

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 23 по 29 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 23 по 29 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 29 ноября 2024 г.)

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

Таблица 2. Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM) и циркулирующие в настоящее время (по состоянию на 29 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 17 084 311 геномов вириуса SARS-CoV-2 (за прошедшую неделю депонировано 8 576 геномных последовательностей, за предыдущий аналогичный период – 9 663). В мире странами – лидерами по количеству депонированных штаммов SARSCoV-2 остаются США (5 231 498 геномов – 30,6% от всех размещенных в GISAID) и Великобритания (3 174 296 геномов – 18,6%).

Всего в базу данных GISAID депонировано 9 558 616 геномов варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 7 140 геномных последовательностей – 83,3% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вириуса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 98,9%). Российскими лабораториями размещено 90 632 генома вириуса SARS-CoV-2, в том числе варианта Omicron – 58 194 геномные последовательности.

В базе данных GISAID зафиксировано депонирование варианта Omicron из 213 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, 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, 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 25 стран (11,7%) (за предыдущие – 30 стран (14,1%) 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, JN.1, MC.1, KP.3.1 (рис. 1).

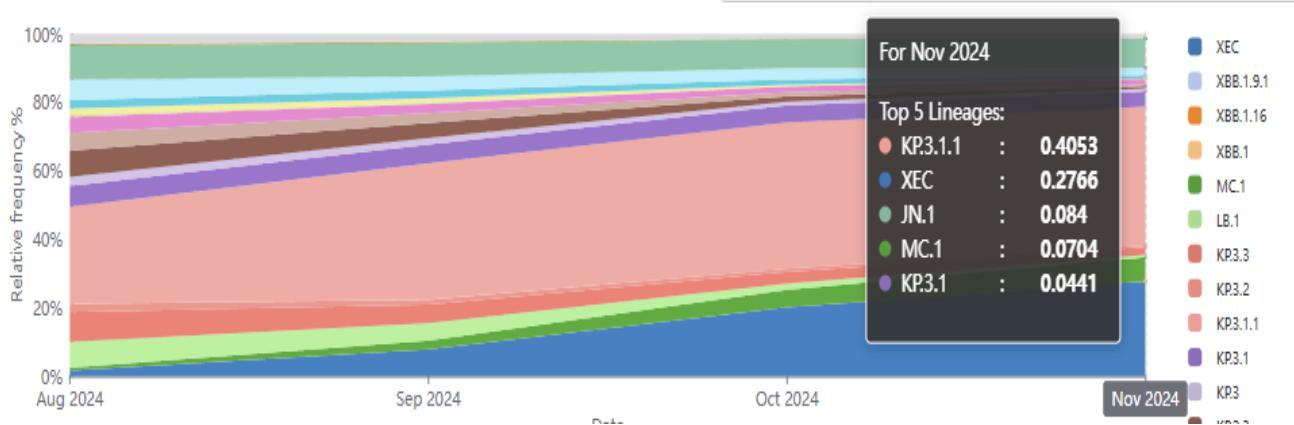


Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 29 ноября 2024 г.).

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).

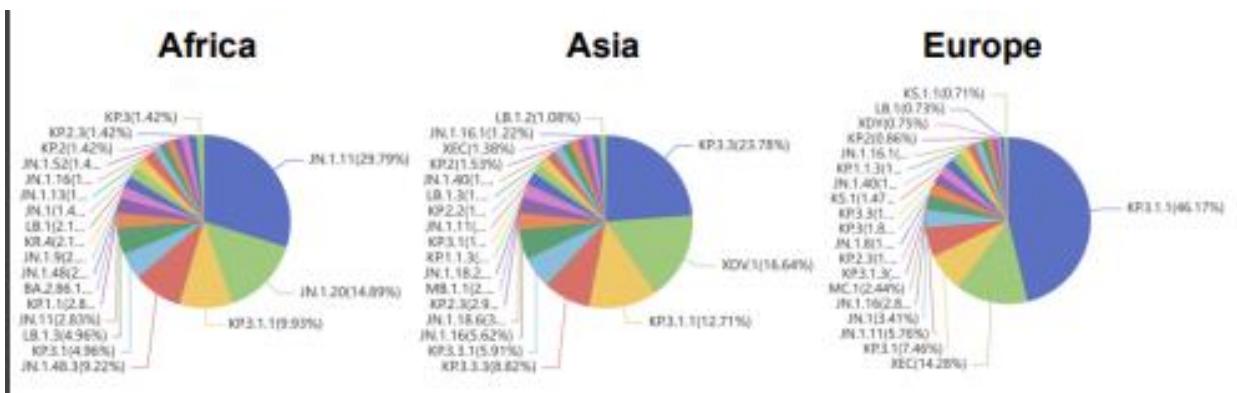


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в регионах – Африканском, Юго-Восточной Азии и Европейском

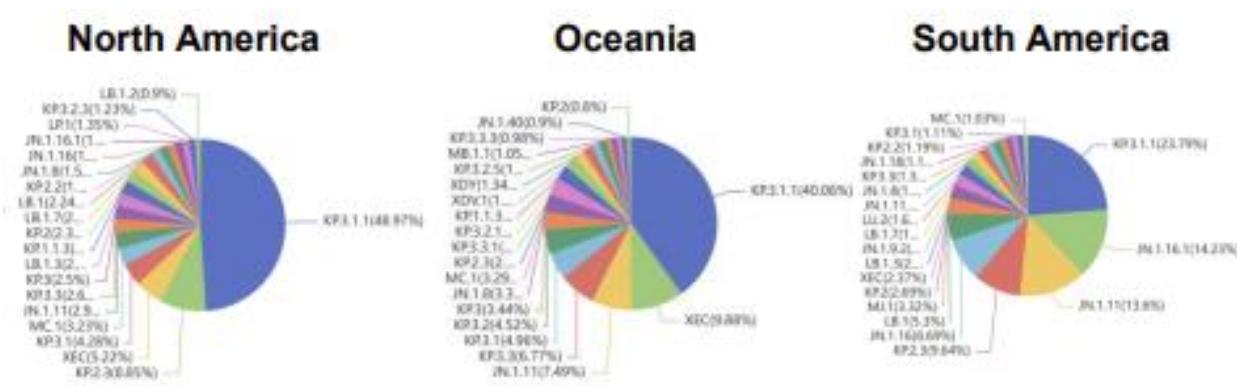


Рисунок 3 Распространение субвариантов Omicron в регионах – Северной и Южной Америки и Тихоокеанском

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

По состоянию на 29 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 США и Польши – 5 геномов.

Геномные последовательности субварианта JN.1 представлены из 147 стран. За прошедшую неделю распространенность субварианта зарегистрирована на уровне 8,4% (на предыдущей неделе 7,7 %). В базу данных GISAID за последние 4 недели всего депонировано 4 200 геномных последовательностей из 25 стран

(преимущественно из Канады, США, Швеции, Австралии, Великобритании, Нидерландов).

### Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)

С момента идентификации в базе данных GISAID распространение субварианта KP 3.1.1 оценивается на уровне 40,5% (-8,8% за прошедшую неделю). Последовательности размещены из 72 стран, за последние 4 недели – преимущественно из Канады, Нидерландов, США, Франции, Бразилии (Рис. 4).

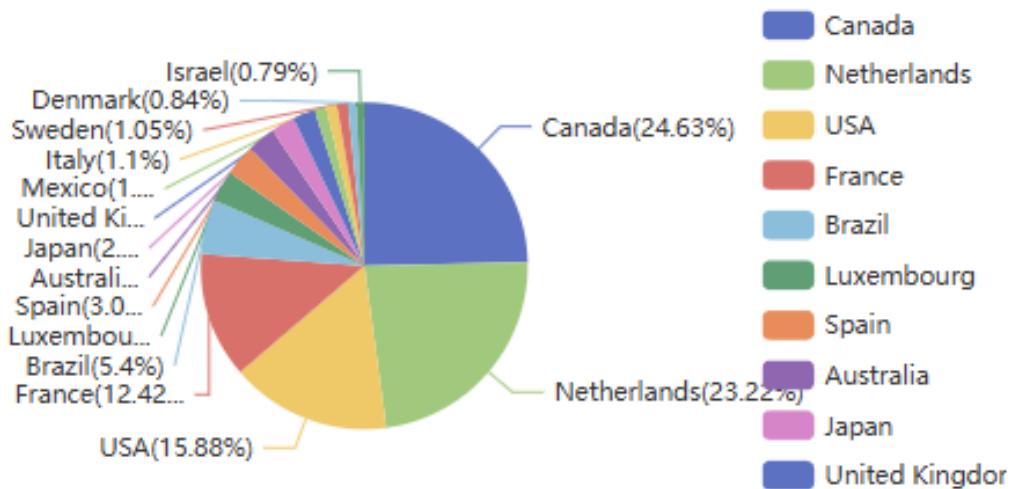


Рисунок 4. Страны с наибольшим депонированием последовательностей субварианта KP.3.1.1 (за период с 23 по 29 ноября 2024г.)

В базе данных GISAID геномные последовательности субварианта XEC представлены из 47 стран. Продолжается рост распространенности субварианта XEC (+2,33% за прошедшую неделю). За последние 4 недели удельный вес XEC среди секвенированных штаммов составил в Германии – 48,4%, Испании – 48,2%, Швеции 38,9%, США – 38%, Нидерландах – 37,9%, Великобритании – 36,9%, Австралии – 30,1%, Канаде – 24,4%.

В базе GISAID депонировано 19 991 последовательность субварианта LB.1, как минимум, из 90 стран. Распространенность субварианта зарегистрирована на уровне 0,1%.

Субвариант JN.1.18 размещен из лабораторий 91 страны, распространенность в мире – менее 1%.

Субвариант KP.2 циркулирует, как минимум, в 96 странах. За последние 4 недели распространенность субварианта в мире зафиксирована на уровне 1,2%.

Субвариант KP.3 (FLuQE) секвенирован лабораториями 80 стран, распространенность оценивается на уровне 0,8%.

Субвариант JN.1.7 депонирован как минимум, из 70 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 (02.11. – 29.11.2024 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	185734	354	99,7
Австрия (стабилизация заболеваемости)	Berghaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	194710	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
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	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(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	100511	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	7949	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	131682	2	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.	1545775	347	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)	6679	0	0,0
Габон (стабилизация заболеваемости)	Centre de recherches médicales de Lambaréne(CERMEL)	2	0	0,0
Гаити (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire National de Santé Publique – LNSP(HAITI – LNSP)	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	2484	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	536	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 & hospital hygiene, CaSe–Group.	589087	65	100,0

Гибралтар (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Virus Unit, National Infection Service, Public Health England	122	0	0,0
Гондурас (стабилизация заболеваемости)	Genomics and Proteomics Departament, Gorgas Memorial Institute For Health Studies	318	0	0,0
Гонконг (стабилизация заболеваемости)	Hong Kong Department of Health	16737	29	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.	393522	98	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
Египет (стабилизация заболеваемости)	Main Chemical Laboratories Egypt Army	2862	0	0,0
Замбия (стабилизация	University of Zambia, School of Veterinary	1272	0	0,0

заболеваемости)	Medicine			
Зимбабве (стабилизация заболеваемости)	National Microbiology Reference Laboratory(Quadram Institute Bioscience)	316	0	0,0
Израиль (стабилизация заболеваемости)	Central Virology Laboratory, Israel Ministry of Health	122967	61	100,0
Индия (стабилизация заболеваемости)	Department of Neurovirology, National Institute of Mental Health and Neurosciences(NIMHANS).CSIR–Centre Cellular and Molecular Biology	148837	0	0,0
Индонезия (стабилизация заболеваемости)	National Institute of Health Research and Development	41362	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	66098	75	100,0
Исландия (стабилизация заболеваемости)	Landsptitali Department of Clinical Microbiology	12011	0	0,0
Испания (стабилизация заболеваемости)	Hospital Universitario 12 de Octubre	170925	105	100,0
Италия (стабилизация заболеваемости)	Army Medical Center, Scientific Department, Virology Laboratory	103931	67	98,5
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 Rechercheres sur les Maladies Emergentes et Ré-émergentes)	1364	0	0,0
Канада (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de santé publique du Québec	406763	2911	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)	1833	6	100,0
Кения (стабилизация заболеваемости)	KEMRI-Wellcome Trust Research Programme/KEMRI-CGMR-C Kilifi	6337	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	85087	55	100,0
Колумбия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Salud– Dirección de Investigación en Salud Pública	16285	10	100,0
Коморские острова (стабилизация заболеваемости)	KEMRI-Wellcome Trust Research Programme/KEMRI-CGMR-C Kilifi	11	0	0,0
Косово (стабилизация заболеваемости)	Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie	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)	1351	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	39334	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 (стабилизация заболеваемости)	Institute for Medical Research, Infectious Disease Research Centre, National Institutes of Health, Ministry of Health Malaysia	36471	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 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)	50399	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 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)	91319	258	100,0
Ниуэ	Institute of Environmental Science and Research (ESR)	39	0	0,0
Новая Зеландия (рост заболеваемости)	Institute of Environmental Science and Research(ESR)	43919	36	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	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	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 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	0	0,0

Перу (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio de Referencia Nacional de Biotecnología y Biología Molecular. Instituto Nacional de SaludPerú	40610	0	0,0
Польша (стабилизация заболеваемости)	genXone SA, Research & Development Laboratory	48079	13	100,0
Португалия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Saude(INSA)	25723	0	0,0
Пуэрто Рико (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	22988	0	0,0
Республика Вануату (стабилизация заболеваемости)	Microbiological Diagnostic Unit - Public Health Laboratory (MDU-PHL)	100	0	0,0
Республика Джибути (стабилизация заболеваемости)	Naval Medical Research Center Biological Defense Research Di-rectorate	633	0	0,0
Республика Кирибати (стабилизация заболеваемости)	Microbiological Diagnostic Unit - Public Health Laboratory (MDU-PHL)	136	0	0,0
Республика Конго (стабилизация заболеваемости)	Institute of Tropical Medicine	216	0	0,0
Республика Мадагаскар (стабилизация заболеваемости)	Virology Unit, Institut Pasteur de Madagascar	138	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.	58102	2	100,0
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	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
Сейшельы (стабилизация заболеваемости)	KEMRI– Wellcome Trust Research Programme, Kilifi	619	0	0,0
Сенегал (стабилизация	IRESSEF GENOMICS LAB	1918	0	0,0

заболеваемости)				
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	0	0,0
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	29042	0	0,0
Словения (стабилизация заболеваемости)	Institute of Microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, University of Ljubljana	38568	41	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.	2805650	982	99,2
Сьерра-Леоне (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Reference Laboratory	2	0	0,0
Таиланд (стабилизация заболеваемости)	COVID-19 Network Investigations(CONI) Alliance	32677	0	0,0
Тайвань (стабилизация заболеваемости)	Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision Medicine	5828	1	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 (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	949	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"	7445	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	419111	144	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	26353	9	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	34839	0	0,0

Чили (стабилизация заболеваемости)	Instituto de Salud Publica de Chile	29792	0	0,0
Швейцария (стабилизация заболеваемости)	Department of Biosystems Science and Engineering, ETH Zürich.	58928	0	0,0
Швеция (стабилизация заболеваемости)	The Public Health Agency of Sweden	137721	513	100,0
Шри-Ланка (стабилизация заболеваемости)	Centre for Dengue Research and AICBU, Department of Immunology and Molecular Medicine	1192	0	0,0
Эквадор (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Investigaciónen Salud Pública, INSPI	7505	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)	766	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.	28780	0	0,0
Южная Корея (стабилизация заболеваемости)	Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency	168070	1	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	495272	74	100,0
---	--	--------	----	-------

## Публикации

1. bioRxiv [Preprint]. 2024 Nov 22:2024.11.21.624722.  
doi: 10.1101/2024.11.21.624722.

### **In depth sequencing of a serially sampled household cohort reveals the within-host dynamics of Omicron SARS-CoV-2 and rare selection of novel spike variants**

Глубокое секвенирование серийно отобранный когорты домохозяйств выявляет динамику Omicron SARS-CoV-2 внутри хозяина и редкую селекцию новых вариантов спайков

Emily E Bendall, Derek Dimcheff, Leigh Papalambros, и др.

Вирус SARS-CoV-2 претерпел многократную и быструю эволюцию, направленную на то, чтобы обойти иммунитет хозяина. Однако, за исключением длительных инфекций у хозяев с ослабленным иммунитетом, положительная селекция внутри хозяина выявлялась редко. Низкое разнообразие внутри организма-хозяина и сильная генетическая связь между геномными участками затрудняют точное выявление положительного отбора. Лонгитюдная выборка - это мощный метод выявления отбора, который редко использовался при SARS-CoV-2. Здесь мы объединяем лонгитюдную выборку с повторным секвенированием, чтобы повысить точность и снизить порог для выявления вариантов. Секвенировали 577 образцов от 105 человек из когорты домохозяйств, в основном в период циркуляции варианта BA.1/BA.2. Выявлено чрезвычайно низкое разнообразие и низкую скорость дивергенции. Образцы имели 0-12 внутрихозяинных однонуклеотидных вариантов (iSNV) с частотой  $>0,5\%$ , а большинство iSNV были с частотами  $<2\%$ . Динамика внутри хозяина доминировала за счет генетического дрейфа и «очищающего отбора». Положительный отбор был редким, но сильно сконцентрированным в спайке. У двух больных выявлен подвариант BA.1 S:371F, линия, определяющая замену для BA.2. Приблизительная байесовская вычислительная модель Райта-Фишера выявила положительный отбор в 14 локусах с 7 в спайке, включая S:448 и S:339. Мы также обнаружили при отборе значительную генетическую взаимосвязь между синонимичными изменениями и несинонимичными snv. Выявляемый иммуноопосредованный отбор может быть вызван относительно узким набором антител у индивидуумов во время ранней омикронной фазы пандемии SARS-CoV-2. По мере развития как вируса, так и иммунитета населения будет важно понимать соответствующие сдвиги в динамике SARS-CoV-2 внутри хозяина.

2. Front Microbiol. 2024 Nov 11:15:1485748.  
doi: 10.3389/fmicb.2024.1485748. eCollection 2024.

### **Variation and evolution analysis of SARS-CoV-2 using self-game sequence optimization**

Анализ вариаций и эволюции SARS-CoV-2 с использованием оптимизации ее последовательности

Ziyu Liu, Yi Shen, Yunliang Jiang и др.

Эволюция SARS-CoV-2 ускорила появление новых мутантных штаммов, некоторые из которых демонстрируют повышенную способность к передаче и уклонению от иммунного ответа, тем самым увеличивая риск заражения и снижая эффективность вакцины. Учитывая постоянное воздействие мутаций SARS-CoV-2 на мировое общественное здравоохранение, экономику и общество, глубокое понимание потенциальных вариаций имеет важное значение. В этом исследовании представлен метод DARSEP, основанный на обучении ассоциированном с прогнозированием эволюции SARS-CoV-2, в сочетании с оптимизацией последовательностей и моделью на основе RetNet. DARSEP точно предсказывает эволюционные последовательности и исследует эволюционную траекторию вируса. Он отфильтровывает последовательности шиповидных белков с оптимальными значениями приспособленности из обширного пространства мутаций, выборочно идентифицирует те, у которых более высокая вероятность уклонения от иммунного обнаружения, и разрабатывает превосходную модель эволюционного анализа для последовательностей шиповидных белков SARS-CoV-2. Комплексные оценки задач исходящего потока подтверждают эффективность модели в прогнозировании потенциальных участков мутации, выяснении направления эволюции SARS-CoV-2 и анализе тенденций развития штаммов Omicron посредством семантических изменений. В целом, DARSEP обогащает наше понимание динамической эволюции SARS-CoV-2 и обеспечивает надежную поддержку для решения настоящих и будущих эпидемиологических проблем.

3. Genes (Basel). 2024 Nov 14;15(11):1468. doi: 10.3390/genes15111468.

### **Dynamics of SARS-CoV-2 Spike RBD Protein Mutation and Pathogenicity Consequences in Indonesian Circulating Variants in 2020-2022**

Динамика мутаций белка RBD спайка SARS-CoV-2 и последствия для атогенности в индонезийских циркулирующих вариантах в 2020–2022 гг.

Nabiel Muhammad Haykal, Fadilah Fadilah, Beti Ernawati Dewi и др.

В этом исследовании анализируется тенденция мутаций в различных образцах RBD из Индонезии, опубликованных в базе данных GISAID, с использованием геномного профилирования. Для исследования были отобраны пациенты в Индонезии, инфицированные SARS-CoV-2, образцы которых были опубликованы в геномных базах данных. Собранные данные были обработаны для анализа в соответствии с несколькими протоколами биоинформатики:

визуализация в филогенетических деревьях, 3D-рендеринг и оценка мутационного воздействия. В Индонезии насчитывается 25 уникальных кладов SARS-CoV-2 и 318 уникальных мутаций RBD SARS-CoV-2 от самого раннего образца COVID-19 до образцов, собранных в 2022 году, при этом T478K является наиболее распространенной мутацией RBD, а 22B — наиболее распространенной кладой. Вариант Omicron имеет более низкий показатель стыковки, более высокую дестабилизацию белка и более высокий KD, чем вариант Delta и исходный вирус. Результаты исследования показывают тенденцию к снижению патогенности вируса как потенциальный компромисс для увеличения трансмиссивности через мутации в RBD с годами.

4. J Med Virol. 2024 Nov;96(11):e70074. doi: 10.1002/jmv.70074.

### **Differential Gene Expression and Transcriptomics Reveal High M-Gene Expression in JN.1 and KP.1/2 Omicron Sub-Variants of SARS-CoV-2: Implications for Developing More Sensitive Diagnostic Tests**

Дифференциальная экспрессия генов и транскриптомика выявляют высокую экспрессию гена M в субвариантах омикрон JN.1 и KP.1/2 SARS-CoV-2: значение для разработки более чувствительных диагностических тестов

Aktarul Islam Siddique, Neelanjana Sarmah, Nargis K Bali и др.

Полногеномное секвенирование (WGS) было проведено на 529 клинических образцах SARS-CoV-2 из Ассама и северо-восточной Индии для отслеживания появления вируса и оценки паттернов экспрессии генов. Результаты показывают дифференциальную экспрессию между структурными, неструктурными и вспомогательными генами с заметной регуляцией гена M, особенно в варианте Омикрон, за которым следуют E и ORF6. Средние уровни экспрессии транскриптов на миллион (TPM) гена M были значительно выше в вариантах Омикрон ( $175\ 611 \pm 46\ 921$ ), достигнув пика в сублинии KP.1/KP.2 ( $220\ 493 \pm 34\ 917$ ) по сравнению с вариантом Дельта ( $129\ 717 \pm 33\ 773$ ). Относительное кратное изменение экспрессии гена M между подвариантами Delta и Omicron 2024 показало 1,6-кратное изменение. Анализ экспрессии генов по вариантам предполагает корреляцию между экспрессией гена и вирусной мутацией, влияющей на репликацию. Как и ожидалось, уровни экспрессии генов резко возрастают с увеличением мутации вируса. Тенденция хи-квадрат для среднего числа замен по сравнению со средним TPM гена M была весьма значимой ( $72,78$ ,  $p < 0,0001$ ). Высокая экспрессия гена M и низкая скорость мутаций делают его идеальной целью для разработки набора для анализа ОТ-ПЦР в реальном времени. Эти результаты подчеркивают необходимость постоянного наблюдения и понимания динамики экспрессии вирусных генов для эффективного управления COVID-19.

Необходимы дальнейшие исследования, чтобы выяснить значимость этих наблюдений в вирусном патогенезе и динамике трансмиссии.

5. Microorganisms. 2024 Nov 14;12(11):2312.  
doi: 10.3390/microorganisms12112312.

### **SARS-CoV-2 Genomic Variants and Their Relationship with the Expressional and Genomic Profile of Angiotensin-Converting Enzyme 2 (ACE2) and Transmembrane Serine Protease 2 (TMPRSS2)**

Геномные варианты SARS-CoV-2 и их связь с экспрессионным и геномным профилем ангиотензинпревращающего фермента 2 (ACE2) и трансмембранный сериновой протеазы 2 (TMPRSS2)

Henrique Borges da Silva Grisard, Marcos André Schörner, Fernando Hartmann Barazzetti и др.

За последние четыре года ангиотензинпревращающий фермент 2 (ACE2) и трансмембральная сериновая протеаза 2 (TMPRSS2) были тщательно изучены, учитывая их важную роль в репликации SARS-CoV-2; однако в большинстве исследований не сравнивали их функционирование в различных геномных вариантах SARS-CoV-2. В данном исследовании оценивалось влияние различных вариантов на экспрессионные и геномные профили ACE2/TMPRSS2. Для этого 160 образцов из носоглотки, положительных в ОТ-кПЦР (июнь 2020 г. - июль 2022 г.), были количественно оценены на предмет уровней экспрессии ACE2/TMPRSS2, полиморфизмы в кодирующих генах ACE2/TMPRSS2 были идентифицированы с помощью нанопорового секвенирования. В порядке появления в этом исследовании были идентифицированы варианты B.1.1.28, Zeta, Gamma и Omicron. Уровни ACE2 были выше у B.1.1.28, возможно, из-за аффинности связывания ACE2/спайка; уровни TMPRSS2 также были выше у B.1.1.28, вероятно, из-за неэффективного использования пути TMPRSS2 другими вариантами, а также из-за снижения факторов транскрипции протеазы в присутствии Omicron. Полиморфизм rs2285666 (ACE2) встречался реже, у B.1.1.28, что вполне закономерно, поскольку rs2285666 увеличивает аффинность связывания ACE2/спайка. В заключение следует отметить, что геномные варианты SARS-CoV-2, по-видимому, оказывают различное влияние на геномное и экспрессионное поведение ACE2/TMPRSS2.