

**Дмитриева Л. Н., Чумачкова Е.А., 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 10 по 16 августа 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 10 по 16 августа 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 с 19 июля 2024 г. 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 16 августа 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 16 902 396 геномов вируса SARS-COV-2 (за прошедшую неделю депонировано 10 940 геномных последовательностей, за предыдущий аналогичный период депонировано – 15 370). В мире странами – лидерами по количеству депонированных штаммов SARS-CoV-2 остаются США (5 170 871 геном – 30,6% от всех размещенных в GISAID) и Великобритания (3 166 869 геномов – 18,7%).

Всего в базу данных GISAID депонировано 9 382 797 геномов варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 10 690 геномных последовательностей –

97,7% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 96,1%). Российскими лабораториями размещено 88 891 геном вируса SARS-CoV-2, в том числе варианта Omicron – 56 461 геномная последовательность.

За последние 4 недели 45 стран (20,9%) (за предыдущие – 39 стран (18,1%)) депонировали новые геномные последовательности Omicron в GISAID.

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 Каледония, 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 Вануату, Румыния, Россия, Руанда, Сальвадор, Сен-Мартен, Синт-Мартен, Саудовская Аравия, Северная Македония, Северные Марианские острова, Сенегал, Союз Коморских Островов, Сьерра-Леоне, Словакия, Словения, Сингапур, Сирия, США, Сент-Китс и Невис, Сент-Винсент и Гренадины, Сент-Люсия, Сербия, Содружество Багамских Островов, Соломоновы острова, Сомали, Судан, Суринаам, 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.

Динамика распространения в мире субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID с 7 мая по 5 августа 2024 г. представлена на рисунках 1 и 2. В странах Африки доминировали субварианты JN.1.16.1, JN.1.11 и

JN.1.18, в регионе Юго-Восточной Азии – KP.3.3, KP.2.3, JN.1.16, в Европейском регионе – KP.3.1.1, KP.3.1, KP.2 (рис 1). В регионе Северной Америки среди циркулирующих субвариантов Omicron преобладали KP.2.3, KP.3.1, KP.2, LB.1, KP.3.1.1, KP.3, в Западно-Тихоокеанском регионе – KP.3.1, KP.3.2, KP.3, KP.3.3, в Южной Америке – LB.1.3, JN.1.15, JN.1.16.1, KP.2.3, LB.1 (рис. 2).

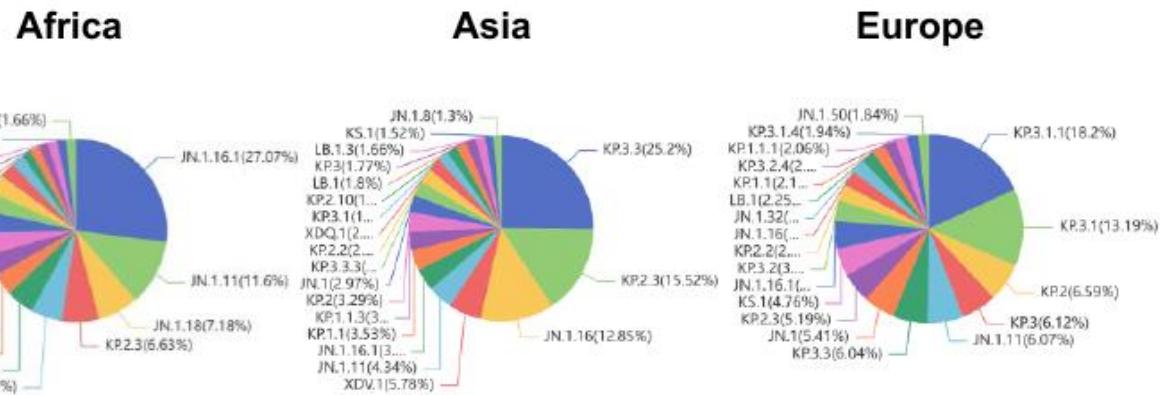


Рисунок 1 Распространение субвариантов Omicron в регионах – Африканском, Юго-Восточной Азии и Европейском (по состоянию на 5 августа 2024 г.)

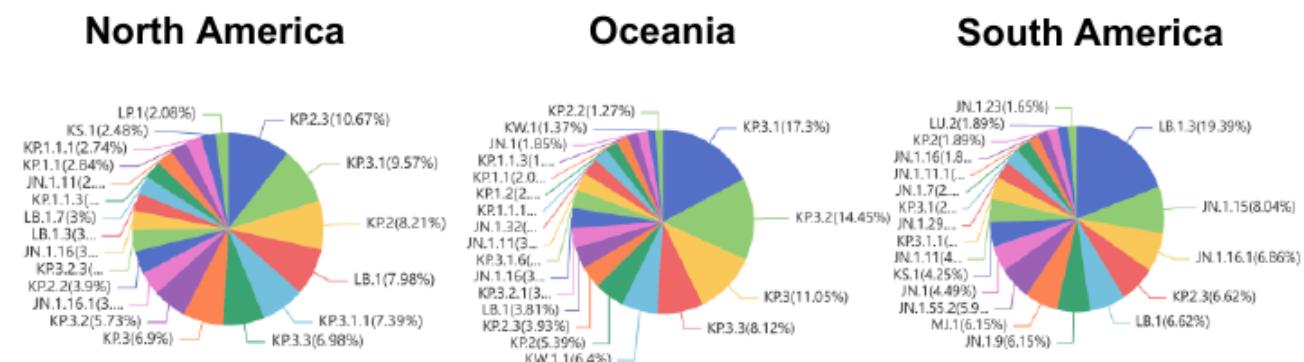


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в регионах – Северной и Южной Америки и Тихоокеанском (по состоянию на 5 августа 2024 г.)

Распространенность вариантов VOI в мире остается доминирующей: в Африке – 99,2 %, в Тихоокеанском регионе – 98,9 %, в Южной Америке – 98,7 %, в Северной Америке – 98,6 %, в Европе – 98,3 %, в Азии – 93,5 % (рис. 3).

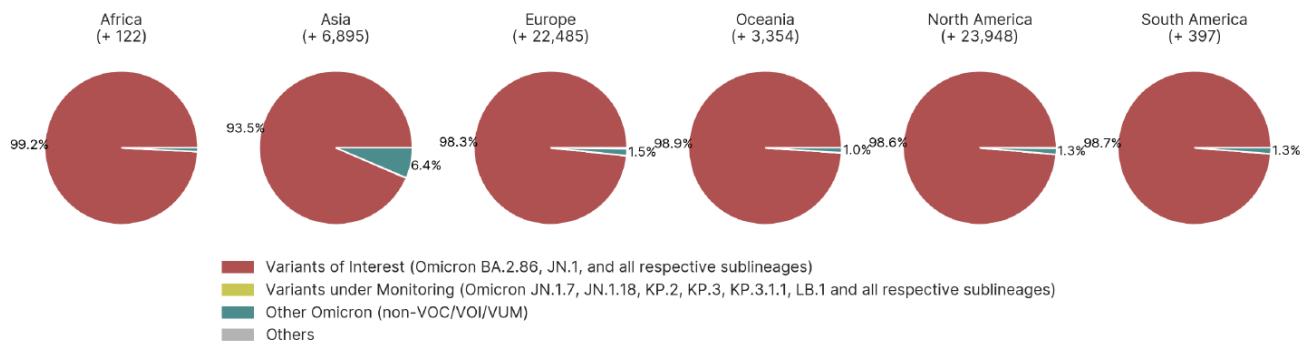


Рисунок 3. Распространение субвариантов Omicron в регионах мира (по состоянию на 1 августа 2024 г.)

По данным GISAID EpiCoV на текущий момент в мире лидирующими геновariantами SARS-CoV-2 являются: KP.3.1.1, KP.2.3, KP.3.1, LB.1 (рис. 4).

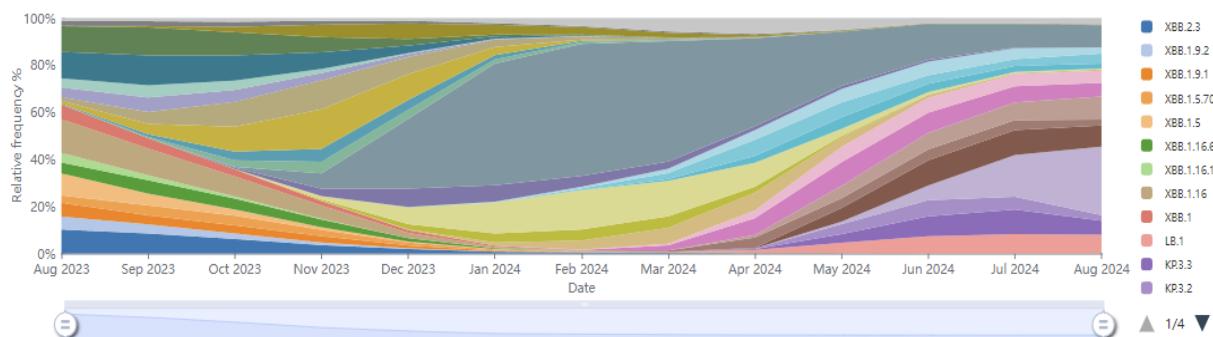


Рисунок 4. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 16 августа 2024 г.)

### Варианты, вызывающие интерес (VOI)

По состоянию на 16 августа 2024 г. распространение субварианта BA.2.86 оценивается на уровне 0,1 %. В базу данных GISAID EpiCoV последовательности, относящиеся к BA.2.86 (Pirola) за последние 4 недели депонирована 31 геномная последовательность из 5 стран (США, Германия, Испания, Южная Корея, Италия).

Геномные последовательности субварианта JN.1 представлены из 140 стран, распространенность составила 21 %. В базу данных GISAID за последние 4 недели всего депонировано 11 074 геномные последовательности из 46 стран (преимущественно из США, Канады, Великобритании, Японии, Испании, Швеции).

### Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)

С момента идентификации в базе данных GISAID геномные последовательности субварианта JN.1.7 депонированы как минимум, из 66 стран, преимущественно из США, Великобритании, Канады.

Субвариант JN.1.18 секвенирован в лабораториях 82 стран (4 887 последовательностей). Распространенность в мире составила 1%.

Субвариант KP.2 циркулирует, как минимум, в 75 странах, депонировано 20 514 геномов. Распространенность в мире составила 16%. За последние 4 недели распространенность субварианта зарегистрирована в Сингапуре на уровне 33,1%, Тайване – 26,3%, США – 21,9%, Швеции – 16,8%, Канаде – 16,3%, Великобритании – 11,1%, Франции – 9,4%, Китае – 8,3%, Испании – 6,5%.

Субвариант KP.3 (FLuQE) секвенирован лабораториями 60 стран. В Канаде его удельный вес среди изолированных штаммов составляет 26,6%, США 20,5%, Великобритании – 19,6%, Австралии – 9,1% (Рис.5).

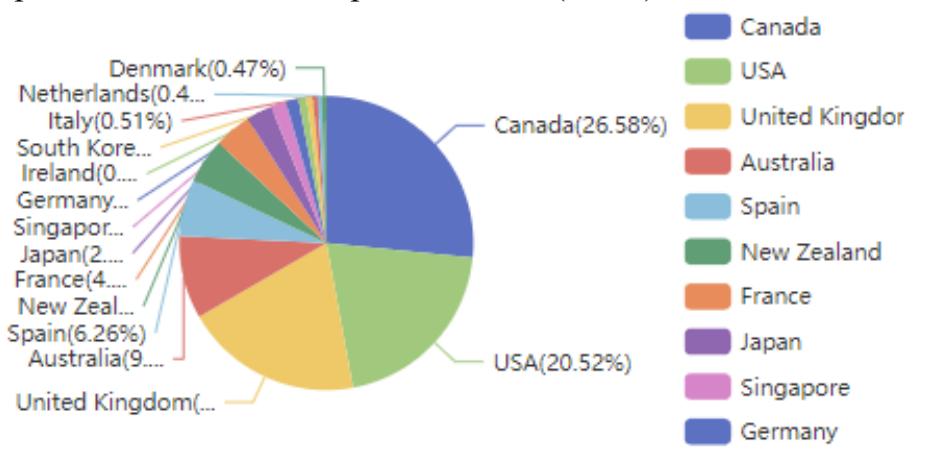


Рисунок 5 Страны с наибольшим депонированием последовательностей субварианта KP.3 (по состоянию на 16 августа 2024г.)

Геномные последовательности субварианта KP.3.1.1 размещены из 43 стран (11 424 генома), преимущественно из Испании, США, Канады и Великобритании (Рис. 6).

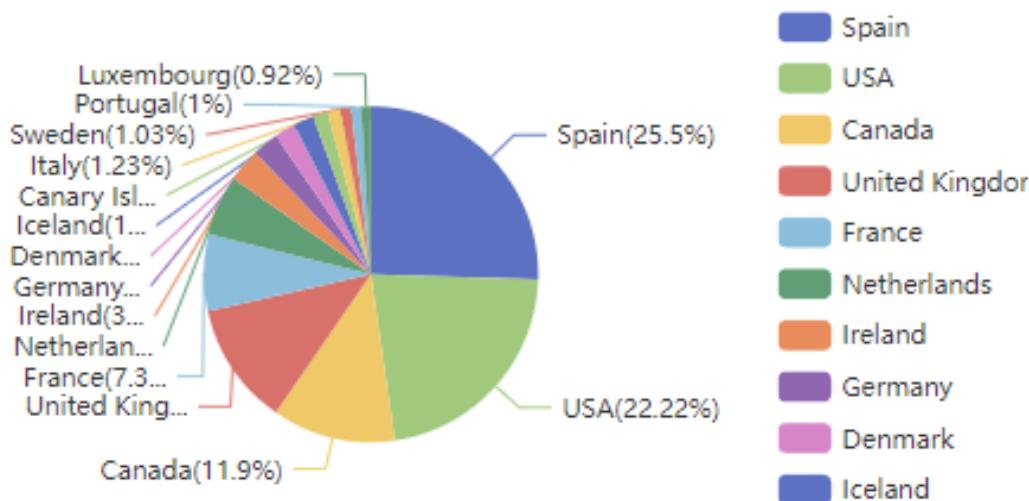


Рисунок 6 Страны с наибольшим депонированием последовательностей субварианта KP.3.1.1 (по состоянию на 16 августа 2024г.)

В базе GISAID депонировано 8 112 последовательностей субварианта LB.1, как минимум, из 60 стран. За последние 4 недели распространенность субварианта зарегистрирована в Бразилии на уровне 38,9%, Таиланде – 34,5%, на Тайване – 18,5%, в США – 15,1%, Канаде – 12,2%, Сингапуре – 10,9%.

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 (20.07. – 16.08.2024 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	182165	215	100,0
Австрия (стабилизация заболеваемости)	Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	194414	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	889	5	100,0
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)	Instituto de Salud Carlos III	323	0	0,0

заболеваемости)				
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	2	100,0
Армения (стабилизация заболеваемости)	Institute of Molecular Biology NAS RA, Republic of Armenia, Department of Bioengineering, Bioinformatics Institute and Molecular Biology IBMPh RAU, Republic of Armenia	17	0	0,0
Аруба (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	1060	0	0,0
Афганистан (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Lab	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 Unit, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies	313	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	100188	44	100,0
Бенин (стабилизация	Institut für Virologie – Institute of Virology – Charite	518	0	0,0

заболеваемости)					
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 (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)	1084	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	3471	0	0,0	
Бразилия (рост заболеваемости)	Instituto Adolfo Lutz, Interdisciplinary Procedures Center, Strategic Laboratory	128633	7	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)	6452	0	0,0	
Бутан (стабилизация заболеваемости)	AFRIMS	110	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 (рост заболеваемости)	COVID-19 Genomics UK (COG-UK) Consortium. Wellcome Sanger Institute for the COVID-19 Genomics UK (COG-UK) consortium.	1538441	967	100,0	
Венгрия (стабилизация	National Laboratory of Virology, Szentágothai	677	0	0,0	

заболеваемости)	Research Centre			
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	118	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	722	0	0,0
Гватемала (стабилизация заболеваемости)	Asociación de Salud Integral/Clínica Familiar Luis Ángel García	4837	37	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 (рост заболеваемости)	Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie. Institute of infectious medicine & hospital hygiene, CaSe-Group.	585769	109	95,6
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	318	0	0,0
Гонконг (стабилизация	Hong Kong Department of Health	16391	54	100,0

заболеваемости)				
Гренада	WINDREF/SGU Laboratory	112	0	0,0
Греция (стабилизация заболеваемости)	Greek Genome Center, Biomedical Research Foundation of the Academy of Athens(BRFAA)	26330	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.	2654	2	100,0
Гуам (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	542	7	100,0
Дания (стабилизация заболеваемости)	Albertsen lab, Department of Chemistry and Bioscience, Aalborg University. Department of Virus and Microbiological Special Diagnostics, Statens Serum Institut.	390779	367	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	0	0,0
Демократическая Республика Конго (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Sequencing Lab, National Institute for Biomedical Research(INRB)	597	0	0,0
ДР Сент Томе и Принсипи (стабилизация заболеваемости)	LNR-TB	1	0	0,0
Египет (стабилизация заболеваемости)	Main Chemical Laboratories Egypt Army	2793	0	0,0
Замбия (стабилизация заболеваемости)	University of Zambia, School of Veterinary Medicine	1272	0	0,0
Зимбабве (стабилизация заболеваемости)	National Microbiology Reference Laboratory(Quadram Institute Bioscience)	316	0	0,0
Израиль (стабилизация	Central Virology Laboratory, Israel Ministry of Health	122412	246	98,8

заболеваемости)				
Индия (стабилизация заболеваемости)	Department of Neurovirology, National Institute of Mental Health and Neurosciences(NIMHANS).CSIR–Centre for Cellular and Molecular Biology	148362	0	0,0
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	64250	140	100,0
Исландия (стабилизация заболеваемости)	Landspitali Department of Clinical Microbiology	12011	47	100,0
Испания (стабилизация заболеваемости)	Hospital Universitario 12 de Octubre	161695	591	100,0
Италия (стабилизация заболеваемости)	Army Medical Center, Scientific Department, Virology Laboratory	100596	256	100,0
Кабо–Вerde (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	2149	1	100,0
Камерун (стабилизация заболеваемости)	CREMER(Centre de Rechercherches sur les Maladies Emergentes et Ré–émergentes)	1364	0	0,0
Канада (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de santé publique du Québec	380881	2015	100,0
Каймановы острова	Cayman Islands Molecular Biology Laboratory	286	0	0,0
Катар (стабилизация	Biomedical Research Center(BRC), Qatar University /	1718	0	0,0

заболеваемости)	Qatar Genome Project(QGP)			
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	81097	242	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	0	0,0
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)	1337	1	100,0
Лаос (стабилизация заболеваемости)	LOMWRU/Microbiology Laboratory, Mahosot Hospital	1104	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	Center for Infection and Immunity, Columbia	68	0	0,0

заболеваемости)	University			
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)	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	38679	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	36103	2	100,0
Малави (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform	283	0	0,0
Мали (стабилизация заболеваемости)	Northwestern University – Center for Pathogen Genomics and Microbial Evolution	160	0	0,0
Мальдивы (стабилизация заболеваемости)	Indira Gandhi Memorial Hospital	333	0	0,0
Мальта (стабилизация заболеваемости)	Molecular Diagnostics Pathology Department Mater Dei Hospital Malta	163	0	0,0
Маршалловы острова	State Laboratories Division, Hawaii State Department	42	0	0,0

(стабилизация заболеваемости)	of Health			
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)	48302	31	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 заболеваемости)	National Centre for Communicable 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	1367	6	100,0
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	3538	0	0,0
Нидерланды (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	87348	140	100,0
Ниуэ	Institute of Environmental Science and Research	39	0	0,0

	(ESR)			
Новая Зеландия (стабилизация заболеваемости)	Institute of Environmental Science and Research(ESR)	42744	0	0,0
Новая Каледония (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de Microbiologie Centre Hospitalier Territorial de Nouvelle-Calédonie	103	4	100,0
Норвегия (стабилизация заболеваемости)	Norwegian Institute of Public Health, Department of Virology	36454	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	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)	78	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	3361	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	40048	0	0,0
Польша (рост заболеваемости)	genXone SA, Research & Development Laboratory	47343	20	100,0
Португалия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Saude(INSa)	25293	102	100,0
Пуэрто Рико (стабилизация)	Centers for Disease Control and Prevention Division	21772	0	0,0

заболеваемости)		of Viral Diseases, Pathogen Discovery			
Республика (стабилизация заболеваемости)	Вануату	Microbiological Diagnostic Unit - Public Health Laboratory (MDU-PHL)	100	0	0,0
Республика (стабилизация заболеваемости)	Джибути	Naval Medical Research Center Biological Defense Research Di-rectorate	633	0	0,0
Республика (стабилизация заболеваемости)	Кирибати	Microbiological Diagnostic Unit - Public Health Laboratory (MDU-PHL)	136	0	0,0
Республика (стабилизация заболеваемости)	Конго	Institute of Tropical Medicine	216	0	0,0
Республика (стабилизация заболеваемости)	Мадагаскар	Virology Unit, Institut Pasteur de Madagascar	57	0	0,0
Республика (стабилизация заболеваемости)	Никарагуа	MSHS Pathogen Surveillance Program, CNDR, Departamento de Virología	335	0	0,0
Республика (стабилизация заболеваемости)	Сальвадор	Genomics and Proteomics Departament, Gorgas Memorial Institute For Health Studies	666	0	0,0
Республика (стабилизация заболеваемости)	Чад	Pathogen Genomics Lab, National Institute for Biomedical Research (INRB),	28	0	0,0
Реюньон (стабилизация заболеваемости)		CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	12133	0	0,0
Россия (рост заболеваемости)		WHO National Influenza Centre Russian Federation. Center for Precision Genome Editing and Genetic Technologies for Biomedicine, Pirogov Medical University, Moscow, Russian Federation. Federal Budget Institution of Science, State Research Center for Applied Microbiology & Biotechnology. Group of	56369	26	100,0

	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	12396	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
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 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	40499	217	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	38042	44	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 (рост заболеваемости)	Colorado Department of Public Health & Environment. Maine Health and Environmental Testing Laboratory. California Department of Public Health. UCSD EXCITE.	2748029	4005	100,0
Сьерра-Леоне (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Reference Laboratory	1	0	0,0
Таиланд (стабилизация заболеваемости)	COVID-19 Network Investigations(CONI) Alliance	32173	4	100,0
Тайвань (стабилизация заболеваемости)	Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision	5338	80	100,0

	Medicine			
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	1040	4	100,0
Украина (стабилизация заболеваемости)	Department of Respiratory and other Viral Infections of L.V.Gromashevsky Institute of Epidemiology & Infectious Diseases NAMS of Ukraine, JSC “Farmak”	6823	14	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	16435	1	100,0

Финляндия (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Faculty of Medicine, University of Helsinki	26593	10	100,0
Франция (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	412567	357	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	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	0	0,0
Чехия (стабилизация заболеваемости)	The National Institute of Public Health	34584	0	0,0
Чили (стабилизация заболеваемости)	Instituto de Salud Publica de Chile	29359	0	0,0
Швейцария (стабилизация заболеваемости)	Department of Biosystems Science and Engineering, ETH Zürich.	58768	72	100,0
Швеция (стабилизация заболеваемости)	The Public Health Agency of Sweden	132782	390	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	7263	0	0,0
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	766	0	0,0

	Laboratory Service)			
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	274	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	165864	12	100,0
Южный Судан (стабилизация заболеваемости)	MRC/UVRI & LSHTM Uganda Research Unit, South Sudan Ministry of Health, WHO South Sudan	39	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	487069	498	100,0

**Эпидемиологическое обновление ВОЗ № 170 от 16.08.2024г.**  
**Варианты SARS-CoV-2, представляющие интерес и варианты, находящиеся под наблюдением**  
**Географическое распространение и распространенность**

В течение 28-дневного периода с 24 июня по 21 июля 2024 года в глобальном масштабе через GISAID было распространено 23 060 последовательностей SARS-CoV-2. Для сравнения, за два предыдущих 28-дневных периода было представлено 33 169 и 26 276 последовательностей соответственно. Данные периодически обновляются ретроспективно, чтобы включить последовательности с более ранними датами сбора, поэтому количество заявок за определенный период времени может измениться.

В настоящее время ВОЗ отслеживает несколько вариантов SARS-CoV-2, включая:

- Варианты, представляющие интерес (VOIs): BA.2.86 и JN.1
- Варианты, находящиеся под наблюдением (VUMs): JN.1.7, JN.1.18, KP.2, KP.3, KP.3.1.1 и LB.1

В таблице 5 показано количество стран, сообщивших о VOIs и VUMs, и их распространенность по состоянию с 26-й эпидемиологической недели (24 до 30 июня 2024 года) по 29-ю неделю (с 15 по 21 июля 2024 года). Показатели VOI и VUM, демонстрирующие тенденцию к росту, выделены желтым цветом, те, которые остались стабильными, выделены синим, а те, у кого тенденция к снижению, выделены зеленым цветом.

Во всем мире наиболее часто регистрируемым VOI JN.1 (в настоящее время о нем сообщают 135 стран), на 29-ю неделю на него приходится 25,7% случаев, а на 26-й неделе распространенность снизилась с 30,2% (рисунок 11, таблица 5). Его родительская линия, BA.2.86, продолжает демонстрировать очень низкую распространенность, составляя 0,1-0,2% последовательностей в каждую неделю между 26-й и 29-й неделями (рисунок 10, таблица 5). Последняя оценка риска в JN.1 была опубликована 15 апреля 2024 года, и в ней содержится общая оценка низкого риска для здоровья населения на глобальном уровне, основанная на имеющихся фактических данных.

Все шесть перечисленных VUM являются потомками JN.1. Распространенность KP.3.1.1 и LB.1 растет во всем мире, а KP.3, KP.2, JN.1.7 и JN.1.18 снижается. На KP.3 приходилось 29,4% последовательностей на 29-й неделе по сравнению с 32,8% на 26-й неделе, на KP.2 приходилось 12,8% последовательностей на неделе 29 по сравнению с 15,3% на 26-й неделе, на JN.1.7 приходилось 0,3% последовательностей на 29-й неделе по сравнению с 0,6% на 26-й неделе, на JN.1.18 приходилось 1,1% последовательностей на 29-й неделе по сравнению с 2,1% на 26-й неделе, на LB.1 приходилось 9,3% на 29-й неделе по сравнению с 7,6% на 26-й неделе, а на KP.3.1.1 приходилось 18,6% последовательностей на 29-й неделе по сравнению с 9,4% на 26-й неделе.

Существует неоднородность в количестве последовательностей, разделяемых регионами, и относительных пропорциях вариантов SARS-CoV-2 между регионами и внутри них. Например, KP.3.1.1 за последние 28 дней быстро распространился в Европейском регионе, охватив более 25% последовательностей с 29-й недели. И наоборот, KP.3.1.1 за последние 28 дней редко встречался в регионе Западной части Тихого океана (WPR), что составляет менее 2% последовательностей за этот период. Существуют и другие различия в распространенности в разных регионах, например, на KP.3.1.1 приходится более 35% случаев заражения в Испании за последние 28 дней по сравнению с 16% в Соединенном Королевстве. Кроме того, в то время как в среднем распространность KP.3 выше (48-54%), чем распространность KP.2 (5-15%) в WPR за последние 28 дней, на KP.2 приходится более 45% циркулирующих вариантов за тот же период времени в Сингапуре (с учетом KP.3 составляет 7%), при этом противоположная тенденция наблюдается в Японии, где на KP.3 приходится более 85% циркулирующих вариантов, а на KP.2 - менее 3%.

В связи с тем, что показатели тестирования и определения последовательности заболеваний во всем мире снижаются (рисунок 11), становится все сложнее оценивать степень тяжести новых вариантов SARS-CoV-2. В настоящее время нет лабораторных или эпидемиологических отчетов, указывающих на какую-либо связь между VOIs/VUMs и повышением тяжести заболевания. Как показано на рисунках 10 и 11, низкие и нерепрезентативные уровни эпиднадзора за геномом SARS-CoV2 по-прежнему создают проблемы для адекватной оценки вариантного ландшафта.

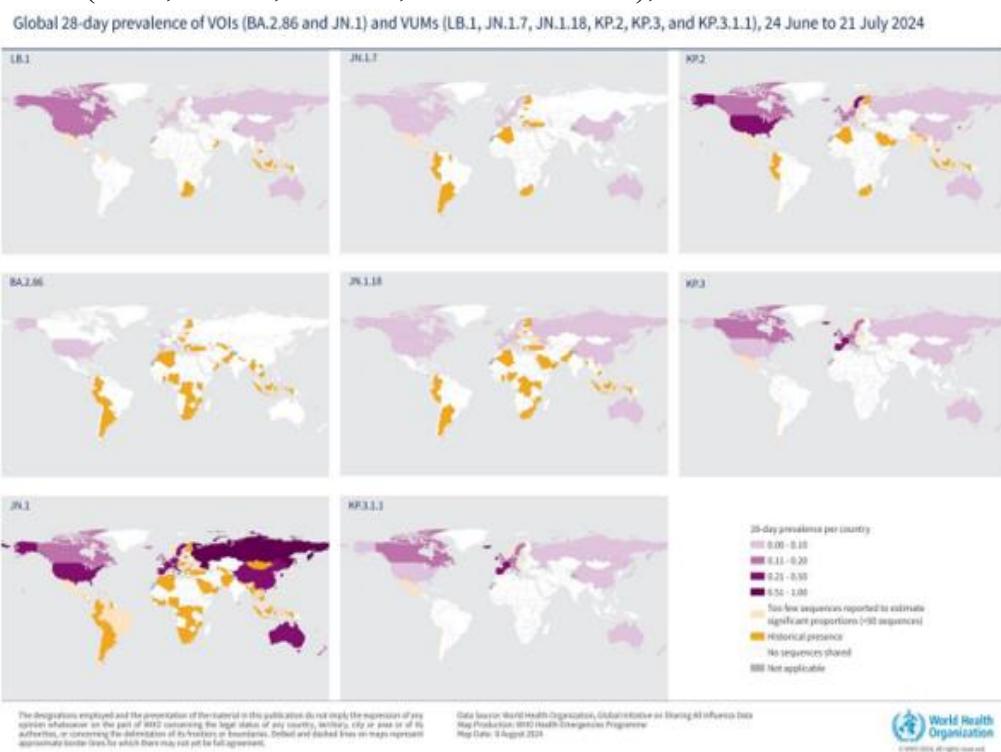
Таблица 5. Еженедельная распространность VOIS и VUMS от SARS-CoV-2 с 26 по 29 неделю 2024 года

Lineage*	Countries§	Sequences§	2024-26	2024-27	2024-28	2024-29
<b>VOIs</b>						
BA.2.86	100	23631	0.2	0.1	0.2	0.1
JN.1	135	238985	30.2	25.7	25.5	25.7
<b>VUMs</b>						
JN.1.7	66	8894	0.6	0.5	0.4	0.3
KP.2	65	15001	15.3	13.8	13.3	12.8
KP.3	54	22719	32.8	34.4	31.6	29.4
KP.3.1.1	34	5028	9.4	13.9	17.2	18.6
JN.1.18	82	4325	2.1	1.3	1.7	1.1
LB.1	54	5314	7.6	8.0	7.7	9.3
Recombinant	142	486904	1.7	2.1	2.2	2.5
Unassigned	58	3781	0.1	0.1	0.0	-
Others	90	12219	0.1	0.1	0.1	0.3

§ Количество стран и последовательностей указано с момента появления вариантов. Однако обратите внимание, что это не относится к рекомбинантным, неназначенным и другим категориям вариантов и действует только с 1 июня 2023 года.

\* Включает в себя наследственные линии, за исключением тех, которые указаны отдельно в другом месте таблицы. Например, JN.1\* не включает JN.1.7, JN.1.18, KP.2, KP.3, KP.3.1.1 и LB.1

Рисунок 10. Глобальная 28-дневная распространенность VOIs (BA.2.86 и JN.1) и VUMs (LB.1, JN.1.7, JN.1.18, KP.3 и KP.3.1.1), с 24 июня по 21 июля 2024 г.\*



\* Отчетный период, учитывающий задержку с представлением очередности в GISAID.

+ Данные о наличии стран в истории указывают на страны, которые ранее сообщали о последовательностях VOIs и VUM, но о них не сообщалось в период с 24 июня по 21 июля 2024 года

Рисунок 11. (А) Количество и (Б) процентная доля последовательностей SARS-CoV-2 за период с 24 июня по 21 июля 2024 г.

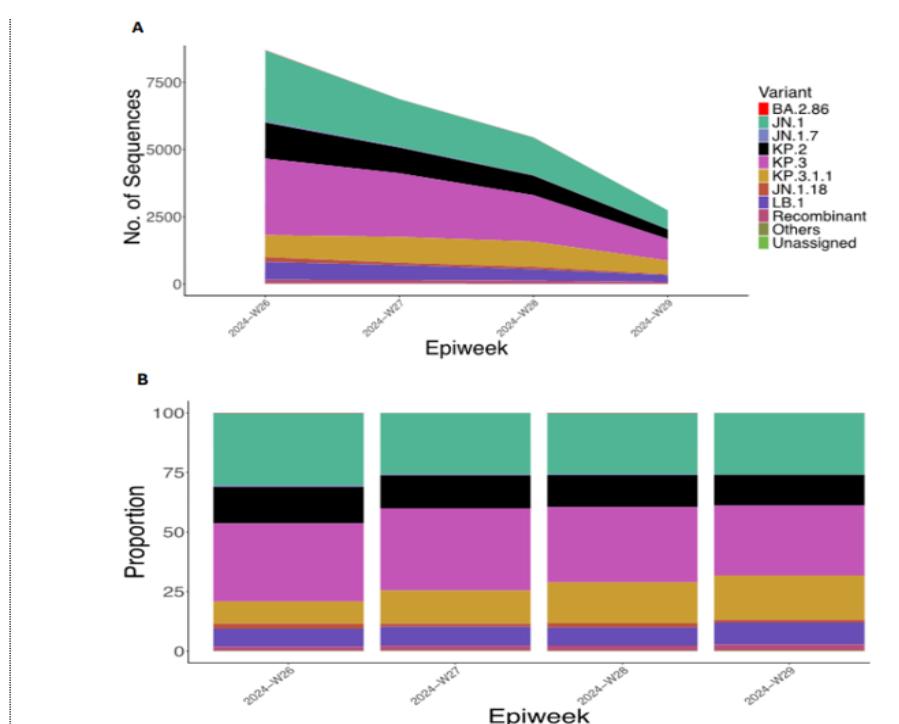


Рисунок 11. На панели А показано количество, а на панели В - процентное соотношение всех имеющихся в обращении вариантов с 24 июня по 21 июля 2024. Показанные здесь варианты включают в себя наследственные линии, за исключением перечисленных здесь родословных. То *Неназначенная* категория включает линии, ожидающие присвоения имени линии PANGO, *Рекомбинантные* включают все неперечислены здесь Рекомбинантные линии SARS-CoV-2, а в *Другую* категорию входят линии, которые указаны, но не перечислены здесь.

Источник: Данные о последовательности SARS-CoV-2 и метаданные из GISAID за период с 24 июня по 21 июля 2024 года, загруженные 3 августа 2024 года.

## Публикации

1. Access Microbiol. 2024 Jul 22;6(7):000716.v3. doi: 10.1099/acmi.0.000716.v3. eCollection 2024.

### **In vitro comparison of viral replication and cytopathology induced by SARS-CoV-2 variants**

Сравнение репликации вируса *in vitro* и цитопатологии, вызванной вариантами SARS-CoV-2

Kruttika S Phadke, Nathaniel B A Higdon, Bryan H Bellaire

С появлением множественных вариантов SARS-CoV-2 сравнение их инфекционности и репликации в общих клеточных линиях поможет четко понять их характерные различия в патогенности. В этом исследовании сравнили цитопатический эффект и репликацию вариантов Wild-Type (USA/WA1), Omicron (B.1.1.529) и Delta (B.1.617.2) на пяти различных клеточных линиях: VeroE6, клетки VeroE6, экспрессирующие высокий эндогенный ACE2, клетки VeroE6, экспрессирующие человеческий ACE2 и TMPRSS2, клетки Calu3, экспрессирующие высокий человеческий ACE2 и клетки A549. Эти данные помогут исследователям в экспериментальном планировании и анализе патогенности вируса, а также обеспечат основу для тестирования любых будущих вариантов.

2. Commun Med (Lond). 2024 Aug 9;4(1):161.

doi: 10.1038/s43856-024-00582-z.

### **A micro-disc-based multiplex method for monitoring emerging SARS-CoV-2 variants using the molecular diagnostic tool Intelli-OVI**

Мультиплексный метод на основе микродисков для мониторинга новых вариантов SARS-CoV-2 с использованием молекулярного диагностического инструмента Intelli-OVI

Md Belal Hossain, Yoshikazu Uchiyama, Samiul Alam Rajib и др.

Авторы разработали новый метод мультиплексного обнаружения ДНК Intelli-OVI для анализа существующих и новых мутаций SARS-CoV-2. Intelli-OVI включает метод на основе микродисков IntelliPlex и вычислительные алгоритмы объективной идентификации вариантов (OVI). Для проверки эффективности метода было проанализировано более 250 положительных образцов SARS-CoV-2, включая образцы сточных вод. IntelliPlex использует микродиски, напечатанные с уникальным графическим рисунком, в качестве коньюгата для маркировки ДНК-зондов, а OVI позволяет одновременно идентифицировать несколько вариантов с использованием многомерных данных, полученных методом IntelliPlex. Важно отметить, что мутации *de novo* можно идентифицировать по уменьшению сигналов, что указывает на возникновение варианта вируса *de novo*, а также на необходимость разработки дополнительных праймеров и зондов. Авторы обновили панель зондов в соответствии с появлением новых вариантов и продемонстрировали, что Intelli-OVI эффективно идентифицировал более 20 различных вариантов SARS-CoV-2, используя 35 различных зондов одновременно. Метод мог точно обнаруживать несколько подвариантов Омикрона и показал потенциал для быстрой адаптации для обнаружения вируса по мере его эволюции. Эта технология может обеспечить непрерывный мониторинг появляющихся вариантов SARS-CoV-2 и возможность перехвата трансмиссии с помощью своевременных вмешательств для предотвращения распространения вируса.

3. Int J Mol Sci. 2024 Jul 23;25(15):8032. doi: 10.3390/ijms25158032.

### **A Comparative Analysis of SARS-CoV-2 Variants of Concern (VOC) Spike Proteins Interacting with hACE2 Enzyme**

Сравнительный анализ спайковых белков вируса SARS-CoV-2, вызывающих обеспокоенность (VOC), взаимодействующих с ферментом hACE2

Jiawei Chen, Lingtao Chen, Heng Quan

В этом исследовании моделирование молекулярной динамики (MD) используется для сравнения поведения SARS-CoV-2 и его вариантов (VOC) — альфа, бета, гамма, дельта и омикрон — с белком hACE2. Структуры белков из банка данных белков (PDB) были выровнены и обрезаны для обеспечения согласованности с помощью Chimera, с акцентом на домене связывания рецептора (RBD), ответственном за взаимодействие ACE2. Моделирование MD было выполнено с использованием визуальной молекулярной динамики (VMD) и наномасштабной молекулярной динамики (NAMD2), а данные о солевых мостиках и водородных связях были извлечены из результатов этих симуляций. Данные, извлеченные из последних 5 нс из 10 нс моделирования, были визуализированы, что дало представление о сравнительной стабильности взаимодействия каждого варианта с ACE2. Кроме того, были рассчитаны, визуализированы и проанализированы электростатика и гидрофобные поверхности белков. Эти комплексные результаты вычислений полезны для открытия лекарств и разработки

будущих вакцин, поскольку они предоставляют информацию о жизненно важных аминокислотах во взаимодействиях белок-белок (PPI). Этот анализ показывает, что варианты Original и Omicron являются двумя наиболее структурно схожими белками. Вариант Gamma образует самое сильное взаимодействие с hACE2 через водородные связи, в то время как Alpha и Delta образуют самые стабильные солевые мостики; в Omicron преобладает положительный потенциал в месте связывания, что позволяет легко привлекать рецептор hACE2; между тем, варианты Original, Beta, Delta и Omicron демонстрируют различные уровни стабильности взаимодействия как через водородные связи, так и через солевые мостики, что указывает на то, что целевые терапевтические агенты могут нарушать эти критические взаимодействия для предотвращения заражения SARS-CoV-2.

4. Wellcome Open Res. 2024 Jul 24:9:85.

doi: 10.12688/wellcomeopenres.20704.2. eCollection 2024.

### **Phylogenetic signatures reveal multilevel selection and fitness costs in SARS-CoV-2**

Филогенетические сигнатуры раскрывают многоуровневый отбор и затраты на приспособленность у SARS-CoV-2

Vinicius Bonetti Franceschi, Erik Volz

Вирусные мутации могут потенциально нести временное преимущество, будучи одновременно благоприятными для репликации внутри хозяев (например, уклонение от иммунных реакций хозяина) и вредными для трансмиссии (например, сниженное связывание с клетками). Для выявления таких мутаций, называемых полиморфизмами приспособленности к передаче (TFP), авторы разработали алгоритм кластеризации под названием mlscluster, который вычисляет статистику на уровне клады на основе количества потомков, времени персистенции и темпов роста клад, несущих определенную мутацию, по сравнению с их непосредственными сестрами без мутации, которые обычно отличаются от ожидаемых при наличии таких TFP. Затем они применили его к репрезентативному дереву временного масштаба SARS-CoV-2 с  $>1$  миллионом полногеномных последовательностей из Англии. Их статистический анализ показал приблизительно постоянные уровни временного отбора по волнам, вызванным очень разными вариантами. Он также показал, что геномные области известной функциональной значимости, такие как шип, нуклеокапсид и ORF3a, были обогащены TFP. Это одно из первых исследований, характеризующих рецидивирующие мутации SARS-CoV-2, потенциально подверженные многоуровневому отбору, предоставляющее эмпирические доказательства существования важных компромиссов в отборе между репликацией внутри хозяина и передачей между хозяевами. Таким образом, оно предоставляет целевые мутации для реалистичного моделирования на основе коалесценции и лабораторных исследований их воздействия и механизмов взаимодействия с клетками человека.