

**Дмитриева Л. Н., Чумачкова Е.А., Гусева Н.П., 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 8 по 15 марта 2024 г.**

*ФКУН Российской 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 8 по 15 марта 2024 г.

По состоянию на 15 марта 2024 г. в соответствии с классификацией ВОЗ к вариантам вируса SARS-COV-2, вызывающих интерес (VOI), отнесены пять субвариантов: XBB.1.5, XBB.1.16, EG.5, BA.2.86 и JN.1. Группу циркулирующих вариантов, находящихся под наблюдением (VUM) представляют три генетические линии: XBB, XBB.1.9.1, XBB.2.3.

На сегодняшний день в базе данных GISAID всего представлено 16 612 229 геномов вируса SARS-COV-2 (за неделю депонировано 18 079 геномных последовательностей). В мире странами – лидерами по количеству депонированных геномных последовательностей вируса SARS-CoV-2 остаются США – (5 085 330 геномов – 30,6% от всех размещенных в GISAID) и Великобритания (3 148 072 генома – 18,9%).

Всего в базу данных GISAID депонировано 9 112 374 генома варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 16 896 геномных последовательностей – 93,4% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 97,1%). Российскими лабораториями размещено 85 360 геномов SARS-COV-2, в том числе варианта Omicron – 52 998 геномных последовательностей.

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, Гватемала, Гвинея, Германия, Гибралтар, Гондурас, Гонконг, Гренада, Греция, Грузия, Гуам, Габон, Дания, Джибути, Доминиканская Республика, Доминика, ДРК Демократическая

Республика Восточный Тимор, Демократическая Республика Сан-Томе и Принсипи, Египет, Замбия, Зимбабве, Израиль, Индия, Индонезия, Иордания, Ирак, Иран, Ирландия, Исландия, Испания, Италия, Кабо-Верде, Казахстан, Каймановы Острова, Камбоджа, Камерун, Канада, Катар, Кения, Кипр, Китай, Кирибати, Колумбия, Косово, Коста-Рика, Кот-д'Ивуар, Куба, Кувейт, Кыргызстан, Кюрасао, Лаос, Латвия, Либерия, Ливан, Ливия, Лихтенштейн, Литва, Лесото (Королевство Лесото), Люксембург, Мадагаскар, Маврикий, Мавритания, Макао, Малави, Малайзия, Мальдивы, Мальта, Мали, Марокко, Мартиника, Маршалловы Острова, Майотта, Мексика, Мозамбик, Молдова, Монако, Монголия, Монтсеррат, Мьянма, Микронезия, Намибия, Нидерланды, Нигер, Нигерия, Непал, Независимое государство Самоа, Ниуэ, Норвегия, Новая Зеландия, Новая Кaledония, Никаргуа, Оман, ОАЭ, Острова Кука, Пакистан, Палестина, Панама, Палау, Парагвай, Папуа Новая Гвинея, Перу, Португалия, Польша, Пуэрто-Рико, Ребюньон, Республика Конго, Республика Сейшельские Острова, Республика Гвинея-Бисау, Республика Вануту, Румыния, Россия, Руанда, Сальвадор, Сен-Мартен, Синт-Мартен, Саудовская Аравия, Северная Македония, Северные Марианские острова, Сенегал, Союз Коморских Островов, Сьерра-Леоне, Словакия, Словения, Сингапур, Сирия, США, Сент-Китс и Невис, Сент-Винсент и Гренадины, Сент-Люсия, Синт-Мартен, Содружество Багамских Островов, Сомали, Судан, Таиланд, Тайвань, Танзания, Теркс и Кайкос, Того, Тонга, Тринидад и Тобаго, Тунис, Турция, Уганда, Узбекистан, Украина, Уругвай, Финляндия, Франция, Французская Гвиана, Французская Полинезия, Филиппины, Хорватия, Черногория, Чехия, Чили, Чад, ЦАР, Швеция, Швейцария, Шри-Ланка, Эквадор, Эстония, Эсватини, Эфиопия, Экваториальная Гвинея, ЮАР, Южная Корея, Южный Судан, Япония, Ямайка.

За последние 4 недели 35 стран (16,3%) (за предыдущие – 41 страна (19,1%) дополнili 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 в мире доминируют две сублиниии варианта BA.2.86: JN.1 (- 2,42% за последнюю неделю) и JN.1.4 (+ 2,86%).

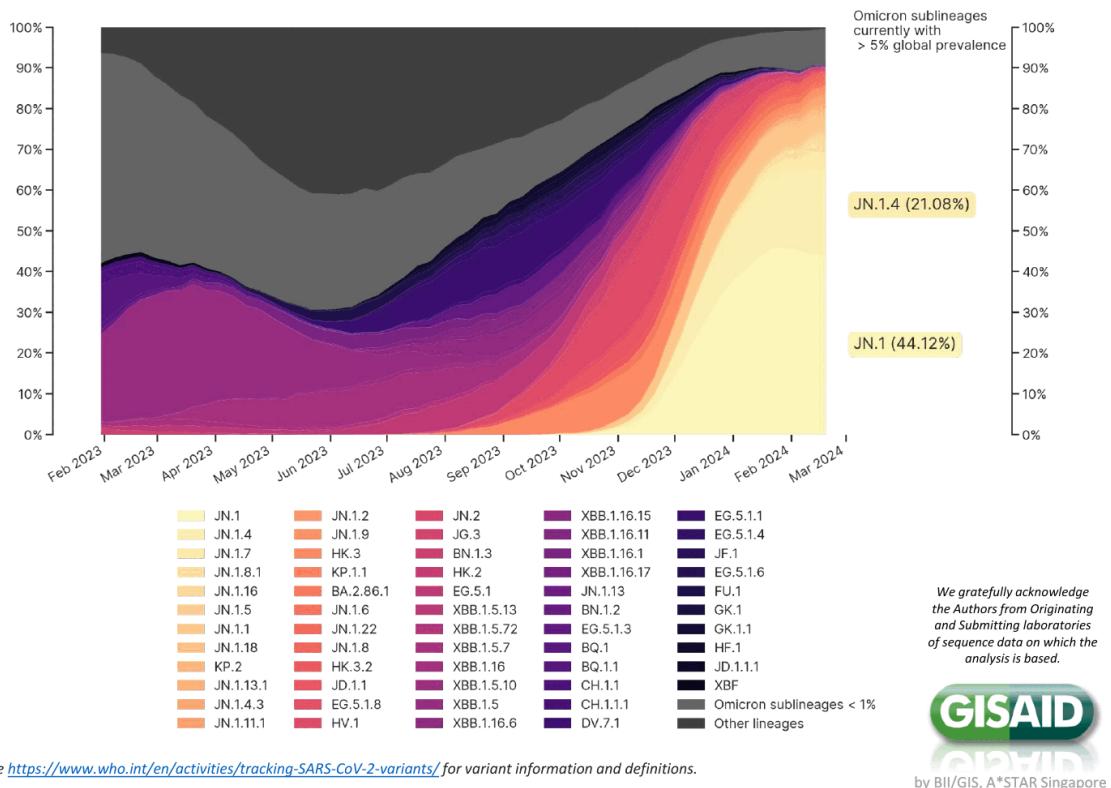
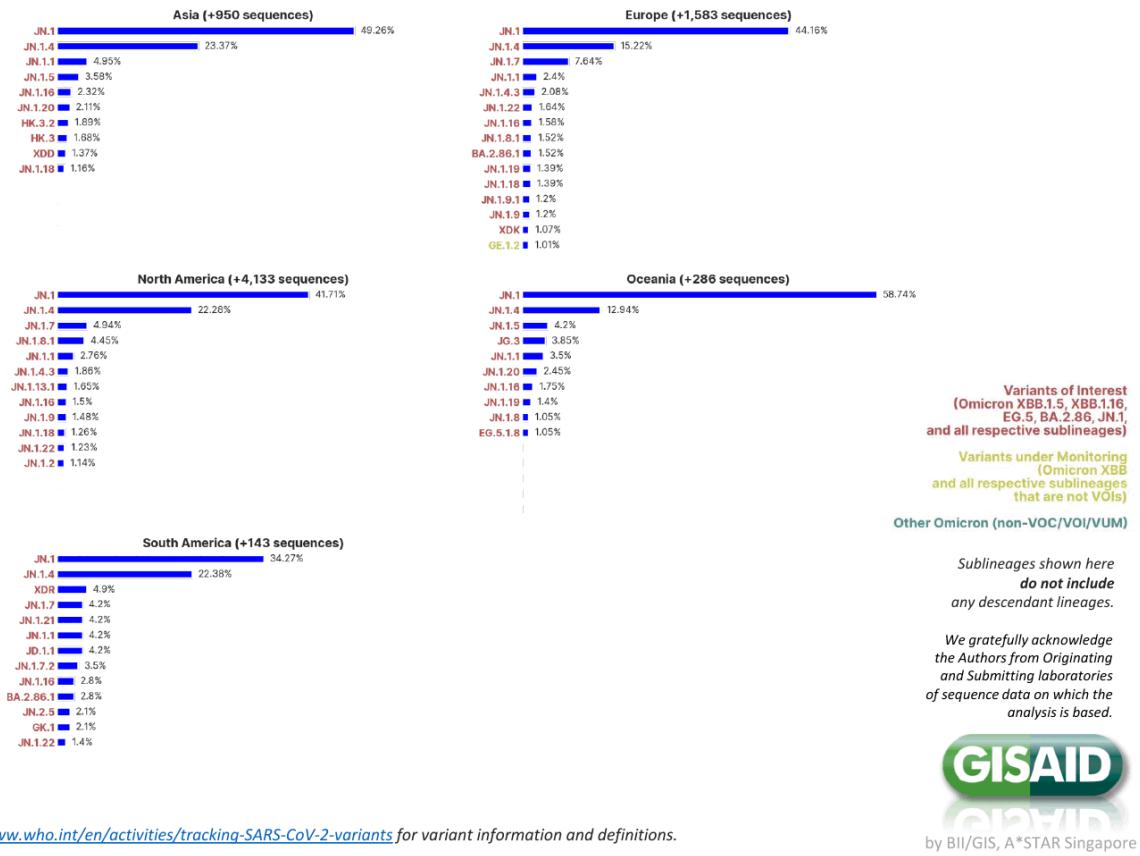


Рисунок 1. Распространение субвариантов Omicron в мире (по состоянию на 12.03.2024 г.)

Генетическое разнообразие циркулирующих в регионах мира субвариантов Omicron за последние 4 недели показано на рисунке 2. На прошедшей неделе среди циркулирующих штаммов удельный вес субварианта JN.1 составлял от 34,27% в Южной Америке (-5,73% за прошедшую неделю) до 58,74% в Тихоокеанском регионе (-0,47% за прошедшую неделю), субварианта JN.1.4 – от 13,53% в Южной Америке (+8,85% за прошедшую неделю) до 21,1% в Северной Америке (+1,18% за прошедшую неделю).



by BII/GIS, A*STAR Singapore

Рисунок 2. Распространение субвариантов Omicron в регионах мира за последние 4 недели (с 13 февраля по 12 марта 2024 г.)

За последнюю неделю распространенность вариантов VOI в мире остается доминирующей: в Тихоокеанском регионе – 99,8%, в Южной Америке – 98,7%, в Северной Америке – 97,7%, в Африке – 97,6%, в Азии – 97,0%, в Европе – 96,8% (рис. 3).

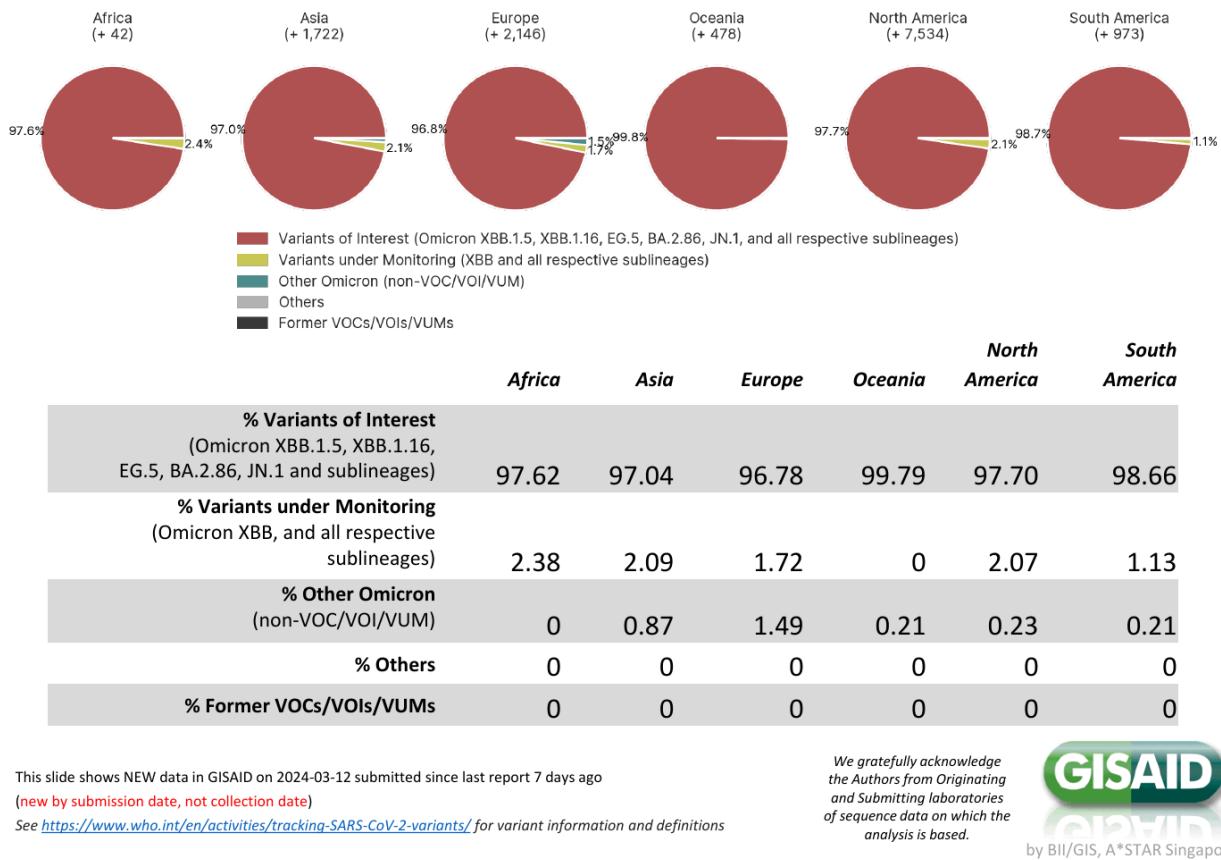


Рисунок 3. Распространение субвариантов Omicron в регионах мира, секвенированных за последнюю неделю (по состоянию на 12 марта 2024 г.)

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

По состоянию на 15 марта 2024 г. распространение субварианта EG.5 составило 4,5%. Распространение XBB.1.5 снизилось с 1,1% на предыдущей неделе – до 0,6 % на текущей неделе, XBB.1.16 – с 0,5% до 0,3%, BA.2.86 – с 3,1% до 1,8%.

В базу данных GISAID EpiCoV последовательности, относящиеся к XBB.1.5 (Kraken) депонированы из 146 стран. За последние 4 недели лаборатории 10 стран разместили 28 последовательностей субварианта (США – 39,3%).

Субвариант XBB.1.16 (Arcturus) депонирован из 129 стран, за последние 4 недели – 14 штаммов из 8 стран.

Субвариант EG.5 (Eris) секвенирован лабораториями 110 стран. За последние 4 недели депонировано 154 генома субварианта. EG.5 преимущественно выделяли в Канаде (21,5% от всех EG.5 секвенированных за 4 недели), США (26,6%) и Китае (19,5%).

Субвариант BA.2.86 (Pirola) по состоянию на 15 марта 2024 г. циркулирует в 89 странах. За последние 4 недели в базу данных GISAID депонировано 163 геномные последовательности из 18 стран (Великобритания – 23,9%, Канада – 26,9%, США – 15,3% от всех секвенированных BA.2.86 в этот период).

Геномные последовательности субварианта JN.1 представлены из 119 стран (на прошлой неделе из 116 стран), распространность составила 84,6%. Удельный вес субварианта среди секвенированных за последние 4 недели штаммов Omicron составил в США – 99,3%, Сингапур – 98,3%, Израиле – 94%, Канаде – 90,9%, Австралии – 90,9%, Испании – 90,5%, Франции – 90,1%, Швеции – 90,2%, Китае – 90%, Южной Корее – 89,7%, Великобритании – 79,6%.

Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)

Субвариант XBB.1.9.1 (Hyperion) секвенирован лабораториями 128 стран, за последние 4 недели геномы субварианта представлены из 2 стран. Распространность варианта в мире составляет 0,1%.

Субвариант XBB.2.3 (Acrux) депонирован из 119 стран мира, за последние 4 недели в базе данных GISAID лаборатории 4 стран разместили 25 геномных последовательностей XBB.2.3, распространность – 0,3%.

Субвариант XBB (Gryphon) секвенирован лабораториями 154 стран. За последние 4 недели геномные последовательности субварианта депонированы из 5 стран, распространность субварианта в мире составляет 0,2%.

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 (17.02. – 15.03.2024 г.) | Процент геномов, относящихся к варианту Omicron (B.1.1.529), депонированных за последние 4 недели |
|---|--|---|---|---|
| Австралия (рост заболеваемости) | NSW Health Pathology – Institute of Clinical Pathology and Medical Research; Westmead Hospital; University of Sydney | 175163 | 344 | 100,0 |
| Австрия (стабилизация заболеваемости) | Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences | 194307 | 0 | 0,0 |
| 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 | 693 | 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 | 157 | 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 | 10199 | 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 | 2326 | 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 | 247 | 0 | 0,0 |
| Бахрейн (стабилизация заболеваемости) | Communicable Disease Laboratory, Public Health Directorate | 7501 | 0 | 0,0 |
| Беларусь (стабилизация заболеваемости) | Laboratory for HIV and opportunistic infections diagnosis The Republican Research and Practical | 120 | 0 | 0,0 |

| | | | | |
|---|--|--------|----|-------|
| | Center for Epidemiology and Microbiology(RRPECM) | | | |
| Белиз (стабилизация заболеваемости) | Texas Children's Microbiome Center | 703 | 0 | 0,0 |
| Бельгия (стабилизация заболеваемости) | KU Leuven, Rega Institute, Clinical and Epidemiological Virology | 99906 | 7 | 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 | 7908 | 0 | 0,0 |
| Боливия (стабилизация заболеваемости) | Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ | 274 | 0 | 0,0 |
| Бонэйр (стабилизация заболеваемости) | National Institute for Public Health and the Environment(RIVM) | 1081 | 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 | 3455 | 0 | 0,0 |
| Бразилия (стабилизация заболеваемости) | Instituto Adolfo Lutz, Interdisciplinary Procedures Center, Strategic Laboratory | 124293 | 48 | 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) | 6371 | 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. | 1520799 | 838 | 100,0 |
| Венгрия (стабилизация заболеваемости) | National Laboratory of Virology, Szentágothai Research Centre | 651 | 0 | 0,0 |
| Венесуэла (стабилизация заболеваемости) | Laboratorio de Virología Molecular | 829 | 0 | 0,0 |
| Вьетнам (стабилизация заболеваемости) | National Influenza Center, National Institute of Hygiene and Epidemiology(NIHE) | 6596 | 0 | 0,0 |
| Габон (стабилизация заболеваемости) | Centre de recherches médicales de Lambaréne(CERMEL) | 2 | 0 | 0,0 |
| Гаити (стабилизация заболеваемости) | Laboratoire National de Santé Publique – LNSP(HAITI – LNSP) | 489 | 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 | 699 | 0 | 0,0 |

| | | | | |
|--|--|--------|----|-------|
| Гватемала (стабилизация заболеваемости) | Asociación de Salud Integral/Clínica Familiar Luis Ángel García | 4365 | 0 | 0,0 |
| Гвинея (стабилизация заболеваемости) | Centre de Recherche et de Formation en Infectiologie Guinée | 536 | 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. | 583571 | 47 | 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 | 227 | 0 | 0,0 |
| Гонконг (стабилизация заболеваемости) | Hong Kong Department of Health | 13870 | 1 | 100,0 |
| Гренада | WINDREF/SGU Laboratory | 112 | 0 | 0,0 |
| Греция (стабилизация заболеваемости) | Greek Genome Center, Biomedical Research Foundation of the Academy of Athens(BRFAA) | 25911 | 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. | 2610 | 0 | 0,0 |
| Гуам (стабилизация заболеваемости) | Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery | 505 | 0 | 0,0 |
| Дания (стабилизация заболеваемости) | Albertsen lab, Department of Chemistry and Bio-science, Aalborg University. Department of Virus and Microbiological Special Diagnostics, Statens Serum Institut. | 376902 | 6 | 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 | 2138 | 2 | 100,0 |
| 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 | 2793 | 0 | 0,0 |
| Замбия (стабилизация заболеваемости) | University of Zambia, School of Veterinary Medicine | 1268 | 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 | 120760 | 163 | 97,6 |
| Индия (стабилизация заболеваемости) | Department of Neurovirology, National Institute of Mental Health and Neurosciences(NIMHANS).CSIR–Centre for Cellular and Molecular Biology | 146361 | 0 | 0,0 |
| Индонезия (стабилизация заболеваемости) | National Institute of Health Research and Development | 40734 | 3 | 100,0 |
| Иордания (стабилизация заболеваемости) | Andersen lab at Scripps Research, CA, USA | 250 | 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 GISAIID | 431 | 0 | 0,0 |
| Иран (стабилизация заболеваемости) | National Reference Laboratory for COVID–19, Pasteur Institute of Iran | 2875 | 0 | 0,0 |
| Ирландия (стабилизация заболеваемости) | National Virus Reference Laboratory | 61954 | 80 | 100,0 |
| Исландия (стабилизация заболеваемости) | Landspitali Department of Clinical Microbiology | 11635 | 1 | 100,0 |
| Испания (стабилизация заболеваемости) | Hospital Universitario 12 de Octubre | 147375 | 105 | 100,0 |
| Италия (стабилизация заболеваемости) | Army Medical Center, Scientific Department, Virology Laboratory | 99103 | 49 | 100,0 |
| Кабо–Верде (стабилизация заболеваемости) | Institut Pasteur de Dakar | 772 | 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 | 1999 | 0 | 0,0 |
| Камерун (стабилизация заболеваемости) | CREMER(Centre de Recherches sur les Maladies Emergentes et Ré–émergentes) | 1348 | 0 | 0,0 |
| Канада (стабилизация заболеваемости) | Laboratoire de santé publique du Québec | 360513 | 1658 | 92,9 |
| 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 | 0 | 0,0 |
| Кения (стабилизация заболеваемости) | KEMRI–Wellcome Trust Research Programme/KEMRI–CGMR–C Kilifi | 6098 | 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 | 69888 | 450 | 100,0 |
| Колумбия (стабилизация заболеваемости) | Instituto Nacional de Salud– Dirección de Investigación en Salud Pública | 15838 | 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 | 946 | 0 | 0,0 |
| Коста-Рика (стабилизация заболеваемости) | Inciensa, Instituto Costarricense de Investigación y Enseñanza en Nutrición y Salud | 9887 | 0 | 0,0 |
| Кот Д'Ивуар (стабилизация заболеваемости) | Molecular diagnostic unit for viral haemorrhagic fevers and emerging viruses, Bouaké CHU Laboratory | 310 | 0 | 0,0 |
| Куба (стабилизация заболеваемости) | Respiratory Infections Laboratory | 631 | 0 | 0,0 |
| Кувейт (стабилизация заболеваемости) | Virology Unit, Department of Microbiology, Faculty of Medicine, Kuwait | 996 | 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) | 1307 | 0 | 0,0 |
| Лаос (стабилизация заболеваемости) | LOMWRU/Microbiology Laboratory, Mahosot Hospital | 1020 | 3 | 100,0 |
| Латвия (стабилизация заболеваемости) | Latvian Biomedical Research and Study Centre | 14445 | 0 | 0,0 |
| Лесото (стабилизация заболеваемости) | National Institute for Communicable Diseases of the National Health Laboratory Service | 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 | 940 | 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 | 12716 | 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 | 37985 | 0 | 0,0 |
| Макао (стабилизация заболеваемости) | Centro de Sequenciamento Genômico | 1 | 0 | 0,0 |
| Маврикий (стабилизация заболеваемости) | CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD | 7912 | 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 | 375 | 0 | 0,0 |
| Малайзия (стабилизация заболеваемости) | Institute for Medical Research, Infectious Disease Research Centre, National Institutes of Health, Ministry of Health Malaysia | 35306 | 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 | 160 | 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 | 42 | 0 | 0,0 |
| Марокко (стабилизация заболеваемости) | Laboratoire de Biotechnologie | 1358 | 0 | 0,0 |
| Мартиника (стабилизация заболеваемости) | CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD | 1543 | 0 | 0,0 |
| Мексика (стабилизация заболеваемости) | Instituto de Diagnostic y Referencia Epidemiologicos (INDRE) | 46490 | 0 | 0,0 |
| Мозамбик (стабилизация заболеваемости) | KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform, South Africa | 801 | 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 | 1053 | 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 | 166 | 0 | 0,0 |
| Намибия (стабилизация заболеваемости) | National Institute for Communicable Diseases of the National Health Laboratory Service | 877 | 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 | 1301 | 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 | 3372 | 0 | 0,0 |
| Нидерланды (стабилизация заболеваемости) | National Institute for Public Health and the Environment(RIVM) | 84971 | 61 | 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) | 39326 | 0 | 0,0 |
| Новая Кaledония (стабилизация заболеваемости) | Laboratoire de Microbiologie Centre Hospitalier Territorial de Nouvelle-Calédonie | 70 | 0 | 0,0 |
| Норвегия (стабилизация заболеваемости) | Norwegian Institute of Public Health, Department of Virology | 36035 | 0 | 0,0 |
| 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 | 680 | 2 | 100,0 |
| Острова Кука | Institute of Environmental Science and Research (ESR) | 189 | 0 | 0,0 |
| Пакистан (стабилизация заболеваемости) | Department of Virology, Public Health Laboratories Division | 3501 | 0 | 0,0 |
| Палау (стабилизация заболеваемости) | Can Ruti SARS-CoV-2 Sequencing Hub (HUGTiP/IrsiCaixa/IGTP) | 74 | 0 | 0,0 |

| | | | | |
|---|---|-------|----|-------|
| Палестина (стабилизация заболеваемости) | Biochemistry and Molecular Biology Department– Faculty of Medicine, Al–Quds University | 103 | 0 | 0,0 |
| Панама (стабилизация заболеваемости) | Gorgas memorial Institute For Health Studies | 3333 | 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 | 2382 | 0 | 0,0 |
| Перу (стабилизация заболеваемости) | Laboratorio de Referencia Nacional de Biotecnología y Biología Molecular. Instituto Nacional de SaludPerú | 39025 | 0 | 0,0 |
| Польша (стабилизация заболеваемости) | genXone SA, Research & Development Laboratory | 47199 | 54 | 100,0 |
| Португалия (стабилизация заболеваемости) | Instituto Nacional de Saude(INSA) | 24390 | 25 | 100,0 |
| Пуэрто Рико (стабилизация заболеваемости) | Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery | 19324 | 0 | 0,0 |
| Республика Вануату (стабилизация заболеваемости) | Microbiological Diagnostic Unit - Public Health Laboratory (MDU-PHL) | 100 | 0 | 0,0 |
| Республика Джибути (стабилизация заболеваемости) | Naval Medical Research Center Biological Defense Research Directorate | 633 | 0 | 0,0 |
| Республика Кирибати (стабилизация заболеваемости) | Microbiological Diagnostic Unit - Public Health Laboratory (MDU-PHL) | 136 | 0 | 0,0 |
| Республика Конго (стабилизация заболеваемости) | Institute of Tropical Medicine | 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 | 587 | 0 | 0,0 |
| Республика Чад (стабилизация заболеваемости) | Pathogen Genomics Lab, National Institute for Biomedical Research (INRB), | 28 | 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 Center of Virology and Biotechnology VECTOR, Department of Collection of Microorganisms. | 52998 | 0 | 0,0 |
| Руанда (стабилизация заболеваемости) | GIGA Medical Genomics | 202 | 0 | 0,0 |
| Румыния (стабилизация заболеваемости) | National Institute of Infectious Diseases–Prof. Dr. Matei Bals Molecular Diagnostics Laboratory | 12313 | 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 | 408 | 0 | 0,0 |
| Северные Марианские острова (стабилизация заболеваемости) | Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery | 2092 | 0 | 0,0 |
| Сейшельы (стабилизация заболеваемости) | KEMRI– Wellcome Trust Research Programme, Kilifi | 619 | 0 | 0,0 |
| Сенегал (стабилизация заболеваемости) | IRESSEF GENOMICS LAB | 1775 | 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 | 107 | 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 | 220 | 0 | 0,0 |
| Сербия (стабилизация заболеваемости) | Institute of microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, University of Belgrade | 1686 | 0 | 0,0 |
| Сингапур (стабилизация заболеваемости) | National Public Health Laboratory, National Centre for Infectious Diseases | 36043 | 130 | 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) | 919 | 0 | 0,0 |

| | | | | |
|--|---|---------|------|-------|
| Сирия (стабилизация заболеваемости) | CASE-2021-0266829 | 91 | 0 | 0,0 |
| Словакия (стабилизация заболеваемости) | Faculty of Natural Sciences, Comenius University | 28755 | 0 | 0,0 |
| Словения (стабилизация заболеваемости) | Institute of Microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, University of Ljubljana | 37889 | 3 | 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. | 2675634 | 4015 | 100,0 |
| Сьерра-Леоне (стабилизация заболеваемости) | Central Public Health Reference Laboratory | 1 | 0 | 0,0 |
| Таиланд (стабилизация заболеваемости) | COVID-19 Network Investigations(CONI) Alliance | 30862 | 5 | 100,0 |
| Тайвань (стабилизация заболеваемости) | Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision Medicine | 4520 | 2 | 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) | 4 | 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) | 519 | 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 | 2808 | 0 | 0,0 |
| Тунис (стабилизация заболеваемости) | Laboratoire de linique linique – Institut Pasteur de Tunis | 930 | 0 | 0,0 |
| Турция (стабилизация заболеваемости) | Ministry of Health Turkey | 22552 | 0 | 0,0 |
| Уганда (стабилизация заболеваемости) | MRC/UVRI & LSHTM Uganda Research Unit | 834 | 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” | 5668 | 4 | 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 | 311 | 0 | 0,0 |

| | | | | |
|---|---|--------|-----|-------|
| Федеративные штаты Микронезии (стабилизация заболеваемости) | Pohnpei State Hospital, State Laboratories Division, Hawaii State Department of Health | 90 | 0 | 0,0 |
| Филиппины (стабилизация заболеваемости) | Philippine Genome Center | 16000 | 0 | 0,0 |
| Финляндия (стабилизация заболеваемости) | Department of Virology, Faculty of Medicine, University of Helsinki | 26248 | 70 | 100,0 |
| Франция (стабилизация заболеваемости) | CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD | 407409 | 166 | 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 | 26038 | 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 | 603 | 0 | 0,0 |
| Чехия (стабилизация заболеваемости) | The National Institute of Public Health | 34484 | 3 | 100,0 |
| Чили (стабилизация заболеваемости) | Instituto de Salud Publica de Chile | 28102 | 36 | 100,0 |
| Швейцария (стабилизация заболеваемости) | Department of Biosystems Science and Engineering, ETH Zürich. | 58197 | 0 | 0,0 |
| Швеция (стабилизация заболеваемости) | The Public Health Agency of Sweden | 131258 | 118 | 100,0 |

| | | | | |
|---|--|--------|----|-------|
| Шри-Ланка (стабилизация заболеваемости) | Centre for Dengue Research and AICBU, Department of Immunology and Molecular Medicine | 1191 | 0 | 0,0 |
| Эквадор (стабилизация заболеваемости) | Instituto Nacional de Investigaciónen Salud Pública, INSPI | 7007 | 59 | 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 | 6252 | 0 | 0,0 |
| Эфиопия (стабилизация заболеваемости) | International Centre for Genetic Engineering and Biotechnology(ICGEB) and ARGO Open Lab for Genome Sequencing | 210 | 0 | 0,0 |
| ЮАР (стабилизация заболеваемости) | KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform. | 27879 | 0 | 0,0 |
| Южная Корея (стабилизация заболеваемости) | Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency | 159889 | 93 | 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 | 3426 | 0 | 0,0 |
| Япония (стабилизация заболеваемости) | Pathogen Genomics Center, National Institute of Infectious Diseases | 461117 | 85 | 100,0 |

Публикации:

1. Front Microbiol. 2024 Feb 27:15:1332276.
doi: 10.3389/fmicb.2024.1332276. eCollection 2024.

Genome sequence diversity of SARS-CoV-2 in Serbia: insights gained from a 3-year pandemic study

Разнообразие последовательностей генома SARS-CoV-2 в Сербии: выводы, полученные в результате трехлетнего исследования пандемии

Mirjana Novkovic # 1 , Bojana Banovic Djeri # 1 , Bojan Ristivojevic # и др.

Приведены национальные данные о появлении новых вариантов, их распространении и динамике трехлетнего исследования, проведенного с марта 2020 года по конец января 2023 года в Республике Сербия. Мазки из носоглотки и ротоглотки от 2398 пациентов с COVID-19 были собраны и секвенированы с использованием трех различных технологий нового поколения: Oxford Nanopore, Ion Torrent и DNBSeq. Среди 2107 последовательностей SARS-CoV-2, соответствующих требованиям качества, было проведено обнаружение мутаций, отнесение к линиям SARS-CoV-2 и филогенетический анализ. За 3-летний период обнаружили три вызывающих обеспокоенность варианта, а именно Альфа (5,6%), Дельта (7,4%) и Омикрон (70,3%), а также один представляющий интерес вариант - рекомбинантный Омикрон «Кракен» (XBB1.5). (<1%), тогда как 16,8% образцов принадлежали к другим сублиниям SARS-CoV-2. Обнаруженные сублинии SARS-CoV-2 привели к восьми волнам пандемии COVID-19 в Сербии, что соответствует волнам пандемии, зарегистрированным в Европе и США. Динамика волн в Сербии показала наибольшее сходство с профилем пандемических волн в южной Европе. Образцы были отнесены к шестнадцати кладам SARS-CoV-2 Nextstrain: 20A, 20B, 20C, 20D, 20E, 20G, 20I, 21J, 21K, 21L, 22A, 22B, 22C, 22D, 22E и 22F и шести различным рекомбинантам Omicron (XZ, XAZ, XAS, XBB, XBF и XBK). 10 наиболее распространенных мутаций, обнаруженных в кодирующих и нетранслируемых областях генома SARS-CoV-2, включали четыре мутации, затрагивающие белок-шип (S:D614G, S:T478K, S:P681H и S:S477N), и по одной мутации в каждой из следующих позиций: 5'-нетранслируемая область (5'UTR:241); N-белок (N:RG203KR); белок NSP3 (NSP3:F106F); белок NSP4 (NSP4:T492I); белок NSP6 (NSP6: S106/G107/F108 - тройная делеция) и белок NSP12b (NSP12b:P314L). Это исследование национального уровня является наиболее полным с точки зрения секвенирования и геномного надзора за SARS-CoV-2 во время пандемии в Сербии, подчеркивая важность установления и поддержания надлежащей национальной практики мониторинга SARS-CoV-2 и других вирусов, циркулирующих во всем мире.

2. Int J Mol Sci. 2024 Feb 23;25(5):2585.
doi: 10.3390/ijms25052585.

The Diverse Nature of the Molecular Interactions That Govern the COV-2 Variants' Cell Receptor Affinity Ranking and Its Experimental Variability

Разнообразная природа молекулярных взаимодействий, определяющих ранжирование сродства вариантов SARS- COV-2 к клеточным рецепторам и его экспериментальную изменчивость

Fredy Sussman 1 , Daniel S Villaverde 1

Авторы применили набор вычислительных протоколов возрастающей сложности для расчета сродства связывания шипов для трех вариантов, представляющих интерес для клеточного рецептора ACE2. Результаты ясно показывают, что прикрепление шипов вариантов Дельта и Омикрон к рецептору происходит за счет различных механизмов молекулярного взаимодействия. Все эти протоколы единогласно предсказывают, что вариант Дельта имеет самую высокую аффинность связывания рецептора, в то время как вариант Омикрон демонстрирует существенную вариабельность аффинности связывания шипа, что связано со структурной пластичностью комплекса шип-рецептор Омикрон. Предполагают, что последний результат может объяснить (по крайней мере частично) вариабельность результатов связывания этого VOC *in vitro*. Касательно причины более низкой вирулентности варианта Омикрон по сравнению с более ранними штаммами разработано несколько гипотез.

3. *mBio*. 2024 Mar 13:e0312923.

doi: 10.1128/mbio.03129-23. Online ahead of print.

1. *Front Microbiol*. 2024 Feb 27:15:1332276.

doi: 10.3389/fmicb.2024.1332276. eCollection 2024.

Genome sequence diversity of SARS-CoV-2 in Serbia: insights gained from a 3-year pandemic study

Разнообразие последовательностей генома SARS-CoV-2 в Сербии: выводы, полученные в результате трехлетнего исследования пандемии

[Mirjana Novkovic #¹](#), [Bojana Banovic Djeli #¹](#), [Bojan Ristivojevic #](#) и др.

Приведены национальные данные о появлении новых вариантов, их распространении и динамике трехлетнего исследования, проведенного с марта 2020 года по конец января 2023 года в Республике Сербия. Мазки из носоглотки и ротоглотки от 2398 пациентов с COVID-19 были собраны и секвенированы с использованием трех различных технологий нового поколения: Oxford Nanopore, Ion Torrent и DNBSeq. Среди 2107 последовательностей SARS-CoV-2, соответствующих требованиям качества, было проведено обнаружение мутаций, отнесение к линиям SARS-CoV-2 и филогенетический анализ. За 3-летний период обнаружили три вызывающих обеспокоенность варианта, а именно Альфа (5,6%), Дельта (7,4%) и Омикрон (70,3%), а также один представляющий интерес вариант - рекомбинантный Омикрон

«Кракен» (XBB1.5). (<1%), тогда как 16,8% образцов принадлежали к другим сублиниям SARS-CoV-2. Обнаруженные сублинии SARS-CoV-2 привели к восьми волнам пандемии COVID-19 в Сербии, что соответствует волнам пандемии, зарегистрированным в Европе и США. Динамика волн в Сербии показала наибольшее сходство с профилем пандемических волн в южной Европе. Образцы были отнесены к шестнадцати кладам SARS-CoV-2 Nextstrain: 20A, 20B, 20C, 20D, 20E, 20G, 20I, 21J, 21K, 21L, 22A, 22B, 22C, 22D, 22E и 22F и шести различным рекомбинантам Omicron (XZ, XAZ, XAS, XBB, XBF и XBK). 10 наиболее распространенных мутаций, обнаруженных в кодирующих и нетранслируемых областях генома SARS-CoV-2, включали четыре мутации, затрагивающие белок-шип (S:D614G, S:T478K, S:P681H и S:S477N), и по одной мутации в каждой из следующих позиций: 5'-нетранслируемая область (5'UTR:241); N-белок (N:RG203KR); белок NSP3 (NSP3:F106F); белок NSP4 (NSP4:T492I); белок NSP6 (NSP6: S106/G107/F108 - тройная делеция) и белок NSP12b (NSP12b:P314L). Это исследование национального уровня является наиболее полным с точки зрения секвенирования и геномного надзора за SARS-CoV-2 во время пандемии в Сербии, подчеркивая важность установления и поддержания надлежащей национальной практики мониторинга SARS-CoV-2 и других вирусов, циркулирующих во всем мире.

2. Int J Mol Sci. 2024 Feb 23;25(5):2585.
doi: 10.3390/ijms25052585.

The Diverse Nature of the Molecular Interactions That Govern the COV-2 Variants' Cell Receptor Affinity Ranking and Its Experimental Variability

Разнообразная природа молекулярных взаимодействий, определяющих ранжирование сродства вариантов SARS-CoV-2 к клеточным рецепторам и его экспериментальную изменчивость

Fredy Sussman 1 , Daniel S Villaverde 1

Авторы применили набор вычислительных протоколов возрастающей сложности для расчета сродства связывания шипов для трех вариантов, представляющих интерес для клеточного рецептора ACE2. Результаты ясно показывают, что прикрепление шипов вариантов Дельта и Омикрон к рецептору происходит за счет различных механизмов молекулярного взаимодействия. Все эти протоколы единогласно предсказывают, что вариант Дельта имеет самую высокую аффинность связывания рецептора, в то время как вариант Омикрон демонстрирует существенную вариабельность аффинности связывания шипа, что связано со структурной пластичностью комплекса шип-рецептор Омикрон. Предполагают, что последний результат может объяснить (по крайней мере частично) вариабельность результатов связывания этого VOC *in vitro*. Касательно причины более низкой вирулентности варианта Омикрон по сравнению с более ранними штаммами разработано несколько гипотез.

3. mBio. 2024 Mar 13:e0312923.
doi: 10.1128/mbio.03129-23. Online ahead of print.

Comparison of SARS-CoV-2 variants of concern in primary human nasal cultures demonstrates Delta as most cytopathic and Omicron as fastest replicating

Сравнение вызывающих обеспокоенность вариантов SARS-CoV-2 в первичных назальных культурах человека показывает, что Дельта является наиболее цитопатичным, а Омикрон - наиболее быстро реплицирующимся.

Nikhila S Tanneti 1 , Anant K Patel 1 , Li Hui Tan 2 , и др.

Авторы исследовали функциональные особенности каждого VOC SARS-CoV-2, связанные с вариациями скорости репликации. Первичные назальные культуры, полученные от пациентов, выращенные на границе раздела воздух-жидкость, использовались для моделирования инфекции верхних дыхательных путей и сравнивались с клеточными линиями, полученными из эпителия легких человека. Все VOCs реплицировались до более высоких титров, чем предковый вирус, что предполагает отбор по эффективности репликации. В первичных назальных культурах Омикрон реплицировался до самых высоких титров в ранние моменты времени, за ним следовал Дельта. Все вирусы SARS-CoV-2 проникали в клетку, преимущественно используя (TMPRSS2)-зависимый путь (трансмембранный сериновая протеаза 2), а Omicron с большей вероятностью использовал эндосомальный путь проникновения. Все VOCs активировали и преодолевали клеточные реакции, индуцированные dsRNA, включая передачу сигналов интерферона (IFN), деградацию олигоаденилатрибонуклеазы L и активацию протеинкиназы R. Инфекция, вызванная Омикроном, индуцировала экспрессию большинства генов, стимулируемых IFN. Инфекции в назальных культурах приводили к повреждению клеток, включая нарушение целостности клеточного барьера и утрату назальных ресничек и функции сокращения ресничек, особенно во время дельта-инфекции. В целом, Омикрон был оптимизирован для репликации в верхних дыхательных путях и наименее благоприятен для клеток нижних дыхательных путей, а Дельта был наиболее цитопатичным для клеток как верхних, так и нижних дыхательных путей. Эти результаты подчеркивают функциональные различия между VOCs на клеточном уровне и предполагают различные механизмы патогенеза у инфицированных людей.

4. Nat Commun. 2024 Mar 13;15(1):2254.
doi: 10.1038/s41467-024-46490-7.

Distinct evolution of SARS-CoV-2 Omicron XBB and BA.2.86/JN.1 lineages combining increased fitness and antibody evasion

Индивидуальная эволюция линий SARS-CoV-2 Omicron XBB и BA.2.86/JN.1, сочетающая повышенную приспособленность и уклонение от антител.

Delphine Planas # 1 2 , Isabelle Staropoli 3 , Vincent Michel 4 ,

Непрекращающаяся циркуляция SARS-CoV-2 приводит к постоянному появлению новых линий. В этом исследовании авторы изолировали и охарактеризовали варианты XBB.1, XBB.1.5, XBB.1.9.1, XBB.1.16.1, EG.5.1.1, EG.5.1.3, XBF, BA.2.86.1 и JN.1 , что составляет >80% циркулирующих вариантов в январе 2024 года. Субварианты XBB несут небольшое количество повторяющихся мутаций в шипе, тогда как BA.2.86.1 и JN.1 содержат >30 дополнительных изменений. Эти варианты реплицируются в IGROV-1, но не реплицируются в Vero E6 и не являются заметно сливающимися. Они мощно инфицируют эпителиальные клетки носа, при этом EG.5.1.3

демонстрирует наибольшую приспособленность. Противовирусные препараты остаются активными. Реакции нейтрализующих антител (NAb) у вакцинированных и лиц, инфицированных BA.1/BA.2, заметно ниже по сравнению с таковыми для BA.1, без существенных различий между вариантами. Прорывная инфекция XBB усиливает ответы NAb против вариантов XBB и BA.2.86. JN.1 демонстрирует более низкое сродство к ACE2 и более высокие свойства уклонения от иммунитета по сравнению с BA.2.86.1. Таким образом, несмотря на различия, эволюционная траектория этих вариантов сочетает в себе повышенную приспособленность и уклонение от антител.

5. Proc Natl Acad Sci U S A . 2024 Mar 19;121(12):e2317284121.
doi: 10.1073/pnas.2317284121. Epub 2024 Mar 13.

Unsupervised identification of significant lineages of SARS-CoV-2 through scalable machine learning methods

Неконтролируемая идентификация значительных линий SARS-CoV-2 с помощью масштабируемых методов машинного обучения

Roberto Cahuantzi 1 2 , Katrina A Lythgoe 3 4 5 , Ian Hall 1 ,

Филогенетические методы обеспечивают «золотой стандарт» для представления глобального разнообразия SARS-CoV-2 и выявления новых линий. Однако эти методы требуют больших вычислительных затрат, неэффективны, когда наборы данных становятся слишком большими, и требуют ручного управления для обозначения новых линий. Эти проблемы дают мотивацию для разработки дополнительных методов, которые могут включать все доступные генетические данные без уменьшения выборки для быстрого извлечения значимой информации с минимальным контролем. Авторы демонстрируют полезность использования алгоритмических подходов, основанных на статистике слов, для представления целых последовательностей, что обеспечивает скорость, масштабируемость и интерпретируемость построения генетических топологий. Предлагаемые методы не заменяют текущий филогенетический анализ, но могут использоваться в качестве дополнительного и полностью автоматизированного подхода для выявления и подтверждения новых возникающих вариантов.

Сравнение вызывающих обеспокоенность вариантов SARS-CoV-2 в первичных назальных культурах человека показывает, что Дельта является наиболее цитопатичным, а Омикрон - наиболее быстро реплицирующимся.

Nikhila S Tanneti 1 , Anant K Patel 1 , Li Hui Tan 2 , и др.

Авторы исследовали функциональные особенности каждого VOC SARS-CoV-2, связанные с вариациями скорости репликации. Первичные назальные культуры, полученные от пациентов, выращенные на границе раздела воздух-жидкость, использовались для моделирования инфекции верхних дыхательных путей и сравнивались с клеточными линиями, полученными из эпителия легких человека. Все

VOCs реплицировались до более высоких титров, чем предковый вирус, что предполагает отбор по эффективности репликации. В первичных назальных культурах Омикрон реплицировался до самых высоких титров в ранние моменты времени, за ним следовал Дельта. Все вирусы SARS-CoV-2 проникали в клетку, преимущественно используя (TMPRSS2)-зависимый путь (трансмембранный сериновая протеаза 2), а Omicron с большей вероятностью использовал эндосомальный путь проникновения. Все VOCs активировали и преодолевали клеточные реакции, индуцированные dsRNA, включая передачу сигналов интерферона (IFN), деградацию олигоаденилатрибонуклеазы L и активацию протеинкиназы R. Инфекция, вызванная Омикроном, индуцировала экспрессию большинства генов, стимулируемых IFN. Инфекции в назальных культурах приводили к повреждению клеток, включая нарушение целостности клеточного барьера и утрату назальных ресничек и функции сокращения ресничек, особенно во время дельта-инфекции. В целом, Омикрон был оптимизирован для репликации в верхних дыхательных путях и наименее благоприятен для клеток нижних дыхательных путей, а Дельта был наиболее цитопатичным для клеток как верхних, так и нижних дыхательных путей. Эти результаты подчеркивают функциональные различия между VOCs на клеточном уровне и предполагают различные механизмы патогенеза у инфицированных людей.

4. Nat Commun. 2024 Mar 13;15(1):2254.

doi: 10.1038/s41467-024-46490-7.

Distinct evolution of SARS-CoV-2 Omicron XBB and BA.2.86/JN.1 lineages combining increased fitness and antibody evasion

Индивидуальная эволюция линий SARS-CoV-2 Omicron XBB и BA.2.86/JN.1, сочетающая повышенную приспособленность и уклонение от антител.

Delphine Planas # 1 2 , Isabelle Staropoli 3 , Vincent Michel 4 ,

Непрекращающаяся циркуляция SARS-CoV-2 приводит к постоянному появлению новых линий. В этом исследовании авторы изолировали и охарактеризовали варианты XBB.1, XBB.1.5, XBB.1.9.1, XBB.1.16.1, EG.5.1.1, EG.5.1.3, XBF, BA.2.86.1 и JN.1 , что составляет >80% циркулирующих вариантов в январе 2024 года. Субварианты XBB несут небольшое количество повторяющихся мутаций в шипе, тогда как BA.2.86.1 и JN.1 содержат >30 дополнительных изменений. Эти варианты реплицируются в IGROV-1, но не реплицируются в Vero E6 и не являются заметно сливающимися. Они мощно инфицируют эпителиальные клетки носа, при этом EG.5.1.3 демонстрирует наибольшую приспособленность. Противовирусные препараты остаются активными. Реакции нейтрализующих антител (NAb) у вакцинированных лиц, инфицированных BA.1/BA.2, заметно ниже по сравнению с таковыми для BA.1, без существенных различий между вариантами. Прорывная инфекция XBB усиливает ответы NAb против вариантов XBB и BA.2.86. JN.1 демонстри-

рует более низкое сродство к ACE2 и более высокие свойства уклонения от иммунитета по сравнению с BA.2.86.1. Таким образом, несмотря на различия, эволюционная траектория этих вариантов сочетает в себе повышенную приспособленность и уклонение от антител.

5. Proc Natl Acad Sci U S A . 2024 Mar 19;121(12):e2317284121.
doi: 10.1073/pnas.2317284121. Epub 2024 Mar 13.

Unsupervised identification of significant lineages of SARS-CoV-2 through scalable machine learning methods

Неконтролируемая идентификация значительных линий SARS-CoV-2 с помощью масштабируемых методов машинного обучения

Roberto Cahuantzi 1 2 , Katrina A Lythgoe 3 4 5 , Ian Hall 1 ,

Филогенетические методы обеспечивают «золотой стандарт» для представления глобального разнообразия SARS-CoV-2 и выявления новых линий. Однако эти методы требуют больших вычислительных затрат, неэффективны, когда наборы данных становятся слишком большими, и требуют ручного управления для обозначения новых линий. Эти проблемы дают мотивацию для разработки дополнительных методов, которые могут включать все доступные генетические данные без уменьшения выборки для быстрого извлечения значимой информации с минимальным контролем. Авторы демонстрируют полезность использования алгоритмических подходов, основанных на статистике слов, для представления целых последовательностей, что обеспечивает скорость, масштабируемость и интерпретируемость построения генетических топологий. Предлагаемые методы не заменяют текущий филогенетический анализ, но могут использоваться в качестве дополнительного и полностью автоматизированного подхода для выявления и подтверждения новых возникающих вариантов.