

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 9 по 15 ноября 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 9 по 15 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 15 ноября 2024 г.)

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

Таблица 2. Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM) и циркулирующие в настоящее время (по состоянию на 15 ноября 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 17 066 072 генома вируса SARS-CoV-2 (за прошедшую неделю депонировано 10 730 геномных последовательностей, за предыдущий аналогичный период – 10 437). В мире странами – лидерами по количеству депонированных штаммов SARSCoV-2 остаются США (5 227 004 генома – 30,6% от всех размещенных в GISAID) и Великобритания (3 173 837 геномов – 18,6%).

Всего в базу данных GISAID депонировано 9 541 811 геномов варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 10 290 геномных последовательностей – 95,9% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 96,4%). Российскими лабораториями размещено 90 632 генома вируса SARS-CoV-2, в том числе варианта Omicron – 58 194 геномные последовательности.

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 всего 29 стран (13,5%) (за предыдущие – 30 стран (13,9%)) депонировали новые геномные последовательности Omicron в GISAID.

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

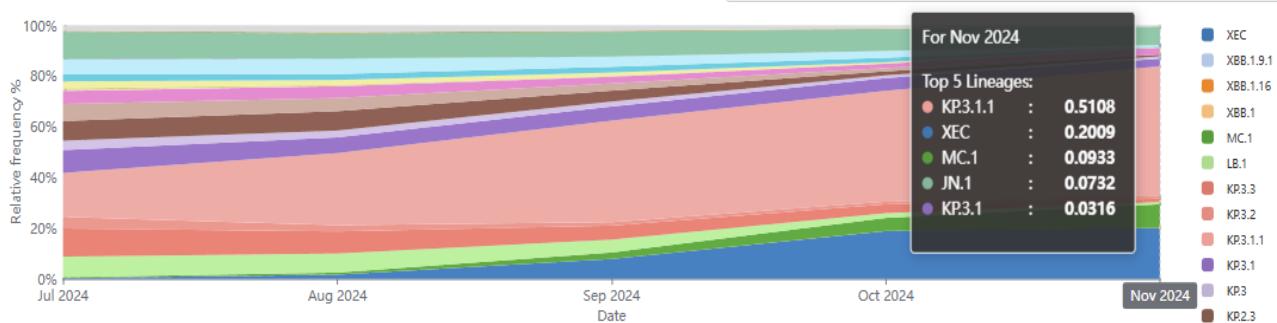


Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 15 ноября 2024 г.)

Динамика распространения в регионах ВОЗ субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID с 6 августа по 4 ноября 2024 г. представлена на рисунках 2 и 3. В странах Африки доминировали субварианты JN.1.11 (29,8%), JN.1.20 (14,9%), KP.3.1.1 (9,9%); в регионе Юго-Восточной Азии – KP.3.3

(23,8%), XDV (16,6 %), KP.3.1.1 (12,7%); в Европейском регионе – KP.3.1.1 (46,2%); XEC (14,3%) (рис 2). В регионе Северной Америки среди циркулирующих субвариантов Omicron преобладали KP.3.1.1 (48,9%) и KP.2.3 (8,85%), в Западно-Тихоокеанском регионе – KP.3.1.1 (40,1 %) и XEC (9,9%), в Южной Америке – KP.3.1.1 (23,8 %), JN.1.16.1 (14,2 %) и JN.1.11 (13,6%) (рис. 3).

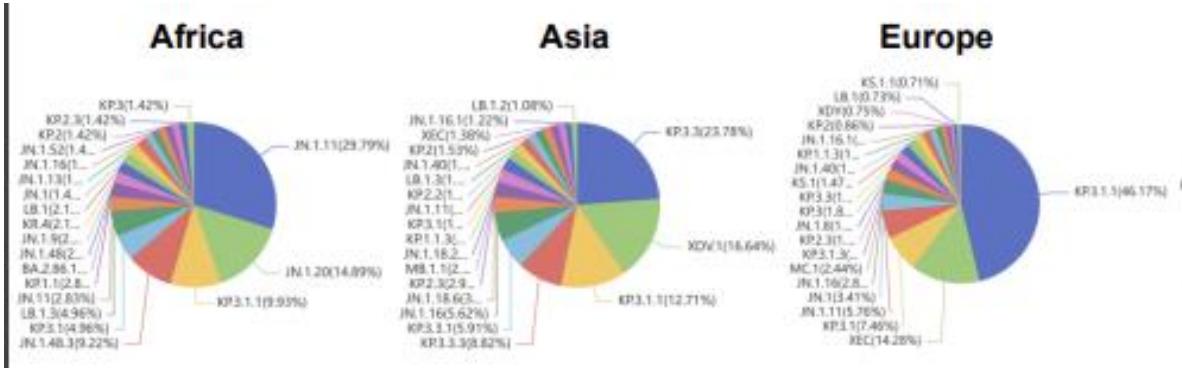


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в регионах – Африканском, Юго-Восточной Азии и Европейском

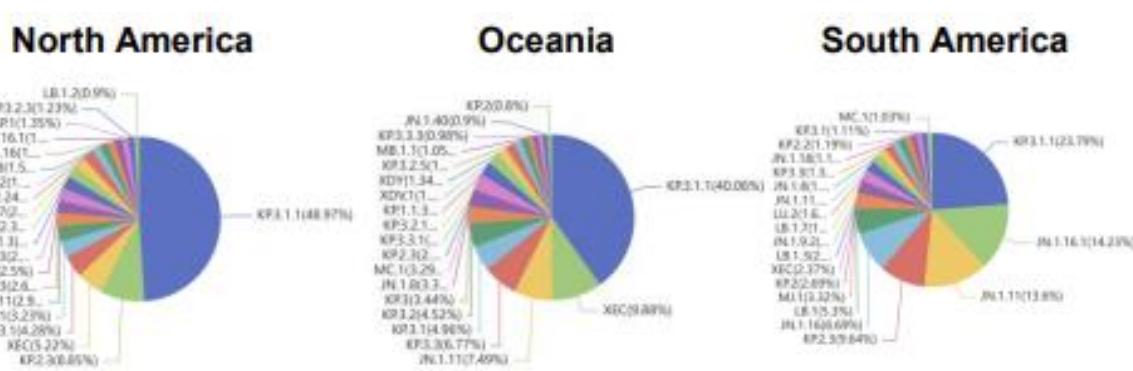


Рисунок 3 Распространение субвариантов Omicron в регионах – Северной и Южной Америки и Тихоокеанском

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

По состоянию на 15 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 трех стран (США, Италия, Россия).

Геномные последовательности субварианта JN.1 представлены из 146 стран. За прошедшую неделю распространенность субварианта снизилась с 8,3 % до 7,3%. В базу данных GISAID за последние 4 недели всего депонировано 6 284 геномные последовательности из 29 стран (преимущественно из Канады, США, Великобритании, Швеции, Австралии, Дании, Италии, Сингапура, Японии).

Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)

С момента идентификации в базе данных GISAID распространение субварианта KP 3.1.1 оценивается на уровне 51,1 % (+4,34% за прошедшую неделю).

Последовательности размещены из 72 стран, преимущественно из США, Канады, Испании, Великобритании, Франции (Рис. 4).

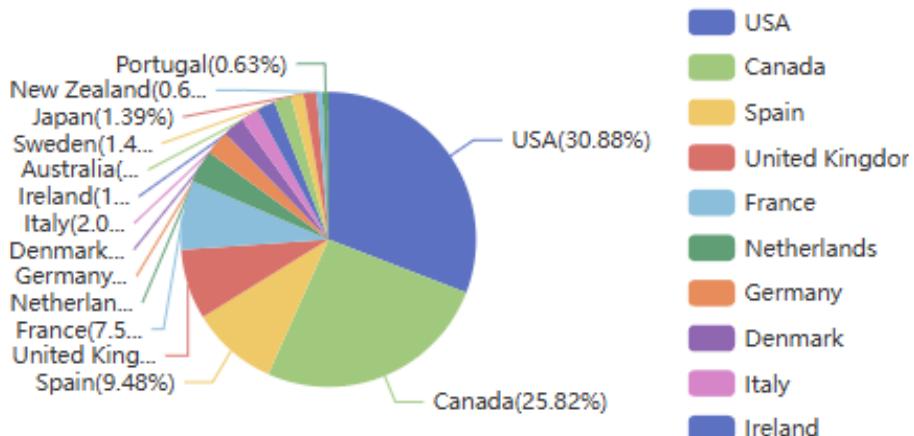


Рисунок 4. Страны с наибольшим депонированием последовательностей субварианта KP.3.1.1 (по состоянию на 15 ноября 2024г.)

В базе данных GISAID геномные последовательности субварианта XEC размещены из 44 стран. В мире отмечается рост распространенности субварианта XEC (+2,9% за прошедшую неделю). За последние 4 недели удельный вес XEC среди секвенированных штаммов составил в Испании – 42,4%, Германии – 40,2%, Франции – 38,9%, Великобритании – 32,4%, Швеции 32,3%, Италии – 25,4%, Дании – 22,7%, Австралии – 21,1%, Канаде – 19,7%.

В базе GISAID депонировано 19 189 последовательностей субварианта LB.1, как минимум, из 87 стран. Распространенность субварианта зарегистрирована на уровне 0,9%.

Субвариант JN.1.18 секвенирован в лабораториях 90 стран, распространность в мире – 1%.

Субвариант KP.2 циркулирует, как минимум, в 94 странах. За последние 4 недели распространность субварианта в мире зарегистрирована на уровне 2,6%; в Китае – 11,2%, Дании – 3,3%, Швеции – 2,8%.

Субвариант KP.3 (FLuQE) секвенирован лабораториями 80 стран. За последние 4 недели наибольшее распространение штамма зафиксировано в Польше, Японии, Канаде, Дании, Австралии, Великобритании, Швеции на уровне 89,7%, 78,1%, 70,8%, 64,5%, 60,8%, 58,2%, 52% соответственно.

Субвариант JN.1.7 депонирован как минимум, из 69 стран, распространность 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 (19.10. – 15.11.2024 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	185327	385	100,0
Австрия (стабилизация заболеваемости)	Berghaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	194671	4	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
Американская 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)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing	168	0	0,0

заболеваемости)	Platform			
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	10901	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	25	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(RRPECM)	120	0	0,0
Белиз (стабилизация	Texas Children's Microbiome Center	703	0	0,0

заболеваемости)				
Бельгия (стабилизация заболеваемости)	KU Leuven, Rega Institute, Clinical and Epidemiological Virology	100500	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	131217	10	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	MRC/UVRI & LSHTM Uganda Research Unit,	93	0	0,0

заболеваемости)	National Institute of Public Health			
Великобритания (стабилизация заболеваемости)	COVID–19 Genomics UK (COG–UK) Consortium. Wellcome Sanger Institute for the COVID–19 Genomics UK (COG–UK) consortium.	1545318	844	100,0
Венгрия (стабилизация заболеваемости)	National Laboratory of Virology, Szentágothai Research Centre	747	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)	6681	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)	829	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	752	0	0,0
Гватемала (стабилизация заболеваемости)	Asociación de Salud Integral/Clínica Familiar Luis Ángel García	5058	0	0,0
Гвинея (стабилизация заболеваемости)	Centre de Recherche et de Formation en Infectiologie Guinée	538	0	0,0
Гвинея-Бисау (стабилизация заболеваемости)	MRCG at LSHTM, Genomics lab	19	0	0,0
Германия (рост заболеваемости)	Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie. Institute of infectious medicine &	588733	180	100,0

	hospital hygiene, CaSe-Group.			
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	16704	35	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)	27402	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.	2687	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.	393325	265	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	LNR-TB	1	0	0,0

заболеваемости)				
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	122884	0	0,0
Индия (стабилизация заболеваемости)	Department of Neurovirology, National Institute of Mental Health and Neurosciences(NIMHANS).CSIR–Centre for Cellular and Molecular Biology	148798	0	0,0
Индонезия (стабилизация заболеваемости)	National Institute of Health Research and Development	41347	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	65950	84	100,0
Исландия (стабилизация заболеваемости)	Landspitali Department of Clinical Microbiology	12011	0	0,0
Испания (стабилизация заболеваемости)	Hospital Universitario 12 de Octubre	169716	153	100,0
Италия (стабилизация заболеваемости)	Army Medical Center, Scientific Department, Virology Laboratory	103548	143	99,3
Кабо–Вerde (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 Rechercherches sur les Maladies Emergentes et Ré-émergentes)	1364	0	0,0
Канада (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de santé publique du Québec	403568	4124	99,9
Каймановы острова	Cayman Islands Molecular Biology Laboratory	286	0	0,0
Катар (стабилизация заболеваемости)	Biomedical Research Center(BRC), Qatar University / Qatar Genome Project(QGP)	1828	21	100,0
Кения (стабилизация заболеваемости)	KEMRI-Wellcome Trust Research Programme/KEMRI-CGMR-C Kilifi	6339	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	84338	60	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)	Inciensa, Instituto Costarricense de Investigación y Enseñanza en Nutrición y Salud	10991	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	1044	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)	Berghaler 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	0,0
Макао (стабилизация заболеваемости)	Centro de Sequenciamento Genômico	1	0	0,0
Маврикий (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	8248	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	376	0	0,0
Малайзия (рост	Institute for Medical Research, Infectious Disease	36477	0	0,0

заболеваемости)	Research Centre, National Institutes of Health, Ministry of Health Malaysia			
Малави (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform	283	0	0,0
Мали (стабилизация заболеваемости)	Northwestern University – Center for Pathogen Genomics and Microbial Evolution	160	0	0,0
Мальдивы (стабилизация заболеваемости)	Indira Gandhi Memorial Hospital	333	0	0,0
Мальта (стабилизация заболеваемости)	Molecular Diagnostics Pathology Department Mater Dei Hospital Malta	163	0	0,0
Маршалловы острова (стабилизация заболеваемости)	State Laboratories Division, Hawaii State Department of Health	42	0	0,0
Марокко (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de Biotechnologie	1740	0	0,0
Мартиника (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	1543	0	0,0
Мексика (стабилизация заболеваемости)	Instituto de Diagnostic y Referencia Epidemiologicos (INDRE)	49303	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 Communication Disease (NCCD) National Influenza Center	1069	0	0,0
Монтсеррат (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of Preclinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies	12	0	0,0
Мьянма (стабилизация заболеваемости)	DSMRC	191	0	0,0
Намибия (стабилизация	National Institute for Communicable Diseases of	877	0	0,0

заболеваемости)	the National Health Laboratory Service			
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)	90255	0	0,0
Ниуэ	Institute of Environmental Science and Research (ESR)	39	0	0,0
Новая Зеландия (рост заболеваемости)	Institute of Environmental Science and Research(ESR)	43766	49	100,0
Новая Кaledония (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de Microbiologie Centre Hospitalier Territorial de Nouvelle-Calédonie	129	0	0,0
Норвегия (стабилизация заболеваемости)	Norwegian Institute of Public Health, Department of Virology	36722	10	100,0
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	935	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	Gorgas memorial Institute For Health Studies	3361	0	0,0

заболеваемости)				
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	47939	38	100,0
Португалия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Saude(INSA)	25723	18	100,0
Пуэрто Рико (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	22980	5	100,0
Республика Вануату (стабилизация заболеваемости)	Microbiological Diagnostic Unit - Public Health Laboratory (MDU-PHL)	100	0	0,0
Республика Джибути (стабилизация заболеваемости)	Naval Medical Research Center Biological Defense Research Di-rectorate	633	0	0,0
Республика Кирибати (стабилизация заболеваемости)	Microbiological Diagnostic Unit - Public Health Laboratory (MDU-PHL)	136	0	0,0
Республика Конго (стабилизация заболеваемости)	Institute of Tropical Medicine	216	0	0,0
Республика Мадагаскар (стабилизация заболеваемости)	Virology Unit, Institut Pasteur de Madagascar	57	0	0,0
Республика Никарагуа (стабилизация заболеваемости)	MSHS Pathogen Surveillance Program, CNDR, Departamento de Virología	335	0	0,0

Республика Сальвадор (стабилизация заболеваемости)	Genomics and Proteomics Departament, Gorgas Memorial Institute For Health Studies	699	0	0,0
Республика Чад (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Genomics Lab, National Institute for Biomedical Research (INRB),	28	0	0,0
Реюньон (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	12133	0	0,0
Россия (стабилизация заболеваемости)	WHO National Influenza Centre Russian Federation. Center for Precision Genome Editing and Genetic Technologies for Biomedicine, Pirogov Medical University, Moscow, Russian Federation. Federal Budget Institution of Science, State Research Center for Applied Microbiology & Biotechnology. Group of Genetic 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.	57558	0	0,0
Руанда (стабилизация заболеваемости)	GIGA Medical Genomics	205	0	0,0
Румыния (стабилизация заболеваемости)	National Institute of Infectious Diseases–Prof. Dr. Matei Bals Molecular Diagnostics Laboratory	12536	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	621	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	141	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	0	0,0
Словения (стабилизация заболеваемости)	Institute of Microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, University of Ljubljana	38512	57	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.	2801640	1375	99,6
Сьерра-Леоне (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Reference Laboratory	2	0	0,0
Тайланд (ростзаболеваемости)	COVID-19 Network Investigations(CONI) Alliance	32674	5	100,0
Тайвань (стабилизация заболеваемости)	Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision Medicine	5828	36	100,0
Танзания (стабилизация заболеваемости)	Jiaxing Center for Disease Control and Prevention	11	0	0,0
Теркс и Кайкос (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of Preclinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies, St Augustine Campus	17	0	0,0
Тимор-Лешти (стабилизация заболеваемости)	Microbiological Diagnostic Unit – Public Health Laboratory (MDU-PHL)	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	Carrington Lab, Department of PreClinical	2822	0	0,0

(стабилизация заболеваемости)	Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies			
Тунис (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de linique linique – Institut Pasteur de Tunis	946	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”	7375	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	16491	0	0,0
Финляндия (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Faculty of Medicine, University of Helsinki	26884	0	0,0
Франция (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	417895	133	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	26338	10	100,0

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	34823	0	0,0
Чили (стабилизация заболеваемости)	Instituto de Salud Publica de Chile	29622	0	0,0
Швейцария (стабилизация заболеваемости)	Department of Biosystems Science and Engineering, ETH Zürich.	58932	0	0,0
Швеция (стабилизация заболеваемости)	The Public Health Agency of Sweden	137037	542	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 Investigaciónen Salud Pública, INSPI	7494	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 Laboratory Service)	781	0	0,0
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.	28727	0	0,0
Южная Корея (стабилизация заболеваемости)	Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency	168009	8	100,0

Южный Судан (стабилизация заболеваемости)	MRC/UVRI & LSHTM Uganda Research Unit, South Sudan Ministry of Health, WHO South Sudan	39	0	0,0
Ямайка (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies	3426	0	0,0
Япония (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Genomics Center, National Institute of Infectious Diseases	494832	152	100,0

Публикации

1. Biochem Biophys Res Commun. 2024 Nov 4:739:150948.
doi: 10.1016/j.bbrc.2024.150948. Online ahead of print.

Exploring B-cell epitope conservation and antigenicity shift in current COVID-19 variants: Analyzing spike-antibody interactions for therapeutic uses

Изучение консерватизма эпитопа В-клеток и изменения антигенностии в современных вариантах COVID-19: анализ взаимодействия спайк-антитело для использования с терапевтическими целями

Alankar Roy, Ishani Paul, Tanwi Paul и др.

SARS-CoV-2 претерпел значительные генетические изменения, что привело к возникновению вариантов, различающихся в аспектах заразности, тяжести вызываемой инфекции и эффективности вакцины. Проведена оценка вариантов SARS-CoV-2, обозначенных ВОЗ как представляющие интерес (VOI) и варианты под наблюдением (VUM). Несколько заслуживающих внимания мутаций, включая G446S, K417N, T478K, E484A, N501Y и Y505H, демонстрируют выраженную закономерность конвергентной эволюции во всех этих вариантах, особенно в антигенных участках внутри белка спайка. Картирование конформационных эпитопов и анализ сдвига антигенностии подразумевали изменения эпитопов, которые сравнивались в терапевтических целях. VUM BA.2.86 и XBB.2.3 демонстрируют значительные изменения антигенностии и динамику эпитопов, коррелирующие с высокими значениями среднеквадратичного отклонения и расширениями или сокращениями эпитопов. Несинонимичные мутации преобладают во всех вариантах, что предполагает функциональные изменения, влияющие на трансмиссионность и иммунное уклонение. VOI XBB.1.5, BA.2.86 и CH.1.1 демонстрируют высокую доступную для растворителя площадь поверхности и радиус инерции, что указывает на структурное расширение и повышенную доступность эпитопа. Напротив, стабильный VOI EG.5.1 демонстрирует минимальные структурные изменения и умеренное расширение эпитопа. Авторы оценили два класса антител на предмет их эффективности в нейтрализации вариантов SARS-CoV-2. Антитела CC12.1 и P4A1 из класса I, наряду с CV07-250, P5A-2G9 и MW05 из класса II, демонстрируют сильное связывание между несколькими вариантами, что указывает на широкие нейтрализующие возможности. В частности, P4A1 демонстрирует наивысшее сродство к EG.5 и EG.5.1, в то время как MW05 демонстрирует самое сильное связывание с XBB.1.5, CH.1.1 и XBB.2.3, подчеркивая их мощный потенциал нейтрализации.

2. Biochem Genet. 2024 Nov 8. doi: 10.1007/s10528-024-10962-8. Online ahead of print.

Genomic Surveillance and Molecular Characterization of SARS-CoV-2 Variants During the Peak of the Pandemic in Türkiye

Геномный надзор и молекулярная характеристика вариантов SARS-CoV-2 в разгар пандемии в Турции

Faruk Berat Akçeşme, Tuğba Kul Köprülü, Burçin Erkal Çam и др.

Всего было собрано 1346 образцов мазков из носоглотки, но только 879 высококачественных геномов SARS-CoV-2 были изолированы, подвергнуты секвенированию нового поколения и проанализированы как статистически, так и в отношении мутаций всесторонне. Также были изучены распределение кладов и линий в разных городах Турции и связь вариантов SARS-CoV-2 с возрастными группами и клиническими характеристиками COVID-19. Мониторинг частоты кладов и линий проводили в течение 10 месяцев. Наконец, несинонимичные мутации, не определенные в конкретных вариантах SARS-CoV-2 (в течение этого периода), были выявлены путем проведения анализа мутаций. B.1.1.7 (альфа) и B.1.617.2 (дельта) варианты SARS-CoV-2 также были идентифицированы в данном исследовании с марта по декабрь 2021 года. Наблюдали значительную связь вариантов SARS-CoV-2 с возрастными группами и городами. Кроме того, E:T9I, S:A27S, S:A67V, S:D796Y, S:K417N, S:N440K, S:R158X, S:S477N (частота ниже 1%) были определены как специфические мутации, общие с вариантом Омикрон, который появился позже. Это исследование подчеркнуло важность постоянного мониторинга генетического разнообразия SARS-CoV-2 для обеспечения лучших стратегий профилактики.

3. BMC Genomics. 2024 Nov 11;25(1):1063. doi: 10.1186/s12864-024-10973-0.

Sustained applicability of SARS-CoV-2 variants identification by Sanger Sequencing Strategy on emerging various SARS-CoV-2 Omicron variants in Hiroshima, Japan

Устойчивая возможность применения идентификации вариантов SARS-CoV-2 с помощью стратегии секвенирования по Сэнгеру в отношении вновь появляющихся вариантов омикрон SARS-CoV-2 в Хиросиме, Япония

Chanroth Chhoung, Ko Ko, Serge Ouoba и др.

Эволюция SARS-CoV-2 продолжается, приводя к появлению новых вариантов, характеризующихся мутациями в белке спайка. Однако имеющиеся данные относительно эволюционной тенденции вируса не являются широкодоступными после понижения статуса COVID-19. Поэтому данное исследование было направлено на изучение применимости внутреннего метода на основе Сэнгера для идентификации вариантов SARS-CoV-2, особенно с упором на недавно появившиеся варианты Омикрон и обновление эпидемиологии COVID-19 во время 8-й волны в префектуре Хиросима. В исследование было включено в общей сложности 639 образцов слюны лиц, у которых был положительный результат теста на COVID-19, полученных из клинического лабораторного центра

Медицинской ассоциации города Хиросима в период с 1 февраля 2023 года по 12 марта 2024 года. Варианты SARS-CoV-2 были идентифицированы у 69,3% (443/639) со средним вирусным титром 2×10^6 копий/мл и высоким вирусным титром у варианта Omicron XBC.1.6* (5×10^8 копий/мл) с использованием ОТ-кПЦР. С помощью частичного секвенирования на основе гена Spike с использованием стратегии секвенирования по Сэнгеру были идентифицированы сублинии Omicron XXB.1, BA.5 и EG.1 в разные периоды. Комплексный филогенетический анализ 7383 штаммов SARS-CoV-2, полученных из GISAID, собранных в Хиросиме с начала пандемии COVID-19 в 2020 году по июль 2024 года, показал динамическую эволюцию вариантов SARS-CoV-2 с течением времени. Исследование выявило схожую картину распределения вариантов между полными геномами из GISAID и частичными геномами, полученными за тот же период. Исследование показало, что все вирусы SARS-CoV-2, циркулировавшие в Хиросиме, были вариантами омикрон и их сублиниями во время 8-й волны пандемии в Хиросиме. Постоянное молекулярное наблюдение за SARS-CoV-2 необходимо для оперативного принятия решений и стратегического планирования. Это исследование добавило доказательства полезности стратегии идентификации вариантов SARS-CoV-2 на основе частичного секвенирования гена спайка SARS-CoV-2 для массового скрининга и молекулярного наблюдения, даже несмотря на эволюцию вновь появившихся различных вариантов SARS-CoV-2 омикрон.

4. EBioMedicine. 2024 Nov 11:110:105437. doi: 10.1016/j.ebiom.2024.105437. Online ahead of print.

A substitution at the cytoplasmic tail of the spike protein enhances SARS-CoV-2 infectivity and immunogenicity

Замена в цитоплазматическом хвосте белка-шипа повышает инфекционность и иммуногенность SARS-CoV-2

Yuhan Li, Xianwen Zhang, Wanbo Tai и др.

Глобальное распространение SARS-CoV-2 Omicron предоставило достаточную возможность для естественного отбора, что позволило появиться полезным мутациям. Характеристика этих мутаций раскрывает базовый механизм, ответственный за быструю передачу вариантов омикрон, и способствует разработке вакцины. Благодаря систематическому биоинформационическому анализу 496 606 последовательностей вариантов омикрон авторы получили 40 аминокислотных замен, которые с высокой частотой встречались в белке S. Используя псевдовирусы и систему транскомплементации SARS-CoV-2, они определили влияние высокочастотных мутаций на вирусную инфекционность и выяснили его молекулярные механизмы. Оценили влияние ключевой возникающей мутации на иммунную защиту, вызванную вакциной мРНК VLP SARS-CoV-2 на мышиной модели. Идентифицировали замену пролина на лейцин в 1263-м остатке

белка Spike, и после исследования относительных частот в нескольких сублиниях омикрон обнаружили тенденцию к увеличению частоты для P1263L. Замена значительно увеличивает способность к S-опосредованному проникновению вируса и улучшает иммуногенность вакцины на основе вирусоподобных частиц мРНК. Механистические исследования показали, что эта мутация расположена в мотиве связывания FERM цитоплазматического хвоста и нарушает взаимодействие между белком S и белками эзрин/радиксин/моэзин. Кроме того, эта мутация облегчает включение белков S в вирионы SARS-CoV-2. Это исследование предлагает механистическое понимание постоянно растущей трансмиссивности вариантов омикрон SARS-CoV-2 и предоставляет значимую стратегию оптимизации для разработки вакцины против SARS-CoV-2.

5. J Infect Dis. 2024 Nov 9:jiae554. doi: 10.1093/infdis/jiae554. Online ahead of print.

Fitness of SARS-CoV-2 Omicron subvariants in respiratory and gastrointestinal cell lines as determined by RT-ddPCR and whole genome sequencing

Приспособленность субвариантов омикрон SARS-CoV-2 к линиям клеток дыхательных путей и желудочно-кишечного тракта, определенная с помощью RT-ddPCR и полногеномного секвенирования

Mathilde Hénaut, Julie Carboneau, Inès Levade, Guy Boivin

Приспособленность субвариантов SARS-CoV-2 Omicron определялась в эпителиальных и непрерывных клетках дыхательного и желудочно-кишечного трактов человека. Проводились эксперименты по конкуренции в течение 4 дней с последующей количественной оценкой соотношений вариантов с помощью цифровой капельной ПЦР с обратной транскрипцией. Эти количественные данные коррелировали с полногеномным секвенированием. В экспериментах по конкуренции двух субвариантов более поздний субвариант XBB.1 превзошел субвариант BA.1.15 на ранних временных точках в эпителии верхних дыхательных путей. Различий в репликации между двумя субвариантами в нижних дыхательных путях не наблюдалось. Кроме того, XBB.1 преобладал над субвариантами BA.1.15 и JN.1.1 в желудочно-кишечном тракте.