

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 05 по 11 октября 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 05 по 11 октября 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 (таблица 1), в группу вариантов VUM с 24 сентября 2024 г. включены семь субвариантов, а именно JN.1.7, KP.2, KP.3, KP.3.1.1, JN.1.18, LB.1 и XEC (таблица 2).

Таблица 1. Варианты, вызывающие интерес (VOIs) и циркулирующие в настоящее время (по состоянию на 11 октября 2024 г.)

Обозначение (база Панголин)	Клада (база Next strain)	Генетические особенности	Самые ранние задокументированные образцы	Дата определения и оценки риска
BA.2.86\$	23I	Мутации, относящиеся к BA.2	24-07-2023	21-11-2023 <u>BA.2.86</u> <u>Первоначальная</u> <u>оценка риска, 21</u> <u>ноября 2023 г.</u>
JN.1#	24A	BA.2.86 + S: L455S	25-08-2023	18-12-2023 <u>JN.1</u> <u>Первоначальная</u> <u>оценка риска 18</u> <u>декабря 2023 г.</u> <u>JN.1 Обновленная</u> <u>оценка риска от 9</u> <u>февраля 2024 г.</u> <u>JN.1 Обновленная</u> <u>оценка риска от 15</u> <u>апреля 2024 г.</u>

Таблица 2. Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM) и циркулирующие в настоящее время (по состоянию на 11 октября 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
XEC		JN.1 + S:T22N, S:F59S, S:F456L, S:Q493E, S:V1104L	16-05-2024	24-09-2024

На сегодняшний день в базе данных GISAID всего представлено 17 007 467 16 997 465 геномов вируса SARS-CoV-2 (за прошедшую неделю депонировано 10 002 геномные последовательности, за предыдущий аналогичный период депонировано – 12 571). В мире странами – лидерами по количеству депонированных штаммов SARS-CoV-2 остаются США (5 221 132 генома – 30,7% от всех размещенных в GISAID) и Великобритания (3 170 890 геномов – 18,6%).

Всего в базу данных GISAID депонировано 9 484 660 геномов варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 9 961 геномная последовательность – 99,6% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 94,3%). Российскими лабораториями размещено 89 216 геномов вируса SARS-CoV-2, в том числе варианта Omicron – 56 783 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, 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 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 Вануту, Румыния, Россия, Руанда, Сальвадор, Сен-Мартен, Синт-Мартен, Саудовская Аравия, Северная Македония, Северные Марианские острова, Сенегал, Союз Коморских Островов, Сьерра-Леоне, Словакия, Словения, Сингапур, Сирия, США, Сент-Китс и Невис, Сент-Винсент и Гренадины, Сент-Люсия, 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 31 страна (14,4%) (за предыдущие – 35 стран (16,3%) депонировали новые геномные последовательности Omicron в GISAID.

Динамика распространения в мире субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID с 3 июня по 1 октября 2024 г. представлена на рисунках 1 и 2. В странах Африки доминировали субварианты JN.1.16.1 (11,73 %), JN.1 (9,81 %); в регионе Юго-Восточной Азии – KP.3.3 (31,12 %), XDV (12,7 %); в Европейском регионе – KP.3.1.1 (44,72 %), KP.3.1 (9,97 %) (рис 1). В регионе Северной Америки среди циркулирующих субвариантов Omicron преобладали KP.3.1.1 (34,93 %), KP.2 (14,57 %), в Западно-Тихоокеанском регионе – KP.3.1.1 (23,8 %), KP.3.1 (11,94 %); в Южной Америке – KP.3.1.1 (21,64 %), JN.1.16.1 (12,35 %) (рис. 2).

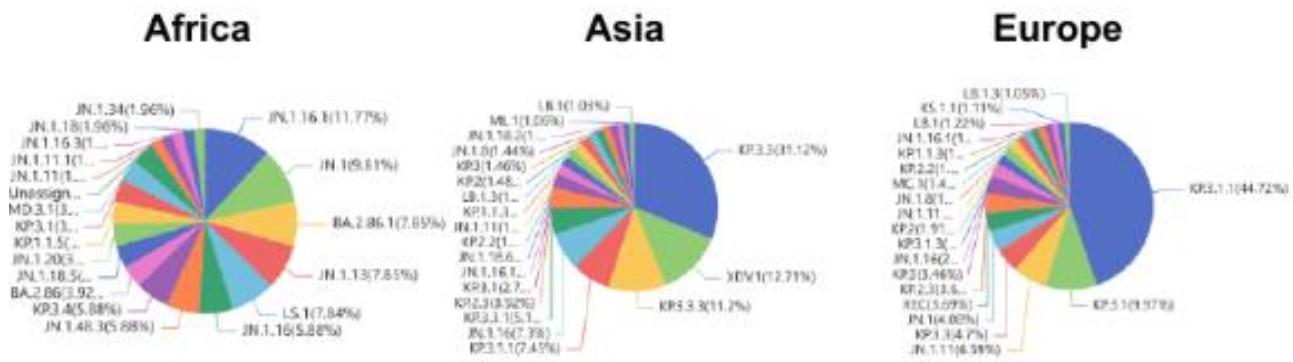


Рисунок 1 Распространение субвариантов Omicron в регионах – Африканском, Юго-Восточной Азии и Европейском (по состоянию на 11 октября 2024 г.)

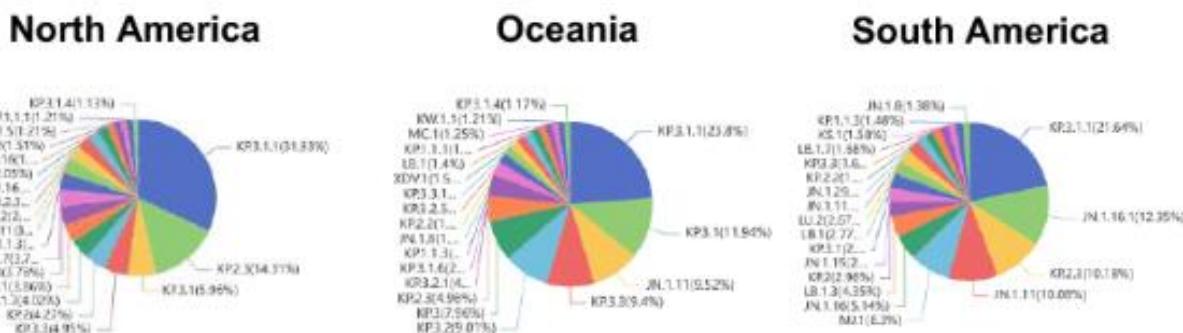


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в регионах – Северной и Южной Америки и Тихоокеанском (по состоянию на 11 октября 2024 г.)

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

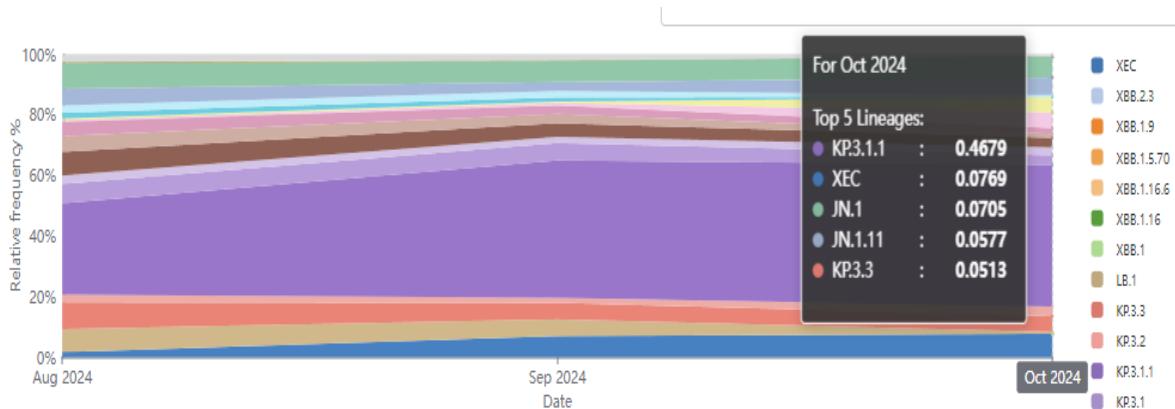


Рисунок 3. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 11 октября 2024 г.)

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

По состоянию на 11 октября 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 депонировано 12 геномных последовательностей из пяти стран (США, Швеция, Канада, Италия, Польша).

Геномные последовательности субварианта JN.1 представлены из 141 страны, распространенность составила 9 %. В базу данных GISAID за последние 4 недели всего депонировано 8752 геномные последовательности из 32 стран (преимущественно из США, Канады, Великобритании, Франции).

Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)

С момента идентификации в базе данных GISAID геномные последовательности субварианта KP 3.1.1 оцениваются на уровне 44,9 %. Размещены из 61 страны, преимущественно из США, Канады, Испании, Франции, Великобритании, Нидерландов, Дании (Рис. 4).

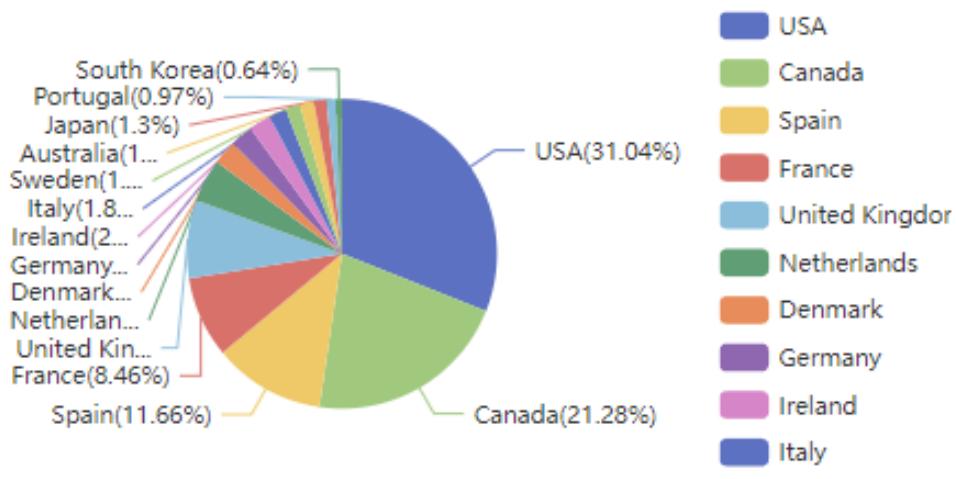


Рисунок 4. Страны с наибольшим депонированием последовательностей субварианта KP.3.1.1 (по состоянию на 11 октября 2024г.)

Субвариант XEC представляет собой комбинацию двух вариантов SARS-CoV-2 – KP.3.3 и KS.1.1. XEC имеет те же мутации, что и варианты FLiRT с дополнительной заменой аминокислоты в белке шипа, Q493E. По оценкам Центров по контролю и профилактике заболеваний (CDC) на конец сентября, XEC является причиной 6% случаев заражения COVID в США, что делает его пятым по распространенности штаммом в стране. В базе данных GISAID геномные последовательности субварианта XEC размещены из 33 стран, преимущественно из США, Канады, Франции (рис.5).

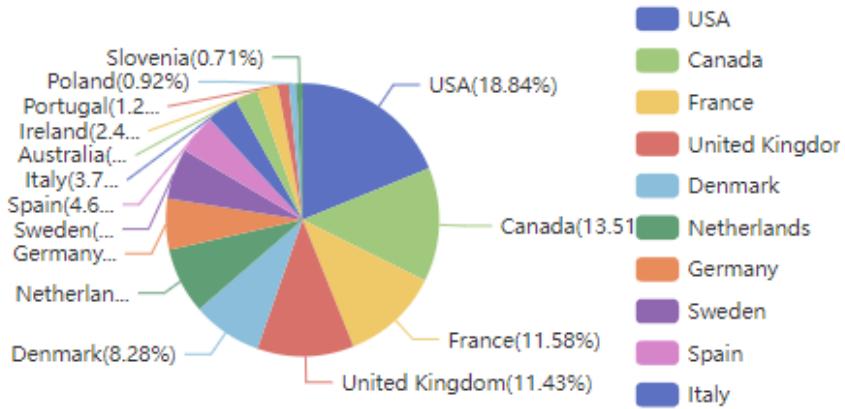


Рисунок 5. Страны с наибольшим депонированием последовательностей субварианта XEC (по состоянию на 11 октября 2024г.)

В базе GISAID депонировано 16 387 последовательностей субварианта LB.1, как минимум, из 79 стран. За последние 4 недели распространенность субварианта зарегистрирована на Тайване на уровне 16,2%, в Китае – 13,3%, Словении – 10,9%, Бразилии – 10,6%, США – 7,9%, Нидерландах – 7,5%.

Субвариант JN.1.18 секвенирован в лабораториях 83 стран, распространенность в мире – 1%.

Субвариант КР.2 циркулирует, как минимум, в 88 странах. За последние 4 недели распространенность субварианта зарегистрирована в Бразилии на уровне 35%, Сингапуре – 13%, США – 11%, Польше – 9%, Канаде – 5%, Швеции – 5%, Великобритании – 4%.

Субвариант KP.3 (FLuQE) секвенирован лабораториями 72 стран. За последние 4 недели распространенность штамма в Японии составляет 93%, Канаде – 80%, Португалии – 76%, Австралии – 73%, Испании – 72%, Франции – 70%, Великобритании – 69%, Дании – 68%, Швеции – 65%.

Субвариант JN.1.7 депонированы как минимум, из 66 стран, распространенность составляет 0,1%.

Информация по обновленным данным о депонированных геномах вируса SARS-CoV-2 варианта **Omicron** (B.1.1.529+BA.**) в базе GISAID дана в таблице 3.

Таблица 3 – 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 (14.09. – 11.10.2024 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	184022	295	100,0
Австрия (стабилизация заболеваемости)	Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	194588	9	100,0
Азербайджан (стабилизация заболеваемости)	National Hematology and Transfusiology Center	57	0	0,0
Албания (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Virus Unit, National Infection Service, Public Health England	1120	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	10707	0	0,0
Армения (стабилизация заболеваемости)	Institute of Molecular Biology NAS RA, Republic of Armenia, Department of Bioengineering, Bioinformatics Institute and Molecular Biology IBMPPh RAU, Republic of Armenia	17	0	0,0
Аруба (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	1060	0	0,0
Афганистан (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Lab	22	0	0,0
Багамские острова (стабилизация заболеваемости)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	109	0	0,0
Бангладеш (стабилизация заболеваемости)	Child Health Research Foundation	2405	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 (стабилизация заболеваемости)	KU Leuven, Rega Institute, Clinical and Epidemiological Virology	100404	21	100,0
Бенин (стабилизация заболеваемости)	Institut für Virologie – Institute of Virology – Charite	518	0	0,0

Бермудские острова (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Virus Unit, National Infection Service, Public Health England	210	0	0,0
Болгария (стабилизация заболеваемости)	National Center of Infectious and Parasitic Diseases	7927	0	0,0
Боливия (стабилизация заболеваемости)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	338	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	129888	27	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.	1542451	668	99,9
Венгрия (стабилизация заболеваемости)	National Laboratory of Virology, Szentágothai Research Centre	679	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)	532	0	0,0
Гайана (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	118	0	0,0
Гамбия (стабилизация заболеваемости)	MRCG at LSHTM Genomics lab	333	0	0,0
Гана (стабилизация заболеваемости)	Department of Biochemistry, Cell and Molecular Biology, West African Centre for Cell Biology of Infectious Pathogens(WACCBIP), University of Ghana	2465	0	0,0
Гваделупа (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	734	0	0,0
Гватемала (стабилизация заболеваемости)	Asociación de Salud Integral/Clínica Familiar Luis Ángel García	5027	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.	587268	84	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	16622	51	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)	26910	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	0	0,0
Гуам (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	548	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.	392372	259	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	2862	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	122719	3	100,0

Индия (рост заболеваемости)	Department of Neurovirology, National Institute of Mental Health and Neurosciences(NIMHANS).CSIR–Centre for Cellular and Molecular Biology	148792	0	0,0
Индонезия (стабилизация заболеваемости)	National Institute of Health Research and Development	41341	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	435	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	65297	161	100,0
Исландия (стабилизация заболеваемости)	Landspitali Department of Clinical Microbiology	12011	0	0,0
Испания (стабилизация заболеваемости)	Hospital Universitario 12 de Octubre	167502	218	98,6
Италия (стабилизация заболеваемости)	Army Medical Center, Scientific Department, Virology Laboratory	102349	88	98,9
Кабо–Вerde (стабилизация заболеваемости)	Institut Pasteur de Dakar	772	0	0,0
Казахстан (стабилизация заболеваемости)	Reference laboratory for the control of viral infections	2861	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–emergentes)	1364	0	0,0
Канада (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de santé publique du Québec	392400	2630	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)	1742	24	100,0

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	83206	142	100,0
Колумбия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Salud– Dirección de Investigación en Salud Pública	16240	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	1029	0	0,0
Коста–Рика (стабилизация заболеваемости)	Inciensa, Instituto Costarricense de Investigación y Enseñanza en Nutrición y Salud	10882	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)	1347	0	0,0
Лаос (стабилизация заболеваемости)	LOMWRU/Microbiology Laboratory, Mahosot Hospital	1210	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	38853	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	36327	0	0,0
Малави (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform	283	0	0,0
Мали (стабилизация заболеваемости)	Northwestern University – Center for Pathogen Genomics and Microbial Evolution	160	0	0,0
Мальдивы (стабилизация заболеваемости)	Indira Gandhi Memorial Hospital	333	0	0,0
Мальта (стабилизация заболеваемости)	Molecular Diagnostics Pathology Department Mater Dei Hospital Malta	163	0	0,0
Маршалловы острова (стабилизация	State Laboratories Division, Hawaii State Department of Health	42	0	0,0

заболеваемости)				
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)	48725	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 Communicable Disease (NCCD) National Influenza Center	1069	0	0,0
Монтсеррат (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of Preclinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies	12	0	0,0
Мьянма (стабилизация заболеваемости)	DSMRC	191	0	0,0
Намибия (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Communicable Diseases of the National Health Laboratory Service	877	0	0,0
Непал (стабилизация заболеваемости)	Molecular and Genomics Research Lab, Dhulikhel Hospital, Kathmandu University Hospital School of Public Health, The University of Hong Kong	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)	89530	345	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)	43481	72	100,0
Новая Каледония (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de Microbiologie Centre Hospitalier Territorial de Nouvelle-Calédonie	111	0	0,0
Норвегия (стабилизация заболеваемости)	Norwegian Institute of Public Health, Department of Virology	36580	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	3673	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
Парaguay (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio Central de Salud Publica de Paraguay	2476	0	0,0
Перу (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio de Referencia Nacional de Biotecnología y Biología Molecular. Instituto Nacional de SaludPerú	40473	0	0,0
Польша (стабилизация заболеваемости)	genXone SA, Research & Development Laboratory	47783	155	100,0
Португалия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Saude(INSA)	25644	78	100,0
Пуэрто Рико (стабилизация	Centers for Disease Control and Prevention Division	22839	36	100,0

заболеваемости)	of Viral Diseases, Pathogen Discovery			
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	56691	0	0,0

	Genetic Engineering and Biotechnology, Federal Budget Institution of Science ‘Central Research Institute of Epidemiology’ of The Federal Service on Customers’ Rights Protection and Human Well-being Surveillance. State Research Center of Virology and Biotechnology VECTOR, Department of Collection of Microorganisms.			
Руанда (стабилизация заболеваемости)	GIGA Medical Genomics	205	0	0,0
Румыния (стабилизация заболеваемости)	National Institute of Infectious Diseases–Prof. Dr. Matei Bals Molecular Diagnostics Laboratory	12463	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
Сейшельы (стабилизация заболеваемости)	KEMRI– Wellcome Trust Research Programme, Kilifi	619	0	0,0
Сенегал (стабилизация заболеваемости)	IRESSEF GENOMICS LAB	1908	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	41023	194	100,0
Сен-Мартин (стабилизация заболеваемости)	Institut Pasteur	304	0	0,0
Синт–Мартен (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	951	0	0,0
Сирия (стабилизация заболеваемости)	CASE-2021-0266829	91	0	0,0
Словакия (стабилизация заболеваемости)	Faculty of Natural Sciences, Comenius University	28834	0	0,0
Словения (стабилизация заболеваемости)	Institute of Microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, University of Ljubljana	38357	123	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.	2786796	293	100,0
Сьерра–Леоне (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Reference Laboratory	2	0	0,0
Таиланд (стабилизация заболеваемости)	COVID–19 Network Investigations(CONI) Alliance	32407	2	100,0
Тайвань (стабилизация заболеваемости)	Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision	5678	0	0,0

	Medicine			
Танзания (стабилизация заболеваемости)	Jiaxing Center for Disease Control and Prevention	11	0	0,0
Теркс и Кайкос (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of Preclinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies, St Augustine Campus	17	0	0,0
Тимор-Лешти (стабилизация заболеваемости)	Microbiological Diagnostic Unit – Public Health Laboratory (MDU-PHL)	4	0	0,0
Того (стабилизация заболеваемости)	Unité Mixte Internationale TransVIHMI(UMI 233 IRD – U1175 INSERM – Université de Montpellier) IRD(Institut de recherche pour le développement)	539	0	0,0
Тонга		96	0	0,0
Тринидад и Тобаго (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies	2822	0	0,0
Тунис (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de linique linique – Institut Pasteur de Tunis	939	0	0,0
Турция (стабилизация заболеваемости)	Ministry of Health Turkey	23255	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”	7122	0	0,0
Узбекистан (стабилизация заболеваемости)	Center for Advanced Technologies	152	0	0,0
Уругвай (стабилизация заболеваемости)	Departamento Laboratorios de Salud Pública (DLSP) Ministerio de Salud Pública	370	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	16482	0	0,0

Финляндия (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Faculty of Medicine, University of Helsinki	26718	0	0,0
Франция (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	415859	183	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	26259	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	639	0	0,0
Чехия (стабилизация заболеваемости)	The National Institute of Public Health	34671	17	100,0
Чили (стабилизация заболеваемости)	Instituto de Salud Publica de Chile	29534	12	100,0
Швейцария (стабилизация заболеваемости)	Department of Biosystems Science and Engineering, ETH Zürich.	58928	0	0,0
Швеция (стабилизация заболеваемости)	The Public Health Agency of Sweden	135432	504	100,0
Шри-Ланка (стабилизация заболеваемости)	Centre for Dengue Research and AICBU, Department of Immunology and Molecular Medicine	1192	0	0,0
Эквадор (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Investigaciónen Salud Pública, INSPI	7453	2	100,0
Экваториальная Гвинея (стабилизация заболеваемости)	Swiss Tropical and Public Health Institute	2	0	0,0
Эсватини (стабилизация заболеваемости)	Nhlangano Health Centre(National Institute for Communicable Diseases of the National Health	766	0	0,0

	Laboratory Service)			
Эстония (стабилизация заболеваемости)	Laboratory of Communicable Diseases(Estonia); Eurofins Genomics Europe Sequencing GmbH	6273	0	0,0
Эфиопия (стабилизация заболеваемости)	International Centre for Genetic Engineering and Biotechnology(ICGEB) and ARGO Open Lab for Genome Sequencing	304	0	0,0
ЮАР (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform.	28653	2	100,0
Южная Корея (стабилизация заболеваемости)	Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency	167633	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	492637	253	100,0

**Эпидобновление ВОЗ № 172 от 9.10.2024г.
Представляющие интерес варианты SARS-CoV-2 и варианты,
находящиеся под мониторингом
Географическое распространение и распространенность**

В течение 28-дневного периода с 19 августа по 15 сентября 2024 года в глобальном масштабе через GISAID было распространено 25 267 последовательностей SARS-CoV-2. Для сравнения, за два предыдущих 28-дневных периода было передано 42 354 и 46 501 записей, соответственно. Данные периодически обновляются ретроспективно, чтобы включить записи с более ранними датами сбора, поэтому количество отправлений за определенный период времени может измениться.

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

- Представляющие интерес варианты (VOIs): BA.2.86 и JN.1
- Контролируемые варианты (VUMs): JN.1.7, JN.1.18, KP.2, KP.3, KP.3.1.1, LB.1 и XEC

В таблице 6 показано количество стран, сообщивших о VOIs и VUMs, и их распространенность в период с 34-й эпидемиологической недели (19-25 августа 2024 г.) по 37-ю неделю (9-15 сентября 2024 г.). Показатели VOI и VUM, демонстрирующие тенденцию к росту, выделены желтым цветом, а те, которые остались стабильными – зеленые. Во всем мире наиболее часто регистрируемым VOI является JN.1 (в настоящее время о нем сообщают 140 стран), на 37-ю неделю его частота составила 16,0%, а на 34-й неделе распространенность снизилась с 19,4% (рисунок 12, таблица 6). Его родительская линия, BA.2.86, продолжает демонстрировать очень низкую распространенность, составляя 0,1-0,3% случаев в каждую неделю между 34-й и 37-й неделями (рисунок 12, таблица 6).

Все семь перечисленных VUM являются потомками JN.1. KP.3.1.1 и XEC (недавно включенный в список VUM) демонстрируют растущую распространенность во всем мире, хотя и разными темпами, в то время как все остальные снижаются. На KP.3 приходилось 14,4% последовательностей на 37-й неделе по сравнению с 18,8% на 34-й неделе, на KP.2 приходилось 8,1% последовательностей на 37-й неделе по сравнению с 12,0% на 34-й неделе, на KP.1.7 приходилось 0,1% на 34-й и 37-й неделях, на KP.1.18 на 37-ю неделю приходилось 1,2% последовательностей по сравнению с 2,3% на 34-й неделе, на LB.1 приходилось 6,3% на 37-й неделе по сравнению с 6,9% на 34-й неделе, на KP.3.1.1 приходилось 46,6% последовательностей на 37-й неделе по сравнению с 36,6% на 3-й неделе.

В связи со снижением показателей тестирования и определения последовательности заражения во всем мире (рис. 12) становится все сложнее оценивать степень тяжести новых вариантов SARS-CoV-2. В настоящее время нет сообщений о

лабораторных или эпидемиологических отчетах, указывающих на какую-либо связь между VOIs/VUMs и повышением тяжести заболевания. Как показано на рисунке 11 и рисунке 12, низкие и нерепрезентативные уровни эпиднадзора за геномом SARS-CoV-2 по-прежнему создают проблемы для адекватной оценки вариативности.

Таблица 6. Еженедельная распространенность VOIS и VUMS от SARS-CoV-2, с 34-й по 37-ю неделю 2024 года

Lineage*	Countries§	Sequences§	2024-34	2024-35	2024-36	2024-37
VOIs						
VUMs						
BA.2.86	104	24074	0.2	0.3	0.1	0.1
JN.1	140	265665	19.4	18.5	16.9	16.0
JN.1.7	68	9516	0.1	0.2	0.2	0.1
KP.2	82	27976	12.0	10.7	8.9	8.1
KP.3	70	45327	18.8	18.4	16.9	14.4
KP.3.1.1	54	29557	34.6	37.0	41.9	46.6
JN.1.18	89	6318	2.3	2.0	1.7	1.2
LB.1	73	12675	6.9	7.3	6.3	6.3
XEC	29	1263	2.0	3.1	4.8	4.8
Recombinant	144	490518	3.5	2.4	2.4	2.3
Unassigned	63	3937	0.2	0.1	0.0	0.0
Others	91	12371	0.2	0.2	0.1	0.0

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

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

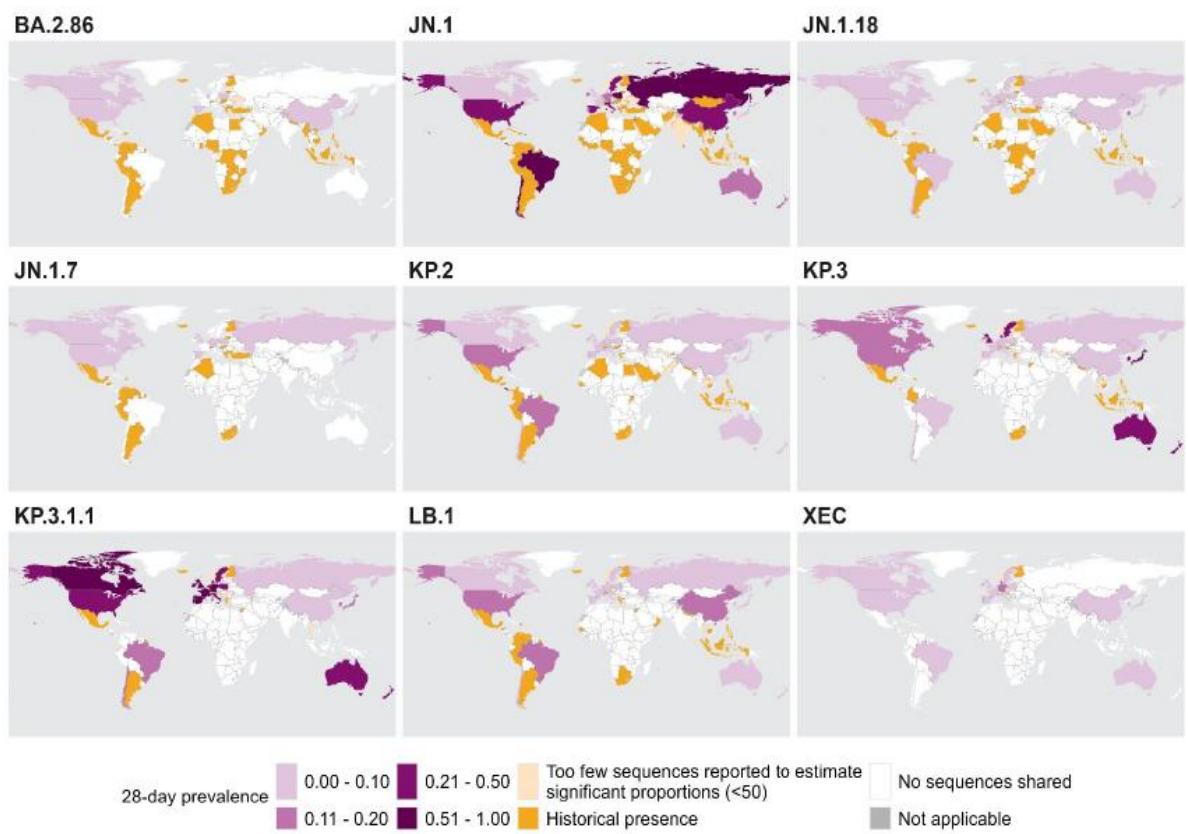


Рисунок 11. Глобальная 28-дневная распространенность VOIs (BA.2.86 и JN.1) и VUMs (JN.1.18, JN.1.7, KP.2, KP 3, KP 3.1.1, LB.1 и XEC), с 19 августа по 15 сентября 2024 года*

* Отчетный период, чтобы учесть задержку с представлением очередности в GISAID.

+ + Наличие в истории указывает на страны, которые ранее сообщали о чередовании пробелов и неровностей, но о них не сообщалось в период с 19 августа по 15 сентября 2024 года.

Рисунок 12. Распределение вариантов SARS-CoV-2 в доступных данных о последовательности за разные периоды времени

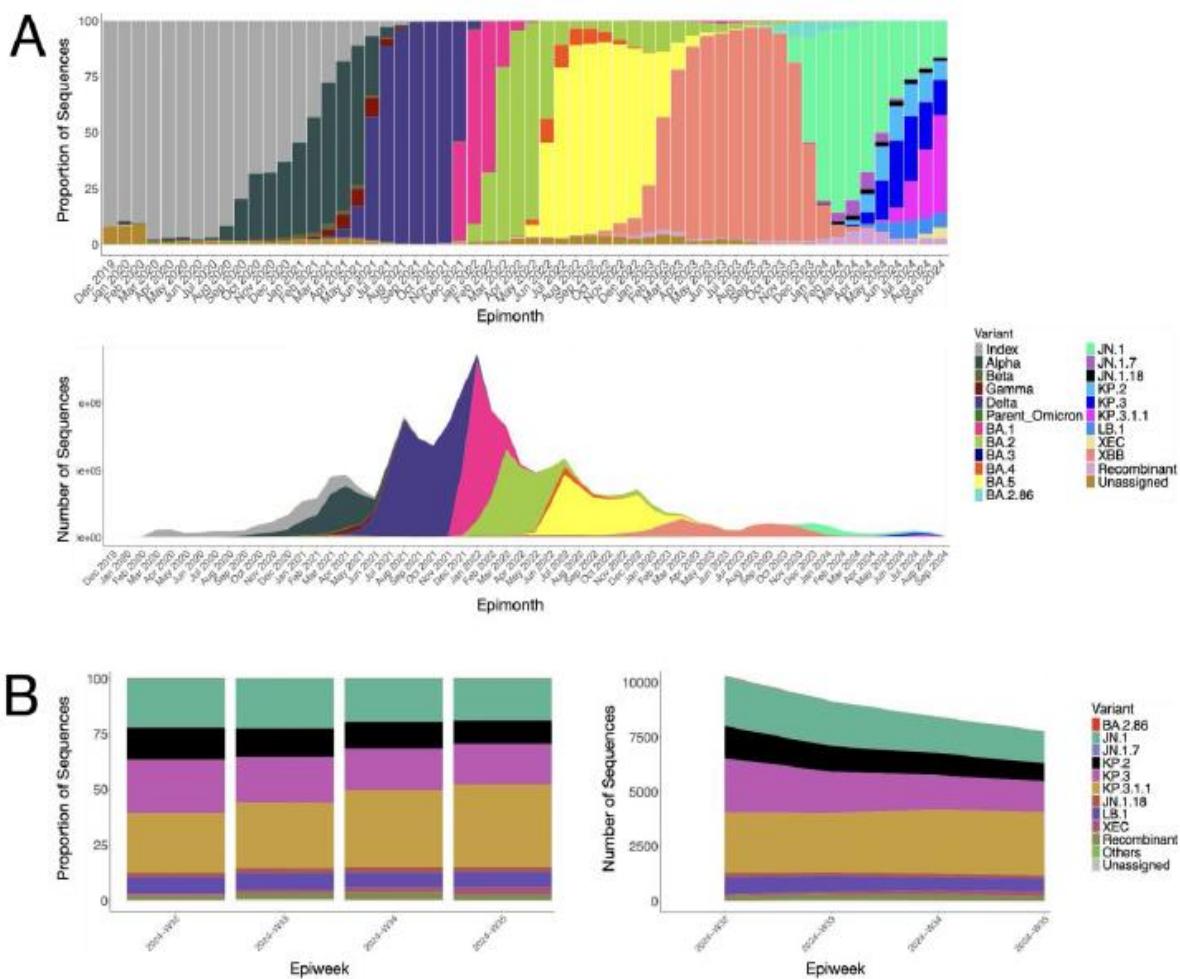


Рисунок 12. (А) Доля (верхняя панель) и количество (нижняя панель) последовательностей, относящихся к каждому основному варианту SARS-CoV-2, за каждый месяц с начала пандемии. (В) доля (левая панель) и количество (правая панель) последовательностей, относящихся к каждому варианту SARS-CoV-2, за каждую неделю с 19 августа по 15 сентября 2024 года. Показанные варианты включают все наследственные линии, за исключением наследственных линий, которые перечислены отдельно, например, KP.3 включает все линии, которые происходят от KP.3, за исключением KP.3.1.1 и его дочерних подлин, которые вместо этого включены в KP.3.1.1. *Неназначенная* категория включает линии, ожидающие присвоения названия линии PANGO, *Рекомбинантные* включают все рекомбинантные линии SARS-CoV-2, не перечисленные здесь, а *Другая* категория включает линии, которые назначены, но не перечислены здесь. Источник: Данные о последовательности SARS-CoV-2 и метаданные из SAID за период с 19 августа по 15 сентября 2024 года, загруженные 30 сентября 2024 года.

Публикации

1 Pathol Res Pract. 2024 Oct;262:155542. doi: 10.1016/j.prp.2024.155542. Epub 2024 Aug 13.

Investigating the FLiRT variants of COVID-19: Is it an emerging concern?

Исследование вариантов FLiRT COVID-19: возникает ли новая проблема?

Durre Aden, Sufian Zaheer

Аннотация

Продолжающаяся пандемия COVID-19, вызванная тяжелым острым респираторным синдромом коронавируса 2 (SARS-CoV-2), привела к многочисленным волнам инфекций по всему миру. По мере того, как вирус продолжает развиваться, появляются новые варианты, некоторые из которых имеют тревожные изменения в заразности и вирулентности. Среди этих вариантов «варианты FLiRT» недавно привлекли внимание из-за их способности изменять динамику передачи и тяжесть заболевания. По данным Американского общества инфекционных заболеваний, прозвище «FLiRT» основано на технических названиях их мутаций. Варианты FLiRT, особенно KP.2, по-видимому, демонстрируют повышенную заразность по сравнению с более ранними подвариантами Omicron. Кроме того, они демонстрируют способность уклоняться от иммунитета, полученного в результате предшествующей инфекции и вакцинации, хотя полная степень этого уклонения все еще изучается. В этой статье мы рассматриваем характеристики вариантов FLiRT, включая их генетические мутации, эпидемиологические особенности, потенциальное влияние на меры общественного здравоохранения и последствия для эффективности вакцины. Мы также обсуждаем стратегии наблюдения, профилактики и смягчения последствий для контроля распространения этого варианта и смягчения его воздействия на мировое здравоохранение.

2 Antiviral Res. 2024 Oct;230:105992. doi: 10.1016/j.antiviral.2024.105992. Epub 2024 Aug 23.

Anti-SARS-CoV-2 gapmer antisense oligonucleotides targeting the main protease region of viral RNA

Антисмыловые олигонуклеотиды против гэпмера SARS-CoV-2, нацеленные на основную протеазную область вирусной РНК

Masako Yamasaki, Wakana Saso, Takuwa Yamamoto, Masayoshi Sato, Hiroko Takagi, Tetsuya Hasegawa, Yuji Kozakura, Hiroyuki Yokoi, Hirofumi Ohashi, Kana Tsuchimoto, Rina Hashimoto, Shuetsu Fukushi, Akihiko Uda0, Masamichi Muramatsu, Kazuo Takayama, Ken Maeda, Yoshimasa Takahashi, Tsuyoshi Nagase, Koichi Watashi

Аннотация

Учитывая всемирный риск вспышки новых/повторно появляющихся респираторных вирусов, крайне востребована разработка новых противовирусных стратегий. В этом исследовании мы представляем схему идентификации гэпмерных антисмыловых олигонуклеотидов (ASO), нацеленных на РНК

коронавируса тяжелого острого респираторного синдрома 2 (SARS-CoV-2), которые эффективно подавляют репликацию вируса. Мы синтезировали около 300 гэпмерных ASO, разработанных для нацеливания на различные регионы РНК SARS-CoV-2, и оценили их активность в клеточных анализах. С помощью многоступенчатого скрининга в системах клеточных культур мы определили, что ASO#41, нацеленный на кодирующую область для вирусной основной протеазы, снижает уровни РНК SARS-CoV-2 в инфицированных клетках и подавляет вызванные вирусом цитопатические эффекты. Противовирусный эффект ASO#41 также наблюдался в органоидах легких человека, полученных из iPSC-клеток. ASO#41 истощал внутриклеточные вирусные РНК во время репликации генома эндогенным РНКазан-зависимым образом. ASO#41 продемонстрировал широкий спектр противовирусной активности против вызывающих беспокойство вариантов SARS-CoV-2, включая Alpha, Delta и Omicron. Интраназальное введение мышам показало внутриклеточное накопление ASO#41 в легких и значительное снижение вирусного инфекционного титра с более умеренной потерей веса из-за инфекции SARS-CoV-2. Дальнейшая химическая модификация с использованием фосфорилгидридодержащих основных связей обеспечила повышение активности против SARS-CoV-2 с 23,4 нМ 50% противовирусной ингибирующей концентрации, одной из самых сильных ASO против SARS-CoV-2, зарегистрированных до сих пор. В нашем исследовании представлен подход к выявлению активных ASO против SARS-CoV-2, что потенциально полезно для разработки противовирусной стратегии путем нацеливания на геномную РНК респираторных вирусов.

3. doi:<https://doi.org/10.1101/2024.10.04.616448> This article is a preprint

Impact of JN.1 booster vaccination on neutralisation of SARS-CoV-2 variants KP.3.1.1 and XEC

Влияние бустерной вакцинации JN.1 на нейтрализацию вариантов SARS-CoV-2 KP.3.1.1 и XEC

View ORCID ProfilePrerna Arora, Christine Happel, Amy Kempf, Inga Nehlmeier, View ORCID ProfileMetodi V. Stankov, View ORCID ProfileAlexandra Dopfer-Jablonka, View ORCID ProfileGeorg M.N. Behrens, View ORCID ProfileStefan Poehlmann, View ORCID ProfileMarkus Hoffmann

Аннотация

Линия SARS-CoV-2 KP.3.1.1 в настоящее время является доминирующей на нескольких континентах. Параллельно линия XEC, рекомбинантная KS.1.1 и KP.3.3, находится на пути к тому, чтобы стать следующей доминирующей линией в Европе и Северной Америке. Здесь мы провели быструю вирусологическую характеристику линии XEC и изучили влияние бустерной вакцинации мРНК JN.1 на нейтрализацию KP.3.1.1 и XEC.

Omicron-specific ultra-potent SARS-CoV-2 neutralizing antibodies targeting the N1/N2 loop of Spike N-terminal domain

Специфичные для «Омикрона» сверхмощные нейтрализующие антитела SARS-CoV-2, нацеленные на петлю N1/N2 N-концевого домена шиповидного белка

Xiao Niu, Zhiqiang Li, Jing Wang, Fanchong Jian, Yuanling Yu, Weiliang Song, Ayijiang Yisimayi, Shuo Du, Zhiying Zhang, Qianran Wang, Jing Wang, Ran An, Yao Wang, Peng Wang, Haiyan Sun, Lingling Yu, Sijie Yang, Tianhe Xiao, Qingqing Gu, Fei Shao, Youchun Wang, Junyu Xiao, Yunlong Cao

Аннотация

В N-концевом домене (NTD) белка spike у субвариантов SARS-CoV-2 Omicron продолжает возникать множество функциональных мутаций. Понимание иммуногенности Omicron NTD и свойств антител, вызываемых им, имеет решающее значение для понимания влияния мутаций NTD на приспособленность вируса и руководства разработкой вакцины. В этом исследовании мы обнаружили, что большинство антител, нацеленных на NTD, выделенных от лиц с прорывной инфекцией BA.5 / BF.7 (BTI), являются наследственными (дикого типа или WT) - реактивными и ненейтрализующими. Удивительно, но мы идентифицировали пять сверхсильных нейтрализующих антител (NAB), которые могут связываться только с Омикроном, но не с WT NTD. Структурный анализ показал, что они связываются с уникальным эпитопом в петле N1/N2 NTD и взаимодействуют с рецепторсвязывающим доменом (RBD) через легкую цепь. Эти омикрон-специфичные NAB достигают нейтрализации за счет конкуренции ACE2 и блокирования опосредованного ACE2 выделения S1. Однако BA.2.86 и BA.2.87.1, которые несут вставки или делеции в петле N1/N2, могут избегать действия этих антител. Вместе мы представили подробную карту репертуара антител, нацеленных на NTD, в эпоху после Омикрона, демонстрируя их уязвимость к мутациям NTD, обусловленную их эволюционной гибкостью, несмотря на их мощную нейтрализацию. Эти результаты выявили функцию indels в NTD сублиний BA.2.86 / JN.1 по уклонению от нейтрализующих антител и подчеркнули важность учета иммуногенности NTD при разработке вакцины.