

**Дмитриева Л. Н., Чумачкова Е.А., Гусева Н.П., 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 8 по 15 марта 2024 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 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: ХВВ.1.5, ХВВ.1.16, EG.5, BA.2.86 и JN.1. Группу циркулирующих вариантов, находящихся под наблюдением (VUM) представляют три генетические линии: ХВВ, ХВВ.1.9.1, ХВВ.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, Гваделупа, Гватемала, Гвинея, Германия, Гибралтар, Гондурас, Гонконг, Гренада, Греция, Грузия, Гуам, Габон, Дания, Джибути, Доминиканская Республика, Доминика, ДРК Демократическая

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

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

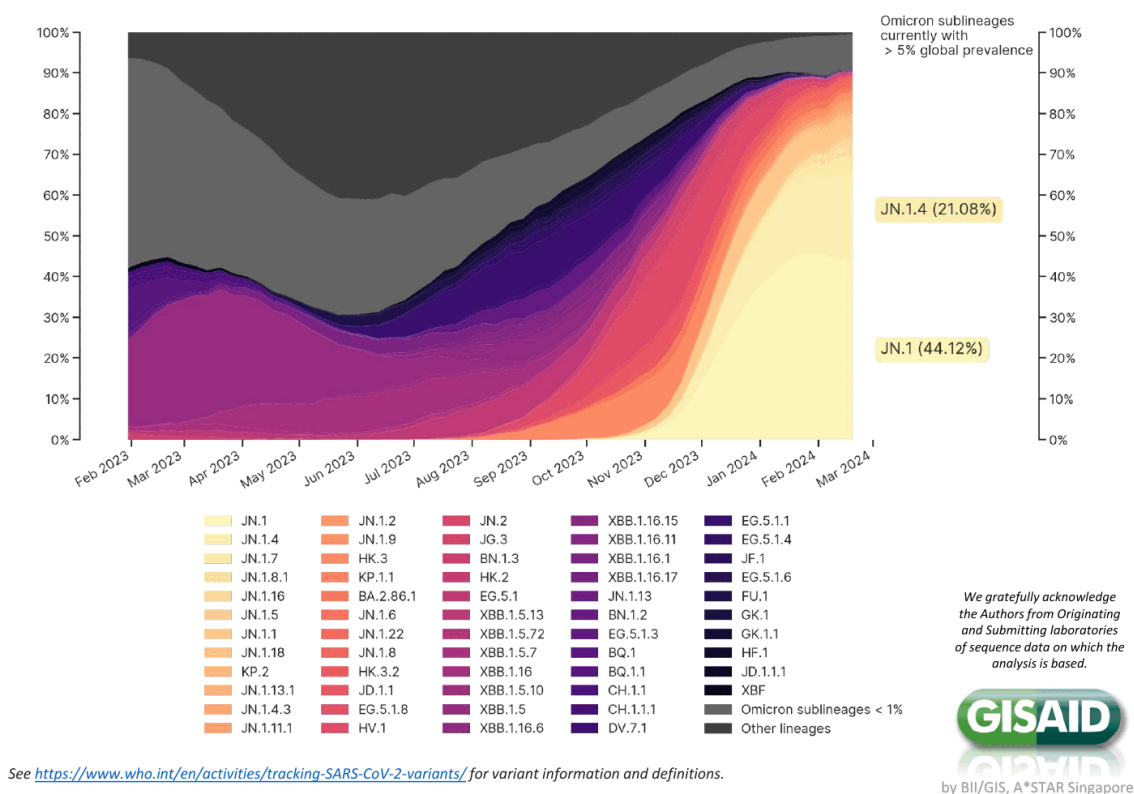


Рисунок 1. Распространение субвариантов Омикрон в мире (по состоянию на 12.03.2024 г.)

Генетическое разнообразие циркулирующих в регионах мира субвариантов Омикрон 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).

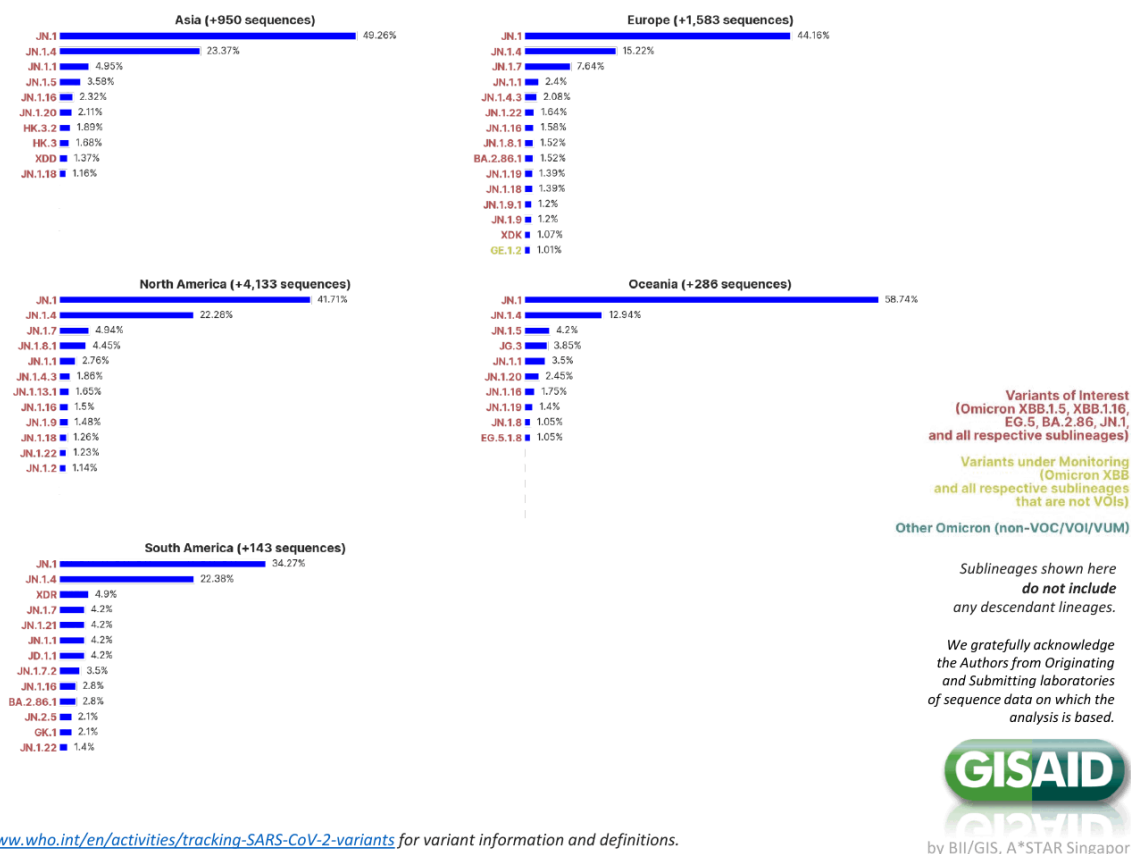
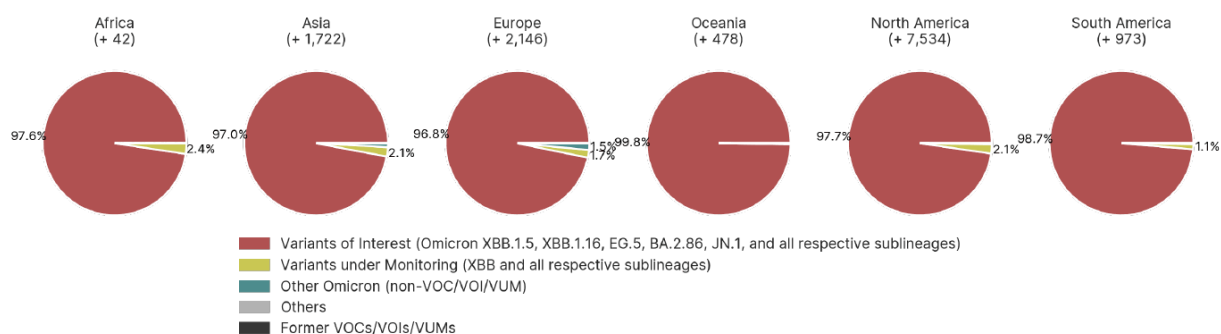


Рисунок 2. Распространение субвариантов Omicron в регионах мира за последние 4 недели (с 13 февраля по 12 марта 2024 г.)

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).



This slide shows NEW data in GISAID on 2024-03-12 submitted since last report 7 days ago  
(new by submission date, not collection date)  
See <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/> for variant information and definitions

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



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), распространенность 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 Кореи – 89,7%, Великобритании – 79,6%.

#### **Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)**

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

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

Субвариант ХВВ (Gryphon) секвенирован лабораториями 154 стран. За последние 4 недели геномные последовательности субварианта депонированы из 5 стран, распространенность 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(RRPCEM)			
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 Lambaré (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 Bioscience, 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 GISAID	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)	Landspítali 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 Diagnostico 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 Каледония (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 Salud Perú	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
Сейшель (стабилизация заболеваемости)	KEMRI– Wellcome Trust Research Programme, Kilifi	619	0	0,0
Сенегал (стабилизация заболеваемости)	IRESEF 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 linque 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 Investigación en 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 DNBSeg. 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 беспокойство 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 средства вариантов SARS- COV-2 к клеточным рецепторам и его экспериментальную изменчивость

Fredy Sussman <sup>1</sup> , Daniel S Villaverde <sup>1</sup>

Авторы применили набор вычислительных протоколов возрастающей сложности для расчета средства 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<sup>#1</sup>](#), [Bojana Banovic Djeri<sup>#1</sup>](#), [Bojan Ristivojevic<sup>#</sup>](#) 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 DNBSeg. 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 беспокойство 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 <sup>1</sup> , Daniel S Villaverde <sup>1</sup>

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

Nikhila S Tanneti <sup>1</sup>, Anant K Patel <sup>1</sup>, Li Hui Tan <sup>2</sup>, 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 (трансмембранная 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 олигоденилатрибонуклеазы 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 <sup># 1 2</sup>, Isabelle Staropoli <sup>3</sup>, Vincent Michel <sup>4</sup>,

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 ХВВ усиливает ответы NAb против вариантов ХВВ 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 <sup>1 2</sup>, Katrina A Lythgoe <sup>3 4 5</sup>, Ian Hall <sup>1</sup>,

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

Nikhila S Tanneti <sup>1</sup>, Anant K Patel <sup>1</sup>, Li Hui Tan <sup>2</sup>, 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 (трансмембранная сериновая протеаза 2), а Омикрон с большей вероятностью использовал эндосомальный путь проникновения. Все VOCs активировали и преодолевали клеточные реакции, индуцированные dsRNA, включая передачу сигналов интерферона (IFN), деградацию олигонуклеотидов, включая передачу сигналов интерферона (IFN), деградацию олигонуклеотидов 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 <sup># 1 2</sup>, Isabelle Staropoli <sup>3</sup>, Vincent Michel <sup>4</sup>,

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

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 <sup>1 2</sup>, Katrina A Lythgoe <sup>3 4 5</sup>, Ian Hall <sup>1</sup>,

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.