

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

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 17 по 23 мая 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 17 по 23 мая 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 23 мая 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 23 мая 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: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 <u>LP.8.1 Initial Risk Evaluation 03 February 2025</u>

На сегодняшний день в базе данных GISAID всего представлено 17 253 761 геном вируса SARS-COV-2 (за прошедшую неделю депонировано 3 190 геномных последовательностей, за предыдущий аналогичный период – 3 570). Удельный вес штаммов, депонированных из США и Великобритании составляет 49,2% от всех последовательностей, размещенных в GISAID (5 302 133 и 3 178 377 геномов соответственно).

Всего в базу данных GISAID депонировано 9 719 149 геномов варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 3 135 геномных последовательностей 98,3% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 99,2%). Российскими лабораториями размещено 93 358 геномов вируса SARS-COV-2, в том числе варианта Omicron – 60 919 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 22 страны (10,3%) (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: LP.8.1.1, NB.1.8.1, LP.8.1, XFC и JN.1 (рис. 1).

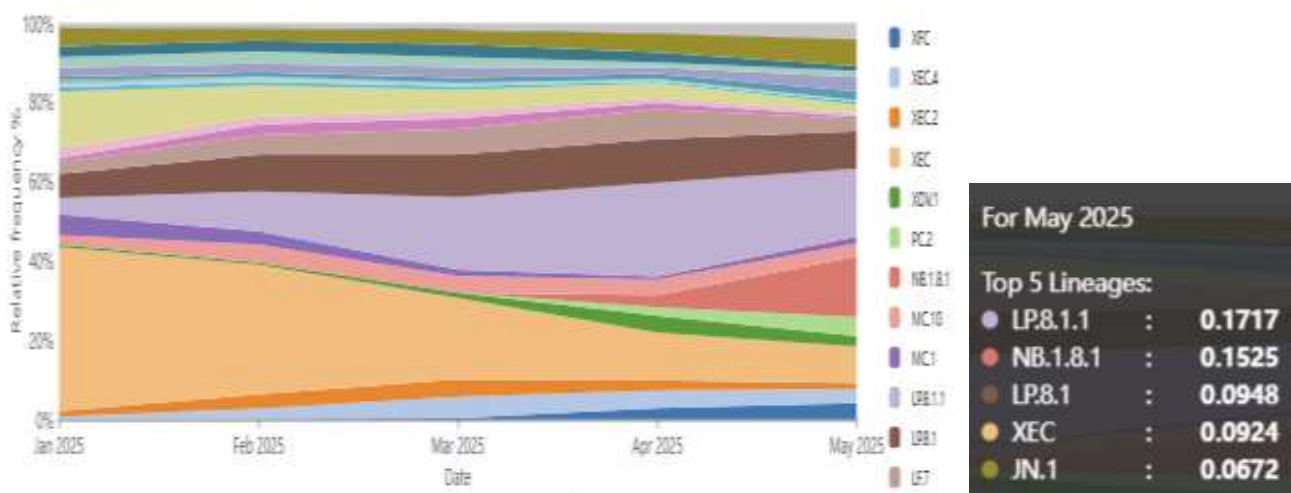


Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 23 мая 2025 г.)

Распространение в регионах ВОЗ субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID по состоянию на 23 мая 2025 г. представлено на рисунках 2 и 3. В Американском регионе доминирует субвариант LP.8.1.1 (19,3%); в Африканском регионе – LP.8.1 (34,0%); в Европе – LP.8.1.1 (25,8%) (рис 2). В странах Юго-Восточной Азии среди циркулирующих субвариантов Omicron превалирует XDV.1 (46,0%); в Западно-Тихоокеанском регионе – N.B.1.8.1 (26,5%) и XFC (10,8%) (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 150 стран. За прошедшую неделю распространенность субварианта зарегистрирована на уровне 3,3%.

Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)

С момента идентификации в базе данных GISAID распространение субварианта KP 3.1.1 оценивается на уровне 2,6%. Последовательности размещены из 84 стран.

В базе данных GISAID геномные последовательности субварианта ХЕС представлены из 72 страны, распространенность – 22%. За последние 4 недели удельный вес ХЕС среди секвенированных штаммов составил в Австралии – 34,4%, Новой Зеландии – 32,8%, Сингапуре – 27,2%, Великобритании – 25,6%, Канаде – 17,9%, Испании – 7,5%, США – 4,6%.

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 0,1%.

В GISAID представлено 15 984 генома варианта LP.8.1 из 51 страны, распространенность составляет 14,1% (-12,5% за прошедшую неделю). За последние 4 недели удельный вес LP.8.1 среди секвенированных штаммов составил в Ирландии – 69,2%, Испании – 66,7%, Нидерландах – 51,5%, США – 51,0%, Канаде – 44,9%, Великобритании – 42,7%, Австралии – 27,1%, Сингапуре – 15,5%.

Публикации:

1. Animal Model Exp Med. 2025 May 20. doi: 10.1002/ame2.70029. Online ahead of print.

Comparison of the pathogenicity of multiple SARS-CoV-2 variants in mouse models

Сравнение патогенности нескольких вариантов SARS-CoV-2 на мышинных моделях

Qi Lv^{1,2}, Ming Liu¹, Feifei Qi^{1,2} и др.

Патогенность новых вариантов SARS-CoV-2 развивается под воздействием иммунного давления и факторов хозяина. Понимание этих изменений имеет решающее значение для контроля эпидемии и исследования вариантов. Трансгенные мыши с человеческим ангиотензинпревращающим ферментом 2 (hACE2) были интраназально заражены исходным штаммом WH-09 и вариантами Delta, Beta и Omicron BA.1, в то время как мыши BALB/c были заражены подвариантами Omicron BA.5, BF.7 и XBB.1. Чтобы сравнить различия в патогенности между вариантами, провели комплексный анализ, который включал наблюдение за клиническими симптомами, измерение вирусной нагрузки в трахее и легких, оценку легочной патологии, анализ инфильтрации иммунных клеток и количественную оценку уровней цитокинов. У мышей hACE2 вариант Beta вызвал значительную потерю веса, сильное воспаление легких, повышенную секрецию воспалительного и хемотаксического факторов, большую инфильтрацию макрофагов и нейтрофилов в легких и более высокую вирусную нагрузку с более длительной продолжительностью выделения. Напротив, BA.1 показал значительное снижение патогенности. Варианты BA.5, BF.7 и XBB.1 были менее патогенными, чем варианты WH-09, Beta и Delta при инфицировании мышей BALB/c. Об этом свидетельствовали снижение потери веса, уменьшение легочной патологии, снижение секреции воспалительных факторов и хемокинов, снижение инфильтрации макрофагов и нейтрофилов, а также более низкие вирусные нагрузки как в трахее, так и в легких. У мышей hACE2 вариант Omicron продемонстрировал самую низкую патогенность, в то время как вариант Beta показал самую высокую. Патогенность варианта Delta была сопоставима с исходным штаммом WH-09. У мышей BALB/c субварианты Omicron BA.5, BF.7 и XBB.1 не показали статистически значимых различий в вирулентности.

2. Biophys Rev. 2025 Mar 8;17(2):309-333. doi: 10.1007/s12551-025-01276-z. eCollection 2025 Apr.

Biophysics of SARS-CoV-2 spike protein's receptor-binding domain interaction with ACE2 and neutralizing antibodies: from computation to functional insights

Биофизика взаимодействия рецептор-связывающего домена спайкового белка SARS-CoV-2 с ACE2 и нейтрализующими антителами: от вычислений к пониманию функций

Fernando Luís Barroso da Silva ^{1 2}, Karen Paco ³, Aatto Laaksonen и др.

В этом обзоре критически рассматриваются вычислительные аспекты взаимодействия RBD с ACE2 и с лечебными антителами, предназначенными для вмешательства в это взаимодействие. Выделены ключевые теоретические выкладки, которые раскрыли молекулярные механизмы, лежащие в основе сродства связывания RBD SARS-CoV-2 с ACE2, и структурные изменения, которые усилили инфекционность появляющихся вариантов. Особое внимание уделяется «правилу заряда RBD», прогностической структуре для определения инфекционности варианта на основе электростатических свойств RBD. В отношении применения вычислительных идей в терапии обсуждается много-масштабный вычислительный протокол для оптимизации моноклональных антител с целью улучшения связывающей аффинности между несколькими вариантами шиповидных белков, включая представителей семейства Omicron.

3. J Infect Public Health. 2025 May 3;18(8):102803. doi: 10.1016/j.jiph.2025.102803. Online ahead of print.

Impact of mutations in immunodominant regions of SARS-CoV-2 variants on recognition by CD8⁺ T cell: An in silico analysis

Влияние мутаций в иммунодоминантных регионах вариантов SARS-CoV-2 на распознавание CD8⁺ Т-клетками: анализ in silico

Greice Carolina Santos da Silva ¹, Victoria Cruz Paraná ¹, Filipe Ferreira de Almeida Rego ², и др.

Целью данного исследования было изучение влияния мутаций в иммунодоминантных областях белков S, М и N вариантов SARS-CoV-2 Gamma, Delta и Omicron, циркулирующих в Бразилии, на распознавание вирусных антигенов эпитопами CD8⁺ Т-клеток, ограниченными HLA-I, с использованием подхода in silico. Установлено, что бе-

лок S референтной последовательности (NC045512) и его варианты содержали 17 иммунодоминантных регионов. Консервативность составила для Омикрон 70,5 %, он показал наибольшую мутационную изменчивость и имел регионы повышенной антигенности и два новых иммунодоминантных региона с более широким распознаванием HLA. Кроме того, Омикрон утратил два ранее идентифицированных иммунодоминантных региона и имел один регион сниженной антигенности, который не влиял на распознавание HLA. Примечательно, что в варианте Омикрон появились новые иммунодоминантные регионы для белков М и N.

4. Molecules. 2025 May 6;30(9):2061. doi: 10.3390/molecules30092061.

Electronic Interactions Between the Receptor-Binding Domain of Omicron Variants and Angiotensin-Converting Enzyme 2: A Novel Amino Acid-Amino Acid Bond Pair Concept

Электронные взаимодействия между доменом связывания рецептора вариантов Омикрона и ангиотензинпревращающим ферментом 2: новая концепция связей пары аминокислота-аминокислота

+Puja Adhikari ¹, Bahaa Jawad ^{1 2}, Wai-Yim Ching ¹

Среди VOC SARS-CoV-2 варианты Omicron демонстрируют уникальные фенотипические черты, такие как уклонение от иммунного ответа, трансмиссивность и тяжесть, из-за многочисленных мутаций белка-шипа и быстрой эволюции субвариантов. Эти субварианты Omicron имеют более 15 мутаций в домене связывания рецептора (RBD), области белка-шипа SARS-CoV-2, которая важна для распознавания и связывания с рецептором человека ангиотензинпревращающего фермента 2 (ACE2). Чтобы устранить влияние большого количества мутаций Omicron на процесс связывания, авторы разработали новый метод точной количественной оценки взаимодействий аминокислот через связи пары аминокислота-аминокислота (AABP). Они применили эту концепцию для исследования интерфейсных взаимодействий комплекса RBD-ACE2 в четырех вариантах Omicron (BA.1, BA.2, BA.5 и XBB.1.16) в сравнении с его аналогом дикого типа. На основе анализа AABP они идентифицировали все сайты, затронутые мутацией, и представили доказательства того, что немутировавшие сайты также затронуты мутацией. Они подсчитали, что связывание между RBD и ACE2 является самым сильным в OV BA.1, за которым следуют OV BA.2, WT, OV BA.5 и OV XBB.1.16. Также представлены

значения частичного заряда для всех 311 остатков в этих пяти моделях. Этот анализ обеспечивает детальное понимание изменений, вызванных мутацией, в каждом интерфейсном комплексе Omicron.

5. Pathog Immun. 2025 May 15;10(2):74-86. doi: 10.20411/pai.v10i2.760. eCollection 2025.

Protection of Prior SARS-CoV-2 Infection Against Different Variants, Including Omicron Descendants, in a Country with High Viral Transmission

Защита от предшествующей инфекции SARS-CoV-2 против различных вариантов, включая потомков омикрон, в стране с высоким уровнем вирусной трансмиссии

Stefan Escobar-Agreda ¹, Roger V Araujo-Castillo ¹, Luis Pampa-Espinoza ¹ и др.

В этом исследовании оценивали защиту от повторного заражения SARS-CoV-2, вызванного его вариантами, во время пандемии COVID-19 в Перу. Защита от предыдущей инфекции против повторного заражения SARS-CoV-2 составила для Omicron BA.1, 67,0% (95% ДИ, 58,7–73,6) для Omicron BA.2.12.1, 49,1% (95% ДИ, 40,5–56,5) для Omicron BA.4, 44,8% (95% ДИ, 39,9–49,3) для Omicron BA.5, 29,4% (95% ДИ, 18,2–39,1) для Omicron BQ и 8,6% (95% ДИ, -0,5–16,9) для Omicron XBB. Сделан вывод, что предшествующая инфекция обеспечивает значительную защиту от повторного заражения SARS-CoV-2, хотя этот показатель значительно различается среди различных подтипов Omicron.