

**Зими́рова А.А., Дми́триева Л. Н., Краси́нов Я. М, Чу́мачкова Е.А., Оси́на Н. А.,
Ива́нова А.В., Ка́рнаухов И. Г., Карава́ева Т.Б.,
Щерба́кова С. А., Ку́тырев 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 13 по 19 апреля 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 вызывающих интерес (VOI) и субвариантов Omicron, находящихся под наблюдением (VUM), геномные последовательности которых размещены в международной базе данных GISAID за неделю с 13 по 19 апреля 2024 г.

По состоянию на 19 апреля 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. Самые последние VUM, а именно XBB, XBB.1.9.1 и XBB.2.3, были сокращены после того, как их распространенность составляла менее 1% в течение более 8-ми эпидемиологических недель во всем мире и в регионах ВОЗ.

На сегодняшний день в базе данных GISAID всего представлен 16 664 397 геномов вируса SARS-COV-2 (за неделю депонировано 7 066 геномных последовательностей). В мире странами – лидерами по количеству депонированных геномных последовательностей вируса SARS-CoV-2 остаются США – (5 101 931 геном – 30,6% от всех размещенных в GISAID) и Великобритания (3 151 304 генома – 18,9%).

Всего в базу данных GISAID депонировано 9 157 607 геномов варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 2 359 геномных последовательностей – 33,4% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 89,8%). Российскими лабораториями размещено 85 611 геномов SARS-COV-2, в том числе варианта Omicron – 53 249 геномных последовательностей. На сегодняшний день в базе данных GISAID зафиксировано депонирование варианта Omicron из 215 стран и территорий.

На сегодняшний день в базе данных GISAID зафиксировано депонирование варианта Omicron из 215 стран и территорий (на предыдущей неделе – 215): Австралия, Австрия, Азербайджан, Албания, Алжир, Американское Самоа, Андорра, Ангола, Антигуа и Барбуда, Ангилья, Аргентина, Армения, Аруба, Афганистан, Бангладеш, Барбадос, Бахрейн, Беларусь, Бельгия, Бермудские Острова, Белиз, Бенин, Болгария, Боливия, Ботсвана, Босния и Герцеговина, Бонайре, Бразилия, Бруней, Британские Виргинские острова, Бутан, Бурунди, Буркина-Фасо, Великобритания, Венесуэла, Венгрия,

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

За последние 4 недели 31 страна (14,4%) (за предыдущие – 38 стран (17,7%)) 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 четыре сублинии варианта BA.2.86: JN.1 (25,3%), JN.1.4 (9,38%) и JN.1.7 (7,81%) и KP.2 (JN.1.11.1.2) – 5,56%.

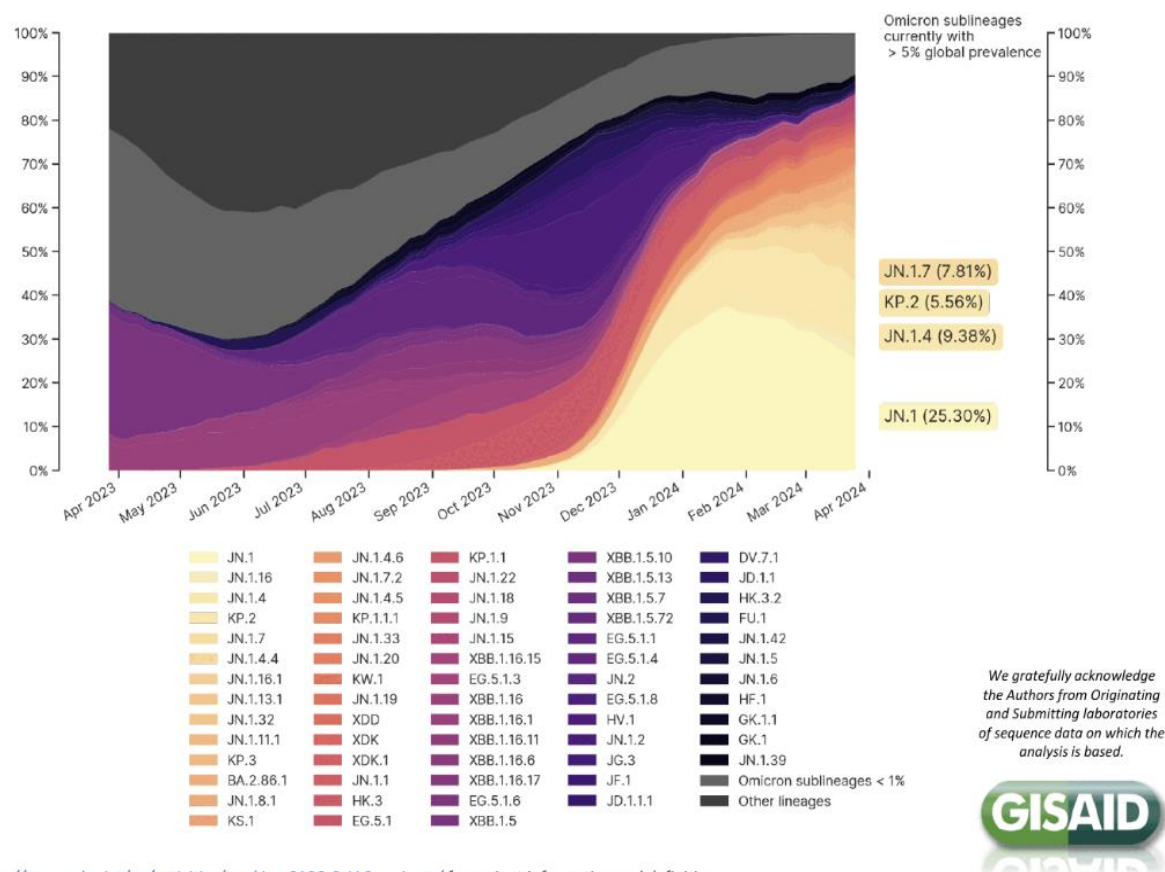


Рисунок 1. Распространение субвариантов Omicron в мире
(по состоянию на 16 апреля 2024 г.)

Генетическое разнообразие циркулирующих в регионах мира субвариантов Omicron за последние 4 недели показано на рисунке 2. Среди циркулирующих штаммов удельный вес субварианта JN.1 составляет от 37,53% в Азии (+0,14% за прошедшую неделю) до 11,11% в Африке (+2,6% за прошедшую неделю), субварианта JN.1.4 – от 14,78% в Азии (+1,23% за прошедшую неделю) до 6,37% в Тихоокеанском регионе (-0,54% за прошедшую неделю), субварианта JN.1.7 – от 15,09% в Южной Америке (+8,36% за прошедшую неделю) до 1,22% в Тихоокеанском регионе (-2,41 за прошедшую неделю).

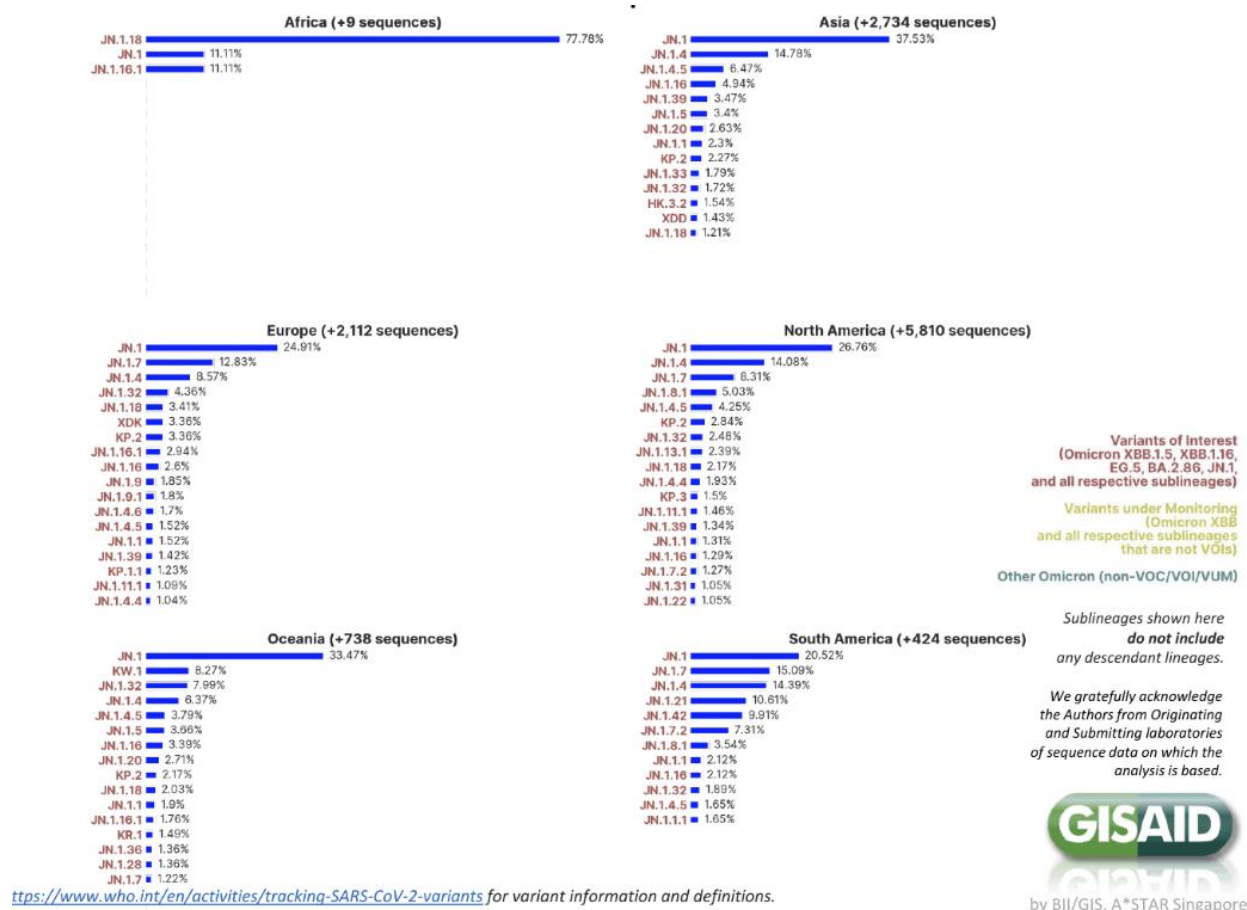


Рисунок 2. Распространение субвариантов Omicron в регионах мира за последние 4 недели (по состоянию на 16 апреля 2024 г.)

За последнюю неделю распространенность вариантов VOI в мире остается доминирующей: в Южной Америке и Африке – 100%, в Тихоокеанском регионе – 98,9%, в Северной Америке – 98,8%, в Азии – 98,4%, в Европе – 98,1% (рис. 3).

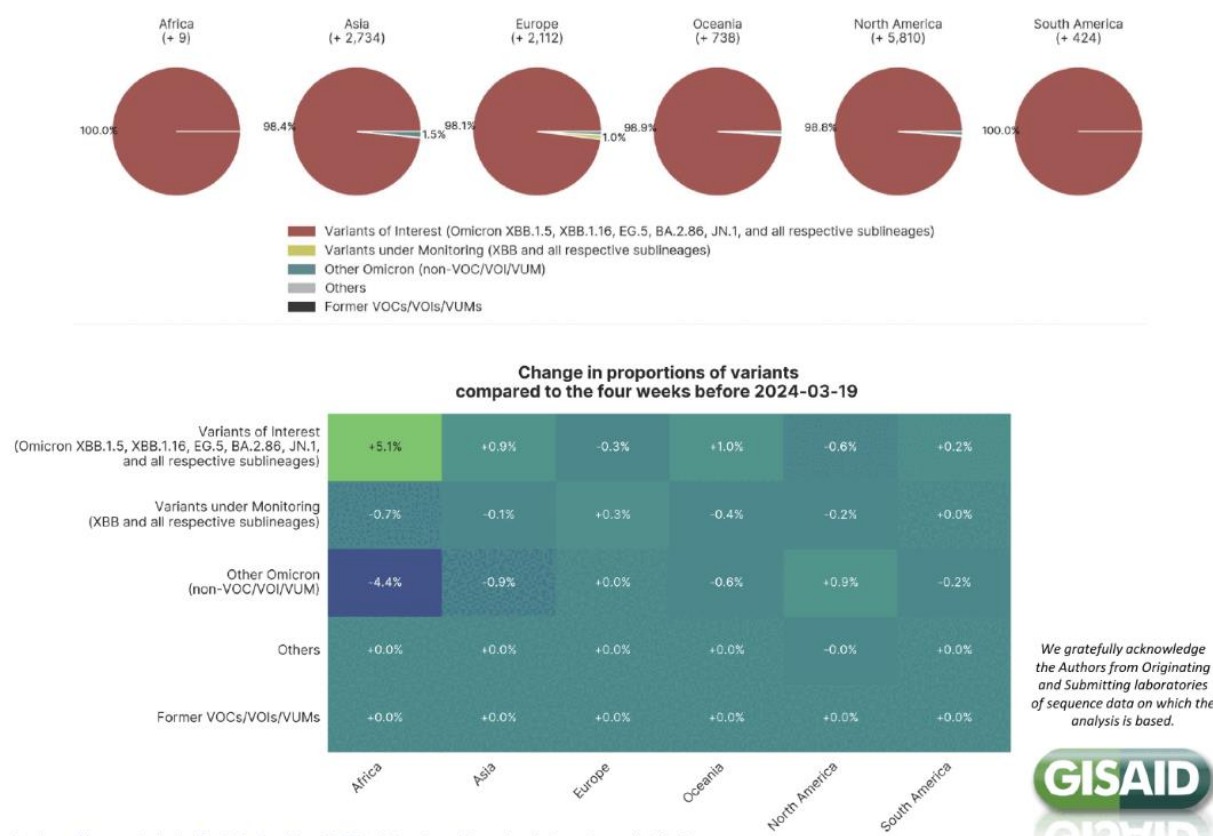


Рисунок 3. Распространение субвариантов Omicron в регионах мира, секвенированных за последнюю неделю (по состоянию на 16 апреля 2024 г.)

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

По состоянию на 19 апреля 2024 г. распространение субвариантов EG.5, XBB.1.5 и XBB.1.16 в мире находится на уровне 7,14%, 0,34% и 0,36% соответственно, субварианта BA.2.86 – 0,9%.

В базу данных GISAID EpiCoV последовательности, относящиеся к XBB.1.5 (Kraken) депонированы из 146 стран.

Субвариант XBB.1.16 (Arcturus) депонирован из 129 стран, за последние 4 недели – 1 штамм из 1 страны.

Субвариант EG.5 (Eris) секвенирован лабораториями 111 стран. За последние 4 недели депонировано 54 генома субварианта. EG.5 преимущественно выделяли в Китае (48,1% от всех EG.5 секвенированных за 4 недели).

Субвариант BA.2.86 (Pirola) по состоянию на 19 апреля 2024 г. циркулирует в 94 странах (на прошедшей неделе – 93 страны). За последние 4 недели в базу данных GISAID депонировано 40 геномных последовательностей из 11 стран (Канада – 40% от всех BA.2.86 секвенированных в этот период).

Геномные последовательности субварианта JN.1 представлены из 126 стран (на прошлой неделе из 125 стран), распространенность составила 90,95% (на прошлой неделе 91,2%). Удельный вес субварианта среди секвенированных и размещенных в базе

данных GISAID за последние 4 недели составил в Чили – 99,1%, на Тайване – 97,3%, в Пакистане – 96,9%, США – 95,7%, Катаре – 95,2%, Австралии и Канаде – 94,5%, Сингапуре – 94,2%, Испании – 94%, Великобритании – 93,8%, Южной Корее – 92,7%, Китае – 87,1%.

Информация по обновленным данным о депонированных геномах вируса SARS-COV-2 варианта **Omicron** (B.1.1.529+BA.*) в базе GISAID дана в таблице 1.

Таблица 1 – Количество депонированных геномов вариантов вируса SARS-CoV-2 Omicron (B.1.1.529+BA.*) в базе GISAID

Страна	Учреждение, проводившее секвенирование	Количество депонированных геномов Omicron (B.1.1.529)	В том числе количество геномов Omicron, депонированных за последние 4 недели (23.03. – 19.04.2024 г.)	Процент геномов, относящихся к варианту Omicron (B.1.1.529), депонированных за последние 4 недели
Австралия (стабилизация заболеваемости)	NSW Health Pathology – Institute of Clinical Pathology and Medical Research; Westmead Hospital; University of Sydney	176493	234	100,0
Австрия (стабилизация заболеваемости)	Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	194345	1	100,0
Азербайджан (стабилизация заболеваемости)	National Hematology and Transfusiology Center	39	0	0,0
Албания (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Virus Unit, National Infection Service, Public Health England	1018	0	0,0
Алжир (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	722	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	10302	1	100,0
Армения (стабилизация заболеваемости)	Institute of Molecular Biology NAS RA, Republic of Armenia, Department of Bioengineering, Bioinformatics Institute and Molecular Biology IBMPh RAU, Republic of Armenia	17	0	0,0
Аруба (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	1060	0	0,0
Афганистан (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Lab	9	0	0,0
Багамские острова (стабилизация заболеваемости)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	97	0	0,0
Бангладеш (стабилизация заболеваемости)	Child Health Research Foundation	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	99914	0	0,0
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	7924	0	0,0
Боливия (стабилизация заболеваемости)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	323	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	125409	2	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)	6411	0	0,0

Бутан (стабилизация заболеваемости)	AFRIMS	100	0	0,0
Буркина-Фасо (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire bacteriologie virologie CHUSS	73	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.	1523612	493	100,0
Венгрия (стабилизация заболеваемости)	National Laboratory of Virology, Szentágothai Research Centre	674	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)	6679	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)	490	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	2410	1	100,0
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.	583891	28	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	13881	0	0,0
Гренада	WINDREF/SGU Laboratory	112	0	0,0
Греция (стабилизация заболеваемости)	Greek Genome Center, Biomedical Research Foundation of the Academy of Athens(BRFAA)	26020	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.	376959	16	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	0	0,0
Демократическая Республика Конго (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Sequencing Lab, National Institute for Biomedical Research(INRB)	597	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	1269	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	120891	32	100,0
Индия (стабилизация заболеваемости)	Department of Neurovirology, National Institute of Mental Health and Neurosciences(NIMHANS).CSIR–Centre for Cellular and Molecular Biology	147106	2	100,0
Индонезия (стабилизация заболеваемости)	National Institute of Health Research and Development	40841	0	0,0
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	62175	42	100,0
Исландия (стабилизация заболеваемости)	Landspítali Department of Clinical Microbiology	11645	1	100,0
Испания (стабилизация заболеваемости)	Hospital Universitario 12 de Octubre	148379	46	100,0
Италия (стабилизация заболеваемости)	Army Medical Center, Scientific Department, Virology Laboratory	99312	21	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	364176	1042	100,0
Каймановы острова	Cayman Islands Molecular Biology Laboratory	286	0	0,0
Катар (стабилизация заболеваемости)	Biomedical Research Center(BRC), Qatar University / Qatar Genome Project(QGP)	1710	18	100,0
Кения (стабилизация заболеваемости)	KEMRI-Wellcome Trust Research Programme/KEMRI-CGMR-C Kilifi	6140	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	72541	503	100,0
Колумбия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Salud– Dirección de Investigación en Salud Pública	16029	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	10210	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	645	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)	1308	0	0,0
Лаос (стабилизация заболеваемости)	LOMWRU/Microbiology Laboratory, Mahosot Hospital	1040	0	0,0
Латвия (стабилизация заболеваемости)	Latvian Biomedical Research and Study Centre	14445	0	0,0
Лесото (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Communicable Diseases of the National Health Laboratory Service	155	0	0,0

Либерия (стабилизация заболеваемости)	Center for Infection and Immunity, Columbia University	33	0	0,0
Ливан (стабилизация заболеваемости)	Laboratory of Molecular Biology and Cancer Immunology, Lebanese University Public Health England	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	13438	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	38110	0	0,0
Макао (стабилизация заболеваемости)	Centro de Sequenciamento Genômico	1	0	0,0
Маврикий (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	7934	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	35537	1	100,0
Малави (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform	283	0	0,0
Мали (стабилизация заболеваемости)	Northwestern University – Center for Pathogen Genomics and Microbial Evolution	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)	47551	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	19	1	100,0
Монголия (стабилизация заболеваемости)	National Centre for Communication Disease (NCCD) National Influenza Center	1069	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	3472	0	0,0
Нидерланды (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	85332	31	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	96	0	0,0
Норвегия (стабилизация заболеваемости)	Norwegian Institute of Public Health, Department of Virology	36309	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	739	0	0,0
Острова Кука	Institute of Environmental Science and Research (ESR)	189	0	0,0
Пакистан (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Public Health Laboratories Division	3580	38	100,0
Палау (стабилизация заболеваемости)	Can Ruti SARS-CoV-2 Sequencing Hub (HUGTiP/IrsiCaixa/IGTP)	74	0	0,0

Палестина (стабилизация заболеваемости)	Biochemistry and Molecular Biology Department– Faculty of Medicine, Al–Quds University	117	2	100,0
Панама (стабилизация заболеваемости)	Gorgas memorial Institute For Health Studies	3342	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	2438	6	100,0
Перу (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio de Referencia Nacional de Biotecnología y Biología Molecular. Instituto Nacional de Salud Perú	39122	0	0,0
Польша (стабилизация заболеваемости)	genXone SA, Research & Development Laboratory	47253	1	100,0
Португалия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Saude(INSA)	24409	14	100,0
Пуэрто Рико (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	19953	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.	53249	0	0,0
Руанда (стабилизация заболеваемости)	GIGA Medical Genomics	205	0	0,0
Румыния (стабилизация заболеваемости)	National Institute of Infectious Diseases–Prof. Dr. Matei Bals Molecular Diagnostics Laboratory	12316	0	0,0
Самоа		169	0	0,0

Саудовская Аравия (стабилизация заболеваемости)	Infectious Diseases, King Faisal Hospital Research Center	1607	0	0,0
Северная Македония (стабилизация заболеваемости)	Institute of Public Health of Republic of North Macedonia Laboratory of Virology and Molecular Diagnostics	434	0	0,0
Северные Марианские острова (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	2093	0	0,0
Сейшель (стабилизация заболеваемости)	KEMRI– Wellcome Trust Research Programme, Kilifi	619	0	0,0
Сенегал (стабилизация заболеваемости)	IRESEF GENOMICS LAB	1779	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	36145	58	100,0
Сен-Мартин (стабилизация заболеваемости)	Institut Pasteur	303	0	0,0
Синт–Мартен (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	922	0	0,0

Сирия (стабилизация заболеваемости)	CASE-2021-0266829	91	0	0,0
Словакия (стабилизация заболеваемости)	Faculty of Natural Sciences, Comenius University	28831	0	0,0
Словения (стабилизация заболеваемости)	Institute of Microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, University of Ljubljana	37918	4	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.	2691340	1266	99,9
Сьерра-Леоне (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Reference Laboratory	1	0	0,0
Таиланд (стабилизация заболеваемости)	COVID-19 Network Investigations(CONI) Alliance	31181	16	100,0
Тайвань (стабилизация заболеваемости)	Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision Medicine	4633	48	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)	539	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	2815	0	0,0
Тунис (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de linque linique – Institut Pasteur de Tunis	926	0	0,0
Турция (стабилизация заболеваемости)	Ministry of Health Turkey	23156	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”	5859	0	0,0
Узбекистан (стабилизация заболеваемости)	Center for Advanced Technologies	61	0	0,0
Уругвай (стабилизация заболеваемости)	Departamento Laboratorios de Salud Pública (DLSP) Ministerio de Salud Pública	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	16173	0	0,0
Финляндия (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Faculty of Medicine, University of Helsinki	26248	0	0,0
Франция (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	407968	53	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	26083	0	0,0
ЦАР (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Sequencing Lab, National Institute for Biomedical Research(INRB)	86	1	100,0
Черногория (стабилизация заболеваемости)	Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie	603	0	0,0
Чехия (стабилизация заболеваемости)	The National Institute of Public Health	34493	0	0,0
Чили (стабилизация заболеваемости)	Instituto de Salud Publica de Chile	29059	108	100,0
Швейцария (стабилизация заболеваемости)	Department of Biosystems Science and Engineering, ETH Zürich.	58286	0	0,0
Швеция (стабилизация заболеваемости)	The Public Health Agency of Sweden	131349	9	100,0

Шри-Ланка (стабилизация заболеваемости)	Centre for Dengue Research and AICBU, Department of Immunology and Molecular Medicine	1192	0	0,0
Эквадор (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública, INSPI	7108	11	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.	28039	0	0,0
Южная Корея (стабилизация заболеваемости)	Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency	162868	236	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	467291	15	100,0

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

Географическое распространение и распространенность

Во всем мире за 28-дневный период с 4 по 31 марта 2024 года в GISAID было передано 8396 последовательностей SARS-CoV-2. Для сравнения, в два предыдущих 28-дневных периода было 33 925 и 62 364 последовательностей соответственно.

Данные периодически ретроспективно обновляются, включая последовательности с более ранними датами сбора, поэтому количество заявок за определенный период времени может измениться.

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

- Пять вызывающих интерес вариантов (VOI): XBB.1.5, XBB.1.16, EG.5, BA.2.86 и JN.1.

- Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM): Нет

Самые последние VUM, а именно XBB, XBB.1.9.1 и XBB.2.3, были сокращены после того, как их распространенность составляла менее 1% в течение более восьми эпидемиологических недель во всем мире и в регионах ВОЗ.

В таблице 4 показано количество стран, сообщивших о VOI, и их распространенность с 10-й эпидемиологической недели (4–10 марта 2024 г.) до 13-й недели (25–31 марта 2024 г.). VOI, демонстрирующие тенденцию к увеличению, выделены желтым цветом, те, которые остались стабильными, выделены синим, а те, которые имеют тенденцию к снижению, выделены зеленым. Во всем мире JN.1 является наиболее часто регистрируемым VOI (в настоящее время в 121 стране), на него приходится 95,1% последовательностей на 13-й неделе по сравнению с 93,0% на 10-й неделе (рис. 10, таблица 4). Его родительская линия, BA.2.86, стабильна и составляет 1,6% последовательностей на 13-й и 10-й неделе (рис. 10, таблица 4). Оценка риска для JN.1 была опубликована 9 февраля 2024 г., при этом общая оценка низкого риска для здоровья населения на глобальном уровне основана на имеющихся фактических данных. Глобальная распространенность других VOI, XBB.1.5, XBB.1.16 и EG.5, либо снизилась, либо оставалась стабильной в течение того же периода: XBB.1.5 не регистрировали на 13 неделе, снижение с 0,3% на 10 неделе; для XBB.1.6 наблюдалось небольшое увеличение с 0,2% (7 последовательностей) на 10-й неделе до 0,4% (1 последовательность); для EG.5 не было зарегистрировано никаких последовательностей на 13 неделе, снижение с 1,2% на 10 неделе (Рисунок 10, Таблица 4).

Достаточно данных секвенирования для расчета распространенности вариантов на региональном уровне в течение 10–13 недель было доступно из трех регионов ВОЗ: Американского региона, Западно-Тихоокеанского региона и Европейского региона (таблица 7). Среди VOI наиболее часто сообщалось о варианте JN.1, который демонстрировал тенденцию к увеличению во всех трех регионах. Для остальных VOI во всех трех регионах наблюдались тенденции к снижению или стабилизации. В условиях снижения темпов тестирования и секвенирования во всем мире (рис. 10-A) становится все сложнее оценить серьезное воздействие новых вариантов SARS-CoV-2. В настоящее время нет лабораторных или эпидемиологических отчетов, ука-

зывают на какую-либо связь между VOI/VUM и повышенной тяжестью заболевания. Как показано на рисунках 9 и 10, низкие и нерепрезентативные уровни геномного надзора за SARS-CoV-2 продолжают создавать проблемы для адекватной оценки ситуации с вариантами.

Таблица 4. Еженедельная распространенность VOI и VUM SARS-CoV-2, с 10 по 13 неделю 2024 г.



Lineage	Countries§	Sequences§	2024-10	2024-11	2024-12	2024-13
VOIs						
XBB.1.5	143	377893	0.3	0.0	0.1	-
XBB.1.16	131	126744	0.2	0.2	-	0.4
EG.5	112	214112	1.2	1.1	1.1	-
BA.2.86	91	21371	1.6	1.3	1.4	1.6
JN.1	121	162773	93.0	93.2	93.7	95.1

§ Количество стран и последовательности указаны с момента появления вариантов. * Включает потомки, за исключением тех, которые индивидуально указаны в других местах таблицы. Например, XBB* не включает XBB.1.5, XBB.1.16, EG.5, XBB.1.9.1 и XBB.2.3.

Таблица 5. Еженедельная распространенность VOI и VUM SARS-CoV-2 по регионам ВОЗ, с 10 по 13 неделю 2024 г. * Включает

Lineage (week 10-2024 to 13-2024)	AMRO	AFRO [¥]	EMRO [¥]	EURO	SEARO [¥]	WPRO
VOIs						
XBB.1.5*	↓			↓		↓
XBB.1.16*	↓			↓		↓
EG.5*	↓			↓		↓
BA.2.86*	↓			↓		↓
JN.1*	↑			↑		↑

↑ Increasing trend
↓ Decreasing trend
↔ Stable trend

 Insufficient Data
 Most Prevalent variant(s)

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

Рисунок 9. Глобальная 28-дневная распространенность EG.5, XBB.1.5, XBB.1.16, BA.2.86 и JN.1, с 4 по 31 марта 2024 г. *+

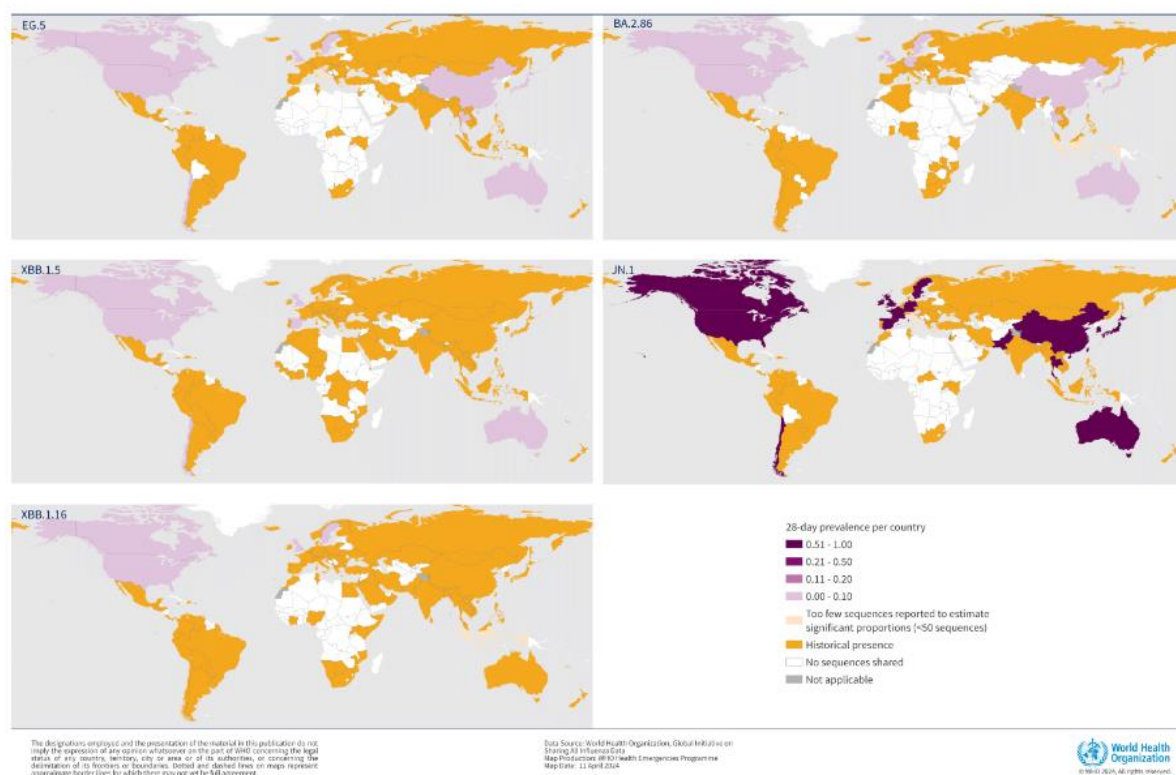
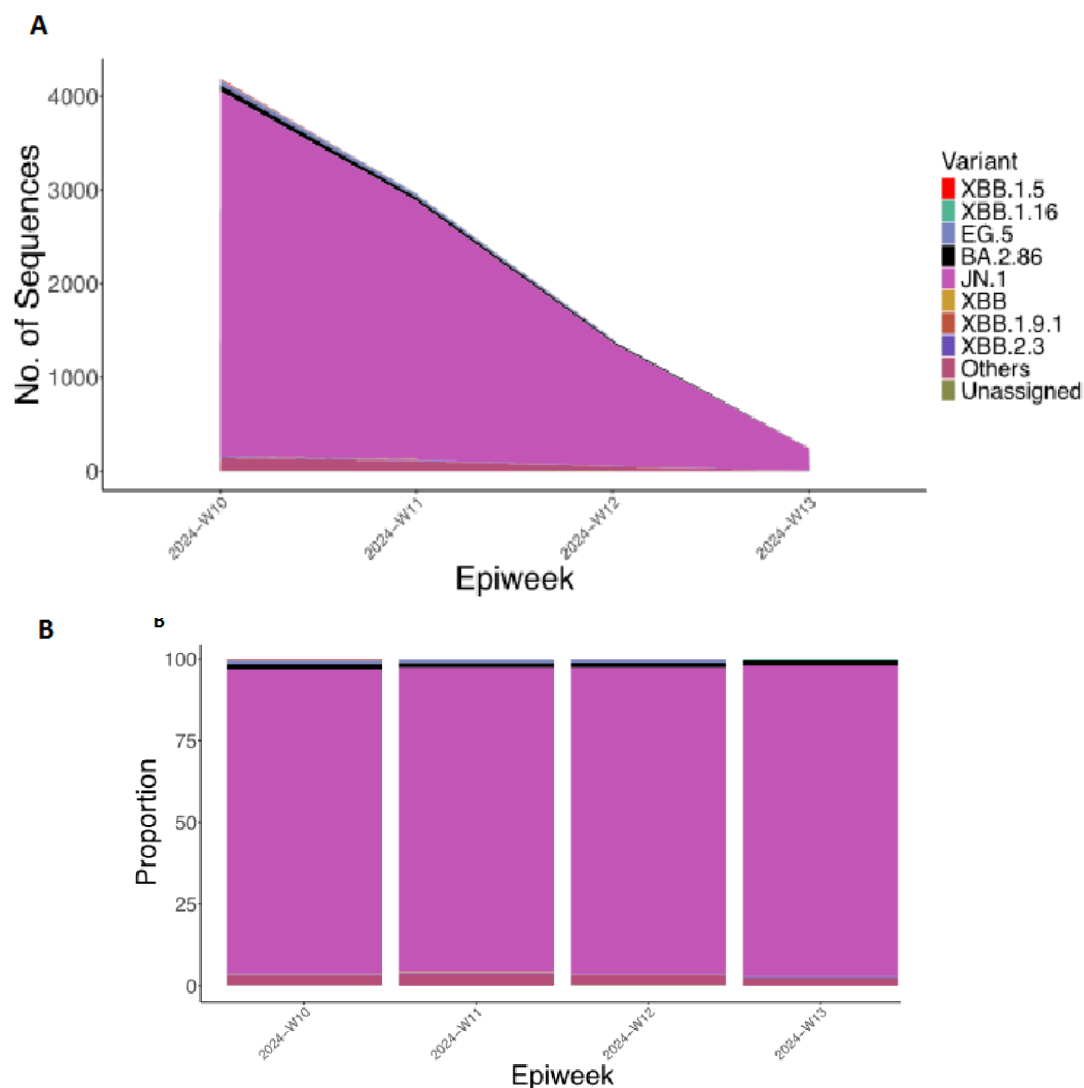


Рис 10. Количество (А) и процент (В) последовательностей SARS-CoV-2, с 4 по 31 марта 2024



Панель А показывает количество, а панель В — процент всех циркулирующих вариантов с недели 10 по неделю 13 2024. Показанные здесь варианты включают потомки, за исключением перечисленных здесь потомков. Категория «Не назначенные» включает линии передачи, ожидающие присвоения имени линии PANGO, тогда как категория «Другие» включает линии передачи, которые назначены, но не перечислены здесь. Источник: данные о последовательности SARS-CoV-2 и метаданные GISAID, с 4 по 31 марта 2024 г.

Публикации

1. Annu Rev Virol . 2024 Apr 17. doi: 10.1146/annurev-virology-093022-013037. Online ahead of print.

The Emergence and Evolution of SARS-CoV-2

Возникновение и эволюция SARS-CoV-2

Edward C Holmes 1

Происхождение SARS-CoV-2 вызвало горячие споры и решительные обвинения, но, похоже, окончательного решения нет. В данном обзоре автор рассматривает научные данные о происхождении SARS-CoV-2 и его последующем распространении среди людей. Имеющиеся данные ясно указывают на естественное появление зоонозных заболеваний на оптовом рынке морепродуктов Хуанань в Ухане или тесно с ним связанное. Прямых доказательств связи появления SARS-CoV-2 с лабораторными работами, проводимыми в Уханьском институте вирусологии, нет. Последующее глобальное распространение SARS-CoV-2 характеризовалось постепенной адаптацией к человеку с двойным увеличением заразности и вирулентности вплоть до появления варианта Омикрон. Следует отметить частую передачу SARS-CoV-2 от людей другим животным, что указывает на то, что он является вирусом широкого спектра действия с сильным хозяином. Если не будут извлечены уроки из появления SARS-CoV-2, население Земли неизбежно будет страдать от новых зоонозных событий, ведущих к большему количеству эпидемий и пандемий.

2. BMC Genomics. 2024 Apr 17;25(1):378. doi: 10.1186/s12864-024-10246-w.

Comprehensive genomic analysis of the SARS-CoV-2 Omicron variant BA.2.76 in Jining City, China, 2022

Комплексный геномный анализ варианта SARS-CoV-2 Omicron BA.2.76 в городе Цзинин, Китай, 2022 г.

Qiang Yin 1 , Wei Liu 1 , Yajuan Jiang 1 , и др.

Целью данного исследования является анализ молекулярных характеристик SARS-CoV-2 Омикрон BA.2.76 в городе Цзинин, Китай. Полногеномное секвенирование было проведено в 87 случаях. Эволюционные деревья были построены с использованием биоинформатического программного обеспечения для анализа гомологии последовательностей, сайтов N-гликозилирования и сайтов фосфорилирования. Все 87 полногеномных последовательностей SARS-CoV-2 были отнесены к эволюционной ветви варианта Omicron BA.2.76. Их сходство с эталонным штаммом Wuhan-Hu-1 колебалось от 99,72 до 99,74%. По сравнению с Wuhan-Hu-1, 87 последовательностей имели различия в 77-84 нуклеотидов и делеции 27 нуклеотидов. Всего в 18 белках было идентифицировано 69 вариантов сайтов аминокислот, 9 делеций аминокислот и 1 мутация стоп-кодона. Среди них белок спайк (S) имел наибольшее количество вариантов, а белок ORF8 демонстрировал стоп-мутацию Q27. Многие белки демонстрировали различия в сайтах гликозилирования и фосфорилирования. SARS-CoV-2 продолжает эволюционировать, порождая новые штаммы с улучшенной передачей, более сильными способностями уклонения от им-

мунитета и пониженной патогенностью. Применение технологий высокопроизводительного секвенирования для профилактики эпидемии и борьбы с COVID-19 дает решающее понимание эволюционных и вариантных характеристик вируса на геномном уровне, что имеет важное значение для предотвращения пандемии COVID-19 и борьбы с ней.

3. *Horm Mol Biol Clin Investig.* 2024 Apr 17. doi: 10.1515/hmbci-2023-0088. Online ahead of print.

JN.1 variant in enduring COVID-19 pandemic: is it a variety of interest (VoI) or variety of concern (VoC)?

Вариант JN.1 в условиях продолжающейся пандемии COVID-19: это разнообразие интересов (VoI) или разнообразие проблем (VoC)?

Prafull Kamble ¹, Vandana Daulatabad ², Anish Singhal ¹, и др.

Обзор. Появление в ноябре 2021 года варианта SARS-CoV-2 Omicron, классифицированного как вызывающий обеспокоенность вариант (VoC), ознаменовало значительный сдвиг в ситуации с COVID-19. В этом исследовании изучается последующее развитие новой сублинии Омикронов, JN.1, которая демонстрирует характерные мутации в белке-шипе. Исследование углубляется в филогенетические различия между этими вариантами и их потенциальные последствия. Был проведен комплексный анализ геномных профилей и моделей мутаций JN.1 и BA.2.86 с использованием базы данных SARS-CoV-2. Изучены уникальные мутации, такие как S:L455S в JN.1, связанные с повышенной трансмиссивностью и ускользанием от иммунитета. Более того, сравнение с распространенными штаммами, такими как XBB.1.5 и HV.1, подчеркивает существенное генетическое расхождение JN.1. JN.1, впервые обнаруженный в августе 2023 года, демонстрирует заметный профиль мутаций шиповидного белка, включая повторное появление мутаций более ранних вариантов (E484K и P681R). Повышенная заразность этого варианта и потенциал уклонения от иммунитета объясняются специфическими мутациями шиповидных белков, такими как R21T, S50L, V127F, R158G и другими. Также изучено распространение JN.1 во всем мире, с акцентом на рост числа случаев заболевания в Индии. JN.1 представляет собой уникальную проблему как один из наиболее уклоняющихся от иммунитета вариантов, что потенциально может привести к передаче COVID-19. Исследование подчеркивает важность мониторинга и понимания новых вариантов, особенно с отчетливыми мутациями шиповидного белка. Наблюдаемые случаи в Индии подчеркивают необходимость бдительности и оперативных мер общественного здравоохранения. Поскольку JN.1 продолжает эволюционировать, постоянный надзор, стратегии вакцинации и соблюдение профилактических мер имеют решающее значение для смягчения его потенциального воздействия на глобальное общественное здравоохранение.

4. *J Virol.* 2024 Apr 16:e0178423. doi: 10.1128/jvi.01784-23. Online ahead of print.

Genes involved in the limited spread of SARS-CoV-2 in the lower respiratory airways of hamsters may be associated with adaptive evolution

Гены, задействованные в ограниченном распространении SARS-CoV-2 в нижних дыхательных путях хомяков, могут быть связаны с адаптивной эволюцией

Kosuke Takada ¹, Yasuko Orba ^{2 3 4}, Yurie Kida ¹, и др.

По сравнению с предыдущими штаммами, Омикрон заметно менее инвазивен в легких и вызывает менее тяжелые заболевания. Одна из причин этого заключается в том, что люди приобретают иммунитет в результате предыдущего заражения и вакцинации, но природа самого вируса также меняется. Авторы показывают, что штамм Омикрон менее эффективно распространяется в легких хомяков по сравнению с более ранним штаммом из Уханя. Кроме того, охарактеризовав химерные вирусы с генами Омикрон в геноме штамма Ухань и наоборот, они обнаружили, что вирусные гены, расположенные ниже ORF3a, но не ген S, ответственны за ограниченное распространение штамма Омикрон в нижних дыхательных путях. Более того, молекулярно-эволюционный анализ SARS-CoV-2 выявил положительный отбор генов, расположенных ниже ORF3a (гены M и E). Эти результаты дают представление об адаптивной эволюции вируса у людей во время фазы пандемической конвергенции. По сравнению с предыдущими штаммами, штамм Омикрон менее инвазивен и вызывает менее тяжелое заболевание; однако механистическая основа его ограниченной репликации в нижних дыхательных путях плохо изучена.

5. Nat Commun . 2024 Apr 16;15(1):3284. doi: 10.1038/s41467-024-47393-3.

Emerging variants develop total escape from potent monoclonal antibodies induced by BA.4/5 infection

Новые варианты полностью ускользают от мощных моноклональных антител, индуцированных инфекцией BA.4/5.

Chang Liu # ^{1 2}, Raksha Das # ², Aiste Dijokaite-Guraliuc # ², и др.

Быстрая эволюция SARS-CoV-2 отчасти обусловлена необходимостью уклоняться от реакции антител в условиях высокого уровня иммунитета. Авторы изолируют моноклональные антитела (mAb), связывающие спайк (S), от вакцинированных, перенесших прорывные инфекции, вызванные вакциной сублиний Omicron BA.4 или BA.5. Двадцать восемь мощных антител выделены и охарактеризованы функционально, а в некоторых случаях и структурно. С момента появления BA.4/5 SARS-CoV-2 продолжал накапливать мутации в белке S. Чтобы понять это, авторы охарактеризовали нейтрализацию большой панели вариантов и продемонстрировали постоянное сокращение нейтрализации группой BA. 4/5 mAb, что привело к полной потере функции с недавними вариантами XBB.1.5.70, содержащими так называемые мутации «FLip» в положениях 455 и 456. Интересно, что активность некоторых mAb восстанавливается в недавно возникшем варианте BA.2.86.