

**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 находящихся под наблюдением (VUM), на основе количества их геномов,
депонированных в базу данных GISAID
за неделю с 25 ноября по 1 декабря 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 Omicron вызывающих интерес (VOI) и находящихся под наблюдением (VUM), геномные последовательности которых размещены в международной базе данных GISAID за неделю **с 25 ноября по 1 декабря 2023 г.**

По состоянию на 1 декабря 2023 г. в соответствии с классификацией ВОЗ к вариантам вируса SARS-COV-2, вызывающих интерес (VOI), отнесены субварианты ХВВ.1.5, ХВВ.1.16, EG.5, BA.2.86. 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.

На сегодняшний день в базе данных GISAID всего представлено 16 275 489 геномов вируса SARS-COV-2 (за неделю депонировано 22 275 последовательностей). В мире странами – лидерами по количеству депонированных геномных последовательностей вируса SARS-CoV-2 остаются США – (4 972 035 геномов – 30,5% от всех размещенных в GISAID) и Великобритания (3 124 784 геномов – 19,2%).

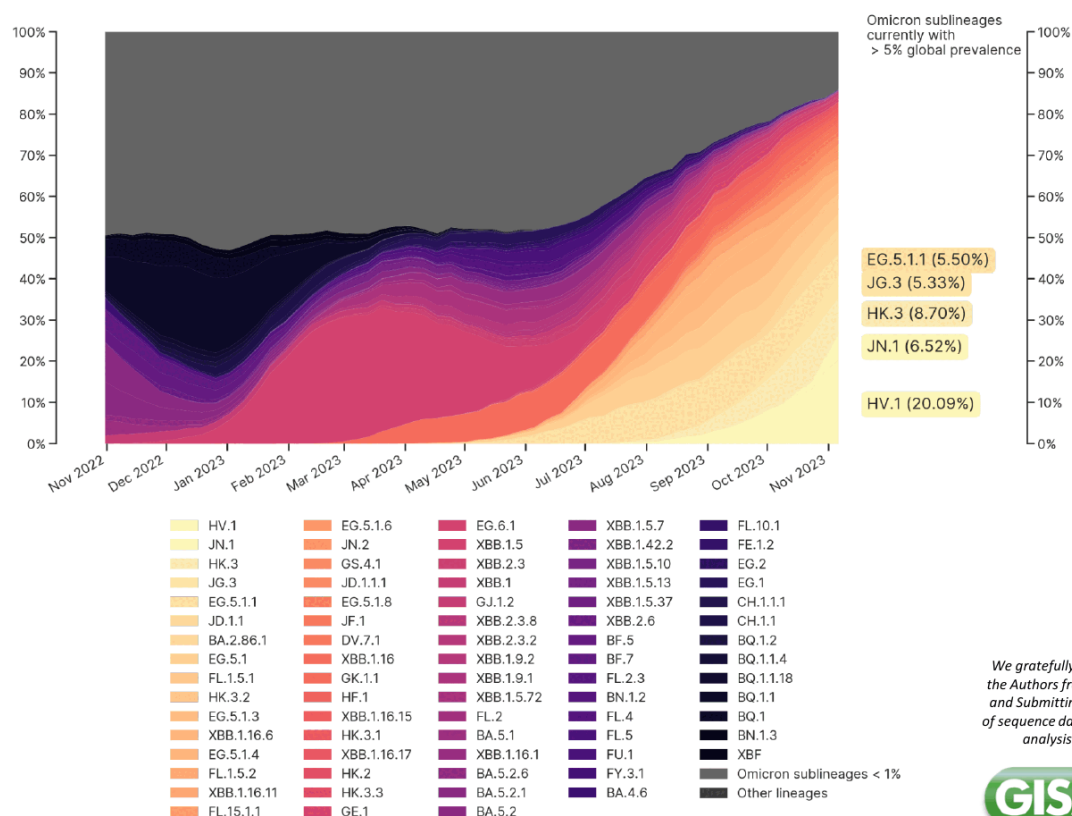
Всего в базу данных GISAID депонировано 8 787 262 генома варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 21 281 геномная последовательность – 95,5% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 96,4%). Российскими лабораториями размещены 81 037 геномных последовательностей SARS-COV-2, в том числе варианта Omicron – 48 719 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, 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 37 стран (17,2%) (за предыдущие – 42 страны (19,5%)) 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, доминируют субварианты HV.1 (+3,57% в сравнении с предыдущей неделей), HK.3 (-1,13%), JG.3 (+0,19%), EG.5.1.1 (-0,88%) и JN.1.



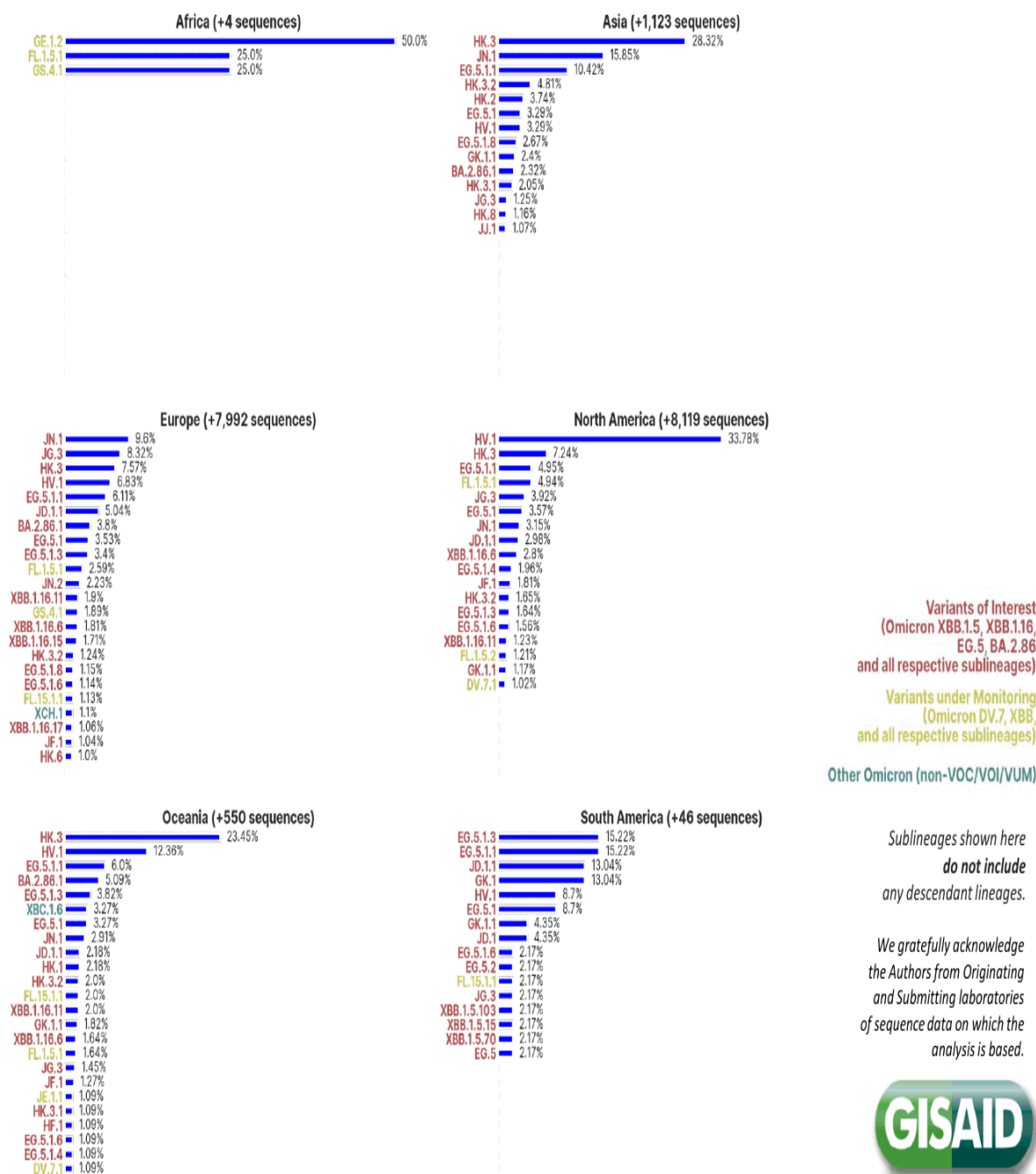
See <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/> for variant information and definitions.

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 1. Распространение субвариантов Omicron в мире
(по состоянию на 28.11.2023 г.)

Генетическое разнообразие циркулирующих в регионах мира субвариантов Omicron за последние 4 недели показано на рисунке 2. В странах Северной Америки доминировал, как и на предыдущей неделе, субвариант HV.1 (+3,75%), Азии и Тихоокеанском регионе – HK.3 (-2,65% и -1,72% соответственно). В Южной Америке – EG.5.1.1 и EG.5.1.3 (30,44% от всех секвенированных за последние 4 недели геномов), в Африке – GE.1.2 (50% от всех секвенированных за последние 4 недели геномов).



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

GISAID
by BII/GIS, A*STAR Singapore

Рисунок 2. Распространение субвариантов Omicron в регионах мира за последние 4 недели (с 31 октября по 28 ноября 2023 г.)

За последние 4 недели в мире распространенность вариантов VOI во всех регионах (кроме Африки) увеличилась, их доля остается преобладающей среди секвенированных геномов коронавируса SARS-CoV-2 в Южной Америке и Тихоокеанском регионе – 97,8% и 92,4% соответственно (рис. 3).

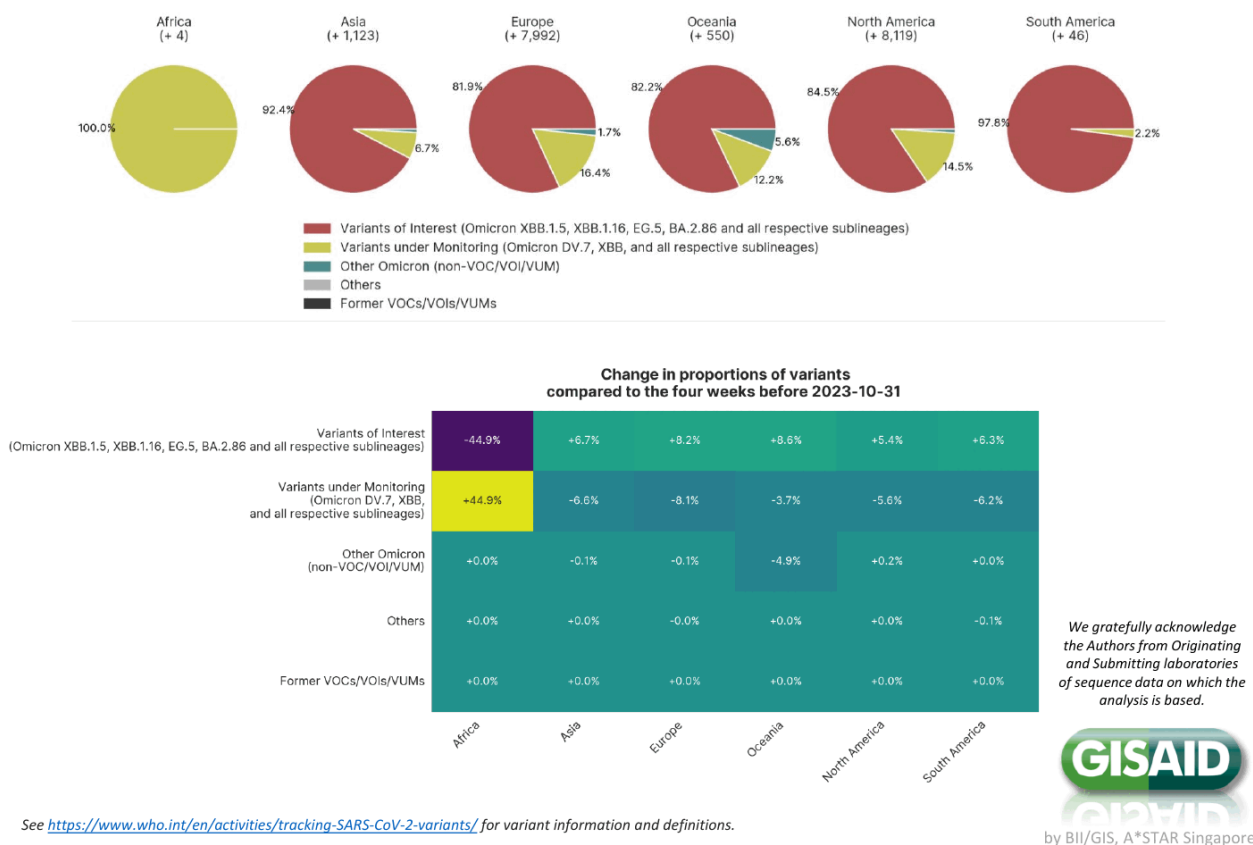


Рисунок 3. Распространение субвариантов Omicron в регионах мира, секвенированы за последние 4 недели (с 31 октября по 28 ноября 2023 г.)

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

По состоянию на 1 декабря 2023 г. в базу данных GISAID EpiCoV последовательности, относящиеся к XBB.1.5 (Kraken) депонированы из 140 стран. Распространенность в мире – 6,5%, в Бельгии, Испании, Италии, Франции – 15%, 14%, 12%, 11% соответственно.

Субвариант XBB.1.16 (Arcturus) депонирован из 122 стран распространенность продолжает снижаться (7,8%). За последние 4 недели субвариант преимущественно выделяли в США (16%), Великобритании (14%), Ирландии (12%), Австрии (11%), Германии (10%).

Субвариант EG.5 (Eris) секвенирован лабораториями 94 стран (на предыдущей неделе – 92 страны). В базе данных GISAID депонировано 131 010 геномов субварианта, (на прошлой неделе – 121 841 геном). В странах Азии – Китае, Южной Корее, Тайване, Японии, Сингапуре, доля субварианта среди секвенированных за последние 4 недели штаммов Omicron составила 98%, 85%, 79%, 63%, 56% соответственно. В Европе значительное распространение субварианта отмечено в Финляндии (69%), Италии

(57%), Польше (55%), Швеции (54%), Австрии (54%), Норвегии (52%). На американском континенте субвариант преимущественно циркулировал в Канаде, где доля EG.5 среди секвенированных за последние 4 недели штаммов Omicron составила 67% и США – 51%.

Субвариант BA.2.86 (Pirola) по состоянию на 1 декабря циркулирует в 47 странах, его распространенность растет. Согласно оценке CDC, с 28 октября по 25 ноября его распространенность в США увеличилась с 1% до 9%. В базе данных GISAID депонировано 6 777 геномов субварианта.

Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)

Наблюдается снижение распространенности субвариантов варианта снижается. Субвариант ХВВ.1.9.1 (Huperion) секвенирован лабораториями 126 стран, распространенность варианта за последние 4 недели снизилась с 6,23% до 5,4%.

Циркуляция субварианта ХВВ.1.9.2 зафиксирована в 104 странах, распространенность субварианта уменьшилась до уровня 0,9%.

На 1 декабря количество стран, из которых представлены геномные последовательности субварианта ХВВ.2.3 (Asrix) составило 112. За последние 4 недели продолжилось снижение распространения субварианта в мире (с 3,3% до 3,0%).

Субвариант ХВВ (Gryphon) циркулирует в 148 странах мира. За последние 4 недели распространенность субварианта составляла менее 2%.

В базе данных GISAID представлено 4 632 последовательности субварианта DV.7 из 40 стран.

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 (03.11. – 01.12.2023 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	169435	556	100,0
Австрия (стабилизация заболеваемости)	Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	192722	247	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	9769	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 (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 Center for Epidemiology and Microbiology(RRPCEM)	120	0	0,0
Белиз (стабилизация заболеваемости)	Texas Children's Microbiome Center	703	0	0,0
Бельгия (стабилизация заболеваемости)	KU Leuven, Rega Institute, Clinical and Epidemiological Virology	98068	445	100,0
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	7710	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)	1074	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 (стабилизация заболеваемости)	Instituto Adolfo Lutz, Interdisciplinary Procedures Center, Strategic Laboratory	116122	5	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)	6149	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.	1497532	2317	100,0
Венгрия (стабилизация заболеваемости)	National Laboratory of Virology, Szentágothai Research Centre	4690	0	0,0

Венесуэла (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio de Virología Molecular	803	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	0	0,0
Гайана (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	80	0	0,0
Гамбия (стабилизация заболеваемости)	MRCG at LSHTM Genomics lab	333	0	0,0
Гана (стабилизация заболеваемости)	Department of Biochemistry, Cell and Molecular Biology, West African Centre for Cell Biology of Infectious Pathogens(WACCBIP), University of Ghana	2348	0	0,0
Гваделупа (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	692	0	0,0
Гватемала (стабилизация заболеваемости)	Asociación de Salud Integral/Clínica Familiar Luis Ángel García	4024	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.	578453	263	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	153	0	0,0
Гонконг (стабилизация заболеваемости)	Hong Kong Department of Health	13739	1	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)	21400	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	0	0,0
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.	370472	1059	100,0
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	118555	75	100,0
Индия (рост заболеваемости)	Department of Neurovirology, National Institute of Mental Health and Neurosciences(NIMHANS).CSIR–Centre for Cellular and Molecular Biology	142756	0	0,0
Индонезия (рост заболеваемости)	National Institute of Health Research and Development	39752	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	60142	249	100,0
Исландия (стабилизация заболеваемости)	Landspítali Department of Clinical Microbiology	11242	116	100,0
Испания (стабилизация заболеваемости)	Hospital Universitario 12 de Octubre	136680	549	100,0
Италия (рост заболеваемости)	Army Medical Center, Scientific Department, Virology Laboratory	94059	734	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	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 (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de santé publique du Québec	331428	5488	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)	1627	3	100,0
Кения (стабилизация заболеваемости)	KEMRI–Wellcome Trust Research Programme/KEMRI–CGMR–C Kilifi	5586	2	100,0
Кипр (стабилизация заболеваемости)	Department of Molecular Virology, Cyprus Institute of Neurology and Genetics	4425	0	0,0
Китай (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Viral Disease Control and Prevention	63545	125	100,0
Колумбия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Salud– Dirección de Investigación en Salud Pública	15278	0	0,0
Коморские острова (стабилизация заболеваемости)	KEMRI–Wellcome Trust Research Programme/KEMRI–CGMR–C Kilifi	11	0	0,0
Косово (стабилизация заболеваемости)	Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie	901	0	0,0
Коста-Рика (стабилизация заболеваемости)	Inciensa, Instituto Costarricense de Investigación y Enseñanza en Nutrición y Salud	9563	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)	1236	0	0,0
Лаос (стабилизация заболеваемости)	LOMWRU/Microbiology Laboratory, Mahosot Hospital	974	0	0,0
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	147	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 (рост 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	36996	5	100,0
Макао (стабилизация заболеваемости)	Centro de Sequenciamento Genômico	1	0	0,0
Маврикий (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	7605	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	32515	0	0,0
Малави (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform	283	0	0,0
Мали (стабилизация заболеваемости)	Northwestern University – Center for Pathogen Genomics and Microbial Evolution	159	0	0,0
Мальдивы (стабилизация заболеваемости)	Indira Gandhi Memorial Hospital	333	0	0,0

Мальта (стабилизация заболеваемости)	Molecular Diagnostics Pathology Department Mater Dei Hospital Malta	163	0	0,0
Маршалловы острова (стабилизация заболеваемости)	State Laboratories Division, Hawaii State Department of Health	37	0	0,0
Марокко (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de Biotechnologie	1347	1	100,0
Мартиника (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	1544	0	0,0
Мексика (стабилизация заболеваемости)	Instituto de Diagnostico y Referencia Epidemiologicos (INDRE)	44756	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	807	1	100,0
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)	79393	376	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)	34673	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	35648	41	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	540	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	3422	0	0,0
Палау (стабилизация заболеваемости)	Can Ruti SARS-CoV-2 Sequencing Hub (HUGTiP/Ir-siCaixa/IGTP)	74	0	0,0
Палестина (стабилизация заболеваемости)	Biochemistry and Molecular Biology Department-Faculty of Medicine, Al-Quds University	103	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	2188	0	0,0
Перу (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio de Referencia Nacional de Biotecnología y Biología Molecular. Instituto Nacional de SaludPerú	36877	0	0,0
Польша (рост заболеваемости)	genXone SA, Research & Development Laboratory	45254	133	100,0
Португалия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Saude(INSA)	23954	45	100,0

Пуэрто Рико (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	18305	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 (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	48371	0	0,0

	Center of Virology and Biotechnology VECTOR, Department of Collection of Microorganisms.			
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	11907	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	0	0,0
Северные Марианские острова (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	2091	0	0,0
Сейшелы (стабилизация заболеваемости)	KEMRI– Wellcome Trust Research Programme, Kilifi	619	0	0,0
Сенегал (стабилизация заболеваемости)	IRESEF GENOMICS LAB	1735	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	100	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	31585	443	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)	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	36996	196	100,0
Соломоновы острова (стабилизация заболеваемости)	Microbiological Diagnostic Unit - Public Health Laboratory (MDU-PHL)	247	0	0,0
Сомали (стабилизация заболеваемости)	National Public Health Lab- Mogadishu	11	0	0,0
Судан (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Communicable Diseases of the National Health Laboratory Service	208	0	0,0
Суринам (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	154	0	0,0
США (стабилизация заболеваемости)	Colorado Department of Public Health & Environment. Maine Health and Environmental Testing Laboratory. California Department of Public Health. UCSD EXCITE.	2564373	3696	99,8
Сьерра-Леоне (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Reference Laboratory	1	0	0,0
Таиланд (рост заболеваемости)	COVID-19 Network Investigations(CONI) Alliance	29948	61	100,0
Тайвань (стабилизация заболеваемости)	Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision Medicine	4068	40	100,0
Танзания (стабилизация заболеваемости)	Jiaying 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)	512	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	2787	0	0,0
Тунис (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de linique linique – Institut Pasteur de Tunis	773	0	0,0
Турция (стабилизация заболеваемости)	Ministry of Health Turkey	21937	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”	4317	0	0,0
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	15782	0	0,0
Финляндия (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Faculty of Medicine, University of Helsinki	24721	182	100,0

Франция (снижение заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	394640	1377	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	25535	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	533	0	0,0
Чехия (рост заболеваемости)	The National Institute of Public Health	33702	0	0,0
Чили (снижение заболеваемости)	Instituto de Salud Publica de Chile	26692	0	0,0
Швейцария (стабилизация заболеваемости)	Department of Biosystems Science and Engineering, ETH Zürich.	56427	347	100,0
Швеция (стабилизация заболеваемости)	The Public Health Agency of Sweden	122067	1502	99,9
Шри-Ланка (стабилизация заболеваемости)	Centre for Dengue Research and AICBU, Department of Immunology and Molecular Medicine	1187	0	0,0
Эквадор (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública, INSPI	6301	34	100,0
Экваториальная Гвинея (стабилизация заболеваемости)	Swiss Tropical and Public Health Institute	2	0	0,0
Эсватини (стабилизация заболеваемости)	Nhlangano Health Centre(National Institute for Communicable Diseases of the National Health Laboratory Service)	676	0	0,0
Эстония (стабилизация заболеваемости)	Laboratory of Communicable Diseases(Estonia); Eurofins Genomics Europe Sequencing GmbH	6158	0	0,0

Эфиопия (стабилизация заболеваемости)	International Centre for Genetic Engineering and Biotechnology(ICGEB) and ARGO Open Lab for Genome Sequencing	119	0	0,0
ЮАР (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform.	27156	0	0,0
Южная Корея (стабилизация заболеваемости)	Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency	148140	40	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	3405	0	0,0
Япония (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Genomics Center, National Institute of Infectious Diseases	449850	346	99,7

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

Географическое распространение и распространенность

Во всем мире за 28-дневный период с 23 октября по 19 ноября 2023 года в GISAID было передано 18719 последовательностей SARS-CoV-2. Для сравнения, в два предыдущих 28-дневных периода было передано 67525 и 84942 последовательностей соответственно. Данные периодически ретроспективно обновляются, включая последовательности с более ранними датами сбора, поэтому количество за определенный период времени может измениться.

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

Четыре варианта, вызывающих интерес (VOI): XBB.1.5, XBB.1.16, EG.5 и BA.2.86.

- Пять вариантов, находящихся под контролем (VUM): DV.7, XBB, XBB.1.9.1, XBB.1.9.2 и XBB.2.3.

В таблице 2 показано количество стран, сообщивших о VOI и VUM, а также их распространенность в период с 40-й эпидемиологической недели (2–8 октября 2023 г.) до 44-й недели (30 октября–5 ноября 2023 г.). VOI и VUM, демонстрирующие тенденцию к увеличению, выделены желтым цветом, те, которые остались стабильными, выделены синим, а те, которые имеют тенденцию к снижению, выделены зеленым. В глобальном масштабе все VOI были обнаружены во всех регионах ВОЗ, причем EG.5 по-прежнему остается наиболее распространенным VOI, о котором в настоящее время сообщают 89 стран. Распространенность EG.5 продолжает неуклонно расти: на ее долю приходится 51,6% последовательностей, отправленных в GISAID на 44-й неделе по сравнению с 47,0% на 40-й неделе (рис. 4, рис. 5 и таблица 2). Сюда входят две потомственные линии, НК.3 и НВ.1, которые были включены в EG.5 с 23 октября 2023 года. Последняя оценка риска для EG.5 была опубликована 21 ноября 2023 года, с общей низкой оценкой на глобальном уровне на основе имеющихся фактических данных. Это согласуется с риском, связанным с другими циркулирующими в настоящее время VOI.

По состоянию на 20 ноября 2023 года BA.2.86 был отнесен к VOI из-за неуклонного роста его глобальной распространенности в последние недели. На долю BA.2.86 приходилось 8,9% последовательностей на 44-й неделе, по сравнению с 1,8% на 40-й неделе (рис. 5, таблица 2). Первоначальная оценка риска для BA.2.86 была опубликована 21 ноября 2023 г., при этом общая оценка низкого риска для здоровья населения на глобальном уровне основана на имеющихся фактических данных. Другие VOI, XBB.1.5 и XBB.1.16, остались стабильными и снизились по глобальной распространенности соответственно за тот же период: на XBB.1.5 приходи-

лось 8,3% последовательностей на 44-й неделе, что аналогично его распространенности на 40-й неделе (8,5). %; На ХВВ.1.6 приходилось 8,2% последовательностей на 44-й неделе, что меньше 15,9% на 40-й неделе (рис. 5, таблица 2). Среди VUM DV.7 и ХВВ показали стабильную тенденцию в отчетном периоде, составляя соответственно 1,9% и 2,3% последовательностей на 44 неделе (таблица 2). Распространенность других VUM, ХВВ.1.9.1, ХВВ.1.9.2 и ХВВ.2.3, продолжает снижаться, составляя 6,4%, 1,9% и 3,7% всех последовательностей на 44 неделе соответственно.

Данные секвенирования для расчета распространенности вариантов на региональном уровне в течение 40–44 недель были доступны из трех регионов ВОЗ: Американского региона, Западно-Тихоокеанского региона и Европейского региона (таблица 3). Среди VOI вариант EG.5 был наиболее распространенным, а вариант ВА.2.86 имел тенденцию к увеличению во всех трех регионах. ХВВ.1.5 и ХВВ.1.6 продемонстрировали 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 продемонстрировал тенденцию к увеличению в Американском регионе и регионе Западной части Тихого океана, тогда как в европейском регионе наблюдалась тенденция к снижению. В условиях снижения темпов тестирования и секвенирования во всем мире (рис. 5) становится все сложнее оценить серьезное воздействие новых вариантов SARS-CoV-2. В настоящее время нет лабораторных или эпидемиологических отчетов, указывающих на какую-либо связь между VOI/VUM и повышенной тяжестью заболевания. Как показано на рисунках 4 и 5, низкие и нерепрезентативные уровни геномного надзора за SARS-CoV-2 продолжают создавать проблемы для адекватной оценки ситуации с вариантами.

Таблица 2. Еженедельная распространенность VOI и VUM SARS-CoV-2, с 40 по 44 неделю 2023 г.

Lineage	Countries [§]	Sequences [§]	2023-40	2023-41	2023-42	2023-43	2023-44
VOIs							
XBB.1.5*	128	308 614	8.5	8.2	8.3	7.2	8.3
XBB.1.16*	117	94 914	15.9	14.0	12.4	9.8	8.2
EG.5*	89	104 423	47.0	50.2	50.9	51.9	51.6
BA.2.86*	41	3 109	1.8	2.8	4.1	6.4	8.9
VUMs							
DV.7*	38	3 887	1.8	1.8	1.7	1.9	1.9
XBB*	142	88 309	3.4	2.9	2.7	2.8	2.3
XBB.1.9.1*	118	80 383	9.5	8.0	8.0	7.0	6.4
XBB.1.9.2*	95	36 685	2.4	2.3	1.8	2.1	1.9
XBB.2.3*	104	31 394	6.0	5.6	5.2	4.9	3.7
Unassigned	95	152 256	0.5	1.4	2.5	3.6	4.5
Other+	211	6 785 691	3.0	2.6	2.3	2.2	2.2

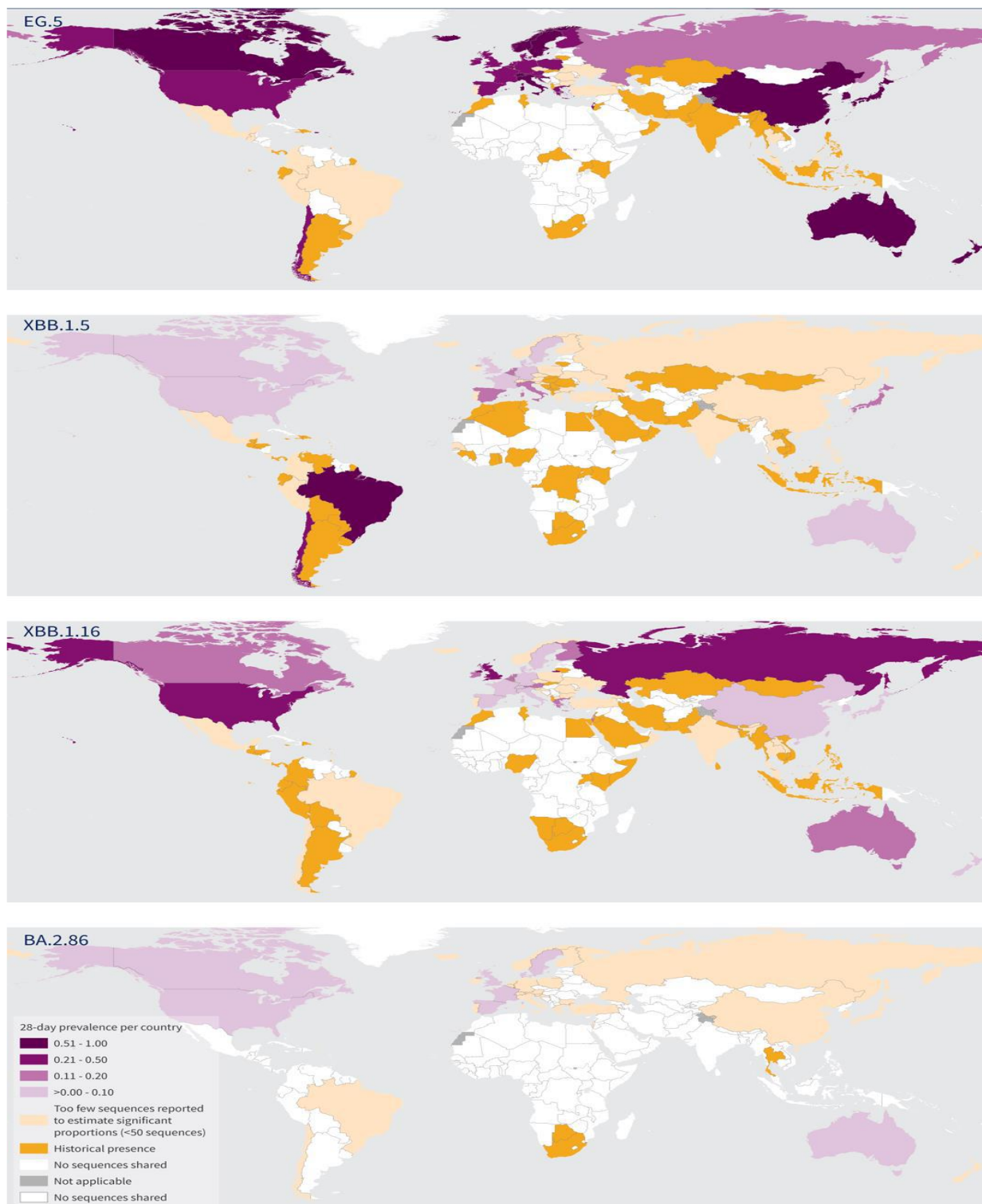
§ Количество стран и последовательности указаны с момента появления вариантов. * Включает потомки, за исключением тех, которые индивидуально указаны в других местах таблицы. Например, XBB* не включает XBB.1.5, XBB.1.16, EG.5, XBB.1.9.1, XBB.1.9.2 и XBB.2.3. + «Другое» представляет другие циркулирующие линии передачи, за исключением VOI, VUM, BA.1*, BA.2*, BA.3*, BA.4*, BA.5*.

Таблица 3. Еженедельная распространенность VOI и VUM SARS-CoV-2 по регионам ВОЗ, с 40 по 44 неделю 2023 г.

Lineage (week 40 to week 44)	AMRO	AFRO [*]	EMRO [*]	EURO	SEARO [*]	WPRO
VOIs						
XBB.1.5*	↓			↔		↓
XBB.1.16*	↓			↓		↓
EG.5*	↑			↑		↑
BA.2.86*	↑			↑		↑
VUMs						
DV.7*	↑			↓		↑
XBB*	↓			↔		↓
XBB.1.9.1*	↓			↓		↓
XBB.1.9.2*	↔			↔		↓
XBB.2.3*	↓			↓		↔

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

Рисунок 4. Глобальная 28-дневная распространенность EG.5, XBB.1.5, XBB.1.16 и BA.2.86, со 2 по 29 октября 2023 г.*+



The designations employed and the presentation of the material in this publication do not imply the expression of any opinion whatsoever on the part of WHO concerning the legal status of any country, territory, city or area or of its authorities, or concerning the delimitation of its frontiers or boundaries. Dotted and dashed lines on maps represent approximate border lines for which there may not yet be full agreement.

Data Source: World Health Organization, Global Initiative on Sharing All Influenza Data
Map Production: WHO Health Emergencies Programme
Map Date: 22 November 2023

 **World Health Organization**
© WHO 2023, All rights reserved.

Рисунок 5. Количество (А) и процент (В) последовательностей SARS-CoV-2 с 1 апреля по 31 октября 2023 г.

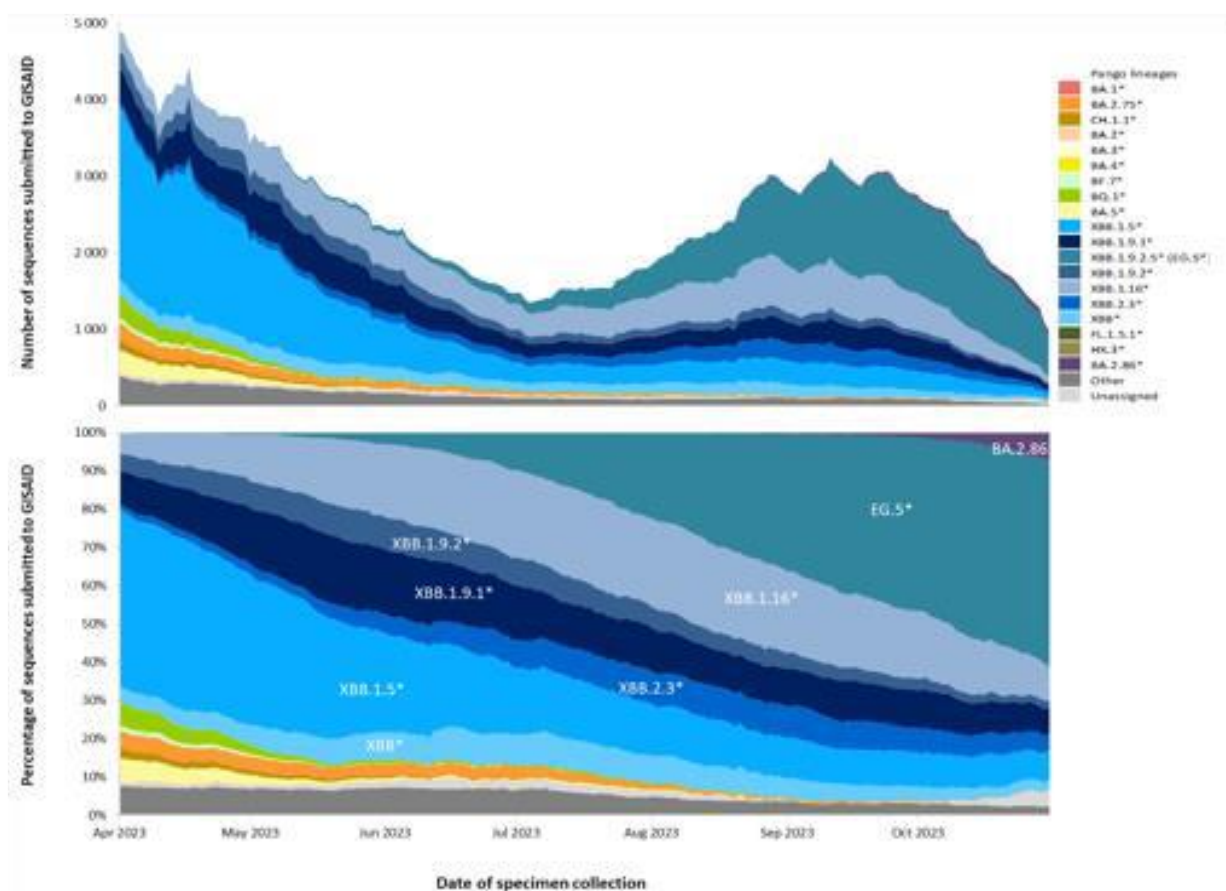


Рисунок 5. На панели А показано количество, а на панели В — процент всех циркулирующих вариантов с апреля 2023 года. Показаны сестринские линии Omicron и дополнительные потомки Omicron VOC, находящиеся под дальнейшим мониторингом. BA.1*, BA.2*, BA.3*, BA.4* и BA.5* (* указывает на включение дочерних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

Публикации

1. Front Immunol. 2023 Nov 10:14:1288794. doi: 10.3389/fimmu.2023.1288794. eCollection 2023.

Systematical assessment of the impact of single spike mutations of SARS-CoV-2 Omicron sub-variants on the neutralization capacity of post-vaccination sera

Систематическая оценка влияния одиночных спайк-мутаций субвариантов SARS-CoV-2 Omicron на нейтрализующую способность поствакцинальных сывороток

Maeva Katzmarzyk, Denise Christine Clesle, Joop van den Heuvel и др.

Эволюция новых вариантов SARS-CoV-2 существенно влияет на эффективность вакцин. Хотя эти эффекты можно изучить только ретроспективно, титры нейтрализующих антител чаще всего используются в качестве корреляторов защиты. Однако исследования по оценке титров нейтрализующих антител часто показывают неоднородные данные. Чтобы решить эту проблему, авторы исследовали дисперсию анализа и определили время и дозу заражения вирусом как факторы, влияющие на надежность анализа. Затем они измерили нейтрализацию субвариантов Омикрона в когортах с гибридным или вакцино-индуцированным иммунитетом, определив градиент потенциала ускользания от иммунного ответа. Чтобы оценить влияние отдельных мутаций на потенциал иммунного ускользания субвариантов Omicron, систематически оценивали влияние каждой отдельной мутации, специфичной для Omicron BA.1, BA.2, BA.2.12.1 и BA.4/5. Клонировали библиотеку псевдовирсов, экспрессирующих спайки с единичными точечными мутациями, и подвергли ее воздействию объединенных сывороток вакцинированных хозяев, тем самым выявив множественные мутации, которые независимо влияют на эффективность нейтрализации. Эти данные могут помочь предсказать антигенные особенности новых вариантов вируса, несущих эти мутации, и поддержать разработку моноклональных антител широкого спектра.

2. Front Mol Biosci. 2023 Nov 2:10:1288686. doi: 10.3389/fmolb.2023.1288686. eCollection 2023.

Structural understanding of SARS-CoV-2 virus entry to host cells

Структурное понимание проникновения вируса SARS-CoV-2 в клетки-хозяева
Kim Le, Shrute Kannappan, Truc Kim и др.

Обзор. COVID-19 является серьезной глобальной проблемой здравоохранения, связанной с миллионами смертельных случаев во всем мире. Мутантные варианты вируса еще больше увеличили смертность и уровень заражения, что подчеркивает

острую необходимость в эффективных профилактических стратегиях. Проникновение SARS-CoV-2 в клетки-хозяева является ключевым этапом на пути заражения и стало целью разработки лекарств. В этом обзоре авторы анализируют структурные изменения в белках Spike во время процесса проникновения, разделяя этот процесс на этапы предварительного связывания, связывания с рецептором, протеолитического расщепления и слияния мембран. Понимая детали проникновения вируса на атомном уровне, можно лучше определить начальный этап для стратегий вмешательства. Также изучено влияние мутаций в белках Spike, включая вариант Omicron, на проникновение вируса. Структурная информация дает представление о последствиях мутаций и может служить руководством для разработки методов лечения и вакцин. Наконец, обсуждаются доступные структурные подходы к разработке терапевтических средств и вакцин. В целом, в этом обзоре представлен подробный анализ структурных аспектов проникновения вируса SARS-CoV-2, подчеркивающий его значение в разработке методов лечения и вакцин против COVID-19 и подчеркивается важность структурной информации в борьбе с инфекцией SARS-CoV-2.

3. iScience. 2023 Oct 27;26(11):108299. doi: 10.1016/j.isci.2023.108299. eCollection 2023 Nov 17.

Impact of mutations defining SARS-CoV-2 Omicron subvariants BA.2.12.1 and BA.4/5 on Spike function and neutralization

Влияние мутаций, определяющих субварианты SARS-CoV-2 Omicron BA.2.12.1 и BA.4/5, на функцию спайка и нейтрализацию

Chiara Pastorio, Sabrina Noettger, Rayhane Nchioua и др.

Дополнительные мутации в вирусном белке Spike помогли субвариантам SARS-CoV-2 Omicron BA.2.12.1 и BA.4/5 превзойти родительский субвариант BA.2. Авторы определили функциональное влияние мутаций, недавно возникших в белках Spike BA.2.12.1 (L452Q, S704L) и BA.4/5 (Δ69-70, L452R, F486V, R493Q). Их результаты показывают, что мутация L452Q/R или F486V обычно усиливает, а R493Q или S704L ослабляет инфекцию, опосредованную BA.2 Spike. В совокупности изменения Δ69-70, L452R и F486V способствуют более высокой инфекционности и фузогенности BA.4/5 Spike. Мутации L452R/Q и F486V в шипе главным образом ответственны за снижение чувствительности к нейтрализующим антителам. Однако комбинированные мутации необходимы для полной инфекционности, снижения зависимости от TMPRSS2 и иммунного уклонения у BA.4/5. Таким образом, именно специфическая комбинация мутаций в шипе BA.4/5 обеспечивает повышенную функциональность и уклонение от иммунитета, что помогает объяснить временное доминирование и повышенную патогенность этих подвариантов Омикрона.

4. iScience. 2023 Oct 18;26(11):108254. doi: 10.1016/j.isci.2023.108254. eCollection 2023 Nov 17.

Evolving antibody evasion and receptor affinity of the Omicron BA.2.75 sublineage of SARS-CoV-2

Уклонение от антител и аффинность к рецепторам сублинии Omicron BA.2.75 SARS-CoV-2

Qian Wang, Zhiteng Li, Yicheng Guo и др.

SARS-CoV-2 Omicron BA.2.75 разделился на несколько подвариантов с дополнительными мутациями шипа, а распространенность некоторых из них, особенно CH.1.1 и BN.1, увеличивается. Авторы исследовали сродство к вирусным рецепторам и свойства уклонения от нейтрализации у основных подвариантов BA.2.75, активно циркулирующих в разных регионах мира. Они обнаружили два различных эволюционных пути и три недавно идентифицированные мутации, которые сформировали вирусологические особенности этих подвариантов. Одна фенотипическая группа продемонстрировала заметное снижение сродства вирусных рецепторов, но увеличение устойчивости к нейтрализации антителами, о чем свидетельствует CH.1.1, который, очевидно, столь же устойчив, как и XBB.1.5. Напротив, вторая группа продемонстрировала существенное увеличение сродства к вирусным рецепторам, но лишь умеренное увеличение уклонения от антител, как показано на примере BN.1. Также замечено, что все распространенные циркулирующие варианты SARS-CoV-2, в настоящее время, за исключением BN.1, демонстрируют высокий уровень уклонения от антител, что позволяет предположить, что это является доминирующим фактором, определяющим трансмиссивность вируса сегодня.

5. Virus Res. 2023 Nov 28:199289. doi: 10.1016/j.virusres.2023.199289. Online ahead of print.

Tracking SARS-CoV-2 Variants During the 2023 Flu Season and Beyond in Lebanon

Отслеживание вариантов SARS-CoV-2 в течение сезона гриппа 2023 года и в последующий период в Ливане

Ibrahim Al Kods, Douaa El Rayes, Jad Koweyes и др.

Раннее обнаружение варианта SARS-CoV-2 основано на тестировании и геномном надзоре. Вариант Омикрон (B.1.1.529) быстро стал доминирующим типом среди предыдущих вариантов, циркулировавших по всему миру. Появилось несколько подвариантов, демонстрирующих большую инфекционность и уклонение от иммунитета. В этом исследовании изучена распространенность субвариантов Омикрона во время сезона гриппа и за его пределами в Ливане посредством геномного скрининга, а также определены общее состояние и траектория пандемии в стране. Всего было секвенировано 155 образцов РНК SARS-CoV-2 с использованием технологии Nanopore. Секвенирование 155 геномов выявило их распределение по 39 вариантам Омикрона. Наиболее распространенным был XBB.1.5 (23,29%), за ним следовали

ХВВ.1.9.1 (10,96%) и ХВВ.1.42 (7,5%). Первая партия, собранная в период с сентября по ноябрь 2022 года, включала линии ВА.2.75.2, ВА.5.2, ВА.5.2.20, ВА.5.2.25 и ВQ.1.1.5. В период с декабря 2022 года по январь 2023 года эти линии были заменены ВА.2.75.5, ВN.1, ВN.1.4, ВQ.1, ВQ.1.1, ВQ.1.1.23, СН.1.1, СМ.4 и ХВК. Начиная с февраля 2023 года наблюдали постепенное появление и доминирование рекомбинантного ХВВ и его подлиний (ХВВ.1, ХВВ.1.5, ХВВ.1.5.2, ХВВ.1.5.3, ХВВ.1.9, ХВВ.1.9.1, ХВВ.1.9.2, ХВВ.1.16, ХВВ.1.22 и ХВВ.1.42). Своевременное выявление и характеристика вариантов SARS-CoV-2 важны для снижения передачи с помощью установленных мер борьбы и предотвращения интродукции в популяции животных, которая может привести к серьезным последствиям для общественного здравоохранения.