

Дмитриева Л. Н., Чумачкова Е.А., Краснов Я.М., Осина Н. А.,
Зиминова 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 21 по 27 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 21 по 27 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 с 9 декабря 2024 г. 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 27 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
				JN.1 Initial Risk Evaluation 18 December 2023
				JN.1 Updated Risk Evaluation 9 February 2024
				JN.1 Updated Risk Evaluation 15 April 2024

[#]Excludes JN.1 sublineages listed as VUMs below.

Таблица 2. Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM) и циркулирующие в настоящее время (по состоянию на 27 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 17 126 133 геномов вируса SARS-CoV-2 (за прошедшую неделю депонировано 6 358 геномных последовательностей, за предыдущий аналогичный период – 11 735). В мире странами – лидерами по количеству депонированных штаммов SARSCoV-2 остаются США (5 247 836 геномов) и Великобритания (3 175 364 генома) – 49,2% от всех последовательностей, размещенных в GISAID.

Всего в базу данных GISAID депонировано 9 598 649 геномов варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 6 291 геномная последовательность 98,9% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 97,8%). Российскими лабораториями размещено 91 099 геномов вируса SARS-CoV-2, в том числе варианта Omicron – 58 660 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 26 стран (12,2%) (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: ХЕС, КР.3.1.1, JN.1, MC.1, КР.1.1 (рис. 1).

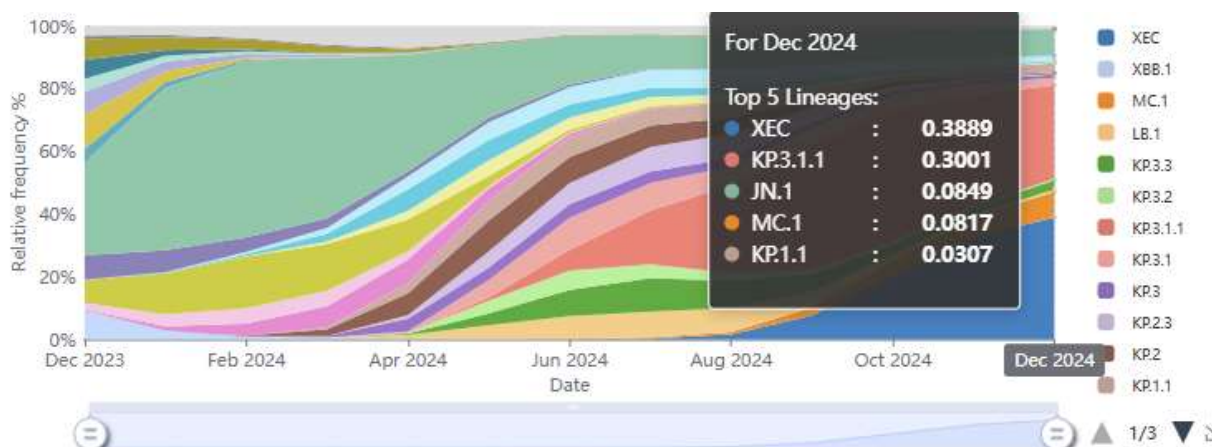


Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 27 декабря 2024 г.)

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%), КР.3.1.1 (9,16%); в регионе Юго-Восточной Азии – КР.3.3 (19,1%), КР.3.1.1 (17,9%), XD.V.1 (14,4 %); в Европейском регионе – КР.3.1.1 (40,4%); ХЕС (25,4%) (рис 2). В регионе Северной Америки среди циркулирующих субвариантов Omicron преобладали КР.3.1.1 (54,8%) и ХЕС (12,5%), в Западно-Тихоокеанском регионе – КР.3.1.1 (40,1 %) и ХЕС (19%), в Южной Америке – КР.3.1.1 (27,5 %), JN.1.11 (15,5 %) и JN.1.16.1 (11,5%) (рис. 3).

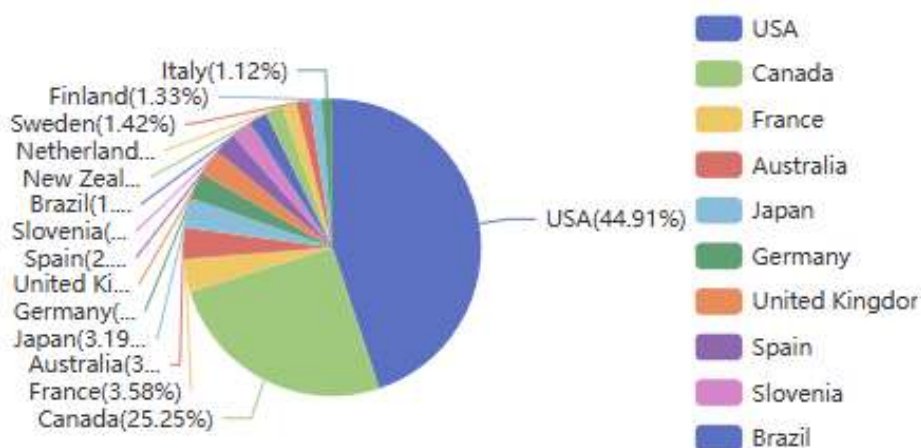


Рисунок 4. Страны с наибольшим депонированием последовательностей субварианта KP.3.1.1 (за период с 23 ноября по 20 декабря 2024г.)

В базе данных GISAID геномные последовательности субварианта ХЕС представлены из 51 страны, распространенность на уровне 39% (+1% за прошедшую неделю). За последние 4 недели удельный вес ХЕС среди секвенированных штаммов составил в Германии – 47%, Италии – 46,6%, Ирландии – 43,3%, Словении – 43,2%, Испании – 42,6%, Нидерландах – 40,1%, Великобритании – 39,5%, Франции – 38,7%, Швеции 38,3%, Австралии – 35,8%, Дании – 35,6%, Канаде – 26,7%.

В базе GISAID депонировано 21 564 последовательности субварианта LB.1, как минимум, из 91 страны. 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 менее 1%.

Субвариант KP.3 (FLuQE) секвенирован лабораториями 83 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 (30.11. – 27.12.2024 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	186744	219	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 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	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	157	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	100549	1	100,0
Бенин (стабилизация заболеваемости)	Institut für Virologie – Institute of Virology – Charite	518	0	0,0

Бермудские острова (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Virus Unit, National Infection Service, Public Health England	210	0	0,0
Болгария (стабилизация заболеваемости)	National Center of Infectious and Parasitic Diseases	7949	0	0,0
Боливия (стабилизация 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	0	0,0
Бразилия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Adolfo Lutz, Interdisciplinary Procedures Center, Strategic Laboratory	132266	16	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	146	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.	1546824	265	99,3
Венгрия (стабилизация заболеваемости)	National Laboratory of Virology, Szentágothai Research Centre	850	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)	841	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/Clinica 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.	590048	93	91,2
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	392	0	0,0
Гонконг (стабилизация заболеваемости)	Hong Kong Department of Health	16800	34	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)	27406	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	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.	393860	0	0,0
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	3008	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	148875	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	66244	64	100,0
Исландия (стабилизация заболеваемости)	Landspítali Department of Clinical Microbiology	12011	0	0,0
Испания (стабилизация заболеваемости)	Hospital Universitario 12 de Octubre	171474	50	100,0
Италия (стабилизация заболеваемости)	Army Medical Center, Scientific Department, Virology Laboratory	104537	68	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	412956	2713	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)	1854	7	100,0
Кения (стабилизация заболеваемости)	KEMRI-Wellcome Trust Research Programme/KEMRI-CGMR-C Kilifi	6337	0	0,0
Кипр (стабилизация	Department of Molecular Virology, Cyprus Institute of	6052	0	0,0

заболеваемости)	Neurology and Genetics			
Китай (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Viral Disease Control and Prevention	87789	35	100,0
Колумбия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Salud– Dirección de Investigación en Salud Pública	16288	0	0,0
Коморские острова (стабилизация заболеваемости)	KEMRI–Wellcome Trust Research Programme/KEMRI–CGMR–C Kilifi	11	0	0,0
Косово (стабилизация заболеваемости)	Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie	1029	0	0,0
Коста-Рика (стабилизация заболеваемости)	Incienza, Instituto Costarricense de Investigación y Enseñanza en Nutrición y Salud	11078	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	1224	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	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	36559	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 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 University	3538	0	0,0
Нидерланды (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	91802	118	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)	44230	34	100,0
Новая Каледония (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de Microbiologie Centre Hospitalier Territorial de Nouvelle-Calédonie	139	2	100,0

Норвегия (стабилизация заболеваемости)	Norwegian Institute of Public Health, Department of Virology	36800	6	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	1000	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 SaludPerú	40681	8	100,0
Польша (стабилизация заболеваемости)	genXone SA, Research & Development Laboratory	48187	11	100,0
Португалия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Saude(INSA)	25760	0	0,0
Пуэрто Рико (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	23283	0	0,0
Республика Вануату (стабилизация заболеваемости)	Microbiological Diagnostic Unit - Public Health Laboratory (MDU-PHL)	100	0	0,0
Республика Джибути	Naval Medical Research Center Biological Defense	633	0	0,0

(стабилизация заболеваемости)	Research Di-rectorate			
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	707	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 Engineeing 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	58568	0	0,0

	Biotechnology VECTOR, Department of Collection of Microorganisms.			
Руанда (стабилизация заболеваемости)	GIGA Medical Genomics	205	0	0,0
Румыния (стабилизация заболеваемости)	National Institute of Infectious Diseases–Prof. Dr. Matei Bals Molecular Diagnostics Laboratory	12542	0	0,0
Самоа		169	0	0,0
Саудовская Аравия (стабилизация заболеваемости)	Infectious Diseases, King Faisal Hospital Research Center	1610	0	0,0
Северная Македония (стабилизация заболеваемости)	Institute of Public Health of Republic of North Macedonia Laboratory of Virology and Molecular Diagnostics	434	0	0,0
Северные Марианские острова (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	2096	0	0,0
Сейшелы (стабилизация заболеваемости)	KEMRI– Wellcome Trust Research Programme, Kilifi	619	0	0,0
Сенегал (стабилизация заболеваемости)	IRESSEF GENOMICS LAB	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	Institut Pasteur	304	0	0,0

заболеваемости)				
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	29080	0	0,0
Словения (стабилизация заболеваемости)	Institute of Microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, University of Ljubljana	39405	40	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.	2820571	1046	97,8
Сьерра–Леоне (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Reference Laboratory	2	0	0,0
Таиланд (стабилизация заболеваемости)	COVID–19 Network Investigations(CONI) Alliance	33046	0	0,0
Тайвань (стабилизация заболеваемости)	Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision Medicine	5889	0	0,0
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	17	0	0,0

	West Indies, St Augustine Campus			
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	981	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”	7473	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	402	4	100,0
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 заболеваемости)	Department of Virology, Faculty of Medicine, University of Helsinki	27117	34	100,0
Франция (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	420155	158	100,0
Французская Гвиана	National Reference Center for Viruses of Respiratory	2146	0	0,0

(стабилизация заболеваемости)	Infections, Institut Pasteur, Paris			
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 (стабилизация заболеваемости)	Instituto de Salud Publica de Chile	30132	0	0,0
Швейцария (стабилизация заболеваемости)	Department of Biosystems Science and Engineering, ETH Zürich.	58957	0	0,0
Швеция (стабилизация заболеваемости)	The Public Health Agency of Sweden	138502	339	99,1
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	7513	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	561	0	0,0

	Genome Sequencing			
ЮАР (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform.	28815	0	0,0
Южная Корея (стабилизация заболеваемости)	Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency	169686	5	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	496632	114	100,0

**Варианты SARS-CoV-2 , вызывающие интерес, и варианты,
находящиеся под наблюдением**

Эволюция вируса

Все вирусы со временем меняются, включая SARS-CoV-2. Изменения могут касаться таких свойств вируса, как передача, тяжесть вызываемого заболевания или эффективность вакцин, терапевтических препаратов, диагностических тестов или других мер общественного здравоохранения и социальных мер. С момента возникновения пандемии COVID-19 SARS-CoV-2 претерпел значительную генетическую эволюцию, что привело к появлению множества вариантов с различными характеристиками (рисунок 13). К концу 2020 года были идентифицированы такие варианты, как Alpha (B.1.1.7), Beta (B.1.351) и Gamma (P.1), рисунок 14, каждый из которых демонстрирует мутации, которые повышают заразность и, в некоторых случаях, влияют на лечение и эффективность вакцины. Вызывающий беспокойство вариант Delta (B.1.617.2), впервые обнаруженный в Индии в октябре 2020 года, стал доминирующим в мире из-за своей повышенной заразности.

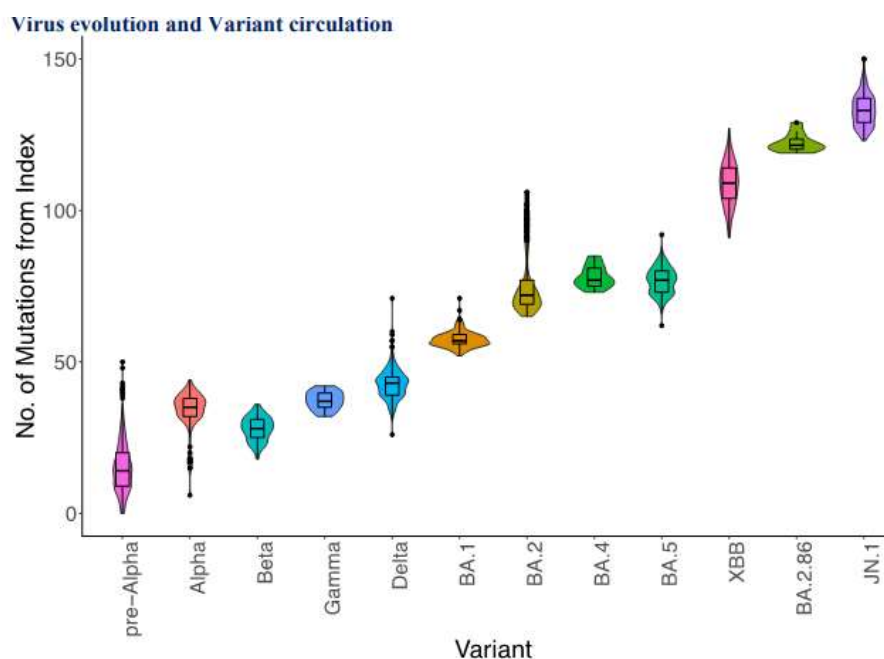


Рис. 13 Количество аминокислотных замен по сравнению с индексным вирусом для каждого варианта

В ноябре 2021 года вариант Omicron (B.1.1.529) был выявлен в Ботсване и Южной Африке, о чем сообщили из Южной Африки, и который характеризовался высоким и беспрецедентным количеством мутаций в белке шипа, что повысило его способность уклоняться от иммунных реакций. Благодаря своей значительно возросшей трансмиссивности он изменился в вирулентности по сравнению с Delta, и продолжающиеся в то время усилия по вакцинации привели к значительным

проблемам общественного здравоохранения из-за одновременных пиков по всему миру. Омикрон быстро диверсифицировался на подварианты, включая BA.1, BA.2 и BA.5, каждый из которых способствовал последовательным волнам заражения во всем мире. К 2023 году появились рекомбинантные подварианты, включая ХВВ и его потомка ХВВ.1.5, объединяющие генетический материал из разных линий, что еще больше усложнило вирусный ландшафт. Во второй половине 2023 года появилась потомковая линия BA.2 BA.2.86, которая дала начало JN.1, который в настоящее время является наиболее распространенным вариантом SARS-CoV-2 в мире. По состоянию на декабрь 2024 года KP.3.1.1 является наиболее распространенной линией JN.1, но ее распространенность начинает снижаться, за ней следует ХЕС, распространенность которого растет. Несмотря на повышенную трансмиссивность и способность уклоняться от иммунитета, JN.1 не был связан с повышенной вирулентностью, и показатели общественного здравоохранения остаются стабильными.

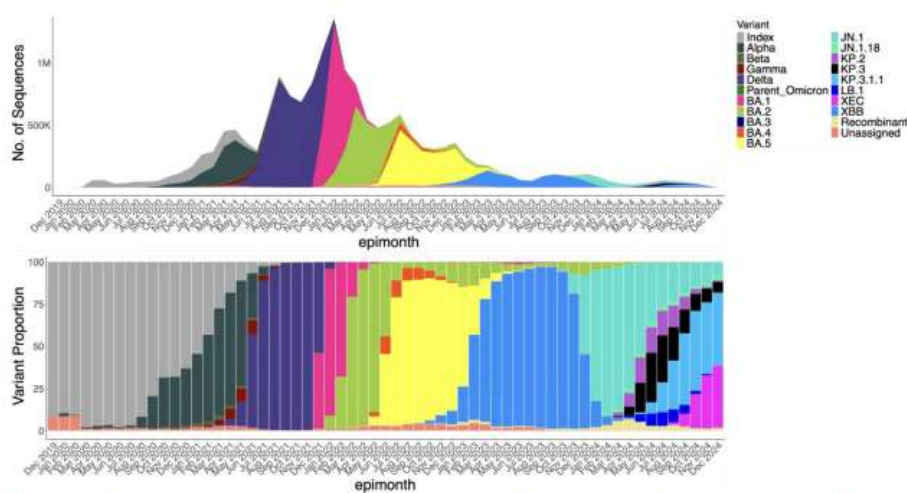


Рисунок 14: Количество последовательностей SARS-CoV-2, переданных в базу данных GISAID, и пропорции вариантов с декабря 2019 г. по декабрь 2024 г.

В июне 2020 года ВОЗ создала Рабочую группу по эволюции вируса для мониторинга вариантов SARS-CoV-2, оценки генетических и фенотипических изменений и их влияния на меры противодействия. Позднее ВОЗ переформатировала эту группу в Техническую консультативную группу по эволюции вируса SARS-CoV-2 (TAG-VE). С появлением вариантов SARS-CoV-2, представляющих повышенный риск для глобального общественного здравоохранения, TAG-VE охарактеризовала некоторые из этих вариантов как варианты, вызывающие беспокойство (VOCs), варианты, представляющие интерес (VOIs) и варианты, находящиеся под наблюдением (VUMs), чтобы приоритизировать глобальный мониторинг и исследования, а также информировать и корректировать ответ на COVID-19. Для отслеживания этих вариантов ВОЗ присвоила ключевые варианты простым и легкопроизносимым

греческим обозначениям, например, Alpha, Beta, Delta и Omicron. Учитывая постоянно меняющийся ландшафт вариантов SARS-CoV-2, ВОЗ регулярно обновляет свою систему отслеживания вариантов и рабочие определения VOCs, VOIs и VUMs одновременно.

ВОЗ разработала структуру оценки риска варианта SARS-CoV-2 для содействия регулярной оценке рисков для общественного здравоохранения, создаваемых новыми вариантами, используя как имеющиеся доказательства, так и уровень достоверности этой информации. Используя междисциплинарный опыт TAG-VE, ВОЗ регулярно публикует документы по оценке риска для VOI, а в последнее время и для VUM. Хотя структура оценки риска в первую очередь нацелена на новые варианты и линии SARS-CoV-2, она также оказывается пригодной для адаптации к другим новым патогенам, способным передаваться от человека к человеку.

За последние 28 дней (с 14 октября по 10 ноября 2024 г.) в GISAID было передано 24 086 последовательностей SARS-CoV-2, что на 32,7% меньше, чем за предыдущий 28-дневный период. Из переданных последовательностей 0,1% были из Африканского региона ВОЗ, 52,8% из Американского региона ВОЗ, 0,1% из Восточно-Средиземноморского региона ВОЗ, 36,4% из Европейского региона ВОЗ, 0,2% из региона Юго-Восточной Азии и 10,3% из Западно-Тихоокеанского. В настоящее время ВОЗ отслеживает один вариант (VOI), JN.1, и шесть линий потомков JN.1 (VUM): JN.1.18, KP.2, KP.3, KP.3.1.1, LB.1 и XEC. В течение этого 28-дневного периода распространенность XEC увеличилась с 21,3% до 28,4%. Напротив, JN.1 снизился с 14,3% до 13,1%, JN.1.18 с 1,5% до 1,3%, KP.2 с 2,8% до 1,5%, KP.3 с 10,2% до 7,7%, KP.3.1.1 с 46,4% до 45,6% и LB.1 с 1,8% до 1,9%. Риск для общественного здравоохранения, представляемый XEC, по сравнению с другими циркулирующими вариантами, был оценен как низкий. Несмотря на то, что его распространенность растет, XEC остается VUM, поскольку в настоящее время не соответствует критериям классификации как VOI.

Таблица 5. Ежедневная распространенность VOI и VUM SARS-CoV-2, с 42-й по 45-ю неделю 2024 г.

Table 5. Weekly prevalence of SARS-CoV-2 VOIs and VUMs, week 42 to week 45 of 2024

Lineage*	Countries§	Sequences§	2024-42	2024-43	2024-44	2024-45
VOIs						
JN.1	146	297567	14.3	14.0	12.3	13.1
VUMs						
KP.2	87	34120	2.8	2.7	1.4	1.5
KP.3	77	57488	10.2	9.2	8.5	7.7
KP.3.1.1	65	69415	46.4	45.7	47.6	45.6
JN.1.18	100	8293	1.5	1.6	1.2	1.3
LB.1	83	16701	1.8	1.2	1.0	1.0
XEC	52	16486	21.3	23.6	26.8	28.4
Recombinant	147	495176	1.5	1.7	1.0	1.2
Unassigned	68	4103	0.0	0.0	0.0	0.0
Others	119	37181	0.2	0.2	0.2	0.3

Эволюция SARS-CoV-2 подчеркивает необходимость постоянного геномного надзора, поскольку способность вируса к генетической диверсификации создает постоянные риски появления вариантов, которые могут бросить вызов текущим терапевтическим, вакцинным и другим стратегиям общественного здравоохранения. Понимание этой эволюционной динамики остается критически важным для смягчения последствий пандемии.

Публикации

1. Commun Biol . 2024 Dec 24;7(1):1698. doi: 10.1038/s42003-024-07422-9.

Structure and dynamics of the interaction of Delta and Omicron BA.1 SARS-CoV-2 variants with REGN10987 Fab reveal mechanism of antibody action

Структура и динамика взаимодействия вариантов SARS-CoV-2 Delta и Omicron BA.1 с REGN10987 Fab раскрывают механизм действия антител

Ekaterina N Lyukmanova, Evgeny B Pichkur, Dmitry E Nolde и др.

Представлена 2,5 Å крио-ЭМ структура тримерного S-белка SARS-CoV-2 Delta в комплексе с Fab рекомбинантного аналога нейтрализующего антитела REGN10987. S-белок принимает конформацию «два RBD-вниз и один RBD-вверх». Fab взаимодействует с RBD в обеих конформациях, блокируя распознавание ангиотензинпревращающего фермента-2. Трехмерный анализ изменчивости выявляет высокую подвижность областей RBD/Fab. Взаимодействие REGN10987 с Wuhan, Delta, Omicron BA.1 и мутированными вариантами RBD анализируется с помощью микромасштабного термофореза, моделирования молекулярной динамики и расчетов ΔG с зонтичной выборкой и одномерным потенциалом средней силы. Изменчивость траекторий молекулярной динамики приводит к большому разбросу вычисленных значений ΔG , но взвешивание Больцмана обеспечивает приемлемую корреляцию с экспериментом. Обнаружено, что отклонение от REGN10987 у варианта Omicron обусловлено аддитивным эффектом мутаций N440K и G446S, расположенных на интерфейсе связывания RBD/Fab, с небольшим эффектом мутации Q498R. Это исследование объясняет влияние известных на сегодняшний день мутаций RBD SARS-CoV-2 на распознавание REGN10987 и подчеркивает важность динамических данных за пределами статической структуры комплекса RBD/Fab.

2. Front Immunol . 2024 Dec 10;15:1412873.

doi: 10.3389/fimmu.2024.1412873. eCollection 2024.

Unraveling the impact of SARS-CoV-2 mutations on immunity: insights from innate immune recognition to antibody and T cell responses

Раскрытие влияния мутаций SARS-CoV-2 на иммунитет: от врожденного иммунного распознавания до реакций антител и Т-клеток

Rafael Bayarri-Olmos, Adrian Sutta, Anne Rosbjerg

На протяжении всей пандемии COVID-19 появление новых вирусных вариантов бросало вызов усилиям общественного здравоохранения, ввиду ускользания от антител, вызванных инфекцией и вакцинацией. Это иммунное ускользание привело к волнам прорывных инфекций, поставив под сомнение эффективность и долговечность иммунной защиты. Авторы изучили влияние мутаций шипов SARS-CoV-2 Delta и Omicron на связывание рецептора ACE-2, стабильность белка и уклонение от иммунного ответа. Варианты Delta и Omicron имели в 3-5 раз более высокую аффинность связывания с ACE-2, чем предковый штамм ($KD_{wt} = 23,4$ нМ, $KD_{Delta} = 8,08$ нМ, $KD_{BA.1} = 4,77$ нМ, $KD_{BA.2} = 4,47$ нМ). Установлено, что связывание MBL оставалось в значительной степени неизменным во всех вариантах, даже после введения мутаций в отдельные гликановые сайты. Хотя связывание MBL снизилось после вакцинации, оно увеличилось в 2,6 раза при истощении IgG, что предполагает компенсаторную или избыточную роль в иммунном распознавании. В частности, определили два гликановых участка (N717 и N801) как потенциально необходимые для структурной целостности белка спайка. Нейтрализация сывороточными иммуноглобулинами преимущественно опосредовалась IgG, а не IgA, и была заметно нарушена против вариантов Delta (снижение в 5,8 раза) и Omicron BA.1 (17,4 раза) и BA.2 (14,2 раза). Реакции Т-клеток, изначально сохраненные, быстро ослабли в течение 3 месяцев после заражения Omicron. Эти данные свидетельствуют о том, что иммунный импринтинг мог препятствовать реакциям антител и Т-клеток на варианты. В целом, несмотря на сниженную нейтрализацию антител, распознавание MBL и реакции Т-клеток в целом не были затронуты вариантами. Эти результаты расширяют наше понимание сложного взаимодействия между вирусной адаптацией и иммунным ответом, подчеркивая важность учета взаимодействий MBL, иммунного импринтинга и динамики вирусной эволюции при разработке новых вакцин и стратегий лечения.

3. Inflammopharmacology. 2024 Dec 23. doi: 10.1007/s10787-024-01627-4. Online ahead of print.

Across-the-board review on Omicron SARS-CoV-2 variant

Всесторонний обзор по варианту Omicron SARS-CoV-2

Rufaida Wasim, Sumaiya, Asad Ahmad

Это обзор исследований, опубликованных с ноября 2021 года по сентябрь 2024 года. Обсуждается появление варианта SARS-CoV-2 Omicron, его ключевые характеристики и существенные проблемы для глобального здравоохранения, а

также меры по борьбе с ним в контексте продолжающейся пандемии COVID-19. Обсуждались различные мутации в Omicron, которые способствуют повышенной заразности и уклонению от индуцированного вакциной или естественного иммунитета, приобретенного после заражения. Отмечено, что улучшение геномного надзора и отслеживания, разработка высокоэффективных вакцин и иммунотерапии, разработка соответствующих стратегий, планов действий и планов будущей готовности должны быть приоритетными и быстро реализованы на глобальном уровне, чтобы смягчить высокие глобальные проблемы для здравоохранения, связанные с появлением этого нового варианта Omicron, задолго до того, как он вызовет крупномасштабные вспышки COVID-19.

4. Virus Evol. 2024 Nov 22;10(1):veae095. doi: 10.1093/ve/veae095. eCollection 2024.

Emergence of Omicron FN.1 a descendent of BQ.1.1 in Botswana

Появление Omicron FN.1, потомка BQ.1.1, в Ботсване.

Wonderful T Choga, Emanuele Gustani-Buss, Houriiyah Tegally, Dorcas Maruapula, Xiaoyu Yu, Monika Moir, Boitumelo J L Zuze, San Emmanuel James, Nokuthula S Ndlovu, Kedumetse Seru, Patience Motshosi, Alexandra Blenkinsop, Irene Gobe, Cheryl Baxter, Justen Manasa, Shahin Lockman, Roger Shapiro, Joseph Makhema, Eduan Wilkinson, Jason T Blackard, Phillipe Lemey, Richard J Lessells, Darren P Martin, Tulio de Oliveira, Simani Gaseitsiwe, Sikhulile Moyo

Ботсвана, как и весь остальной мир, значительно пострадала от SARS-CoV-2. В декабре 2022 года обнаружен монофилетический кластер геномов, включающий сублинию варианта Omicron (VOC), обозначенного как B.1.1.529.5.3.1.1.1.1.1.74.1 (или FN.1, клад 22E). Эти геномы были получены как из эпидемиологически связанных, так и из несвязанных образцов, собранных в трех близких местах в районе Большого Габороне. В этом исследовании оценили распространенность линии FN.1 во всем мире, ее мутационный профиль и провели филогеографический анализ, чтобы выявить динамику ее глобального распространения. Среди примерно 16 миллионов общедоступных последовательностей SARS-CoV-2, сгенерированных к 30 сентября 2023 года, только 87 относились к линии FN.1, в том числе 22 из Ботсваны, 6 из Южной Африки и 59 из Великобритании. Расчетное время до самого последнего общего предка 87 последовательностей FN.1 определено как 22 октября 2022 г. [95% наивысшей апостериорной плотности: 2 сентября 2022 г. - 24 ноября 2022 г.], при этом самая ранняя из 22 последовательностей Ботсваны была получена 7 декабря 2022 г. Дискретная реконструкция признаков FN.1 определила Ботсвану как наиболее вероятное место происхождения. Линия FN.1 происходит от линии BQ.1.1 и несет два миссенс-варианта в белке спайка, S:K182E в NTD и S:T478R в RDB. Среди более чем 90

линий SARS-CoV-2, циркулировавших в Ботсване в период с сентября 2020 года по июль 2023 года, FN.1 был наиболее тесно связан с BQ.1.1.74 на основе филогенетического вывода максимального правдоподобия, отличаясь только мутацией S:K182E, обнаруженной в FN.1. Учитывая раннее обнаружение многочисленных новых вариантов из Ботсваны и соседних с ней стран, это исследование подчеркивает необходимость непрерывного наблюдения для мониторинга появления потенциальных VOC, интеграции молекулярных и пространственных данных для выявления закономерностей распространения, повышающих готовность.