

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 12 по 18 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 12 по 18 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 14 апреля 2025 г. включены пять субвариантов, а именно KP.3, KP.3.1.1, LB.1, XEC и LP.8.1 (таблица 2).

Таблица 1. Варианты, вызывающие интерес (VOIs) и циркулирующие в настоящее время (по состоянию на 18 апреля 2025 г.)

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

<sup>#</sup> Исключая сублинии JN.1, указанные как VUM

Таблица 2. Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM) и циркулирующие в настоящее время (по состоянию на 18 апреля 2025 г.)

| Pango lineage | Next strain clade | Genetic features                                                                       | Earliest documented samples | Date of designation and risk assessments                                      |
|---------------|-------------------|----------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------|-------------------------------------------------------------------------------|
| 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                                                                    |
| 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:F595S, S:F456L, S:Q493E, S:V1104L                                     | 26-06-2024                  | 24-09-2024<br>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<br><a href="#">LP.8.1 Initial Risk Evaluation 03 February 2025</a> |

На сегодняшний день в базе данных GISAID всего представлено 17 233 442 генома вируса SARS-COV-2 (за прошедшую неделю депонировано 4 049 геномная последовательность, за предыдущий аналогичный период – 3 045). Удельный вес штаммов, депонированных из США и Великобритании составляет 49,2% от всех последовательностей, размещенных в GISAID (5 293 686 и 3 177 698 геномов соответственно).

Всего в базу данных GISAID депонировано 9 699 514 геномов варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 3 727 геномные последовательности 92,1% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 99,3%). 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 31 страна (14,6%) (за предыдущие – 27 стран (12,7%)) 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: LP.8.1.1, LP.8.1, LF.7.2.1, ХЕС и JN.1 (рис. 1).

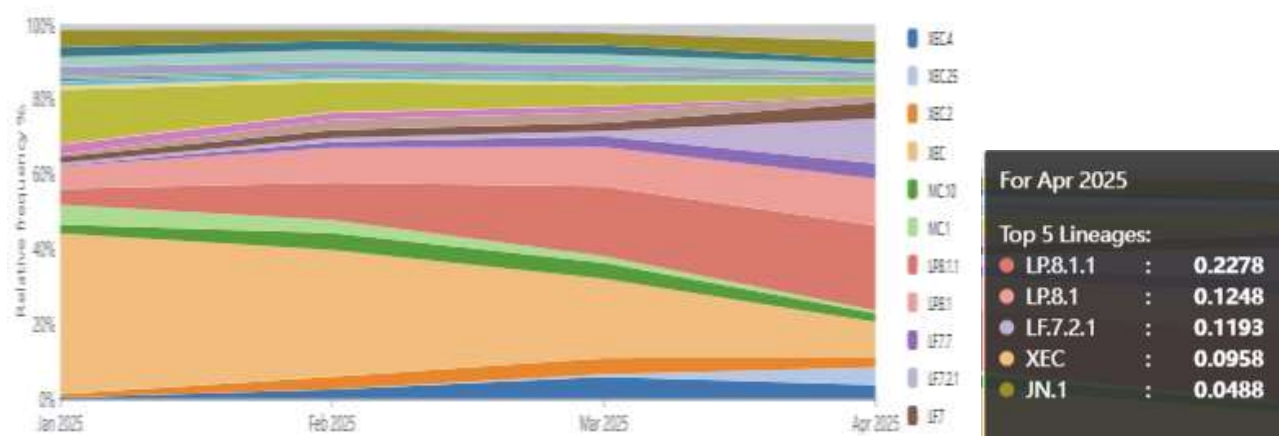
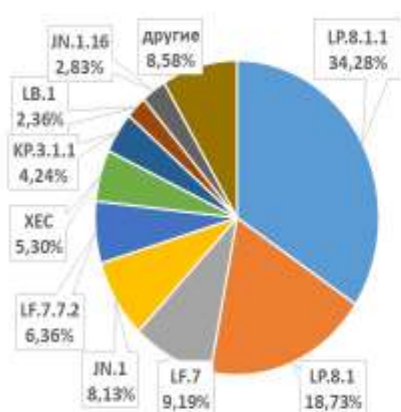


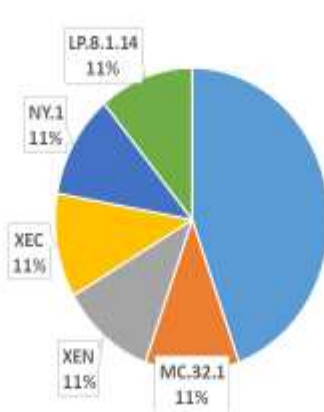
Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 17 апреля 2025 г.)

Распространение в регионах ВОЗ субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID по состоянию на 18 апреля 2025 г. представлено на рисунках 2 и 3. В Американском регионе доминируют субварианты LP.8.1.1 (34,28%) и LP.8.1 (18,73%); в Африканском регионе – LP.8.1 (44,45%); в Европе – LP.8.1.1 (27,69%) и XEC (21,54%) (рис 2). В странах Юго-Восточной Азии среди циркулирующих субвариантов Omicron превалирует XEC (57,13%); в Западно-Тихоокеанском регионе – LF.7.2.1 (31,37%) и XEC,25 (14,71%) (рис. 3).

**Американский регион**



**Африканский регион**



**Европейский регион**

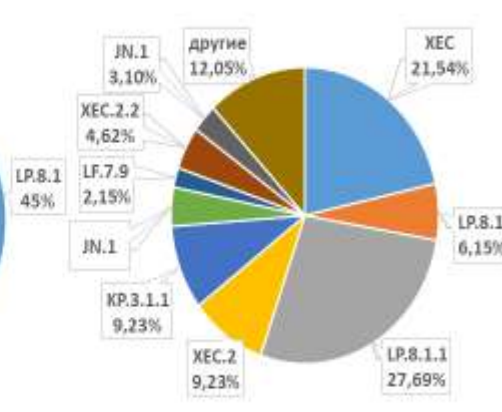
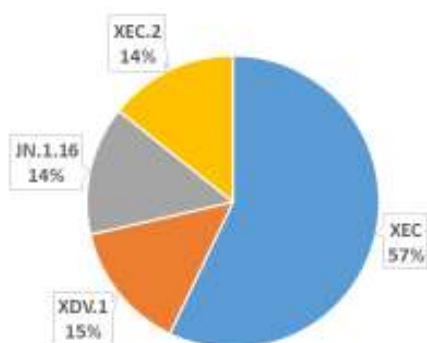
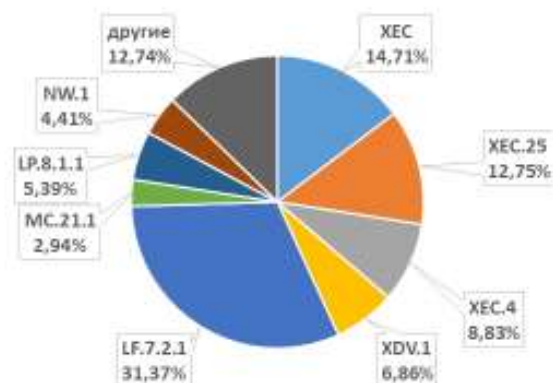


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в регионах – Американском, Африканском и Европейском

**Регион Юго-Восточной Азии**



**Западно-Тихоокеанский регион**



**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 8,23%.

### **Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)**

С момента идентификации в базе данных GISAID распространение субварианта KP 3.1.1 оценивается на уровне 3,3%. Последовательности размещены из 83 стран, за последние 4 недели – преимущественно из США, Австралии, Канады и Новой Зеландии.

В базе данных GISAID геномные последовательности субварианта XEC представлены из 70 стран, распространенность – 17,9% (- 2,2% за прошедшую неделю. За последние 4 недели удельный вес XEC среди секвенированных штаммов составил в Германии – 83,3%, Японии – 80,5%, Австралии – 59,8%, Великобритании – 42,9%, Канаде – 32,5%, Сингапуре – 31,6%, Испании – 28,5%, США – 16,6%.

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

Субвариант KP.3 (FLuQE) секвенирован лабораториями 93 стран, распространенность оценивается на уровне 1%.

В GISAID представлено 10 904 генома варианта LP.8.1 из 43 страны, распространенность составляет 35,3%. За последние 4 недели удельный вес LP.8.1 среди секвенированных штаммов составил в США – 53,1%, Канаде – 37,2%, Испании – 33,9%, Великобритании – 26,3%, Австралии – 10,5%, Сингапуре – 10,1%.

#### **Публикации:**

1. Hum Vaccin Immunother. 2025 Dec;21(1):2485840.

doi: 10.1080/21645515.2025.2485840. Epub 2025 Apr 11.

#### **From Wuhan to Omicron K.P2 strain: A comprehensive review of SARS-CoV-2 phylogeny and public health implications of the latest booster vaccine**

От варианта Ухань до штамма Omicron K.P2: всесторонний обзор филогении SARS-CoV-2 и значение для общественного здравоохранения новейшей бустерной вакцины

Adewunmi Akingbola 1 , Olajumoke Adewole 2 , Abiodun Adegbesan 3 и др.

Вирус SARS-CoV-2 продолжает эволюционировать, и вариант Omicron KP.2, потомок BA.2.86, становится проблемой общественного здравоохранения из-за его быстрого распространения и устойчивости к существующему иммунитету. В этом обзоре рассматривается филогенетическая эволюция SARS-CoV-2, с акцентом на KP.2 и его ключевые мутации (R346T, F456L, V1104L), а также его эпидемиологические последствия. В нем также обсуждается разработка адаптированной к KP.2 бустерной вакцины, которая, как показали клинические испытания, значительно усиливает иммунный ответ и защищает от тяжелого заболевания, особенно в уязвимых группах. Подчеркивается важность справедливого доступа к адаптированной к KP.2 бустерной вакцине для контроля пандемии и предотвращения будущих вспышек, а также необходимость постоянного мониторинга и более широкого спектра исследований вакцин по мере эволюции вируса.

2. Methods. 2025 Apr 12:S1046-2023(25)00093-3. doi:

10.1016/j.ymeth.2025.04.006. Online ahead of print.

#### **Development and validation of novel RT-PCR assay for molecular diagnostic of viral variants using SARS-CoV-2 as a case study**

Разработка и валидация нового анализа ОТ-ПЦР для молекулярной диагностики вирусных вариантов с использованием SARS-CoV-2 в качестве примера

Priyanshi Singh <sup>1</sup>, Gauri Misra <sup>2</sup>, Neelima Mishra <sup>1</sup> и др.

Авторы представляют разработку мультиплексного анализа ОТ-ПЦР с использованием аллель-специфического праймера-зонда, специально разработанного для молекулярной диагностики вирусных вариантов с использованием SARS-CoV-2 в качестве примера. Они провели комплексную оценку для проверки эффективности анализа с использованием панели клинических образцов, включая несколько закодированных контрольных образцов от внешних поставщиков. Этот метод мультиплексного ПЦР-типирования обнаруживает семь уникальных мутаций штамма Omicron и две уникальные мутации штамма Delta с помощью аллель-специфических праймеров и наборов зондов против рецептор-связывающего домена (RBD) белка спайка. Анализ демонстрирует высокую аналитическую чувствительность, обнаруживая около  $1 \times 10^2$  копий/мл РНК SARS-CoV-2 для каждого тестируемого генетического варианта, и обладает 100% аналитической специфичностью. Сравнительный анализ с существующими коммерческими наборами ОТ-ПЦР продемонстрировал лучшую производительность, особенно при обнаружении вариантов Omicron и Delta. Это исследование подчеркивает трансляционный потенциал этого подхода в расширении диагностических возможностей для новых вирусных инфекций.

3. doi:<https://doi.org/10.1101/2025.04.16.649178> This article is a preprint

### **Deletion of a KSF Motif Attenuates NSP1 Host Cell Translation Shutoff and Impairs SARS-CoV-2 Virulence**

Удаление мотива KSF ослабляет блокировку трансляции NSP1 в клетках-хозяевах и снижает вирулентность SARS-CoV-2

Chengjin Ye, Shahrzad Ezzatpour, Brian Imbiakha, Nathaniel Jackson, Tolga Cagatay, Anastasija Cupic, Lisa Miorin, Annette Choi, David W. Buchholz, Jordan Carter, Julie Sahler, Ximena A. Olarte-Castillo, Mason C. Jager, Gary R. Whittaker, Avery August, Beatriz Fontoura, Adolfo Garcia-Sastre, Luis Martinez-Sobrido, Hector C. Aguilar

Коронавирус 2 (SARS-CoV-2), вызывающий коронавирусную инфекцию 2019 года (COVID-19), привёл к глобальной пандемии с серьёзными социальными и экономическими последствиями. Белок S (шип) вируса был идентифицирован как ключевой фактор патогенности SARS-CoV-2. В этом исследовании мы

продемонстрировали, что варианты Omicron BA.4 и BA.5, имеющие близкие по структуре белки S, обладают разной вирулентностью у трансгенных мышей K18-hACE2. Сравнение геномных последовательностей выявило ключевые различия между вариантами BA.4 и BA.5, в том числе делецию трёх аминокислот (ΔKSF) в линкерной области неструктурного белка 1 (NSP1) в BA.4. С помощью обратных генетических систем мы создали рекомбинантный (r)SARS-CoV-2 BA.5, экспрессирующий NSP1 BA.4, который был значительно ослаблен *in vivo*, как и природный изолят BA.4, по сравнению с rBA.5 дикого типа (WT). Это открытие указывает на то, что NSP1, по крайней мере частично, отвечает за различия в вирулентности между BA.4 и BA.5. С точки зрения механизма, NSP1 BA.4 обладает меньшей способностью подавлять трансляцию генов хозяина по сравнению с NSP1 BA.5. Примечательно, что исходный штамм rSARS-CoV-2 WA1, содержащий тот же ΔKSF в NSP1, также был ослаблен *in vivo* по сравнению с rWA1 WT. В совокупности эти результаты указывают на то, что область линкера NSP1 влияет на экспрессию генов хозяина и патогенность SARS-CoV-2, а также на возможность использования NSP1 для рациональной разработки живых ослабленных вакцин и/или противовирусных препаратов.