

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 24 по 30 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 24 по 30 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 23 мая 2025 г. включены шесть субвариантов, а именно KP.3, KP.3.1.1, LB.1, XEC, LP.8.1 и NB.1.8.1 (таблица 2).

Таблица 1. Варианты, вызывающие интерес (VOIs) и циркулирующие в настоящее время (по состоянию на 30 мая 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 30 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:F595, 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>LP.8.1 Initial Risk Evaluation 03 February 2025 |
| NB.1.8.1      | 25B               | JN1 + S:T22N, S:F595, S:G184S, S:A435S, S:F456L, S:T478I, S:Q493E                      | 22-01-2025                  | 23-05-2025<br>NB.1.8.1 Initial Risk Evaluation 23 May 2025    |

На сегодняшний день в базе данных GISAID всего представлено 17 258 595 геномов вируса SARS-COV-2 (за прошедшую неделю депонировано 4 362 геномные последовательности, за предыдущий аналогичный период – 3 190). Удельный вес штаммов, депонированных из США и Великобритании составляет 49,2% от всех последовательностей, размещенных в GISAID (5 304 247 и 3 178 533 геномов соответственно).

Всего в базу данных GISAID депонировано 9 691 787 геномов варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 4 336 геномных последовательностей 99,4% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 98,3%). 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 24 страны (11,3%) (за предыдущие – 22 страны (10,3%)) 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).

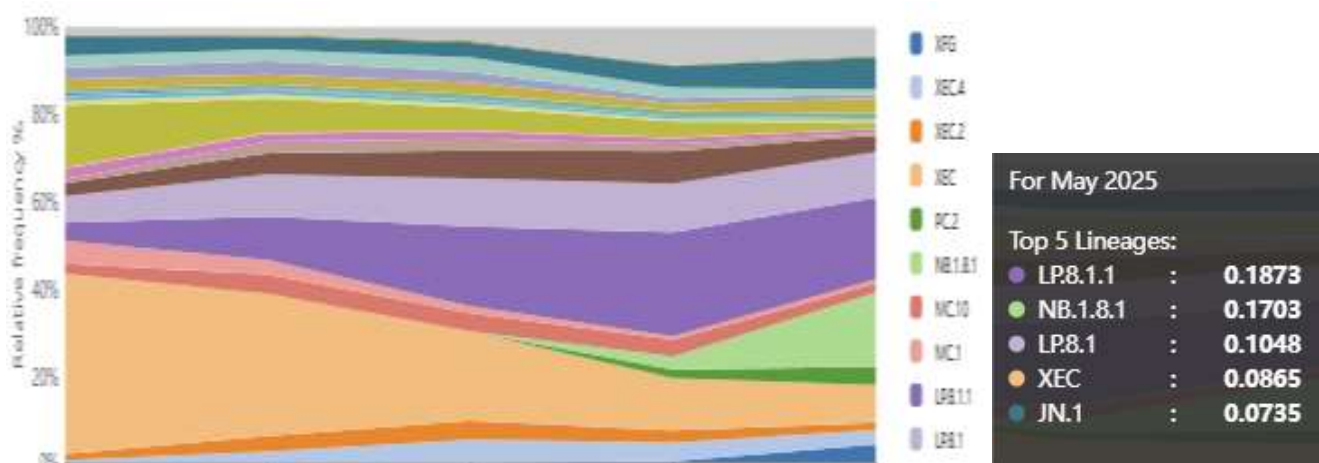
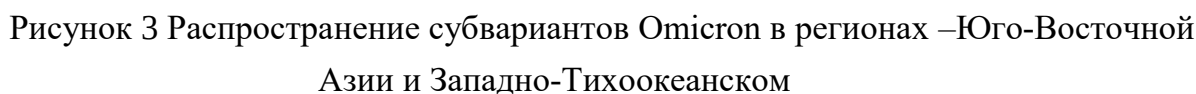
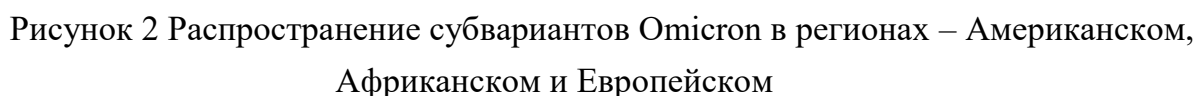


Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 30 мая 2025 г.)

### Европейский регион



### **Варианты, вызывающие интерес (VOI)**

Геномные последовательности субварианта JN.1 представлены из 143 стран. За прошедшую неделю распространенность субварианта зарегистрирована на уровне 8,5%.

### **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 89 стран.

В базе данных GISAID геномные последовательности субварианта ХЕС представлены из 72 страны, распространенность – 13,8%. За последние 4 недели удельный вес ХЕС среди секвенированных штаммов составил в Японии – 39,3%, Австралии – 28,0%, Сингапуре – 17,4%, Канаде – 12,3%, Великобритании – 12,1%, Испании – 9,2%, США – 6,2%.

В базе GISAID последовательности субварианта LB.1 депонированы как минимум, из 96 стран. Распространенность субварианта зарегистрирована на низком уровне 0,5%.

Субвариант KP.3 (FLuQE) секвенирован лабораториями 93 стран, распространенность оценивается на уровне 0,3%.

В GISAID представлено 16 716 геномов варианта LP.8.1 из 51 страны, распространенность составляет 29,2%. За последние 4 недели удельный вес LP.8.1 среди секвенированных штаммов составил в Испании – 59,9%, Великобритании – 53,4%, Канаде – 48,6%, Израиле – 40,0%, США – 35,7%, Ирландии – 33,3%, Австралии – 29,6%, Сингапуре – 10,9%.

NB.1.8.1 субвариант, происходящий от рекомбинантной линии XDV.1.5.1, самый ранний образец которого был собран 22 января 2025 г. По данным GISAID циркуляция субварианта установлена в 23 странах Тихоокеанского региона, Америки, Юго-Восточной Азии и Европы. По сравнению с предыдущими четырьмя неделями число случаев заболеваний в мире, вызванных NB.1.8.1, увеличилось на 2,5%.

## **ВОЗ. Оценка риска для варианта SARS-CoV-2, находящегося под наблюдением: NB.1.8.1**

### ***Краткое содержание***

NB.1.8.1 был признан вариантом SARS-CoV-2, находящимся под наблюдением (VUM), доля которого увеличивается во всем мире, в то время как доля LP.8.1 начинает снижаться. Учитывая имеющиеся данные, дополнительный риск для общественного здравоохранения, связанный с NB.1.8.1, оценивается как низкий на глобальном уровне. Ожидается, что одобренные в настоящее время вакцины против COVID-19 будут по-прежнему эффективны против этого штамма при симптоматическом и тяжёлом течении заболевания. Несмотря на одновременный рост числа случаев заболевания и госпитализаций в некоторых странах, где широко распространён штамм NB.1.8.1, текущие данные не указывают на то, что этот штамм вызывает более тяжёлое течение болезни, чем другие циркулирующие штаммы.

### ***Первоначальная оценка рисков, связанных с NB.1.8.1, 23 мая 2025 г.***

NB.1.8.1 — это вариант SARS-CoV-2, полученный из рекомбинантного варианта XDV.1.5.1, самый ранний образец которого был собран 22 января 2025 г. NB.1.8.1 — один из шести вариантов, отслеживаемых ВОЗ, и был признан вариантом, вызывающим озабоченность, 23 мая 2025 г. [1,2]. По сравнению с доминирующим в настоящее время вариантом SARS-CoV-2 LP.8.1, NB.1.8.1 имеет следующие дополнительные мутации шиповидного белка: T22N, F59S, G184S, A435S, V445H и T478I. По сравнению с JN.1, NB.1.8.1 имеет следующие мутации: T22N, F59S, G184S, A435S, L455S; F456L, T478I и Q493E.

Было показано, что мутации шиповидного белка в позиции 445 усиливают его связывание с hACE2, что может повысить заразность этого варианта. Мутации в позиции 435 снижают нейтрализующую способность антител класса 1 и класса 1/4 [3], а мутации в позиции 478 усиливают уклонение от антител класса 1/2 [4]. При использовании псевдовирусов и плазмы от прорывных инфекций BA.5 с JN.1 или XDV+F456L инфекция NB.1.8.1 показала снижение нейтрализации в 1,5–1,6 раза по сравнению с LP.8.1.1 [4]. У мышей, ранее иммунизированных вариантами SARS-CoV-2, дальнейшая иммунизация с использованием моновалентной KP.2 или моновалентной LP.8.1 мРНК-вакцины вызывали выработку нейтрализующих антител против NB.1.8.1 в тех же или немного более низких титрах, чем при иммунизации антигенами KP.2 или LP.8.1 [5,6].



По состоянию на 18 мая 2025 года в GISAID [7] было загружено 518 последовательностей NB.1.8.1 из 22 стран, что составляет 10,7% от общего количества последовательностей, доступных в мире на 17-й неделе 2025 года (с 21 по 27 апреля 2025 года). Несмотря на то, что это всё ещё низкие показатели, это значительный рост заболеваемости по сравнению с 2,5% за четыре недели до этого, на 14-й неделе эпидемиологического сезона 2025 года (с 31 марта по 6 апреля 2025 года), таблица 1. В период с 14-й по 17-ю эпидемиологическую неделю 2025 года во всех трёх регионах ВОЗ, где последовательно распространяются последовательности SARSCoV-2, увеличилась распространённость NB.1.8.1, то есть с 8,9% до 11,7% в Западно-Тихоокеанском регионе (WPR), с 1,6% до 4,9% в Американском регионе (AMR) и с 1,0% до 6,0% в Европейском регионе (EUR). Есть только 5 последовательностей NB.1.8.1 из региона Юго-Восточной Азии (SEAR) и ни одной из африканского региона. Регион (AFR) и регион Восточного Средиземноморья (EMR).

Таблица 1. Глобальная доля вариантов SARS-CoV-2, эпидемиологическая неделя с 14 по 17 января 2025 года

| Lineage*    | Countries§ | Sequences§ | 2025-14 | 2025-15 | 2025-16 | 2025-17 |
|-------------|------------|------------|---------|---------|---------|---------|
| <b>VOIs</b> |            |            |         |         |         |         |
| JN.1        | 143        | 339570     | 12.0    | 12.1    | 11.5    | 9.7     |
| <b>VUMs</b> |            |            |         |         |         |         |
| KP.3        | 85         | 61526      | 2.7     | 2.2     | 0.8     | 1.5     |
| KP.3.1.1    | 89         | 117331     | 9.5     | 10.8    | 10.2    | 8.5     |
| LB.1        | 99         | 25457      | 2.4     | 2.5     | 1.7     | 0.9     |
| XEC         | 73         | 52366      | 22.3    | 20.0    | 18.8    | 17.8    |
| LP.8.1      | 51         | 15993      | 42.0    | 41.4    | 40.9    | 39.0    |
| NB.1.8.1    | 22         | 518        | 2.5     | 4.1     | 7.1     | 10.7    |
| Recombinant | 144        | 513365     | 6.6     | 6.9     | 8.9     | 11.8    |
| Others      | 111        | 35263      | 0.1     | 0.1     | -       | 0.1     |

Данные ВОЗ, полученные из GISAID 18 мая 2025 г.

§Количество стран и последовательностей с момента появления вариантов.

\*Перечисленные варианты включают в себя потомственные линии, за исключением тех, которые указаны отдельно в других местах таблицы.

Варианты VOI и VUM, которые демонстрируют тенденцию к росту, выделены жёлтым, те, которые остаются стабильными, выделены синим, а те, которые демонстрируют тенденцию к снижению, выделены зелёным.

ВОЗ и ее Техническая консультативная группа по эволюции вирусов (TAG-VE) продолжают рекомендовать государствам-членам уделять первостепенное внимание конкретным действиям, направленным на устранение неопределенностей, связанных с выработкой антител и тяжестью заболевания NB.1.8.1:

- Проводить анализы на нейтрализацию с использованием сывороток человека, представляющих пострадавшее сообщество (сообщества), сывороток наивных животных, инфицированных живыми вирусными изолятами NB.1.8.1.

- Проводить сравнительную оценку для выявления изменений в текущих или специальных показателях тяжести заболевания.

ВОЗ и ее Техническая консультативная группа по составу вакцин против COVID-19 (TAG-CO-VAC) продолжают регулярно оценивать влияние вариантов на эффективность вакцин против COVID-19, чтобы принимать решения об обновлении состава вакцин. В последней рекомендации, опубликованной 15 мая 2025 года, TAG-COVAC ВОЗ рекомендовала использовать в качестве антигенов для вакцин против COVID-19 моновалентные JN.1 или KP.2; моновалентный LP.8.1 является подходящей альтернативной вакциной [8].

Приведенная ниже оценка рисков соответствует опубликованной ВОЗ схеме оценки рисков, связанных с вариантами SARS-CoV-2 [9], и основана на имеющихся в настоящее время доказательствах. Эта оценка рисков будет регулярно пересматриваться по мере поступления новых доказательств и данных из других стран. В связи со снижением распространенности VOI и VUM, которые все чаще не соответствуют определению VOI, ВОЗ 29 ноября 2024 года начала проводить оценку рисков для VUM в дополнение к VOI.

Принимая во внимание развитие глобальной эпидемиологической ситуации в связи с COVID-19 и в целях оказания поддержки государствам-членам в устранении сохраняющихся рисков, связанных с COVID-19, в период перехода от реагирования на чрезвычайную ситуацию в области общественного здравоохранения, имеющую международное значение, к управлению ею в рамках более широких программ по профилактике заболеваний и борьбе с ними, ВОЗ опубликовала постоянные рекомендации по COVID-19.

Срок действия Генерального соглашения, первоначально установленного на 30 апреля 2025 года, был продлён ещё на год с сохранением того же содержания до 30 апреля 2026 года [10].

|                               |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                           |  |
|-------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--|
| Общая оценка риска:<br>Низкий | NB.1.8.1 быстро распространяется по сравнению с другими циркулирующими вариантами. Однако NB.1.8.1 демонстрирует лишь незначительное дополнительное отклонение от иммунитета по сравнению с LP.8.1. Несмотря на сообщения об увеличении числа случаев заболевания и госпитализаций в некоторых странах WPR, где преобладает NB.1.8.1, нет данных о том, что тяжесть заболевания выше, чем у других циркулирующих вариантов.<br><br>Имеющиеся данные о штамме NB.1.8.1 не указывают на дополнительные рис- |  |
|-------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--|



|                      | ки для здоровья населения по сравнению с другими циркулирующими в настоящее время штаммами-потомками Омикрона.                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |               |                       |  |
|----------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------|-----------------------|--|
| Показатель           | Доказательство                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                | Уровень риска | Уровень достоверности |  |
| Преимущество в росте | <p>В настоящее время насчитывается 518 последовательностей NB.1.8.1 из 22 стран, что составляет 10,7% от общего числа доступных последовательностей на 17-й неделе эпидемического сезона 2025 года (с 21 по 27 апреля 2025 года). Несмотря на то, что это всё ещё низкий показатель, это значительный рост по сравнению с 2,5% четырьмя неделями ранее, на 14-й неделе эпидемического сезона 2025 года (с 31 марта по 6 апреля 2025 года).</p> <p>В то время как доля NB.1.8.1 увеличивается, доля LP.8.1, наиболее частотного варианта SARS-CoV-2, отслеживаемого ВОЗ, уменьшается и составляет 39,0% на 17-й неделе 2025 года по сравнению с 42,0% на 14-й неделе 2025 года.</p> <p>С помощью модели логистической регрессии [11] было установлено, что по сравнению с LP.8.1.1, NB.1.8.1 имеет более высокое относительное преимущество в росте, чем циркулирующие варианты BA.3.2, NB.1, NB.1.8, LF.9, LF.7.2.1, LF.7.7.2, XFH и XEC.25.1 [4]. Только XFG имеет более высокое относительное преимущество в росте, чем NB.1.8.1. Псевдовирус NB.1.8.1 демонстрирует прочное связывание с растворимым человеческим ACE2; это связывание ниже, чем у LP.8.1.1, но выше, чем у других расширяющихся вариантов, включая XFG и XFH [4]. Кроме того, псевдовirus NB.1.8.1 демонстрируют прочную инфекционность для клеток Vero in vitro [4].</p> <p>* см. примечание для получения дополнительной информации</p> | Умеренный     | Умеренный             |  |

|                                               |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |        |        |  |
|-----------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------|--------|--|
| Уклонение от иммунитета                       | <p>При использовании псевдовирусов и плазмы от пациентов с прорывными инфекциями BA.5, вызванными либо JN.1, либо JN.1/XDV+F456L, NB.1.8.1 показал снижение нейтрализации в 1,5–1,6 раза по сравнению с LP.8.1.1 [4]. Данные о нейтрализации в других когортах в настоящее время недоступны.</p> <p>Антигенная картография с использованием образцов сыворотки крови интактных мышей, иммунизированных двумя дозами мРНК-вакцины с шиповидным белком, показывает, что псевдовирус NB.1.8.1 антигенно схож с другими подтипами JN.1 [4].</p> <p>Псевдовирус NB.1.8.1 демонстрирует повышенную устойчивость к нескольким нейтрализующим моноклональным антителам, направленным на RBD, класса 1/2 (вероятно, из-за мутации шиповидного белка K478I), в то время как спайковая мутация A435S снижает эффективность нейтрализации моноклональных антител во всех эпитопах [4].</p> <p>** дополнительные пояснения см. в сноске</p> | Низкий | Низкий |  |
| Тяжесть и клинические/диагностические аспекты | <p>Нет данных о влиянии NB.1.8.1 на клинические исходы.</p> <p>Выявление B.1.8.1 увеличивается в нескольких странах, где одновременно наблюдается рост числа случаев заболевания SARS-CoV-2 и госпитализаций. Однако данные рутинного клинического наблюдения не указывают на какие-либо признаки повышенной тяжести заболевания, связанного с NB.1.8.1, по сравнению с ранее циркулировавшими вариантами. В настоящее время нет данных о повышении таких показателей, как количество госпитализаций в отделения интенсивной терапии, связанных с COVID-19, и смертей в результате госпитализаций, а также смертности от всех причин.</p> <p>NB.1.8.1 не содержит дополнительных замен</p>                                                                                                                                                                                                                                     | Низкий | Низкий |  |

|  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                  |  |  |  |
|--|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--|--|--|
|  | <p>протеазы по сравнению с ХВВ.1.16.1, EG.5.1.3 и ВА.2.86.1 и поэтому вряд ли будет демонстрировать повышенную устойчивость к нирматрелвиру по сравнению с этими вариантами. [12].</p> <p>NB.1.8.1 демонстрирует замену Nsp12 (полимеразы) D284Y (Orf1b: D275Y); потенциальное влияние этой замены на активность ремдесивира и молнупиравира не изучалось.</p> <p>*** см. примечание для получения дополнительной информации</p> |  |  |  |
|--|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--|--|--|

### ***Приложение:***

#### **\* Преимущество в росте**

Уровень риска: умеренный, так как NB.1.8.1 значительно распространился во всех регионах ВОЗ с постоянным обменом данными о последовательностях SARSCoV-2.

Достоверность: низкая, так как распространение NB.1.8.1 началось недавно, данные о секвенировании ограничены, и, следовательно, доля этого варианта резко возрастает, а в некоторых регионах этот вариант не был обнаружен.

#### **\*\* Ускользание от антител**

Уровень риска: низкий, поскольку иммунная неустойчивость NB.1.8.1 в имеющихся данных сопоставима с предыдущими сублиниями JN.1 при их появлении. Кроме того, NB.1.8.1 группируется с другими сублиниями JN.1 в рамках антигенной картографии, основанной на сыворотках иммунизированных мышей.

Достоверность: низкая, поскольку антигенность NB.1.8.1 была оценена только в одном исследовании с использованием псевдовирусов и серологических данных двух групп. Для дальнейшей оценки риска развития резистентности к антителам необходимы дополнительные лабораторные исследования с использованием сывороток из разных когорт и регионов.

#### **\*\*\* Тяжесть заболевания и клинические соображения**

Уровень риска: низкий, поскольку в настоящее время нет сообщений о повышенной тяжести заболевания, связанного с этим вариантом.

Имеющиеся данные не указывают на устойчивость к Нирмалтевиру.

Достоверность: низкая. В настоящее время нет исследований, оценивающих влияние этого варианта на клинические исходы.

### **Рефераты**

1. World Health Organization Tracking SARS-CoV-2 Variants Available online: [hBps://www.who.int/ac3vi3es/trackingSARS-CoV-2-variants/](https://www.who.int/ac3vi3es/trackingSARS-CoV-2-variants/) (accessed on 5 December 2024).

2. Coronavirus Disease (COVID-2019) Situation Reports: Coronavirus Disease (COVID-19) Weekly Epidemiological Updates and Monthly Operational Updates Available online: [hBps://www.who.int/emergencies/diseases/novelcoronavirus-2019/situation-reports](https://www.who.int/emergencies/diseases/novelcoronavirus-2019/situation-reports).

3. Liu, J.; Yu, Y.; Yang, S.; Jian, F.; Song, W.; Yu, L.; Shao, F.; Cao, Y. Virological and Antigenic Characteristics of SARS-CoV-2 Variants LF.7.2.1, NP.1, and LP.8.1. *Lancet Infect Dis* 2025, 25, e128–e130, doi:10.1016/S1473-3099(25)00015-5.

4. Guo, C.; Yu, Y.; Liu, J.; Jian, F.; Yang, S.; Song, W.; Yu, L.; Shao, F.; Cao, Y. Antigenic and Virological Characteristics of SARS-CoV-2 Variant BA.3.2, XFG, and NB.1.8.1. *bioRxiv* 2025, doi:10.1101/2025.04.30.651462.

5. Pfizer/ BioNTech. (2025-2026 COVID-19 Vaccine Formula: Pfizer/BioNTech Supportive Data) 22 May 2025. US FDA Vaccines and Related Biological Products Advisory Committee Meeting. Available from:

[hBps://www.fda.gov/advisory-committees/advisory-committee-calendar/vaccines-and-related-biological-products-advisory-committee-may-22-2025-meeting-announcement](https://www.fda.gov/advisory-committees/advisory-committee-calendar/vaccines-and-related-biological-products-advisory-committee-may-22-2025-meeting-announcement) (accessed 23 May 2025).

6. Moderna, Inc. (Moderna COVID-19 Vaccines Update) 22 May 2025. US FDA Vaccines and Related Biological Products Advisory Committee Meeting. Available from: [hBps://www.fda.gov/advisory-committees/advisory-committee-calendar/vaccines-and-related-biological-products-advisory-committee-may-22-2025-meeting-announcement](https://www.fda.gov/advisory-committees/advisory-committee-calendar/vaccines-and-related-biological-products-advisory-committee-may-22-2025-meeting-announcement) (accessed 23 May 2025)

7. Khare, S.; Gurry, C.; Freitas, L.; Schultz, M.B.; Bach, G.; Diallo, A.; Akite, N.; Ho, J.; Lee, R.T.C.; Yeo, W.; et al. GISAID's Role in Pandemic Response. *China CDC Wkly* 2021, 3, 1049–1051, doi:10.46234/ccdcw2021.255.

8. WHO World Health Organization Technical Advisory Group on COVID-19 Vaccine Composition: Statement on the Antigen Composition of COVID-19 Vaccines 15 May 2025.

9. World Health Organization SARS-CoV-2 Variant Risk Evaluation, 30 August 2022; World Health Organization: Geneva, 2023;

10. Standing Recommendations for COVID-19 Issued by the Director-General of the World Health Organization (WHO) in Accordance with the International Health Regulations (2005) (IHR) Available online:

[hBps://www.who.int/publications/m/item/standing-recommendations-for-covid-19-issued-by-the-director-general-of-the-world-health-organization-\(who\)-in-accordance-with-the-international-health-regulations-\(2005\)-\(ihr\)](https://www.who.int/publications/m/item/standing-recommendations-for-covid-19-issued-by-the-director-general-of-the-world-health-organization-(who)-in-accordance-with-the-international-health-regulations-(2005)-(ihr)).

11. Chen, C.; Nadeau, S.A.; Topolsky, I.; Manceau, M.; Huisman, J.S.; Jablonski, K.P.; Fuhrmann, L.; Dreifuss, D.; Jahn, K.; Beckmann, C.; et al. Quantification of the Spread of SARS-CoV-2 Variant B.1.1.7 in Switzerland. *Epidemics* 2021, 37, 100480, doi:10.1016/j.epidem.2021.100480.

12. Planas, D.; Staropoli, I.; Michel, V.; Lemoine, F.; Dona3, F.; Prot, M.; Porrot, F.; Guivel-Benhassine, F.; Jeyarajah, B.; Brisebarre, A.; et al. Distinct Evolution of SARS-CoV-2 Omicron XBB and BA.2.86/JN.1 Lineages Combining Increased Fitness and Antibody Evasion. *Nat Commun* 2024, 15, 2254, doi:10.1038/s41467-024-46490-7.

## Публикации

1. BMC Infect Dis. 2025 May 23;25(1):738. doi: 10.1186/s12879-025-11107-x.

### **Genome diversity of SARS-CoV-2 lineages associated with vaccination breakthrough infections in Addis Ababa, Ethiopia**

Разнообразие генома линий SARS-CoV-2, связанное с прорывными инфекциями, после вакцинации, в Аддис-Абебе, Эфиопия

Abebe M Aga <sup>1</sup>, Demise Mulugeta <sup>2</sup>, Atsbeha Gebreegziabxier <sup>3</sup> и др.

Это исследование было сосредоточено на прорывных инфекциях у вакцинированных лиц, что вызвало беспокойство относительно эффективности вакцины против ускользания от иммунитета варианта SARS-CoV-2, с особым вниманием к распределению линий среди вакцинированных и невакцинированных лиц. Исследование случай-контроль проводилось с января по апрель 2023 года, секвенировали 298 образцов от лиц с положительным результатом на COVID-19 в RDT из 22 медицинских учреждений, включая вакцинированных и невакцинированных пациентов. Из 298 секвенированных образцов 281 соответствовали качеству для анализа, при этом 44,8% (126) были от получивших по крайней мере одну дозу вакцины от COVID-19, в то время как 51,9% (146) – от невакцинированных, а 9 пациентов не имели записей о вакцинации. Анализ показал, что все случаи были связаны с вариантом Omicron, причем линия XBB.1.5 была наиболее распространенной (38,4%), за ней следовали FL.2 (9,3%) и XBB.1.9.1.2 (7,8%). Остальные 44,5% представляли собой комбинацию 22 других линий. Вариант XBB.1.5 составил 51 (47,2%) случай среди вакцинированных лиц с по крайней мере одной дозой и 57 (52,8%) среди невакцинированных, что показало относительно схожую распространенность в обеих группах. Вирусная нагрузка варьировалась в широких пределах, со значительным проявлением в нижних диапазонах (высокая вирусная нагрузка), что

предполагает активную репликацию вируса. Примечательно, что 25% образцов показали высокие вирусные нагрузки (значения Ct 13-15), что свидетельствует о высокой трансмиссивности линии ХВВ.1.5 как среди вакцинированного, так и невакцинированного населения. Результаты подчеркивают необходимость непрерывного геномного надзора и регулярных обновлений вакцин для борьбы с появляющимися вариантами SARS-CoV-2, особенно с иммуноуклоняемой линией ХВВ. Высокая распространенность вариантов, таких как ХВВ.1.5, при прорывной инфекции подчеркивает важность адаптивных стратегий вакцинации и вакцин следующего поколения для поддержания эффективности. Постоянный мониторинг динамики вариантов имеет решающее значение для усиления готовности к пандемии и предотвращения будущих вспышек.

2. Infect Dis (Lond). 2025 May 26;1-10. doi: 10.1080/23744235.2025.2509011. Online ahead of print.

### **Dynamics of SARS-CoV-2 variants and mutations in Central Sweden between 2023 and 2024 and their potential implications on monoclonal antibodies pemivibart and sipavibart as PrEP in the region**

Динамика вариантов и мутаций SARS-CoV-2 в Центральной Швеции в период с 2023 по 2024 год и их потенциальное влияние на моноклональные антитела пемивибарт и сипавибарт в качестве PrEP в регионе

Jonathan Haars <sup>1</sup>, Frans Wallin <sup>2</sup>, Karin Elfving <sup>3</sup>, и др.

Моноклональные антитела (mAbs) являются важным средством против SARS-CoV-2, особенно в качестве профилактики перед контактом (PrEP) для пациентов с нарушением иммунной системы. PrEP mAbs, такие как сипавибарт и пемивибарт, были одобрены для ограниченного использования в нескольких странах. Определенные варианты SARS-CoV-2 несут мутации в белке шипа (S), что обеспечивает устойчивость к этим mAbs. Авторы изучали относительное обилие различных циркулирующих вариантов/мутаций SARS-CoV-2 в центральной Швеции в период с 2023 по 2024 год и с целью спрогнозировать эффективность PrEP mAbs сипавибарта и пемивибарта. Они наблюдали, что относительное распространение варианта КР.3.1.1 и мутации Q493E начало увеличиваться в конце 2024 года в регионе. Кроме того, с апреля 2024 года относительное распространение мутации F456L достигло 100% в течение многих недель до конца периода исследования. Вариант КР.3.1.1 значительно устойчив к пемивибарту. Кроме того, наличие мутации F456L в подвариантах Omicron обеспечивает высокую кратность устойчивости к сипавибарту. Использование сипавибарта или пемивибарта в качестве PrEP для COVID-19 в регионе в настоящее время может быть неэффективным, если



только не появятся новые варианты SARS-CoV-2, не содержащие этих мутаций устойчивости. Кроме того, новые моноклональные антитела, разрабатываемые в качестве PrEP-препаратов для лечения COVID-19, могут эффективно использоваться после рутинного секвенирования SARS-CoV-2 у пациентов для выявления вариантов и мутаций резистентности.

3. Nat Commun. 2025 May 28;16(1):4937. doi: 10.1038/s41467-025-60081-0.

### **Tracing the spatial origins and spread of SARS-CoV-2 Omicron lineages in South Africa**

Отслеживание пространственного происхождения и распространения линий SARS-CoV-2 Omicron в Южной Африке

Graeme Dor <sup>1</sup>, Eduan Wilkinson <sup>1 2</sup>, Darren P Martin <sup>3</sup>,

С ноября 2021 года, как полагают, в Южной Африке появилось пять генетически различных линий омикрон SARS-CoV-2 (BA.1-BA.5), четыре из которых (BA.1, BA.2, BA.4 и BA.5) распространились по всему миру и в совокупности доминируют среди разнообразия SARS-CoV-2. В 2023 году BA.2.86, сильно дивергентная линия BA.2, которая приобрела известность во всем мире, была впервые обнаружена в Израиле и Дании, но последующее разнообразие южноафриканских последовательностей предполагает, что она также появилась в этом регионе. Используя байесовский филогеографический вывод, реконструировали происхождение и закономерности распространения BA.1-BA.5 и BA.2.86. Полученные результаты показывают, что провинция Гаутенг в Южной Африке, вероятно, сыграла ключевую роль в появлении и/или усилении множественных линий омикрон, хотя регионы с ограниченной выборкой также могли внести свой вклад. Проблема точного отслеживания происхождения подчеркивает необходимость более широкого геномного надзора во всем регионе для усиления раннего выявления, отслеживания эволюции вируса и повышения готовности к будущим угрозам.