

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 28 октября по 3 ноября 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 28 октября по 3 ноября 2023 г.

По состоянию на 3 ноября 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. В группу циркулирующих вариантов, находящихся под наблюдением (VUM) включены генетические линии: DV.7, ХВВ, ХВВ.1.9.1, ХВВ.1.9.2, ХВВ.2.3, ВА.2.86. Субвариант DV.7 впервые секвенирован 19.01.2023г., классифицирован Технической консультативной группой по эволюции вируса SARS-CoV-2 (TAG-VE) как VUM 23.10.2023г.

На сегодняшний день в базе данных GISAID всего представлено 16 184 483 генома вируса SARS-COV-2 (за неделю депонировано 20 703 последовательности). В мире странами – лидерами по количеству депонированных геномных последовательностей вируса SARS-CoV-2 остаются США – (4 951 859 геномов – 30,6% от всех размещенных в GISAID) и Великобритания (3 118 747 геномов – 19,3%).

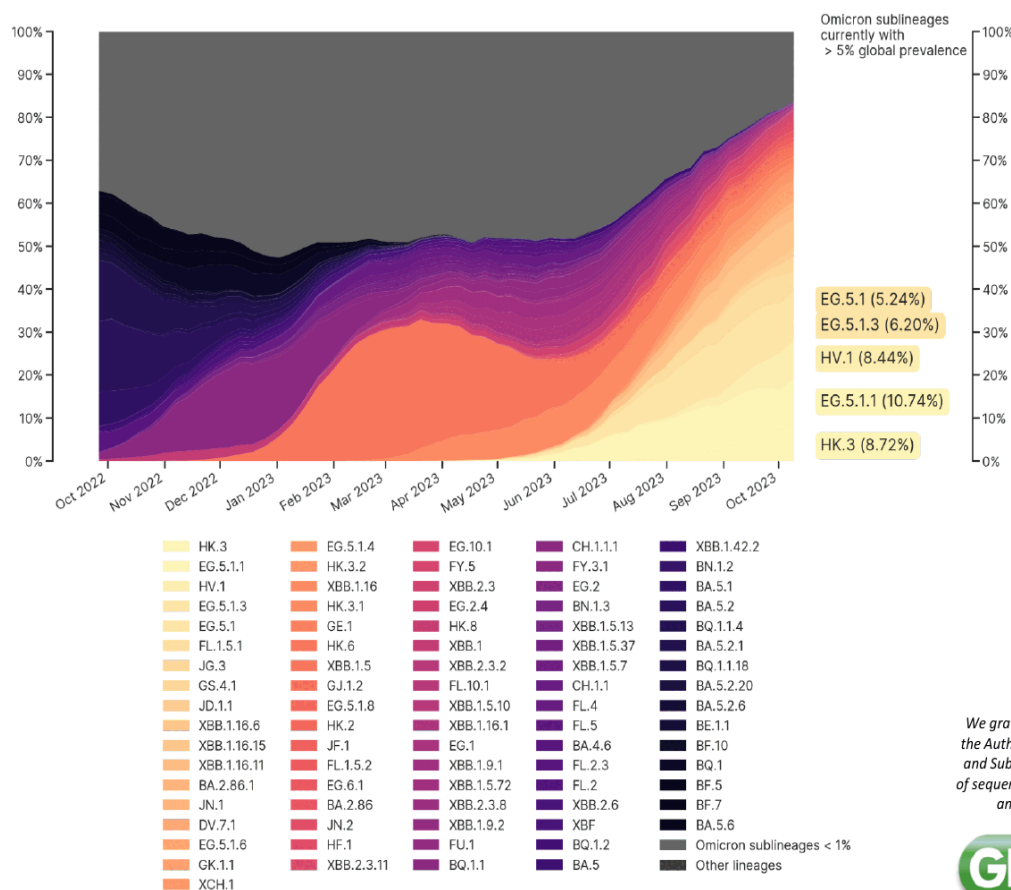
Всего в базу данных GISAID депонировано 8 698 325 геномов варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 20 378 геномных последовательностей – 98,4% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 92,2%). Российскими лабораториями размещены 79 569 геномных последовательностей SARS-COV-2, в том числе варианта Omicron – 47 381 геном.

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, Республика Вануату, Румыния, Россия, Руанда, Сальвадор, Сен-Мартен, Синт-Мартен, Саудовская Аравия, Северная Македония, Северные Марианские острова, Сенегал, Союз Коморских Островов, Сьерра-Леоне, Словакия, Словения, Сингапур, Сирия, США, Сент-Китс и Невис, Сент-Винсент и Гренадины, Сент-Люсия, Синт-Мартен, Содружество Багамских Островов, Сомали, Судан, Таиланд, Тайвань, Танзания, Теркс и Кайкос, Того, 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 46 стран (21,4%) (за предыдущие – 44 страны (20,5%)) 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 (10,74%), HK.3 (8,72%), HV.1 (8,44%), EG.5.1.3 (6,2%), EG.5.1 (5,24%).



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

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



by BII/GIS, A*STAR Singapore

Рисунок 1. Распространение субвариантов Omicron в мире
(по состоянию на 31.10.2023 г.)

Генетическое разнообразие циркулирующих в регионах мира субвариантов Omicron за последние 4 недели показано на рисунке 2. В Европе продолжают доминировать субварианты EG.5.1.1 и EG 5.1.3 (8,86% и 8,25% соответственно), Северной Америке – HV.1 (16,51%), EG.5.1.1 (9,03%), FL.1.5.1 (7,99%), Южной Америке за последние 4 недели преобладали субварианты GK.1 (34%), в странах Азии – HK.3 (36,68%), в Тихоокеанском регионе – EG 5.1.1 (14,65%) и HK.3 (9,34%).

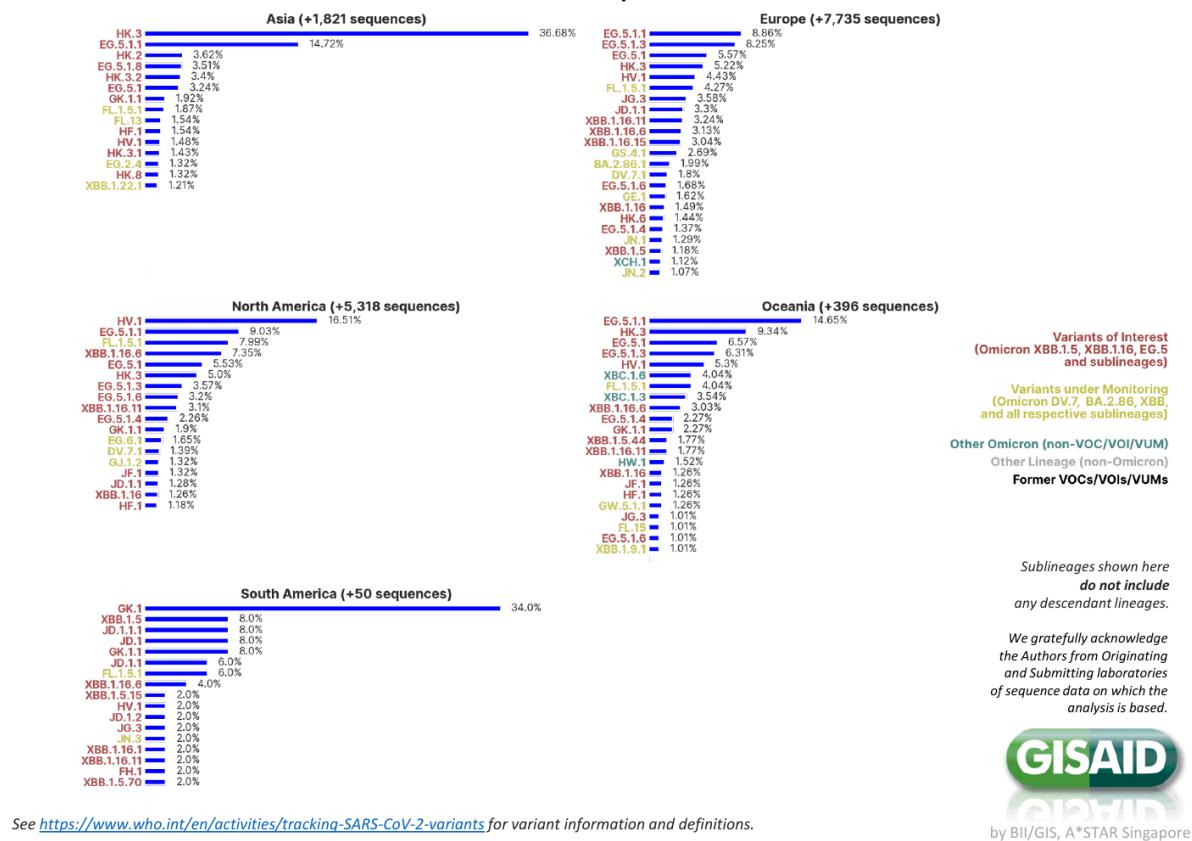


Рисунок 2. Распространение субвариантов Omicron в регионах мира за 4 недели (с 3 по 31 октября 2023 г.)

За последние 4 недели распространенность вариантов VOI во всех регионах продолжала рост, их доля остается преобладающей среди секвенированных геномов SARS-CoV-2, наибольшая – в странах Южной и Северной Америки, Азии (92,0% и 77,1%, 81,5% соответственно) (рис. 3).



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

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

GISAID
by BII/GIS, A*STAR Singapore

Рисунок 3. Распространение субвариантов Omicron в регионах мира, секвенированных с 3 по 31 октября 2023 г.

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

По состоянию на 3 ноября 2023 г. в базу данных GISAID EpiCoV последовательности, относящиеся к XBB.1.5 (Kraken) депонированы из 139 стран. В циркуляции субварианта наблюдается тенденция снижения. За последние 4 недели наибольшее распространение субвариант получил в следующих странах: Бразилия – 83%, Испания – 16,5%, Япония – 15,6%, Португалия – 15%, Бельгия – 13,2%, Италия – 11,1%, Польша – 10,4%.

Субвариант XBB.1.16 (Arcturus) депонирован из 120 стран. За последние 4 недели субвариант преимущественно выделяли в Индии (25%), Великобритании (23,2%), США (20,1%), Таиланде (19,4%), Словении (17,7%), Австралии (14,3%), Австрии (14%), Израиле (12,8%), Германии (12%), Канаде (11,4%), Швейцарии – (10,5%).

Субвариант EG.5 (Eris) секвенирован лабораториями 91 страны (на предыдущей неделе – 90 стран). EG.5 по-прежнему является наиболее распространенным представляющим интерес вариантом, доля которого продолжает расти. В базе данных GISAID депонировано 93 484 генома субварианта, (на прошлой неделе – 80 343 генома). В странах Азии – Китае, Гонконге, Сингапуре, Южной Корее доля субварианта среди секвенированных за последние 4 недели штаммов Omicron составила 87%, 83%, 77%, 56%,

соответственно. В Европе значительное распространение субварианта отмечено в Норвегии, Словакии, Финляндии, Бельгии, Дании, Швеции, Португалии, Нидерландах, Италии, где доля субварианта среди секвенированных за последние 4 недели штаммов Omicron составила от 58% до 46%.

Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)

Субвариант ХВВ.1.9.1 (Hupregion) секвенирован лабораториями 125 стран. Тенденция распространения субварианта стабильна. Распространенность варианта за последние 4 недели составила в Австрии – 11,3%, США – 10,1%, Швейцарии – 9,5%, Ирландии – 9,3%, Бельгии – 9,1%, Италии – 8,7%, Германии – 8%.

Циркуляция субварианта ХВВ.1.9.2 зафиксирована в 104 странах. Распространенность субварианта снизилась до уровня 2,1%.

На 3 ноября количество стран, из которых представлены геномные последовательности субварианта ХВВ.2.3 (Acrux) составило 111. За последние 4 недели наибольшее распространение субварианта установлено в Катаре (20%), Словении (11%), Великобритании (9%), Испании (9%).

Субвариант ХВВ (Gryphon) циркулирует в 146 странах мира с тенденцией снижения. За последние 4 недели распространенность составляла 3,3%

Субвариант ВА.2.86 (Pirola) по состоянию на 3 ноября циркулирует в 38 странах мира. В базе данных GISAID депонировано 1 865 геномов субварианта, больше всего – лабораториями Великобритании, Швеции, Франции, Испании, Канады, США, Дании. По данным ВОЗ субвариант продемонстрировал небольшое увеличение количества мутаций за последний месяц. Трекеры вариантов отслеживают распространение вариантов ВА.2.86 с еще большим количеством мутаций, особенно JN.1 (мутация JN.1 L455S обладает свойствами уклонения от иммунитета) [<https://www.cidrap.umn.edu/covid-19/us-global-covid-19-markers-show-declines>].

Глобальная распространенность субварианта DV.7, который является потомком СН.1.1, демонстрирует медленный рост. В GSAID загружено 3313 геномных последовательностей субварианта DV.7, из которых – более 90% из стран Европы.

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 (07.10. – 03.11.2023 г.)	Процент геномов, относящихся к варианту Omicron (B.1.1.529), депонированных за последние 4 недели
Австралия (снижение заболеваемости)	NSW Health Pathology – Institute of Clinical Pathology and Medical Research; Westmead Hospital; University of Sydney	167266	647	98,9
Австрия (стабилизация заболеваемости)	Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	192135	246	100,0
Азербайджан (стабилизация заболеваемости)	National Hematology and Transfusiology Center	20	0	0,0
Албания (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Virus Unit, National Infection Service, Public Health England	1009	0	0,0
Алжир (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	616	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	9760	0	0,0
Армения (стабилизация заболеваемости)	Institute of Molecular Biology NAS RA, Republic of Armenia, Department of Bioengineering, Bioinformatics Institute and Molecular Biology IBMPh RAU, Republic of Armenia	17	0	0,0
Аруба (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	1060	0	0,0
Афганистан (рост 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	97173	465	99,1
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 (снижение заболеваемости)	National Center of Infectious and Parasitic Diseases	7639	19	100,0
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	0	0,0
Бразилия (снижение заболеваемости)	Instituto Adolfo Lutz, Interdisciplinary Procedures Center, Strategic Laboratory	114626	65	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.	1491415	3992	99,7
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 Lambaré (CERMEL)	2	0	0,0
Гаити (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire National de Santé Publique – LNSP(HAITI – LNSP)	446	6	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	692	1	100,0

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 (снижение заболеваемости)	Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie. Institute of infectious medicine & hospital hygiene, CaSe-Group.	576698	318	97,5
Гибралтар (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Virus Unit, National Infection Service, Public Health England	122	0	0,0
Гондурас (стабилизация заболеваемости)	Genomics and Proteomics Departament, Gorgas Memorial Institute For Health Studies	124	0	0,0
Гонконг (стабилизация заболеваемости)	Hong Kong Department of Health	13723	4	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.	2555	4	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.	367935	403	99,3

Доминика (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies, St Augustine Campus	10	0	0,0
Доминиканская Республика (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Viruses Branch, Centers for Disease Control and Prevention, USA	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 (стабилизация заболеваемости)	Central Virology Laboratory, Israel Ministry of Health	118381	277	92,0
Индия (стабилизация заболеваемости)	Department of Neurovirology, National Institute of Mental Health and Neurosciences(NIMHANS).CSIR–Centre for Cellular and Molecular Biology	142391	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, Helsinki, Finland generated and submitted to GISAID	407	0	0,0
Иран (стабилизация заболеваемости)	National Reference Laboratory for COVID-19, Pasteur Institute of Iran	2852	0	0,0
Ирландия (стабилизация заболеваемости)	National Virus Reference Laboratory	59652	246	100,0
Исландия (стабилизация заболеваемости)	Landspítali Department of Clinical Microbiology	11069	105	100,0
Испания (стабилизация заболеваемости)	Hospital Universitario 12 de Octubre	133036	627	97,7
Италия (стабилизация заболеваемости)	Army Medical Center, Scientific Department, Virology Laboratory	92461	910	98,8
Кабо-Верде (стабилизация заболеваемости)	Institut Pasteur de Dakar	746	0	0,0
Казахстан (стабилизация заболеваемости)	Reference laboratory for the control of viral infections	2210	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 (снижение заболеваемости)	Laboratoire de santé publique du Québec	320998	5765	98,6
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	30	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	60379	435	100,0
Колумбия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Salud– Dirección de Investigación en Salud Pública	15224	1	100,0
Коморские острова (стабилизация заболеваемости)	KEMRI–Wellcome Trust Research Programme/KEMRI–CGMR–C Kilifi	11	0	0,0
Косово (стабилизация заболеваемости)	Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie	901	0	0,0
Коста-Рика (стабилизация заболеваемости)	Inciensa, Instituto Costarricense de Investigación y Enseñanza en Nutrición y Salud	9495	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)	1232	1	100,0
Лаос (стабилизация заболеваемости)	LOMWRU/Microbiology Laboratory, Mahosot Hospital	918	3	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	139	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	931	0	0,0
Ливия (стабилизация заболеваемости)	Reference Lab for Public Health, NCDC	31	0	0,0
Литва (стабилизация заболеваемости)	Vilnius University Hospital Santaros Klinikos, Center of Laboratory Medicine	11409	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	0	0,0
Макао (стабилизация заболеваемости)	Centro de Sequenciamento Genômico	1	0	0,0
Маврикий (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	7483	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	32248	11	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)	44689	0	0,0
Мозамбик (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform, South Africa	731	0	0,0
Молдавия (стабилизация заболеваемости)	ONCOGENE LLC	698	0	0,0
Монако (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	18	0	0,0
Монголия (стабилизация заболеваемости)	National Centre for Communication Disease (NCCD) National Influenza Center	917	0	0,0
Монтсеррат (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of Preclinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies	12	0	0,0
Мьянма (стабилизация заболеваемости)	DSMRC	144	0	0,0
Намибия (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Communicable Diseases of the National Health Laboratory Service	806	0	0,0

Непал (стабилизация заболеваемости)	Molecular and Genomics Research Lab, Dhulikhel Hospital, Kathmandu University Hospital School of Public Health, The University of Hong Kong	1284	0	0,0
Нигер (стабилизация заболеваемости)	National Reference Laboratory, Nigeria Centre for Disease Control	128	0	0,0
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)	78245	327	100,0
Ниуэ	Institute of Environmental Science and Research (ESR)	39	0	0,0
Новая Зеландия (снижение заболеваемости)	Institute of Environmental Science and Research(ESR)	33589	0	0,0
Новая Каледония (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de Microbiologie Centre Hospitalier Territorial de Nouvelle-Calédonie	62	0	0,0
Норвегия (стабилизация заболеваемости)	Norwegian Institute of Public Health, Department of Virology	35434	30	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	3406	2	100,0
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 (стабилизация заболеваемости)	Queensland Health Forensic and Scientific Services	924	0	0,0
Парагвай (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio Central de Salud Publica de Paraguay	2174	0	0,0
Перу (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio de Referencia Nacional de Biotecnología y Biología Molecular. Instituto Nacional de Salud Perú	36500	0	0,0
Польша (стабилизация заболеваемости)	genXone SA, Research & Development Laboratory	44930	38	100,0
Португалия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Saude(INSA)	23848	74	100,0
Пуэрто Рико (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	18045	0	0,0
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 (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Genomics Lab, National Institute for Biomedical Research (INRB),	8	0	0,0
Реюньон (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	12132	0	0,0
Россия (рост заболеваемости)	WHO National Influenza Centre Russian Federation. Center for Precision Genome Editing and Genetic Technologies for Biomedicine, Pirogov Medical University, Moscow, Russian Federation. Federal Budget Institution of Science, State Research Center for Applied Microbiology & Biotechnology. Group of Genetic Engineering and Biotechnology, Federal Budget Institution of Science ‘Central Research Institute of Epidemiology’ of The Federal Service on Customers’ Rights Protection and Human Well-being Surveillance. State Research Center of Virology and Biotechnology VECTOR, Department of Collection of Microorganisms.	47381	40	100,0
Руанда (стабилизация заболеваемости)	GIGA Medical Genomics	197	0	0,0
Румыния (стабилизация заболеваемости)	National Institute of Infectious Diseases–Prof. Dr. Matei Bals Molecular Diagnostics Laboratory	11766	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	379	18	100,0
Северные Марианские острова (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	2091	0	0,0
Сейшель (стабилизация заболеваемости)	KEMRI– Wellcome Trust Research Programme, Kilifi	619	0	0,0
Сенегал (стабилизация заболеваемости)	IRESEF 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	30702	1241	99,9
Сен-Мартин (стабилизация заболеваемости)	Institut Pasteur	302	0	0,0
Синт–Мартен (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	898	0	0,0

Сирия (стабилизация заболеваемости)	CASE-2021-0266829	72	0	0,0
Словакия (стабилизация заболеваемости)	Faculty of Natural Sciences, Comenius University	27425	0	0,0
Словения (стабилизация заболеваемости)	Institute of Microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, University of Ljubljana	36625	207	100,0
Соломоновы острова (стабилизация заболеваемости)	Microbiological Diagnostic Unit - Public Health Laboratory (MDU-PHL)	247	0	0,0
Сомали (стабилизация заболеваемости)	National Public Health Lab- Mogadishu	11	0	0,0
Судан (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Communicable Diseases of the National Health Laboratory Service	208	0	0,0
Суринам (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	154	0	0,0
США (снижение заболеваемости)	Colorado Department of Public Health & Environment. Maine Health and Environmental Testing Laboratory. California Department of Public Health. UCSD EXCITE.	2544562	4084	99,7
Сьерра-Леоне (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Reference Laboratory	1	0	0,0
Таиланд (стабилизация заболеваемости)	COVID-19 Network Investigations(CONI) Alliance	29318	68	100,0
Тайвань (стабилизация заболеваемости)	Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision Medicine	3804	29	100,0
Танзания (стабилизация заболеваемости)	Jiaxing Center for Disease Control and Prevention	11	0	0,0

Теркс и Кайкос (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of Preclinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies, St Augustine Campus	17	0	0,0
Тимор-Лешти (стабилизация заболеваемости)	Microbiological Diagnostic Unit – Public Health Laboratory (MDU–PHL)	1	0	0,0
Того (стабилизация заболеваемости)	Unité Mixte Internationale TransVIHMI(UMI 233 IRD – U1175 INSERM – Université de Montpellier) IRD(Institut de recherche pour le développement)	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	2776	0	0,0
Тунис (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de linque linique – Institut Pasteur de Tunis	688	0	0,0
Турция (стабилизация заболеваемости)	Ministry of Health Turkey	21606	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”	3923	15	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 (снижение заболеваемости)	Philippine Genome Center	15027	5	100,0
Финляндия (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Faculty of Medicine, University of Helsinki	24004	183	100,0
Франция (снижение заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	390229	1663	99,3
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 (рост заболеваемости)	Croatian Institute of Public Health	25225	0	0,0
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	521	1	100,0
Чехия (стабилизация заболеваемости)	The National Institute of Public Health	33601	0	0,0
Чили (рост заболеваемости)	Instituto de Salud Publica de Chile	26154	0	0,0
Швейцария (рост заболеваемости)	Department of Biosystems Science and Engineering, ETH Zürich.	55713	251	100,0
Швеция (стабилизация заболеваемости)	The Public Health Agency of Sweden	118980	988	99,3
Шри-Ланка (стабилизация заболеваемости)	Centre for Dengue Research and AICBU, Department of Immunology and Molecular Medicine	1181	0	0,0

Эквадор (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública, INSPI	6202	0	0,0
Экваториальная Гвинея (стабилизация заболеваемости)	Swiss Tropical and Public Health Institute	2	0	0,0
Эсватини (стабилизация заболеваемости)	Nhlangano Health Centre(National Institute for Communicable Diseases of the National Health Laboratory Service)	676	0	0,0
Эстония (стабилизация заболеваемости)	Laboratory of Communicable Diseases(Estonia); Eurofins Genomics Europe Sequencing GmbH	6158	0	0,0
Эфиопия (стабилизация заболеваемости)	International Centre for Genetic Engineering and Biotechnology(ICGEB) and ARGO Open Lab for Genome Sequencing	119	0	0,0
ЮАР (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform.	26955	0	0,0
Южная Корея (стабилизация заболеваемости)	Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency	144736	57	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	447414	509	100,0

Еженедельное эпидобновление ВОЗ № 160 от 27.10.2023

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

Географическое распространение и распространенность

Во всем мире с 25 сентября по 22 октября 2023 г. (28 дней) в GISAID было передано 24265 последовательностей SARS-CoV-2. Это сопоставимо с 76745 последовательностями SARS-CoV-2 за предыдущий 28-дневный период (с 28 августа по 24 сентября 2023 г.) и 52 479 последовательностями за 28-дневный период с 7 по 17 августа 2023 г. Количество последовательностей, представленных в течение упомянутых периодов, вероятно, изменится в последующих отчетах из-за ретроспективных обновлений.

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

- Три вызывающих интерес варианта (VOI): XBB.1.5, XBB.1.16 и EG.5.
- Семь вариантов, находящихся под мониторингом (VUM): BA.2.86, DV.7, XBB, XBB.1.9.1, XBB.1.9.2 и XBB.2.3.

В таблице 6 показано количество стран, сообщивших о VOI и VUM, а также их распространенность с 36-й эпидемиологической недели (4–10 сентября 2023 г.) до 40-й недели (2–8 октября 2023 г.) в 2023 году. VOI и VUM, демонстрирующие тенденцию к увеличению, выделены желтым цветом, те, которые остались стабильными, выделены синим цветом, а те, которые имеют тенденцию к снижению, выделены зеленым.

В глобальном масштабе все VOI были обнаружены во всех регионах ВОЗ, а EG.5 остается наиболее распространенным VOI, о котором сообщили 87 стран. Распространенность EG.5 продолжает расти: на его долю приходится 45,8% последовательностей, отправленных в GISAID на 40-й неделе по сравнению с 38,8% на 36-й неделе (рис. 4 и 6, таблица 2). Сюда входят две потомственные линии, НК.5 и НВ.1, которые были включены с 23 октября 2023 года. Последняя оценка риска для EG.5 была опубликована 21 сентября 2023 года с общей оценкой низкого дополнительного риска для здоровья населения на глобальном уровне на основе имеющихся доказательств. Это согласуется с риском, связанным с другими циркулирующими в настоящее время VOI.

Распространенность XBB.1.5 и XBB.1.16 снижается во всем мире. На XBB.1.5 приходилось 9,0% последовательностей на 40 неделе, что меньше 9,7% на 36 неделе. Аналогичным образом, на XBB.1.6 приходилось 16,7% последовательностей на 40 неделе и 20,2% на 36 неделе (рис. 4, таблица 2).

23 октября 2023 г. BA.2.75 был исключен из списка VUM из-за его низкой распространенности в мире (<1%) за последние восемь недель. Аналогично, СН.1.1 был заменен в списке VUM одним из его потомков, DV.7. Вариант DV.7 показал рост своей глобальной распространенности за последние пять недель с 1,6% на 36-й не-

деле до 2,0% на 40-й неделе. Среди других VUM, BA.2.86 и DV.7 продемонстрировали небольшое увеличение в отчетный период, тогда как ХВВ, ХВВ.1.9.2 и ХВВ.2.3 продемонстрировали тенденцию к снижению, а ХВВ.1.9.1 – стабильный тренд.

На региональном уровне было достаточно данных секвенирования для расчета распространенности вариантов в течение 36–40-й недель из трех регионов ВОЗ: Американского региона, Западно-Тихоокеанского региона и Европейского региона (таблица 3). Среди VOI вариант EG.5 был наиболее распространенным во всех трех регионах, а ХВВ.1.5 и ХВВ.1.6 демонстрировали тенденцию к снижению или стабилизации. Среди VUM во всех трех регионах наблюдались тенденции к снижению или стабилизации ХВВ, ХВВ.1.9.1, ХВВ.1.9.2 и ХВВ.2.3. DV.7 демонстрирует тенденцию роста в Американском регионе и стабильную тенденцию в Европейском и Западно-Тихоокеанском регионах. В Европейском регионе наблюдалась тенденция к увеличению распространенности BA.2.86, тогда как в Американском регионе и регионе Западной части Тихого океана наблюдались стабильные тенденции.

В условиях снижения темпов тестирования и секвенирования во всем мире (рис. 4) становится все труднее оценить степень тяжести последствий вариантов SARS-CoV-2 с мутациями, которые потенциально обеспечивают более высокую заразность. В настоящее время нет лабораторных или эпидемиологических отчетов, указывающих на какую-либо связь между VOI/VUM и повышенной тяжестью заболевания. Как показано на рисунке 9, низкие и нерепрезентативные уровни геномного надзора за SARS-CoV-2 по-прежнему создают проблемы для адекватной оценки ситуации с вариантами.

Таблица 2. Еженедельная распространенность VOI и VUM SARS-CoV-2, с 36 по 40 неделю 2023 г.

Линии	Страны [§]	Последовательности [§]	2023-36	2023-37	2023-38	2023-39	2023-40
VOIs							
ХВВ.1.5*	127	301 730	9.7	9.6	9.0	8.7	9.0
ХВВ.1.16*	116	85 668	20.2	18.9	18.2	17.7	16.7
EG.5*	87	72 656	38.8	40.9	43.6	45.1	45.8
VUMs							
BA.2.86*	30	904	0.5	0.5	0.9	1.3	2.0
DV.7*	36	2 792	1.6	1.5	1.6	1.9	2.0
ХВВ*	141	84 707	4.4	4.1	3.7	3.1	3.0
ХВВ.1.9.1*	119	75 734	10.0	10.8	9.7	10.0	10.5
ХВВ.1.9.2*	95	35 013	3.8	3.5	3.3	2.9	2.1
ХВВ.2.3*	101	24 791	6.2	5.6	5.3	4.9	4.3
Неназначенный	92	151 977	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0
Другой+	211	6 783 525	4.2	4.0	4.4	4.2	4.2

§ Количество стран и последовательности указаны с момента появления вариантов. * Включает потомки, за исключением тех, которые индивидуально указаны в других местах таблицы. Например, ХВВ* не включает ХВВ.1.5, ХВВ.1.16, EG.5, ХВВ.1.9.1, ХВВ.1.9.2 и ХВВ.2.3. + «Другое» представляет другие циркулирующие

линии передачи, за исключением VOI, VUM, BA.1*, BA.2*, BA.3*, BA.4*, BA.5*. Из-за задержек или ретроспективного назначения вариантов следует проявлять осторожность при интерпретации распространенности категории «Другое». Количество стран и последовательности указаны с момента появления вариантов.

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

Lineage (week 36 to week 40)	AMRO	AFRO [‡]	EMRO [‡]	EURO	SEARO [‡]	WPRO
VOIs						
XBB.1.5*	↓			↔		↔
XBB.1.16*	↓			↓		↓
EG.5*	↑			↑		↑
VUMs						
BA.2.86*	↔			↑		↔
DV.7*	↑			↔		↔
XBB*	↓			↔		↓
XBB.1.9.1*	↔			↔		↓
XBB.1.9.2*	↔			↔		↔
XBB.2.3*	↓			↓		↔

↑ increasing trend

↓ decreasing trend

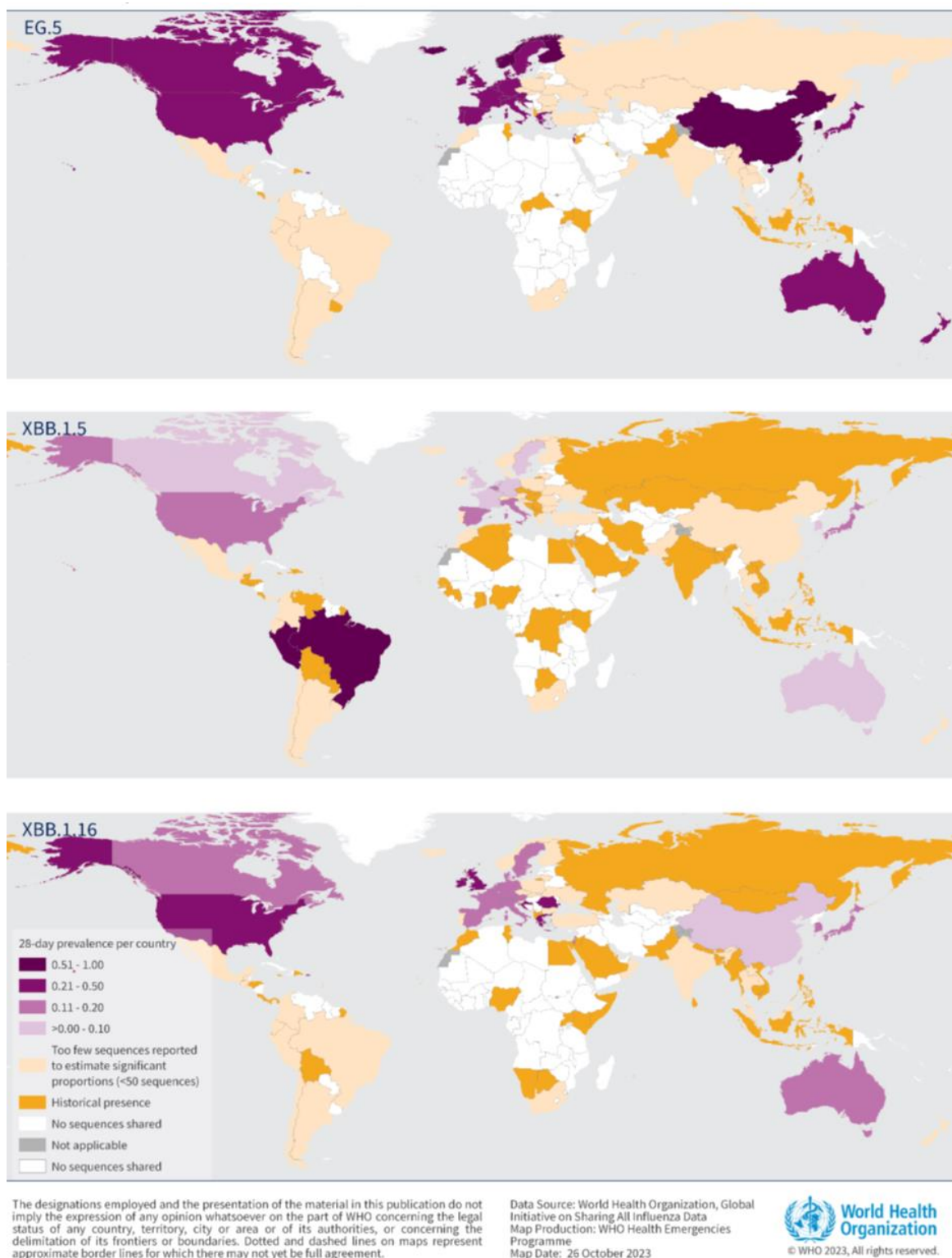
↔ stable trend

most prevalent variant(s)

insufficient data

* Включает потомки, за исключением тех, которые индивидуально указаны в других местах таблицы. Например, XBB* не включает XBB.1.5, XBB.1.16, EG.5, XBB.1.9.1, XBB.1.9.2 и XBB.2.3. ‡ из-за небольшого количества последовательностей, представленных в этих регионах, не удалось определить тенденции для VOI и VUM в этих регионах; это также представлено заштрихованными ячейками в таблице

Рисунок 4. Глобальная 28-дневная распространенность XBB.1.5, XBB.1.16 и EG.5, с 4 сентября по 1 октября 2023 г.*+



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

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

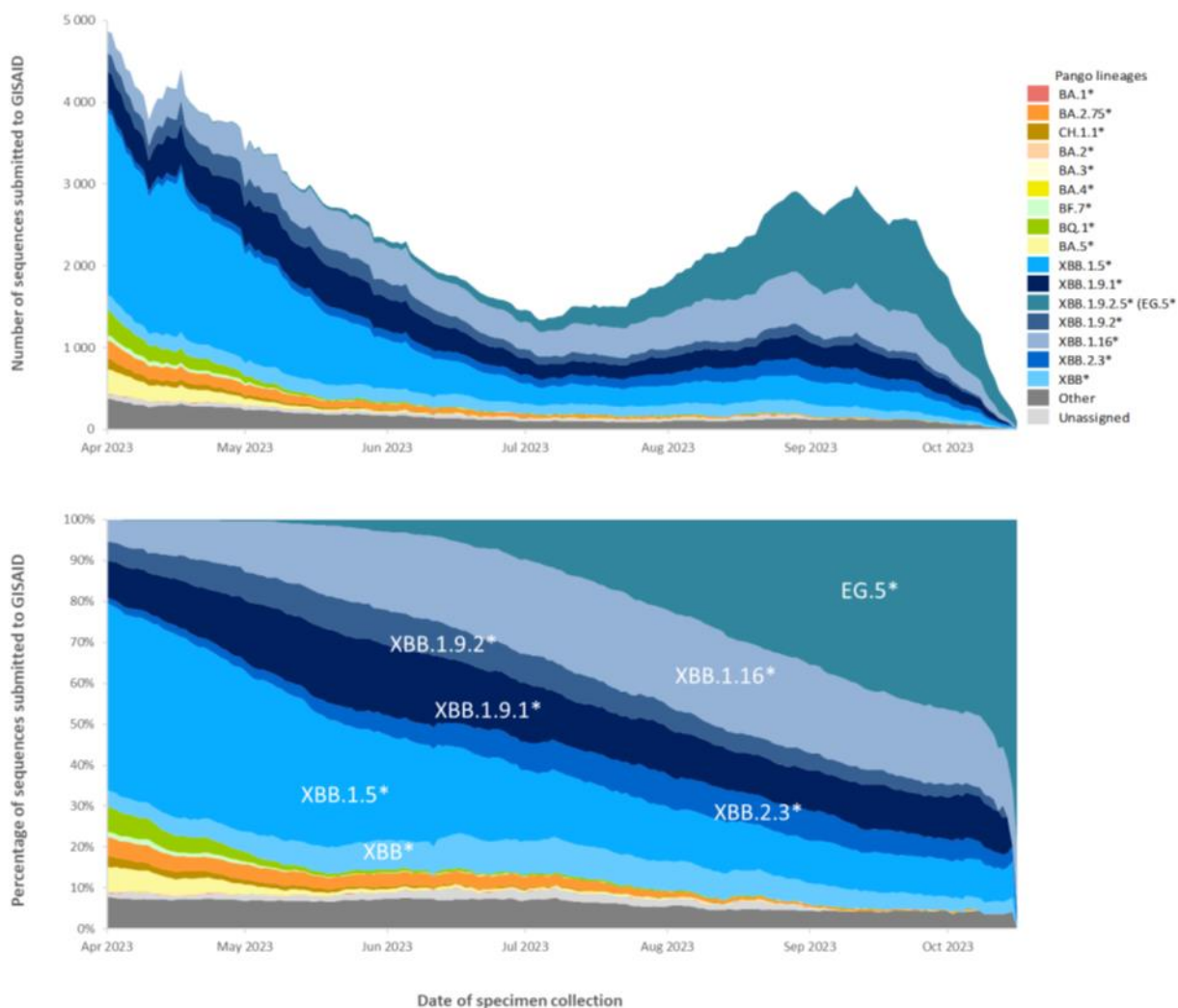


Рисунок 10. На панели А показано количество, а на панели В — процент всех циркулирующих вариантов с марта 2023 года. Показаны сестринские линии Omicron и дополнительные потомки Omicron VOC, находящиеся под дальнейшим мониторингом. BA.1*, BA.2*, BA.3*, BA.4* и BA.5* (* указывает на включение дочерних линий) включают все BA.1, BA.2, BA.3, BA.4 и BA.5 объединил потомки, за исключением циркулирующих в настоящее время вариантов, показанных индивидуально. Категория «Неназначенные» включает линии, ожидающие рассмотрения для наименования в PANGO, тогда как категория «Другие» включает линии, которые назначены, но не указаны в легенде. Источник: данные о последовательности SARS-CoV-2 и метаданные GISAID за период с 1 марта по 31 августа 2023 г.

Публикации

1. ACS Cent Sci. 2023 Sep 21;9(10):1894-1904.

doi: 10.1021/acscentsci.3c00810. eCollection 2023 Oct 25.

Spike Protein Mutation-Induced Changes in the Kinetic and Thermodynamic Behavior of Its Receptor Binding Domains Explain Their Higher Propensity to Attain Open States in SARS-CoV-2 Variants of Concern

Вызванные мутацией белка-шипа изменения в кинетическом и термодинамическом поведении его рецептор-связывающих доменов объясняют их более высокую склонность к достижению открытых состояний в вызывающих беспокойство вариантах SARS-CoV-2.

Jasdeep Singh, Shubham Vashishtha, Bishwajit Kundu

В ходе эволюции SARS-CoV-2 к его вариантам (VOC) — альфа, бета, гамма, дельта и омикрон — их S-белки продемонстрировали более высокую склонность к достижению открытых состояний. Расшифровка того, как мутации в S-белке могут формировать его конформационную динамику, будет способствовать пониманию вирусного тропизма к хозяину. В данной работе, используя множественное молекулярно-динамическое моделирование (MDS) в микросекундном масштабе, авторы дают представление о кинетическом и термодинамическом вкладе этих мутаций в пути открытия RBD в S-белках VOCs SARS-CoV-2. Мутационные эффекты анализировались с использованием атомистического (i) равновесного MDS закрытых и открытых состояний S-белков и (ii) неравновесного MDS для переходов из закрытого в открытое. При МДС закрытого или открытого состояний RBD в S-белках VOCs показали меньшую термодинамическую стабильность с более высокими кинетическими флуктуациями по сравнению с S-белками предкового SARS-CoV-2. Для переходов «закрыто-открыто» в S-белках VOCs наблюдали, по-видимому, более быстрое открытие RBD с уменьшением термодинамического барьера свободной энергии в 1,5-2 раза ($\Delta G_{\text{закрыто} \rightarrow \text{открыто}}$). Исследования насыщающего мутагенеза выявили мутации белка S, которые могут контролировать его конформационную динамику и представление рецепторам хозяина.

2. Front Immunol. 2023 Oct 16;14:1255003.

doi: 10.3389/fimmu.2023.1255003. eCollection 2023.

Variant-dependent oxidative and cytokine responses of human neutrophils to SARS-CoV-2 spike protein and anti-spike IgG1 antibodies

Вариант-зависимые окислительные и цитокиновые ответы нейтрофилов человека на спайковый белок SARS-CoV-2 и антиспайковые антитела IgG1

Nathalie Bonatti Franco Almeida, Kayla Marie Fantone, Demba Sarr и др.

В данной работе реакции ПМН человека оценивались *in vitro* в ответ на белок-шип (S) двух разных вариантов SARS-CoV-2, анти-S IgG1-антитела или образованные ими иммунные комплексы. Образование активных форм кислорода (АФК) из-

меряли с помощью хемилюминесценции на основе Диогена. Высвобождение миело-пероксидазы (МПО) оценивали с помощью ИФА, а секрецию ряда цитокинов и факторов роста определяли с помощью высокоэффективного мультиплексного цитокинового анализа. Показано, что белок S SARS-CoV-2 Omicron и антиспайковые IgG1, по отдельности или вместе, стимулируют выработку АФК в ПМН человека. Также отмечено, что белок S SARS-CoV-2 Wuhan и антитело IgG1 против S вместе вызывают высвобождение МПО из ПМН. Учитывая значимость коинфекции SARS-CoV-2 и гриппа, также исследовали влияние инфекции вирусом гриппа на предыдущие реакции ПМН на S-белки или анти-S-антитела. Не обнаружено какого-либо существенного влияния коинфекции гриппа на генерацию АФК в ПМН. Эти данные также показывают, что стимуляция ПМН S-белками вызывает высвобождение различных хемокинов, факторов роста, регуляторных и провоспалительных цитокинов. В целом, эти результаты свидетельствуют, что S-белок SARS-CoV-2, антитела IgG1 против шипа или их иммунный комплекс способствуют окислительным реакциям ПМН в зависимости от варианта.

3. Front Immunol. 2023 Oct 17;14:1258268.

doi: 10.3389/fimmu.2023.1258268. eCollection 2023.

Omicron subvariants illustrate reduced respiratory tissue penetration, cell damage and inflammatory responses in human airway epithelia

Подварианты Омикрона демонстрируют снижение проникновения в дыхательные ткани, повреждения клеток и воспалительных реакций в эпителии дыхательных путей человека.

Viktoria Zaderer, Hussam Abd El Halim, Anna-Lena Wyremblewsky и др.

Авторы оценили способность подвариантов Omicron проникать, реплицироваться и вызывать повреждения на трехмерной модели дыхательного эпителия человека. Установлено, что подварианты Omicron BA.5, BQ.1.1 и BF.7 оставались поверхностно в слое слизистой оболочки, что приводило лишь к направленному наружу разрушению клеток, сохранению целостности эпителия, минимальной активности лактатдегидрогеназы (LDH) и низкому базолатеральному высвобождению вируса в сайтах инфицирования, также наблюдались значительно меньшие области активации комплемента и более низкая секреция IL-6. Интересно, что внутри субвариантов Omicron наблюдались различия с более новыми субвариантами Omicron BQ.1.1 и BF.7, демонстрирующими значительное снижение вирусной нагрузки, высвобождения IL-6 и активности LDH по сравнению с BA.5. Эти данные показывают, что самые ранние события взаимодействия после передачи SARS-CoV-2 могут играть роль в формировании тяжести заболевания.

4. Sci Bull (Beijing). 2023 Oct 4:S2095-9273(23)00683-7.

doi: 10.1016/j.scib.2023.09.048. Online ahead of print.

Classification of five SARS-CoV-2 serotypes based on RBD antigenicities

Классификация пяти серотипов SARS-CoV-2 на основе антигенности RBD

Shixiong Hu, Chunli Wu, Xinkai Wu и др.

Непрерывная эволюция SARS-CoV-2 привела к появлению значительного количества вариантов, особенно с появлением варианта Омикрон со многими подвариантами. Эти подварианты продемонстрировали повышенное ускользание от иммунитета, что привело к снижению эффективности существующих вакцин и терапевтических антител. Учитывая уменьшенную перекрестную нейтрализацию, наблюдаемую среди этих подвариантов, вполне вероятно, что у SARS-CoV-2 появилось несколько серотипов. В качестве основного антигенного сайта для серотипирования был выбран рецептор-связывающий домен (RBD) белка вирусного шипа (S). Авторы выбрали 23 репрезентативных варианта, включая варианты до-Омикрона и субварианты Омикрона, и классифицировали их на пять серотипов на основе систематической оценки антигенности их RBD. Каждый серотип включает несколько генетически различных вариантов. Серотип-I включает все варианты, предшествующие Омикрону (с двумя подтипами), тогда как остальные четыре серотипа состоят из субвариантов Омикрона, находящихся на разных стадиях эволюции. Предполагается, что эти серотипы могут служить основой для быстрой классификации новых вариантов SARS-CoV-2, а также для разработки будущих вакцин широкого спектра действия и нейтрализующих антител против коронавирусной болезни 2019 года (COVID-19).

5. Viruses. 2023 Oct 21;15(10):2132.

doi: 10.3390/v15102132.

Emergence of Genomic Diversity in the Spike Protein of the "Omicron" Variant

Возникновение геномного разнообразия в белке-шипе варианта «Омикрон»

Surajit Basak, Pratanu Kayet, Manisha Ghosh, и др.

Проведено исследование закономерностей использования аминокислот и их замен у варианта Omicron и сравнение с таковыми у других четырех вариантов Alpha, Beta, Gamma, Delta. Отмечено, что использование аминокислот у Омикрона имеет четкую закономерность, которая отличает его от других VOCs и значительно коррелирует с повышенной гидрофобностью шиповидных белков. Авторы наблюдали увеличение уровня несинонимичного замещения по сравнению с другими четырьмя VOCs. Учитывая филогенетическую взаимосвязь, они предположили наличие функциональной взаимозависимости между рекомбинацией и скоростью мутаций, что могло привести к сдвигу оптимума скорости мутаций для эволюции варианта Омикрон. Результаты показывают, что для улучшения профилактики и контроля заболеваний следует уделять больше внимания значительной генетической дифференциации и разнообразию вновь появляющихся вариантов.

6. Viruses. 2023 Oct 10;15(10):2073.

doi: 10.3390/v15102073.

Comparative Analysis of Conformational Dynamics and Systematic Characterization of Cryptic Pockets in the SARS-CoV-2 Omicron BA.2, BA.2.75 and XBB.1 Spike Complexes with the ACE2 Host Receptor: Confluence of Binding and Structural Plasticity in Mediating Networks of Conserved Allosteric Sites

Сравнительный анализ конформационной динамики и систематическая характеристика криптических карманов в спайковых комплексах SARS-CoV-2 Omicron BA.2, BA.2.75 и XBB.1 с рецептором-хозяином ACE2: слияние связывания и структурной пластичности в опосредующих сетях консервативных аллостериков Места

Mohammed Alshahrani, Grace Gupta, Sian Xiao и др.

Несмотря на значительное структурное сходство, варианты Omicron BA.2, BA.2.75 и XBB.1 могут иметь уникальные конформационные динамические характеристики и специфическое распределение конформационных состояний. Используя конформационные ансамбли тримерных комплексов шипов Omicron SARS-CoV-2 с ACE2, авторы провели комплексный скрининг криптических карманов, чтобы изучить роль мутаций Omicron и связывания ACE2 в распределении и функциональных механизмах появляющихся аллостерических сайтов связывания. Этот анализ охватил все экспериментально известные аллостерические сайты и обнаружил сети взаимосвязанных и функционально значимых аллостерических сайтов, которые регулируются изменчивой конформационной адаптируемостью шиповых структур SARS-CoV-2. Показано, как связывание ACE2 и мутации в шиповых комплексах BA.2, BA.2.75 и XBB.1 модулируют распределение консервативных и поддающихся лекарственному воздействию аллостерических карманов, содержащих функционально важные области. Результаты важны для понимания функциональной роли криптических карманов с лекарственными препаратами, которые можно использовать для аллостерически-опосредованного терапевтического вмешательства, нацеленного на конформационные состояния вариантов Омикрона.