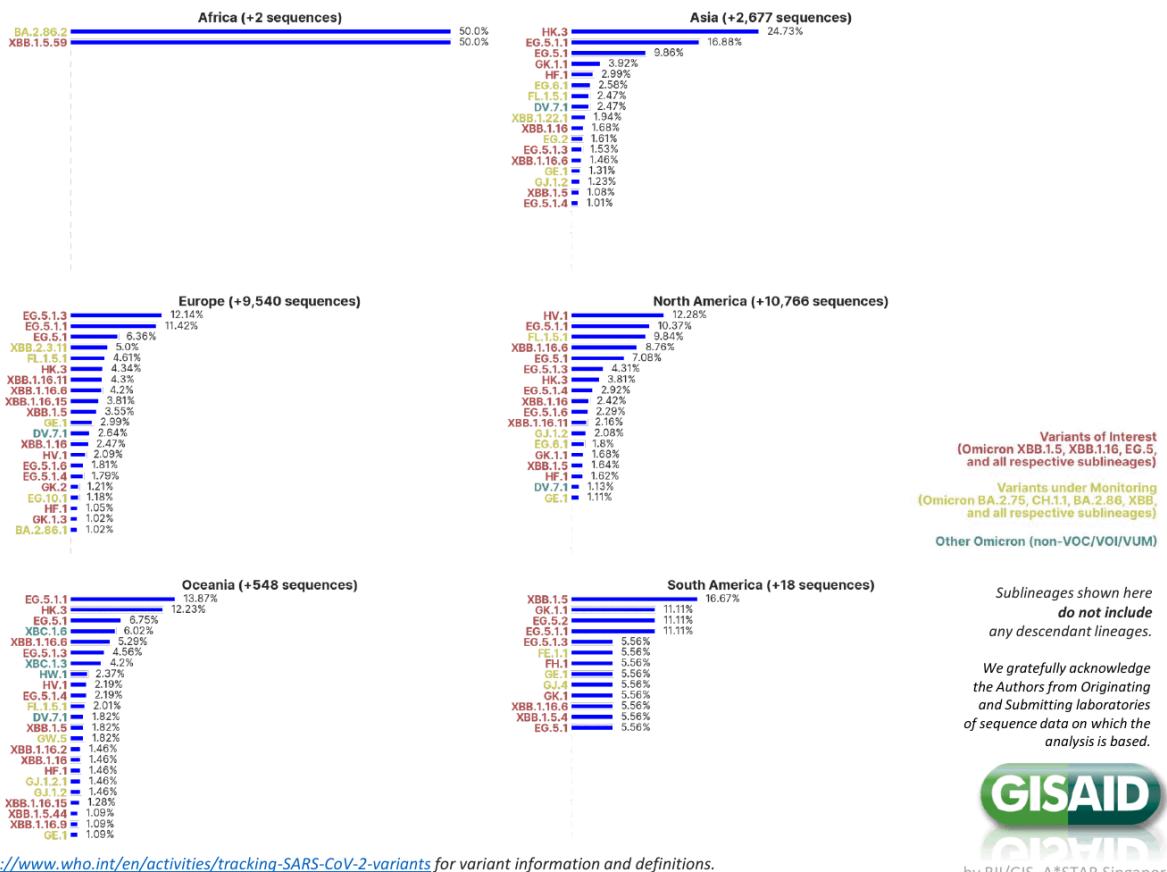


Рисунок 2. Распространение субвариантов Omicron в регионах мира за 4 недели (с 19 сентября по 17 октября 2023 г.)

За последние 4 недели в мире распространенность вариантов VOI во всех регионах (кроме Южной Америки) увеличилась, их доля остается преобладающей среди секвенированных геномов SARS-CoV-2, наибольшая – в странах Южной и Северной Америки, Азии (83,3%, 74,5%, 72,3% соответственно). Наибольшее количество субвариантов VUM циркулировало в Африке и Европе (50% и 28,1% соответственно) (рис. 3).

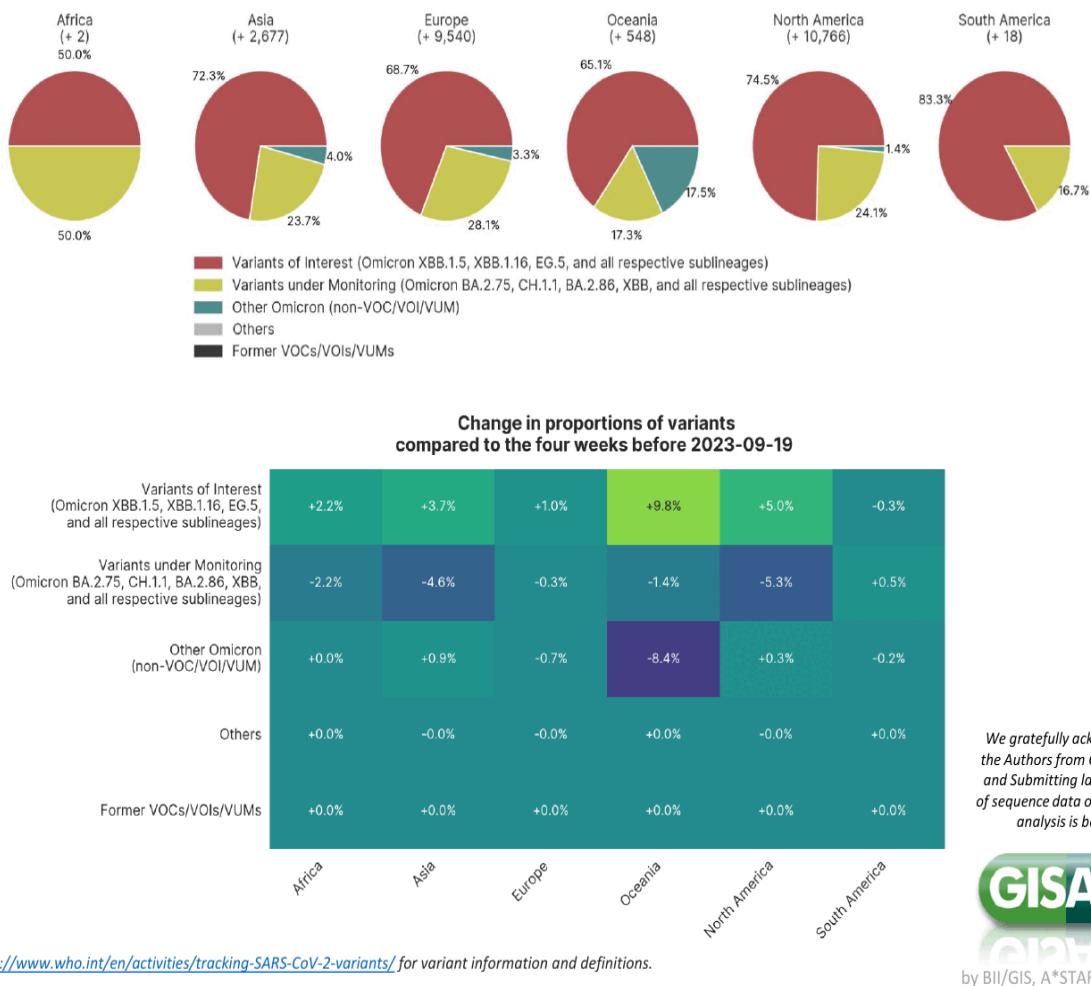


Рисунок 3. Распространение субвариантов Omicron в регионах мира, секвенированных с 19 сентября по 17 октября 2023 г.

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

По состоянию на 20 октября 2023 г. в базу данных GISAID EpiCoV последовательности, относящиеся к XBB.1.5 (Kraken) депонированы из 139 стран. Наблюдается тенденция снижения в циркуляции субварианта. За последние 4 недели наибольшее распространение субвариант получил в следующих странах: Люксембург – 18,3%, Испания – 18,2%, Бельгия – 13,4%, Япония – 12,3%, Италия – 12,4%, Швейцария – 11,9%.

Субвариант XBB.1.16 (Arcturus) депонирован из 119 стран. За последние 4 недели субвариант преимущественно выделяли в Румынии (36,6%), Польше (32,3%), Великобритании (26%), Пуэрто-Рико – 24,7%, США (22%), Хорватии (22%), Финляндии (18,4%), Швейцарии – 18,3%, Швеции (17,1%), Нидерландах (16%), Канаде (15%), Австралии – 14,9%, Франции (12,9%).

Субвариант EG.5 (Eris) секвенирован лабораториями 88 стран (на предыдущей неделе – 85 стран). Распространенность EG.5 продолжает расти. В базе данных GISAID депонировано 74 326 геномов субварианта, (на прошлой неделе – 64 401 геном). В Китае, Сингапуре, Южной Корее, Колумбии, Исландии, Канаде, Дании, Норвегии, Бельгии, Новой Зеландии, Италии, Швеции, Финляндии, Германии, Ирландии, Польше, доля субварианта среди секвенированных за последние 4 недели штаммов Omicron составила 88,8%, 79,3%, 71%, 62,5%, 60,4%, 52,9%, 52,7%, 51,4%, 50,9%, 50%, 49,4%, 48,4%, 48,3%, 48,2% соответственно.

Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)

Субвариант XBB.1.9.1 (Hyperion) секвенирован лабораториями 124 стран. Наблюдается тенденция снижения циркуляции субварианта. Распространенность за последние 4 недели составила 3,5%, наибольшая отмечена в следующих странах: Грузия (71,4%), Катар (68,2%), Пуэрто-Рико (24,7%), Исландия (14,9%), Румыния (12,7%), США (12,4%), Южная Корея (11,5%), Ирландия (11,5%), Финляндия (10,9%).

Циркуляция субварианта XBB.1.9.2 зафиксирована в 103 странах. Тенденция распространенности стабильна и не превышает 2,4%. Среди секвенированных за последние 4 недели штаммов Omicron удельный вес субварианта составил в Израиле (13,2%), Словении (8,5%), Германии (6,2%).

На 20 октября количество стран, из которых представлены геномные последовательности субварианта XBB.2.3 (Acrux) составило 111. За последние 4 недели наибольшее распространение субварианта установлено на Филиппинах (100%), Румынии (22,5%), Франции (19%), Словения (13,6%).

В базе данных GISAID геномы субварианта CH.1.1 (Orthrus) депонированы из 106 стран. Распространение субварианта в мире стабильно на уровне 2,3%. В Израиле и Испании за последние 4 недели зафиксировано наибольшее распространение субварианта на уровне 11,7%, 7,8% соответственно.

Субвариант XBB (Gryphon) циркулирует в 146 странах мира с тенденцией снижения. За последние 4 недели распространность составляет 1,7%, в Японии – 8,9%, Великобритании – 5,1%, Австралии – 4,2%.

Субвариант BA.2.86 (Pirola) по состоянию на 20 октября циркулирует в 32 странах мира. В базе данных GISAID депонировано 923 генома субварианта BA.2.86, больше всего – лабораториями Великобритании, Швеции, США, Испании, Дании, Франции, Канады, ЮАР.

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 (23.09. – 20.10.2023 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 | 166254 | 499 | 100,0 |
| Австрия (стабилизация заболеваемости) | Berghaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences | 191859 | 157 | 100,0 |
| Азербайджан (рост заболеваемости) | National Hematology and Transfusiology Center | 20 | 0 | 0,0 |
| Албания (стабилизация заболеваемости) | Respiratory Virus Unit, National Infection Service, Public Health England | 1009 | 0 | 0,0 |
| Алжир (стабилизация заболеваемости) | National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris | 575 | 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 | 138 | 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 | 9566 | 2 | 100,0 |
| Армения (рост 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(RRPECM) | | | |
| Белиз (стабилизация заболеваемости) | Texas Children's Microbiome Center | 703 | 0 | 0,0 |
| Бельгия (стабилизация заболеваемости) | KU Leuven, Rega Institute, Clinical and Epidemiological Virology | 96651 | 521 | 99,6 |
| Бенин (стабилизация заболеваемости) | Institut für Virologie – Institute of Virology – Charite | 518 | 0 | 0,0 |
| Бермудские острова (стабилизация заболеваемости) | Respiratory Virus Unit, National Infection Service, Public Health England | 210 | 0 | 0,0 |
| Болгария (стабилизация заболеваемости) | National Center of Infectious and Parasitic Diseases | 7452 | 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 | 263 | 0 | 0,0 |
| Ботсвана (стабилизация заболеваемости) | Botswana Institute for Technology Research and Innovation | 3453 | 1 | 100,0 |
| Бразилия (стабилизация заболеваемости) | Instituto Adolfo Lutz, Interdisciplinary Procedures Center, Strategic Laboratory | 113645 | 2 | 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 | 0 | 0,0 |

| | | | | |
|--|--|---------|------|-------|
| 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. | 1486759 | 4037 | 100,0 |
| 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) | 6411 | 0 | 0,0 |
| Габон (стабилизация заболеваемости) | Centre de recherches médicales de Lambaréne(CERMEL) | 2 | 0 | 0,0 |
| Гаити (стабилизация заболеваемости) | Laboratoire National de Santé Publique – LNSP(HAITI – LNSP) | 435 | 4 | 100,0 |
| 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 | 2348 | 0 | 0,0 |
| Гваделупа (стабилизация заболеваемости) | National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris | 691 | 0 | 0,0 |

| | | | | |
|--|--|--------|-----|-------|
| Гватемала (стабилизация заболеваемости) | Asociación de Salud Integral/Clínica Familiar Luis Ángel García | 3915 | 0 | 0,0 |
| 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. | 576230 | 362 | 100,0 |
| Гибралтар (стабилизация заболеваемости) | Respiratory Virus Unit, National Infection Service, Public Health England | 122 | 0 | 0,0 |
| Гондурас (стабилизация заболеваемости) | Genomics and Proteomics Department, Gorgas Memorial Institute For Health Studies | 124 | 0 | 0,0 |
| Гонконг (стабилизация заболеваемости) | Hong Kong Department of Health | 13711 | 5 | 100,0 |
| Гренада | WINDREF/SGU Laboratory | 108 | 0 | 0,0 |
| Греция (стабилизация заболеваемости) | Greek Genome Center, Biomedical Research Foundation of the Academy of Athens(BRFAA) | 19921 | 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. | 2514 | 24 | 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 Bio-science, Aalborg University. Department of Virus and Microbiological Special Diagnostics, Statens Serum Institut. | 367433 | 338 | 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 | 0 | 0,0 |
| 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 (рост заболеваемости) | Central Virology Laboratory, Israel Ministry of Health | 118186 | 560 | 97,2 |
| Индия (стабилизация заболеваемости) | Department of Neurovirology, National Institute of Mental Health and Neurosciences(NIMHANS).CSIR–Centre for Cellular and Molecular Biology | 142335 | 1 | 100,0 |
| Индонезия (стабилизация заболеваемости) | National Institute of Health Research and Development | 39689 | 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 Helsinki | 384 | 0 | 0,0 |

| | | | | |
|---|--|--------|------|-------|
| | ki, Helsinki, Finland generated and submitted to GISAID | | | |
| Иран (стабилизация заболе- ваемости) | National Reference Laboratory for COVID-19, Pasteur Institute of Iran | 2649 | 0 | 0,0 |
| Ирландия (стабилизация заболеваемости) | National Virus Reference Laboratory | 59331 | 275 | 100,0 |
| Исландия (стабилизация за- болеваемости) | Landspitali Department of Clinical Microbiology | 10978 | 108 | 100,0 |
| Испания (стабилизация за- болеваемости) | Hospital Universitario 12 de Octubre | 131058 | 789 | 100,0 |
| Италия (стабилизация забо- леваемости) | Army Medical Center, Scientific Department, Vi- rology Laboratory | 91292 | 723 | 99,9 |
| Кабо-Верде (стабилизация заболеваемости) | Institut Pasteur de Dakar | 746 | 0 | 0,0 |
| Казахстан (стабилизация заболеваемости) | Reference laboratory for the control of viral infec- tions | 2159 | 0 | 0,0 |
| Камбоджа (стабилизация заболеваемости) | Virology Unit, Institut Pasteur du Cambodge | 1931 | 0 | 0,0 |
| Камерун (стабилизация за- болеваемости) | CREMER(Centre de Recherches sur les Mal- adies Emergentes et Ré-emergentes) | 1321 | 0 | 0,0 |
| Канада (стабилизация забо- леваемости) | Laboratoire de santé publique du Québec | 314324 | 4893 | 100,0 |
| Каймановы острова | Cayman Islands Molecular Biology Laboratory | 286 | 0 | 0,0 |
| Катар (стабилизация забо- леваемости) | Biomedical Research Center(BRC), Qatar Univer- sity / Qatar Genome Project(QGP) | 1584 | 44 | 100,0 |
| Кения (стабилизация забо- леваемости) | KEMRI-Wellcome Trust Research Pro- gramme/KEMRI-CGMR-C Kilifi | 5526 | 0 | 0,0 |
| Кипр (стабилизация заболе- ваемости) | Department of Molecular Virology, Cyprus Insti- tute of Neurology and Genetics | 465 | 0 | 0,0 |

| | | | | |
|---|---|-------|-----|-------|
| Китай (стабилизация заболеваемости) | National Institute for Viral Disease Control and Prevention | 59121 | 358 | 100,0 |
| Колумбия (стабилизация заболеваемости) | Instituto Nacional de Salud– Dirección de Investigación en Salud Pública | 15162 | 9 | 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 | 9399 | 0 | 0,0 |
| 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) | 1231 | 1 | 100,0 |
| Лаос (стабилизация заболеваемости) | LOMWRU/Microbiology Laboratory, Mahosot Hospital | 898 | 1 | 100,0 |
| Латвия (стабилизация заболеваемости) | Latvian Biomedical Research and Study Centre | 14445 | 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 | 926 | 0 | 0,0 |
| 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 (стабилизация заболеваемости) | Laboratoire national de santé, Microbiology, Microbial Genomics Platform | 36631 | 97 | 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 | 32137 | 1 | 100,0 |
| 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 | 1343 | 0 | 0,0 |
| Мартиника (стабилизация заболеваемости) | CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD | 1544 | 0 | 0,0 |
| Мексика (стабилизация заболеваемости) | Instituto de Diagnostic y Referencia Epidemiologicos (INDRE) | 44491 | 0 | 0,0 |
| Мозамбик (стабилизация заболеваемости) | KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform, South Africa | 731 | 0 | 0,0 |
| Молдавия (рост заболеваемости) | ONCOGENE LLC | 698 | 0 | 0,0 |
| Монако (стабилизация заболеваемости) | National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris | 18 | 1 | 100,0 |
| 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 | 144 | 2 | 100,0 |
| 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 | 128 | 1 | 100,0 |

| | | | | |
|---|---|-------|-----|-------|
| леваемости) | for Disease Control | | | |
| Нигерия (стабилизация за- болеваемости) | African Centre of Excellence for Genomics of Infectious Diseases(ACEGID), Redeemer's University | 3196 | 0 | 0,0 |
| Нидерланды (стабилизация заболеваемости) | National Institute for Public Health and the Environment(RIVM) | 77743 | 290 | 100,0 |
| Ниуэ | Institute of Environmental Science and Research (ESR) | 39 | 0 | 0,0 |
| Новая Зеландия (стабили- зация заболеваемости) | Institute of Environmental Science and Research(ESR) | 33589 | 51 | 100,0 |
| Новая Каледония (стабили- зация заболеваемости) | Laboratoire de Microbiologie Centre Hospitalier Territorial de Nouvelle-Calédonie | 62 | 0 | 0,0 |
| Норвегия (стабилизация за- болеваемости) | Norwegian Institute of Public Health, Department of Virology | 35397 | 38 | 100,0 |
| ОАЭ (стабилизация заболе- ваемости) | Wellcome Sanger Institute for the COVID-19 Genomics UK(COG-UK) Consortium | 734 | 0 | 0,0 |
| Оман (стабилизация забо- леваемости) | Oman–National Influenza Center | 489 | 0 | 0,0 |
| Острова Кука | Institute of Environmental Science and Research (ESR) | 189 | 0 | 0,0 |
| Пакистан (стабилизация за- болеваемости) | Department of Virology, Public Health Laboratories Division | 3389 | 0 | 0,0 |
| Палау (стабилизация забо- леваемости) | Can Ruti SARS-CoV-2 Sequencing Hub (HUGTiP/IrsiCaixa/IGTP) | 74 | 0 | 0,0 |
| Палестина (стабилизация заболеваемости) | Biochemistry and Molecular Biology Department– Faculty of Medicine, Al–Quds University | 81 | 0 | 0,0 |
| Панама (стабилизация за- болеваемости) | Gorgas memorial Institute For Health Studies | 3234 | 0 | 0,0 |
| Папуа Новая Гвинея (ста- | Queensland Health Forensic and Scientific Ser- | 924 | 0 | 0,0 |

| | | | | |
|---|---|-------|----|-------|
| билизация заболеваемости) | vices | | | |
| Парагвай (стабилизация заболеваемости) | Laboratorio Central de Salud Publica de Paraguay | 2124 | 0 | 0,0 |
| Перу (стабилизация заболеваемости) | Laboratorio de Referencia Nacional de Biología Molecular. Instituto Nacional de SaludPerú | 36383 | 0 | 0,0 |
| Польша (рост заболеваемости) | genXone SA, Research & Development Laboratory | 44901 | 69 | 100,0 |
| Португалия (стабилизация заболеваемости) | Instituto Nacional de Saude(INSA) | 23660 | 0 | 0,0 |
| Пуэрто Рико (стабилизация заболеваемости) | Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery | 17990 | 34 | 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 Departament, Gorgas Memorial Institute For Health Studies | 529 | 0 | 0,0 |
| Республика Чад (стабили- | Pathogen Genomics Lab, National Institute for Bi- | 8 | 0 | 0,0 |

| | | | | |
|--|---|-------|---|-----|
| зация заболеваемости) | omedical Research (INRB), | | | |
| Реюньон (стабилизация заболеваемости) | CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD | 12132 | 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. | 46437 | 0 | 0,0 |
| Руанда (стабилизация заболеваемости) | GIGA Medical Genomics | 197 | 0 | 0,0 |
| Румыния (стабилизация заболеваемости) | National Institute of Infectious Diseases–Prof. Dr. Matei Bals Molecular Diagnostics Laboratory | 11675 | 0 | 0,0 |
| Самоа | | 169 | 0 | 0,0 |
| Саудовская Аравия (стабилизация заболеваемости) | Infectious Diseases, King Faisal Hospital Research Center | 1381 | 0 | 0,0 |
| Северная Македония (стабилизация заболеваемости) | Institute of Public Health of Republic of North Macedonia Laboratory of Virology and Molecular Diagnostics | 342 | 0 | 0,0 |
| Северные Марианские ост- | Centers for Disease Control and Prevention Divi- | 2091 | 0 | 0,0 |

| | | | | |
|--|--|-------|------|-------|
| рова (стабилизация заболеваемости) | sion of Viral Diseases, Pathogen Discovery | | | |
| Сейшельы (стабилизация заболеваемости) | KEMRI– Wellcome Trust Research Programme, Kilifi | 619 | 0 | 0,0 |
| Сенегал (стабилизация заболеваемости) | IRESSEF GENOMICS LAB | 1726 | 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 | 99 | 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 | 204 | 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 | 29916 | 1202 | 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) | 893 | 0 | 0,0 |
| Сирия (стабилизация заболеваемости) | CASE-2021-0266829 | 72 | 0 | 0,0 |
| Словакия (стабилизация заболеваемости) | Faculty of Natural Sciences, Comenius University | 27420 | 0 | 0,0 |
| Словения (стабилизация заболеваемости) | Institute of Microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, University of Ljubljana | 36426 | 183 | 100,0 |
| Соломоновы острова (стабилизация заболеваемости) | Microbiological Diagnostic Unit - Public Health | 247 | 0 | 0,0 |

| | | | | |
|---|--|---------|------|-------|
| билизация заболеваемости) | Laboratory (MDU-PHL) | | | |
| Сомали (стабилизация за- болеваемости) | National Public Health Lab- Mogadishu | 11 | 0 | 0,0 |
| Судан (стабилизация за- болеваемости) | National Institute for Communicable Diseases of the National Health Laboratory Service | 208 | 0 | 0,0 |
| Суринам (стабилизация за- болеваемости) | National Institute for Public Health and the Envi- ronment(RIVM) | 154 | 0 | 0,0 |
| США (стабилизация за- болеваемости) | Colorado Department of Public Health & Envi- ronment. Maine Health and Environmental Test- ing Laboratory. California Department of Public Health. UCSD EXCITE. | 2531748 | 7374 | 100,0 |
| Сьерра-Леоне (стабилиза- ция заболеваемости) | Central Public Health Reference Laboratory | 1 | 0 | 0,0 |
| Таиланд (стабилизация за- болеваемости) | COVID-19 Network Investigations(CONI) Alli- ance | 29016 | 0 | 0,0 |
| Тайвань (стабилизация за- болеваемости) | Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision Medicine | 3719 | 0 | 0,0 |
| Танзания (стабилизация за- болеваемости) | Jiaxing Center for Disease Control and Prevention | 11 | 0 | 0,0 |
| Теркс и Кайкос (стабилиза- ция заболеваемости) | Carrington Lab, Department of Preclinical Scienc- es, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies, St Augustine Campus | 17 | 0 | 0,0 |
| Тимор-Лешти (стабилиза- ция заболеваемости) | Microbiological Diagnostic Unit – Public Health Laboratory (MDU-PHL) | 1 | 0 | 0,0 |
| Того (стабилизация за- болеваемости) | Unité Mixte Internationale TransVIHMI(UMI 233 IRD – U1175 INSERM – Université de Montpel- lier) IRD(Institut de recherche pour le dévelloppe- ment) | 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 | 2763 | 0 | 0,0 |
| Тунис (стабилизация заболеваемости) | Laboratoire de linique linique – Institut Pasteur de Tunis | 688 | 0 | 0,0 |
| Турция (стабилизация заболеваемости) | Ministry of Health Turkey | 21540 | 0 | 0,0 |
| Уганда (стабилизация заболеваемости) | MRC/UVRI & LSHTM Uganda Research Unit | 822 | 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” | 3711 | 5 | 100,0 |
| Узбекистан (стабилизация заболеваемости) | Center for Advanced Technologies | 61 | 0 | 0,0 |
| Уругвай (стабилизация заболеваемости) | Departamento Laboratorios de Salud Pública (DLSP) Ministerio de Salud Pública | 247 | 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 | 14996 | 2 | 100,0 |
| Финляндия (стабилизация заболеваемости) | Department of Virology, Faculty of Medicine, University of Helsinki | 23757 | 155 | 100,0 |
| Франция (стабилизация заболеваемости) | CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD | 387487 | 1986 | 100,0 |
| Французская Гвиана (стабилизация заболеваемости) | National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris | 1682 | 0 | 0,0 |

| | | | | |
|---|---|--------|-----|-------|
| Французская Полинезия (стабилизация заболеваемости) | National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris | 13 | 0 | 0,0 |
| Хорватия (стабилизация заболеваемости) | Croatian Institute of Public Health | 25225 | 63 | 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 | 491 | 7 | 100,0 |
| Чехия (стабилизация заболеваемости) | The National Institute of Public Health | 33659 | 7 | 100,0 |
| Чили (рост заболеваемости) | Instituto de Salud Publica de Chile | 26063 | 0 | 0,0 |
| Швейцария (стабилизация заболеваемости) | Department of Biosystems Science and Engineering, ETH Zürich. | 55451 | 217 | 100,0 |
| Швеция (стабилизация заболеваемости) | The Public Health Agency of Sweden | 117828 | 745 | 99,9 |
| 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 Investigaciónen Salud Pública, INSPI | 6135 | 8 | 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 за- | International Centre for Genetic Engineering and | 119 | 0 | 0,0 |

| | | | | |
|---|--|--------|------|-------|
| болеваемости) | Biotechnology(ICGEB) and ARGO Open Lab for Genome Sequencing | | | |
| ЮАР (стабилизация заболеваемости) | KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform. | 26862 | 0 | 0,0 |
| Южная Корея (стабилизация заболеваемости) | Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency | 143099 | 83 | 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 | 445490 | 1088 | 100,0 |

Публикации:

1. ACS Infect Dis . 2023 Oct 18.

doi: 10.1021/acsinfecdis.3c00312. Online ahead of print.

Raman Fingerprints of SARS-CoV-2 Omicron Subvariants: Molecular Roots of Virological Characteristics and Evolutionary Directions

Рамановские фингерпринты субвариантов омикрон SARS-CoV-2: молекулярные корни вирусологических характеристик и направления эволюции

Giuseppe Pezzotti , Eriko Ohgitani, Yuki Fujita и др.

Авторы систематически собирали спектры комбинационного рассеяния у шести подвариантов Omicron в Японии (т.е. BA.1.18, BA.2, BA.4, BA.5, XE и BA.2.75), и применяли алгоритмы машинного обучения для расшифровки их структурных характеристик в молекулярном масштабе. Уникальные рамановские отпечатки ротамеров серосодержащих аминокислот, пуринов и пириимидинов РНК, конфигураций фенольных колец тирозина и вторичных белковых структур четко отличали шесть подвариантов Омикрон. Эти спектральные характеристики, связанные с заразностью и склонностью к уклонению от иммунитета, выявили эволюционные мотивы, которые можно сравнить с результатами геномных исследований. Доступность рамановского «метаболомного снимка», который затем был преобразован в штрих-код для быстрой идентификации подварианта, открыла путь для рационализации активности и изменчивости SARS-CoV-2 в режиме реального времени. В качестве доказательства концепции авторы применили процедуру рамановского штрих-кода к образцу мазка из носа, полученному от пациента с SARS-CoV-2, и идентифицировали его подвариант Omicron, объединив коммерчески доступную технологию магнитных шариков с недавно разработанными рамановскими анализами.

2. Comput Biophys Chem. 2023 Aug;22(5):569-587.

doi: 10.1142/s2737416523500278. Epub 2023 Jun 8.

Persistent topological Laplacian analysis of SARS-CoV-2 variants

Постоянный топологический лапласовский анализ вариантов SARS-CoV-2

Xiaoqi Wei, Jiahui Chen, Guo-Wei Wei

Изучали возможности моделирования и анализа постоянных топологических лапласиан (PTL) при изучении белковых структур спайкового рецептор-связывающего домена (RBD) SARS-CoV-2. Авторы использовали PTL для изучения того, как вызванные мутацией в RBD структурные изменения комплексов связывания RBD-ангиотензинпревращающего фермента 2 (ACE2) отражаются в изменениях спектров PTL среди вариантов SARS-CoV-2. Кроме того, они использовали PTL для анализа связывания RBD и структурных изменений, вызванных ACE2 у различных вариантов SARS-CoV-2. Наконец, они изучили влияние структур RBD,

созданных с помощью вычислений, на топологическую парадигму глубокого обучения и прогнозы наборов данных глубокого мутационного сканирования для варианта SARS-CoV-2 Omicron BA.2. Полученные результаты показывают, что PTL имеют преимущества перед стойкой гомологией при анализе структурных изменений белков и предоставляют новый мощный инструмент изучения данных.

3. Comput Struct Biotechnol J. 2023 Sep 28:21:4816-4824.
doi: 10.1016/j.csbj.2023.09.033. eCollection 2023.

Fast end-to-end surface interpretation of SARS-CoV-2 variants by differentiable molecular surface interaction fingerprinting method

Быстрая комплексная поверхностная интерпретация у вариантов SARS-CoV-2 с помощью метода дифференцируемой молекулярной поверхностной идентификации.

Ziyang Zheng, Yanqi Jiao, Haixin You, Junfeng An, Yao Sun

Используемые в настоящее время методы геометрического глубокого обучения основаны на сетчатых представлениях белков для идентификации потенциальных целей связывания лекарств. Однако использование сеток имеет ограничения и неприменимо для многих важных задач молекулярной биологии. Чтобы устранить эти ограничения, авторы применили метод дифференцируемой молекулярной поверхностной идентификации (dMaSIF), который основан на трехмерных облаках точек и новом эффективном геометрическом сверточном слое для быстрого прогнозирования мест взаимодействия на поверхности белка. Четко визуализируются различные структуры сайтов связывания для Delta, Omicron и его подвариантов. Авторы обнаружили, что Delta и Omicron демонстрируют схожие паттерны поверхностного связывания, тогда как BA.2, BA.2.13, BA.3 и BA.4 демонстрируют схожие структуры. BA.4 обладает более высоким соотношением сайтов положительного взаимодействия, чем другие, что может объяснять его более высокую передачу и инфицирование среди людей. Кроме того, соотношение сайтов положительного взаимодействия BA.2, BA.2.13, BA.3 выше, чем у Delta и Omicron, что соответствует их скорости передачи и заражения. Данная работа предложит новый эффективный способ анализа белок-белкового взаимодействия вариантов SARS-CoV-2.

4. Eur Rev Med Pharmacol Sci. 2023 Oct;27(19):9470-9476.
doi: 10.26355/eurrev_202310_33975.

Omicron new variant BA.2.86 (Pirola): Epidemiological, biological, and clinical characteristics - a global data-based analysis

Новый вариант Omicron BA.2.86 (Пирола): эпидемиологические, биологические и клинические характеристики – глобальный анализ на основе данных

S A Meo, A S Meo, D C Klonof

Новый вариант SARS-CoV-2, BA.2.86, также известный как Pirola, представляет собой субвариант Omicron, вызывающий большую обеспокоенность, поскольку было обнаружено, что он содержит большое количество мутаций. Целью данного исследования является изучение и выявление биологических и клинических характеристик этого нового варианта SARS-CoV-2. Это обсервационное исследование было проведено на кафедре физиологии Медицинского колледжа Университета короля Сауда, Эр-Рияд, Саудовская Аравия. Поиск литературы проводился по ключевым терминам, включая «SARS-CoV-2, Омикрон, BA.2.86, Пирола, эпидемиология, клинические характеристики». Данные по Омикрон BA.2.86 были получены от Всемирной организации здравоохранения (ВОЗ), Центров по контролю и профилактике заболеваний (CDC), Глобальной инициативы по обмену всеми данными о гриппе (GSIAD), PubMed, Web of Science, региональных министерств, исследовательских институтов и международные печатные СМИ. Первоначально было идентифицировано 26 документов, и 10 документов были включены в анализ данных. Информация о распространенности и биологических характеристиках нового варианта SARS-CoV-2, Omicron BA.2.86, была записана и синтезирована для анализа. Омикрон BA.2.86 был выявлен в 23 странах с 264 подтвержденными случаями по состоянию на 28 сентября 2023 г. Число и распределение этих случаев охватывают Великобританию 66 (25,0%), США 34 (12,87%), Данию 31 (11,74 %), Швецию 25 (9,46%), ЮАР 20 (7,57%), Испанию 20 (7,57%), Францию 15 (5,68%), Португалию 7 (2,65%), Японию 6 (2,27%), Канаду 5 (1,89). %), Таиланд 5 (1,89 %), Израиль 5 (1,89 %), Грецию 5 (1,89 %), Германию 3 (1,13 %), Бельгию 3 (1,13 %), Люксембург 3 (1,13 %), Нидерланды 3 (1,13 %), Южную Корею 3 (1,13%). Однако по одному случаю было зарегистрировано в Австралии, Италии, Исландии, Швейцарии и Китае. Заболевание чаще регистрируется у женщин (71,0%), чем у мужчин (29,0%). На сегодняшний день сообщений о летальных исходах не поступало. Новый вариант распространился быстрее, чем другие варианты SARS-CoV-2, и пересек многие международные границы. Новый вариант Omicron BA.2.86 затронул 264 человека в 23 странах. Заболевание чаще встречается у женщин, чем у мужчин, и поражает преимущественно людей пожилого возраста (старше 60 лет). Однако о смертельных случаях не сообщалось. Этот вариант быстро распространяется и передается еще быстрее. Клинические проявления у пациентов с вариантом Омикрон BA.2.86 недостаточно документированы и могут быть сходны с таковыми при более ранних штаммах COVID-19, проявляясь легкими инфекционными симптомами, включая головную боль, боль в теле, кашель, лихорадку, генерализованную миалгию и сильную усталость. Мировые органы здравоохранения должны принять профилактические меры, чтобы остановить вспышку этого нового варианта по всему миру, чтобы минимизировать бремя болезни.

5. Front Immunol. 2023 Oct 2:14:1209513.

doi: 10.3389/fimmu.2023.1209513. eCollection 2023.

Genome sequencing of SARS-CoV-2 omicron variants in Delhi reveals alterations in immunogenic regions in spike glycoprotein

Секвенирование генома варианта SARS-CoV-2 омикрон в Дели выявило изменения в иммуногенных областях спайкового гликопротеина.

Sristy Shikha, Mukesh Kumar Jogi, Ruchika Jha и др.

Исследование выявило некоторые мутации (реверсия Y505, G339H и R346T/N) в геномах SARS-CoV-2 из Дели, Индия, и их вероятное значение для изменения иммунного ответа и сродства с ACE-2. Спайковые мутации повлияли на нейтрализующую активность антител против варианта омикрон, который демонстрирует частичное ускользание от иммунитета. Тем не менее, исследователи в настоящее время изучают различные стратегии смягчения последствий, чтобы справиться с потенциальным снижением эффективности или действенности иммунопрепараторов против существующих и будущих вариантов SARS-CoV-2. Эти стратегии включают модификацию вакцин для воздействия на конкретные варианты, такие как вариант омикрон, разработку составов поливалентных вакцин и изучение альтернативных методов доставки. Чтобы решить эту проблему, необходимо также понять влияние этих мутаций с другой точки зрения, особенно с точки зрения изменений антигенных детерминант. Авторы провели полногеномное секвенирование (WGS) SARS-CoV-2 в образцах от больных COVID-19 из Дели и проанализировали мутацию спайка с упором на антигенные изменения. Изучено влияние мутации на образование эпитопов, потерю/прирост эффективности и взаимодействие эпитопов с антителами. Некоторые из мутаций или вариантов геномов, похоже, являются прародителями будущих вариантов в Индии. Этот анализ показал, что ослабление взаимодействия с антителами может привести к иммунной резистентности в циркулирующих штаммах.

6. Nat Microbiol. 2023 Oct 16.

doi: 10.1038/s41564-023-01504-w.

SARS-CoV-2 evolution in the Omicron era

Эволюция SARS-CoV-2 в эру Omicron

Cornelius Roemer, Daniel J Sheward, Ryan Hisner и др.

Обзор. С тех пор, как в 2022 году появился и распространился SARS-CoV-2 BA.5 (Омикрон), его линии заметно разнообразились. Авторы рассматривают эволюционные траектории и процессы, лежащие в основе возникновения этих линий, и определяют наиболее распространенные подлинни. Они обсуждают потенциальное происхождение линий BA.2 второго поколения. Простая и сложная рекомбинация, антигенный дрейф и конвергентная эволюция позволили SARS-CoV-2 накапливать мутации, изменяющие его антигенност. Авторы также обсуждают потенциальные траектории эволюции SARS-CoV-2 в будущем.

7. Sci Rep. 2023 Oct 14;13(1):17478.

doi: 10.1038/s41598-023-44796-y.

Tracking SARS-CoV-2 Omicron lineages using real-time reverse transcriptase PCR assays and prospective comparison with genome sequencing

Отслеживание линий SARS-CoV-2 Omicron с использованием ПЦР-анализа с обратной транскриптазой в реальном времени и проспективного сравнения с секвенированием генома

Nathan Zelyas, Kanti Pabbaraju, Matthew A Croxen

Омикрон стал доминирующим вариантом SARS-CoV-2 во всем мире с декабря 2021 года, при этом отдельные волны связаны с отдельными сублиниями Омикрона. Быстрое обнаружение BA.1, BA.2, BA.4 и BA.5 было достигнуто в провинции Альберта, Канада, благодаря разработке и внедрению ПЦР-анализов с обратной транскриптазой в реальном времени, нацеленных на S:N501Y, S:ins214EPE, S:H69/V70, ORF7b:L11F и M:D3N. Используя комбинацию результатов для каждого из этих маркеров, образцы можно отнести к сублиниям в пределах BA.1, BA.2, BA.4 или BA.5. Аналитическая чувствительность этих маркеров колебалась от 132 до 2229 копий/мл, а лабораторная точность составляла 98,9-100%. По сравнению с секвенированием генома было продемонстрировано соответствие на 97,3% при исследовании 12 592 образцов. Использование этих анализов в сочетании с секвенированием генома облегчило наблюдение за линиями SARS-CoV-2 на протяжении всего периода доминирования BA.5.

8. Sci Total Environ. 2023 Oct 16:167844.

doi: 10.1016/j.scitotenv.2023.167844. Online ahead of print.

Development of highly sensitive one-step reverse transcription-quantitative PCR for SARS-CoV-2 detection in wastewater

Разработка высокочувствительной одноэтапной количественной ПЦР с обратной транскрипцией для обнаружения SARS-CoV-2 в сточных водах

Sunayana Raya, Bikash Malla, Ocean Thakali и др.

Это исследование было проведено для мониторинга РНК SARS-CoV-2 и специфичных для вариантов мутаций в сточных водах с использованием количественной полимеразной цепной реакции с обратной транскрипцией (RT-qPCR). Одноэтапная RT-qPCR с использованием набора для обнаружения SARS-CoV-2 в сточных водах (Takara Bio), который одновременно амплифицировал две области N-гена с использованием анализов CDC N1 и N2 с одним флуоресцентным красителем, продемонстрировала лучшую эффективность при обнаружении РНК SARS-CoV-2 (положительный коэффициент, 66 %) по сравнению с двухэтапной RT-qPCR с использованием анализа CDC N1 или N2 (40 % каждый и 52 % в сочетании) со значительно более низкими значениями Ct. Одноэтапный анализ RT-qPCR выявил РНК SARS-CoV-2 в 59 % (38/64) образцов поступающей воды, собранных на

очистных сооружениях в Японии в период с января 2021 года по март 2022 года. Корреляция между концентрацией РНК SARS-CoV-2 в сточных водах, и количеством случаев COVID-19, регистрируемых каждый день в течение 7 дней до и после отбора проб, было значительным ($p < 0,05$, $r = 0,76 \pm 0,03$). Тридцать один образец был дополнительно протестирован с помощью сайт-специфической одноэтапной ОТ-кПЦР с шестью мутациями (E484K, L452R, N501Y, T478K, G339D и E484A). Мутация N501Y была обнаружена в период с марта по июнь 2021 года, но была заменена мутациями L452R и T478K в период с июля по октябрь 2021 года, что отражает переход от альфа- к дельта-вариантам в исследуемом регионе. Мутации G339D и E484A были выявлены в январе 2022 года и позже, когда заболеваемость вариантом Омикрон достигла пика. Эти результаты показывают, что исследование сточных вод может быть эффективно использовано в качестве дополнения к клиническим тестам для отслеживания распространения COVID-19 и мониторинга циркулирующих вариантов.