

**Дмитриева Л. Н., Краснов Я. М, Гусева Н.П., Чумачкова Е.А., Осина Н. А.,
Зиминова 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 16 по 22 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 **16 по 22 декабря 2023 г.**

По состоянию на 22 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 и JN.1 (объявлен вариантом интереса 19 декабря 2023г.). 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 16 367 395 геномов вируса SARS-COV-2 (за неделю депонировано 32 902 последовательности). В мире странами – лидерами по количеству депонированных геномных последовательностей вируса SARS-CoV-2 остаются США – (4 996 496 геномов – 30,5% от всех размещенных в GISAID) и Великобритания (3 128 984 геномов – 19,1%).

Всего в базу данных GISAID депонировано 8 869 764 генома варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 32 056 геномных последовательностей – 97,4% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 86,9%). Российскими лабораториями размещены 82 006 геномных последовательностей SARS-COV-2, в том числе варианта Omicron – 49 670 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 41 страна (19,1%) (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, как и на предыдущей неделе преобладают субварианты JN.1 (+3,98% в сравнении с предыдущей неделей) и подлинии варианта VOI EG.5: HV.1 (- 1,92%), HK.3 (-0,24%), JG.3 (-1,25%).

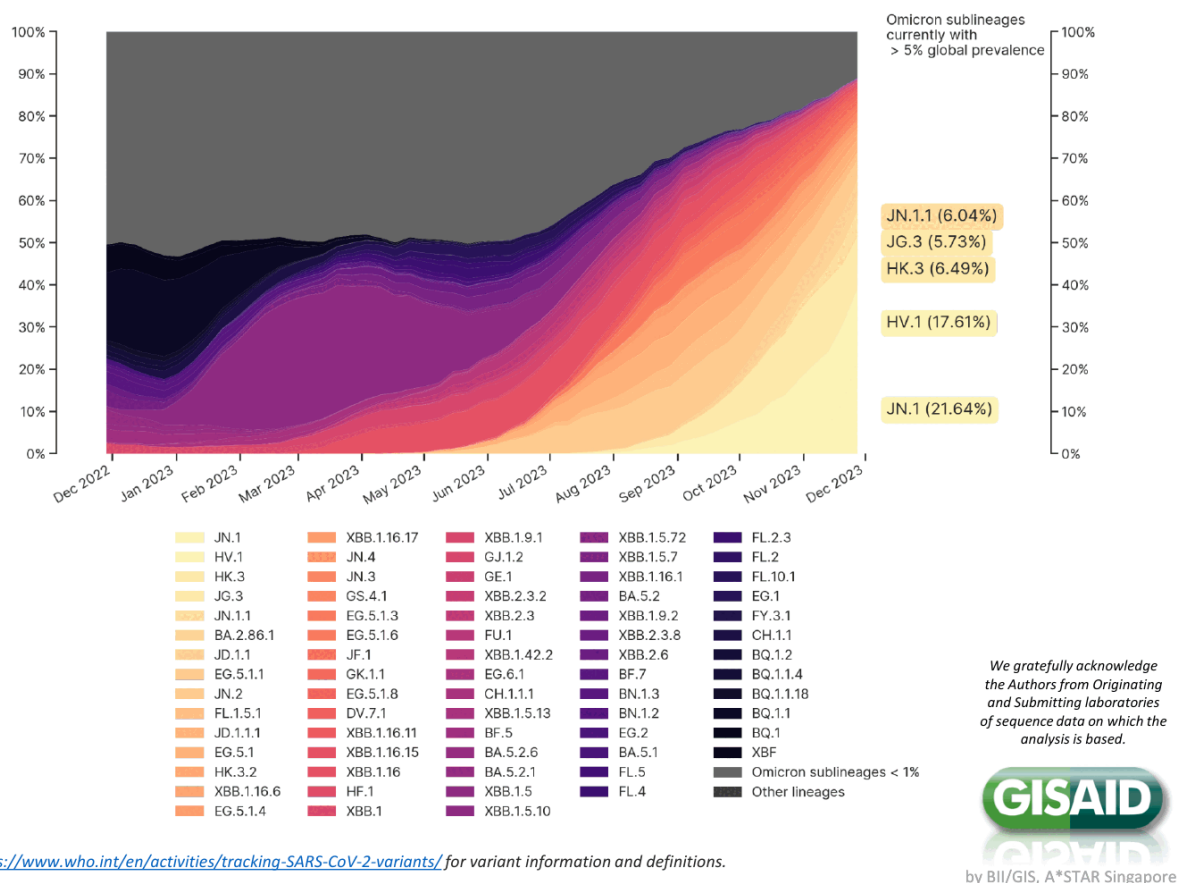


Рисунок 1. Распространение субвариантов Omicron в мире
(по состоянию на 19.12.2023 г.)

Генетическое разнообразие циркулирующих в регионах мира субвариантов Omicron за последние 4 недели показано на рисунке 2. Субвариант JN.1 является доминирующим в странах Африки, Азии, Европы и Южной Америки.

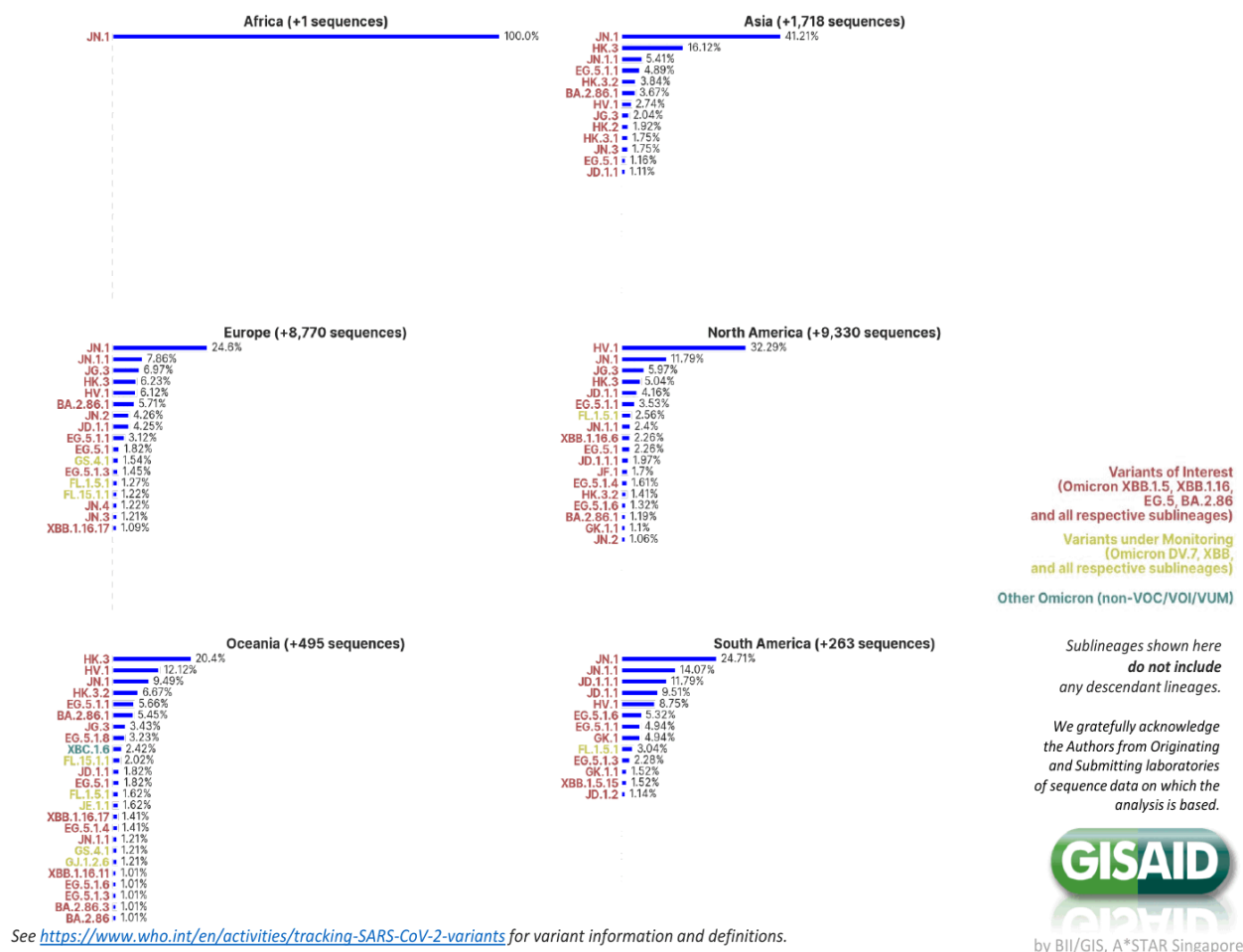


Рисунок 2. Распространение субвариантов Omicron в регионах мира за последние 4 недели (с 21 ноября по 19 декабря 2023 г.)

За последние 4 недели в мире распространенность вариантов VOI во всех регионах остается преобладающей: в Азии и Южной Америке – 90,9% и 90,4% соответственно (рис. 3).

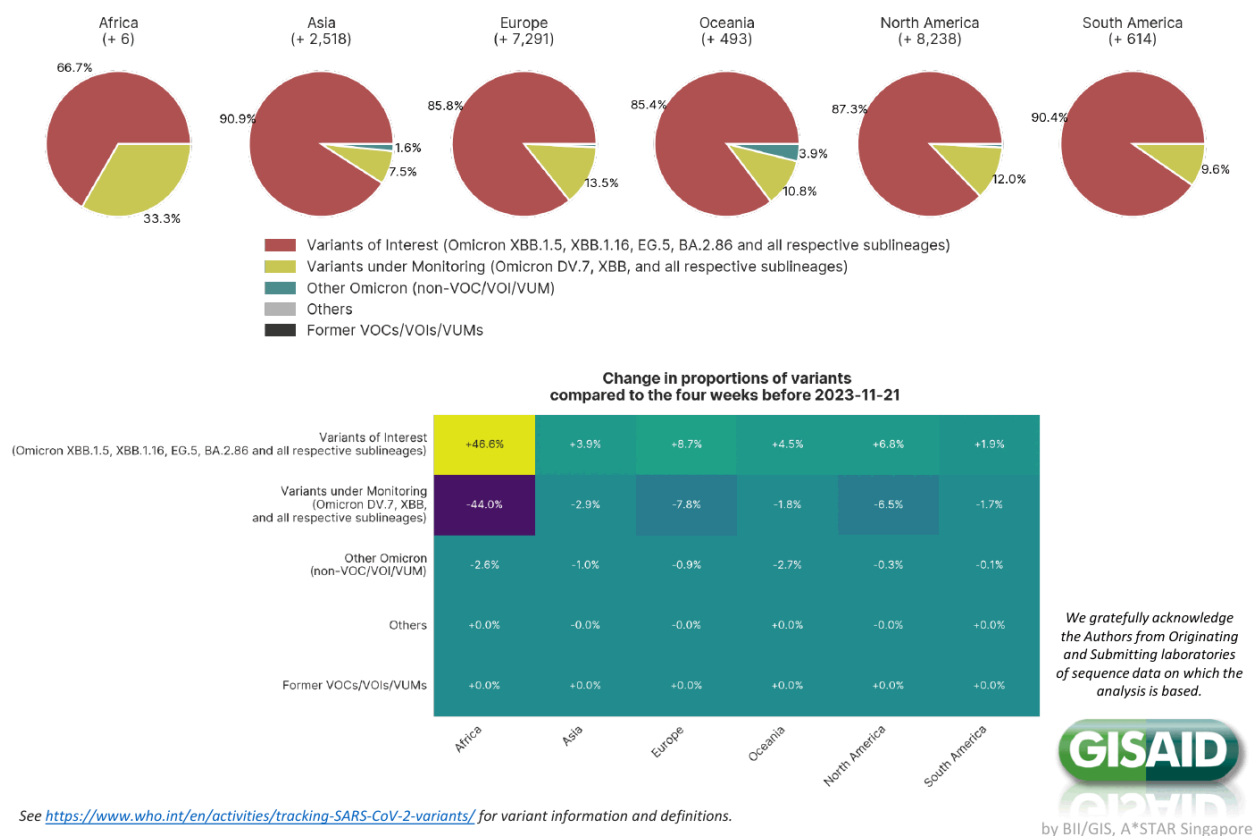


Рисунок 3. Распространение субвариантов Omicron в регионах мира, секвенированных за последние 4 недели (с 21 ноября по 19 декабря 2023 г.)

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

По состоянию на 22 декабря отмечено снижение распространения субвариантов ХВВ.1.5 (с 7,4% на предыдущей неделе – до 6,6% на текущей неделе), ХВВ.1.16 (с 4,6% до 4,2%), EG.5 с 39,1% до 36,2%).

В базу данных GISAID EpiCoV последовательности, относящиеся к ХВВ.1.5 (Kraken) депонированы из 141 страны. Распространенность субварианта составила в Бразилии, Эквадоре, Чехии, Ирландии, Канаде – 75%, 19%, 17%, 14%, 11% соответственно.

Субвариант ХВВ.1.16 (Arcturus) депонирован из 123 стран. За последние 4 недели субвариант преимущественно выделяли в США (11%), Польше (11%), Ирландии (11%).

Субвариант EG.5 (Eris) секвенирован лабораториями 98 стран (на предыдущей неделе – 97 стран). Всего депонировано 165 821 последовательность EG.5 (США – 26,9% от всех секвенированных, Канада – 14%, Китай – 7,9%, Япония – 5,5%, Великобритания – 5,5%, Франция – 4,9%).

Субвариант BA.2.86 (Pirola) по состоянию на 22 декабря циркулирует в 60 странах, его распространенность растет и за последние 4 недели составила в Португалии – 89,5%, Дании – 77,7%, Испании – 73,9%, Сингапуре – 71%, Бразилии – 69,2%, Бельгии

– 68%, Нидерландах – 65,8%, Франции – 61,1%, Великобритании – 52,5%, Германии – 51,2%.

ВОЗ 13 декабря 2023 года объявила штамм JN.1 вариантом интереса из-за его быстрого распространения варианта по всему миру. Субвариант JN.1 является потомком штамма BA.2.86 (VOI). Впервые обнаруженный 25 августа 2023г. в середине декабря этот вариант уже составлял 27,1% секвенированных геномов коронавирусов, зарегистрированных в базе данных GISAID. Четырьмя неделями ранее частота заболеваний, вызванных JN.1 составляла около 3%.

По состоянию на 22 декабря 2023 г. в GISAID было представлено 10 044 последовательности JN.1 из 46 стран. Наибольшее число штаммов депонировано из США (16,5%, 1 656 последовательностей), Сингапура (10,7%, 1070 последовательностей), Дании (10,2%, 1021 последовательность), Великобритании (8,3%, 836 последовательностей), Канады (6,2%, 625 последовательностей). По данным Центров по контролю и профилактике заболеваний США, на этот подтип приходится 15-29% от зарегистрированных случаев COVID-19 в стране.

Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)

Субвариант ХВВ.1.9.1 (Huregion) секвенирован лабораториями 125 стран. Распространенность варианта составила 3,3% и продолжает снижаться.

Циркуляция субварианта ХВВ.1.9.2 зафиксирована в 104 странах с распространенностью 0,2%.

Субвариант ХВВ.2.3 (Asgux) секвенирован в 113 странах.

Последовательности субварианта DV.7 в базе данных GISAID представлены из 41 страны.

Субвариант ХВВ (Gryphon) циркулирует в 151 странт. За последние 4 недели распространенность субварианта составляла 1%.

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 (25.11. – 22.12.2023 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	171084	672	100,0
Австрия (стабилизация заболеваемости)	Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	193439	434	100,0
Азербайджан (стабилизация заболеваемости)	National Hematology and Transfusiology Center	39	0	0,0
Албания (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Virus Unit, National Infection Service, Public Health England	1018	0	0,0
Алжир (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	635	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	9820	10	100,0
Армения (стабилизация заболеваемости)	Institute of Molecular Biology NAS RA, Republic of Armenia, Department of Bioengineering, Bioinformatics Institute and Molecular Biology IBMPh RAU, Republic of Armenia	17	0	0,0
Аруба (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	1060	0	0,0
Афганистан (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Lab	9	0	0,0
Багамские острова (стабилизация заболеваемости)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	97	0	0,0
Бангладеш (стабилизация заболеваемости)	Child Health Research Foundation	2250	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 (рост заболеваемости)	KU Leuven, Rega Institute, Clinical and Epidemiological Virology	98962	569	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	7752	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	117976	268	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.	1501486	2310	100,0
Венгрия (стабилизация заболеваемости)	National Laboratory of Virology, Szentágothai Research Centre	511	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	694	1	100,0
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.	580630	429	100,0
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	186	0	0,0
Гонконг (стабилизация заболеваемости)	Hong Kong Department of Health	13787	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)	22326	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.	2596	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.	372415	1235	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	1253	1	100,0
Зимбабве (стабилизация заболеваемости)	National Microbiology Reference Laboratory(Quadram Institute Bioscience)	316	0	0,0

Израиль (стабилизация заболеваемости)	Central Virology Laboratory, Israel Ministry of Health	118907	175	98,3
Индия (стабилизация заболеваемости)	Department of Neurovirology, National Institute of Mental Health and Neurosciences(NIMHANS).CSIR–Centre for Cellular and Molecular Biology	142900	0	0,0
Индонезия (рост заболеваемости)	National Institute of Health Research and Development	39810	11	100,0
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	60529	233	100,0
Исландия (стабилизация заболеваемости)	Landspítali Department of Clinical Microbiology	11242	0	0,0
Испания (стабилизация заболеваемости)	Hospital Universitario 12 de Octubre	139029	545	99,8
Италия (стабилизация заболеваемости)	Army Medical Center, Scientific Department, Virology Laboratory	95974	530	100,0
Кабо–Верде (стабилизация заболеваемости)	Institut Pasteur de Dakar	746	0	0,0
Казахстан (стабилизация заболеваемости)	Reference laboratory for the control of viral infections	2837	0	0,0
Камбоджа (стабилизация заболеваемости)	Virology Unit, Institut Pasteur du Cambodge	1939	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	340034	5191	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)	1692	13	100,0
Кения (стабилизация заболеваемости)	KEMRI–Wellcome Trust Research Programme/KEMRI–CGMR–C Kilifi	5587	0	0,0
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	64794	80	100,0
Колумбия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Salud– Dirección de Investigación en Salud Pública	15341	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	9620	10	100,0
Кот Д'Ивуар (стабилизация заболеваемости)	Molecular diagnostic unit for viral haemorrhagic fevers and emerging viruses, Bouaké CHU Laboratory	239	0	0,0
Куба (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Infections Laboratory	526	0	0,0
Кувейт (стабилизация заболеваемости)	Virology Unit, Department of Microbiology, Faculty of Medicine, Kuwait	914	0	0,0
Кыргызстан (стабилизация заболеваемости)	SRC VB “Vector”, “Collection of microorganisms” Department	45	0	0,0
Кюрасао (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	1260	3	100,0
Лаос (стабилизация заболеваемости)	LOMWRU/Microbiology Laboratory, Mahosot Hospital	979	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	155	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	11732	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	37255	18	100,0
Макао (стабилизация заболеваемости)	Centro de Sequenciamento Genômico	1	0	0,0
Маврикий (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	7619	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	32939	70	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	1347	0	0,0
Мартиника (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	1544	0	0,0
Мексика (стабилизация заболеваемости)	Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos (INDRE)	46084	1	100,0
Мозамбик (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform, South Africa	731	0	0,0
Молдавия (стабилизация заболеваемости)	ONCOGENE LLC	698	0	0,0
Монако (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	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	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	3209	0	0,0

Нидерланды (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	81394	899	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)	36514	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	35793	35	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	3427	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	3239	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	2231	0	0,0
Перу (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio de Referencia Nacional de Biotecnología y Biología Molecular. Instituto Nacional de SaludPerú	37110	0	0,0
Польша (стабилизация заболеваемости)	genXone SA, Research & Development Laboratory	46027	405	100,0
Португалия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Saude(INSA)	24066	92	100,0

Пуэрто Рико (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	18413	40	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	216	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	551	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 (стабилизация заболеваемости)	WHO National Influenza Centre Russian Federation. Center for Precision Genome Editing and Genetic Technologies for Biomedicine, Pirogov Medical University, Moscow, Russian Federation. Federal Budget Institution of Science, State Research Center for Applied Microbiology & Biotechnology. Group of Genetic Engineering and Biotechnology, Federal Budget Institution of Science ‘Central Research Institute of Epidemiology’ of The Federal Service on Customers’ Rights Protection and Human Well-being Surveillance. State Research	49667	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	12099	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	1739	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	216	0	0,0
Сербия (стабилизация заболеваемости)	Institute of microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, University of Belgrade	1685	0	0,0
Сингапур (рост заболеваемости)	National Public Health Laboratory, National Centre for Infectious Diseases	33790	1435	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)	902	0	0,0
Сирия (стабилизация заболеваемости)	CASE-2021-0266829	72	0	0,0
Словакия (стабилизация заболеваемости)	Faculty of Natural Sciences, Comenius University	27895	0	0,0
Словения (рост заболеваемости)	Institute of Microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, University of Ljubljana	36996	0	0,0
Соломоновы острова (стабилизация заболеваемости)	Microbiological Diagnostic Unit - Public Health Laboratory (MDU-PHL)	247	0	0,0
Сомали (стабилизация заболеваемости)	National Public Health Lab- Mogadishu	11	0	0,0
Судан (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Communicable Diseases of the National Health Laboratory Service	208	0	0,0
Суринам (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	154	0	0,0
США (стабилизация заболеваемости)	Colorado Department of Public Health & Environment. Maine Health and Environmental Testing Laboratory. California Department of Public Health. UCSD EXCITE.	2587784	5507	99,8
Сьерра-Леоне (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Reference Laboratory	1	0	0,0
Таиланд (стабилизация заболеваемости)	COVID-19 Network Investigations(CONI) Alliance	30069	0	0,0
Тайвань (стабилизация заболеваемости)	Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision Medicine	4159	4	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)	518	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	2796	0	0,0
Тунис (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de linique linique – Institut Pasteur de Tunis	840	0	0,0
Турция (стабилизация заболеваемости)	Ministry of Health Turkey	21943	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”	4476	5	100,0
Узбекистан (стабилизация заболеваемости)	Center for Advanced Technologies	61	0	0,0
Уругвай (стабилизация заболеваемости)	Departamento Laboratorios de Salud Pública (DLSP) Ministerio de Salud Pública	247	0	0,0
Федеративные штаты Микронезии (стабилизация заболеваемости)	Pohnpei State Hospital, State Laboratories Division, Hawaii State Department of Health	85	0	0,0
Филиппины (рост заболеваемости)	Philippine Genome Center	15827	2	100,0
Финляндия (рост заболеваемости)	Department of Virology, Faculty of Medicine, University of Helsinki	25378	241	100,0

Франция (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	398736	1447	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	25367	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 (стабилизация заболеваемости)	The National Institute of Public Health	33943	19	100,0
Чили (рост заболеваемости)	Instituto de Salud Publica de Chile	26692	0	0,0
Швейцария (стабилизация заболеваемости)	Department of Biosystems Science and Engineering, ETH Zürich.	56915	186	100,0
Швеция (рост заболеваемости)	The Public Health Agency of Sweden	126089	1749	99,9
Шри-Ланка (стабилизация заболеваемости)	Centre for Dengue Research and AICBU, Department of Immunology and Molecular Medicine	1188	0	0,0
Эквадор (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Investigaciónes Salud Pública, INSPI	6401	75	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.	27298	6	100,0
Южная Корея (стабилизация заболеваемости)	Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency	151005	8	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	452417	336	100,0

Резюме ВОЗ. Оценка риска

Ранее JN.1 отслеживался как часть BA.2.86, родительской линии, которая классифицируется как вариант, представляющий интерес (ВОИ). Однако в последние недели JN.1 продолжает регистрироваться во многих странах, и его распространенность возросла. Быстро растет во всем мире и в настоящее время представляет собой подавляющее большинство потомков BA.2.86. Об этом сообщили в GISAID. В связи с быстро растущим распространением ВОЗ классифицирует JN.1 как отдельный вариант (ВОИ) от родительской линии BA.2.86. Учитывая имеющиеся, но ограниченные фактические данные, дополнительный риск для общественного здравоохранения, создаваемый JN.1, в настоящее время очевиден.

Оценивается как низкий на глобальном уровне. Ожидается, что этот вариант может вызвать рост заболеваемости SARS-CoV-2. Случаев на фоне всплеска заболеваемости другими вирусными и бактериальными инфекциями, особенно в странах, вступающих в зимнее время года. После обсуждений с Технической консультативной группой ВОЗ по эволюции вирусов (TAG-VE) и учитывая имеющиеся данные, текущий популяционный иммунитет во всем мире, а также иммунитет, созданный ХВВ.1.5. ожидается, что ревакцинация останется перекрестно-реактивной в отношении этого варианта против симптоматических и тяжелых болезней. Поэтому распространение этого варианта вряд ли увеличит нагрузку на национальное здравоохранение и системы по сравнению с другими сублиниями Омикрона. Однако странам, приближающимся к зимнему сезону, следует иметь в виду, что в целом SARS-CoV-2 и сопутствующие ему патогены могут усугубить респираторное заболевание.

Первоначальная оценка рисков JN.1, 19 декабря 2023 г.

JN.1 является потомком BA.2.86, самый ранний образец был собран 25 августа 2023 года (1). По сравнению с родительской линией BA.2.86, JN.1 имеет дополнительную мутацию L455S в белке-шипе. По состоянию на 16 декабря 2023 г. в GISAID (1) было представлено 7344 последовательности JN.1 из 41 страны, что составляет 27,1% доступных во всем мире последовательностей на 48-й эпидемиологической неделе (с 27 ноября по 3 декабря 2023 г.). Странами, сообщающими о наибольшей доле последовательностей JN.1, являются Франция (20,1%, 1552 последовательности), США (14,2%, 1072 последовательности), Сингапур (12,4%, 934 последовательности), Канада (6,8%, 512 последовательностей), Великобритания (5,6%, 422 последовательности) и Швеция (5,0%, 381 последовательностей). Во всем мире наблюдается быстрый рост доли зарегистрированных случаев JN.1, при этом его глобальная распространенность достигла 27,1% на 48-й эпидемиологической неделе.

В Таблице 2 показано существенное увеличение по сравнению с данными, полученными четырьмя неделями ранее. (44-я неделя, с 30 октября по 5 ноября 2023 г.), когда глобальная распространенность JN.1 составила 3,3%. Этот быстрый рост наблюдается во всех трех регионах с постоянным использованием общих последовательностей SARS-CoV-2, т.е. регион Северной и Южной Америки (AMR), Запад-

ной части Тихого океана (WPR) и Европы (EUR) с крупнейшими наблюдается увеличение WPR с 1,1% на 44-й эпидемиологической неделе до 65,6% на 48-й эпидемиологической неделе. BA.2.86.1

Кинетика репликации (родительской линии JN.1) на первичных эпителиальных клеток носа (hNEC) не выше, чем у других вариантов, полученных из XBB (2). Однако еще предстоит определить, является ли высокий уровень заразности JN.1 у людей также связан с повышенной приспособленностью первичных hNEC и других типов клеток, и какая часть из них связана с неспайковыми мутациями

..

Таблица 2. Глобальные доли вариантов SARS-CoV-2, с 44 по 48 неделю 2023 г.

Lineage	Countries [§]	Sequences [§]	2023-44	2023-45	2023-46	2023-47	2023-48
VOIs							
XBB.1.5*	128	316 888	8.2	7.9	8.6	7.4	7.3
XBB.1.16*	119	103 516	9.6	9.0	6.6	5.6	4.2
EG.5*	93	143 675	53.7	54.1	51.7	46.5	36.3
BA.2.86*	49	5 972	4.4	4.8	5.8	7.1	5.9
JN.1*	41	7 344	3.3	5.3	10.1	16.7	27.1
VUMs							
DV.7*	40	4 635	1.2	0.9	0.9	1.0	0.6
XBB*	143	90 441	2.3	2.0	1.8	1.2	1.0
XBB.1.9.1*	118	85 640	6.7	5.4	5.5	4.3	3.3
XBB.1.9.2*	95	37 764	1.7	1.1	0.7	0.5	0.2
XBB.2.3*	107	34 573	3.5	3.4	2.5	2.3	1.6
Unassigned	95	155 778	3.4	4.2	4.2	6.4	11.9

§ Количество стран и последовательности указаны с момента появления вариантов. * Включает потомки, кроме указанных в таблице. 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 дифференцированного охвата вакцинацией и распространения вариантов SARS-CoV-2 во всем мире иммунитет населения остается гетерогенным во всем мире, и, следовательно, потенциал ускользания JN.1 от иммунитета зависит от иммунного фона тестируемого населения. В то время как иммунный выход BA.2.86.1 (родителя JN.1 линии) от XBB.1.5 и EG.5.1, прорывная инфекция, по-видимому, аналогична одновременно циркулирующей инфекции. Такие варианты, как НК.3, JN.1, демонстрируют более высокую способность уклоняться от иммунитета. Однако имеются ограниченные данные по перекрестной нейтрализации JN.1 и, несмотря на снижение нейтрализации JN.1, защита от XBB.1.5 моновалентной вакциной, вероятно, будет эффективна против JN.1. Технические консультативные группы ВОЗ с учеными со всего мира активно следят за этим. ВОЗ и ее Техническая консультативная группа по эволюции SARS-CoV-2 (TAG-VE) продолжают рекомендовать государствам-членам ВОЗ отдавать приоритет конкретным действиям, чтобы лучше решать

неопределенности, связанные с утечкой антител и степени тяжести BA.2.86 и JN.1. Предлагаемые сроки являются приблизительными и будут варьироваться в зависимости от страны на основе национального потенциала:

- Провести анализы нейтрализации с использованием человеческой сыворотки представителя пострадавшего и живых изолятов вируса JN.1 (от двух до четырех недель).
- Провести сравнительную оценку для выявления изменений в скользящих или специальных показателях важности (от четырех до 12 недель).

ВОЗ и ее Техническая консультативная группа по составу вакцины против COVID-19 (TAG-CO-VAC) продолжают регулярно оценивать влияние вариантов на эффективность вакцин против COVID-19, чтобы принимать решения по обновления состава вакцины

Публикации

1. Emerg Microbes Infect. 2023 Dec 19:2297553.

doi: 10.1080/22221751.2023.2297553. Online ahead of print.

The impact of S2 mutations on Omicron SARS-CoV-2 cell surface expression and fusogenicity

Влияние мутаций S2 на экспрессию и слияние поверхности клеток Omicron SARS-CoV-2

Alba Escalera, Manon Laporte, Sam Turner, и др.

Авторы охарактеризовали эффективность расщепления и фузогенность белка S разных сублиний Omicron. Их результаты показали, что субвариант Omicron BA.1 эффективно расщепляется, но обладает плохой фузогенностью по сравнению с предыдущими штаммами SARS-CoV-2. Чтобы понять основу этого фенотипа, создали химерный белок S, используя комбинации доменов S1 и S2 из вариантов WA1, Delta и Omicron BA.1. Обнаружили, что домен S2 Omicron BA.1 препятствует эффективному слиянию клеток. Интересно, что этот домен содержит только шесть уникальных полиморфизмов, никогда ранее не обнаруживавшихся в предковых вариантах SARS-CoV-2. S-белки WA1614GS, содержащие мутации в S2 у шести вирусов Omicron, оценивали на предмет их слияния и поверхностной экспрессии S после трансфекции в клетках. Результаты показали, что замены S:N856 K и N969 K уменьшают образование синцитиев и влияют на уровни S-белка на поверхности клеток. Тем не менее, отмечено, что сублинии Омикрона «первого поколения», возникшие впоследствии, конвергентно эволюционировали в сторону повышения фузогенной активности и экспрессии S на поверхности инфицированных клеток, в то время как варианты Омикрона «второго поколения» сильно дивергировали и показали специфичные для линии характеристики слияния. Важно отметить, что эти результаты могут иметь потенциальное значение для улучшения и изменения конструкции вакцин против COVID-19

2. Environ Monit Assess. 2023 Dec 16;196(1):44.
doi: 10.1007/s10661-023-12228-z.

Spatiotemporal genome diversity of SARS-CoV-2 in wastewater: a two-year global epidemiological study

Пространственно-временное разнообразие генома SARS-CoV-2 в сточных водах: двухлетнее глобальное эпидемиологическое исследование

Manisha Mandal, Shyamaapada Mandal

Изучалось геномное разнообразие и профиль мутаций вариантов SARS-CoV-2 в сточных водах за период от начала пандемии COVID-19 до декабря 2022 года. Всего в базу данных GISAID было представлено 3618 полных последовательностей генома SARS-CoV-2 из сточных вод. Последовательности SARS-CoV-2 были подвергнуты попарному выравниванию по эталону с последующим присвоением названий клад и линий (на основе Nextstrain, GISAID и Pango), филогенетическим анализом дистанционных метрик и выявлением замещающих мутаций. По номенклатурам GISAID, Nextstrain и Pango, имела место согласованность в определении клад и линий в пробах сточных вод. В сточных водах с течением времени происходило последовательное появление, распространение и исчезновение линий SARS-CoV-2. Геномы SARS-CoV-2 из сточных вод были сгруппированы в вызывающие беспокойство варианты (VOC): Alpha GRV (B.1.1.7 + Q.7), Delta GK (B.1.617.2 + AY.*) и Omicron GRA (BA.1*, BA.2* + B.1.1.529, BA.5*). Скорость эволюции SARS-CoV-2 в сточных водах составила $9,63 \times 10^{-4}$ замен/участок/год. B.1.1.7 был менее распространен, чем B.1.617.2, в 2021 г. появлялся последовательно, а BA.1, BA.2, BA.5 были серийно обнаружены в 2022 г., последний штамм продолжал персистировать в сточных водах. Замены в шипе N501Y, E484K/Q, K417N/T, L452R, T478K оставались доминирующим атрибутом VOC SARS-CoV-2. Исследование подчеркивает важность наблюдения за сточными водами для определения пространственно-временного разнообразия вариантов и мутаций SARS-CoV-2, что может проложить путь к разработке новых противовирусных препаратов и вакцин для управления и профилактики инфекции SARS-CoV-2.

3. mBio. 2023 Dec 19:e0298823.
doi: 10.1128/mbio.02988-23. Online ahead of print.

Structural basis of increased binding affinities of spikes from SARS-CoV-2 Omicron variants to rabbit and hare ACE2s reveals the expanding host tendency

Структурная основа повышенной аффинности связывания шипов вариантов SARS-CoV-2 Omicron с ACE2 кролика и зайца обнаруживает тенденцию к расширению спектра хозяев

Kaiyuan Shi, Linjie Li, Chunliang Luo и др.

У SARS-CoV-2 широкий круг хозяев, что указывает на высокий риск межвидовой передачи и адаптивных мутаций. Поэтому постоянный мониторинг потенциальных хозяев имеет огромное значение. В этом исследовании выявлено, что Omicron BA.4/5 и последующие подварианты проявляют усиленное связывание с ангиотензинпревращающим ферментом 2 (ACE2) как кролика, так и зайца, и установлен структурный механизм их распознавания. Показано, что Q34, уникальный остаток кроличьего ACE2, по сравнению с другими ортологами ACE2, играет важную роль в распознавании ACE2. Эти результаты касаются вероятности того, что кролики/зайцы являются потенциальными хозяевами SARS-CoV-2, и расширяют наши знания о молекулярном механизме межвидовой передачи SARS-CoV-2.

4. N Biotechnol. 2023 Dec 19;S1871-6784(23)00072-9.

doi: 10.1016/j.nbt.2023.12.004. Online ahead of print.

Site-directed neutralizing antibodies targeting structural sites on SARS-CoV-2 spike protein

Сайт-специфические нейтрализующие антитела, нацеленные на структурные участки шипового белка SARS-CoV-2

Xiaofeng Li, Liudmila Kulakova, Eric A Toth, и др.

«Epiolve» (эволюция эпитопов) — это инновационная технология развития паратопов, использующая гаптенированный пептид или белковый иммуноген в качестве средства направления иммунного ответа *in vivo* на специфические целевые сайты с разрешением в один аминокислотный остаток. На основе структурного анализа белков была протестирована технология Epiolve для систематической разработки сайт-направленных нейтрализующих антител (nAbs) против рецептор-связывающего домена SARS-CoV-2 (RBD). Были выбраны тринадцать мишеней, покрывающих интерфейс связывания рецептора ACE2. Иммуногены, состоящие из каждого целевого сайта, использовали для иммунизации кроликов в отдельных когортах. Сайт-направленные иммунные ответы *in vivo* против всех 13 мишеней были продемонстрированы с помощью тестирования IgG, секретируемого В-клетками, и тестирования рекомбинантного IgG. Один сайт, SL13 (Y505), который мутирует с тирозина на гистидин в варианте Omicron SARS-CoV-2, был выбран в качестве модели подтверждения концепции (proof-of-concept –PoC) для дальнейшей разработки функциональных моноклональных антител. Технология Epiolve продемонстрировала возможности создания панвариантных антител и нейтрализующих антител против первичного штамма SARS-CoV-2 и варианта Omicron.