

**Дмитриева Л. Н., Чумачкова Е.А., Краснов Я.М., 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 15 по 21 июня 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 15 по 21 июня 2024 г.

По состоянию на 21 июня 2024 г. в соответствии с классификацией ВОЗ к вариантам вируса SARS-COV-2, вызывающих интерес (VOI), отнесены три субварианта: EG.5, BA.2.86 и JN.1. В группу вариантов VUM включены четыре субварианта, а именно JN.1.7, KP.2, KP.3, JN.1.18.

На сегодняшний день в базе данных GISAID всего представлено 16 791 382 генома вируса SARS-COV-2 (за неделю депонировано 7 330 геномных последовательностей). В мире странами – лидерами по количеству депонированных вируса SARS-CoV-2 остаются США – (5 135 885 геномов – 30,6% от всех размещенных в GISAID) и Великобритания (3 158 816 геномов – 18,8%).

Всего в базу данных GISAID депонировано 9 276 232 генома варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 7 255 геномных последовательностей – 99% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 98,4%). Российскими лабораториями размещено 86 923 генома вируса SARS-COV-2, в том числе варианта Omicron – 54 502 геномные последовательности.

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 38 стран (17,7%) (за предыдущие – 33 страны (15,3%)) дополнили данные о депонировании геномных последовательностей Omicron в GISAID. Среди циркулирующих в настоящее время штаммов SARS-CoV-2 в мире, доминируют сублинии варианта BA.2.86: JN.1, KP.3.1, KP.3.2, и KP.2. Динамика распространения в мире субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID представлена на рисунке 1.

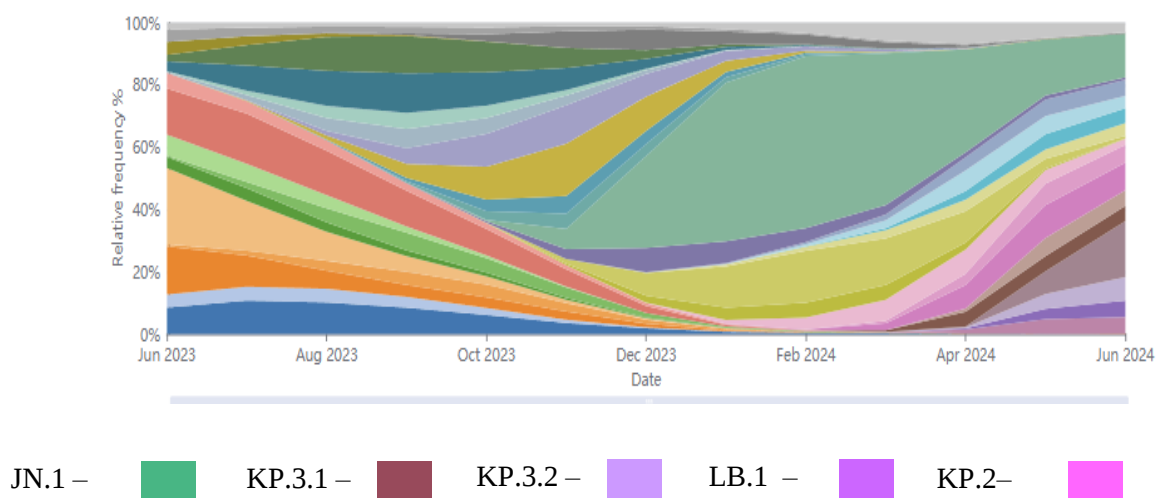


Рисунок 1. Распространение субвариантов Omicron в мире
(по состоянию на 21 июня 2024 г., <https://www.epicov.org/epi3/frontend#14e956>)

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

По состоянию на 21 июня 2024 г. распространение субварианта EG.5 оценивается на уровне 0,2%, BA.2.86 – 0,4%.

В базу данных GISAID EpiCoV последовательности, относящиеся к EG.5 (Eris) секвенированы лабораториями 111 стран (за последние 4 недели – 4 генома из Канады, Великобритании, Японии, Австралии). Субвариант BA.2.86 (Pirola) циркулирует в 101 стране, за последние 4 недели в базу данных GISAID депонировано 18 геномных последовательностей из 6 стран (Великобритания, США, Германия, Испания, Италия, Черногория).

Геномные последовательности субварианта JN.1 представлены из 133 стран, распространенность составила 94,3%. Удельный вес субварианта среди секвенированных и размещенных в базе данных GISAID за последние 4 недели составил от 73,9% (Китай) до 100% (Пуэрто-Рико) (Рис.2).

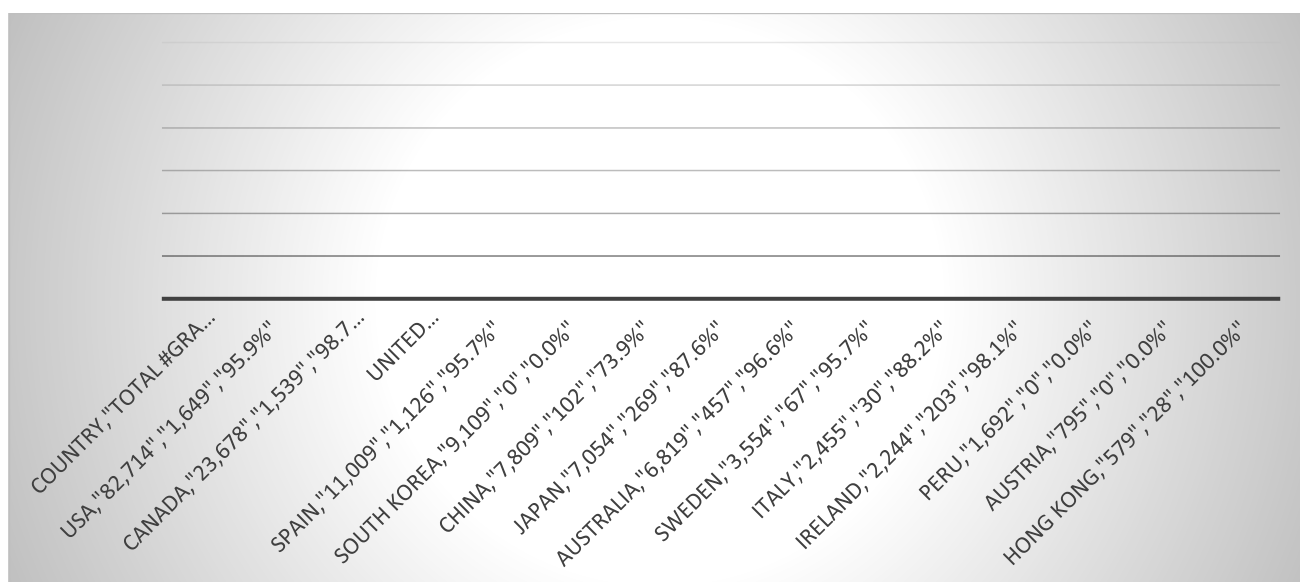


Рисунок 2 Удельный вес субварианта JN.1 (21 июня 2024г.)

Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)

С момента идентификации в базе данных GISAID геномные последовательности субварианта JN.1.7 депонированы из 55 стран. Наибольшее распространение субварианта отмечено в Ирландии – 11,6%, Чили – 11,2%, Великобритании – 4,4%, США – 2,5%.

Субвариант JN.1.18 секвенирован в 71 стране (более 2 тыс. последовательностей). В Нигерии распространенность субварианта составила 4,1%, в Гане – 43,7%, ЮАР – 26%, Пакистане – 16%, Омане – 12,8%.

Субвариант KP.2 циркулирует, как минимум, в 45 странах, депонировано 7 088 геномов, преимущественно из США, Великобритании, Сингапура, Канады, Австралии, Индии, Испании, Новой Зеландии, Японии, Франции, Ирландии. Распространенность

субварианта зарегистрирована в Сингапуре на уровне 50%, Малайзии – 40%, Великобритании – 20%, США – 22,5%.

Субвариант КР.3 секвенирован лабораториями 35 стран, в GISAID размещено 6830 геномных последовательностей. Распространенность субварианта за последние 4 недели составила в Японии – 65%, Австралии – 49%, Испании – 40%, Канаде – 31%, Великобритании – 31%.

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

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

Страна	Учреждение, проводившее секвенирование	Количество депонированных геномов Omicron (B.1.1.529)	В том числе количество геномов Omicron, депонированных за последние 4 недели (25.05. – 21.06.2024 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	179775	527	100,0
Австрия (стабилизация заболеваемости)	Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	194360	0	0,0
Азербайджан (стабилизация заболеваемости)	National Hematology and Transfusiology Center	57	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	740	0	0,0
Американские 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	10501	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	22	0	0,0
Багамские острова (стабилизация заболеваемости)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	109	0	0,0
Бангладеш (стабилизация заболеваемости)	Child Health Research Foundation	2358	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	278	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 Center for Epidemiology and Microbiology(RRPCEM)	120	0	0,0
Белиз (стабилизация заболеваемости)	Texas Children's Microbiome Center	703	0	0,0
Бельгия (стабилизация заболеваемости)	KU Leuven, Rega Institute, Clinical and Epidemiological Virology	99932	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	127885	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	87	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.	1530402	1294	100,0

Венгрия (стабилизация заболеваемости)	National Laboratory of Virology, Szentágothai Research Centre	674	0	0,0
Венесуэла (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio de Virología Molecular	912	20	100,0
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 Lambaréné(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	102	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	2465	1	100,0
Гваделупа (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	700	0	0,0
Гватемала (стабилизация заболеваемости)	Asociación de Salud Integral/Clinica Familiar Luis Ángel García	4553	2	100,0
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.	584413	30	96,8
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	271	0	0,0

Гонконг (стабилизация заболеваемости)	Hong Kong Department of Health	16181	29	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)	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.	2630	0	0,0
Гуам (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	518	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.	389641	15	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	2172	33	100,0
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	1272	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	121223	139	99,3
Индия (стабилизация заболеваемости)	Department of Neurovirology, National Institute of Mental Health and Neurosciences(NIMHANS).CSIR–Centre for Cellular and Molecular Biology	147752	0	0,0
Индонезия (стабилизация заболеваемости)	National Institute of Health Research and Development	41161	2	100,0
Иордания (стабилизация заболеваемости)	Andersen lab at Scripps Research, CA, USA	293	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	62914	184	100,0
Исландия (стабилизация заболеваемости)	Landspítali Department of Clinical Microbiology	11694	0	0,0
Испания (стабилизация заболеваемости)	Hospital Universitario 12 de Octubre	152476	1178	99,9
Италия (стабилизация заболеваемости)	Army Medical Center, Scientific Department, Virology Laboratory	99635	32	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	2839	0	0,0
Камбоджа (стабилизация заболеваемости)	Virology Unit, Institut Pasteur du Cambodge	2065	9	100,0
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	371916	1438	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)	1718	0	0,0
Кения (стабилизация заболеваемости)	KEMRI–Wellcome Trust Research Programme/KEMRI–CGMR–C Kilifi	6304	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	77609	148	100,0
Колумбия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Salud– Dirección de Investigación en Salud Pública	16129	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)	Incienza, 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)	1312	0	0,0
Лаос (стабилизация заболеваемости)	LOMWRU/Microbiology Laboratory, Mahosot Hospital	1058	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	68	0	0,0
Ливан (стабилизация заболеваемости)	Laboratory of Molecular Biology and Cancer Immunology, Lebanese University Public Health England	1015	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	13447	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	38121	0	0,0
Макао (стабилизация заболеваемости)	Centro de Sequenciamento Genômico	1	0	0,0
Маврикий (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	8049	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	35829	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	1692	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)	48087	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	0	0,0
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	191	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	1338	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	3474	0	0,0
Нидерланды (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	85681	80	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)	41536	157	100,0
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	36366	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	790	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	3617	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	117	0	0,0
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	2448	0	0,0
Перу (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio de Referencia Nacional de Biotecnología y Biología Molecular. Instituto Nacional de SaludPerú	39679	0	0,0
Польша (стабилизация заболеваемости)	genXone SA, Research & Development Laboratory	47279	7	100,0
Португалия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Saude(INSA)	24691	98	100,0

Пуэрто Рико (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	20863	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 Department, Gorgas Memorial Institute For Health Studies	618	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	54410	48	100,0

	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.			
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	12387	2	100,0
Самоа		169	0	0,0
Саудовская Аравия (стабилизация заболеваемости)	Infectious Diseases, King Faisal Hospital Research Center	1610	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	2095	0	0,0
Сейшелы (стабилизация заболеваемости)	KEMRI– Wellcome Trust Research Programme, Kilifi	619	0	0,0
Сенегал (стабилизация заболеваемости)	IRESSEF GENOMICS LAB	1783	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	38633	492	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)	927	0	0,0
Сирия (стабилизация заболеваемости)	CASE-2021-0266829	91	0	0,0
Словакия (стабилизация заболеваемости)	Faculty of Natural Sciences, Comenius University	28832	0	0,0
Словения (стабилизация заболеваемости)	Institute of Microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, University of Ljubljana	37927	0	0,0
Соломоновы острова (стабилизация заболеваемости)	Microbiological Diagnostic Unit - Public Health Laboratory (MDU-PHL)	247	0	0,0
Сомали (стабилизация заболеваемости)	National Public Health Lab- Mogadishu	11	0	0,0
Судан (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Communicable Diseases of the National Health Laboratory Service	208	0	0,0
Суринам (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	154	0	0,0
США (стабилизация заболеваемости)	Colorado Department of Public Health & Environment. Maine Health and Environmental Testing Laboratory. California Department of Public Health. UCSD EXCITE.	2719447	1624	100,0
Сьерра–Леоне (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Reference Laboratory	1	0	0,0
Таиланд (стабилизация заболеваемости)	COVID–19 Network Investigations(CONI) Alliance	31621	0	0,0

Тайвань (стабилизация заболеваемости)	Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision Medicine	5042	68	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	2822	0	0,0
Тунис (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de linique linique – Institut Pasteur de Tunis	917	0	0,0
Турция (стабилизация заболеваемости)	Ministry of Health Turkey	23253	0	0,0
Уганда (стабилизация заболеваемости)	MRC/UVRI & LSHTM Uganda Research Unit	997	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”	6492	3	100,0
Узбекистан (стабилизация заболеваемости)	Center for Advanced Technologies	90	0	0,0
Уругвай (стабилизация заболеваемости)	Departamento Laboratorios de Salud Pública (DLSP) Ministerio de Salud Pública	357	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	16319	0	0,0
Финляндия (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Faculty of Medicine, University of Helsinki	26514	15	100,0
Франция (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	408917	103	100,0
Французская Гвиана (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	2077	11	100,0
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	26155	0	0,0
ЦАР (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Sequencing Lab, National Institute for Biomedical Research(INRB)	86	0	0,0
Черногория (стабилизация заболеваемости)	Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie	633	1	100,0
Чехия (стабилизация заболеваемости)	The National Institute of Public Health	34535	0	0,0
Чили (стабилизация заболеваемости)	Instituto de Salud Publica de Chile	29343	0	0,0
Швейцария (стабилизация заболеваемости)	Department of Biosystems Science and Engineering, ETH Zürich.	58381	2	100,0
Швеция (стабилизация заболеваемости)	The Public Health Agency of Sweden	131815	81	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 Investigaciónes Salud Pública, INSPI	7173	1	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)	766	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	272	0	0,0
ЮАР (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform.	28351	11	100,0
Южная Корея (стабилизация заболеваемости)	Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency	165566	14	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	477735	289	100,0

Эпидемиологическое обновление ВОЗ № 168 от 17.06.24г.

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

Географическое распространение и распространенность

Во всем мире в течение 28-дневного периода с 29 апреля по 26 мая 2024 года через GISAID было передано 15 300 последовательностей SARS-CoV-2. Для сравнения, в два предыдущих 28-дневных периода было загружено 18 312 и 27 058 последовательностей соответственно. Данные обновляются ретроспективно и включают последовательности с более ранними датами сбора, поэтому количество записей за определенный период времени может измениться.

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

- Варианты, вызывающие интерес (VOI): EG.5, BA.2.86 и JN.1.
- Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM): JN.1.7, JN.1.18, KP.2 и KP.3.

В таблице 4 показано количество стран, сообщивших о VOI и VUM, а также их распространенность с 18-й эпидемиологической недели (29 апреля – 5 мая 2024 г.) по 21-ю неделю (с 20 по 26 мая 2024 г.). VOI и VUM, демонстрирующие тенденцию к увеличению, выделены желтым цветом, те, которые остались стабильными, выделены синим, а те, что имеют тенденцию к снижению, выделены зеленым.

Во всем мире JN.1 является наиболее часто регистрируемым VOI (в настоящее время в 132 странах), на его долю приходится 47,1% последовательностей на 21 неделе, его распространенность снизилась с 56,0% на 18 неделе (рис. 10, таблица 4). Распространенность линии предка JN.1, BA.2.86, продолжает снижаться, составляя 0,0% (только одна последовательность) на 21 неделе по сравнению с 0,6% на 18 неделе (рис. 10, таблица 4). Последняя оценка риска для JN.1 была опубликована 15 апреля 2024 года, при этом общий риск для здоровья населения на глобальном уровне остается низким на основании недавно собранных данных согласно предыдущей оценке риска, опубликованной 9 февраля 2024 года.

Другой VOI, EG.5, представлен только одной последовательностью на 18 и 21 неделях (рис. 10, таблица 4).

Четыре перечисленных VUM являются потомками JN.1. Распространенность KP.2 и KP.3 растет во всем мире, распространенность JN.1.18 стабильна, а JN.1.7 снижается. На KP.2 приходилось 22,7% последовательностей на 21 неделе по сравнению с 14,6% на 18 неделе, на KP.3 - 22,4% по сравнению с 13,0% на 18 неделе, на JN.1.7 - 2,7% последовательностей по сравнению с 7,5% на 18 неделе, а на JN.1.18 - 1,8% последовательностей по сравнению с 1,6% на 18 неделе.

Однако существуют региональные и внутрирегиональные различия по регистрируемым VOI и VUM. Например, наблюдались различия в распространенности KP.2 и KP.3 соответственно на 21 неделе для регионов с достаточным количеством данных о последовательностях (таблица 5); Американский

регион [17,4% против 29,8%], Регион Западной части Тихого океана [37,8% против 14,4%] и Европейский регион [12,9% против 22,9%]. Для Американского региона и 21-й эпидемиологической недели наблюдались дальнейшие различия между КР.2 и КР.3: в Соединенных Штатах Америки сообщалось о более высокой распространенности первого [18,6% против 11,5%], а в Канаде - о более высокой распространенности второго [17,1% против 34,5%]. Примечательно, что эти два варианта практически не были обнаружены в странах Южной Америки и Карибского бассейна, но при этом наиболее часто сообщалось о вариантах JN.1 и JN.1.7.

В условиях снижения темпов тестирования и секвенирования во всем мире (рис. 10) становится все труднее оценить воздействие новых вариантов SARS-CoV-2. В настоящее время нет лабораторных или эпидемиологических отчетов, указывающих на какую-либо связь между VOI/VUM и более тяжелым течением болезни. 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 18 по 21 неделю 2024 г.

Lineage*	Countries§	Sequences§	2024-18	2024-19	2024-20	2024-21
VOIs						
EG.5	112	220231	0.0	0.1	0.1	0.0
BA.2.86	99	23013	0.6	0.2	0.2	0.0
JN.1	132	208186	56.0	53.3	51.3	47.1
VUMs						
JN.1.7	61	7464	7.5	5.5	4.1	2.7
KP.2	42	5060	14.6	15.6	18.1	22.7
KP.3	31	3824	13.0	16.6	18.8	22.4
JN.1.18	71	2760	1.6	1.7	2.3	1.8
Unassigned	80	30403	0.0	0.0	0.0	0.1

§ Количество стран и последовательности указаны с момента появления вариантов.

* Включает линии потомки, за исключением тех, которые индивидуально указаны в других местах таблицы. Например, JN.1* не включает JN.1.7, JN.1.18, KP.2 и KP.3.

Таблица 5. Еженедельная распространенность VOI и VUM SARS-CoV-2 по регионам ВОЗ, с 18 по 21 неделю 2024 г.

Lineage* (week 18-2024 to 21-2024)	AMR	AFR‡	EMR‡	EUR	SEAR‡	WPR
VOIs						
EG.5	↓			↓		↓
BA.2.86	↓			↓		↓
JN.1	↓			↓		↓
VUMs						
JN.1.7	↓			↓		↓
KP.2	↑			↓		↑
KP.3	↑			↑		↑
JN.1.18	↑			↓		↑

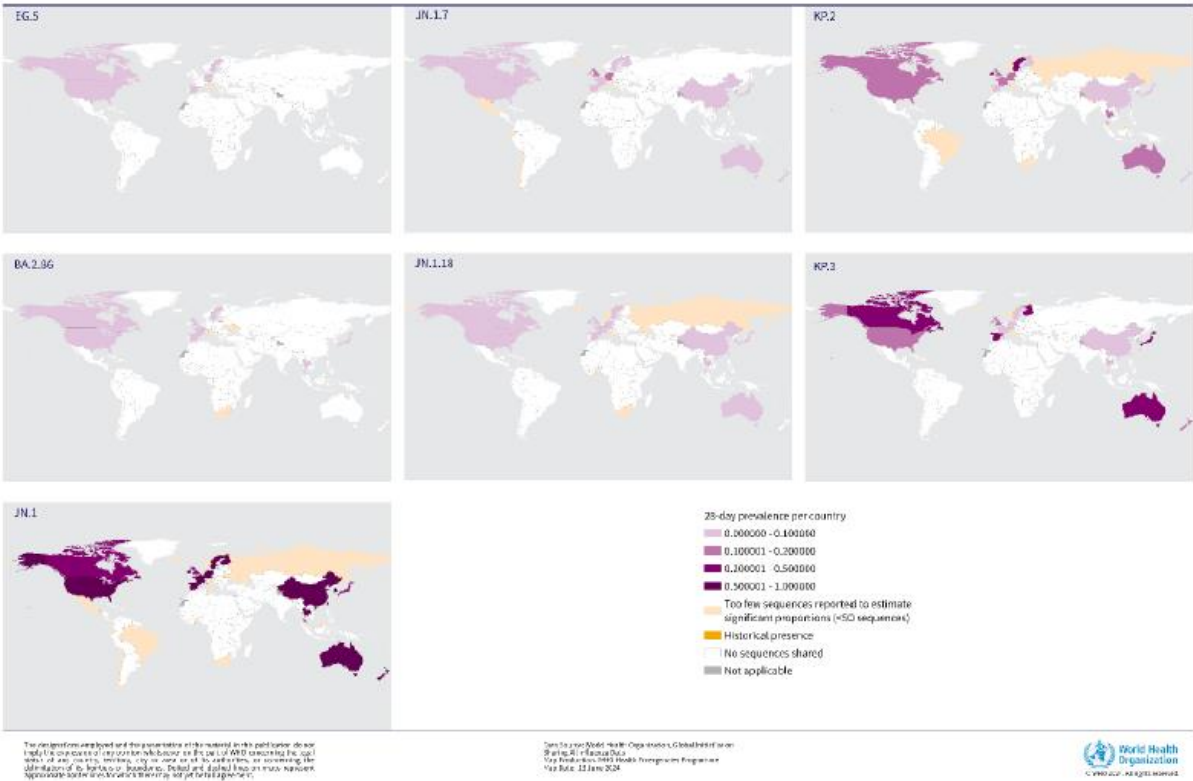
↑ Increasing trend
 ↓ Decreasing trend
 ↔ Stable trend

Insufficient Data
 Most Prevalent variant(s)

* Включает линии потомки, за исключением тех, которые индивидуально указаны в других местах таблицы. Например, JN.1* не включает JN.1.7, JN.1.18, KP.2 и KP.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 VOI (EG.5, BA.2.86 и JN.1) и VUM (JN.1.7, JN.1.18, KP.2 и KP.3), с 29 апреля по 26 мая 2024 г.*



* Отчетный период для учета задержки в представлении последовательностей в GISAID.

+ Историческое присутствие указывает на страны, ранее сообщавшие о последовательностях VOI, но не сообщавшие об этом в период с 29 апреля по 26 мая 2024 г.

Рисунок 10. Количество (А) и процент (Б) последовательностей SARS-CoV-2 с 29 апреля по 26 мая 2024 г.

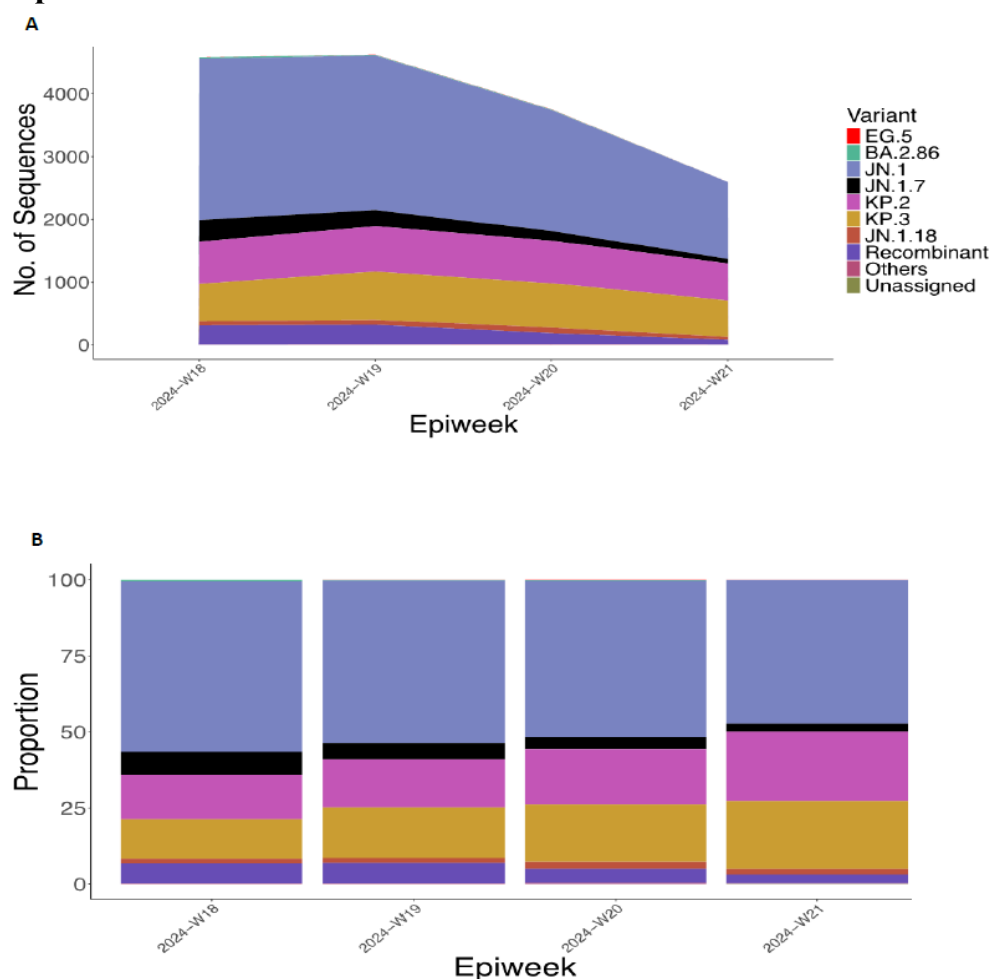


Рисунок 10. На панели А показано количество, а на панели В — процентное соотношение всех вариантов, циркулировавших с 29 апреля по 26 мая 2024 года. Показанные здесь варианты включают линии потомки, за исключением перечисленных отдельно потомков. Категория «Неназначенные» включает линии, ожидающие присвоения им PANGO названия, «Рекомбинантные» включает все рекомбинантные линии SARS-CoV-2, не перечисленные здесь, а категория «Другие» включает линии, которые назначены, но не перечислены здесь. Источник: данные о последовательностях SARS-CoV-2 и метаданные GISAID за период с 29 апреля по 26 мая 2024 г., загружено 10 июня 2024 г.

Публикации

1. bioRxiv [Preprint]. 2024 Jun 4:2024.06.03.596876. doi: 10.1101/2024.06.03.596876.

Tracking the genetic diversity of SARS-CoV-2 variants in Nicaragua throughout the COVID-19 Pandemic

Отслеживание генетического разнообразия вариантов SARS-CoV-2 в Никарагуа во время пандемии COVID-19

Gerald Vásquez Alemán, Cristhiam Cerpas, Jose G Juarez, и др.

Глобальная циркуляция SARS-CoV-2 широко задокументирована, однако динамика внутри Центральной Америки, особенно в Никарагуа, остается недостаточно изученной. Это исследование характеризует геномное разнообразие SARS-CoV-2 в Никарагуа с марта 2020 года по декабрь 2022 года с использованием 1064 геномов, полученных с помощью секвенирования нового поколения. Эти последовательности были отобраны по всей стране и проанализированы на предмет классификации вариантов, преобладания линий и филогенетического разнообразия. Для всех процедур секвенирования использовали компании Illumina и Oxford Nanopore Technologies. Результаты показали временной и пространственный сдвиг в доминирующих линиях, первоначально от B.1 и A.2 в начале 2020 года к различным подвариантам Omicron к концу исследования. Значительные изменения в генеалогии коррелировали с изменениями в показателях положительного результата на COVID-19, подчеркивая эпидемиологическое воздействие распространения вариантов. Сравнительный анализ с региональными данными подчеркнул низкое разнообразие циркулирующих линий в Никарагуа и их запоздалое внедрение по сравнению с другими странами региона Центральной Америки. Исследование также связало специфические вирусные мутации с уровнем госпитализации, подчеркнув клиническую значимость геномного надзора. Это исследование способствует пониманию эволюции SARS-CoV-2 в Никарагуа и представляет ценную информацию о его генетическом разнообразии для общественного здравоохранения в Центральной Америке. Подчеркнута критическая роль постоянного геномного надзора в выявлении новых линий и информировании стратегий общественного здравоохранения.

2. Cell. 2022 Jun 9;185(12):2103-2115.e19. doi: 10.1016/j.cell.2022.04.035. Epub 2022 May 2.

Virological characteristics of the SARS-CoV-2 Omicron BA.2 spike

Вирусологические характеристики шипа SARS-CoV-2 Omicron BA.2

Daichi Yamasoba, Izumi Kimura, Hesham Nasser, и др.

Вскоре после появления и глобального распространения линии SARS-CoV-2 Omicron BA.1 другая линия Omicron, BA.2, начала конкурировать с BA.1. Результаты статистического анализа показали, что эффективное число репродукции BA.2 в 1,4 раза выше, чем у BA.1. Эксперименты по нейтрализации показали, что иммунитет,

индуцированный вакцинами против COVID, широко применяемыми среди населения, не эффективен против BA.2, подобно BA.1, и что антигенность BA.2 заметно отличается от антигенности BA.1. Эксперименты на клеточных культурах показали, что спайк BA.2 обеспечивает более высокую эффективность репликации в эпителиальных клетках носа человека и более эффективен в обеспечении образования синцитий, чем спайк BA.1. Кроме того, эксперименты по заражению хомяков показали, что вирус, несущий шипы BA.2, более патогенен, чем вирус, несущий шипы BA.1. В целом результаты этих многомасштабных исследований показывают, что риск BA.2 для глобального здравоохранения потенциально выше, чем риск BA.1.

3. J Med Virol. 2022 May;94(5):1825-1832. doi: 10.1002/jmv.27588. Epub 2022 Jan 23.

Omicron variant of SARS-CoV-2: Genomics, transmissibility, and responses to current COVID-19 vaccines

Вариант SARS-CoV-2 Омикрон: геномика, трансмиссивность и реакция на современные вакцины против COVID-19

Yusha Araf, Fariya Akter, Yan-Dong Tang и др.

В этом обзоре основное внимание уделяется геномике, передаче варианта Омикрон и эффективности вакцин против него, что будет полезно для дальнейшего исследования этого нового варианта SARS-CoV-2. Отмечено, в частности, что вариант Омикрон

насчитывает 18 261 мутацию, из которых более 97% присутствуют в кодирующей области, а остальные 558 выявляются во внегенной области. Мутации в кодирующей области составляют 2965 инделей, и несинонимичные и синонимичные SNP составляют 11 995 и 2743 соответственно. Тридцать мутаций было обнаружено в белках-шипах, в основном расположенных в рецептор-связывающем домене (RBD) белка-шипа варианта Omicron. Кроме того, за пределами белка-шипа присутствуют три другие делеции и одна инсерционная мутация. Предварительный анализ данных GISAID показал, что NTD содержит 11 мутаций, включая шесть делеций и одну вставку, причем мутации N211 и ins214EPE являются уникальными.

4. J Mol Graph Model. 2024 Jun 13:131:108813. doi: 10.1016/j.jmgm.2024.108813. Online ahead of print.

Impact of mutations in SARS-CoV-2 recombinant sub-variant XBB.1.16 on the binding affinity with human ACE2 receptor

Влияние мутаций рекомбинантного субварианта SARS-CoV-2 XBB.1.16 на аффинность связывания с рецептором ACE2 человека

Syeda Sumayya Tariq, Komal Zia, Mohammad Nur-E-Alam

Несмотря на снижение угрозы пандемии COVID-19, ее пагубное воздействие на глобальное здравоохранение сохраняется. Независимо от естественного иммунитета или иммунитета, полученного посредством вакцинации, новые варианты

вируса продолжают подвергаться мутациям и распространяться по всему миру. Стойкие мутации SARS-CoV-2 вместе с последующим образованием рекомбинантных субвариантов стали проблемой для исследователей и медицинских работников, вызывая беспокойство по поводу эффективности существующих вакцин. Лучшее понимание биохимических взаимодействий между белком-шипом (RBD) вариантов SARS-CoV-2 и человеческим рецептором ACE2 может оказаться полезным при разработке противовирусных терапевтических средств, которые одинаково эффективны против всех штаммов и новых вариантов. Целью в этом исследовании было изучение характера межфазного связывания комплекса SARS-CoV-2 RBD-ACE2 дикого типа (WT), Omicron и рекомбинантного подварианта Omicron XBB.1.16. Полученные результаты показывают более высокую степень структурных отклонений и гибкости у XBB.1.16 по сравнению с WT и Omicron. Снижение аффинности связывания наблюдалось в случае XBB.1.16 по сравнению с WT и Omicron. Эти отклонения у XBB.1.16 по сравнению с его родительской линией Omicron и WT можно отнести к специфичным для него мутациям. В совокупности эти результаты улучшают наше понимание влияния мутаций на взаимодействие между этим штаммом и хозяином, приближая нас на один шаг к разработке эффективных противовирусных препаратов против постоянно мутирующих штаммов.

5. Pathog Glob Health. 2024 Jun 17:1-6. doi: 10.1080/20477724.2024.2369378. Online ahead of print.

JN.1 and the ongoing battle: unpacking the characteristics of a new dominant COVID-19 variant

JN.1 и продолжающаяся битва: раскрываем характеристики нового доминирующего варианта COVID-19

Reza Eshraghi, Ashkan Bahrami, Motahare Karimi Houyeh, и др.

На четвертый год возникновения COVID-19 появился новый вариант, JN.1, который распространился по всему миру и стал доминирующим штаммом в нескольких регионах. У него есть некоторые специфические мутации в белках-шипах, что придает ему более высокую заразность. Что касается значимости этой проблемы, понимание клинических и иммунологических особенностей JN.1 имеет решающее значение для совершенствования стратегий здравоохранения и усилий по вакцинации во всем мире, с конечной целью - усилить наш коллективный ответ на пандемию. В этом обзоре рассмотрены последние данные о характеристиках и мутациях JN.1, а также их последствия в обходе иммунной системы. Показана важность постоянного надзора и стратегической адаптации в рамках системы здравоохранения, а также важность отбора проб сточных вод для быстрой идентификации новых вариантов SARS-CoV-2.