

**Чумачкова Е.А., Дмитриева Л. Н., Краснов Я.М., Осина Н. А.,
Зимирова А.А., Иванова А.В., Карнаухов И. Г., Караваева Т.Б.,
Щербакова С. А., Кутырев В. В.**

Распространение вариантов вируса SARS-COV-2, вызывающих интерес (VOI) и находящихся под наблюдением (VUM), на основе количества их геномов, депонированных в базу данных GISAID за неделю с 20 по 26 июля 2024 г.

*ФКУН Российской научно-исследовательский противочумный институт «Микроб»
Роспотребнадзора, Саратов, Российская Федерация*

В обзоре представлена информация по циркулирующим в настоящее время вариантам вируса SARS-COV-2 Omicron вызывающих интерес (VOI) и находящихся под наблюдением (VUM), геномные последовательности которых размещены в международной базе данных GISAID за неделю с 20 по 26 июля 2024 г.

В соответствии с классификацией ВОЗ с 28 июня 2024 г. к вариантам вируса SARS-COV-2, вызывающих интерес (VOI), отнесены два субварианта: BA.2.86 и JN.1, в группу вариантов VUM включены шесть субвариантов, а именно JN.1.7, KP.2, KP.3, KP.3.1.1, JN.1.18 и LB.1 (таблица 1).

Таблица 1. Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM) и циркулирующие в настоящее время (по состоянию на 26 июля 2024 г.)

Pango линия	Следующая штаммовая клада	Генетические особенности	Самые ранние задокументированные образцы	Дата назначения
JN.1.7	24A	JN.1 + S:T572I, S:E1150D	25-09-2023	03-05-2024
KP.2	24B	JN.1 + S:R346T, S:F456L, S:V1104L	02-01-2024	03-05-2024
KP.3	24C	JN.1 + S:F456L, S:Q493E, S:V1104L	11-02-2024	03-05-2024
KP.3.1.1	24C	KP.3 + S:S31-	27-03-2024	19-07-2024
JN.1.18	24A	JN.1 + S:R346T	02-11-2023	03-05-2024
LB.1	24A	JN.1+ S:S31-, S:Q183H, S:R346T, S:F456L	26-02-2024	28-06-2024

На сегодняшний день в базе данных GISAID всего представлено 16 862 067 геномов вируса SARS-COV-2 (за неделю депонировано 11 786 геномных последовательности, за предыдущий аналогичный период депонировано – 12 904). В мире странами – лидерами по количеству депонированных штаммов SARS-CoV-2 остаются США (5 156 579 геномов – 30,6% от всех размещенных в GISAID) и Великобритания (3 164 414 геномов – 18,8%).

Всего в базу данных GISAID депонировано 9 343 536 геномов варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 11 677 геномных последовательностей –

99,1% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 97,5%). Российскими лабораториями размещено 87 575 геномов вируса SARS-CoV-2, в том числе варианта Omicron – 55 152 геномные последовательности.

На сегодняшний день в базе данных GISAID зафиксировано депонирование варианта Omicron из 215 стран и территорий: Австралия, Австрия, Азербайджан, Албания, Алжир, Американское Самоа, Андорра, Ангола, Антигуа и Барбуда, Ангилья, Аргентина, Армения, Аруба, Афганистан, Бангладеш, Барбадос, Бахрейн, Беларусь, Бельгия, Бермудские Острова, Белиз, Бенин, Болгария, Боливия, Ботсвана, Босния и Герцеговина, Бонайре, Бразилия, Бруней, Британские Виргинские острова, Бутан, Бурунди, Буркина-Фасо, Великобритания, Венесуэла, Венгрия, Виргинские Острова (США), Вьетнам, Гана, Гаити, Гамбия, Гайана, Гватемала, Гвинея, Германия, Гибралтар, Гондурас, Гонконг, Гренада, Греция, Грузия, Гуам, Габон, Дания, Джибути, Доминиканская Республика, Доминика, ДРК, Демократическая Республика Восточный Тимор, Демократическая Республика Сан-Томе и Принсипи, Египет, Замбия, Зимбабве, Израиль, Индия, Индонезия, Иордания, Ирак, Иран, Ирландия, Исландия, Испания, Италия, Кабо-Верде, Казахстан, Каймановы Острова, Камбоджа, Камерун, Канада, Катар, Кения, Кипр, Китай, Кирибати, Колумбия, Косово, Коста-Рика, Кот-д'Ивуар, Куба, Кувейт, Кыргызстан, Кюрасао, Лаос, Латвия, Либерия, Ливан, Ливия, Лихтенштейн, Литва, Лесото (Королевство Лесото), Люксембург, Мадагаскар, Маврикий, Мавритания, Макао, Малави, Малайзия, Мальдивы, Мальта, Мали, Марокко, Мартиника, Маршалловы Острова, Майотта, Мексика, Мозамбик, Молдова, Монако, Монголия, Монтсеррат, Мьянма, Микронезия, Намибия, Нидерланды, Нигер, Нигерия, Непал, Независимое государство Самоа, Ниуэ, Норвегия, Новая Зеландия, Новая Кaledония, Никарагуа, 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 Вануatu, 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, Сербия, Содружество Багамских Островов, Соломоновы острова, Сомали, Судан, Суринам, 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 45 стран (20,9%) (за предыдущие – 43 стран (20,0%)) депонировали новые геномные последовательности Omicron в GISAID.

Динамика распространения в мире субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID с 3 апреля по 2 июля 2024 г. представлена на рисунках 1 и 2. В странах Африки доминировали субварианты JN.1.16.1 и JN.1.18, в

регионе Юго-Восточной Азии – KP.2.3, JN.1.16, JN.1 и KP.3.3, в Европейском регионе – KP.2, KP.3.1, JN.1.16.1, KP.3 и JN.1.7 (рис 1). В регионе Северной Америки среди циркулирующих субвариантов Omicron преобладали KP.2, JN.1.7, KP.3, LB.1, JN.1 и KP.3.1, в Западно-Тихоокеанском регионе – KP.3, JN.1, KP.3.1, KP.2, KW1.1, KP.1.1, в Южной Америке – JN.1, JN.1.7, XDR, JN.1.15 (рис. 2).

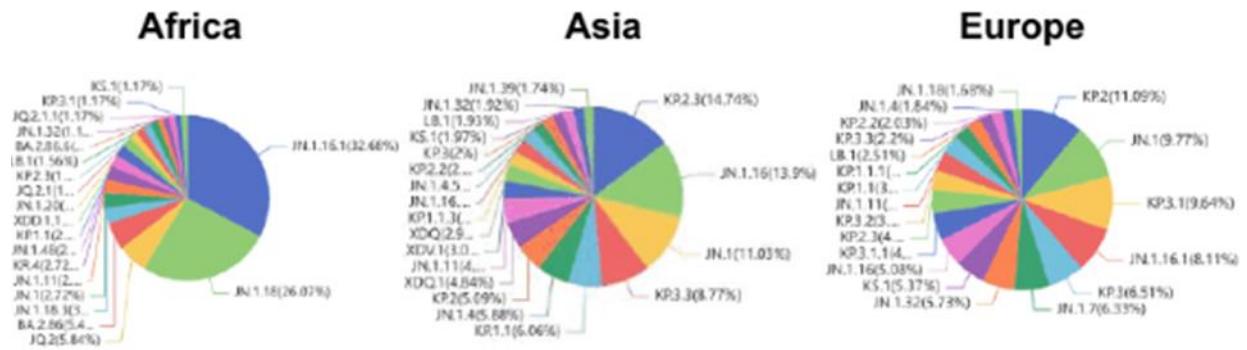


Рисунок 1 Распространение субвариантов Omicron в регионах – Африканском, Юго-Восточной Азии и Европейском (по состоянию на 3 июля 2024 г.)

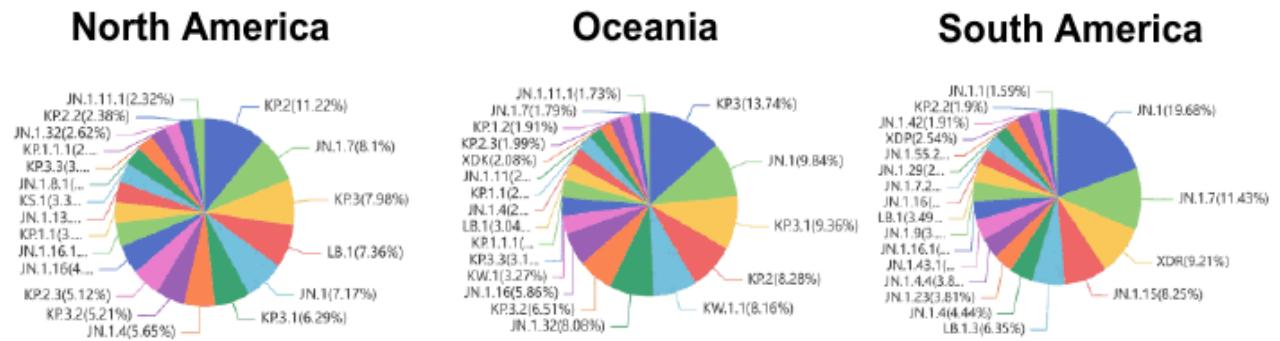


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в регионах – Северной и Южной Америки и Тихоокеанском (по состоянию на 3 июля 2024 г.)

Распространенность вариантов VOI в мире остается доминирующей: в Тихоокеанском регионе – 98,0 %, в Северной Америке – 97,9 %, в Африке – 97,0 %, в Южной Америке – 96,7 %, в Европе – 96,6 %, в Азии – 92,6 % (рис. 3).

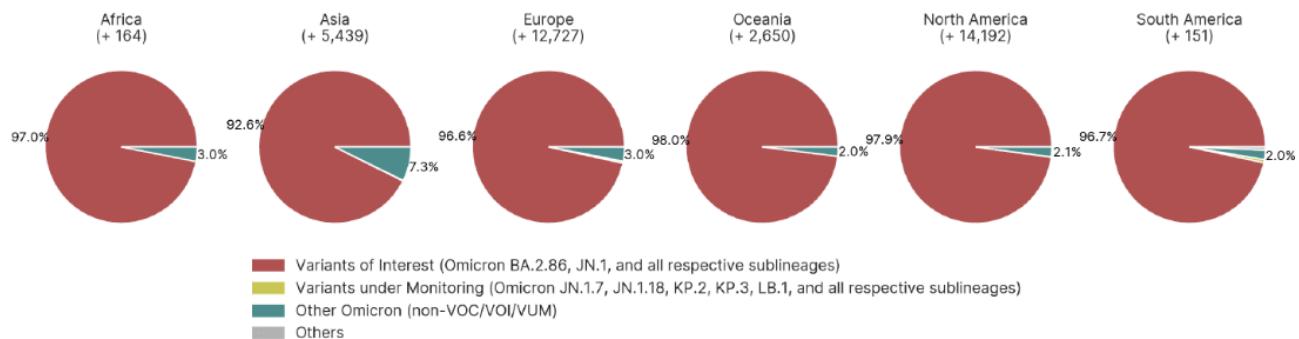


Рисунок 3. Распространение субвариантов Omicron в регионах мира (по состоянию на 1 июля 2024 г.)

По данным GISAID EpiCoV на текущий момент в мире лидирующими геновариантами SARS-CoV-2 являются: KP.3.1.1 (15,5 %); KP.3.1 (12,8 %), JN.1 (10.2 %), KP.3.3 (9.4 %), LB.1. (8,1 %) (рис. 4).

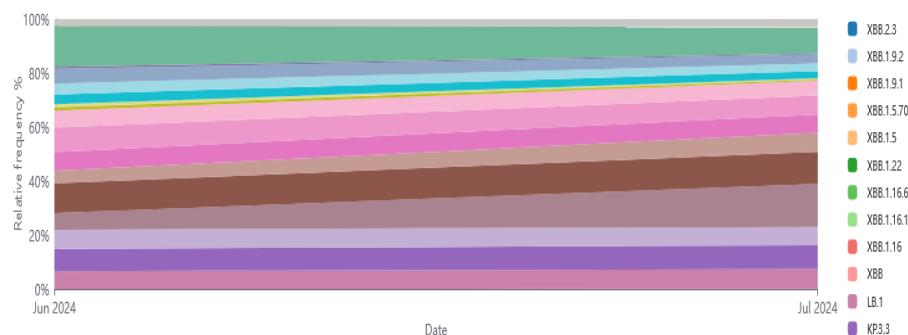


Рисунок 4. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 июне – июле 2024 г.

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

По состоянию на 26 июля 2024 г. распространение субварианта BA.2.86 оценивается на уровне 0,12 %. В базу данных GISAID EpiCoV последовательности, относящиеся к BA.2.86 (Pirola) за последние 4 недели депонировано 14 геномных последовательностей из 7 стран (США, Южная Корея, Испания, Германия, Израиль, Сингапур, Эквадор).

Геномные последовательности субварианта JN.1 представлены из 134 стран, распространенность составила 1,7 %. В базу данных GISAID за последние 4 недели всего депонировано 9224 геномные последовательности из 34 стран (78,3 % от всех депонированных за последние 4 недели).

Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)

С момента идентификации в базе данных GISAID геномные последовательности субварианта JN.1.7 депонированы из 81 страны, всего 8 580 геномов преимущественно из США, Великобритании, Канады.

Субвариант JN.1.18 секвенирован в лабораториях 77 стран (3 713 последовательностей), распространенность в мире составила 1%.

Субвариант KP.2 циркулирует, как минимум, в 53 странах, депонировано 8 977 геномов. За последние 2 недели распространенность субварианта зарегистрирована в Великобритании на уровне 22%, Швеции – 21,1%, США – 20,4%, Канаде – 19,5%, Испании – 9,5%, Китае – 8%, Австралии – 7%.

Субвариант KP.3 секвенирован лабораториями 39 стран, в GISAID размещено 10 475 геномных последовательностей. Последние 4 недели субвариант доминирует в Японии (его удельный вес среди секвенированных штаммов составляет 83%), Испании (49,9%), Великобритании (40,6%), Канаде (38,1%), США (33,1%).

Субвариант LB.1 является потомком JN.1. Появление LB.1 продолжает текущую тенденцию: Вирус SARS-CoV-2 мутирует и дает начало новым вариантам, которые лучше обходят иммунитет и вытесняют другие штаммы. В опубликованных результатах предварительного исследования японские ученые предполагают, что субвариант LB.1 может быть более заразным и лучше обходить иммунитет, чем KP.2, из-за мутации под названием S:S31del (Kaku Y., Yo M. S., Tolentino J. E., Uriu K., Okumura K. Virological characteristics of the SARS-CoV-2 KP.3, LB.1 and KP.2.3 variants, **doi:** <https://doi.org/10.1101/2024.06.05.597664> на сайте <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2024.06.05.597664v1.full>). В настоящее время в Соединенных Штатах удельный вес случаев заболеваний, вызванных LB.1, составляет 17,5%. В GISAID размещено около 2 тыс. геномов LB.1 из 32 стран, из США и Канады – 65,7%.

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

Таблица 2 – 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 (29.06. – 26.07.2024 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	181388	419	100,0
Австрия (стабилизация заболеваемости)	Berghaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	194402	17	100,0
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 Виргинские острова (стабилизация заболеваемости)	UW Virology Lab	1451	0	0,0
Американское Самоа	Centers for Disease Control and Prevention	157	0	0,0

(стабилизация заболеваемости)	Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery			
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	10571	0	0,0
Армения (стабилизация заболеваемости)	Institute of Molecular Biology NAS RA, Republic of Armenia, Department of Bioengineering, Bioinformatics Institute and Molecular Biology IBMPPh 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	2385	0	0,0
Барбадос (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Building 36, First Floor Biochemistry	313	2	100,0

	Unit, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies			
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(RRPECM)	120	0	0,0
Белиз (стабилизация заболеваемости)	Texas Children's Microbiome Center	703	0	0,0
Бельгия (рост заболеваемости)	KU Leuven, Rega Institute, Clinical and Epidemiological Virology	100021	21	100,0
Бенин (стабилизация заболеваемости)	Institut für Virologie – Institute of Virology – Charite	518	0	0,0
Бермудские острова (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Virus Unit, National Infection Service, Public Health England	210	0	0,0
Болгария (стабилизация заболеваемости)	National Center of Infectious and Parasitic Diseases	7927	0	0,0
Боливия (снижение 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	128469	8	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.	1535987	1465	100,0
Венгрия (стабилизация заболеваемости)	National Laboratory of Virology, Szentágothai Research Centre	674	0	0,0
Венесуэла (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio de Virología Molecular	995	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 Lambaréne(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	0	0,0
Гваделупа (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	719	10	100,0
Гватемала (стабилизация заболеваемости)	Asociación de Salud Integral/Clínica Familiar Luis Ángel García	4598	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.	585187	182	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	272	0	0,0
Гонконг (стабилизация заболеваемости)	Hong Kong Department of Health	16311	24	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)	26058	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.	2648	7	100,0
Гуам (стабилизация)	Centers for Disease Control and Prevention	528	2	100,0

заболеваемости)	Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery			
Дания (стабилизация заболеваемости)	Albertsen lab, Department of Chemistry and Bioscience, Aalborg University. Department of Virus and Microbiological Special Diagnostics, Statens Serum Institut.	389795	8	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	2292	3	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	122078	495	99,4
Индия (стабилизация заболеваемости)	Department of Neurovirology, National Institute of Mental Health and	148362	2	100,0

	Neurosciences(NIMHANS).CSIR–Centre for Cellular and Molecular Biology			
Индонезия (стабилизация заболеваемости)	National Institute of Health Research and Development	41311	0	0,0
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	63884	335	100,0
Исландия (стабилизация заболеваемости)	Landspitali Department of Clinical Microbiology	11939	113	100,0
Испания (стабилизация заболеваемости)	Hospital Universitario 12 de Octubre	159043	1014	99,8
Италия (стабилизация заболеваемости)	Army Medical Center, Scientific Department, Virology Laboratory	100073	64	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	2121	0	0,0
Камерун (стабилизация заболеваемости)	CREMER(Centre de Recherches sur les Maladies Emergentes et Ré–émergentes)	1364	0	0,0
Канада (стабилизация)	Laboratoire de santé publique du Québec	377027	1596	100,0

заболеваемости)				
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	80279	89	100,0
Колумбия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Salud– Dirección de Investigación en Salud Pública	16154	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	10293	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	657	2	100,0
Кувейт (стабилизация заболеваемости)	Virology Unit, Department of Microbiology, Faculty of Medicine, Kuwait	1079	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)	1319	0	0,0
Лаос (стабилизация заболеваемости)	LOMWRU/Microbiology Laboratory, Mahosot Hospital	1088	7	100,0
Латвия (стабилизация заболеваемости)	Latvian Biomedical Research and Study Centre	14445	0	0,0
Лесото (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Communicable Diseases of the National Health Laboratory Service	155	0	0,0
Либерия (стабилизация заболеваемости)	Center for Infection and Immunity, Columbia University	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	13451	0	0,0
Лихтенштейн (стабилизация заболеваемости)	Berghaler 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	38352	0	0,0
Макао (стабилизация заболеваемости)	Centro de Sequenciamento Genômico	1	0	0,0
Маврикий (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	8092	0	0,0
Мавритания (стабилизация заболеваемости)	INRSP-Mauritania	17	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	36020	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 Diagnostic y Referencia Epidemiologicos (INDRE)	48230	14	100,0
Мозамбик (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform, South Africa	811	0	0,0
Молдавия (стабилизация заболеваемости)	ONCOGENE LLC	742	0	0,0
Монако (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	19	0	0,0
Монголия (стабилизация)	National Centre for Communication Disease	1069	0	0,0

заболеваемости)	(NCCD) National Influenza Center			
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	3506	0	0,0
Нидерланды (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	86434	180	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)	42744	208	100,0
Новая Кaledония (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	36451	2	100,0
ОАЭ (стабилизация	Wellcome Sanger Institute for the COVID-19	734	0	0,0

заболеваемости)	Genomics UK(COG-UK) Consortium			
Оман (стабилизация заболеваемости)	Oman–National Influenza Center	867	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	3650	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	3354	2	100,0
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	39893	0	0,0
Польша (стабилизация заболеваемости)	genXone SA, Research & Development Laboratory	47313	7	100,0
Португалия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Saude(INSA)	25023	43	100,0
Пуэрто Рико (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	21686	17	100,0
Республика Вануату	Microbiological Diagnostic Unit - Public Health	100	0	0,0

(стабилизация заболеваемости)	Laboratory (MDU-PHL)			
Республика Джибути (стабилизация заболеваемости)	Naval Medical Research Center Biological Defense Research Di-rectorate	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	666	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	55060	11	100,0

	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.			
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	0	0,0
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
Сейшельы (стабилизация заболеваемости)	KEMRI– Wellcome Trust Research Programme, Kilifi	619	0	0,0
Сенегал (стабилизация заболеваемости)	IRESSEF GENOMICS LAB	1880	0	0,0
Сент-Винсент и Гренадины (стабилизация	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies	107	0	0,0

заболеваемости)				
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	40068	232	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)	930	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	38015	45	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.	2733711	3013	99,7
Сьерра-Леоне (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Reference Laboratory	1	0	0,0
Таиланд (стабилизация заболеваемости)	COVID–19 Network Investigations(CONI) Alliance	31840	0	0,0
Тайвань (стабилизация заболеваемости)	Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision Medicine	5155	18	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	930	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”	6597	0	0,0
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	16404	1	100,0
Финляндия (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Faculty of Medicine, University of Helsinki	26514	0	0,0
Франция (снижение заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	410963	295	100,0
Французская Гвиана (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	2146	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	26178	14	100,0
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	0	0,0
Чехия (стабилизация заболеваемости)	The National Institute of Public Health	34584	0	0,0
Чили (снижение заболеваемости)	Instituto de Salud Publica de Chile	29343	0	0,0
Швейцария (стабилизация заболеваемости)	Department of Biosystems Science and Engineering, ETH Zürich.	58581	8	100,0
Швеция (стабилизация заболеваемости)	The Public Health Agency of Sweden	132212	140	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 Investigaciónen Salud Pública, INSPI	7248	19	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.	28405	0	0,0
Южная Корея (стабилизация заболеваемости)	Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency	165747	18	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	484885	330	100,0

Л и т е р а т у р а

1. Biochem Biophys Res Commun. 2024 Jul 30:719:150120. doi: 10.1016/j.bbrc.2024.150120. Epub 2024 May 14.

Mutations in the SARS-CoV-2 spike proteins affected the ACE2-binding affinity during the development of Omicron pandemic variants

Мутации в белках-шипах SARS-CoV-2 повлияли на аффинность связывания ACE2 во время развития пандемических вариантов Omicron

Kouichi Tachibana, Yoshihiko Nakamura, Thi Ly Do, Takanori Kihara, Hiroshi Kawada, Norio Yamamoto, Kiyoshi Ando.

Аннотация

Мутации SARS-CoV-2 вызвали многочисленные волны пандемии. Чтобы определить функцию таких мутаций, мы исследовали аффинность связывания белка S с его рецептором ACE2. Omicron BA.1 показал значительно более низкую аффинность связывания с человеческим ACE2, чем прототип SARS-CoV-2 и штамм Alpha, что указывает на то, что переход от пре-Omicron к Omicron не был опосредован увеличением аффинности связывания ACE2. Между тем, более поздние варианты Omicron, BA.5 и XBB.1.5, показали значительно более высокую аффинность связывания ACE2, что позволяет предположить, что повышенное связывание ACE2 может участвовать в переходе вариантов внутри штаммов Omicron. Кроме того, варианты Alpha и Omicron, но не прототип SARS-CoV-2, связывали мышиный ACE2, что приводит к гипотезе о том, что ранние штаммы Omicron произошли от штамма Alpha путем приобретения множественных мутаций у мышей.

2. Virus Res. 2024 Jul:345:199392. doi: 10.1016/j.virusres.2024.199392. Epub 2024 May 15.

A systematic mutation analysis of 13 major SARS-CoV-2 variants

Систематический мутационный анализ 13 основных вариантов SARS-CoV-2.

Han Bai, Xuan Zhang, Tian Gong, Junpeng Ma, Peng Zhang, Zeqiong Cai, Doudou Ren, Chengsheng Zhang.

Аннотация

SARS-CoV-2 постоянно развивается, вызывая различные новые мутации. Из-за их повышенной инфекционности, трансмиссивности и уклонения от иммунитета решающее значение имеет всестороннее понимание связи между этими мутациями и соответствующими функциональными изменениями. Однако предыдущие исследования мутаций основных вариантов SARS-CoV-2 остаются ограниченными. Здесь мы провели систематический анализ мутаций полноразмерных аминокислот, филогенетических особенностей, физико-химических свойств белков, молекулярной динамики и иммунного ускользания, а также анализ псевдотипической вирусной инфекции среди тринадцати основных вариантов SARS-CoV-2. Мы обнаружили, что Омикрон

обладает наиболее многочисленными и сложными сайтами мутаций, более высокими показателями гидрофобности и гибкости, чем другие варианты. Результаты моделирования молекулярной динамики показывают, что Омикрон имеет наибольшее количество водородных связей и самую сильную свободную энергию связывания между белком S и рецептором ACE2. Кроме того, мы выявили 10 сайтов ускользания от иммунного ответа в 13 основных вариантах, о некоторых из них сообщалось ранее, но четыре из них (т.е. 339/373/477/496) впервые сообщаются как специфичные для Омикрона, тогда как 462 специфичны для Эпслиона. Инфекционность этих вариантов была подтверждена анализами на инфекцию псевдотипического вируса. Наши результаты могут помочь нам понять функциональные последствия мутаций в различных вариантах и основные механизмы иммунного ускользания, обеспечивающего S-белками.

3. doi: <https://doi.org/10.1101/2024.07.05.602217> This article is a preprint
NSP4 mutation T492I drives rapid evolution of SARS-CoV-2 toward Omicron
Мутация T492I в NSP4 способствует быстрой эволюции SARS-CoV-2 в сторону Omicron

Xiaoyuan Lin, Zhou Sha, Chunlin Zhang, Julia M. Adler, Ricardo Martin Vidal, Christine Langner, Beibei Fu, Yan Xiong, Meng Tan, Chen Jiang, Hao Zeng, Xiaokai Zhang, Qian Li, Jingmin Yan, Xiaoxue Lu, Shiwei Wang, Xuhu Mao, Dusan Kunec, Jakob Trimpert, Haibo Wu, Quanming Zou, Zhenglin Zhu.

Аннотация

T492I, мутация, обнаруженная в неструктурном белке 4 SARS-CoV-2 (NSP4), усиливает репликацию вируса и изменяет расщепление неструктурного белка, вызывая потенциальные эволюционные последствия. Посредством всестороннего сравнительного анализа, основанного на экспериментах по эволюции и повторному секвенированию штаммов SARS-CoV-2 дикого типа и штаммов Delta с T492I или без него, мы демонстрируем, что T492I в NSP4 не только увеличивает частоту мутаций, но и ускоряет появление многих характерных мутаций для вариантов Омикрона. Соответственно, вирусные популяции, которые произошли от предков с T492I, демонстрируют селективные силы, ориентированные на Омикрон, и увеличение репликации вируса, инфекционности, способности уклоняться от иммунитета, потенциала межвидовой передачи и сродства к связыванию рецепторов. Помимо усиленной репликации, мы наблюдали более сильный эпистаз в отношении репликации вируса и инфекционности у T492I, чем у S N501Y и NSP6 ΔSGF; это облегчает регулирование типов мутаций, что может способствовать

быстрой эволюции специфических мутаций Omicron. Наши результаты подчеркивают роль важной мутации, усиливающей репликацию, в регуляции скорости эволюции и тенденций мутации SARS-CoV-2.

4. Structure. 2024 Jul 4:S0969-2126(24)00230-2. doi: 10.1016/j.str.2024.06.012. Online ahead of print.

Spike structures, receptor binding, and immune escape of recently circulating SARS-CoV-2 Omicron BA.2.86, JN.1, EG.5, EG.5.1, and HV.1 sub-variants

Структуры шипов, связывание с рецепторами и иммунный уход недавно циркулирующих подвариантов SARS-CoV-2 Omicron BA.2.86, JN.1, EG.5, EG.5.1 и HV.1

Linjie Li, Kaiyuan Shi, Yuhang Gu, Zepeng Xu, Chang Shu, Dedong Li, Junqing Sun, Mengqing Cong, Xiaomei Li, Xin Zhao, Guanghui Yu, Songnian Hu, Hui Tan, Jianxun Qi, Xiaopeng Ma, Kefang Liu, George F Gao

Аннотация

Недавно появившиеся варианты BA.2.86, JN.1, EG.5, EG.5.1 и HV.1 имеют преимущество в росте. В этом исследовании мы изучаем структурные основы связывания рецепторов и иммунного уклонения для подвариантов Omicron BA.2.86, JN.1, EG.5, EG.5.1 и HV.1. Наши результаты показывают, что BA.2.86 демонстрирует сильное связывание рецепторов, тогда как его подлина JN.1 демонстрирует сниженную аффинность связывания с человеческим ACE2 (hACE2). С помощью комплексного структурного анализа мы наблюдали, что реверсия R493Q в домене связывания рецепторов (RBD) BA.2.86 играет облегчающую роль в связывании рецепторов, в то время как замена L455S в RBD JN.1 восстанавливает оптимальную аффинность. Кроме того, структура моноклонального антитела (mAb) S309 в комплексе с BA.2.86 RBD подчеркивает важность мутации K356T, которая вносит новый мотив N-гликозилирования, изменяя паттерн связывания mAb, принадлежащих RBD-5, представленному S309. Эти результаты подчеркивают важность тщательного мониторинга BA.2.86 и его подвидов для предотвращения новой волны инфекций SARS-CoV-2.

5. doi: <https://doi.org/10.1101/2024.07.18.604213> This article is a preprint
Early evolution of the BA.2.86 variant sheds light on the origins of highly divergent SARS-CoV-2 lineages

Ранняя эволюция варианта BA.2.86 проливает свет на происхождение сильно различающихся линий SARS-CoV-2

[View ORCID Profile](#)*Marina Escalera-Zamudio*, [View ORCID Profile](#)*Cedric C S Tan*, [View ORCID Profile](#)*Lucy van Dorp*, [View ORCID Profile](#)*François Balloux*

Аннотация

На протяжении всей эволюционной истории SARS-CoV-2 дивергентные варианты с необычно большим количеством новых мутаций неоднократно появлялись и вытесняли другие линии в совместной циркуляции. Последним примером является интересующий вариант BA.2.86 (VOI), который быстро превзошел все другие линии после его обнаружения в конце июля 2023 года. К июлю 2024 года, на момент написания этого исследования, в мире доминировали нисходящие сублинии. Механизмы, посредством которых, как правило, возникают сильно дивергентные вирусные линии, остаются неясными, при этом наиболее убедительно поддерживаемой гипотезой является приобретение множественных мутаций посредством ускоренной эволюции у хронически инфицированных людей с распространением обратно в сообщество, облегчаемым длительным выделением. Мы использовали BA.2.86 в качестве примера для изучения эволюционного процесса, лежащего в основе появления сильно дивергентного варианта SARS-CoV-2. С помощью мелкомасштабного эволюционного анализа, примененного к четырем независимым выборкам данных, мы идентифицируем более 100 геномов, представляющих эволюционные промежуточные звенья, занимающие ветвь в филогенетическом дереве, ведущую к кладу BA.2.86*/JN.1*. Кроме того, мы обнаружили более 2600 «гибридных» геномов на протяжении всей эволюционной истории сублиний BA.2*, происходящих от Омикрон, что демонстрирует последовательное приобретение мутационных созвездий, определяющих линию BA.2.86, с течением времени. Мы наблюдаем, что гибридные штаммы циркулировали за 19 месяцев до BA.2.86, что указывает на скрытую циркуляцию в различных странах, с дополнительными доказательствами ранних цепочек передачи. Мы также обнаружили сигналы рекомбинации между ранее существовавшими родительскими линиями, предполагая, что этот процесс способствовал появлению BA.2.86. Наши результаты показывают, что линия BA.2.86 возникла последовательно в ходе сложного эволюционного процесса, а не в результате ускоренной эволюции, связанной с одним событием появления.