

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

Распространение вариантов вируса SARS-COV-2, вызывающих интерес (VOI) и находящихся под наблюдением (VUM), на основе количества их геномов, депонированных в базу данных GISAID за неделю с 14 по 20 сентября 2024 г.

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

В обзоре представлена информация по циркулирующим в настоящее время вариантам вируса SARS-COV-2 Omicron вызывающих интерес (VOI) и находящихся под наблюдением (VUM), геномные последовательности которых размещены в международной базе данных GISAID за неделю с 14 по 20 сентября 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 20 сентября 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 16 955 310 геномов вируса SARS-COV-2 (за прошедшую неделю депонировано 13 641 геномная последовательность, за предыдущий аналогичный период депонировано – 12 312). В мире странами – лидерами по количеству депонированных штаммов SARS-CoV-2 остаются США (5 192 220 геномов – 30,6% от всех размещенных в GISAID) и Великобритания (3 169 115 геномов – 18,7%).

Всего в базу данных GISAID депонировано 9 488 457 геномов варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 14 927 геномные последовательности –

98,6% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 98,7 %). Российскими лабораториями размещено 89 076 геномов вируса SARS-COV-2, в том числе варианта Omicron – 56 643 геномных последовательностей; за последнюю неделю добавилось 94 генома варианта Omicron.

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, Гваделупа, Гватемала, Гвинея, Германия, Гибралтар, Гондурас, Гонконг, Гренада, Греция, Грузия, Гуам, Габон, Дания, Джибути, Доминиканская Республика, Доминика, ДРК, Демократическая Республика Восточный Тимор, Демократическая Республика Сан-Томе и Принсипи, Египет, Замбия, Зимбабве, Израиль, Индия, Индонезия, Иордания, Ирак, Иран, Ирландия, Исландия, Испания, Италия, Кабо-Верде, Казахстан, Каймановы Острова, Камбоджа, Камерун, Канада, Катар, Кения, Кипр, Китай, Кирибати, Колумбия, Косово, Коста-Рика, Кот-д'Ивуар, Куба, Кувейт, Кыргызстан, Кюрасао, Лаос, Латвия, Либерия, Ливан, Ливия, Лихтенштейн, Литва, Лесото (Королевство Лесото), Люксембург, Мадагаскар, Маврикий, Мавритания, Макао, Малави, Малайзия, Мальдивы, Мальта, Мали, Марокко, Мартиника, Маршалловы Острова, Майотта, Мексика, Мозамбик, Молдова, Монако, Монголия, Монтсеррат, Мьянма, Микронезия, Намибия, Нидерланды, Нигер, Нигерия, Непал, Независимое государство Самоа, Ниуэ, Норвегия, Новая Зеландия, Новая Каледония, 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, 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 18 стран (8,4%) (за предыдущие – 41 стран (21,4%)) депонировали новые геномные последовательности Omicron в GISAID.

Динамика распространения в мире субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID с 5 июня по 3 сентября 2024 г. представлена на рисунках 1 и 2. В странах Африки доминировали субварианты JN.1.16.1, KP.2.3 и

варианты, которые не определены (13,58 %), в регионе Юго-Восточной Азии – КР.3.3, КР.3.33, JN.1.16, в Европейском регионе – КР.3.3, КР.3.1, КР.2 (рис 1). В регионе Северной Америки среди циркулирующих субвариантов Omicron преобладали КР.2.3, КР.3.1, КР.3.1.1, в Западно-Тихоокеанском регионе – КР.3.1, КР.3.2, КР.3, КР.3.3, в Южной Америке – LB.1.3, JN.1.15, JN.1.16.1, КР.2.3, LB.1 (рис. 2).

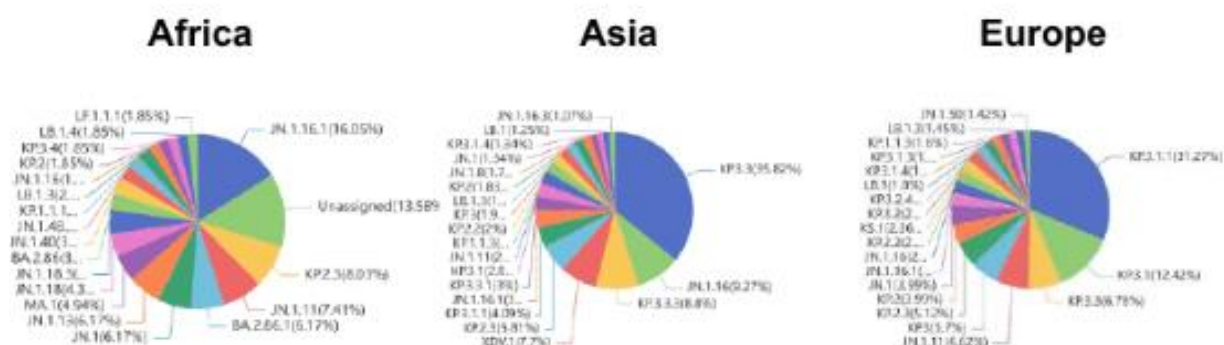


Рисунок 1 Распространение субвариантов Omicron в регионах – Африканском, Юго-Восточной Азии и Европейском (по состоянию на 03 сентября 2024 г.)

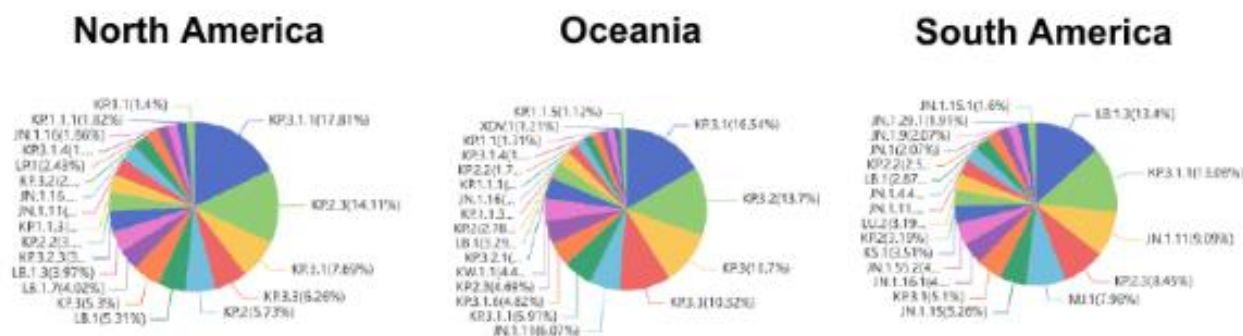


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в регионах – Северной и Южной Америки и Тихоокеанском (по состоянию на 03 сентября 2024 г.)

По данным GISAID EpiCoV на сегодняшний день в мире лидирующими геновариантами SARS-CoV-2 являются: KP.3.1.1, JN.1, KP.3.3, KP.3.1, LB.1 (рис. 3).

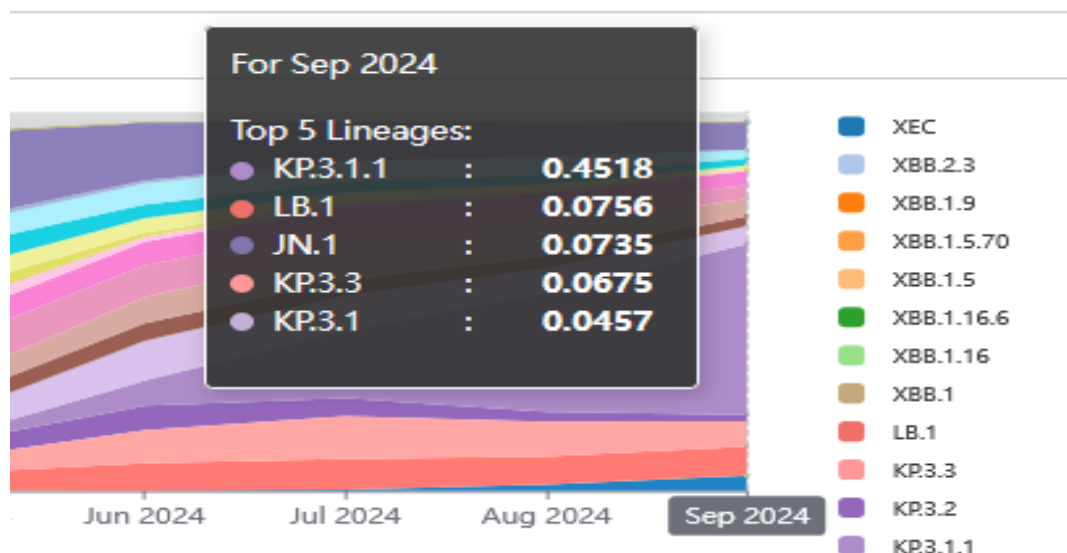


Рисунок 3. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 20 сентября 2024 г.)

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

По состоянию на 20 сентября 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 21 геномная последовательность из 6 стран (США, Испания, Германия, 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 10 831 геномная последовательность из 40 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 (Рис. 4).

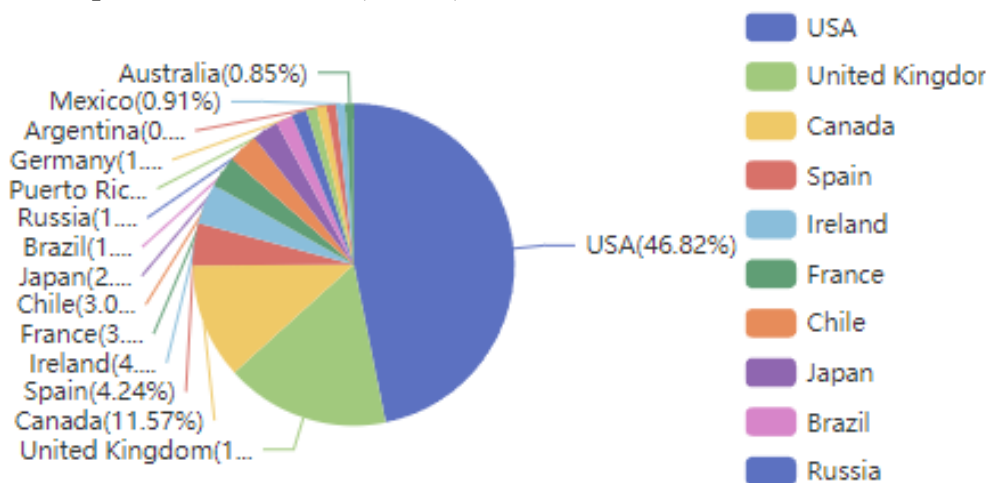


Рисунок 4. Страны с наибольшим депонированием последовательностей субварианта JN.1.7 (по состоянию на 20 сентября 2024г.)

Субвариант JN.1.18 секвенирован в лабораториях 83 стран (5 317 последовательностей). Распространенность в мире – 1%.

Субвариант KP.2 циркулирует, как минимум, в 82 странах. За последние 4 недели распространенность субварианта зарегистрирована в Индии на уровне 20,6%, Эквадоре – 12,9%, Малайзии – 8,6%, Таиланде – 7,9%, Великобритании – 6,7%, Канаде – 4,4%, США – 3,2%.

Субвариант KP.3 (FLuQE) секвенирован лабораториями 64 стран. За последние 4 недели распространенность штамма в Японии составляет 89%, Испании – 88%, Великобритании – 63%, Канаде – 57%, Швеции – 53%, США 16,8%.

Геномные последовательности субварианта KP.3.1.1 размещены из 47 стран, преимущественно из США, Канады, Великобритании, Франции, Испании, и Нидерландов (Рис. 5).

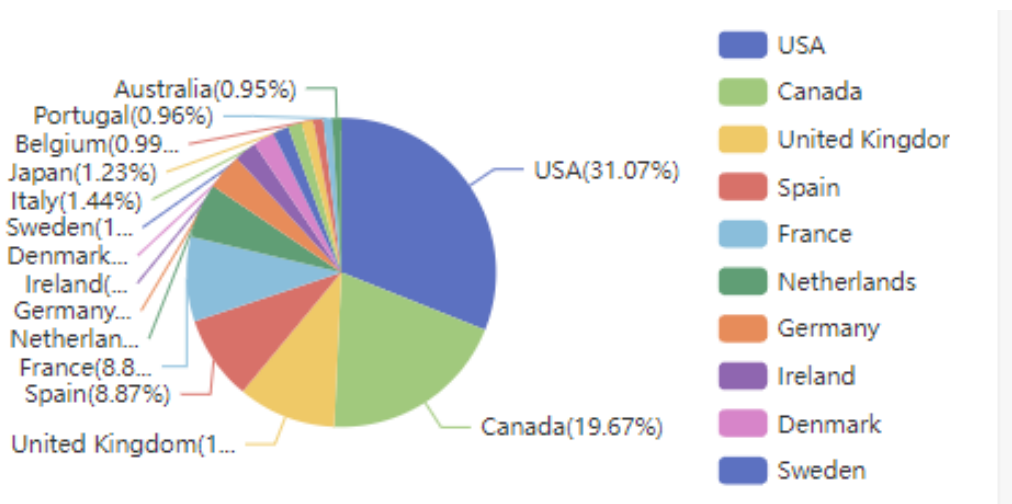


Рисунок 5. Страны с наибольшим депонированием последовательностей субварианта KP.3.1.1 (по состоянию на 20 сентября 2024г.)

В базе GISAID депонировано 9 132 последовательности субварианта LB.1, как минимум, из 67 стран. За последние 4 недели распространенность субварианта зарегистрирована на Тайване на уровне 14,6%, в США – 14,1%, Канаде – 11,9%, Швеции – 9,9%.

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 (23.08. – 20.09.2024 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	182483	0	0,0
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	160	0	0,0

Ангилья (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies	54	0	0,0
Ангола (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform	169	0	0,0
Андорра (стабилизация заболеваемости)	Instituto de Salud Carlos III	323	0	0,0
Антигуа и Барбуда (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of Preclinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies, St Augustine Campus	131	0	0,0
Аргентина (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional Enfermedades Infecciosas C.G.Malbran	10692	1	100,0
Армения (стабилизация заболеваемости)	Institute of Molecular Biology NAS RA, Republic of Armenia, Department of Bioengineering, Bioinformatics Institute and Molecular Biology IBMPH RAU, Republic of Armenia	17	0	0,0
Аруба (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	1060	0	0,0
Афганистан (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Lab	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	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 (пост заболеваемости)	KU Leuven, Rega Institute, Clinical and Epidemiological Virology	100312	0	0,0
Бенин (стабилизация заболеваемости)	Institut für Virologie – Institute of Virology – Charite	518	0	0,0
Бермудские острова (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Virus Unit, National Infection Service, Public Health England	210	0	0,0
Болгария (стабилизация заболеваемости)	National Center of Infectious and Parasitic Diseases	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 (стабилизация заболеваемости)	Instituto Adolfo Lutz, Interdisciplinary Procedures Center, Strategic Laboratory	128946	0	0,0
Британские Виргинские Острова (стабилизация)	Caribbean Public Health Agency	46	0	0,0

заболеваемости)				
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.	1539794	271	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 Lambaréné(CERMEL)	2	0	0,0
Гаити (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire National de Santé Publique – LNSP(HAITI – LNSP)	490	0	0,0
Гайана (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	118	0	0,0
Гамбия (стабилизация заболеваемости)	MRCG at LSHTM Genomics lab	333	0	0,0
Гана (стабилизация	Department of Biochemistry, Cell and Molecular	2465	0	0,0

заболеваемости)	Biology, West African Centre for Cell Biology of 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 (стабилизация заболеваемости)	Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie. Institute of infectious medicine & hospital hygiene, CaSe-Group.	586314	0	0,0
Гибралтар (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Virus Unit, National Infection Service, Public Health England	122	0	0,0
Гондурас (стабилизация заболеваемости)	Genomics and Proteomics Department, Gorgas Memorial Institute For Health Studies	318	0	0,0
Гонконг (стабилизация заболеваемости)	Hong Kong Department of Health	16433	54	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.	2668	7	100,0
Гуам (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	546	0	0,0

Дания (стабилизация заболеваемости)	Albertsen lab, Department of Chemistry and Bioscience, Aalborg University. Department of Virus and Microbiological Special Diagnostics, Statens Serum Institut.	391105	129	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	2304	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	122574	0	0,0
Индия (стабилизация заболеваемости)	Department of Neurovirology, National Institute of Mental Health and Neurosciences(NIMHANS).CSIR–Centre for Cellular and Molecular Biology	148704	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	322	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	64631	25	100,0
Исландия (стабилизация заболеваемости)	Landspítali Department of Clinical Microbiology	12011	0	0,0
Испания (стабилизация заболеваемости)	Hospital Universitario 12 de Octubre	163091	42	100,0
Италия (стабилизация заболеваемости)	Army Medical Center, Scientific Department, Virology Laboratory	100772	26	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	0	0,0
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	383807	0	0,0
Каймановы острова	Cayman Islands Molecular Biology Laboratory	286	0	0,0
Катар (стабилизация)	Biomedical Research Center(BRC), Qatar	1718	0	0,0

заболеваемости)	University / 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	81413	90	100,0
Колумбия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Salud– Dirección de Investigación en Salud Pública	16177	0	0,0
Коморские острова (стабилизация заболеваемости)	KEMRI–Wellcome Trust Research Programme/KEMRI–CGMR–C Kilifi	11	0	0,0
Косово (стабилизация заболеваемости)	Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie	946	0	0,0
Коста-Рика (стабилизация заболеваемости)	Incienza, Instituto Costarricense de Investigación y Enseñanza en Nutrición y Salud	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)	1341	1	100,0
Лаос (стабилизация заболеваемости)	LOMWRU/Microbiology Laboratory, Mahosot Hospital	1104	0	0,0
Латвия (стабилизация	Latvian Biomedical Research and Study Centre	14445	0	0,0

заболеваемости)				
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	36200	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 (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 Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos (INDRE)	48302	0	0,0
Мозамбик (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform, South Africa	811	0	0,0
Молдавия (стабилизация заболеваемости)	ONCOGENE LLC	765	0	0,0
Монако (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	19	0	0,0
Монголия (стабилизация заболеваемости)	National Centre for Communication Disease (NCCD) National Influenza Center	1069	0	0,0
Монтсеррат (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of Preclinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies	12	0	0,0
Мьянма (стабилизация заболеваемости)	DSMRC	191	0	0,0
Намибия (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Communicable Diseases of the National Health Laboratory Service	877	0	0,0

Непал (стабилизация заболеваемости)	Molecular and Genomics Research Lab, Dhulikhel Hospital, Kathmandu University Hospital School of Public Health, The University of Hong Kong	1378	0	0,0
Нигер (стабилизация заболеваемости)	National Reference Laboratory, Nigeria Centre for Disease Control	128	0	0,0
Нигерия (стабилизация заболеваемости)	African Centre of Excellence for Genomics of Infectious Diseases(ACEGID), Redeemer's University	3538	0	0,0
Нидерланды (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	88150	0	0,0
Ниуэ	Institute of Environmental Science and Research (ESR)	39	0	0,0
Новая Зеландия (стабилизация заболеваемости)	Institute of Environmental Science and Research(ESR)	43121	0	0,0
Новая Каледония (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de Microbiologie Centre Hospitalier Territorial de Nouvelle-Calédonie	103	0	0,0
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	0	0,0
Папуа Новая Гвинея (стабилизация заболеваемости)	Queensland Health Forensic and Scientific Services	924	0	0,0
Парагвай (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio Central de Salud Publica de Paraguay	2448	0	0,0
Перу (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio de Referencia Nacional de Biotecnología y Biología Molecular. Instituto Nacional de SaludPerú	40195	0	0,0
Польша (стабилизация заболеваемости)	genXone SA, Research & Development Laboratory	47343	0	0,0
Португалия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Saude(INSA)	25293	0	0,0
Пуэрто Рико (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	21858	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 (стабилизация заболеваемости)	Virology Unit, Institut Pasteur de Madagascar	57	0	0,0
Республика Никарагуа (стабилизация заболеваемости)	MSHS Pathogen Surveillance Program, CNDR, Departamento de Virología	335	0	0,0
Республика Сальвадор (стабилизация заболеваемости)	Genomics and Proteomics Departament, Gorgas Memorial Institute For Health Studies	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 (стабилизация заболеваемости)	WHO National Influenza Centre Russian Federation. Center for Precision Genome Editing and Genetic Technologies for Biomedicine, Pirogov Medical University, Moscow, Russian Federation. Federal Budget Institution of Science, State Research Center for Applied Microbiology & Biotechnology. Group of Genetic Engeneering 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	0	0,0
Руанда (стабилизация заболеваемости)	GIGA Medical Genomics	205	0	0,0

Румыния (стабилизация заболеваемости)	National Institute of Infectious Diseases–Prof. Dr. Matei Bals Molecular Diagnostics Laboratory	12396	0	0,0
Самоа		169	0	0,0
Саудовская Аравия (стабилизация заболеваемости)	Infectious Diseases, King Faisal Hospital Research Center	1610	0	0,0
Северная Македония (стабилизация заболеваемости)	Institute of Public Health of Republic of North Macedonia Laboratory of Virology and Molecular Diagnostics	434	0	0,0
Северные Марианские острова (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	2096	0	0,0
Сейшелы (стабилизация заболеваемости)	KEMRI– Wellcome Trust Research Programme, Kilifi	619	0	0,0
Сенегал (стабилизация заболеваемости)	IRESEF GENOMICS LAB	1890	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	40676	59	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)	934	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	38135	14	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.	2759683	825	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	0	0,0
Тайвань (стабилизация заболеваемости)	Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision Medicine	5412	0	0,0

Танзания (стабилизация заболеваемости)	Jiaxing Center for Disease Control and Prevention	11	0	0,0
Теркс и Кайкос (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of Preclinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies, St Augustine Campus	17	0	0,0
Тимор-Лешти (стабилизация заболеваемости)	Microbiological Diagnostic Unit – Public Health Laboratory (MDU–PHL)	4	0	0,0
Того (стабилизация заболеваемости)	Unité Mixte Internationale TransVIHMI(UMI 233 IRD – U1175 INSERM – Université de Montpellier) IRD(Institut de recherche pour le développement)	539	0	0,0
Тонга		96	0	0,0
Тринидад и Тобаго (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies	2822	0	0,0
Тунис (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de linique linique – Institut Pasteur de Tunis	930	0	0,0
Турция (стабилизация заболеваемости)	Ministry of Health Turkey	23253	0	0,0
Уганда (стабилизация заболеваемости)	MRC/UVRI & LSHTM Uganda Research Unit	1040	0	0,0
Украина (стабилизация заболеваемости)	Department of Respiratory and other Viral Infections of L.V.Gromashevsky Institute of Epidemiology & Infectious Diseases NAMS of Ukraine, JSC “Farmak”	6954	0	0,0
Узбекистан (стабилизация заболеваемости)	Center for Advanced Technologies	152	27	100,0
Уругвай (стабилизация)	Departamento Laboratorios de Salud Pública	357	0	0,0

заболеваемости)	(DLSP) Ministerio de Salud Pública			
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	0	0,0
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	413384	156	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	29408	0	0,0
Швейцария (стабилизация заболеваемости)	Department of Biosystems Science and Engineering, ETH Zürich.	58768	0	0,0
Швеция (стабилизация заболеваемости)	The Public Health Agency of Sweden	133246	156	100,0

Шри-Ланка (стабилизация заболеваемости)	Centre for Dengue Research and AICBU, Department of Immunology and Molecular Medicine	1192	0	0,0
Эквадор (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública, INSPI	7360	0	0,0
Экваториальная Гвинея (стабилизация заболеваемости)	Swiss Tropical and Public Health Institute	2	0	0,0
Эсватини (стабилизация заболеваемости)	Nhlangu 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	0	0,0
Южная Корея (стабилизация заболеваемости)	Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency	166566	0	0,0
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	489389	68	100,0

Географическое распространение и распространенность

В глобальном масштабе в течение 28-дневного периода с 22 июля по 18 августа 2024 г. в GISAID было передано 33 795 последовательностей SARS-CoV-2. Для сравнения, в два предыдущих 28-дневных периода было 42 432 и 37 047 последовательностей соответственно. Данные периодически ретроспективно обновляются для включения последовательностей с более ранними датами сбора, поэтому количество данных за определенный период времени может измениться.

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

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

В таблице 3 показано количество стран, сообщающих о VOI и VUM, и их распространенность с 30-й эпидемиологической недели (с 22 по 28 июля 2024 г.) по 33 неделю (с 12 по 18 августа 2024 г.). VOI и VUM, демонстрирующие растущие тенденции, выделены желтым цветом, те, которые остались стабильными, выделены синим цветом, а те, которые демонстрируют нисходящие тенденции, выделены зеленым цветом. В глобальном масштабе JN.1 является наиболее часто регистрируемым VOI (в настоящее время о нем сообщают 139 стран), составляя 20,6% последовательностей на 33-й неделе и снизившись с распространенности 22,2% на 30-й неделе (рис. 7, таблица 3). Его родительская линия, BA.2.86, продолжает демонстрировать очень низкую распространенность, составляя 0,1–0,3% последовательностей в каждую неделю между 30-й и 33-й неделями (рис. 7, таблица 3).

Последняя оценка риска для JN.1 была опубликована 15 апреля 2024 г., с общей оценкой низкого риска для общественного здравоохранения на глобальном уровне на основе имеющихся доказательств.

Шесть перечисленных VUM являются потомками JN.1. KP.3.1.1 демонстрирует растущую распространенность во всем мире и в нескольких регионах, LB.1 и JN.1.18 демонстрируют стабильную частоту, в то время как KP.3, KP.2 и JN.1.7 снижаются. KP.3 составил 21,9% последовательностей на 33-й неделе по сравнению с 27,7% на 30-й неделе, KP.2 составил 13,7% последовательностей на 33-й неделе по сравнению с 15,1% на 30-й неделе, JN.1.7 составил 0,1% последовательностей на 33-й неделе по сравнению с 0,3% на 30-й неделе, JN.1.18 составил 2,7% последовательностей на 33-й неделе по сравнению с 2,2% на 30-й неделе, LB.1 составил 8,8% на 33-й неделе по сравнению с 8,8% на 30-й неделе, а KP.3.1.1 составил 29,1% последовательностей на 33-й неделе по сравнению с 21,2% на 30-й неделе.

Существует неоднородность в количестве последовательностей, общих для регионов, и относительных долях вариантов SARS-CoV-2 между регионами и внутри них (рис. 10). Например, KP.3.1.1 быстро расширился в европейском регионе за последние 28 дней, достигнув более 25% последовательностей с 29-й недели. Напротив, KP.3.1.1 был редким в регионе Западной части Тихого океана (WPR) за последние 28 дней, составляя менее 2% последовательностей за этот период. Существуют дополнительные различия в распространенности внутри регионов, например, KP.3.1.1 составляет более 35% последовательностей в Испании за последние 28 дней по сравнению с 16% в Соединенном Королевстве. Кроме того, в то время как в среднем распространенность KP.3 выше (48–54%), чем KP.2 (5–15%) в WPR за последние 28 дней, KP.2 составляет более 45% циркулирующих вариантов за тот же период времени в Сингапуре (KP.3 на уровне 7%), с противоположной тенденцией, наблюдаемой в Японии, где KP.3 составляет более 85% циркулирующих вариантов, а KP.2 — менее 3%. Поскольку темпы тестирования и секвенирования снижаются во всем мире (рис. 11), становится все сложнее оценить серьезность воздействия появляющихся вариантов SARS-CoV-2.

Таблица 3. Еженедельная распространенность VOI и VUM SARS-CoV-2, 30-33 недели 2024 г.

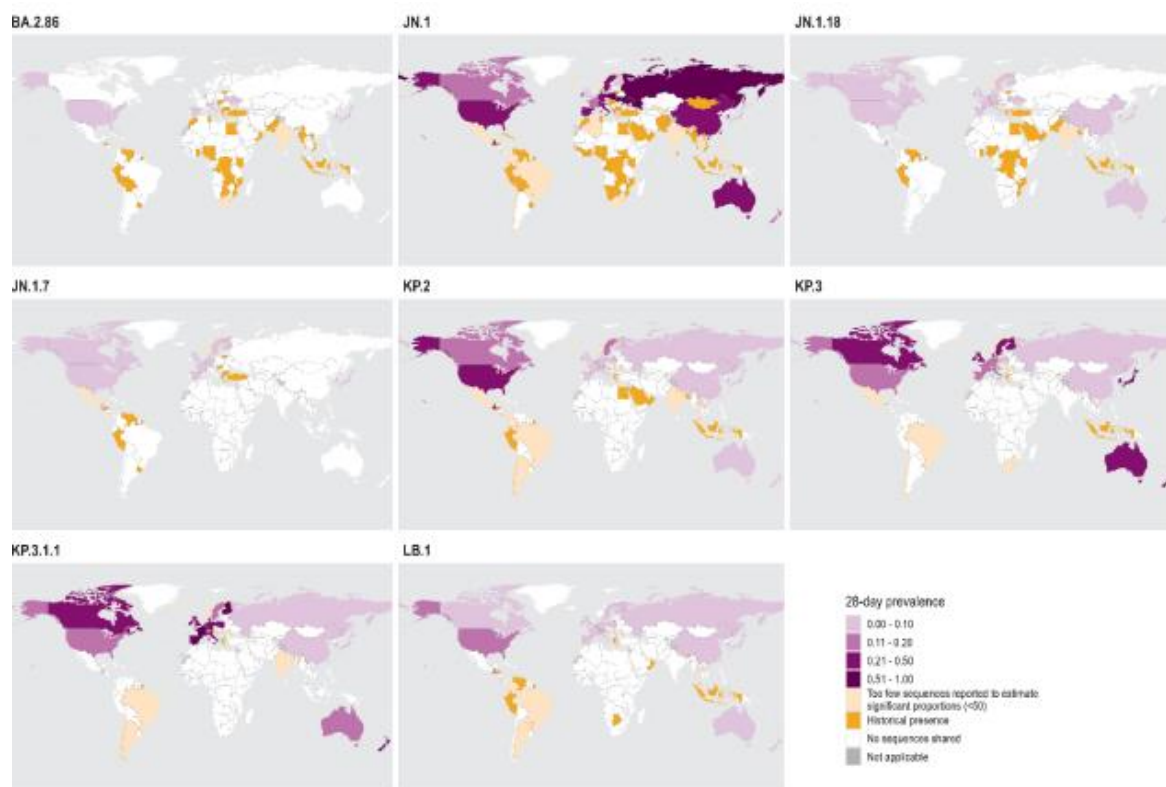
Lineage*	Countries§	Sequences§	2024-30	2024-31	2024-32	2024-33
VOIs						
BA.2.86	103	23936	0.3	0.1	0.3	0.1
JN.1	139	255450	22.2	22.0	21.0	20.6
VUMs						
JN.1.7	68	9322	0.3	0.2	0.3	0.1
KP.2	78	23377	15.1	15.0	14.8	13.7
KP.3	63	37684	27.7	26.4	23.9	21.9
KP.3.1.1	49	16551	21.2	24.4	27.8	29.1
JN.1.18	87	5737	2.2	2.1	2.8	2.7
LB.1	71	9918	8.8	8.1	7.6	8.8
Recombinant	143	488935	2.1	1.5	1.3	2.2
Unassigned	63	3897	0.1	0.1	0.2	0.7
Others	91	12321	0.1	0.1	0.1	0.1

Количество стран и последовательностей указано с момента появления вариантов. Однако следует отметить, что это не относится к рекомбинантам, неназначенным и другим категориям вариантов, и только с 1 июня 2023 г.

* Включает линии-потомки, за исключением тех, которые индивидуально указаны 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

В настоящее время нет зарегистрированных лабораторных или эпидемиологических отчетов, указывающих на какую-либо связь между VOI/VUM и повышенной тяжестью заболевания. Как показано на рисунках 6 и 7, низкие и

нерепрезентативные уровни геномного надзора за SARS-CoV-2 продолжают создавать проблемы для адекватной оценки ландшафта вариантов.



Reporting period to account for delay in sequence submission to GISAID.

Рисунок 6. Глобальная 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), 22 июля — 18 августа 2024 г.*

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

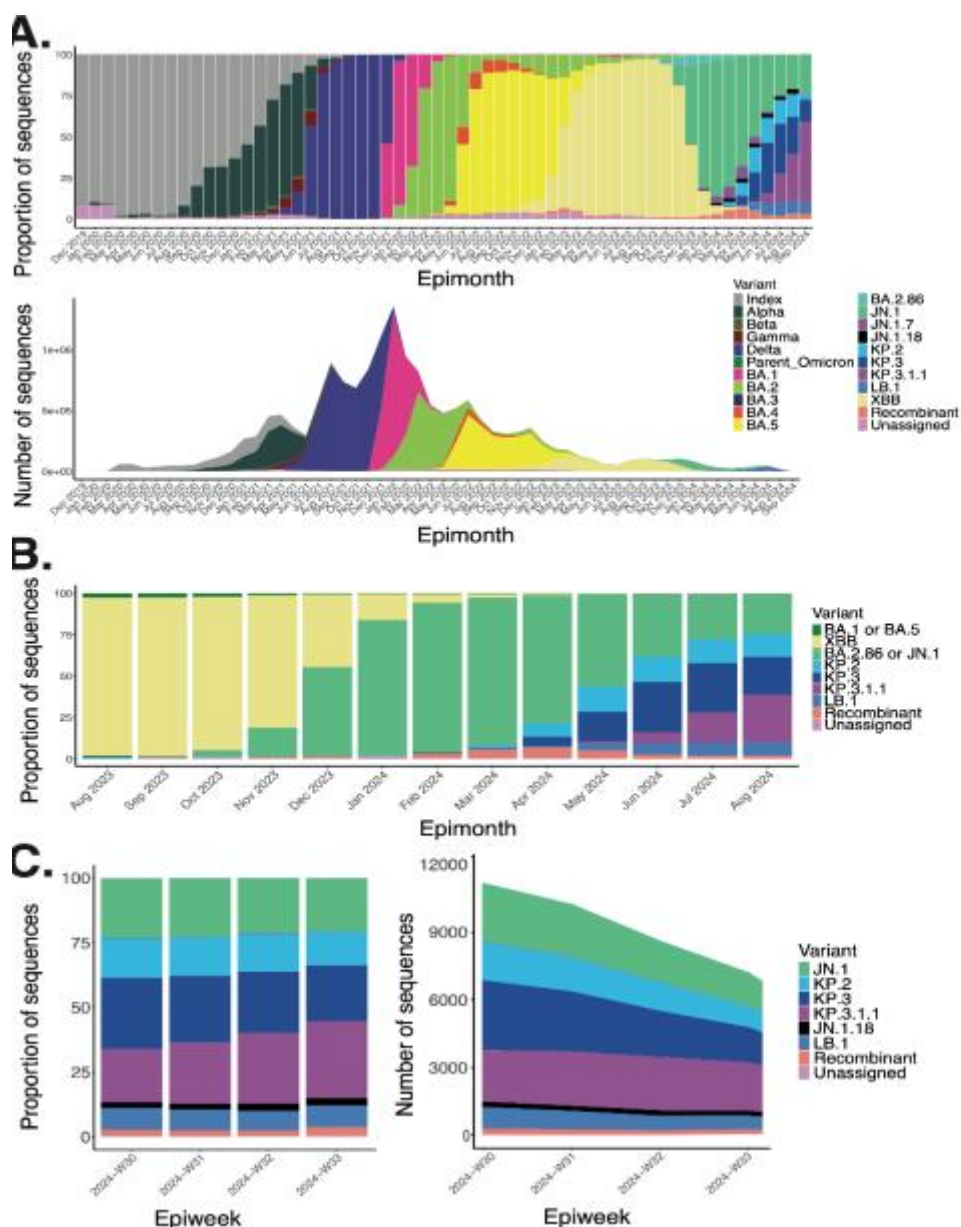


Рисунок 7. Распределение вариантов SARS-CoV-2 в доступных данных о последовательностях за разные периоды времени: А – Доля (верхняя панель) и количество (нижняя панель) последовательностей, принадлежащих каждому основному варианту SARS-CoV-2 в каждом месяце с начала пандемии. В – Доля последовательностей, принадлежащих каждому основному варианту SARS-CoV-2 в каждом месяце с августа 2023 года. С – Доля (левая панель) и количество (правая панель) последовательностей, принадлежащих каждому варианту SARS-CoV-2 в каждую неделю с 22 июля по 18 августа 2024 г. На рисунках В и С показанные варианты включают все линии потомков, за исключением линий потомков, которые перечислены отдельно, например, KP.3 включает все линии, которые происходят от KP.3, за исключением KP.3.1.1 и ее сублиний потомков, которые вместо этого включены в KP.3.1.1. Категория «Не назначено» включает линии, ожидающие назначения имени линии PANGO, «Рекомбинант» включает все рекомбинантные линии SARS-CoV-2, не перечисленные здесь, а категория «Другое» включает линии, которые назначены, но не перечислены здесь.

Источник: данные о последовательностях SARS-CoV-2 и метаданные из GISAID с 22 июля по 18 августа 2024 г., загруженные 7 сентября 2024 г.

Л и т е р а т у р а

1. PLoS Comput Biol. 2024 Sep 17;20(9):e1012469. doi: 10.1371/journal.pcbi.1012469. Online ahead of print.

Genome-wide association study between SARS-CoV-2 single nucleotide polymorphisms and virus copies during infections

Исследование ассоциаций по всему геному между полиморфизмами отдельных нуклеотидов SARS-CoV-2 и копиями вируса во время инфекции
Ke Li, Chrispin Chaguza, Julian Stamp и др.

Проведено секвенирование всего генома вируса и проанализированы вирусные копии с помощью ОТ-ПЦР в 9902 случаях заражения SARS-CoV-2 в течение 2 лет, чтобы изучить влияние генетической изменчивости вируса на изменения в вирусных копиях с поправкой на возраст хозяина и статус вакцинации. Используя подход исследования ассоциаций по всему геному (GWAS), авторы идентифицировали несколько однонуклеотидных полиморфизмов (SNP), соответствующих изменениям аминокислот в геноме SARS-CoV-2, связанным с вариациями в вирусных копиях. Они также применили тест маргинального эпистаза для обнаружения взаимодействий между SNP и идентифицировали несколько пар замен, расположенных в гене спайка, которые оказывают нелинейное влияние на вирусные копии. Они также проанализировали временные закономерности и обнаружили, что SNP, связанные с увеличением вирусных копий, преимущественно наблюдались при инфекциях Delta и Omicron BA.2/BA.4/BA.5/XBB, тогда как те, которые связаны с уменьшением вирусных копий, наблюдались только при инфекциях с вариантами Omicron BA.1. Эта работа демонстрирует, как GWAS может быть полезным инструментом для зондирования фенотипов, связанных с SNP в вирусных геномах, которые заслуживают дальнейшего изучения. Этот подход может быть использован более широко для патогенов, чтобы характеризовать появляющиеся варианты и контролировать терапевтические вмешательства.

2. Antiviral Res. 2024 Sep 16:106006. doi: 10.1016/j.antiviral.2024.106006. Online ahead of print.

Identification of Antibody-Resistant SARS-CoV-2 Mutants via N4-Hydroxycytidine Mutagenesis

Выявление мутантов SARS-CoV-2, устойчивых к антителам, с помощью мутагенеза N4-гидроксицитидином
Priya Kumar, Xiaoxiao Zhang, Rahul Shaha, и др.

Моноклональные антитела, нацеленные на белок Spike SARS-CoV-2, эффективны против COVID-19, однако их эффективность снижается с появлением вариантов вируса, устойчивых к антителам. Авторы разработали метод эффективного выявления таких устойчивых мутантов на основе отбора из мутагенизированных вирусных пулов. Вызывая мутации с помощью активного соединения Молнупиравир, N4-гидроксицитидина (NHC), и впоследствии пассивируя вирус в присутствии антител, они выявили специфические мутации Spike, связанные с устойчивостью. Проверка этих мутаций проводилась с использованием псевдотипирования и иммунофлуоресцентного анализа. В штамме SARS-CoV-2, похожем на Уханьский, выявили следующие мутации, обеспечивающие сильную устойчивость к соответствующим антителам: Бамланивимаб - E484K, F490S и S494P; Сотровимаб - E340K; Силгавимаб - K444R/E и N450D. Из варианта Omicron B.1.1.529 строго отобранными мутациями были: Bebtelovimab - V445A; Sotrovimab - E340K и K356M; Cilgavimab - K444R, V445A и N450D. Они также идентифицировали мутации уклонения в белке шипа Wuhan-like для нейтрализующих антител широкого спектра S2K146 - объединенных G485S и Q493R - и S2H97 - D428G, K462E и S514F. Структурный анализ показал, что отобранные мутации произошли в остатках, связывающих антитела, в доменах связывания рецепторов белка Spike. Большинство отобранных мутантов в значительной степени сохранили связывание ACE2 и инфекционность. Примечательно, что многие из выявленных мутаций, обеспечивающих резистентность, распространены в реальных вариантах SARS-CoV-2, но некоторые из них (G485S, D428G и K462E) еще не наблюдались в циркулирующих штаммах. Этот подход предлагает стратегию прогнозирования терапевтической эффективности антител против новых вариантов вируса.

3. mBio. 2024 Sep 16:e0322023. doi: 10.1128/mbio.03220-23. Online ahead of print.

Molecular and structural insights into SARS-CoV-2 evolution: from BA.2 to XBB subvariants

Молекулярные и структурные аспекты эволюции SARS-CoV-2: от субварианта BA.2 до субварианта XBB

Hisano Yajima, Tomo Nomai, Kaho Okumura и др.

Из-за непрекращающегося появления различных вариантов SARS-CoV-2 с повышенной приспособленностью в человеческой популяции, контроль пандемии COVID-19 был сложным. Понимание того, как вирус повышает свою

приспособленность во время пандемии, может дать ценную информацию для более эффективного контроля вирусных эпидемий. В этом обзоре рассматривают эволюцию SARS-CoV-2 с начала 2022 года до конца 2023 года, от Omicron BA.2 до потомков XBB. Сосредоточившись на вирусной эволюции в этот период, авторы приводят конкретные примеры того, что SARS-CoV-2 повысил свою приспособленность за счет усиления нескольких функций белка шипа (S), включая его сродство с рецептором ACE2 и его способность уклоняться от гуморального иммунитета. Кроме того, они показывают, как определенные мутации изменяют эти функции белка S посредством структурных изменений. Этот обзор дает эволюционное, молекулярное и структурное представление о том, как SARS-CoV-2 повысил свою приспособленность и неоднократно вызывал всплески заболеваемости во время пандемии.