

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 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 **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 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.

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 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 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%), HK.3 (6,89%), XBB.1.16.6 (5,91%).

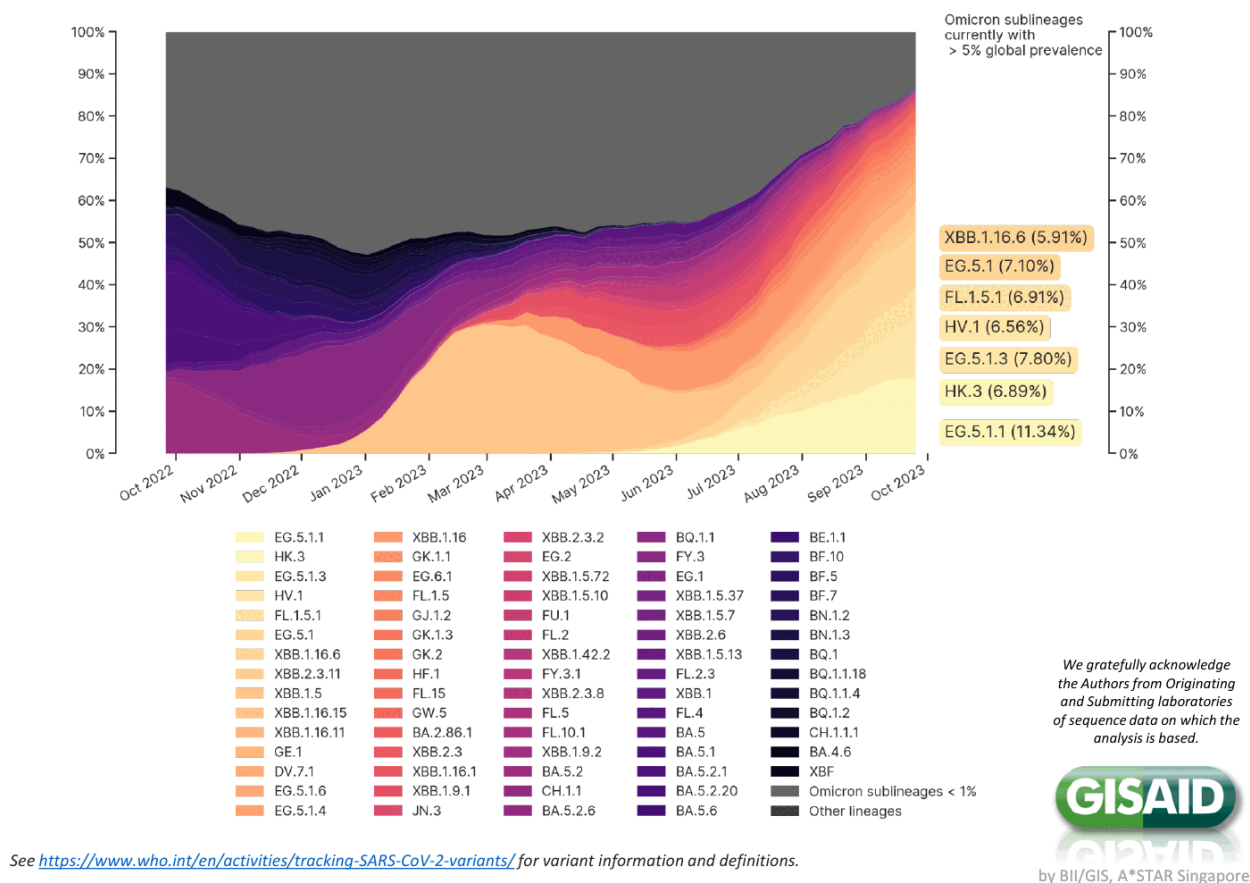


Рисунок 1. Распространение субвариантов Omicron в мире
(по состоянию на 17.10.2023 г.)

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 – НК.3 (24,73%) и EG.5.1.1 (16,88%), в Тихоокеанском регионе – EG 5.1.1 (13,87%) и НК.3 (12,23%), в Южной Америке – ХВВ.1.5 (16,67%). В Северной Америке за последние 4 недели преобладали субварианты НВ.1 (12,28%), EG.5.1.1 (10,37%) и FL.1.5.1 (9,84%). В странах Африки – ВА.2.86.2 и ХВВ.1.5.59 (50% и 50% соответственно).

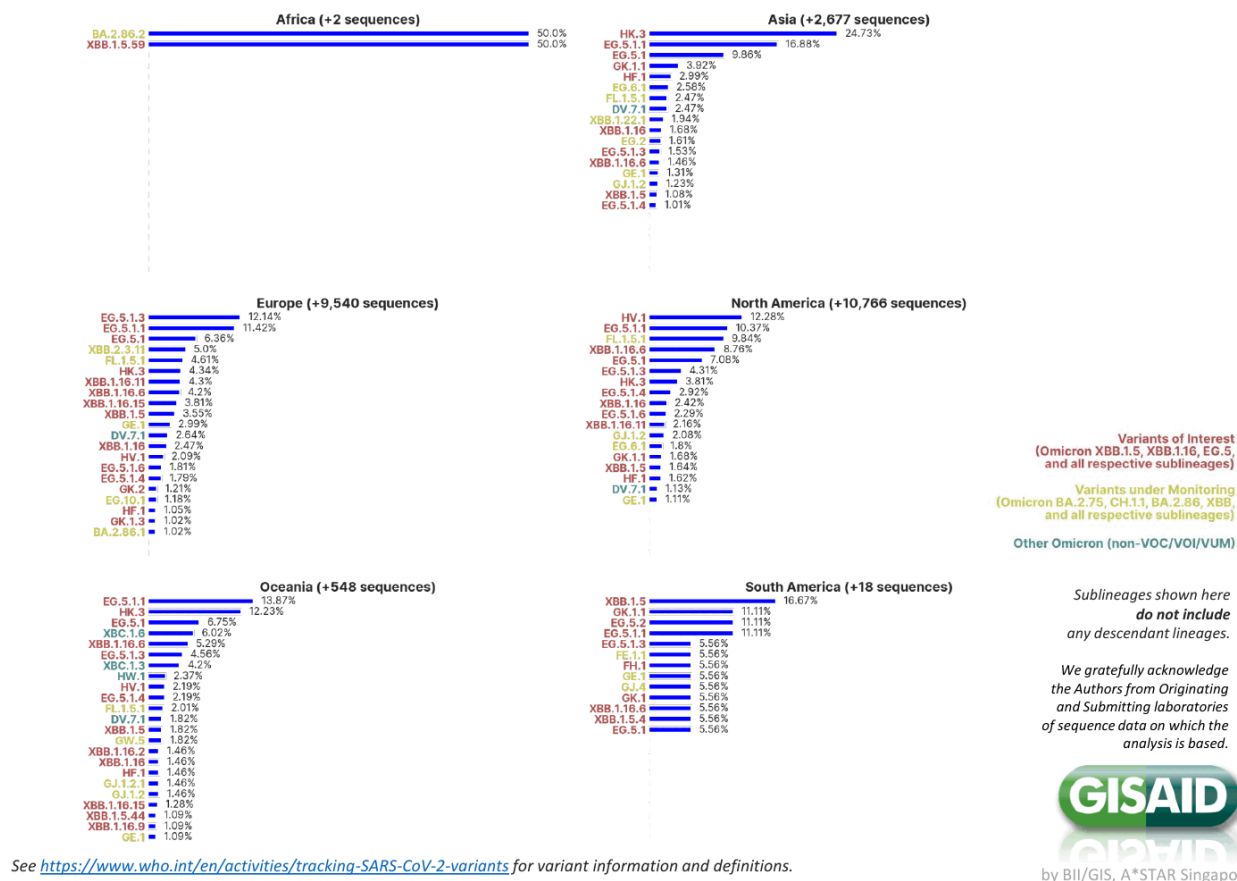
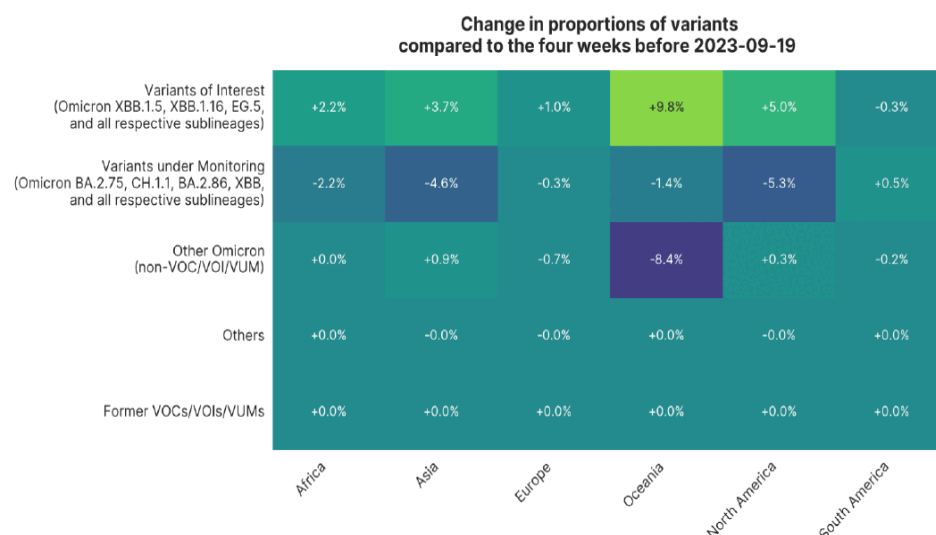
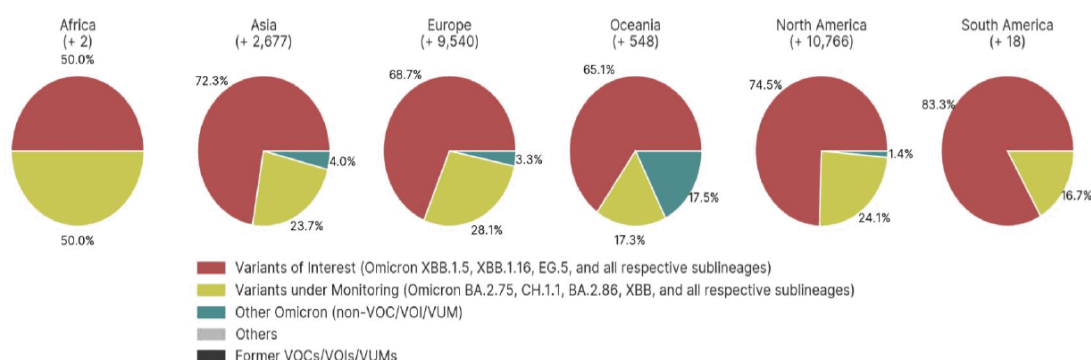


Рисунок 2. Распространение субвариантов Omicron в регионах мира за 4 недели (с 19 сентября по 17 октября 2023 г.)

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).



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



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

Рисунок 3. Распространение субвариантов Omicron в регионах мира, 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 (Acruх) 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 распространенность 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(RRPCEM)			
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 Lambaréné(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 Bioscience, 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 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	59331	275	100,0
Исландия (стабилизация заболеваемости)	Landspítali Department of Clinical Microbiology	10978	108	100,0
Испания (стабилизация заболеваемости)	Hospital Universitario 12 de Octubre	131058	789	100,0
Италия (стабилизация заболеваемости)	Army Medical Center, Scientific Department, Virology 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 infections	2159	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)	1321	0	0,0
Канада (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de santé publique du Québec	314324	4893	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)	1584	44	100,0
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	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)	Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	1383	0	0,0
Люксембург (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire national de santé, Microbiology, Microbial Genomics Platform	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 Diagnostico 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 заболеваемости)	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 (стабилизация заболеваемости)	Institute of Environmental Science and Research(ESR)	33589	51	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	35397	38	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	489	0	0,0
Острова Кука	Institute of Environmental Science and Research (ESR)	189	0	0,0
Пакистан (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Public Health Laboratories Division	3389	0	0,0
Палау (стабилизация заболеваемости)	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 заболеваемости)	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 Biotecnología y Biología Molecular. Instituto Nacional de Salud Perú	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 Department, 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 за- болеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	12132	0	0,0
Россия (стабилизация забо- леваемости)	WHO National Influenza Centre Russian Federa- tion. Center for Precision Genome Editing and Genetic Technologies for Biomedicine, Pirogov Medical University, Moscow, Russian Federation. Federal Budget Institution of Science, State Re- search Center for Applied Microbiology & Bio- technology. Group of Genetic Engineeing and Biotechnology, Federal Budget Institution of Sci- ence ‘Central Research Institute of Epidemiology’ of The Federal Service on Customers’ Rights Pro- tection and Human Well-being Surveillance. State Research Center of Virology and Biotechnology VECTOR, Department of Collection of Microor- ganisms.	46437	0	0,0
Руанда (стабилизация забо- леваемости)	GIGA Medical Genomics	197	0	0,0
Румыния (стабилизация за- болеваемости)	National Institute of Infectious Diseases–Prof. Dr. Matei Bals Molecular Diagnostics Laboratory	11675	0	0,0
Самоа		169	0	0,0
Саудовская Аравия (стаби- лизация заболеваемости)	Infectious Diseases, King Faisal Hospital Re- search Center	1381	0	0,0
Северная Македония (ста- билизация 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			
Сейшелы (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 (ста-	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 забо- леваемости)	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 забо- леваемости)	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 (стабильна- 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 (стабильна- 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 (стабильна- ция заболеваемости)	Microbiological Diagnostic Unit – Public Health Laboratory (MDU–PHL)	1	0	0,0
Того (стабилизация заболе- ваемости)	Unité Mixte Internationale TransVIHMI(UMI 233 IRD – U1175 INSERM – Université de Montpel- lier) IRD(Institut de recherche pour le développe- 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 Investigación en 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 отпечатки 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 пиримидинов 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 «метаболического 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.

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 иммунопрепаратов 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 подлинии. 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 антигенность. 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.