

**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 17 по 23 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 17 по 23 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 23 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 16 916 003 генома вируса SARS-COV-2 (за прошедшую неделю депонировано 12 616 геномных последовательностей, за предыдущий аналогичный период депонировано – 10 940). В мире странами – лидерами по количеству депонированных штаммов SARS-CoV-2 остаются США (5 177 249 геномов – 30,6% от всех размещенных в GISAID) и Великобритания (3 167 562 генома – 18,7%).

Всего в базу данных GISAID депонировано 9 396 497 геномов варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 12 477 геномных последовательностей –

98,9% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 97,7%). Российскими лабораториями размещено 88 979 геномов вируса SARS-CoV-2, в том числе варианта Omicron – 56 549 геномных последовательностей.

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 46 стран (21,4%) (за предыдущие – 45 стран (20,9%)) депонировали новые геномные последовательности Omicron в GISAID.

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).

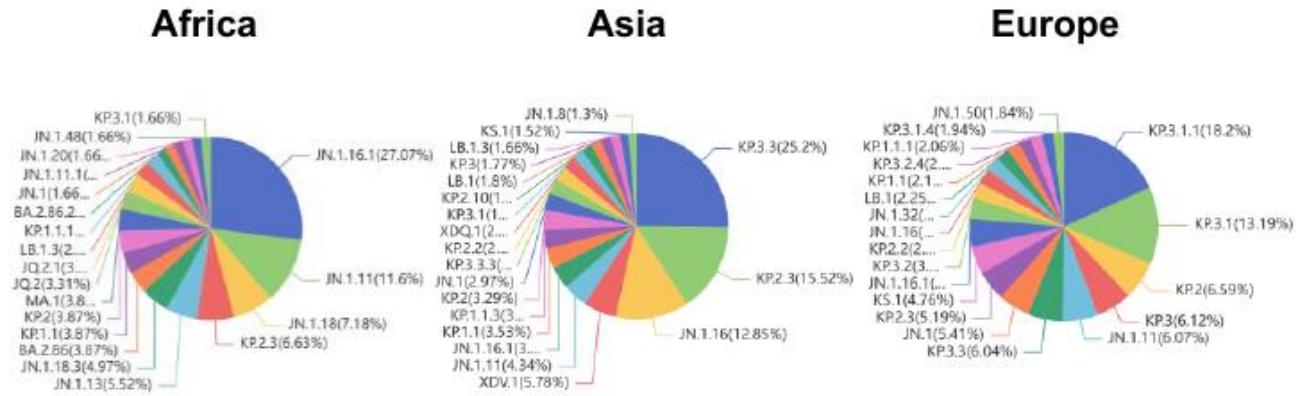


Рисунок 1 Распространение субвариантов Omicron в регионах – Африканском, Юго-Восточной Азии и Европейском (по состоянию на 5 августа 2024 г.)

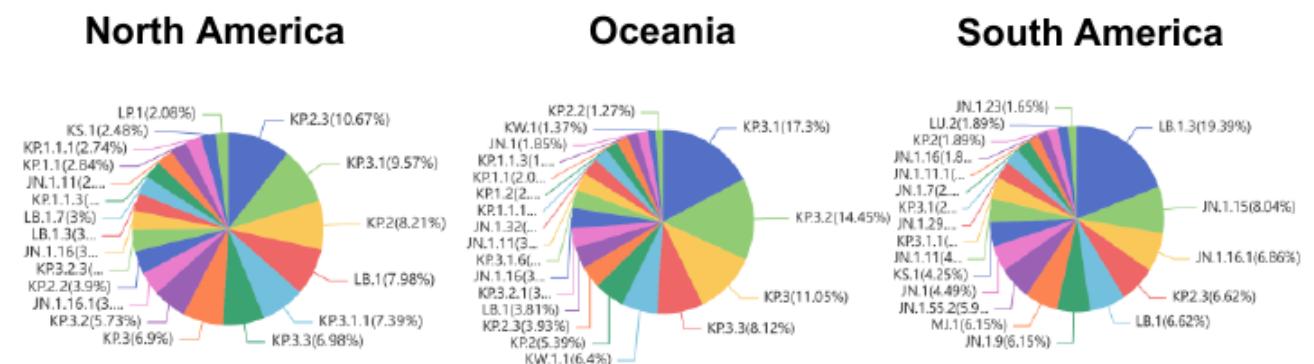


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в регионах – Северной и Южной Америки и Тихоокеанском (по состоянию на 5 августа 2024 г.)

По данным GISAID EpiCoV на текущий момент в мире лидирующими геновариантами SARS-CoV-2 являются: KP.3.1.1, JN.1, KP.2.3, KP.3.1, LB.1 (рис. 3).

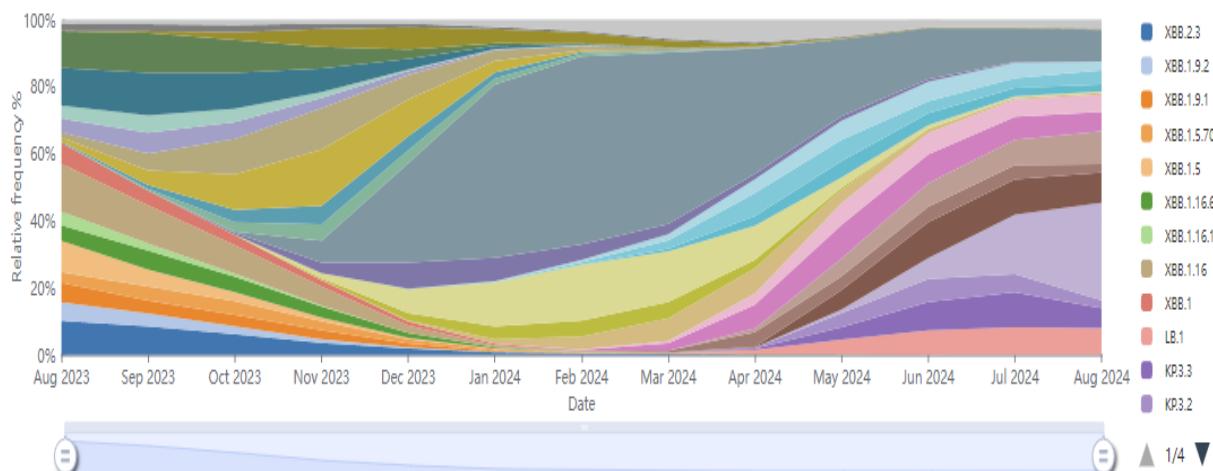


Рисунок 3. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 23 августа 2024 г.)

### **Варианты, вызывающие интерес (VOI)**

По состоянию на 23 августа 2024 г. распространение субварианта BA.2.86 оценивается на уровне 0,2 %. В базу данных GISAID EpiCoV последовательности, относящиеся к BA.2.86 (Pirola) за последние 4 недели депонированы 24 геномные последовательности из 6 стран (США, Испания, Нидерланды, ЮАР, Италия, Эквадор).

Геномные последовательности субварианта JN.1 представлены из 141 страны, распространенность составила 21 %. В базу данных GISAID за последние 4 недели всего депонировано 12 661 геномные последовательности из 45 стран (преимущественно из США, Канады, Великобритании, Японии, Испании).

### **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 (5 111 последовательностей). Распространенность в мире составила 1%.

Субвариант KP.2 циркулирует, как минимум, в 81 стране, депонировано 22 321 геном. За последние 4 недели распространенность субварианта зарегистрирована в Непале на уровне 32,9%, Камбодже – 20,7%, Сингапуре – 16,4%, Индии – 12,2%, США – 3,2%, Малайзии – 3,2%.

Субвариант KP.3 (FLuQE) секвенирован лабораториями 62 стран. За последние 4 недели распространенность штамма в Португалии составляет 63,0%, Дании – 60,6%, Испании – 49,6%, Нидерландах – 47,2%, Японии – 42,4%, Великобритании – 37,5%, Австралии – 32,1%, Канаде – 31,3%, Франции – 31,1%, США 16,8%.

Геномные последовательности субварианта KP.3.1.1 размещены из 46 стран (13 816 геномов), преимущественно из США, Канады, Испании, Великобритании и Нидерландов (Рис. 5).

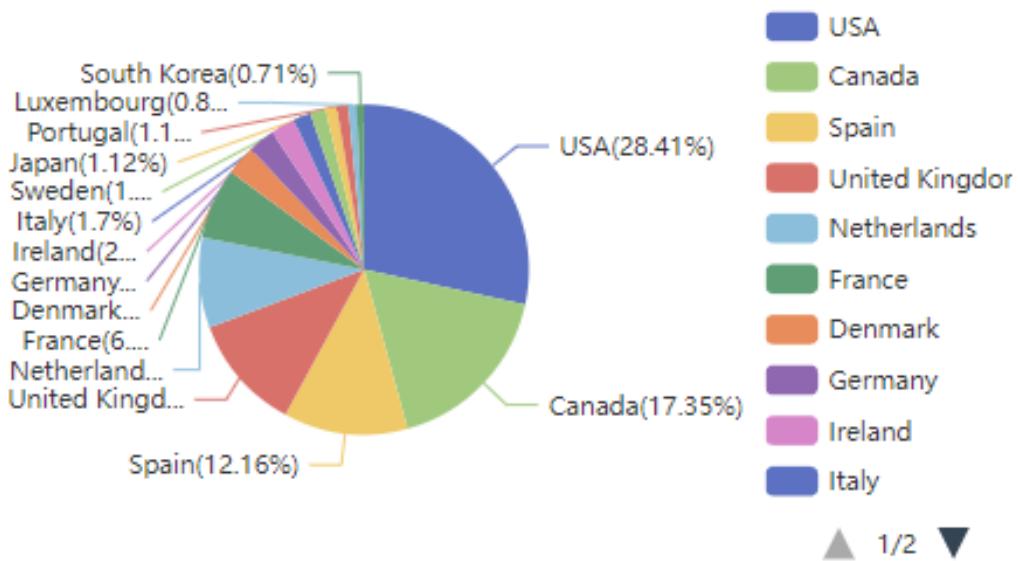


Рисунок 5 Страны с наибольшим депонированием последовательностей субварианта KP.3.1.1 (по состоянию на 23 августа 2024г.)

В базе GISAID депонировано 9 132 последовательности субварианта LB.1, как минимум, из 64 стран. За последние 4 недели распространенность субварианта зарегистрирована в США на уровне 14,1%, Швеции – 10,6%, Канаде – 10,3%.

Информация по обновленным данным о депонированных геномах вируса SARS-CoV-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 (26.07. – 23.08.2024 г.)	Процент геномов, относящихся к варианту Omicron (B.1.1.529), депонированных за последние 4 недели
Австралия (рост заболеваемости)	NSW Health Pathology – Institute of Clinical Pathology and Medical Research; Westmead Hospital; University of Sydney	182165	87	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	1092	0	0,0
Алжир (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	889	0	0,0
Американские Виргинские острова (стабилизация заболеваемости)	UW Virology Lab	1451	0	0,0
Американское Самоа (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	157	0	0,0
Ангилья (стабилизация)	Carrington Lab, Department of PreClinical	54	0	0,0

заболеваемости)	Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies			
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	10587	0	0,0
Армения (стабилизация заболеваемости)	Institute of Molecular Biology NAS RA, Republic of Armenia, Department of Bioengineering, Bioinformatics Institute and Molecular Biology IBMPh RAU, Republic of Armenia	17	0	0,0
Аруба (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	1060	0	0,0
Афганистан (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Lab	22	0	0,0
Багамские острова (стабилизация заболеваемости)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	109	0	0,0
Бангладеш (стабилизация заболеваемости)	Child Health Research Foundation	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	321	5	100,0
Бахрейн (стабилизация	Communicable Disease Laboratory, Public Health	7501	0	0,0

заболеваемости)	Directorate			
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	100188	14	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)	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	128871	13	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 (стабилизация заболеваемости)	COVID–19 Genomics UK (COG–UK) Consortium. Wellcome Sanger Institute for the COVID–19 Genomics UK (COG–UK) consortium.	1539134	907	100,0
Венгрия (стабилизация заболеваемости)	National Laboratory of Virology, Szentágothai Research Centre	677	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	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	2465	0	0,0

	Infectious Pathogens(WACCBIP), University of Ghana			
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	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 (рост заболеваемости)	Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie. Institute of infectious medicine & hospital hygiene, CaSe–Group.	586016	142	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	318	0	0,0
Гонконг (стабилизация заболеваемости)	Hong Kong Department of Health	16391	36	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)	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.	2665	11	100,0
Гуам (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	546	0	0,0
Дания (стабилизация)	Albertsen lab, Department of Chemistry and	390954	322	100,0

заболеваемости)	Bioscience, Aalborg University. Department of Virus and Microbiological Special Diagnostics, Statens Serum Institut.			
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	2824	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	122495	217	99,1
Индия (стабилизация заболеваемости)	Department of Neurovirology, National Institute of Mental Health and Neurosciences(NIMHANS).CSIR–Centre for Cellular and Molecular Biology	148455	17	100,0
Индонезия (стабилизация	National Institute of Health Research and	41311	0	0,0

заболеваемости)	Development			
Иордания (стабилизация заболеваемости)	Andersen lab at Scripps Research, CA, USA	312	19	100,0
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	64431	132	100,0
Исландия (стабилизация заболеваемости)	Landspitali Department of Clinical Microbiology	12011	12	100,0
Испания (стабилизация заболеваемости)	Hospital Universitario 12 de Octubre	161966	482	100,0
Италия (стабилизация заболеваемости)	Army Medical Center, Scientific Department, Virology Laboratory	100742	140	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	2149	1	100,0
Камерун (стабилизация заболеваемости)	CREMER(Centre de Recherches sur les Maladies Emergentes et Ré–émergentes)	1364	0	0,0
Канада (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de santé publique du Québec	382664	2488	100,0
Каймановы острова	Cayman Islands Molecular Biology Laboratory	286	0	0,0
Катар (стабилизация заболеваемости)	Biomedical Research Center(BRC), Qatar University / Qatar Genome Project(QGP)	1718	0	0,0

Кения (стабилизация заболеваемости)	KEMRI–Wellcome Trust Research Programme/KEMRI–CGMR–C Kilifi	6304	0	0,0
Кипр (стабилизация заболеваемости)	Department of Molecular Virology, Cyprus Institute of Neurology and Genetics	4425	0	0,0
Китай (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Viral Disease Control and Prevention	81217	138	100,0
Колумбия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Salud– Dirección de Investigación en Salud Pública	16171	3	100,0
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)	1339	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 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)	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	36141	13	100,0
Малави (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform	283	0	0,0
Мали	Northwestern University – Center for Pathogen	160	0	0,0

заболеваемости)	Genomics and Microbial Evolution			
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	1740	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	3	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 Communication Disease (NCCD) National Influenza Center	1069	0	0,0
Монтсеррат (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of Preclinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies	12	0	0,0
Мьянма (стабилизация заболеваемости)	DSMRC	191	0	0,0
Намибия (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Communicable Diseases of the National Health Laboratory Service	877	0	0,0
Непал (стабилизация	Molecular and Genomics Research Lab, Dhulikhel	1367	2	100,0

заболеваемости)	Hospital, Kathmandu University Hospital School of Public Health, The University of Hong Kong			
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)	87507	130	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	0	0,0
Новая Каледония (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de Microbiologie Centre Hospitalier Territorial de Nouvelle-Calédonie	103	1	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	Biochemistry and Molecular Biology Department–	117	0	0,0

заболеваемости)	Faculty of Medicine, Al-Quds University			
Панама (стабилизация заболеваемости)	Gorgas memorial Institute For Health Studies	3361	1	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	40082	0	0,0
Польша (стабилизация заболеваемости)	genXone SA, Research & Development Laboratory	47343	12	100,0
Португалия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Saude(INSA)	25293	42	100,0
Пуэрто Рико (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	21772	0	0,0
Республика Вануату (стабилизация заболеваемости)	Microbiological Diagnostic Unit - Public Health Laboratory (MDU-PHL)	100	0	0,0
Республика Джибути (стабилизация заболеваемости)	Naval Medical Research Center Biological Defense Research 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	Virology Unit, Institut Pasteur de Madagascar	57	0	0,0

(стабилизация заболеваемости)				
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	672	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	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 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.	56457	43	100,0
Руанда (стабилизация заболеваемости)	GIGA Medical Genomics	205	0	0,0
Румыния (стабилизация	National Institute of Infectious Diseases–Prof. Dr.	12396	0	0,0

заболеваемости)	Matei Bals Molecular Diagnostics Laboratory			
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	2096	0	0,0
Сейшельы (стабилизация заболеваемости)	KEMRI– Wellcome Trust Research Programme, Kilifi	619	0	0,0
Сенегал (стабилизация заболеваемости)	IRESSEF GENOMICS LAB	1887	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	122	100,0
Сен-Мартин (стабилизация заболеваемости)	Institut Pasteur	303	0	0,0
Синт–Мартен	National Institute for Public Health and the	934	4	100,0

(стабилизация заболеваемости)	Environment(RIVM)			
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	38091	62	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.	2754422	6116	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	1	100,0
Тайвань (стабилизация заболеваемости)	Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision Medicine	5338	41	100,0
Танзания (стабилизация)	Jiaxing Center for Disease Control and Prevention	11	0	0,0

заболеваемости)				
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	1	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”	6875	14	100,0
Узбекистан (стабилизация заболеваемости)	Center for Advanced Technologies	119	3	100,0
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	16438	2	100,0
Финляндия (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Faculty of Medicine, University of Helsinki	26595	0	0,0
Франция (снижение заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	412624	106	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	26183	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 (снижение заболеваемости)	Instituto de Salud Publica de Chile	29359	0	0,0
Швейцария (стабилизация заболеваемости)	Department of Biosystems Science and Engineering, ETH Zürich.	58768	40	100,0
Швеция (стабилизация заболеваемости)	The Public Health Agency of Sweden	132976	409	100,0
Шри-Ланка (стабилизация	Centre for Dengue Research and AICBU,	1192	0	0,0

заболеваемости)	Department of Immunology and Molecular Medicine			
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 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	297	0	0,0
ЮАР (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform.	28475	5	100,0
Южная Корея (стабилизация заболеваемости)	Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency	166223	31	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	488583	648	100,0

## Публикации

1. Proc Natl Acad Sci U S A. 2024 Aug 6;121(32):e2310917121. doi: 10.1073/pnas.2310917121. Epub 2024 Jul 30.

### **Antigenic cartography using variant-specific hamster sera reveals substantial antigenic variation among Omicron subvariants**

Антигенная картография с использованием сывороток хомяков, специфичных к вариантам, выявляет существенные антигенные различия среди подвариантов Омикрона

Barbara Mühlemann, Jakob Trimpert, Felix Walper, Marie L Schmidt, Jenny Jansen, Simon Schroeder, Lara M Jeworowski, Jörn Beheim-Schwarzbach, Tobias Bleicker, Daniela Niemeyer, Anja Richter, Julia M Adler, Ricardo Martin Vidal, Christine Langner, Daria Vladimirova, Samuel H Wilks, Derek J Smith, Mathias Voß, Lea Paltzow, Christina Martínez Christophersen, Ruben Rose, Andi Krumbholz, Terry C Jones, Victor M Corman, Christian Drosten

Тяжелый острый респираторный синдром Коронавирус 2 (SARS-CoV-2) развил значительную антигенную изменчивость. Поскольку у большинства населения теперь есть уже существующий иммунитет из-за инфекции или вакцинации, использование экспериментально созданных иммунных сывороток животных может быть ценным для измерения антигенных различий между вариантами вируса. Здесь мы иммунизировали сирийских хомяков двумя последовательными инфекциями одним из девяти вариантов SARS-CoV-2. Их сыворотки титровали против 16 вариантов SARS-CoV-2, и полученные титры визуализировали с помощью антигенной картографии. Антигенная карта показывает конденсированный кластер, содержащий все преомикронные варианты (D614G, Alpha, Delta, Beta, Mu и сконструированный вариант B.1+E484K) и значительно большее разнообразие среди выбранной панели субвариантов омикрон (BA.1, BA.2, BA.4/BA.5, потомки BA.5 BF.7 и BQ.1.18, потомок BA.2.75 BN.1.3.1, рекомбинанты, полученные из BA.2 XBB.2 и EG.5.1, и потомок BA.2.86 JN.1). Некоторые субварианты омикрон были столь же антигенно отличны друг от друга, как дикий тип от варианта омикрон BA.1. По сравнению с титрами, измеренными в сыворотке человека, титры в сыворотке хомяка имеют большую величину, показывают меньшую кратность изменения и приводят к более компактной топологии антигенной карты. Результаты подчеркивают потенциал сыворотки хомяков для дальнейшей антигенной характеристики SARS-CoV-2.

2. Lett Appl Microbiol. 2024 Aug 5;77(8):ovae074. doi: 10.1093/lambio/ovae074.  
**The nuts and bolts of recombination in the generation of SARS-CoV-2 variants; from XA to XBB**

Основы рекомбинации в генерации вариантов SARS-CoV-2: от XA до XBB

Bardia Karim, Mohammad Barary, Zahra Fereydouni, Elaheh Sanjari, Rezvan Hosseinzadeh, Mostafa Salehi-Vaziri, Ali Maleki

С момента появления тяжелого острого респираторного синдрома коронавируса 2 (SARS-CoV-2) появились новые варианты с повышенной трансмиссивностью и патогенностью. Всемирная организация здравоохранения обозначила пять таких вариантов — Альфа (B.1.1.7), Бета (B.1.351), Гамма (P.1), Дельта (B.1.617.2) и Омикрон (B.1.1.529) — как варианты, вызывающие беспокойство. Каждый вариант демонстрирует отличительные характеристики, причем многие из них демонстрируют комбинацию точечных мутаций и вставок/делеций (инделей). Эти генетические изменения, включая мутации, рекомбинации и перестройки, способствуют появлению новых штаммов, которые могут демонстрировать измененные фенотипы. Однако идентификация рекомбинантных форм может быть сложной из-за их сходства с другими линиями. Крайне важно отслеживать эволюцию новых рекомбинантных вариантов, особенно в свете потенциала штаммов, устойчивых к вакцинам, и их ускоренного распространения. Рекомбинация сыграла ключевую роль в развитии некоторых вариантов SARS-CoV-2, таких как XA, XD, XF, XE и XBB, среди прочих. В этом отчете рассматривается значение рекомбинации в эволюции вариантов SARS-CoV-2, особенно сублиний Омикрон, подчеркивая необходимость постоянного наблюдения за геномом SARS-CoV-2 для выявления вновь возникших рекомбинантных вариантов.

3. Microbiol Spectr. 2024 Aug 6;12(8):e0429223. doi: 10.1128/spectrum.04292-23. Epub 2024 Jun 25.

**Sensitivity analysis of RT-qPCR and RT-ddPCR for SARS-CoV-2 detection with mutations on N1 and E primer-probe region**

Анализ чувствительности ОТ-кПЦР и ОТ-кдПЦР для обнаружения SARS-CoV-2 с мутациями в области праймера-зонда N1 и E

Shiyou Liu, Xiaoru Chai, Chao Liu, Jiaxuan Bai, Juntao Meng, Hong Tian, Xu Han, Guangyue Han, Qi Li, Xiangdong Xu

Коронавирус тяжелого острого респираторного синдрома 2 (SARS-CoV-2) — это РНК-вирус, который быстро мутирует. На основе анализа полного геномного секвенирования вируса в провинции Хэбэй, Китай, мы идентифицировали несколько существенных однонуклеотидных вариантов (SNV) в областях праймера-зонда, накапливающихся в геномах некоторых вариантов Omicron. В этом исследовании мы сосредоточились на трех SNV, C28290T, T28297C и C28311T, появляющихся в областях праймера-зонда 2019-nCoV-N1 (CDC-N1), рекомендованных CDC в 2020 году, и двух SNV, C26270T, A26275G, появляющихся в областях праймера-зонда E (Charité-E), рекомендованных Charité, Германия. Наши результаты показали, что присутствие одного или двух SNV в области праймера или зонда в разной степени влияет на чувствительность обратной транскрипции - количественной полимеразной цепной реакции и капельной цифровой ПЦР. Это открытие подчеркивает важность постоянного мониторинга полных геномных последовательностей вариантов SARS-CoV-2, особенно областей нацеливания праймера-зонда, и соответствующего обновления коммерческих тест-наборов или рекомендуемых наборов последовательностей праймера-зонда.

**Важность:** Появление новых вариантов тяжелого острого респираторного синдрома коронавируса 2 (SARS-CoV-2) привело к росту числа мутаций в его геноме, что создает новые проблемы для диагностики SARS-CoV-2 с использованием методов обратной транскрипции - количественной полимеразной цепной реакции (RT-qPCR) и капельной цифровой ПЦР (RT-ddPCR). Существует острая необходимость в разработке усовершенствованных методов модификации праймеров и зондов для улучшения обнаружения этих новых вариантов. В этом исследовании мы сосредоточились на SNV, которые появились в областях праймера-зонда CDC-N1 и Charité-E. Наши исследования подтвердили, что присутствие этих SNV в области праймера или зонда может существенно повлиять на результаты тестов на коронавирусную болезнь 2019 года. Мы разработали и проверили модифицированный метод обнаружения, который может обеспечить более высокую чувствительность и специфичность. В этом исследовании подчеркивается важность совершенствования наборов праймеров и зондов для обеспечения диагностической точности обнаружения методами ОТ-кПЦР и ОТ-дкПЦР.

4. J.Mol. Graphic Model 2024 September:131:108813. doi: 10.1016/j.jmgm.2024.108813. Epub 2024, June 13.

**The effect of mutations in the SARS -CoV -2 recombinant subvariant XBB.1.16 on the affinity of binding to the human ACE2 receptor**

# Влияние мутаций в SARS -CoV -2 в рекомбинантном подварианте XBB.1.16 на сродство связывания с рецептором ACE2 человека

Sayedha Sumaya Tariq, Komal Zia, Mohammad Nur-I-Alam, Dmitry Nerukh, Vladimir S. Farafonov, Zahir Ul-Haq

Несмотря на ослабление угрозы пандемии COVID-19, ее пагубное воздействие на глобальное здравоохранение сохраняется. Независимо от естественного иммунитета или иммунитета, полученного в результате вакцинации, новые варианты вируса продолжают подвергаться мутациям и распространяться по всему миру. Устойчивые мутации в SARS -CoV-2, наряду с последующим образованием рекомбинантных подвариантов, стали проблемой для исследователей и медицинских работников, вызывая опасения по поводу эффективности существующих вакцин. Получение лучшего понимания биохимических взаимодействий между спайковым белком (RBD) вариантов SARS-CoV-2 и рецептором ACE2 человека может оказаться полезным при разработке противовирусных препаратов, которые одинаково эффективны против всех штаммов и новых вариантов. Нашей целью в этом исследовании было изучить характер межфазного связывания комплекса SARS-CoV-2 RBD-ACE2 дикого типа (WT), Омикрона и Омикронового рекомбинантного подварианта XBB.1.16. Мы стремились изучить факторы атомарного уровня и проследить, как мутации влияют на взаимодействие между вирусом и его хозяином, используя моделирование молекулярной динамики, расчеты энергии MM / GBSA и анализ основных компонентов. Наши результаты показывают более высокую степень структурных отклонений и гибкости в XBB.1.16 по сравнению с WT и Омикроном. PCA указал на более широкий кластер и значительную гибкость в движениях XBB.1.16, которые также могут наблюдаться в ландшафтах свободной энергии, в то время как анализ в обычном режиме выявил сходящиеся движения внутри комплексов RBD-ACE2, которые могут облегчить взаимодействие между ними. В случае XBB.1.16 наблюдалась картина снижения сродства к связыванию по сравнению с WT и Омикроном. Эти наблюдаемые отклонения в XBB.1.16 по сравнению с его родительской линией Omicron и WT могут быть отнесены к специфичным для него мутациям. В совокупности эти результаты улучшают наше понимание влияния мутаций на взаимодействие между этим штаммом и хозяином, приближая нас на один шаг к разработке эффективных противовирусных препаратов против постоянно мутирующих штаммов.

5. *Evol Bioinform Online*. 2024 Aug 14:20:11769343241272415.  
doi: 10.1177/11769343241272415. eCollection 2024.

### **Recombination Events Among SARS-CoV-2 Omicron Subvariants: Impact on Spike Interaction With ACE2 Receptor and Neutralizing Antibodies**

События рекомбинации среди субвариантов омикрон SARS-CoV-2: влияние на взаимодействие шипов с рецептором ACE2 и нейтрализующими антителами

Marwa Arbi, Marwa Khedhiri, Kaouther Ayouni и др.

Возникновение рекомбинации было впервые изучено на 44 230 последовательностях омикрон среди субвариантов BQ и исследуемых последовательностей, обозначенных как «ML» (Multiple Lineages), с использованием программного обеспечения Зseq. Влияние рекомбинации на взаимодействие между белком Spike и рецептором ACE2, а также нейтрализующими антителами (nAbs) было проанализировано с помощью инструментов стыковки. Рекомбинация была обнаружена в 56,91% и 82,20% штаммов BQ и ML соответственно. Она имела место в основном в генах spike и ORF1a. Для рекомбинантных штаммов BQ анализ стыковки показал, что spike сильно взаимодействовал с ACE2 и слабо с nAbs. Мутации S373P, S375F и T376A образуют сеть остатков, которая усиливает взаимодействие RBD с ACE2. Тринадцать мутаций в RBD (S373P, S375F, T376A, D405N, R408S, K417N, N440K, S477N, P494S, Q498R, N501Y и Y505H) и NTD (Y240H), по-видимому, участвуют в иммунном уклонении рекомбинантов путем изменения взаимодействия шипов с nAbs. Таким образом, это исследование "in silico" продемонстрировало, что механизм рекомбинации часто встречается среди вариантов Omicron BQ и ML. В нем освещаются новые ключевые мутации, которые потенциально могут быть вовлечены в усиление связывания спайков с ACE2 (F376A) и ускользание от nAbs (RBD: F376A, D405N, R408S, N440K, S477N, P494S и Y505H; NTD: Y240H). Эти результаты представляют собой значительную информацию для разработки эффективных профилактических и терапевтических стратегий против будущих волн SARS-CoV-2.

6. *Genome Biol*. 2024 Aug 22;25(1):228. doi: 10.1186/s13059-024-03355-y.

### **Real-time identification of epistatic interactions in SARS-CoV-2 from large genome collections**

Идентификация эпистатических взаимодействий в режиме реального времени у SARS-CoV-2 из больших коллекций геномов

Gabriel Innocenti, Maureen Obara, Bibiana Costa и др.

Появление варианта Омикрон подчеркнуло роль эпистаза в эволюции линий с более высокой инфекционностью и иммунным ускользанием, и, следовательно, необходимость обновления систем наблюдения для их раннего обнаружения. В этом исследовании применен метод, основанный на взаимной информации между позициями в множественном выравнивании последовательностей, который способен масштабироваться до миллионов образцов. Показано, как он может надежно предсказывать известные экспериментально подтвержденные эпистатические взаимодействия, даже при использовании всего лишь 10 000 последовательностей, что открывает возможность сделать его системой прогнозирования, работающей почти в реальном времени. Проверена эта возможность, с модификацией метода для учета даты сбора образцов и ретроспективным применением его к нескольким выравниваниям последовательностей для каждого месяца с марта 2020 года по март 2023 года. Обнаружено ключевое эпистатическое взаимодействие в белке Spike между кодонами 498 и 501, как только в наборе данных появились семь образцов с двойной мутацией, что тем самым продемонстрировало чувствительность метода. Показано, как известные эпистатические взаимодействия у SARS-CoV-2 могут быть обнаружены с высокой чувствительностью, и как возникающие взаимодействия могут быть быстро расставлены по приоритетам для экспериментальной проверки, подход, который может быть реализован для секвенирования пандемического генома.