

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

**Распространение вариантов вируса SARS-COV-2, вызывающих интерес (VOI) и находящихся под наблюдением (VUM), на основе количества их геномов, депонированных в базу данных GISAID за неделю с 7 по 13 декабря 2024 г.**

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

В обзоре представлена информация по циркулирующим в настоящее время вариантам вируса SARS-COV-2 Omicron вызывающих интерес (VOI) и находящихся под наблюдением (VUM), геномные последовательности которых размещены в международной базе данных GISAID за неделю с 7 по 13 декабря 2024 г.

В соответствии с классификацией ВОЗ со 2 декабря 2024 г. к вариантам вируса SARS-COV-2, вызывающих интерес (VOI), отнесен один субвариант: JN.1 (таблица 1), в группу вариантов VUM включены шесть субвариантов, а именно 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 13 декабря 2024 г.)

Pango lineage	Next strain clade	Genetic features	Earliest documented samples	Date of designation and risk assessments
JN.1#	24A	BA.2.86 + S:L455S	25-08-2023	18-12-2023 <a href="#">JN.1 Initial Risk Evaluation 18 December 2023</a> <a href="#">JN.1 Updated Risk Evaluation 9 February 2024</a> <a href="#">JN.1 Updated Risk Evaluation 15 April 2024</a>

#Excludes JN.1 sublineages listed as VUMs below.

Таблица 2. Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM) и циркулирующие в настоящее время (по состоянию на 13 декабря 2024 г.)

Pango lineage	Next strain clade	Genetic features	Earliest documented samples	Date of designation
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 17 108 040 генома вируса SARS-CoV-2 (за прошедшую неделю депонировано 9 292 геномные последовательности, за предыдущий аналогичный период – 16 520). В мире странами – лидерами по количеству депонированных штаммов SARSCoV-2 остаются США (5 240 735 геномов – 30,6% от всех размещенных в GISAID) и Великобритания (3 174 970 геномов – 18,6%).

Всего в базу данных GISAID депонировано 9 580 855 геномов варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 9 242 геномные последовательности 99,5% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 94,4%). Российскими лабораториями размещено 90 687 геномов вируса SARS-CoV-2, в том числе варианта Omicron – 58 248 геномных последовательностей.

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 Каледония, Никарагуа, Оман, ОАЭ, Острова Кука, Пакистан, Палестина, Панама, Палау, Парагвай, Папуа Новая Гвинея, Перу, Португалия, Польша, Пуэрто-Рико, Реюньон, Республика Конго, Республика Сейшельские Острова, Республика Гвинея-Бисау, Республика Вануату, Румыния, Россия, Руанда, Сальвадор, Сен-Мартен, Синт-Мартен, Саудовская Аравия, Северная Македония, Северные Марианские острова, Сенегал, Союз Коморских Островов, Сьерра-Леоне, Словакия, Словения, Сингапур, Сирия, США, Сент-Китс и Невис, Сент-Винсент и Гренадины, Сент-Люсия, Сербия, Содружество Багамских Островов, Соломоновы острова, Сомали, Судан, Суринам, Таиланд, Тайвань, Танзания, Теркс и Кайкос, Того, Тонга, Тринидад и Тобаго, Тунис, Турция, Уганда, Узбекистан, Украина, Уругвай, Финляндия, Франция, Французская Гвиана, Французская Полинезия,

Филиппины, Хорватия, Черногория, Чехия, Чили, Чад, ЦАР, Швеция, Швейцария, Шри-Ланка, Эквадор, Эстония, Эсватини, Эфиопия, Экваториальная Гвинея, ЮАР, Южная Корея, Южный Судан, Япония, Ямайка.

За последние 4 недели всего 30 стран (14,1% от всех разместивших геномы Omicron) (за предыдущие – 28 стран (13,1%) депонировали новые геномные последовательности Omicron в GISAID.

По данным GISAID EpiCoV на сегодняшний день в мире лидирующими геновариантами SARS-CoV-2 являются: KP.3.1.1, XEC, JN.1, MC.1, KP.1.1 (рис. 1).

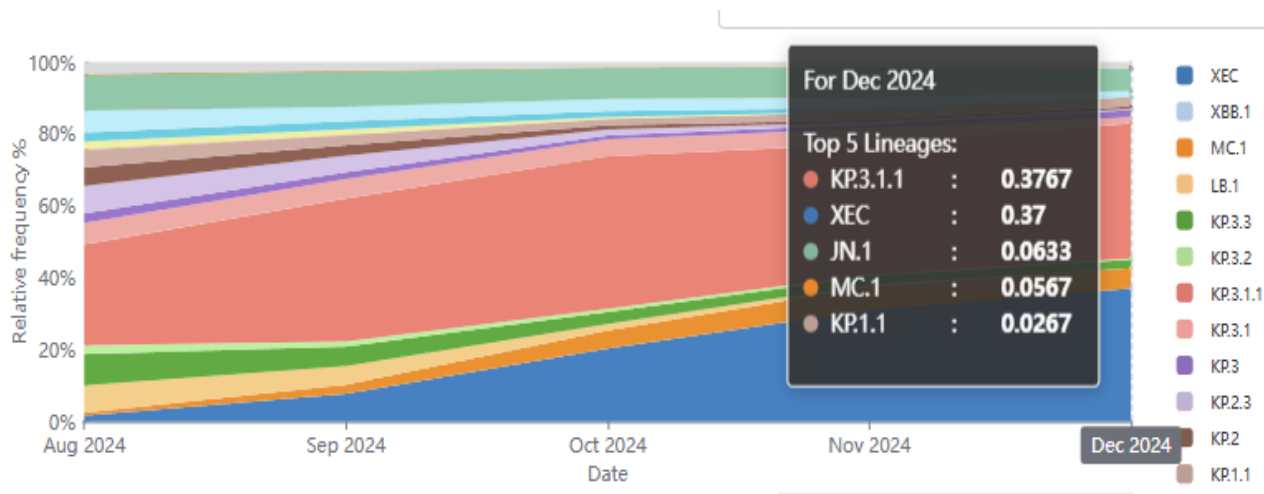


Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 13 декабря 2024 г.)

По последним данным, опубликованным на сайте <https://www.epicov.org>, динамика распространения в регионах ВОЗ субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID с 3 сентября по 2 декабря 2024 г. представлена на рисунках 2 и 3. В странах Африки доминировали субварианты JN.1.11 (25,9%), LB.1 (17,6%), JN.1.20 (15,3%), KP.3.1.1 (9,16%); в регионе Юго-Восточной Азии – KP.3.3 (19,1%), KP.3.1.1 (17,9%), XDV.1 (14,4 %); в Европейском регионе – KP.3.1.1 (40,4%); XEC (25,4%) (рис 2). В регионе Северной Америки среди циркулирующих субвариантов Omicron преобладали KP.3.1.1 (54,8%) и XEC (12,5%), в Западно-Тихоокеанском регионе – KP.3.1.1 (40,1 %) и XEC (19%), в Южной Америке – KP.3.1.1 (27,5 %), JN.1.11 (15,5 %) и JN.1.16.1 (11,5%) (рис. 3).

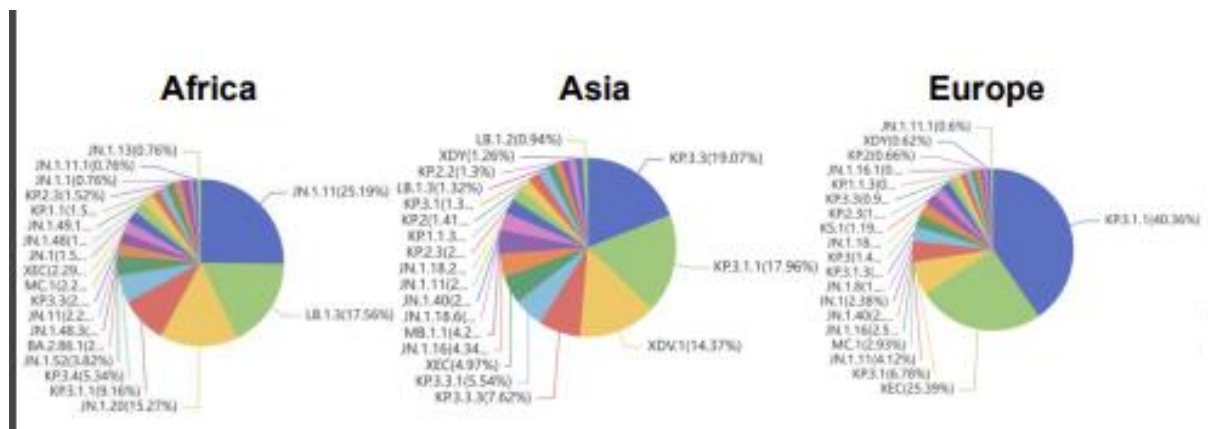


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в регионах – Африканском, Юго-Восточной Азии и Европейском

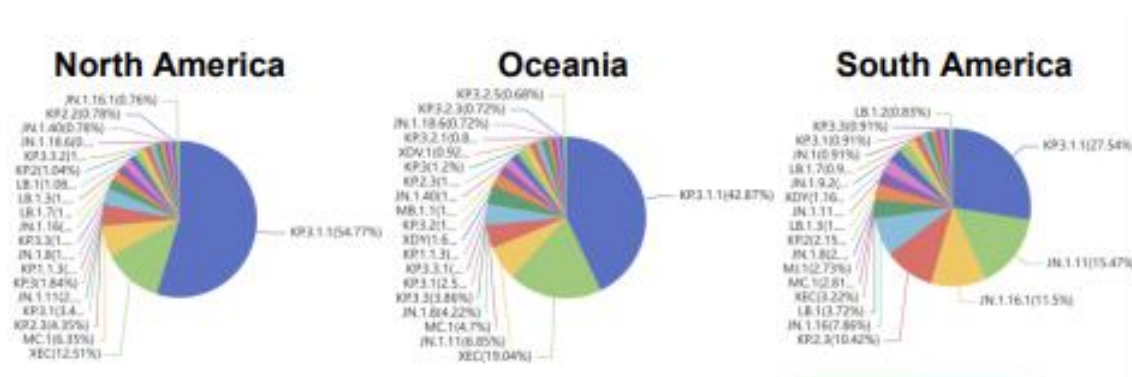


Рисунок 3 Распространение субвариантов Omicron в регионах – Северной и Южной Америки и Тихоокеанском

### Варианты, вызывающие интерес (VOI)

Геномные последовательности субварианта JN.1 представлены из 148 стран. За прошедшую неделю распространенность субварианта зарегистрирована на уровне 6,3% (на предыдущей неделе 7,8 %). В базу данных GISAID за последние 4 недели всего депонировано 3 308 геномных последовательностей из 19 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 37,7% (-1 % за прошедшую неделю). Последовательности размещены из 74 стран, за последние 4 недели – преимущественно из США, Канады, Нидерландов, Франции, Испании (Рис. 4).

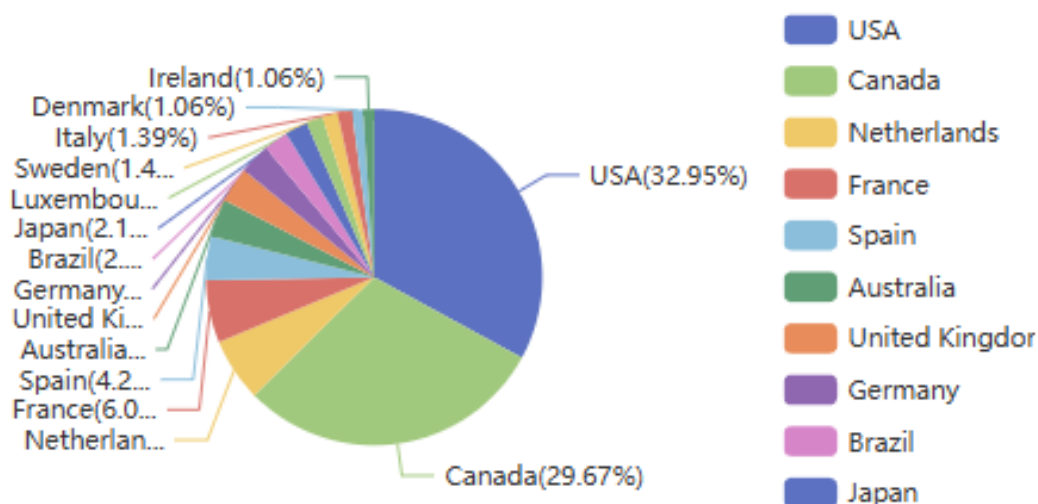


Рисунок 4. Страны с наибольшим депонированием последовательностей субварианта KP.3.1.1 (за период с 16 ноября по 13 декабря 2024г.)

В базе данных GISAID геномные последовательности субварианта ХЕС представлены из 49 стран, распространенность на уровне 37% (+7,2% за прошедшую неделю). За последние 4 недели удельный вес ХЕС среди секвенированных штаммов составил в Нидерландах – 46,9%, Германии – 45,9%, Великобритании – 45,4%, Швеции 40,8%, Австралии – 39,3%, Канаде – 30,6%, США – 29,5%.

В базе GISAID депонировано 20 697 последовательностей 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 97 странах. За последние 4 недели распространенность субварианта в мире зафиксирована на уровне 0,4%.

Субвариант KP.3 (FLuQE) секвенирован лабораториями 82 стран, распространенность оценивается на уровне 1,1%.

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 (16.11. – 13.12.2024 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	186125	335	100,0
Австрия (стабилизация заболеваемости)	Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	194710	0	0,0
Азербайджан (стабилизация заболеваемости)	National Hematology and Transfusiology Center	57	0	0,0
Албания (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Virus Unit, National Infection Service, Public Health England	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	54	0	0,0

	University of the West Indies			
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	10915	0	0,0
Армения (стабилизация заболеваемости)	Institute of Molecular Biology NAS RA, Republic of Armenia, Department of Bioengineering, Bioinformatics Institute and Molecular Biology IBMPH RAU, Republic of Armenia	17	0	0,0
Аруба (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	1060	0	0,0
Афганистан (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Lab	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 (рост заболеваемости)	KU Leuven, Rega Institute, Clinical and Epidemiological Virology	100534	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 (снижение заболеваемости)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	377	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	3472	1	100,0
Бразилия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Adolfo Lutz, Interdisciplinary Procedures Center, Strategic Laboratory	132056	40	100,0
Британские Виргинские Острова (стабилизация заболеваемости)	Caribbean Public Health Agency	46	0	0,0
Бруней (стабилизация	National Public Health Laboratory, National	6452	0	0,0



заболеваемости)	Centre for Infectious Diseases(National Virology Reference Laboratory)			
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.	1546435	287	99,7
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 Lambaréné(CERMEL)	2	0	0,0
Гаити (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire National de Santé Publique – LNSP(HAITI – LNSP)	836	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	2484	0	0,0

	Ghana			
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 (стабилизация заболеваемости)	Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie. Institute of infectious medicine & hospital hygiene, CaSe-Group.	589575	98	100,0
Гибралтар (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Virus Unit, National Infection Service, Public Health England	122	0	0,0
Гондурас (стабилизация заболеваемости)	Genomics and Proteomics Department, Gorgas Memorial Institute For Health Studies	369	0	0,0
Гонконг (стабилизация заболеваемости)	Hong Kong Department of Health	16778	38	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.	2695	1	100,0
Гуам (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	548	0	0,0
Дания (стабилизация заболеваемости)	Albertsen lab, Department of Chemistry and Bioscience, Aalborg University. Department of	393860	181	100,0

	Virus and Microbiological Special Diagnostics, Statens Serum Institut.			
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	2890	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	123044	0	0,0
Индия (стабилизация заболеваемости)	Department of Neurovirology, National Institute of Mental Health and Neurosciences(NIMHANS).CSIR–Centre for Cellular and Molecular Biology	148839	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	Biology, College of Education Department of	435	0	0,0

заболеваемости)	Virology, Faculty of Medicine, University of Helsinki, Helsinki, Finland generated and submitted to GISAID			
Иран (стабилизация заболеваемости)	National Reference Laboratory for COVID-19, Pasteur Institute of Iran	2924	0	0,0
Ирландия (стабилизация заболеваемости)	National Virus Reference Laboratory	66151	33	100,0
Исландия (стабилизация заболеваемости)	Landspítali Department of Clinical Microbiology	12011	0	0,0
Испания (стабилизация заболеваемости)	Hospital Universitario 12 de Octubre	171314	69	100,0
Италия (стабилизация заболеваемости)	Army Medical Center, Scientific Department, Virology Laboratory	104289	102	100,0
Кабо-Верде (стабилизация заболеваемости)	Institut Pasteur de Dakar	771	0	0,0
Казахстан (стабилизация заболеваемости)	Reference laboratory for the control of viral infections	2891	0	0,0
Камбоджа (стабилизация заболеваемости)	Virology Unit, Institut Pasteur du Cambodge	2161	0	0,0
Камерун (стабилизация заболеваемости)	CREMER(Centre de Recherches sur les Maladies Emergentes et Ré-émergentes)	1364	0	0,0
Канада (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de santé publique du Québec	409708	2931	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)	1848	12	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	87269	41	100,0
Колумбия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Salud– Dirección de Investigación en Salud Pública	16288	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)	Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	1383	0	0,0
Люксембург (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire national de santé, Microbiology, Microbial Genomics Platform	39334	0	0,0
Маврикий (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	8266	1	100,0
Мавритания (стабилизация заболеваемости)	INRSP-Mauritania	17	0	0,0
Майотта (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	376	0	0,0
Малайзия (стабилизация заболеваемости)	Institute for Medical Research, Infectious Disease Research Centre, National Institutes of Health, Ministry of Health Malaysia	36513	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	State Laboratories Division, Hawaii State	42	0	0,0

(стабилизация заболеваемости)	Department of Health			
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 Diagnostico y Referencia Epidemiologicos (INDRE)	50718	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	3538	0	0,0

	University			
Нидерланды (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	91590	201	100,0
Ниуэ	Institute of Environmental Science and Research (ESR)	39	0	0,0
Новая Зеландия (стабилизация заболеваемости)	Institute of Environmental Science and Research(ESR)	43919	0	0,0
Новая Каледония (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de Microbiologie Centre Hospitalier Territorial de Nouvelle-Calédonie	132	3	100,0
Норвегия (стабилизация заболеваемости)	Norwegian Institute of Public Health, Department of Virology	36756	1	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 заболеваемости)	Gorgas memorial Institute For Health Studies	3362	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	2528	0	0,0
Перу (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio de Referencia Nacional de Biotecnología y Biología Molecular. Instituto Nacional de Salud Perú	40647	0	0,0
Польша (стабилизация заболеваемости)	genXone SA, Research & Development Laboratory	48165	19	100,0
Португалия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Saude(INSA)	25760	7	100,0
Пуэрто Рико (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	23141	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 Directorate	633	0	0,0
Республика Кирибати (стабилизация заболеваемости)	Microbiological Diagnostic Unit - Public Health Laboratory (MDU-PHL)	136	0	0,0
Республика Конго (стабилизация заболеваемости)	Institute of Tropical Medicine	216	0	0,0
Республика Мадагаскар (стабилизация заболеваемости)	Virology Unit, Institut Pasteur de Madagascar	138	0	0,0
Республика Никарагуа (стабилизация заболеваемости)	MSHS Pathogen Surveillance Program, CNDR, Departamento de Virología	335	0	0,0
Республика Сальвадор	Genomics and Proteomics Departament, Gorgas	707	0	0,0

(стабилизация заболеваемости)	Memorial Institute For Health Studies			
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.	58156	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	Institute of Public Health of Republic of North	434	0	0,0

(стабилизация заболеваемости)	Macedonia Laboratory of Virology and Molecular Diagnostics			
Северные Марианские острова (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	2096	0	0,0
Сейшелы (стабилизация заболеваемости)	KEMRI– Wellcome Trust Research Programme, Kilifi	619	0	0,0
Сенегал (стабилизация заболеваемости)	IRESSEF GENOMICS LAB	1918	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	1693	0	0,0
Сингапур (стабилизация заболеваемости)	National Public Health Laboratory, National Centre for Infectious Diseases	41346	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	29054	0	0,0

Словения (стабилизация заболеваемости)	Institute of Microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, University of Ljubljana	38629	52	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.	2813798	999	99,1
Сьерра-Леоне (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Reference Laboratory	2	0	0,0
Таиланд (стабилизация заболеваемости)	COVID-19 Network Investigations(CONI) Alliance	32872	4	100,0
Тайвань (стабилизация заболеваемости)	Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision Medicine	5889	20	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	Microbiological Diagnostic Unit – Public Health	3	0	0,0

(стабилизация заболеваемости)	Laboratory (MDU–PHL)			
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	16516	0	0,0
Финляндия (стабилизация	Department of Virology, Faculty of Medicine,	26884	0	0,0

заболеваемости)	University of Helsinki			
Франция (снижение заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	419459	81	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	0	0,0
ЦАР (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Sequencing Lab, National Institute for Biomedical Research(INRB)	86	0	0,0
Черногория (стабилизация заболеваемости)	Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie	639	0	0,0
Чехия (стабилизация заболеваемости)	The National Institute of Public Health	34839	0	0,0
Чили (снижение заболеваемости)	Instituto de Salud Publica de Chile	30127	144	100,0
Швейцария (стабилизация заболеваемости)	Department of Biosystems Science and Engineering, ETH Zürich.	58928	0	0,0
Швеция (стабилизация заболеваемости)	The Public Health Agency of Sweden	138143	427	99,3
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 Investigaciónes Salud Pública, INSPI	7505	0	0,0
Экваториальная Гвинея (стабилизация	Swiss Tropical and Public Health Institute	1	0	0,0

заболеваемости)				
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.	28799	0	0,0
Южная Корея (стабилизация заболеваемости)	Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency	169614	3	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	495766	105	100,0

## Основные положения

В настоящее время ХЕС является единственным контролируемым вариантом SARS-CoV-2 (VUM), распространенность которого растет во всем мире. Учитывая имеющиеся данные, дополнительный риск для здоровья населения, связанный с ХЕС, оценивается как низкий на глобальном уровне. Ожидается, что рекомендованные вакцины против COVID-19 сохраняют перекрестную реакцию с этим вариантом при симптоматическом и тяжелом течении заболевания, поскольку иммунная защита от бустерных вакцин с мРНК JN.1 или KP.2 ограничена. Таким образом, дальнейшее распространение этого варианта само по себе вряд ли увеличит нагрузку на национальное общественное здравоохранение системы по сравнению с другими генотипами Omicron.

Первоначальная оценка рисков ХЕС 09 декабря 2024 г.

ХЕС - это рекомбинантный вариант SARS-CoV-2, полученный из потомственных линий JN.1, KS.1.1 и KP.3.3, и секвенированный 26 июня 2024 года. ХЕС является одним из шести VUM, отслеживаемых ВОЗ, и был обозначен как VUM 24 сентября 2024 года [1,2]. По состоянию на 09 декабря 2024 года в GISAID было представлено 13 331 последовательность ХЕС [3] из 50 стран, что составляет 36,8% от общемировых доступных последовательностей на 47-й эпидемиологической неделе (с 18 по 24 ноября 2024). Это значительный рост распространенности по сравнению с 26,9% четырьмя неделями ранее на 44-й эпидемиологической неделе (с 28 октября по 3 ноября 2024 года), таблица 1. Вариант ХЕС является единственным вариантом SARS-CoV-2, распространенность которого растет во всех трех регионах ВОЗ с постоянным распределением последовательностей SARS-CoV-2 в период с 44 по 47 эпидемиологическую неделю, т.е. с 14,3% до 35,6% в регионе Западной части Тихого океана (WPR), с 37,0% до 48,0% для Европейского региона (EUR) и от 22,7% до 32,8% для региона Северной и Южной Америки (AMR). Есть только четыре последовательности ХЕС, каждая из которых относится к Африканскому региону (AFR) и Восточному Средиземноморью Регион (EMR) и семнадцать последовательностей из региона Юго-Восточной Азии.

Таблица 1. Глобальные пропорции вариантов SARS-CoV-2, эпидемиологическая неделя с 44 по 47 год 2024 года



Lineage*	Countries§	Sequences§	2024-44	2024-45	2024-46	2024-47
<b>VOIs</b>						
JN.1	146	294307	11.7	12.5	12.0	12.1
<b>VUMs</b>						
KP.2	87	33287	1.3	1.3	1.2	0.9
KP.3	77	56177	8.4	7.7	8.2	6.1
KP.3.1.1	65	65234	48.8	47.2	43.7	41.8
JN.1.18	100	7962	1.1	1.0	1.2	0.9
LB.1	83	16166	0.9	0.9	0.6	0.6
XEC	50	13331	26.9	27.8	31.7	36.8
Recombinant	146	494028	0.8	1.3	0.9	0.7
Unassigned	68	4095	0.0	0.0	0.0	-
Others	119	37149	0.1	0.2	0.4	0.2

Данные, представленные ВОЗ, были получены 07 декабря 2024 г.

§ Количество стран и последовательностей указано с момента появления вариантов.

\*Перечисленные варианты включают наследственные линии, за исключением тех, которые указаны отдельно в других разделах таблицы.

"VOIs" и "VUMs", в которых наблюдаются тенденции к росту, выделены оранжевым цветом, а те, в которых наблюдается тенденция к снижению, выделены зеленым.

ВОЗ и ее Техническая консультативная группа по эволюции вирусов (TAG-VE) продолжают рекомендовать государствам - членам ВОЗ отдавать приоритет конкретным действиям, чтобы лучше устранять неопределенности, связанные с уровнем антител и тяжестью заболевания ХЕС:

- Проводить анализы на нейтрализацию с использованием сыворотки крови переболевшего человека, и сыворотки крови животных- биомоделей, инфицированных живыми изолятами вируса ХЕС.
- Проводить сравнительную оценку для выявления изменений в постоянных или важных специальных показателях.

ВОЗ и ее Техническая консультативная группа по составу вакцины против COVID-19 (TAG-CO-VAC) продолжают регулярно оценивать влияние различных вариантов на эффективность вакцин против COVID-19 для принятия обоснованных решений об обновлении состава вакцины [4]. Приведенная ниже оценка риска соответствует рекомендациям ВОЗ [5] и основана на имеющихся в настоящее время фактических данных. Она будет регулярно пересматриваться по мере поступления дополнительных фактических данных и данных из других стран. В связи со снижением распространенности VOI и растущей неспособностью VUM соответствовать определению VOI ВОЗ 29 ноября приняла решение 2024 г. начать привязывать оценки рисков к обозначениям VUM в дополнение к обозначениям VOI, начиная с текущего документа, который ссылается на последний обозначенный VUM (ХЕС).

В целях оказания поддержки государствам-членам ВОЗ в устранении риска, связанного с COVID-19, при переходе от реагирования на чрезвычайную ситуацию в области общественного здравоохранения, имеющую международное значение, к управлению ею в рамках более широких программ профилактики заболеваний и борьбы с ними последние постоянные рекомендации Генерального директора ВОЗ остаются в силе с 9 августа 2023 года по 30 апреля 2025 года [6].

Общая оценка риска: Низкий	ХЕС быстро развивается, но обладает минимальными антигенными преимуществами в преодолении существовавшего ранее иммунитета. Отмечается значительное увеличение случаев, связанных с инфекциями, вызванными ХЕС, но нет данных, свидетельствующих о том, что тяжесть заболевания выше по сравнению с другими циркулирующими вариантами. Имеющиеся данные о ХЕС не указывают на дополнительные риски для здоровья населения по сравнению с другими циркулирующими в настоящее время потомками Omicron.		
Показатель	Доказательство	Уровень риска	Уровень достоверности
Преимущество в росте	<p>В настоящее время доступна 13 331 последовательность ХЕС из 50 стран, что составляет 36,8% от общемировых доступных последовательностей на 47-й эпидемиологической неделе (с 11 по 17 ноября 2024 г.). (с 18 по 24 ноября 2024 года). Это значительный рост распространенности по сравнению с 26,9% за четыре недели до 44-й эпидемиологической недели (с 28 октября по 3 ноября 2024 года). В то время как распространенность ХЕС растет, наиболее распространенный вариант SARS-CoV-2 KP.3.1.1 постепенно снижается во всем мире и во всех регионах ВОЗ.</p> <p>В августе 2024 г. относительное эффективное число репродукций (Re) ХЕС составило по оценкам, это в 1,13 раза выше, чем у KP.3.1.1 [7], наиболее распространенного в то время и в настоящее время варианта SARS-CoV 2 во всем мире.</p> <p>* дополнительные пояснения см. в сноске</p>	Высокий	Умеренный
Уклонение от иммунитета	При использовании псевдовирусов было показано, что ХЕС обладает повышенной способностью уклоняться от гуморального иммунитета и антител, нацеленных на рецептор-	Низкий	Умеренный

	<p>связывающий домен что, как полагают, является результатом конформационной динамики рецептор-взаимодействующего домена, индуцированной гликозилизацией дополнительного N-концевого домена (T22N) [8,9]. Аналогичным образом, при использовании живых вирусов у лиц в возрасте 68-82 лет из Норвегии наблюдалось значительное снижение титра антител к B.1 и ХВВ.1.5 до КР.3.1.1 и ХЕС [10]. Исследования с использованием моновалентных вакцин с мРНК JN.1 или моновалентных вакцин с мРНК КР.2 показывают, что эти вакцины усиливают нейтрализующую реакцию антител против ХЕС по сравнению с титрами, полученными до вакцинации. Однако титры нейтрализации против ХЕС обычно ниже, чем у гомологичных иммунизирующих антигенов JN.1 или КР.2 [11-13].</p> <p><b>** дополнительные пояснения см. в сноске</b></p>		
<p>Тяжесть и клинические/диагностические аспекты</p>	<p>Последние данные свидетельствуют о сохраняющейся активности моноклональных антител к пемивибарту и пемивибарт-подобных антител против КР.3.1.1 и ХЕС [14]. Нет сообщений или опубликованных исследований о влиянии ХЕС на клинические исходы.</p> <p><b>*** Дополнительные пояснения см. в сноске</b></p>	Низкий	Низкий

Приложение:

**\* Преимущество в росте**

Уровень риска: Высокий, поскольку число случаев заболевания значительно увеличивается во всех регионах ВОЗ при постоянном обмене данными о последовательности SARSCoV-2, а число наиболее распространенных вариантов SARS-CoV-2 KP.3.1.1 начинает сокращаться. Достоверность: умеренная, поскольку, несмотря на то, что мы наблюдаем рост в трех регионах ВОЗ, данные по остальным трем регионам противоречивы.

#### **\*\* Уклонение от иммунитета**

Уровень риска: Низкий, поскольку, по оценкам, ХЕС имеет ограниченный иммунный эффект по сравнению с совместно циркулирующими вариантами.

Степень достоверности: умеренная, поскольку появляется все больше данных о перекрестной нейтрализации ХЕС. Для дальнейшей оценки риска снижения антител в условиях с различным уровнем популяционного иммунитета потребуются дополнительные лабораторные исследования в разных регионах мира.

#### **\*\*\* Тяжесть и клинические аспекты**

Уровень риска: Низкий, поскольку в настоящее время нет сообщений о повышенной тяжести заболевания, связанной с этим вариантом.

Достоверность: низкая. В настоящее время нет исследований, оценивающих влияние этого варианта на клинические исходы. Несмотря на регулярную координацию и обмен данными между всеми региональными коллегами, странами и партнерами ВОЗ, количество сообщений о новых госпитализациях и данных из отделений интенсивной терапии, поступающих в ВОЗ, существенно сократилось, поэтому следует проявлять осторожность при интерпретации тяжелых случаев в связи с этим сокращением количества сообщений.

### **Литература**

1. World Health Organization Tracking SARS-CoV-2 Variants Available online: <https://www.who.int/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/> (accessed on 5 December 2024).
2. Coronavirus Disease (COVID-2019) Situation Reports: Coronavirus Disease (COVID-19) Weekly Epidemiological Updates and Monthly Operational Updates Available online: <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/situation-reports>.
3. Khare, S.; Gurry, C.; Freitas, L.; Schultz, M.B.; Bach, G.; Diallo, A.; Akite, N.; Ho, J.; Lee, R.T.C.; Yeo, W.; et al. GISAIID's Role in Pandemic Response. China CDC Wkly. 2021, 3, 1049–1051, doi:10.46234/ccdcw2021.255.
4. WHO World Health Organization Technical Advisory Group on COVID-19 Vaccine Composition Available online: <https://www.who.int/news/item/13-12-2023-statement-on-the-antigencomposition-of-covid-19-vaccines>.
5. World Health Organization SARS-CoV-2 Variant Risk Evaluation, 30 August 2022; World Health Organization: Geneva, 2023;

6. Standing Recommendations for COVID-19 Issued by the Director-General of the World Health Organization (WHO) in Accordance with the International Health Regulations (2005) (IHR) Available online: [https://www.who.int/publications/m/item/standing-recommendations-for-covid19-issued-by-the-director-general-of-the-world-health-organization-\(who\)-in-accordance-with-the-international-health-regulations-\(2005\)-\(ihr\)](https://www.who.int/publications/m/item/standing-recommendations-for-covid19-issued-by-the-director-general-of-the-world-health-organization-(who)-in-accordance-with-the-international-health-regulations-(2005)-(ihr)).

7. Kaku, Y.; Uriu, K.; Okumura, K.; Ito, J.; Sato, K. Virological Characteristics of the SARS-CoV-2 KP.3.1.1 Variant. *Lancet Infect. Dis.* 2024, 24, e736, doi:10.1016/S1473-3099(24)00505-X.

8. Liu, J.; Yu, Y.; Jian, F.; Yang, S.; Song, W.; Wang, P.; Yu, L.; Shao, F.; Cao, Y. Enhanced Immune Evasion of SARS-CoV-2 Variants KP.3.1.1 and XEC through N-Terminal Domain Mutations. *Lancet Infect. Dis.* 2024, doi:10.1016/S1473-3099(24)00738-2.

9. Wang, Q.; Guo, Y.; Mellis, I.A.; Wu, M.; Mohri, H.; Gherasim, C.; Valdez, R.; Purpura, L.J.; Yin, M.T.; Gordon, A.; et al. Antibody Evasiveness of SARS-CoV-2 Subvariants KP.3.1.1 and XEC 2024.

10. Fossum, E.; Vikse, E.L.; Robertson, A.H.; Wolf, A.-S.; Rohringer, A.; Trogstad, L.; Mjaaland, S.; Hungnes, O.; Bragstad, K. Low Levels of Neutralizing Antibodies against SARS-CoV-2 KP.3.1.1 and XEC in Serum from Seniors in May 2024 2024.

11. Arora, P.; Happle, C.; Kempf, A.; Nehlmeier, I.; Stankov, M. V.; Dopfer-Jablonka, A.; Behrens, G.M.N.; Pöhlmann, S.; Hoffmann, M. Impact of JN.1 Booster Vaccination on Neutralisation of SARS-CoV-2 Variants KP.3.1.1 and XEC. *Lancet Infect. Dis.* 2024, 24, e732–e733, doi:10.1016/S1473-3099(24)00688-1.

12. Wang, Q.; Mellis, I.A.; Wu, M.; Bowen, A.; Gherasim, C.; Valdez, R.; Shah, J.G.; Purpura, L.J.; Yin, M.T.; Gordon, A.; et al. KP.2-Based Monovalent mRNA Vaccines Robustly Boost Antibody Responses to SARS-CoV-2 2024.

13. Chen, W.; Tompkins, K.R.; Windsor, I.W.; Martinez, L.T.; Ramos, M.; Li, W.; Shrivastava, S.; Rajput, S.; Chang, J.S.; Sahasrabudhe, P.; et al. Immunologic and Biophysical Features of the BNT162b2 JN.1- and KP.2-Adapted COVID-19 Vaccines 2024.

14. Powers, C.; Williams, B.; Kreher, A.; Gao, F.; West, B.; Chupp, D.; Allen, R. Neutralization of Recent SARS-CoV-2 Variants by Genetically and Structurally Related MAbs of the Pemivibart Lineage 2024.

#### **Публикации от 13.12.24г.**

1. Cell Discov. 2024 Dec 9;10(1):125. doi: 10.1038/s41421-024-00748-y.

#### **The comprehensive SARS-CoV-2 'hijackome' knowledge base**

Полная база знаний о способности к «перехвату» SARS-CoV-2

Sini Huuskonen <sup>1</sup>, Xiaonan Liu <sup>1</sup>, Ina Pöhner <sup>2</sup>

Целью данного исследования является изучение того, как варианты SARS-CoV-2, вызывающие обеспокоенность (VOCs), влияют на клетки-хозяева на уровне протеома,

чтобы лучше понять патогенез заболевания. Сначала проанализировали изменения (фосфо)протеома клеток-хозяев, инфицированных вариантами Alpha, Beta, Delta и Omicron BA.1 и BA.5 в течение периода времени от 1 до 36 часов после заражения. Результаты выявили различные временные закономерности экспрессии белков в VOCs с заметными различиями в динамике (фосфо)протеома, которые предполагают специфичные для вариантов адаптации. В частности, наблюдали повышенную экспрессию и активацию ключевых компонентов в рамках важнейших клеточных путей, таких как цикл RHO GTPase, сплайсинг РНК и процессы деградации, связанной с эндоплазматическим ретикулумом (ERAD). Также использовали масс-спектрометрию с биотинилированием с проксимальным расположением (BioID-MS) для исследования того, как специфическая мутация этих VOCs влияет на взаимодействие вирусных белков с белками-хозяевами. Всеобъемлющий набор данных по интерактоме раскрывает различные профили взаимодействия для каждого варианта, иллюстрируя, как специфические мутации могут изменять функциональность вирусных белков. В целом, этот обширный анализ предоставляет подробный протеомный профиль клеток-хозяев для каждого варианта, предлагая ценную информацию о том, как специфические мутации могут влиять на функциональность вирусных белков и влиять на идентификацию терапевтической мишени. Эти данные имеют значение для потенциального использования и разработки новых противовирусных веществ, направленных на повышение эффективности лечения против новых вариантов SARS-CoV-2.

2. mSphere. 2024 Dec 11:e0072624. doi: 10.1128/msphere.00726-24. Online ahead of print.

### **Combined mutations in nonstructural protein 14, envelope, and membrane proteins mitigate the neuropathogenicity of SARS-CoV-2 Omicron BA.1 in K18-hACE2 mice**

Комбинированные мутации в неструктурном белке 14, белках оболочки и мембраны смягчают нейрпатогенность SARS-CoV-2 Omicron BA.1 у мышей K18-hACE2

Kotou Sangare # 1 , Shufeng Liu # 1 , Prabhuanand Selvaraj 1 , и др.

Авторы оценили патогенность SARS-CoV-2 (WA1/2020), содержащего мутации из варианта омикрон BA.1, для мышей K18-hACE2. При дозе заражения 104 бляшкообразующих единиц вирусом WA1, несущим мутации варианта омикрон BA.1 Nsp14(I42V), E(T9I), M(D3G/Q19E/A63T), но не Nsp6(Δ105-107, I189V), имело место значительное снижение летальности. Интересно, что снижение вирусной нагрузки более выражено в мозге, чем в легких. Последующие анализы показывают, что замены BA.1 E(T9I) и M(D3G/Q19E/A63T) приводят к менее эффективной упаковке вирусоподобных частиц. Учитывая, что Nsp14(I42V), E(T9I), M(Q19E/A63T) хорошо сохраняются в последующих субвариантах омикрон, включая циркулирующие в настоящее время

варианты, эти результаты подчеркивают важность понимания того, как мутации, не связанные со спайком, влияют на патогенность вариантов SARS-CoV-2. Таким образом, комбинация 5 мутаций Nsp14, E и M варианта BA.1 значительно снизила вирусную нагрузку на мозг и снизила летальность. Эти результаты дают новое представление о том, как ослабляется патогенность SARS-CoV-2 Omicron BA.1

3. Toxicol Rep. 2024 Nov 22;13:101825. doi: 10.1016/j.toxrep.2024.101825. eCollection 2024 Dec.

### **Targeting mutation sites in the omicron variant of SARS-CoV-2 as potential therapeutic strategy against COVID-19 by antiretroviral drugs**

Таргетирование сайтов мутации в варианте SARS-CoV-2 омикрон как потенциальная терапевтическая стратегия против COVID-19 с помощью антиретровирусных препаратов

Ochuko L Erukainure <sup>1</sup>, Aliyu Muhammad <sup>2</sup>, Rahul Ravichandran <sup>3</sup>

Множественные мутационные изменения белка шипа (S) варианта SARS-CoV-2 Омикрон вызывают серьезную озабоченность, поскольку они связаны с тяжестью течения COVID-19 и осложнениями. В данном исследовании изучены мутации белка S варианта Омикрон в сравнении с вариантами Дельта и Ухань. Также, с использованием вычислительных инструментов, изучались молекулярные взаимодействия антиретровирусных препаратов (АРВ) с иницирующими и терминирующими кодами мРНК мутировавших белков варианта омикрон. Полные геномные последовательности соответствующих белков S для вариантов SARS-CoV-2 омикрон (OM066778.1), дельта (OK091006.1) и ухань (NC 045512.2) были получены из базы данных Национального центра биотехнологической информации (NCBI). Эволюционный анализ выявил высокие тенденции мутаций в белке S варианта SARS-CoV-2 омикрон по сравнению с вариантами дельта и ухань в сочетании с 68% гомологией. Последовательности сайтов инициации трансляции (TIS), сайтов терминации трансляции (TTS), высокомутационного региона 1 (HMR1) и высокомутационного региона 2 (HMR2) мРНК были получены из полного генома белка S варианта омикрон. Молекулярный стыковочный анализ выявил сильные молекулярные взаимодействия ARVd с TIS, TTS, HMR1 и HMR2 мРНК белка S. Эти результаты указывают на мутации в белке S варианта Omicron SARS-CoV-2 по сравнению с вариантами Delta и Wuhan. Эти мутации могут представлять новые мишени для терапевтических целей для COVID-19.

4. Appl Microbiol Biotechnol . 2024 Dec;108(1):35. doi: 10.1007/s00253-023-12941-2. Epub 2024 Jan 6.

### **Development of multiplex allele-specific RT-qPCR assays for differentiation of SARS-CoV-2 Omicron subvariants**

## Разработка мультиплексных аллель-специфичных анализов RT-qPCR для дифференциации подвариантов «Омикрона» SARS-CoV-2

Jianguo Li 1, Ruiling Cheng 2, Zixin Bian 3, Jiahui Niu 2, Juan Xia 2, Guoli Mao 4, Hulong Liu 4, Changxin Wu 2, Chunyan Hao 5

Для отслеживания распространения циркулирующих в настоящее время вариантов и новых рекомбинантных вариантов SARS-CoV-2 необходима быстрая дифференциация. Однако широко применяемый метод секвенирования генов является трудоёмким и дорогостоящим, особенно при работе с рекомбинантными вариантами, поскольку требуется секвенирование значительной части или всего генома. Аллель-специфичная обратная транскриптаза в реальном времени (RT-qPCR) представляет собой быстрый и экономичный метод генотипирования SNP (однонуклеотидных полиморфизмов) и успешно применяется для выявления вариантов SARS-CoV-2. В рамках настоящего исследования мы разработали панель из 5 мультиплексных аллель-специфичных анализов методом ОТ-кПЦР, нацеленных на 20 ключевых мутаций, для быстрой дифференциации подвариантов «Омикрона» (от BA.1 до BA.5 и их потомков), а также рекомбинантных вариантов (XBB.1 и XBB.1.5). Две параллельные мультиплексные реакции ОТ-кПЦР были разработаны для отдельного выявления аллеля-прототипа и мутировавшего аллеля каждой мутации в аллель-специфичном анализе методом ОТ-кПЦР. Оптимальные температуры отжига, дозировка праймера и зонда, а также время отжига/расширения для каждой реакции были определены с помощью многофакторного и многоуровневого ортогонального тестирования. Для определения наличия мутации применялось изменение значений  $C_p$  (точки пересечения) ( $\Delta C_p$ ) между двумя реакциями мультиплексной ОТ-кПЦР. Субварианты SARS-CoV-2 и родственные им рекомбинантные варианты различались по уникальным паттернам мутаций. Разработанные мультиплексные аллель-специфичные RT-qPCR анализы демонстрировали отличную аналитическую чувствительность (с пределами обнаружения (LOD) 1,47-18,52 копий на реакцию), широкие линейные диапазоны обнаружения (109-100 копий на реакцию), хорошая эффективность амплификации (от 88,25 до 110,68%), превосходная воспроизводимость (коэффициент вариаций (CVs) < 5% как во внутри-, так и в промежуточных тестах) и хорошие клинические показатели (99,5-100% совпадений с секвенированием по Сэнгеру). Разработанные в ходе настоящего исследования мультиплексные аллель-специфичные анализы методом ОТ-кПЦР предоставляют альтернативный инструмент для быстрой дифференциации подвариантов «Омикрон» SARS-CoV-2 и их рекомбинантных вариантов. **КЛЮЧЕВЫЕ МОМЕНТЫ:** • Набор из пяти мультиплексных аллель-специфичных анализов методом ОТ-кПЦР для быстрой дифференциации 11 подвариантов «Омикрона» SARS-CoV-2 (BA.1, BA.2, BA.4, BA.5 и их потомков) и 2 рекомбинантных вариантов (XBB.1 и XBB.1.5). • Разработанные анализы продемонстрировали хорошую аналитическую чувствительность и воспроизводимость, широкие линейные диапазоны обнаружения и хорошие клинические показатели, предоставляя альтернативный инструмент для



быстрой дифференциации подвариантов SARS-CoV-2 Omicron и их рекомбинантных вариантов.