

Дмитриева Л. Н., Чумачкова Е.А., Краснов Я.М., Осина Н. А.,
Змирова 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 4 по 10 января 2025 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 4 по 10 января 2025 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 10 января 2025 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 10 января 2025 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 17 141 917 геномов вируса SARS-CoV-2 (за прошедшую неделю депонировано 9 801 геномная последовательность, за предыдущий аналогичный период – 5 983). В мире странами – лидерами по количеству депонированных штаммов SARSCoV-2 остаются США (5 253 011 геномов) и Великобритания (3 175 565 геномов) – 49,2% от всех последовательностей, размещенных в GISAID.

Всего в базу данных GISAID депонировано 9 614 117 геномов варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 9 731 геномная последовательность 99,3% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 95,9%). Российскими лабораториями размещено 91 971 геном вируса SARS-CoV-2, в том числе варианта Omicron – 59 532 геномные последовательности.

В базе данных GISAID зафиксировано депонирование варианта Omicron из 213 стран и территорий: Австралия, Австрия, Азербайджан, Албания, Алжир, Американское Самоа, Андорра, Ангола, Антигуа и Барбуда, Ангилья, Аргентина, Армения, Аруба, Афганистан, Бангладеш, Барбадос, Бахрейн, Беларусь, Бельгия, Бермудские Острова, Белиз, Бенин, Болгария, Боливия, Ботсвана, Босния и Герцеговина, Бонайре, Бразилия, Бруней, Британские Виргинские острова, Бутан, Бурунди, Буркина-Фасо, Великобритания, Венесуэла, Венгрия, Виргинские Острова (США), Вьетнам, Гана, Гаити, Гамбия, Гайана, Гваделупа, Гватемала, Гвинея, Германия, Гибралтар, Гондурас, Гонконг, Гренада, Греция, Грузия, Гуам, Габон, Дания, Джибути, Доминиканская Республика, Доминика, ДРК, Демократическая Республика Восточный Тимор, Египет, Замбия, Зимбабве, Израиль, Индия, Индонезия, Иордания, Ирак, Иран, Ирландия, Исландия, Испания, Италия, Кабо-Верде, Казахстан, Каймановы Острова, Камбоджа, Камерун, Канада, Катар, Кения, Кипр, Китай, Кирибати, Колумбия, Косово, Коста-Рика, Кот-д'Ивуар, Куба, Кувейт, Кыргызстан, Кюрасао, Лаос, Латвия, Либерия, Ливан, Ливия, Лихтенштейн, Литва, Лесото (Королевство Лесото), Люксембург, Мадагаскар, Маврикий, Мавритания, Малави, Малайзия, Мальдивы, Мальта, Мали, Марокко, Мартиника, Маршалловы Острова, Майотта, Мексика, Мозамбик, Молдова, Монако, Монголия, Монтсеррат, Мьянма, Микронезия, Намибия, Нидерланды, Нигер, Нигерия, Непал, Независимое государство

Самоа, Ниуэ, Норвегия, Новая Зеландия, Новая 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 20 страны (9,4%) (за предыдущие – 23 страны (10,8%)) депонировали новые геномные последовательности Omicron в GISAID.

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

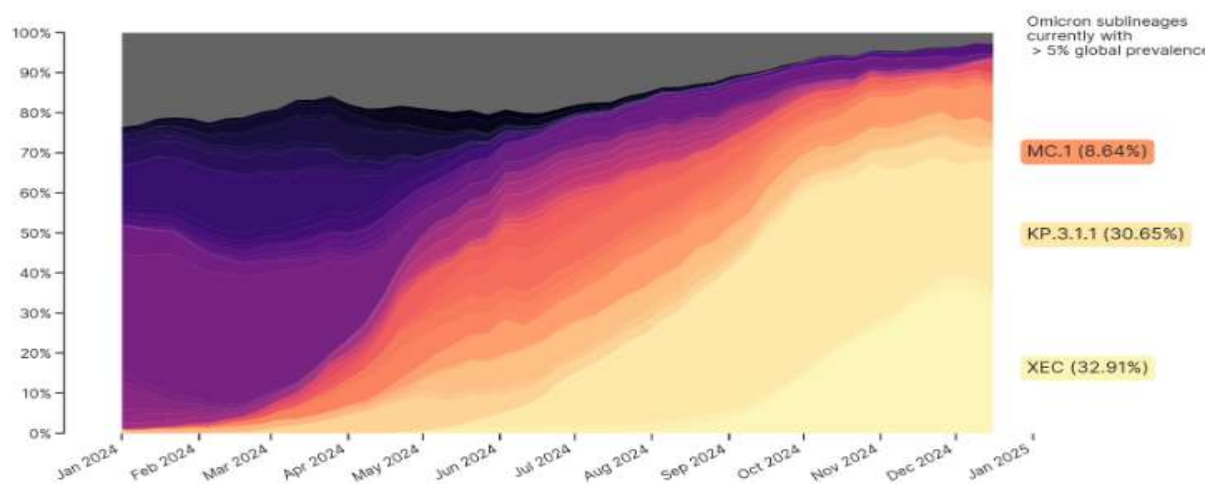


Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 10 января 2025 г.)

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 8 октября 2024 г. по 6 января 2025 г. представлена на рисунках 2 и 3. В странах Африки доминировали субварианты JN.1.40 (24,4%), KP.3.1.1 (13,5%), LB.1.3 (12,2%); в регионе Юго-Восточной Азии – KP.3.1.1 (19,84%), XEC (17,3%), XDV.1 (11,7 %), KP.3.3 (9,4%); в Европейском регионе – XEC (37,1%), KP.3.1.1 (30,4%); (рис 2). В регионе Северной Америки среди циркулирующих

Africa

JN.1.25(0.64%)
 JN.1.18.2(0.64%)
 JN.1.16.3(0.64%)
 MC.1(1.28%)
 KS.1.1(1.2%)
 JN.1.9(1.2%)
 JN.1.20(1.2%)
 BA.2(1.2%)
 JN.1.49.1(1.2%)
 JN.1.1(1.92%)
 MB.1.1(2.56%)
 KP.3.1(2.56%)
 JN.1.16(2.56%)
 JN.1.16.1(3.84%)
 JN.1.11(3.85%)
 XEC(8.98%)
 LB.1.1(12.18%)
 JN.1.40(24.36%)
 KP.3.1.1(13.46%)
 Unassigned(13.46%)

Asia

KP.2.2(0.65%)
 KP.3(0.94%)
 KP.3.1(0.97%)
 JN.1.8(1.01%)
 KP.2.1(1.2%)
 KP.2.1.49(1.2%)
 MC.1(1.5%)
 XDV(1.66%)
 JN.1.18.5(1.66%)
 JN.1.16(2.56%)
 JN.1.11(2.56%)
 KP.3.3(3.84%)
 KP.3.3.1(4.8%)
 KP.1.1.3(4.8%)
 JN.1.40(5.08%)
 MR.1.1(5.53%)
 KP.3.3(9.35%)
 KP.3.1.1(9.84%)
 XEC(17.27%)
 KDV(11.72%)

Europe

KS.1.1(0.31%)
 KP.1.1(0.42%)
 XEC.1(0.42%)
 JN.1.16.1(0.64%)
 KP.2.1(0.97%)
 XDV(1.66%)
 KP.1.1.3(1.66%)
 KS.1(1.92%)
 KP.3.1.1(2.56%)
 JN.1.16.1(2.56%)
 JN.1.18.6(2.56%)
 JN.1.9(1.92%)
 JN.1.1(2.56%)
 MC.1(2.56%)
 KP.3.1(5.3%)
 JN.1.40(5.83%)
 KP.3.1.1(20.39%)
 XEC(37.13%)

Геномные последовательности субварианта JN.1 представлены из 148 стран. За

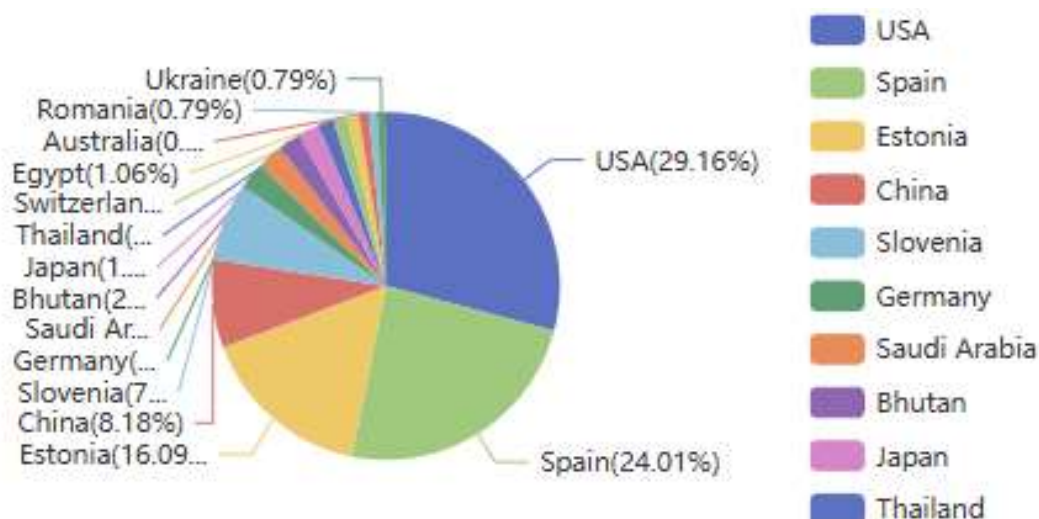


Рисунок 4. Страны с наибольшим депонированием последовательностей субварианта JN.1 (с 14 декабря 2024 г. по 10 января 2025 г.)

Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)

С момента идентификации в базе данных GISAID распространение субварианта KP 3.1.1 оценивается на уровне 17,9% (-10,3 % за прошедшую неделю). Последовательности размещены из 75 стран, за последние 4 недели – преимущественно из США и Канады (Рис. 5).

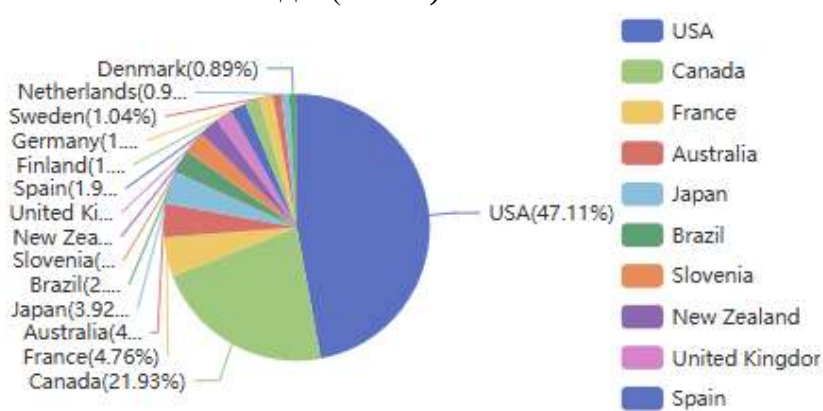


Рисунок 5. Страны с наибольшим депонированием последовательностей субварианта KP.3.1.1 (с 14 декабря 2024 г. по 10 января 2025 г.)

В базе данных GISAID геномные последовательности субварианта ХЕС представлены из 51 страны, распространенность на уровне 46,4% (+9,8% за прошедшую неделю). За последние 4 недели удельный вес ХЕС среди секвенированных штаммов составил в США – 36,9%, Канаде – 26,2%, Франции – 7,3%, Австралии – 6,8%.

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%.

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 (14.12. 2024 г. – 10.01.2025 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	187414	343	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)	Instituto de Salud Carlos III	323	0	0,0

заболеваемости)				
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	0	0,0
Бенин (стабилизация	Institut für Virologie – Institute of Virology – Charite	518	0	0,0

заболеваемости)				
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	8104	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	132794	0	0,0
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.	1547022	102	97,1
Венгрия (стабилизация	National Laboratory of Virology, Szentágothai	850	0	0,0

заболеваемости)	Research Centre			
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	2535	0	0,0
Гваделупа (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	752	0	0,0
Гватемала (стабилизация заболеваемости)	Asociación de Salud Integral/Clínica Familiar Luis Ángel García	5058	0	0,0
Гвинея (стабилизация заболеваемости)	Centre de Recherche et de Formation en Infectiologie Guinée	536	0	0,0
Гвинея-Бисау (стабилизация заболеваемости)	MRCG at LSHTM, Genomics lab	19	0	0,0
Германия (стабилизация заболеваемости)	Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie. Institute of infectious medicine & hospital hygiene, CaSe-Group.	590055	0	0,0
Гибралтар (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Virus Unit, National Infection Service, Public Health England	122	0	0,0
Гондурас (стабилизация заболеваемости)	Genomics and Proteomics Departament, Gorgas Memorial Institute For Health Studies	392	0	0,0
Гонконг (стабилизация	Hong Kong Department of Health	16828	18	100,0

заболеваемости)				
Гренада	WINDREF/SGU Laboratory	112	0	0,0
Греция (стабилизация заболеваемости)	Greek Genome Center, Biomedical Research Foundation of the Academy of Athens(BRFAA)	27408	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.	394124	69	100,0
Доминика (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies, St Augustine Campus	10	0	0,0
Доминиканская Республика (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Viruses Branch, Centers for Disease Control and Prevention, USA	2304	0	0,0
Демократическая Республика Конго (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Sequencing Lab, National Institute for Biomedical Research(INRB)	597	0	0,0
Египет (стабилизация заболеваемости)	Main Chemical Laboratories Egypt Army	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	123132	71	100,0
Индия (стабилизация заболеваемости)	Department of Neurovirology, National Institute of Mental Health and Neurosciences(NIMHANS).CSIR–	148937	0	0,0

	Centre for Cellular and Molecular Biology			
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	66253	12	100,0
Исландия (стабилизация заболеваемости)	Landspítali Department of Clinical Microbiology	12011	0	0,0
Испания (стабилизация заболеваемости)	Hospital Universitario 12 de Octubre	171898	20	100,0
Италия (стабилизация заболеваемости)	Army Medical Center, Scientific Department, Virology Laboratory	104583	4	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	2162	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	414580	1831	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)	1854	1	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	88446	76	100,0
Колумбия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Salud– Dirección de Investigación en Salud Pública	16292	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	11091	0	0,0
Кот Д'Ивуар (стабилизация заболеваемости)	Molecular diagnostic unit for viral haemorrhagic fevers and emerging viruses, Bouaké CHU Laboratory	389	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	1044	0	0,0

	England			
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	39514	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	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	1543	0	0,0

заболеваемости)				
Мексика (стабилизация заболеваемости)	Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos (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	218	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)	91884	10	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	0	0,0
Новая Каледония (стабилизация	Laboratoire de Microbiologie Centre Hospitalier Territorial de Nouvelle-Calédonie	139	0	0,0

заболеваемости)				
Норвегия (стабилизация заболеваемости)	Norwegian Institute of Public Health, Department of Virology	36800	0	0,0
ОАЭ (стабилизация заболеваемости)	Wellcome Sanger Institute for the COVID-19 Genomics UK(COG-UK) Consortium	734	0	0,0
Оман (стабилизация заболеваемости)	Oman-National Influenza Center	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	3685	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	40681	0	0,0
Польша (стабилизация заболеваемости)	genXone SA, Research & Development Laboratory	48187	5	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 (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 (стабилизация заболеваемости)	Genomics and Proteomics Department, 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 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	59440	0	0,0

	Surveillance. State Research Center of Virology and Biotechnology VECTOR, Department of Collection of Microorganisms.			
Руанда (стабилизация заболеваемости)	GIGA Medical Genomics	205	0	0,0
Румыния (стабилизация заболеваемости)	National Institute of Infectious Diseases–Prof. Dr. Matei Bals Molecular Diagnostics Laboratory	12542	0	0,0
Самоа		169	0	0,0
Саудовская Аравия (стабилизация заболеваемости)	Infectious Diseases, King Faisal Hospital Research Center	1674	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	41535	189	100,0

Сен-Мартин (стабилизация заболеваемости)	Institut Pasteur	304	0	0,0
Синт–Мартен (стабилизация заболеваемости)	National Institute for Public Health and the Environment(RIVM)	954	0	0,0
Сирия (стабилизация заболеваемости)	CASE-2021-0266829	91	0	0,0
Словакия (стабилизация заболеваемости)	Faculty of Natural Sciences, Comenius University	29080	0	0,0
Словения (стабилизация заболеваемости)	Institute of Microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, University of Ljubljana	39457	60	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 (рост заболеваемости)	Colorado Department of Public Health & Environment. Maine Health and Environmental Testing Laboratory. California Department of Public Health. UCSD EXCITE.	2825223	1041	98,0
Сьерра–Леоне (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Reference Laboratory	2	0	0,0
Таиланд (стабилизация заболеваемости)	COVID–19 Network Investigations(CONI) Alliance	33091	4	100,0
Тайвань (стабилизация заболеваемости)	Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision Medicine	5926	29	100,0
Танзания (стабилизация заболеваемости)	Jiaxing Center for Disease Control and Prevention	292	0	0,0
Теркс и Кайкос (стабилизация	Carrington Lab, Department of Preclinical Sciences,	17	0	0,0

заболеваемости)	Faculty of Medical Sciences, The University of the 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”	7526	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	405	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	16522	0	0,0
Финляндия (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Faculty of Medicine, University of Helsinki	27117	0	0,0
Франция (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	420526	122	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)	125	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.	59038	0	0,0
Швеция (стабилизация заболеваемости)	The Public Health Agency of Sweden	138807	176	100,0
Шри-Ланка (стабилизация заболеваемости)	Centre for Dengue Research and AICBU, Department of Immunology and Molecular Medicine	1192	0	0,0
Эквадор (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Investigaciónes Salud Pública, INSPI	7518	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	7538	0	0,0
Эфиопия (стабилизация	International Centre for Genetic Engineering and	561	0	0,0

заболеваемости)	Biotechnology(ICGEB) and ARGO Open Lab for Genome Sequencing			
ЮАР (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform.	28911	23	100,0
Южная Корея (стабилизация заболеваемости)	Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency	169687	1	100,0
Южный Судан (стабилизация заболеваемости)	MRC/UVRI & LSHTM Uganda Research Unit, South Sudan Ministry of Health, WHO South Sudan	39	0	0,0
Ямайка (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies	3426	0	0,0
Япония (стабилизация заболеваемости)	Pathogen Genomics Center, National Institute of Infectious Diseases	497068	92	100,0

Публикации

1. BMC Infect Dis. 2025 Jan 2;25(1):3. doi: 10.1186/s12879-024-10411-2.

Genomic and epidemiological analysis of SARS-CoV-2 variants isolated in Guinea: a routine sequencing implementation

Геномный и эпидемиологический анализ вариантов SARS-CoV-2, выделенных в Гвинее: рутинное внедрение секвенирования

Это исследование было направлено на определение линий SARS-CoV-2 и лучшую характеристику динамики пандемии во время различных волн COVID-19 в Гвинее. Полное секвенирование генома 363 образцов со значениями порога цикла ПЦР (Ct) менее тридцати было проведено в период с мая 2020 года по май 2023 года. Использовалась технология Illumina iSeq 100. Затем последовательности были проанализированы с использованием конвейера GeVarli для генерации консенсусных последовательностей и обозначения вариантов. Все последовательности, выделенные в Гвинее и доступные в GISAID, были включены в анализ для составления филогенетического дерева и определения филодинамики. Для этих анализов использовались инструменты Nextstain: Циркуляция SARS-CoV-2 в Гвинее может быть распределена по трем различным периодам. Первый, длившийся с мая по июнь 2020 года, характеризовался линиями B.1 и B.1.1. Второй период, с января 2021 года по июль 2021 года, характеризовался линиями B.1.1.7 (Альфа), AY.122, B.1.1.318, R1, B.1.525 и B.1.629. Третий период, с декабря 2021 года по май 2023 года, характеризовался вариантом Омикрон с девятью субвариантами. Кроме того, было задокументировано обнаружение вариантов в период отсутствия их циркуляции. Исследование импорта и экспорта показало сильную вирусную ассоциацию перемещения между Гвинеей и Сенегалом, с одной стороны, и Гвинеей и Нигерией, с другой. Это исследование способствует пониманию эпидемической динамики заболевания, описывая значимые варианты, циркулировавшие в Гвинее, и распространение их среди населения.

2. Nat Commun. 2025 Jan 7;16(1):441. doi: 10.1038/s41467-024-55593-0.

Inferring effects of mutations on SARS-CoV-2 transmission from genomic surveillance data

Выводы о влиянии мутаций на передачу SARS-CoV-2 на основе данных геномного надзора

Brian Lee ¹, Ahmed Abdul Quadeer ^{2 3}, Muhammad Saqib Sohail ^{2 4}, и др.

Новые и более трансмиссивные варианты SARS-CoV-2 возникали многократно в ходе пандемии. Авторы предлагают общую аналитическую эпидемиологическую модель для изучения эффектов мутаций вируса на трансмиссию на основе данных геномного надзора. Применяя эту модель к данным SARS-CoV-2 во многих регионах, они обнаружили множественные мутации, которые существенно влияют на скорость передачи, как внутри, так и за пределами

белка Spike. Мутации, которые, как предполагается, оказывают наибольшее влияние на передачу, убедительно подтверждаются экспериментальными доказательствами из предыдущих исследований. Важно то, что эта модель обнаруживает линии с повышенной передачей даже на низких частотах. В качестве примера авторы делают вывод о значительных преимуществах трансмиссии для вариантов Alpha, Delta и Omicron вскоре после их появления в региональных данных, когда они составляли всего около 1-2% образцов.

3. Biophys Chem. 2024 Dec 30;318:107387. doi: 10.1016/j.bpc.2024.107387. Online ahead of print.

Molecular dynamics of SARS-CoV-2 omicron variants from Philippine isolates against hesperidin as spike protein inhibitor

Молекулярная динамика вариантов омикрон SARS-CoV-2 из числа филиппинских изолятов в отношении гесперидина как ингибитора спайкового белка

June Alexis A Santos ¹, Searle S Duay ²

SARS-CoV-2 остается глобальной угрозой, поскольку новые сублинии создают проблемы для здравоохранения, в т.ч. на Филиппинах. Гесперидин (HD) изучается как потенциальное профилактическое средство от COVID-19. Однако быстрая эволюция вируса может изменить то, как HD связывается с ним, что повлияет на его эффективность. Изучены вызванные мутациями изменения динамики HD и их влияние на молекулярную энергетику в системах рецепторных комплексов спайков SARS-CoV-2. Рассмотрены восемь различных точечных мутаций, присутствующих в варианте Omicron. Анализ среднеквадратичного отклонения и энергии связывания показал, что S477N и Omicron не выталкивали HD на протяжении всего моделирования. Анализ распределения водородных связей подчеркнул их участие в стабилизации мутантного HD, особенно для S477N и Omicron. Анализ среднеквадратичной флуктуации выявил доказательства дестабилизации Y505H в сложных системах, в то время как мутации дистального конца петли увеличили ее гибкость для всех моделей, несущих три мутации. Разложение энергии остатка показало, что замена Q493R увеличила взаимодействие HD. Ландшафт свободной энергии и существенная динамика посредством анализа главных компонент дали представление о распределении конформационного подпространства траекторий молекулярной динамики мутантной модели. В заключение следует отметить, что значительные мутации внесли вклад во взаимодействие HD различными способами. S477N показал существенный вклад в связывание посредством благоприятного взаимодействия лигандов, в то время как другие мутации вносят вклад посредством конформационных модификаций, повышенного сродства из-за мутаций боковой цепи и повышенной гибкости петли.

4. J Chem Inf Model. 2024 Dec 25. doi: 10.1021/acs.jcim.4c01724.
Online ahead of print.

Electrostatic Interaction between SARS-CoV-2 and Charged Surfaces: Spike Protein Evolution Changed the Game

Электростатическое взаимодействие между SARS-CoV-2 и заряженными поверхностями: эволюция шиповидного белка изменила правила игры

Marc Domingo ¹, Horacio V Guzman ^{1 2}, Matej Kanduč ³, Jordi Faraudo ¹

Ранее была показана ключевая роль электростатики для SARS-CoV-2 в таких аспектах, как взаимодействие вируса с клеткой или инактивация его ионными поверхностно-активными веществами. Электростатические взаимодействия сильно зависят от варианта, поскольку заряд белка Spike (ответственного за взаимодействие вируса с окружающей средой) эволюционировал в вариантах от сильно отрицательного у дикого типа (WT) до сильно положительного у варианта Omicron. Распределение заряда также эволюционировало от диффузного до сильно локализованного. Эти факты предполагают, что SARS-CoV-2 должен сильно взаимодействовать с заряженными поверхностями таким образом, который изменился в ходе эволюции вируса. Этот вопрос изучен авторами путем вычисления электростатического взаимодействия между белками Spike WT, Delta и Omicron с заряженными поверхностями с использованием нового метода (основанного на теории Дебая-Хюккеля), который эффективно обеспечивает общие результаты в зависимости от плотности поверхностного заряда σ . Они обнаружили, что взаимодействие шипов вариантов WT и Delta с заряженными поверхностями определяется отталкивающими силами изображения, пропорциональными σ^2 , возникающими на границе раздела белок/вода. Напротив, вариант Omicron демонстрирует особое поведение, сильно притягиваясь к отрицательно заряженным поверхностям и отталкиваясь от положительно заряженных. Таким образом, вирус SARS-CoV-2 эволюционировал от отталкивания заряженными поверхностями к эффективной адсорбции на отрицательно заряженных поверхностях.

5. J Med Virol. 2025 Jan;97(1):e70136. doi: 10.1002/jmv.70136.

Genetic Conservation and Diversity of SARS-CoV-2 Envelope Gene Across Variants of Concern

Генетический консерватизм и разнообразие гена оболочки SARS-CoV-2 среди вызывающих беспокойство вариантов

Benjamin M Liu ^{1 2 3 4 5 6}, Qiaobin Yao ⁷, Ruth Cruz-Cosme ⁸ и др.

Белок оболочки (E) SARS-CoV-2 имеет решающее значение для сборки, высвобождения и вирулентности вируса. Ген E считался высококонсервативным и медленно эволюционирующим. Консервативные области пансарбековиров в гене E использовались в качестве мишеней для различных анализов ОТ-ПЦР для обнаружения SARS-CoV-2. Остается неясным, накопили ли рассматриваемые варианты SARS-CoV-2 (VOC) значительные мутации E, которые могут повлиять на

стабильность белка и диагностические анализы ОТ-ПЦР. В данной работе проведен комплексный генетический анализ консерватизма и разнообразия гена E SARS-CoV-2 и его VOC по сравнению с другими человеческими коронавирусами (HCoV). Анализ *in silico* 20326 последовательностей гена E HCoV, полученных из GenBank и GISAID, показывает, что ген E SARS-CoV-2 имеет несколько консервативных позиций pan-HCoVs и pan-SARS-CoV-2, но накапливает значительные мутации в штаммах VOC B.1.351 и Omicron. Мутации часто обнаруживались в переменных областях 5' и 3', тогда как центральная область является консервативной. Нуклеотидные изменения C109U и A114G могут привести к потенциальной неудаче диагностических/скрининговых анализов первой линии SARS-CoV-2. Нуклеотидное изменение C212U и сопутствующая ему аминокислотная замена Pro71Leu (т. е. C212U/Pro71Leu) являются отличительной мутацией вариантов B.1.351, тогда как C26U/Thr9Ile характерна для всех вариантов Omicron. Более поздние подварианты Omicron, такие как XBB.1.5 и EG.5, дополнительно приобрели мутацию A31G/Thr11Ala, что было подтверждено секвенированием всего генома SARS-CoV-2 в 118 случаях у детей. Дикий тип белка E проявляет цитотоксичность по отношению к клеткам, но мутации Thr9Ile, Thr11Ala, Thr9Ile + Thr11Ala или Pro71Leu снижают его цитотоксичность. Мутация Thr9Ile + Thr11Ala стабилизирует белки E вариантов Omicron, в то время как Pro71Leu изменяет клеточное распределение белка E, уменьшая его колокализацию с тельцем Гольджи. В целом это исследование не только проливает свет на консерватизм и разнообразие гена E в SARS-CoV-2 и его VOC, но и информирует о разработке скрининговых и диагностических анализов на SARS-CoV-2.

6. Sci Rep. 2024 Dec 31;14(1):32174. doi: 10.1038/s41598-024-84276-5.

Evolution of SARS-CoV-2 spike trimers towards optimized heparan sulfate cross-linking and inter-chain mobility

Эволюция тримеров шипов SARS-CoV-2 в направлении оптимизированного сшивания гепарансульфата и межцепочечной подвижности

Jurij Froese ¹, Marco Mandalari ^{2, 3}, Monica Civera ³, и др.

Богатый гепарансульфатом (HS) внеклеточный матрикс (ECM) служит в качестве начального места взаимодействия для гомотримерного белка шипа (S) SARS-CoV-2 для облегчения последующей стыковки с рецепторами ангиотензинпревращающего фермента 2 (ACE2) и клеточной инфекцией. Более поздние варианты, в частности Омикрон, эволюционировали путем замены нескольких аминокислот на положительно заряженные остатки для усиления взаимодействия тримера S-белка с отрицательно заряженным HS. Однако эти улучшенные взаимодействия могут снизить способность Омикрона перемещаться через богатый HS ECM для эффективного поиска рецепторов ACE2 и инфицирования клеток, что ставит вопрос о том, как Омикрон эволюционировал, чтобы сбалансировать стабильность и динамику взаимодействия с HS, что приводит к повышенной подвижности на функциональной искусственной матрице

HS. Это свойство достигается за счет способности S-белков Омикрон сшивать по крайней мере две цепи HS, что позволяет осуществлять прямое переключение S-белка между цепями в качестве предпосылки для мобильности клеточной поверхности. Оптимизированные взаимодействия HS могут быть направлены фармацевтически, поскольку миметик HS значительно подавляет поверхностное связывание и клеточную инфекцию, особенно варианта Омикрон. Эти результаты предполагают надежный способ терапии инфекции, вызванной SARS-CoV-2 Омикрон и потенциально будущими вариантами.

7. Pathogens. 2024 Dec 12;13(12):1095. doi: 10.3390/pathogens13121095.

From Emergence to Evolution: Dynamics of the SARS-CoV-2 Omicron Variant in Florida

От возникновения к эволюции: динамика варианта омикрон SARS-CoV-2 во Флориде

Sobur Ali ¹, Marta Giovanetti ^{2 3 4}, Catherine Johnston ¹

В этом исследовании изучается молекулярная эволюция и динамика передачи линий Омикрон во время волн, вызванных вариантом Омикрон во Флориде, с использованием надежного набора данных из более чем 1000 секвенированных геномов. С помощью филогенетического и филодинамического анализа зафиксирована быстрая диверсификация линий Омикрон, выявлены значительные события импорта, в основном из Калифорнии, Техаса и Нью-Йорка, и экспорт в Северную Америку, Европу и Южную Америку. Такие варианты, как BA.1, BA.2, BA.4 и BA.5, продемонстрировали различные схемы передачи, причем BA.2 проявил способность повторно заражать лиц, ранее инфицированных BA.1. Несмотря на высокую трансмиссивность и иммунное уклонение сублиний Омикрон, плато случаев к концу 2022 года предполагает повышение иммунитета населения от предшествующего заражения и вакцинации. Эти результаты подчеркивают важность непрерывного геномного надзора для выявления вариантов, картирования путей передачи и руководства мерами общественного здравоохранения для смягчения текущих и будущих рисков пандемии.

8. Viruses. 2024 Dec 3;16(12):1877. doi: 10.3390/v16121877.

Genomic Evolution of the SARS-CoV-2 Omicron Variant in Córdoba, Argentina (2021-2022): Analysis of Uncommon and Prevalent Spike Mutations

Геномная эволюция варианта омикрон SARS-CoV-2 в Кордове, Аргентина (2021-2022 гг.): анализ редких и распространенных мутаций спайков

Nadia B Olivero ^{1 2}, Victoria E Zappia ^{1 2}, Pablo Gargantini ³, и др.

Данное исследование было сосредоточено на геномном анализе варианта Omicron в Кордове, Аргентина, с 2021 по 2022 год. Филогенетический анализ выявил доминирующее присутствие линий BA.1 и BA.2, причем BA.5 появился раньше, чем BA.4, что согласуется с наблюдениями из других регионов. Анализ совокупности гаплотипов показал значительную генетическую дивергенцию в

образцах Omicron, с образованием отдельных кластеров. Идентифицировали мутации в геномах Omicron (A27S, Y145D и L212I), расположенные в области NTD белка Spike. Эти мутации, хотя и не получили широкого распространения в мире, показали более высокую распространенность в регионе. Особый интерес представляли замены Y145D и L212I, ранее не зарегистрированные в Аргентине. Анализ *in silico* показал, что обе мутации влияют на связывающую способность эпитопов Т-клеток с аллелями HLA типа I и II. Примечательно, что эти аллели являются одними из самых распространенных в популяции Аргентины, некоторые из них связаны с защитой от инфекции SARS-CoV-2, а другие — с восприимчивостью к ней. Эти результаты убедительно свидетельствуют о том, что эти распространенные мутации, вероятно, влияют на иммуногенность белка Spike и способствуют механизмам уклонения от иммунного реагирования. Это исследование дает ценную информацию о геномной динамике варианта Omicron в Кордове, Аргентина, и выделяет уникальные мутации с потенциальными последствиями для вакцин против COVID-19.