

**Чумачкова Е.А., Дмитриева Л. Н., 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 8 по 14 марта 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 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 8 по 14 марта 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 3 февраля 2025 г. включены семь субвариантов, а именно KP.2, KP.3, KP.3.1.1, JN.1.18, LB.1, XEC и LP.8.1 (таблица 2).

Таблица 1. Варианты, вызывающие интерес (VOIs) и циркулирующие в настоящее время (по состоянию на 14 марта 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

[#] Исключая сублинии JN.1, указанные как VUM

Таблица 2. Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM) и циркулирующие в настоящее время (по состоянию на 14 марта 2025 г.)

Pango lineage	Next strain clade	Genetic features	Earliest documented samples	Date of designation and risk assessments
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	24F	JN.1 + S:T22N, S:F59S, S:F456L, S:Q493E, S:V1104L	26-06-2024	24-09-2024 XEC Initial Risk Evaluation 09 December 2024
LP.8.1	24B	JN1 + S:S31-, S:F186L, S:R190S, S:R346T, S:V445R, S:F456L, S:Q493E, S:K1086R, S:V1104L	01-07-2024	24-01-2025 LP.8.1 Initial Risk Evaluation 03 February 2025

На сегодняшний день в базе данных GISAID всего представлено 17 203 933 геномов вируса SARS-COV-2 (за прошедшую неделю депонировано 5 568 геномных последовательностей, за предыдущий аналогичный период – 5 045). Удельный вес штаммов, депонированных из США и Великобритании составляет 49,1% от всех последовательностей, размещенных в GISAID (5 278 523 и 3 176 960 геномов соответственно).

Всего в базу данных GISAID депонировано 9 673 520 геномов варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 5460 геномные последовательности 98,1% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 98,6%). Российскими лабораториями размещено 93 139 геномов вируса SARS-COV-2, в том числе варианта Omicron – 60 700 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 28 стран (13,1%) (за предыдущие – 26 стран (12,2%)) депонировали новые геномные последовательности Omicron в GISAID.

По данным GISAID EpiCoV на сегодняшний день в мире доминирующими геновариантами среди циркулирующих штаммов вируса SARS-CoV-2 являются: XEC, LP.8.1.1, LF.7.2.1, KP.3.1.1 и LP.8.1 (рис. 1).

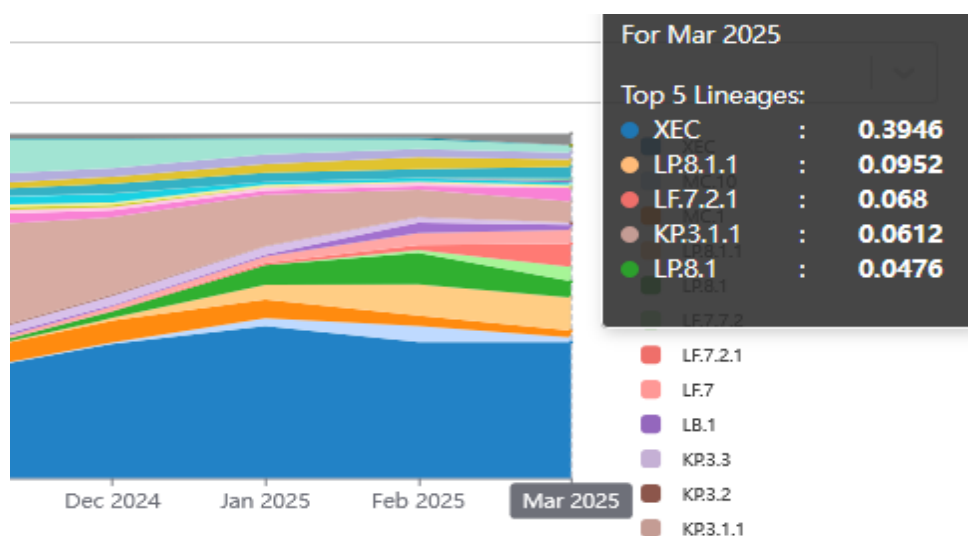


Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 14 марта 2025 г.)

Распространение в регионах ВОЗ субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID по состоянию на 14 марта 2025 г. представлено на рисунках 2 и 3. В странах Юго-Восточной Азии доминировали субварианты XEC (63,6%), XDV (18,18%) и JN.1.16 (18,8%); в Африканском регионе – LP.8.1 (72,73%); в Европе – XEC (59,97%) (рис 2). В Американском регионе среди циркулирующих субвариантов Omicron преобладали XEC (32,36%), LP.8.1 (10,46%) и LP.8.1.1 (10,24%);

в Западно-Тихоокеанском регионе – ХЕС (49,77%), LP.8.1 (9,72%) и КР.3.1.1 (7,81%) (рис. 3).



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

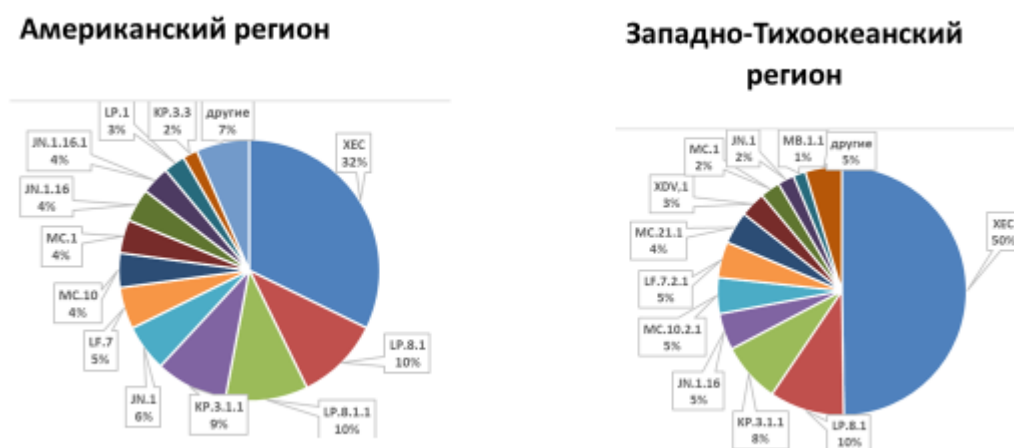


Рисунок 3 Распространение субвариантов Omicron в регионах –Американском и Западно-Тихоокеанском

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

Геномные последовательности субварианта JN.1 представлены из 148 стран. За прошедшую неделю распространенность субварианта зарегистрирована на уровне 11,7%.

Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)

С момента идентификации в базе данных GISAID распространение субварианта КР 3.1.1 оценивается на уровне 8,7% (-0,2% за прошедшую неделю). Последовательности размещены из 82 стран, за последние 4 недели – преимущественно из США, Японии и Канады (Рис. 4).

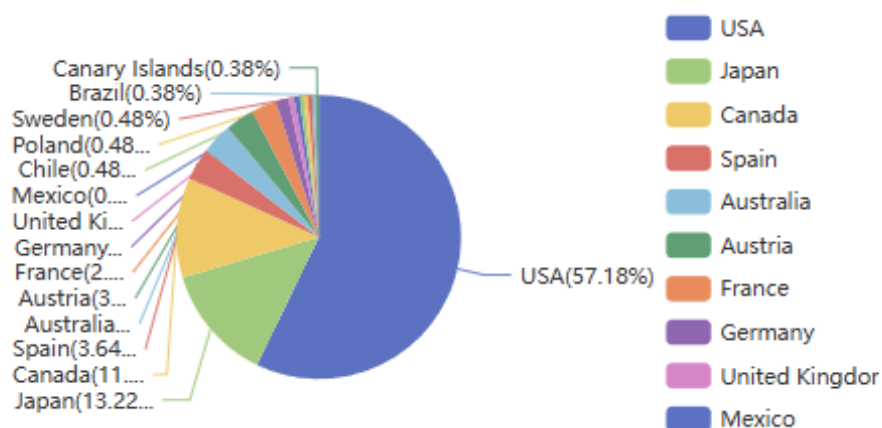


Рисунок 4. Страны с наибольшим депонированием последовательностей субварианта KP.3.1.1 (с 15 февраля по 14 марта 2025 г.)

В базе данных GISAID геномные последовательности субварианта ХЕС представлены из 62 стран, распространенность на уровне 39,7% 39,55% (+ 0,2% за прошедшую неделю). За последние 4 недели удельный вес ХЕС среди секвенированных штаммов составил в Великобритании – 77,7%, Германии – 61,1%, Японии – 57,6%, Испании – 56,9%, Австралии – 54,9%, Дании – 50%, Канаде – 37,3%, США – 34,3%, Сингапуре – 33,3%.

В базе GISAID депонировано 23 899 последовательностей субварианта LB.1, как минимум, из 95 стран. Распространенность субварианта зарегистрирована на низком уровне 0,1%.

Субвариант JN.1.18 размещен лабораториями 95 стран, распространенность в мире – 0,1%.

Субвариант KP.2 циркулирует, как минимум, в 101 стране. За последние 4 недели распространенность субварианта в мире зафиксирована на уровне менее 1%.

Субвариант KP.3 (FLuQE) секвенирован лабораториями 89 стран, распространенность оценивается на уровне 2,4%.

В GISAID представлено 4 798 геномов варианта с растущей распространенностью LP.8.1 из 33 стран, распространенность составляет 17,22% (+ 0,82%). За последние 4 недели удельный вес LP.8.1 среди секвенированных штаммов составил в США – 27,1%, Сингапуре – 20,6%, Испании – 13,9%, Канаде – 11,9%, Австралии – 10,6%, Японии – 9,3%.

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 (15.02. – 14.03.2025 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	189333	188	98,9
Австрия (стабилизация заболеваемости)	Bergthaler laboratory, CeMM Research Center for Molecular Medicine of the Austrian Academy of Sciences	194899	0	0,0
Азербайджан (стабилизация заболеваемости)	National Hematology and Transfusiology Center	57	0	0,0
Албания (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Virus Unit, National Infection Service, Public Health England	1120	0	0,0
Алжир (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	889	0	0,0
Американские Виргинские острова (стабилизация заболеваемости)	UW Virology Lab	1451	0	0,0
Американское Самоа (стабилизация заболеваемости)	Centers for Disease Control and Prevention Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery	160	0	0,0
Ангилья (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The	54	0	0,0

	University of the West Indies			
Ангола (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform	168	0	0,0
Андорра (стабилизация заболеваемости)	Instituto de Salud Carlos III	323	0	0,0
Антигуа и Барбуда (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of Preclinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies, St Augustine Campus	131	0	0,0
Аргентина (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional Enfermedades Infecciosas C.G.Malbran	11167	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	18	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	354	0	0,0
Бахрейн (стабилизация заболеваемости)	Communicable Disease Laboratory, Public Health Directorate	7983	0	0,0
Беларусь (стабилизация	Laboratory for HIV and opportunistic infections	120	0	0,0

заболеваемости)	diagnosis The Republican Research and Practical Center for Epidemiology and Microbiology(RRPCEM)			
Белиз (стабилизация заболеваемости)	Texas Children's Microbiome Center	703	0	0,0
Бельгия (рост заболеваемости)	KU Leuven, Rega Institute, Clinical and Epidemiological Virology	100559	0	0,0
Бенин (стабилизация заболеваемости)	Institut für Virologie – Institute of Virology – Charite	518	0	0,0
Бермудские острова (стабилизация заболеваемости)	Respiratory Virus Unit, National Infection Service, Public Health England	210	0	0,0
Болгария (стабилизация заболеваемости)	National Center of Infectious and Parasitic Diseases	8104	0	0,0
Боливия (снижение заболеваемости)	Laboratory of Respiratory Viruses and Measles, Oswaldo Cruz Institute, FIOCRUZ	415	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	134765	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.	1548396	145	98,6
Венгрия (стабилизация заболеваемости)	National Laboratory of Virology, Szentágothai Research Centre	910	0	0,0
Венесуэла (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio de Virología Molecular	1014	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	2712	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	5090	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.	591394	94	97,9
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	17010	40	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)	28049	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	549	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.	394766	55	100,0
Доминика (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The	10	0	0,0

	University of the West Indies, St Augustine Campus			
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	3042	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	123377	0	0,0
Индия (стабилизация заболеваемости)	Department of Neurovirology, National Institute of Mental Health and Neurosciences(NIMHANS).CSIR–Centre for Cellular and Molecular Biology	149090	0	0,0
Индонезия (стабилизация заболеваемости)	National Institute of Health Research and Development	41421	0	0,0
Иордания (стабилизация заболеваемости)	Andersen lab at Scripps Research, CA, USA	336	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	66626	14	100,0
Исландия (стабилизация заболеваемости)	Landspítali Department of Clinical Microbiology	12011	0	0,0
Испания (стабилизация заболеваемости)	Hospital Universitario 12 de Octubre	173536	87	100,0
Италия (стабилизация заболеваемости)	Army Medical Center, Scientific Department, Virology Laboratory	105385	15	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	2163	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	422837	193	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	0	0,0
Кения (стабилизация заболеваемости)	KEMRI–Wellcome Trust Research Programme/KEMRI–CGMR–C Kilifi	6380	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	88803	39	100,0
Колумбия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Salud– Dirección de Investigación en Salud Pública	16295	0	0,0
Коморские острова (стабилизация)	KEMRI–Wellcome Trust Research Programme/KEMRI–CGMR–C Kilifi	11	0	0,0

заболеваемости)				
Косово (стабилизация заболеваемости)	Charité Universitätsmedizin Berlin, Institut für Virologie	1029	0	0,0
Коста-Рика (стабилизация заболеваемости)	Inciensa, Instituto Costarricense de Investigación y Enseñanza en Nutrición y Salud	11150	1	100,0
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)	1353	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	14692	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	39602	0	0,0
Маврикий (стабилизация заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	8295	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	36589	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 Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos (INDRE)	50794	0	0,0

Мозамбик (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform, South Africa	829	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)	92367	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)	44953	60	100,0
Новая Каледония	Laboratoire de Microbiologie Centre Hospitalier	159	0	0,0

(стабилизация заболеваемости)	Territorial de Nouvelle-Calédonie			
Норвегия (стабилизация заболеваемости)	Norwegian Institute of Public Health, Department of Virology	36928	19	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	3720	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	213	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	2609	0	0,0
Перу (стабилизация заболеваемости)	Laboratorio de Referencia Nacional de Biotecnología y Biología Molecular. Instituto Nacional de SaludPerú	41544	0	0,0
Польша (стабилизация заболеваемости)	genXone SA, Research & Development Laboratory	48357	1	100,0
Португалия (стабилизация заболеваемости)	Instituto Nacional de Saude(INSa)	25826	1	100,0
Пуэрто Рико (стабилизация	Centers for Disease Control and Prevention	23681	2	100,0

заболеваемости)	Division of Viral Diseases, Pathogen Discovery			
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	60608	0	0,0

	Federation. Federal Budget Institution of Science, State Research Center for Applied Microbiology & Biotechnology. Group of Genetic Engineering and Biotechnology, Federal Budget Institution of Science ‘Central Research Institute of Epidemiology’ of The Federal Service on Customers’ Rights Protection and Human Well-being Surveillance. State Research Center of Virology and Biotechnology VECTOR, Department of Collection of Microorganisms.			
Руанда (стабилизация заболеваемости)	GIGA Medical Genomics	381	0	0,0
Румыния (стабилизация заболеваемости)	National Institute of Infectious Diseases–Prof. Dr. Matei Bals Molecular Diagnostics Laboratory	12559	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)	IRESEF 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	43057	184	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	29148	0	0,0
Словения (стабилизация заболеваемости)	Institute of Microbiology and Immunology, Faculty of Medicine, University of Ljubljana	39857	26	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	2850528	1856	98,9

	Testing Laboratory. California Department of Public Health. UCSD EXCITE.			
Сьерра–Леоне (стабилизация заболеваемости)	Central Public Health Reference Laboratory	2	0	0,0
Таиланд (стабилизация заболеваемости)	COVID–19 Network Investigations(CONI) Alliance	33155	3	100,0
Тайвань (стабилизация заболеваемости)	Microbial Genomics Core Lab, National Taiwan University Centers of Genomic and Precision Medicine	6031	27	100,0
Танзания (стабилизация заболеваемости)	Jiaxing Center for Disease Control and Prevention	292	0	0,0
Теркс и Кайкос (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of Preclinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies, St Augustine Campus	17	0	0,0
Тимор-Лешти (стабилизация заболеваемости)	Microbiological Diagnostic Unit – Public Health Laboratory (MDU–PHL)	3	0	0,0
Того (стабилизация заболеваемости)	Unité Mixte Internationale TransVIHMI(UMI 233 IRD – U1175 INSERM – Université de Montpellier) IRD(Institut de recherche pour le développement)	539	0	0,0
Тонга		96	0	0,0
Тринидад и Тобаго (стабилизация заболеваемости)	Carrington Lab, Department of PreClinical Sciences, Faculty of Medical Sciences, The University of the West Indies	2822	0	0,0
Тунис (стабилизация заболеваемости)	Laboratoire de linique linique – Institut Pasteur de Tunis	1004	0	0,0
Турция (стабилизация заболеваемости)	Ministry of Health Turkey	23412	0	0,0

Уганда (стабилизация заболеваемости)	MRC/UVRI & LSHTM Uganda Research Unit	1059	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"	7286	0	0,0
Узбекистан (стабилизация заболеваемости)	Center for Advanced Technologies	158	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	16539	0	0,0
Финляндия (стабилизация заболеваемости)	Department of Virology, Faculty of Medicine, University of Helsinki	27429	0	0,0
Франция (снижение заболеваемости)	CNR Virus des Infections Respiratoires – France SUD	421490	32	100,0
Французская Гвиана (стабилизация заболеваемости)	National Reference Center for Viruses of Respiratory Infections, Institut Pasteur, Paris	2271	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	26405	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	667	0	0,0

Чехия (стабилизация заболеваемости)	The National Institute of Public Health	34902	0	0,0
Чили (снижение заболеваемости)	Instituto de Salud Publica de Chile	30958	99	100,0
Швейцария (стабилизация заболеваемости)	Department of Biosystems Science and Engineering, ETH Zürich.	59176	0	0,0
Швеция (стабилизация заболеваемости)	The Public Health Agency of Sweden	139096	19	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 Investigación en Salud Pública, INSPI	7572	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	8038	0	0,0
Эфиопия (стабилизация заболеваемости)	International Centre for Genetic Engineering and Biotechnology(ICGEB) and ARGO Open Lab for Genome Sequencing	561	0	0,0
ЮАР (стабилизация заболеваемости)	KRISP, KZN Research Innovation and Sequencing Platform.	29119	3	100,0
Южная Корея (стабилизация заболеваемости)	Division of Emerging Infectious Diseases, Bureau of Infectious Diseases Diagnosis Control, Korea Disease Control and Prevention Agency	170068	1	100,0
Южный Судан (стабилизация	MRC/UVRI & LSHTM Uganda Research Unit, South Sudan Ministry of Health, WHO South	39	0	0,0

заболеваемости)	Sudan			
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	500260	158	100,0

Публикации:

1. bioRxiv [Preprint]. 2025 Feb 27:2025.02.25.639252.
doi: 10.1101/2025.02.25.639252.

Structural and Conformational Impact of Deleterious Spike Protein Mutations in SARS-CoV-2 Omicron Lineages

Структурное и конформационное воздействие вредных мутаций спайкового белка в линиях омикрон SARS-CoV-2

[Aqsa Khalid](#)^{1, 2}, [Kumail Ahmed](#)¹, [Akbar Kanji](#)³, и др.

Было отмечено, что большое количество мутаций в белке Spike (S) варианта омикрон SARS-CoV-2 изменяют домен связывания рецептора (RBD), увеличивают поверхность связывания и усиливают открытие кармана связывания. Кумулятивный эффект мутаций субъединиц S1 и S2 может влиять на конформационную динамику поверхности связывания, способствуя высвобождению вирусного генома в клетки-хозяева. В этом исследовании изучаются «вредные» мутации во всех выявленных линиях омикрон, и их влияние на конформационную стабильность открытия RBD. Полное секвенирование генома у 231 пациента с положительным результатом на SARS-CoV-2 в Карачи, Пакистан, было выполнено с использованием инструмента Illumina Miseq, а необработанные считывания были проанализированы с помощью конвейера virusrecon. Мутационные эффекты варианта омикрон на стабильность белка S, включая состояния дикого типа (7FG7), закрытого (6VXX) и открытого (6VYB) состояния, были оценены с помощью моделирования MD. Четыре вредоносные миссенс-мутации (Tyr505His, Asn764Lys, Asp950Asn, Asn969Lys) были идентифицированы в субъединицах S1 и S2 белка S варианта омикрон. В моделях мутантов дикого типа и открытого состояния Tyr505His, Asp950Asn и Asn969Lys вызывали дестабилизирующие эффекты, более высокие RMSD по сравнению с диким типом и колебания в области RBD (438-510) и субъединице S2 (946-1010) по сравнению с нативной структурой. Эти мутации увеличили склонность кармана связывания к открытию в мутантной модели по сравнению с нативной открытой конформацией (6VYB). Это структурное изменение способствовало открытию тримера в открытом состоянии посредством движения α -спирали в субъединице S2 от области RBD. В закрытом состоянии только мутации субъединицы S2 (Asp950Asn и Asn969Lys) приводят к прогнозируемой дестабилизации посредством перемещения протомера C к протомеру B (область RBD). Предполагается, что эти мутации субъединицы S2 стабилизируют конформацию RBD «вниз», потенциально усиливая антигенную гетерогенность шипа. Это исследование подчеркнуло кумулятивный эффект мутаций субъединиц S1 (Tyr505His) и S2 (Asp950Asn и Asn969Lys) на различные состояния белка S, потенциально контролирующей его конформационную динамику и презентацию рецепторам хозяина. Необходимы экспериментальные исследования для выяснения биологического значения этих изменений, в частности, путем установления связи между идентифицированными мутациями и их влиянием на вирусную биологию.

2. Biosens Bioelectron . 2025 Mar 3:117311. doi: 10.1016/j.bios.2025.117311. Online ahead of print.

Electrochemical pan-variant detection of SARS-CoV-2 through host cell receptor-mimicking molecular recognition

Электрохимическое панвариантное обнаружение SARS-CoV-2 посредством молекулярного распознавания, имитирующего рецептор клетки-хозяина

Minjong Lee ¹, Ji-Soo Kwon ², Sung-Han Kim ²

В этом исследовании представлен уникальный сенсор, способный электрохимически обнаруживать SARS-CoV-2 в широком диапазоне вариантов. Комплексное обнаружение достигается с помощью гибрида пептид-ДНК, R7-02, в качестве зонда захвата, имитирующего интерфейс связывания между белком-шипом SARS-CoV-2 и рецептором клетки-хозяина, hACE2. Поскольку первым шагом вирусной инфекции является связывание белка-шипа с hACE2 независимо от типа варианта, зонд, имитирующий hACE2, может естественным образом приобретать способность распознавания панвариантов. При создании сенсора зонды R7-02 располагаются на электродах через тетраэдрическую ДНК-наноструктуру для повышения эффективности обнаружения. Поскольку R7-02 напрямую захватывает внешне экспонированный спайковый белок, этот подход не требует предварительной обработки образцов, такой как лизис вирусных частиц, в отличие от традиционных диагностических методов. Встроенный в R7-02 сенсор продемонстрировал высокую чувствительность к варианту омикрон и его основным подвариантам, обычно известным как «скрытый омикрон» (BA.5, BA.2.75, BQ.1.1 и XBB.1.5), с пределом обнаружения всего 811,9 пМ, а также надежную специфичность к SARS-CoV-2 против гриппа и других человеческих коронавирусов. Сенсор также успешно обнаружил SARS-CoV-2 непосредственно из необработанных образцов слюны пациентов с положительным результатом на COVID-19. Учитывая комплексный характер и чувствительность обнаружения в сочетании с простотой эксплуатации, этот электрохимический датчик на основе зонда, имитирующего рецептор, может стать надежным и эффективным диагностическим инструментом для оказания медицинской помощи, предлагая многообещающее решение постоянных проблем, связанных с эндемичным присутствием SARS-CoV-2.

3. Virus Res. 2025 Mar;353:199530. doi: 10.1016/j.virusres.2025.199530. Epub 2025 Jan 31.

Genomic evolution of SARS-CoV-2 in Morocco: Insights from whole genome sequences collected from 2020 to 2024

Геномная эволюция SARS-CoV-2 в Марокко: анализ полных последовательностей генома, собранных с 2020 по 2024 год

Hamza Ghammaz ¹, Marouane Melloul ², Ahlam Mbarki ², Mouhssine Hemlali ¹, Taha Chouati ¹, Hicham El Annaz ³, Nadia Touil ³, Mostafa Elouennass ⁴, Khalid Ennibi ⁵, Elmostafa El Fahime

В этом исследовании изучается эволюция и генетическое разнообразие штаммов SARS-CoV-2, циркулирующих в Марокко, чтобы отследить распространение, распределение кластеров и мутации вируса в различных регионах с

февраля 2020 года по июнь 2024 года. Последовательности генома были получены из базы данных GISAID. В общей сложности 2630 последовательностей генома SARS-CoV-2 были проанализированы с помощью биоинформационных инструментов, таких как Nextclade, с последующим филогенетическим и статистическим анализом. Исследование показывает преобладание клады GRA (вариант «Омикрон») с ноября 2021 года, в то время как клады G, GH, GR и GRY были выявлены ранее. Клада GRA показала наибольшее количество несинонимичных мутаций, особенно в гене шиповидного белка (S), что указывает на сильное эволюционное давление. Анализ корреляции между структурными и неструктурными белками выявил ключевые взаимодействия между S и NSP5, что позволяет лучше понять процессы репликации и сборки вируса. Эта работа даёт новое представление о динамике распространения SARS-CoV-2 в Марокко и подчёркивает важность постоянного геномного мониторинга для реагирования на появление новых штаммов и возможные будущие вспышки.

4. doi:<https://doi.org/10.1101/2025.02.17.638623> This article is a preprint

Evolution of BA.2.86 to JN.1 reveals functional changes in non-structural viral proteins are required for fitness of SARS-CoV-2

Эволюция BA.2.86 в JN.1 показывает, что функциональные изменения в неструктурных вирусных белках необходимы для жизнеспособности SARS-CoV-2

View ORCID ProfileShuhei Tsujino, Masumi Tsuda, Naganori Nao, Kaho Okumura, Lei Wang, Yoshitaka Oda, Yume Mimura, Jingshu Li, Rina Hashimoto, View ORCID ProfileYasufumi Matsumura, Rigel Suzuki, Saori Suzuki, View ORCID ProfileKumiko Yoshimatsu, Miki Nagao, The Genotype to Phenotype Japan (G2P-Japan) Consortium, Jumpei Ito, View ORCID ProfileKazuo Takayama, View ORCID ProfileKei Sato, View ORCID ProfileKeita Matsuno, View ORCID ProfileTomokazu Tamura, View ORCID ProfileShinya Tanaka, View ORCID ProfileTakasuke Fukuhara

Коронавирус 2 (SARS-CoV-2), вызывающий коронавирусную инфекцию 2019 года (COVID-19), до сих пор циркулирует среди людей, что приводит к его непрерывной эволюции. SARS-CoV-2 Omicron JN.1 произошёл от отдельной линии SARS-CoV-2, BA.2.86, и быстро распространился по всему миру. Неясно, почему BA.2.86 не стал доминирующим штаммом и был быстро вытеснен JN.1, который имеет одну аминокислотную замену в шиповидном белке (S:L455S) и две в нешиповидных белках NSP6 и ORF7b (NSP6:R252K и ORF7b:F19L) по сравнению с BA.2.86. Здесь мы использовали рекомбинантные вирусы, чтобы выяснить, как эти мутации влияют на вирусологические характеристики JN.1. Мы обнаружили, что мутация в шиповидном белке ослабляет репликацию вируса, но мутации в белках, не относящихся к шиповидному белку, усиливают репликацию. Это позволяет предположить, что мутации в белках, не относящихся к шиповидному белку, компенсируют мутацию в шиповидном белке, улучшая приспособленность вируса, поскольку мутации в шиповидном белке способствуют дальнейшему отклонению от иммунного ответа. Наши результаты показывают, что функциональные изменения как в шиповидном, так и в нешиповидном белках необходимы для эволюции SARS-CoV-2, чтобы он мог уклоняться от адаптивного иммунитета в человеческой популяции, сохраняя при этом способность к репликации.

Актуальность. Поскольку спайковый белок тесно связан с некоторыми вирусологическими свойствами SARS-CoV-2, такими как способность уклоняться от иммунного ответа и инфекционность, большинство предыдущих исследований вариантов SARS-CoV-2 были сосредоточены на мутациях спайкового белка. Однако неспайковые белки также влияют на инфекционность, что наблюдалось на протяжении всей эволюции подвариантов «Омикрона». В этом исследовании мы демонстрируем стратегию «компромисса» в SARS-CoV-2 Omicron JN.1, при которой снижение инфекционности, вызванное мутацией спайкового белка, компенсируется неспайковыми мутациями. Наши результаты дают представление об эволюционном сценарии развития нового вируса в человеческой популяции.

5. doi:<https://doi.org/10.1101/2025.02.16.636315> This article is a preprint

VIRUS-MVP: A framework for comprehensive surveillance of viral mutations and their functional impacts

VIRUS-MVP: платформа для всестороннего мониторинга вирусных мутаций и их функционального воздействия

View ORCID ProfileMuhammad Zohaib Anwar, View ORCID ProfileIvan S. Gill, View ORCID ProfileMadeline Iseminger, View ORCID ProfileAnoosha Sehar, View ORCID ProfileEmma J. Griffiths, View ORCID ProfileDamion Dooley, View ORCID ProfileJun Duan, View ORCID ProfileKhushi Vora, View ORCID ProfileGary Van Domselaar, View ORCID ProfileFiona S.L. Brinkman, View ORCID ProfilePaul M. K. Gordon, View ORCID ProfileWilliam W.L. Hsiao

По мере эволюции вирусов в них накапливаются генетические мутации, которые могут влиять на тяжесть заболевания, его заразность и эффективность вакцин и терапевтических препаратов. Отслеживание вирусных мутаций и их функциональных последствий в режиме реального времени необходимо для понимания этих изменений и оценки их влияния на меры общественного здравоохранения. VIRUS-MVP — это интерактивная портативная платформа, предназначенная для всестороннего мониторинга вирусных мутаций. Изначально разработанная для SARS-CoV-2, она теперь полностью поддерживает оспу обезьян и расширяется, чтобы охватить грипп и РСВ. Платформа связывает вирусные мутации с функциональными аннотациями, предоставляя информацию об их прогнозируемом влиянии на вирусную инфекционность, уклонение от иммунитета и функциональность белка. Он оснащен интерактивным интерфейсом для визуализации распределения мутаций, модульным и воспроизводимым рабочим процессом в области геномики и кураторским ресурсом аннотаций, который отражает известные воздействия на вирусные белки и взаимодействия с хозяином. Пользователи также могут импортировать пользовательские функциональные аннотации, чтобы адаптировать анализы к конкретным исследовательским потребностям или появляющимся патогенам. Разработанная совместно с партнёрами в сфере здравоохранения и учёными, платформа VIRUS-MVP улучшает понимание эволюции вирусов и её влияния на здоровье населения, объединяя геномные данные с биологической информацией. Платформа имеет открытый исходный код, адаптируется и доступна на GitHub.