

**Дмитриева Л. Н., Чумачкова Е.А., Краснов Я.М., Осина Н. А.,  
Зими́рова 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 26 октября по 1 ноября 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 26 октября по 1 ноября 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 1 ноября 2024 г.)

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

Таблица 2. Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM) и циркулирующие в настоящее время (по состоянию на 1 ноября 2024 г.)

Ранго 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
ХЕС		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 17 044 905 геномов вируса SARS-CoV-2 (за прошедшую неделю депонировано 12 729 геномных последовательностей, за предыдущий аналогичный период депонировано – 12 399).

В мире странами – лидерами по количеству депонированных штаммов SARS-CoV-2 остаются США (5 220 982 генома – 30,6% от всех размещенных в GISAID) и Великобритания (3 172 899 геномов – 18,6%).

Всего в базу данных GISAID депонировано 9 521 455 геномов варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 12 629 геномных последовательностей – 99,2% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 96,4%). Российскими лабораториями размещено 90 084 генома вируса SARS-CoV-2, в том числе варианта Omicron – 57 650 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 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 всего 29 стран (13,5%) (за предыдущие – 35 стран (16,3%)) депонировали новые геномные последовательности Omicron в GISAID.

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

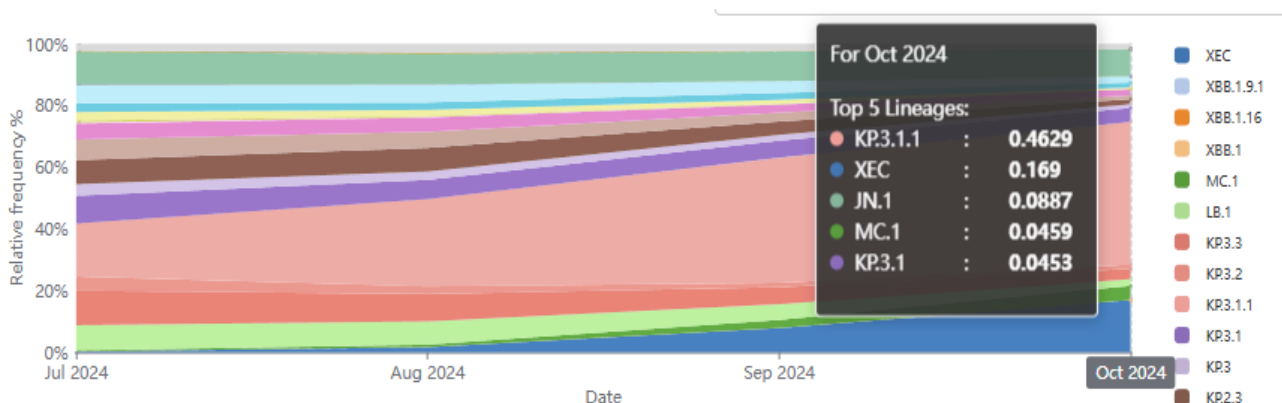


Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 1 ноября 2024 г.)

### Варианты, вызывающие интерес (VOI)

По состоянию на 1 ноября 2024 г. распространение субварианта BA.2.86 оценивается на уровне 0,01 %. В базу данных GISAID EpiCoV за последние 4 недели последовательности, относящиеся к BA.2.86 (Pirola) депонированы из двух стран (Италия, Польша).

Геномные последовательности субварианта JN.1 представлены из 144 стран, распространенность составила 8,9 %. В базу данных GISAID за последние 4 недели всего депонировано 6 919 геномных последовательностей из 29 стран (преимущественно из Канады, США, Великобритании, Швеции, Дании, Австралии, Сингапура, Франции).

### Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)

С момента идентификации в базе данных GISAID распространение субварианта KP 3.1.1 оцениваются на уровне 46,3 %, в странах Африки, Америки, Европы, Западно-Тихоокеанского региона, Восточного Средиземноморья – 66,7%, 54,7%, 42,3%, 31,5%, 7,4% соответственно. Последовательности размещены из 69 стран, преимущественно из США, Канады, Испании, Франции, Великобритании, Нидерландов, Германии (Рис. 2).

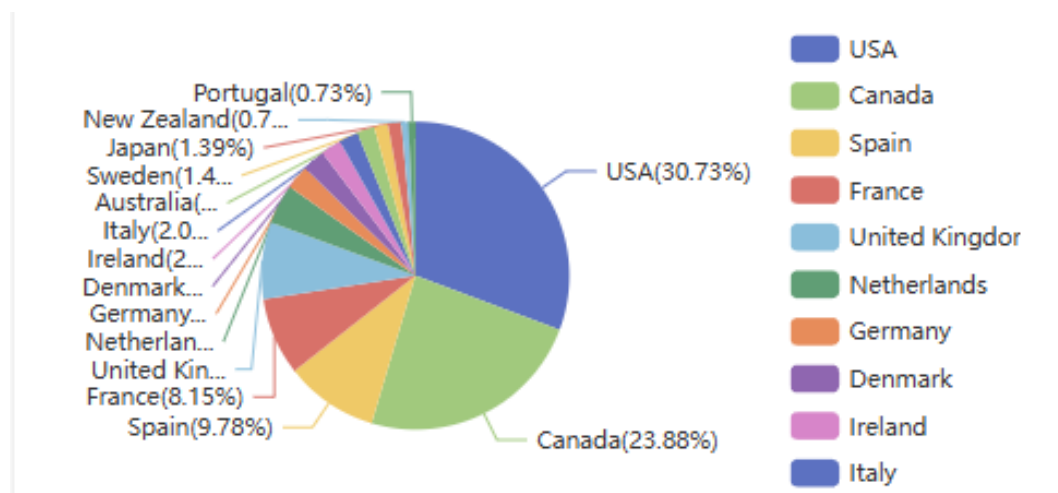


Рисунок 2. Страны с наибольшим депонированием последовательностей субварианта KP.3.1.1 (по состоянию на 1 ноября 2024г.)

В мире отмечается рост распространенности субварианта ХЕС (с 15,6% до 16,9% по сравнению с прошедшей неделей), в странах Европы, Америки, Западно-Тихоокеанского региона и Восточного Средиземноморья – 24,2%, 13,1%, 12,9% и 7,4% соответственно.

В базе данных GISAID геномные последовательности субварианта ХЕС размещены из 40 стран, преимущественно из Канады, США, Великобритании, Франции, Германии, Дании, Нидерландов (рис.3).

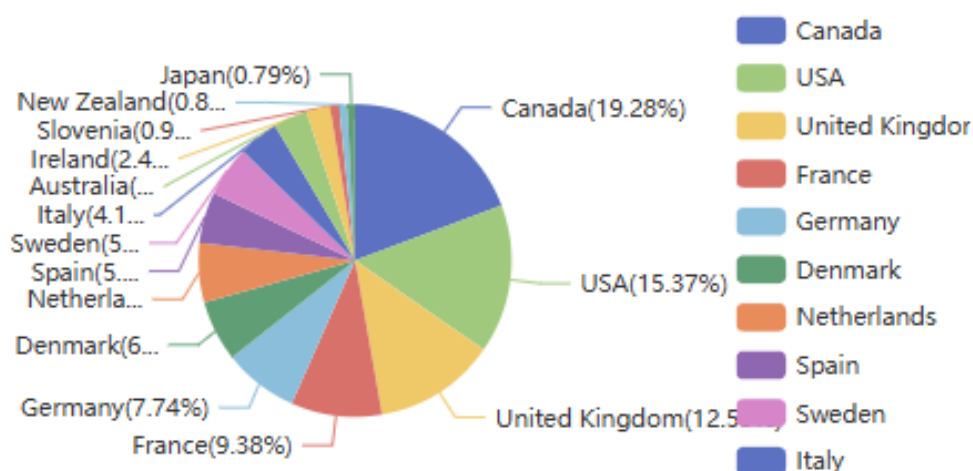


Рисунок 3. Страны с наибольшим депонированием последовательностей субварианта ХЕС (по состоянию на 1 ноября 2024г.)

В базе GISAID депонировано 18 415 последовательностей субварианта LB.1, как минимум, из 84 стран. Распространенность субварианта зарегистрирована на Тайване на уровне 15%, Бразилии, Китае и Чехии – 12%, США – 10%, Словении – 9%, Нидерландах – 8%, Канаде – 7%.

Субвариант JN.1.18 секвенирован в лабораториях 89 стран, распространенность в мире – 1%.

Субвариант KP.2 циркулирует, как минимум, в 92 странах. За последние 4 недели распространенность субварианта зарегистрирована на уровне 5% (в Бразилии – 46%, Сингапуре – 14%, США – 13%, Польше – 10%, Китае – 8%.

Субвариант KP.3 (FLuQE) секвенирован лабораториями 77 стран. Наибольшее распространение штамма зафиксировано в Японии составляет 83%, Канаде – 71,6%, Испании – 66,7%, Великобритании – 51,1%.

Субвариант JN.1.7 депонирован как минимум, из 69 стран, распространенность составляет 0,1%.

Информация по обновленным данным о депонированных геномах вируса SARSCOV- 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 (05.10. – 01.11.2024 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	184905	382	100,0
Австрия (стабилизация заболеваемости)	Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	194665	22	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	168	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	10801	0	0,0
Армения (стабилизация заболеваемости)	Institute of Molecular Biology NAS RA, Republic of Armenia, Department of Bioengineering, Bioinformatics Institute and Molecular Biology IBMPH RAU, Republic of Armenia	17	0	0,0
Аруба (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	1060	0	0,0
Афганистан (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Lab	22	0	0,0
Багамские острова (стабилизация заболеваемости)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	109	0	0,0
Бангладеш (стабилизация заболеваемости)	Child Health Research Foundation	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	350	0	0,0
Бахрейн (стабилизация заболеваемости)	Communicable Disease Laboratory, Public Health Directorate	7886	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	100460	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	7928	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 (стабилизация заболеваемости)	Instituto Adolfo Lutz, Interdisciplinary Procedures Center, Strategic Laboratory	130949	4	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.	1544381	833	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 Lambaréné(CERMEL)	2	0	0,0
Гаити (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire National de Santé Publique – LNSP(HAITI – LNSP)	563	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	748	0	0,0
Гватемала (стабилизация заболеваемости)	Asociación de Salud Integral/Clinica Familiar Luis Ángel García	5055	0	0,0
Гвинея (стабилизация заболеваемости)	Centre de Recherche et de Formation en Infectiologie Guinée	537	0	0,0
Гвинея-Бисау (стабилизация заболеваемости)	MRCG at LSHTM, Genomics lab	19	0	0,0
Германия (стабилизация заболеваемости)	Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie. Institute of infectious medicine & hospital hygiene, CaSe-Group.	588053	65	98,5
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	16664	20	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)	27195	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.	2692	1	100,0
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.	392741	131	99,2
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)	317	0	0,0
Израиль (стабилизация заболеваемости)	Central Virology Laboratory, Israel Ministry of Health	122884	31	100,0

Индия (стабилизация заболеваемости)	Department of Neurovirology, National Institute of Mental Health and Neurosciences(NIMHANS).CSIR–Centre for Cellular and Molecular Biology	148910	0	0,0
Индонезия (стабилизация заболеваемости)	National Institute of Health Research and Development	41354	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	2924	0	0,0
Ирландия (стабилизация заболеваемости)	National Virus Reference Laboratory	65837	170	100,0
Исландия (стабилизация заболеваемости)	Landspítali Department of Clinical Microbiology	12011	0	0,0
Испания (стабилизация заболеваемости)	Hospital Universitario 12 de Octubre	168591	173	96,1
Италия (стабилизация заболеваемости)	Army Medical Center, Scientific Department, Virology Laboratory	103113	115	100,0
Кабо–Верде (стабилизация заболеваемости)	Institut Pasteur de Dakar	771	0	0,0
Казахстан (стабилизация заболеваемости)	Reference laboratory for the control of viral infections	2873	0	0,0
Камбоджа (стабилизация заболеваемости)	Virology Unit, Institut Pasteur du Cambodge	2161	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	399169	3814	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)	1803	4	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	6052	0	0,0
Китай (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Viral Disease Control and Prevention	84249	84	100,0
Колумбия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Salud– Dirección de Investigación en Salud Pública	16258	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)	Incensa, 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	363	0	0,0
Куба (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Infections Laboratory	665	0	0,0
Кувейт (стабилизация заболеваемости)	Virology Unit, Department of Microbiology, Faculty of Medicine, Kuwait	1096	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	39035	0	100,0
Макао (стабилизация заболеваемости)	Centro de Sequenciamento Genômico	1	0	0,0
Маврикий (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	8248	0	100,0
Мавритания (стабилизация заболеваемости)	INRSP-Mauritania	17	0	0,0
Майотта (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	376	0	0,0
Малайзия (стабилизация заболеваемости)	Institute for Medical Research, Infectious Disease Research Centre, National Institutes of Health, Ministry of Health Malaysia	36470	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 Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos (INDRE)	48941	0	0,0
Мозамбик (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform, South Africa	810	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	1400	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)	90252	129	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)	43627	42	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	36616	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	916	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
Парагвай (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio Central de Salud Publica de Paraguay	2517	1	100,0
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	47836	19	100,0
Португалия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Saude(INSA)	25644	0	0,0
Пуэрто Рико (стабилизация	Centers for Disease Control and Prevention Division	22908	3	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 Directorate	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 Department, Gorgas Memorial Institute For Health Studies	675	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	57558	0	0,0



	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.			
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	12532	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)	IRESSEF GENOMICS LAB	1909	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	41324	299	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)	954	0	0,0
Сирия (стабилизация заболеваемости)	CASE-2021-0266829	91	0	0,0
Словакия (стабилизация заболеваемости)	Faculty of Natural Sciences, Comenius University	28939	3	100,0
Словения (стабилизация заболеваемости)	Institute of Microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, University of Ljubljana	38512	143	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.	2795981	868	99,9
Сьерра-Леоне (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Reference Laboratory	2	0	0,0
Таиланд (стабилизация заболеваемости)	COVID-19 Network Investigations(CONI) Alliance	32480	0	0,0
Тайвань (стабилизация заболеваемости)	Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision	5760	8	100,0

	Medicine			
Танзания (стабилизация заболеваемости)	Jiaxing Center for Disease Control and Prevention	11	0	0,0
Теркс и Кайкос (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of Preclinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies, St Augustine Campus	17	0	0,0
Тимор-Лешти (стабилизация заболеваемости)	Microbiological Diagnostic Unit – Public Health Laboratory (MDU–PHL)	3	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	954	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”	7357	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	371	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	417754	373	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	34746	12	100,0
Чили (стабилизация заболеваемости)	Instituto de Salud Publica de Chile	29534	0	0,0
Швейцария (стабилизация заболеваемости)	Department of Biosystems Science and Engineering, ETH Zürich.	58933	0	0,0
Швеция (стабилизация заболеваемости)	The Public Health Agency of Sweden	136533	615	99,8
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	7489	0	0,0
Экваториальная Гвинея (стабилизация заболеваемости)	Swiss Tropical and Public Health Institute	1	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	561	0	0,0
ЮАР (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform.	28715	0	0,0
Южная Корея (стабилизация заболеваемости)	Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency	167943	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	3433	0	0,0
Япония (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Genomics Center, National Institute of Infectious Diseases	494238	169	100,0

## Публикации

1. Nat Commun. 2024 Oct 9;15(1):8728.  
doi: 10.1038/s41467-024-53033-7.

### **Lineage-specific pathogenicity, immune evasion, and virological features of SARS-CoV-2 BA.2.86/JN.1 and EG.5.1/HK.3**

Патогенность, специфичная для определенной линии, уклоняемость от иммунного ответа и вирусологические особенности SARS-CoV-2 BA.2.86/JN.1 и EG.5.1/HK.3

Yuanchen Liu, Xiaoyu Zhao, Jialu Shi и др.

#### Аннотация

Обнаружено, что SARS-CoV-2 JN.1 имеет более высокую инфекционность, чем BA.2.86, в дифференцированных первичных человеческих эпителиальных клетках носа (hNEC). Показано, что приобретенная инфекционность SARS-CoV-2 JN.1 по сравнению с BA.2.86 связана с повышенной эффективностью проникновения, обеспечиваемой L455S, и лучшим расщеплением шипа в hNEC. Структурно S455 изменил способ связывания белка-шипа JN.1 с ACE2 по сравнению с шипом BA.2.86 в ACE2H34 и модифицировал внутреннюю структуру белка-шипа JN.1, увеличив количество водородных связей с соседними остатками. Эти результаты указывают на то, что одна мутация (L455S) усиливает проникновение вируса в hNECs и увеличивает иммунное уклонение, что способствует надежной трансмиссивности SARS-CoV-2 JN.1. Изучены вирусологические характеристики *in vitro* и *in vivo* SARS-CoV-2 BA.2.86/JN.1 и EG.5.1/HK.3 и определены ключевые специфичные для линии особенности двух сублиний Omicron, которые способствуют нашему пониманию антигенности, трансмиссивности и патогенности этого варианта.

2. doi:<https://doi.org/10.1101/2024.10.09.24313595>

This article is a preprint

### **A Benchmark of methods for SARS-CoV-2 whole genome sequencing and development of a more sensitive method**

Эталонный метод для полногеномного секвенирования SARS -CoV-2 и разработка более чувствительного метода

[View ORCID ProfileAnthony Bayega](#), [View ORCID ProfileSarah J. Reiling](#), [View ORCID ProfileIsabelle Dubuc](#), [View ORCID ProfileAnnie Gravel](#), [View ORCID ProfileLouis Flamand](#), [View ORCID ProfileJiannis Ragoussis](#)

## Аннотация

Свирепствующая пандемия COVID-19, вызванная SARS-CoV-2, к настоящему времени унесла жизни 4,6 миллиона человек и продолжает заражать еще больше. Кроме того, эволюция вируса вызвала мутации, которые поставили под угрозу мероприятия общественного здравоохранения, такие как режимы вакцинации и лечение моноклональными антителами и сыворотками для выздоравливающих. В ответ на это были разработаны беспрецедентные крупномасштабные подходы к полногеномному вирусному надзору для отслеживания эволюции и моделей передачи вируса внутри популяций и между ними. Здесь мы стремились сравнить эффективность подходов к полногеномному секвенированию SARS-CoV-2 с использованием синтетического генома SARS-CoV-2 и шести вариантов SARS-CoV-2 в культуре клеток, титрованных для представления образцов с высокой, средней и низкой вирусной нагрузкой. Мы обнаружили, что протоколы ARTIC показали наилучшие результаты с точки зрения выхода ПЦР-ампликона, дав на 67% больше ампликонов, чем протокол Entebbe, который был вторым по величине протоколом ПЦР-ампликона. Результаты протокола ARTIC v4.1 были лишь немного лучше, чем у ARTIC v3. Несмотря на получение наименьшего количества ПЦР-ампликонов, протокол SNAP показал наивысшую полноту генома при использовании синтетического генома с высоким титром вируса, за которым следуют протоколы ARTIC. Однако протоколы ARTIC показали наибольшую полноту генома при работе с вариантами SARS-CoV-2 в клеточных культурах при высоких, средних и низких титрах вируса. Протокол ARTIC также лучше всего подходит для определения правильной линии среди вариантов SARS-CoV-2 в клеточных культурах при различных титрах вируса. Мы также разработали новый метод под названием ARTIC-Amp, который использует протокол ARTIC и выполняет амплификацию по кругу для увеличения выхода ампликонов. В экспериментальном подтверждении принципа работы этот метод показал 100-процентное покрытие всех четырёх целевых генов в трёх повторах, в отличие от протокола ARTIC, в котором один из трёх генов не был покрыт в двух повторах. Наши результаты демонстрируют надёжность протокола ARTIC и предлагают усовершенствованный метод, который может быть полезен для образцов с ограниченным содержанием РНК SARS-CoV-2, например, для образцов сточных вод.

3. Emerg Microbes Infect. 2024 Oct 11:2412643. doi: 10.1080/22221751.2024.2412643. Online ahead of print.

### **Neutralisation Resistance of SARS-CoV-2 Spike-Variants is Primarily Mediated by Synergistic Receptor Binding Domain Substitutions**

Устойчивость к нейтрализации вариантов шиповидного белка SARS-CoV-2 в первую очередь обусловлена синергетическими заменами в рецептор-связывающем домене

Long V Pham, Alexander P Underwood, Alekxander Binderup, Ulrik Fahnøe, Carlota Fernandez-Antunez, Blanca Lopez-Mendez, Line Abildgaard Ryberg, Andrea Galli, Christina Sølund, Nina Weis, Santseharay Ramirez Jens Bukh

#### **Аннотация**

Эволюция SARS-CoV-2 привела к появлению многочисленных вызывающих беспокойство вариантов (VOC), характеризующихся изменениями в гликопротеине шиповидного белка вируса, который является основной мишенью для нейтрализующих антител (нАт). Появляющиеся VOC, особенно подлинии омикрон-штамма, демонстрируют устойчивость к нАт, вызванную предшествующей инфекцией или вакцинацией. Точные изменения в шиповидном белке, способствующие этой устойчивости, остаются неясными в системах культивирования инфекционных клеток. В настоящем исследовании с помощью обратной генетической системы была создана большая панель инфекционных вирусов-мутантов SARS-CoV-2, каждый из которых содержит изменения в белке-шипе, обнаруженные в вариантах, вызывающих беспокойство, включая омикрон JN.1 и его производные KP.2 и KP.3. Восприимчивость этих вирусов к нейтрализующим антителам была измерена с помощью плазмы выздоравливающих и вакцинированных людей. В устойчивости к нейтрализации наблюдалась синергетическая роль комбинированных замен в рецептор-связывающем домене (RBD) белка-шипа. Однако рекомбинантные вирусы со всем белком-шипом из конкретного VOC показали повышенную устойчивость, что указывает на то, что изменения за пределами RBD также значительны. *In silico* анализ эпитопов спайк-антител показал, что изменения в нейтрализации могут быть вызваны измененным сродством к связыванию антител. Оценка использования ACE2 для проникновения посредством блокирования антител против ACE2 и мРНК ACE2 показала, что мутантные вирусы omicron BA.2.86 и JN.1 были менее зависимы от ACE2 для проникновения. Однако анализ поверхностного



плазмонного резонанса показал повышенное сродство к ACE2 как для BA.2.86, так и для JN.1 по сравнению с предковым спайком. Этот подробный анализ специфических изменений в спайке SARS-CoV-2 улучшает понимание эволюции коронавируса, особенно в отношении уклонения от нейтрализующих антител и зависимости от рецептора входа ACE2.

4. doi:<https://doi.org/10.1101/2024.10.16.618773> This article is a preprint

## **Virological characteristics of the SARS-CoV-2 XEC variant**

### **Вирусологические характеристики варианта SARS-CoV-2 XEC**

Yu Kaku, Kaho Okumura, Shusuke Kawakubo, Keiya Uriu, Luo Chen, Yusuke Kosugi, Yoshifumi Uwamino, MST Monira Begum, Sharee Leong, Terumasa Ikeda, Kenji Sadamasu, Hiroyuki Asakura, Mami Nagashima, Kazuhisa Yoshimura, The Genotype to Phenotype Japan (G2P-Japan) Consortium, Jumpei Ito, Kei Sato

#### **Аннотация**

К началу 2024 года вариант SARS-CoV-2 JN.1 (BA.2.86.1.1), произошедший от BA.2.86.1 с заменой S:L455S в шиповидном белке (S), вытеснил ранее преобладавшие линии ХВВ. Впоследствии появились подварианты JN.1, в том числе KP.2 (JN.1.11.1.2) и KP.3 (JN.1.11.1.3), которые приобрели дополнительные замены S (например, S:R346T, S:F456L и S:Q493E). По состоянию на октябрь 2024 года вариант KP.3.1.1 (JN.1.11.1.3.1.1), получивший мутацию S:31del, вытеснил другие подварианты JN.1, включая KP.2 и KP.3, и стал самым распространённым вариантом SARS-CoV-2 в мире. Впоследствии, 7 августа 2024 года, в Германии был впервые выявлен ХЕС — рекомбинантная линия KS.1.1 (JN.13.1.1.1) и KP.3.3 (JN.1.11.1.3.3). ХЕС получил две замены S, S:T22N и S:F59S, по сравнению с KP.3 в результате рекомбинации с точкой разрыва в позиции 21 738–22 599 генома. Мы оценили относительный эффективный коэффициент репродукции (Re) ХЕС с помощью байесовской мультиномиальной логистической модели на основе данных генома из США, Великобритании, Франции, Канады и Германии, где этот вариант распространился по состоянию на август 2024 года. В США Re ХЕС в 1,13 раза выше, чем у KP.3.1.1. Кроме того, в других странах, которые мы исследовали, показатель Re для ХЕС был выше. Эти результаты свидетельствуют о том, что ХЕС может вытеснить другие основные линии, включая KP.3.1.1. Затем мы оценили вирусологические свойства ХЕС с помощью псевдовирусов. Анализ на

заражение псевдовиром показал, что инфекционность КР.3.1.1 и ХЕС была значительно выше, чем у КР.3. Хотя S:T22N не влиял на инфекционность псевдовиром на основе КР.3, S:F59S значительно повышал её. Анализ на нейтрализацию проводился с использованием трёх типов человеческих сывороток: сывороток выздоравливающих после прорывной инфекции (ВТИ) ХВВ.1.5 или КР.3.3 и сывороток выздоравливающих после заражения JN.1. Во всех группах сывороток ХЕС, а также КР.3.1.1 продемонстрировали иммунную устойчивость по сравнению с КР.3 со статистически значимыми различиями. В случае сывороток ХВВ.1.5 ВТИ и сывороток JN.1 титры нейтрализации 50% (NT50) ХЕС и КР.3.1.1 были сопоставимы. Однако мы обнаружили, что NT50 ХЕС был значительно (в 1,3 раза) ниже, чем у КР.3.1.1. Более того, S:T22N и S:F59S значительно (в 1,5 и 1,6 раза) повысили устойчивость к сывороткам КР.3.3 ВТИ. Здесь мы показали, что ХЕС обладает более высокой инфекционностью псевдовиром и более высокой способностью уклоняться от иммунного ответа, чем КР.3. В частности, ХЕС обладает более высокой устойчивостью к иммунному ответу на КР.3.3 ВТИ, чем КР.3.1.1. Наши данные свидетельствуют о том, что более высокая  $R_e$  у ХЕС, чем у КР.3.1.1, обусловлена этим свойством, и в ближайшем будущем ХЕС станет преобладающим вариантом SARS-CoV-2 в мире.

5. Microbiol Spectr . 2024 Oct 16:e0424823. doi: 10.1128/spectrum.04248-23.  
Online ahead of print..

### **Rapid detection of SARS-CoV-2 variants by molecular-clamping technology-based RT-qPCR**

Быстрое обнаружение вариантов SARS-CoV-2 с помощью RT-qPCR на основе технологии молекулярного клонирования

Shuo Shen, Andrew Y Fu, Mair Jamba, Jonathan Li, Zhen Cui 1, Larry Pastor, Daniel Cataldi, Qing Sun, Joseph A Pathakamuri, Daniel Kuebler, Michael Rohall, Madison Krohn, Daniel Kissinger, Jocelyn Neves, Isaac Archibeque, Aiguo Zhang, Chuanyi M Lu, Michael Y Sha

#### **Аннотация**

Учитывая проблемы, которые вызвали варианты SARS-CoV-2 с точки зрения быстрого распространения и снижения эффективности вакцин, во всём мире крайне необходим быстрый и экономичный анализ, который может выявлять новые и появляющиеся варианты. Мы успешно применили технологию молекулярного зажима на основе ксенонуклеиновых кислот для разработки

мультиплексного количественного ПЦР-анализа в реальном времени с обратной транскрипцией для многовариантного выявления SARS-CoV-2. Этот анализ был использован для тестирования 649 образцов мазков из носоглотки, взятых для клинической диагностики или наблюдения. Анализ позволил правильно идентифицировать все 36 образцов штамма «Дельта», так как он точно выявляет мутации D614G, T478K и L452R. Кроме того, анализ позволил правильно идентифицировать все 34 образца штамма «Омикрон», так как он выявляет мутации K417N, T478K, N501Y и D614G. Этот метод надёжно выявляет различные варианты и имеет аналитическую чувствительность 100 копий/мл. В заключение отметим, что этот новый анализ может служить быстрым и экономичным инструментом для крупномасштабного выявления вариантов SARS-CoV-2.