

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

Распространение вариантов вируса SARS-COV-2, вызывающих интерес (VOI) и находящихся под наблюдением (VUM), на основе количества их геномов, депонированных в базу данных GISAID за неделю с 29 марта по 4 апреля 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 29 марта по 4 апреля 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 4 апреля 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 4 апреля 2025 г.)

Fango 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:F595, S:F456L, S:Q493E, S:V1104L	26-06-2024	24-09-2024 XEC Initial Risk Evaluation 09 December 2024
LP.8.1	24B	JN.1 + S:S31-, S:F186L, S:R190S, S:R346T, S:V445R, S:F456L, S:Q493E, S:X1086R, 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 17 224 136 геномов вируса SARS-CoV-2 (за прошедшую неделю депонировано 7 852 геномные последовательности, за предыдущий аналогичный период – 5 808). Удельный вес штаммов, депонированных из США и Великобритании составляет 49,1% от всех последовательностей, размещенных в GISAID (5 288 151 и 3 177 402 геномов соответственно).

Всего в базу данных GISAID депонировано 9 692 736 геномов варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 7 654 геномные последовательности 97,5% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 98,9%). Российскими лабораториями размещено 93 287 геномов вируса SARS-CoV-2, в том числе варианта Omicron – 60 848 геномных последовательностей.

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

Лесото (Королевство Лесото), Люксембург, Мадагаскар, Маврикий, Мавритания, Малави, Малайзия, Мальдивы, Мальта, Мали, Марокко, Мартиника, Маршалловы Острова, Майотта, Мексика, Мозамбик, Молдова, Монако, Монголия, Монтсеррат, Мьянма, Микронезия, Намибия, Нидерланды, Нигер, Нигерия, Непал, Независимое государство Самоа, Ниуэ, Норвегия, Новая Зеландия, Новая Каледония, Никарагуа, Оман, ОАЭ, Острова Кука, Пакистан, Палестина, Панама, Палау, Парагвай, Папуа Новая Гвинея, Перу, Португалия, Польша, Пуэрто-Рико, Реюньон, Республика Конго, Республика Сейшельские Острова, Республика Гвинея-Бисау, Республика Вануату, Румыния, Россия, Руанда, Сальвадор, Сен-Мартен, Синт-Мартен, Саудовская Аравия, Северная Македония, Северные Марианские острова, Сенегал, Союз Коморских Островов, Сьерра-Леоне, Словакия, Словения, Сингапур, Сирия, США, Сент-Китс и Невис, Сент-Винсент и Гренадины, Сент-Люсия, Сербия, Содружество Багамских Островов, Соломоновы острова, Сомали, Судан, Суринам, Таиланд, Тайвань, Танзания, Теркс и Кайкос, Того, Тонга, Тринидад и Тобаго, Тунис, Турция, Уганда, Узбекистан, Украина, Уругвай, Финляндия, Франция, Французская Гвиана, Французская Полинезия, Филиппины, Хорватия, Черногория, Чехия, Чили, Чад, ЦАР, Швеция, Швейцария, Шри-Ланка, Эквадор, Эстония, Эсватини, Эфиопия, Экваториальная Гвинея, ЮАР, Южная Корея, Южный Судан, Япония, Ямайка.

За последние 4 недели всего 26 стран (12,2%) (за предыдущие – 29 стран (13,6%)) 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: ХЕС, LP.8.1.1, LP.8.1, LF.7 и ХЕС.4 (рис. 1).

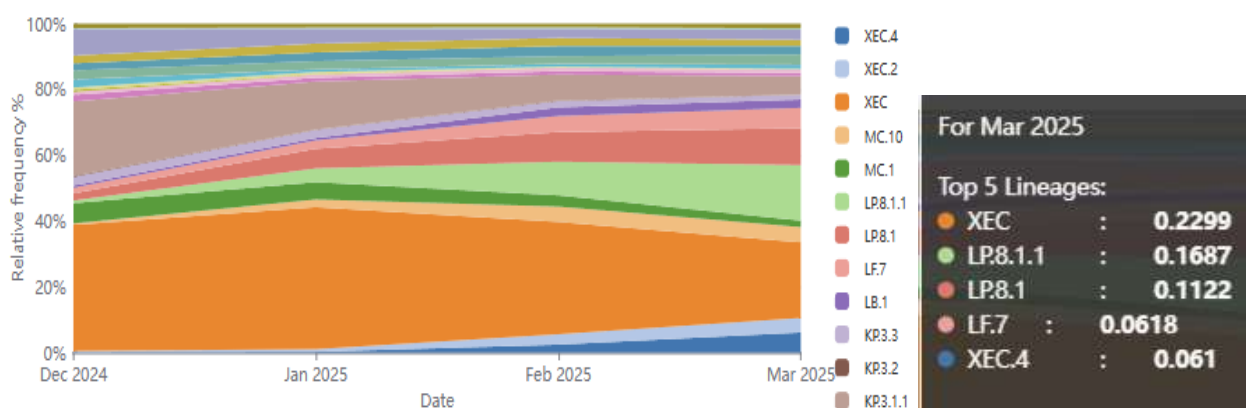


Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 4 апреля 2025 г.)

Распространение в регионах ВОЗ субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID по состоянию на 4 апреля 2025 г. представлено на рисунках 2 и 3. В Американском регионе доминируют субварианты ХЕС (24,58%), LP.8.1.1 (22,59%) и LP.8.1. (13,98%); в Африканском регионе – LP.8.1 (50%); в Европе – ХЕС (29,59%), LP.8.1 (8,14%) и LP.8.1.1 (9,62%) (рис 2). В странах Юго-Восточной Азии среди циркулирующих субвариантов Omicron преобладают ХЕС (66%); в Западно-Тихоокеанском регионе – ХЕС (29,6%) и ХЕС.4 (20,85%) (рис. 3).

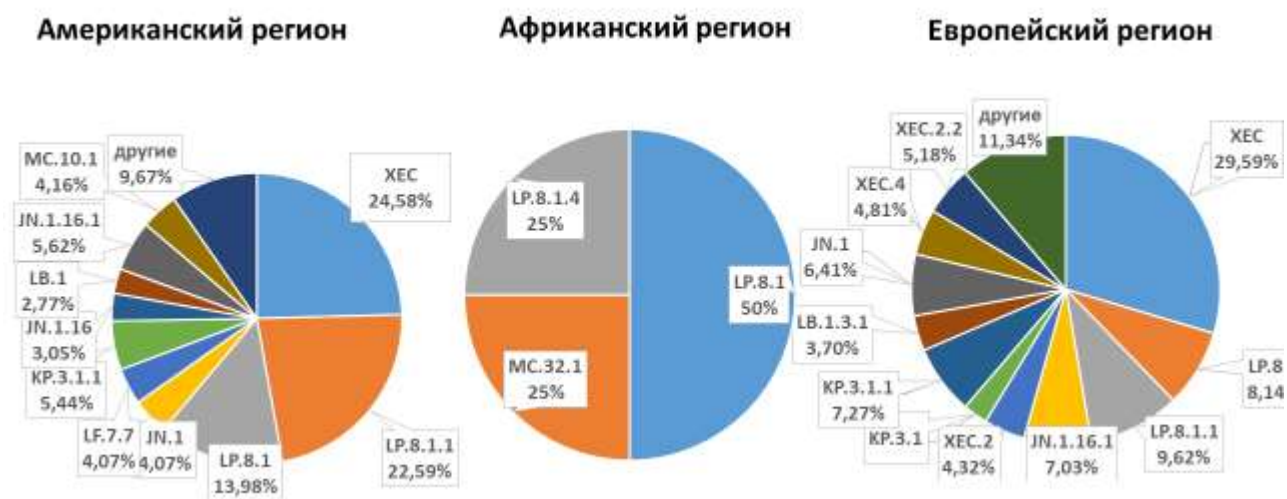


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в регионах – Американском, Африканском и Европейском



Рисунок 3 Распространение субвариантов Omicron в регионах –Юго-Восточной Азии и Западно-Тихоокеанском

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

Геномные последовательности субварианта JN.1 представлены из 149 стран. За прошедшую неделю распространенность субварианта зарегистрирована на уровне 10,5%.

Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)

С момента идентификации в базе данных GISAID распространение субварианта KP 3.1.1 оценивается на уровне 13,1%. Последовательности размещены из 83 стран, за последние 4 недели – преимущественно из США, Японии и Греции (Рис. 4).

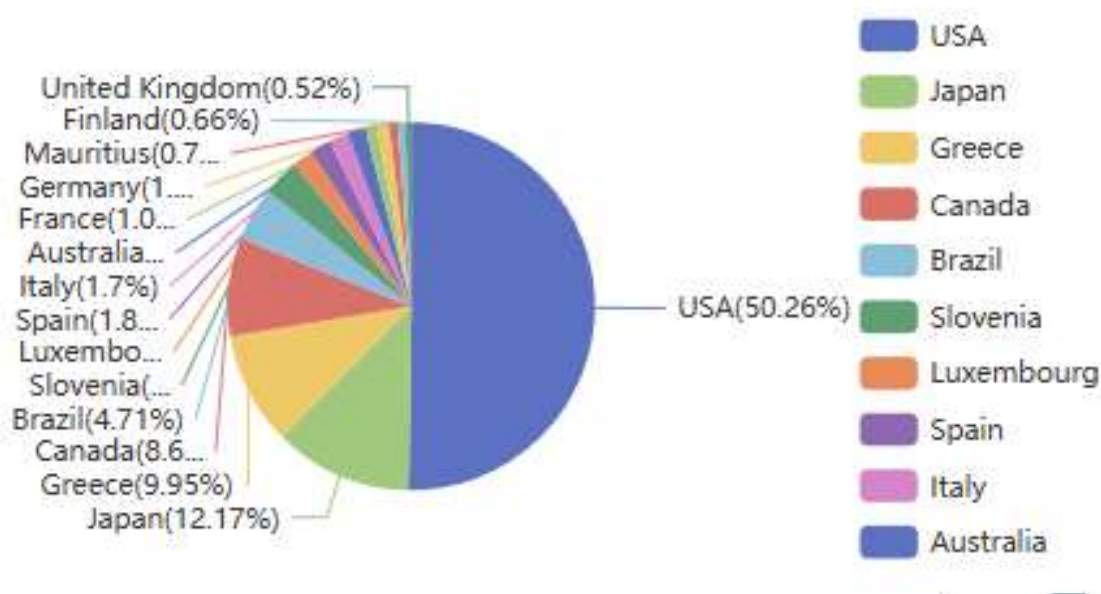


Рисунок 4. Страны с наибольшим депонированием последовательностей субварианта KP.3.1.1 (с 7 марта по 4 апреля 2025 г.)

В базе данных GISAID геномные последовательности субварианта ХЕС представлены из 66 стран, распространенность – на уровне прошедшей недели (33,5%). За последние 4 недели удельный вес ХЕС среди секвенированных штаммов составил в Японии – 82,6%, Великобритании – 51,1%, Австралии – 49,3%, Дании – 47,5%, Канаде – 37,1%, Сингапуре – 32,4%, Испании – 27,0%, США – 18,0%.

В базе GISAID последовательности субварианта LB.1 депонированы как минимум, из 96 стран. Распространенность субварианта зарегистрирована на низком уровне 0,1%.

Субвариант JN.1.18 размещен лабораториями 98 стран, распространенность в мире – 0,1%.

Субвариант KP.2 циркулирует, как минимум, в 103 странах. За последние 4 недели распространенность субварианта в мире зафиксирована на уровне менее 1%.

Субвариант KP.3 (FLuQE) секвенирован лабораториями 93 стран, распространенность оценивается на уровне 3,4%.

В GISAID представлено 6 434 геномов варианта LP.8.1 из 41 страны, распространенность составляет 28,1% 26,7% (+ 1,4%). За последние 4 недели удельный вес LP.8.1 среди секвенированных штаммов составил в США – 51,4%, Испании – 39,2%, Новой Зеландии – 20,0%, Австралии – 15,5%, Великобритании – 14,9%, Канаде – 14,4%.

Публикации:

1. Adv Sci (Weinh). 2025 Apr 1:e2502708. doi: 10.1002/advs.202502708.
Online ahead of print.

A Smart Single-Loop-Mediated Isothermal Amplification Facilitates Flexible SNP Probe Design for On-Site Rapid Differentiation of SARS-CoV-2 Omicron Variants

Интеллектуальная одноконтурная изотермическая амплификация облегчает разработку гибкого SNP-зонда для быстрой дифференциации вариантов SARS-CoV-2 Omicron на месте

[Qijie Lin](#)¹, [Hongchao Gou](#)², [Xiaoyun Qu](#)¹, и др.

Методы быстрого типирования на месте для вызывающих беспокойство вариантов SARS-CoV-2 имеют решающее значение для эффективного мониторинга и контроля. В данном случае разработан интеллектуальный метод однопетлевой изотермической амплификации (ssLAMP) с отсутствием внутреннего праймера, но с добавлением роевого праймера для дифференциации вариантов SARS-CoV-2 Omicron. Эта уникальная стратегия проектирования праймеров обеспечивает большую гибкость при введении зондов для идентификации полиморфизма единичных нуклеотидов (SNP) и позволяет проводить множественные анализы обнаружения вариантов SARS-CoV-2 Omicron, включая BA.1, BA.2, BA.3, BA.4 и BA.5. Разработаны портативное устройство визуализации двойной флуоресценции, напечатанное на 3D-принтере, и приложение для смартфона для проведения тестирования в месте оказания помощи. Этот анализ быстрый (в течение 90 мин), высокочувствительный (100 копий/реакция) и специфичный (идентификация SNP) для вариантов SARS-CoV-2 Omicron. Метод ssLAMP идентифицирует пять BA.5-положительных образцов среди 97 образцов мазков из носоглотки со 100%-ным соответствием с секвенированием по Сэнгеру. Ожидается, что система анализа ssLAMP будет использоваться для высокоспецифичного и быстрого визуального обнаружения SARS-CoV-2 и его вариантов на месте, с большим потенциалом

применения в генотипировании патогенов, раннем скрининге рака и других областях обнаружения мутаций SNP.

2. Genes (Basel). 2025 Mar 18;16(3):351.
doi: 10.3390/genes16030351.

SARS-CoV-2 Genetic Variants Identified in Selected Regions of Ethiopia Through Whole Genome Sequencing: Insights from the Fifth Wave of COVID-19

Генетические варианты SARS-CoV-2, выявленные в отдельных регионах Эфиопии с помощью секвенирования всего генома: выводы во время пятой волны COVID-19

Getnet Hailu ^{1 2}, Mengistu Legesse ¹, Andargachew Mulu ³

В этом исследовании анализировались варианты SARS-CoV-2 во время пятой волны, что имеет решающее значение для разработки вакцин, терапии, диагностики и понимания тяжести заболевания. С июня по август 2022 года из репозитория Эфиопского института общественного здравоохранения случайным образом отобраны 150 образцов, положительных на SARS-CoV-2. Было проанализировано шестьдесят три высококачественные последовательности генома. Из 63 последовательностей 70% были от мужчин и 30% от женщин, со средним возрастом 34 года. Омикрон доминировал (97%, 61/63), в основном клад 22А (64%, 40/63), за которым следовали 22В (18%, 11/63) и 21К (14%, 9/63). Дельта составил 3,2% (2/63). Омикрон был выявлен у всех (25) вакцинированных участников исследования. Эфиопские последовательности показали ограниченную эволюционную дивергенцию и более низкое генетическое разнообразие по сравнению с глобальными последовательностями. Омикрон был преобладающим вариантом во время пятой волны в Эфиопии, что указывает на недавнюю трансмиссию в популяции. Несмотря на незначительные различия в генетическом разнообразии, продолжающееся наблюдение остается критически важным для отслеживания вариантов для нужд общественного здравоохранения

3. PLoS Pathog. 2025 Mar 31;21(3):e1013020. doi: 10.1371/journal.ppat.1013020. Online ahead of print.

Enhanced RNA replication and pathogenesis in recent SARS-CoV-2 variants harboring the L260F mutation in NSP6

Усиленная репликация РНК и патогенез у последних вариантов SARS-CoV-2, содержащих мутацию L260F в NSP6

Taha Y Taha ^{1 2}, Shahrzad Ezzatpour ^{3 4}, Jennifer M Hayashi ¹

Пандемия COVID-19 была вызвана вариантами SARS-CoV-2 с повышенной передачей и иммунным ускользанием. Помимо обширной эволюции белка Spike, мутации, не относящиеся к Spike, накапливаются по всему вирусному геному, и их функциональное влияние не совсем понятно. Чтобы изучить вклад этих мутаций, авторы реконструировали геномы последних вариантов Omicron с отключенной экспрессией Spike (репликоны), чтобы систематически сравнивать их возможности репликации РНК независимо от Spike. Они также использовали один референтный репликон и дополнили его различными вариантами белков Spike Omicron для количественной оценки возможностей проникновения вируса в тестах с однократным инфицированием. Вирусное проникновение и репликация РНК отрицательно коррелировали, что позволяет предположить, что по мере того, как варианты эволюционируют, снижая функции проникновения под растущим иммунным давлением на Spike, репликация РНК увеличивается в качестве компенсаторного механизма. Выявили множественные мутации по всему вирусному геному, которые усиливают репликацию вирусной РНК. NSP6 появился как горячая точка с отчетливой мутацией L260F, независимо возникшей в вариантах BQ.1.1 и XBB.1.16. С использованием мутантных и ревертантных вирусных клонов NSP6, было подтверждено, что мутация L260F усиливает вирусную репликацию в клетках и ускоряет развитие болезни у мышей. В совокупности систематический анализ репликации РНК недавних вариантов Omicron определил ключевую роль NSP6 в репликации вирусной РНК, что дает представление об эволюционных траекториях недавних вариантов с возможными терапевтическими последствиями.

4. Virol Sin. 2025 Mar 27:S1995-820X(25)00032-X. doi: 10.1016/j.virs.2025.03.010. Online ahead of print.

The SARS-CoV-2 NSP4 T492I mutation promotes double-membrane vesicle formation to facilitate transmission

Мутация SARS-CoV-2 NSP4 T492I способствует образованию двухмембранных везикул, что облегчает трансмиссию

Pei Wang ¹, Buyun Tian ¹, Ke Xiao ², Wei Ji ², Zonghong Li ³

Эволюция SARS-CoV-2 привела к мутациям не только в белке спайка, способствующем уклонению от иммунного ответа, но и в белках NSP3/4/6, имеющих решающее значение для регуляции образования двухмембранных везикул (DMV). Однако функциональные последствия этих мутаций NSP3/4/6 остаются плохо изученными. В этом исследовании был проведен систематический анализ эволюционных закономерностей мутаций NSP3/4/6 и их влияния на образование DMV. Результаты показали, что NSP4 T492I, распространенная мутация, обнаруженная во всех подтипах Delta и Omicron, заметно усиливает образование DMV. Механистически мутация NSP4 T492I усиливает его гомодимеризацию, что приводит к увеличению размера точек, вызванному NSP3/4, а также увеличивает кривизну мембраны эндоплазматического ретикулума (ЭР), что приводит к более высокой плотности DMV на флуоресцентную точку. Это исследование подчеркивает значимость мутации NSP4 T492I в модулировании образования DMV с потенциальными последствиями для динамики передачи SARS-CoV-2. Оно предоставляет ценные сведения о том, как эти мутации влияют на репликацию и патогенез вируса.