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 21 по 27 июня 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 21 по 27 июня 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 25 июня 2025 г. включены шесть субвариантов, а именно KP.3, KP.3.1.1, XEC, LP.8.1, NB.1.8.1 и XFG (таблица 2). Технической консультативной группой по эволюции вирусов (TAG-VE) из списка VUM исключен субвариант LB.1(распространенность менее 0,5%) и добавлен субвариант XFG с растущей распространенностью.

Таблица 1. Варианты, вызывающие интерес (VOIs) и циркулирующие в настоящее время (по состоянию на 27 июня 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 27 июня 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	24E	KP.3 + S:S31-	27-03-2024	19-07-2024
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	25A	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
NB.1.8.1	25B	JN1 + S:T22N, S:F59S, S:G184S,S:A435S, S:F456L, S:T478I, S:Q493E	22-01-2025	23-05-2025 NB.1.8.1 Initial Risk Evaluation 23 May 2025
XFG	25C	JN1 + S:T22N, S:S31P, S:K182R, S:R190S, S:R346T, S:K444R, S:V445R, S:F456L, S:N487D, S:Q493E, S:T572I	27-01-2025	25-06-2025 XFG Initial Risk Evaluation 25 June 2025

На сегодняшний день в базе данных GISAID всего представлено 17 404 807 геномов вируса SARS-COV-2 (за прошедшую неделю депонировано 17 740 геномных последовательностей, за предыдущий аналогичный период – 11 340). Удельный вес штаммов, депонированных из США и Великобритании составляет 48,8% от всех последовательностей, размещенных в GISAID (5 309 917 и 3 179 379 геномов соответственно).

Всего в базу данных GISAID депонировано 8 343 916 геномов варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 17 294 геномные последовательности 97,5% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 92,1%). Российскими лабораториями размещено 93 727 геномов вируса SARS-COV-2, в том числе варианта Omicron – 47 810 геномных последовательностей.

В базе данных GISAID зафиксировано депонирование варианта Omicron из 212 стран и территорий. За последние 4 недели всего 30 стран (14,2%) (за предыдущие – 29 стран (13,7%) 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: XFG, NB.1.8.1, LP.8.1.1, JN.1.16.1 и JN.1 (рис. 1).

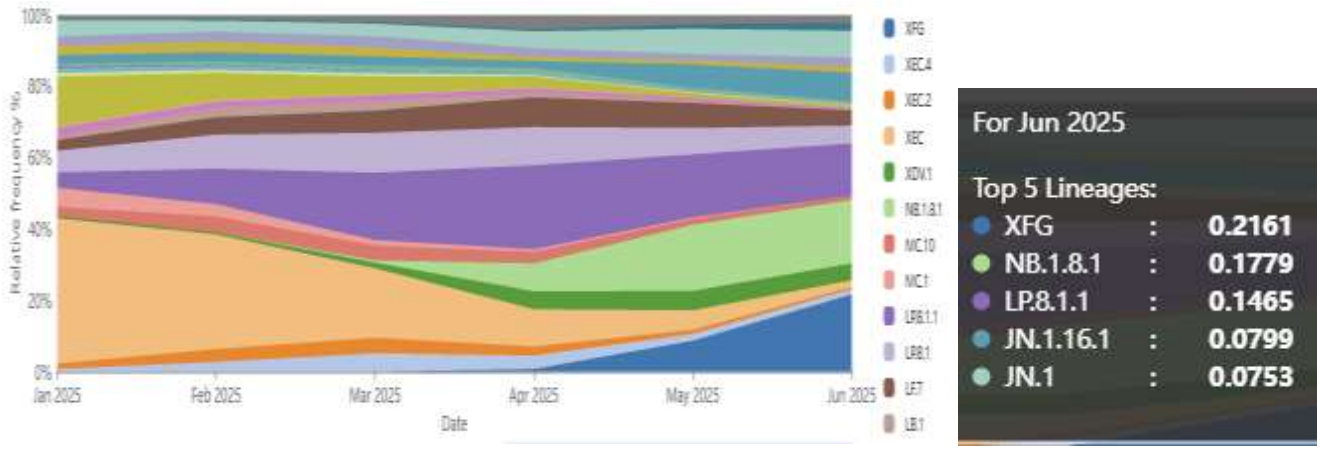

Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 27 июня 2025 г.)

Распространение в регионах ВОЗ субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID по состоянию на 27 июня 2025 г. представлено на рисунках 2 и 3. В Американском регионе доминируют субварианты XFG (28,3%) и LP.8.1.1 (13,4%); Европейском – XFG (26,1%) и LP.8.1.1 (23,1%) (рис 2). В странах Юго-Восточной Азии среди циркулирующих субвариантов Omicron превалирует JN.1.16.1 (69%) и XFG (20,5%); в Западно-Тихоокеанском регионе – NB.1.8.1 (37,9%); Восточного Средиземноморья –XFG (27,9%) (рис. 3).

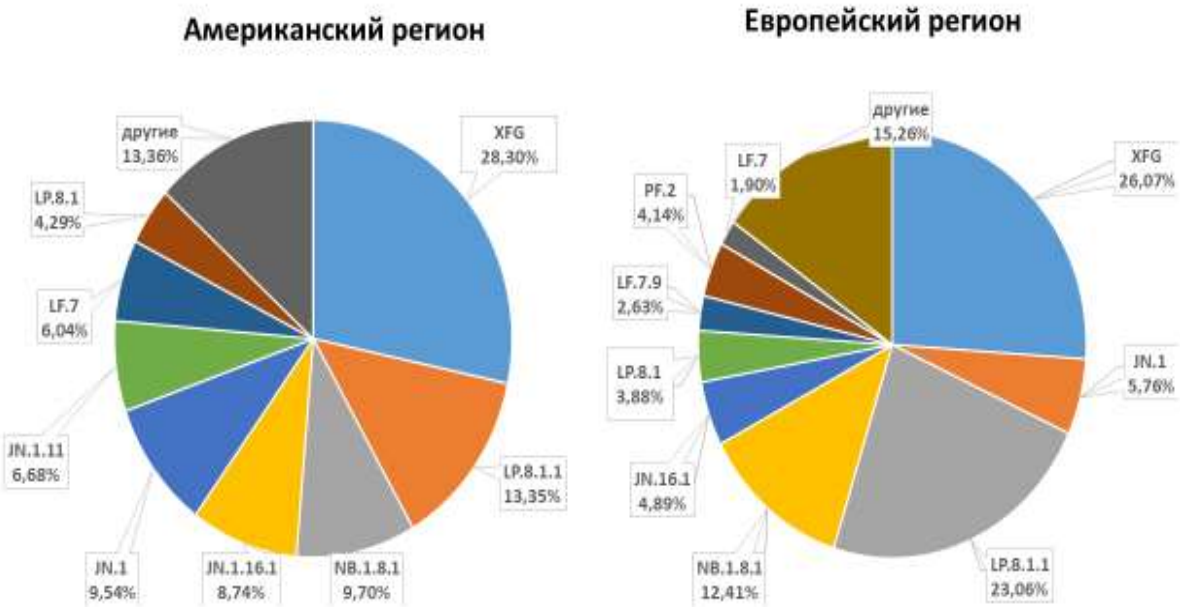

Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в регионах – Американском и Европейском

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

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

Геномные последовательности субварианта JN.1 представлены из 151 страны. За прошедшую неделю распространенность субварианта зарегистрирована на уровне 22,3%.

Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)

С момента идентификации в базе данных GISAID распространение субварианта KP 3.1.1 оценивается на уровне менее 3,3%. Последовательности размещены из 85 стран.

Субвариант KP.3 (FLuQE) секвенирован лабораториями 85 стран, распространенность оценивается на уровне 1,1%.

В базе данных GISAID геномные последовательности субварианта XEC представлены из 77 стран, распространенность – 5%. За последние 4 недели удельный вес XEC среди секвенированных штаммов составил в Австралии – 17,2%, Сингапуре – 13,3%, Новой Зеландии – 6,9%.

В GISAID геномы варианта LP.8.1 представлены из 61 страны, распространенность составляет 23,9%.

Циркуляция субварианта NB.1.8.1 («Nimbus») установлена в 36 странах. На текущей неделе распространенность в мире составила 24,5% (рост за прошедшую неделю составил 9,3%). За последние 4 недели удельный вес NB.1.8.1 среди секвенированных

штаммов составил в странах Юго-Восточной Азии: Гонконге, Китае, Вьетнаме, Японии, Малайзии, Сингапуре, Новой Зеландии на уровне 100,0%, 94,4%, 88,2%, 78,6%, 71,1%, 55,1%, 54,5% соответственно.

Субвариант XFG («Stratus») является рекомбинантом линий LF.7 и LP.8.1.2, имеет четыре ключевые мутации в своем спайковом белке (Рис. 4) [https://www.gavi.org/vaccineswork/eight-things-you-need-know-about-new-nimbus-and-stratus-covid-variants].

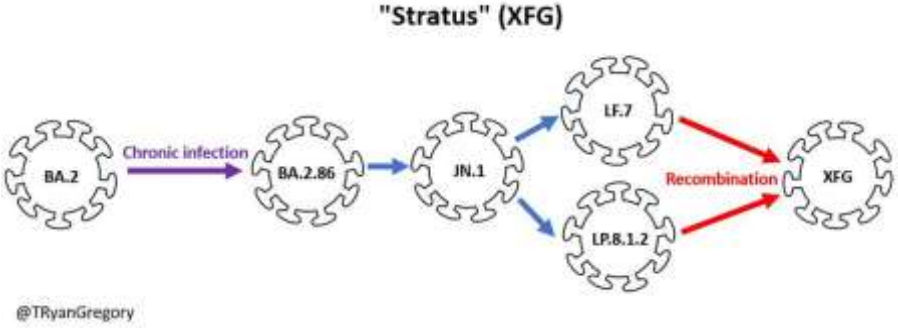

Рис. Субвариант XFG, рекомбинация (Credit: T Ryan Gregory).

XFG впервые был обнаружен в Канаде в январе 2025 г. и быстро распространился по всему миру. По состоянию на 27 июня 2025 года в GISAID представлено 1648 последовательностей XFG из 38 стран. Высокая распространенность отмечена в Американском регионе (Канада – 28,1%, США – 33,5%), Европейском регионе (Испания – 39,9%, Великобритания – 31,3%), Юго-Восточной Азии (Индия – 60,0%).

ВОЗ, TAG-VE: Оценка риска для варианта SARS-CoV-2, находящегося под наблюдением: XFG (25 июня 2025 г.)

Краткое содержание

XFG был признан вариантом SARS-CoV-2, находящимся под наблюдением (VUM), доля которого в мире увеличивается.

Учитывая имеющиеся данные, дополнительный риск для общественного здравоохранения, связанный с XFG, оценивается как низкий на глобальном уровне. Ожидается, что одобренные в настоящее время вакцины против COVID-19 сохранят эффективность против этого варианта при симптоматическом и тяжёлом течении заболевания. Несколько стран в регионе Юго-Восточной Азии сообщили об одновременном росте числа новых случаев заболевания и госпитализаций, при этом XFG был широко распространен. Текущие данные не указывают на то, что этот вариант приводит к более тяжелому течению болезни или смерти, чем другие циркулирующие варианты.

Первоначальная оценка риска XFG, 25 июня 2025 г.

XFG — это вариант SARS-CoV-2, представляющий собой рекомбинант линий LF.7 и LP.8.1.2, самый ранний образец которого был собран 27 января 2025 года. XFG — один из семи вариантов, отслеживаемых ВОЗ, и был признан вариантом, вызывающим обеспокоенность, 25 июня 2025 года [1,2]. При сравнении JN1 с XFG и NB.1.8.1, доминирующим в настоящее время вариантом SARS-CoV-2, можно выявить различные мутационные профили в шиповидном белке; однако некоторые аминокислотные изменения являются общими:

NB.1.8.1 = JN.1 + [T22N, F59S, G184S, A435S, F456L, T478I, Q493E] - [T478K]

XFG = JN.1 + [T22N, S31P, K182R, R190S, R346T, K444R, V445R, F456L, N487D, Q493E, T572I] -[V445H]

Мутации шиповидного белка в аминокислотах 478 и 487, как было показано, усиливают уклонение от антител класса 1/2 [3]. При использовании псевдовирусов и плазмы от мышей, заражённых BA.5, JN.1 или XDV+F456L, XFG показал снижение нейтрализации в 1,9 раза по сравнению с LP.8.1.1 [3]. У мышей, ранее иммунизированных вакциной против штамма SARS-CoV-2, а также дополнительная иммунизация с использованием моновалентных мРНК-вакцин KP.2 или LP.8.1 вызывали выработку нейтрализующих антител против XFG в тех же или немного более низких титрах, чем при иммунизации антигенами KP.2 или LP.8.1 [3,4].

По состоянию на 22 июня 2025 года в GISAID было представлено 1648 последовательностей XFG [5] из 38 стран, представляющих 22,7% от общемировых доступных последовательностей за 22-ю эпидемиологическую неделю 2025 года (с 26 мая по 1 июня 2025 года). Это значительный рост по сравнению с 7,4% за четыре недели до это-

го, в период с 5 по 11 мая 2025 года (19 неделя 2025 года), таблица 1. В период с 19 по 22 неделю 2025 года доля XFG увеличилась во всех трёх регионах ВОЗ, которые постоянно обмениваются последовательностями SARS-CoV-2, то есть с 1,6% до 6,0% в Западно-Тихоокеанском регионе (WPR), с 7,8% до 26,5% в регионе Северной и Южной Америки (AMR) и с 10,6% до 16,7% в Европейском регионе (EUR). Несмотря на меньшее количество представленных последовательностей, доля XFG увеличилась с 17,3% до 68,7% в регионе Юго-Восточной Азии (SEAR), где NB.1.8.1 быстро стал доминирующим в начале весны. В Индии XFG был доминирующим вариантом в течение всей весны, а NB.1.8.1 оставался очень редким. Всего 2 последовательности XFG обнаружены в Африканском регионе (AFR) и 65 - в регионе Восточного Средиземноморья (EMR).

Таблица 1. Глобальные пропорции вариантов SARS-CoV-2 на 19-22 эпидемиологической неделе 2025 года

Lineage*	Countries§	Sequences§	2025-19	2025-20	2025-21	2025-22
VOIs						
JN.1	144	342221	9.2	9.0	10.7	15.3
VUMs						
KP.3	86	61946	1.9	1.2	1.4	0.8
KP.3.1.1	91	119109	5.0	3.9	3.9	3.8
LB.1	99	25816	0.6	0.5	0.9	0.3
XEC	78	54778	11.0	9.9	6.1	5.2
LP.8.1	60	21618	33.5	30.1	30.0	22.6
NB.1.8.1	37	4176	25.1	29.6	26.4	24.9
XFG	38	1649	7.4	9.5	15.7	22.7
Recombinant	145	514376	6.2	6.1	5.2	4.4
Others	111	35307	0.1	0.1	-	-

Данные ВОЗ, полученные из GISAID, на 22 июня 2025 года.

§Количество стран и последовательностей с момента появления вариантов.

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

Варианты VOI и VUM, которые демонстрируют тенденцию к росту, выделены жёлтым, 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 течения XFG:

• Проводить анализы на нейтрализацию с использованием человеческой сыворотки, характерной для пострадавшего сообщества (сообществ), и сыворотки нативных животных, инфицированных живыми изолятами вируса XFG.

• Проводить сравнительную оценку для выявления изменений в текущих или специальных показателях тяжести течения.

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 [6].

Приведенная ниже оценка рисков соответствует опубликованной ВОЗ схеме оценки рисков, связанных с вариантами SARS-CoV-2 [7], 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 с уменьшением 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, срок действия постоянных рекомендаций IHR по COVID-19, выпущенных Генеральным директором ВОЗ, первоначально истекавший 30 апреля 2025 года, был продлен еще на один год с сохранением того же содержания, до 30 апреля 2026 года [8].

Общая оценка риска: Низкий	XFG быстро распространяется по сравнению с другими циркулирующими вариантами по всему миру. Однако XFG демонстрирует лишь незначительное дополнительное уклонение от иммунитета по сравнению с LP.8.1. Несмотря на сообщения об увеличении числа случаев заболевания и госпитализаций в некоторых странах Юго-Восточной Азии, где преобладает XFG, нет данных, указывающих на то, что тяжесть заболевания выше по сравнению с другими циркулирующими вариантами. Имеющиеся данные о XFG не указывают на дополнительные риски для общественного здравоохранения по сравнению с другими циркулирующими в настоящее время линиями, происходящими от Омикрона		
Показатель	Доказательство	Уровень риска	Уровень достоверности
Преимущество в росте	В настоящее время имеется 1648 последовательностей XFG из 38 стран, что составляет 22,7% от общемировых доступных	Умеренный	Низкий

	последовательностей на 22 эпидемиологической неделе 2025 года (с 26 мая по 1 июня 2025 года). Это значительный рост по сравнению с 7,4% четырьмя неделями ранее, на 19 неделе 2025 года (с 5 по 11 мая 2025 года). Это увеличение наблюдалось во всех трёх регионах ВОЗ, которые постоянно обмениваются последовательностями SARS-CoV-2, то есть в WPR, AMR и EUR. Несмотря на меньшее количество представленных последовательностей, XFG продемонстрировал самый высокий прирост в SEAR. В то время как доля XFG увеличивается, доля NB.1.8.1, недавно признанного VUM, начала снижаться с 21 по 22 неделю. Однако доля NB.1.8.1продолжала расти в AMR и EUR, оставаясь стабильной в WPR. С помощью модели логистической регрессии [9] было установлено, что по сравнению с LP.8.1.1 XFG имеет наибольшее относительное преимущество в росте по сравнению с циркулирующими вариантами BA.3.2, NB.1, NB.1.8, NB.1.8.1, LF.9, XFH и XEC.25.1 [10]. Псевдовирус XFG демонстрирует заметно сниженное взаимодействие с растворимым человеческим ACE2, при этом взаимодействие ниже, чем у NB.1.8.1 [10]. * см. примечание для получения дополнительной информации		
Уклонение от иммунитета	При использовании псевдовирусов и плазмы от BA.5 при прорывных инфекциях JN.1 или JN.1/XDV+F456L инфекция XFG показала 1,9-кратное снижение нейтрализации по сравнению с LP.8.1.1 [10]. Данные о нейтрализации в других когортах в настоящее время недоступны. Антигенная картография с использованием образцов сыворотки неиммунизированных мышей, получивших две дозы мРНК-вакцины с шиповидным белком, показывает, что псевдовирус XFG антигенно схож с другими подтипами JN.1	Низкий	Низкий

	[10]. Псевдовирус XFG демонстрирует повышенную устойчивость к нескольким нейтрализующим моноклональным антителам, нацеленным на RBD, из класса 1/2 (вероятно, из-за мутаций T478K и N487D [10]. ** см. примечание для получения дополнительной информации		
Тяжесть и клинические/диагностические аспекты	Нет данных или опубликованных исследований о влиянии XFG на клинические исходы. Выявление XFG увеличивается в нескольких странах в различных регионах, которые последовательно обмениваются последовательностями SARS-CoV-2 со стабильной или слегка возрастающей тенденцией к увеличению вирусной активности и числа госпитализаций. В SEAR некоторые страны, несмотря на относительно низкое количество секвенирований, выявляют высокий уровень XFG и одновременно наблюдают рост числа случаев, связанных с SARS-CoV-2, и числа госпитализаций. Однако рутинное клиническое наблюдение не выявляет каких-либо признаков повышенной тяжести течения заболевания, связанного с XFG, по сравнению с ранее циркулировавшими вариантами. В настоящее время ограниченная информация из этих стран не указывает на увеличение таких показателей, как количество пациентов с COVID-19, попавших в отделение интенсивной терапии, и смертей на случай госпитализации, а также смертности от всех причин. XFG не содержит каких-либо дополнительных мутаций, которые ранее были связаны с устойчивостью к ремдесивиру и нирматрелвиру по сравнению с этими вариантами [11,12]. *** см. примечание для получения дополнительной информации	Низкий	Низкий

Приложение:

** Преимущество в росте*

Уровень риска: умеренный, поскольку XFG значительно распространяется во всех регионах ВОЗ с постоянным обменом данными о последовательностях SARS-CoV2.

Достоверность: низкая, поскольку распространение XFG началось недавно, уровень данных о секвенировании низкий, и NB.1.8.1 по-прежнему преобладает в регионах с лекарственной устойчивостью и в Европе.

** *Ускользание от антител*

Уровень риска: низкий, поскольку иммунная неуязвимость XFG, согласно имеющимся данным, аналогична предыдущим подтипам JN.1 при их появлении. Кроме того, XFG группируется с другими подтипами JN.1 в рамках данных об антигенной картографии, основанных на сыворотках иммунизированных мышей.

Достоверность: низкая, поскольку антигенность XFG была оценена только в одном исследовании с использованием псевдовирусов и серологических данных из двух когорт. Для дальнейшей оценки риска ускользания от антител необходимы дополнительные лабораторные исследования с использованием сывороток из разных когорт и регионов.

*** *Тяжесть течения 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 ремдесивиру и нирмалтевиру.

Достоверность: низкая. В настоящее время нет исследований, оценивающих влияние этого варианта на клинические исходы. Несмотря на регулярную координацию и обмен данными между всеми региональными бюро ВОЗ, страны существенно сократили предоставление данных о тяжелых исходах, таких как новые госпитализации, поступление в отделения интенсивной терапии и смертельные случаи, в ВОЗ. Поэтому следует проявлять осторожность при интерпретации тенденций в рутинном наблюдении за тяжелыми случаями на предмет увеличения тяжести. Пока не проводилось исследований потенциального влияния этого штамма на активность таких противовирусных препаратов, как ремдесивир и нирмалтевир.

Рефераты

1. World Health OrganizaQon Tracking SARS-CoV-2 Variants Available online: hYps://www.who.int/acQviQes/trackingSARS-CoV-2-variants/ (accessed on 5 December 2024).

2. Coronavirus Disease (COVID-2019) SituaQon Reports: Coronavirus Disease (COVID-19) Weekly Epidemiological

Updates and Monthly OperaQonal Updates Available online: hYps://www.who.int/emergencies/diseases/novelcoronavirus-2019/situaQon-reports.

3. Pfizer/ BioNTech. (2025-2026 COVID-19 Vaccine Formula: Pfizer/BioNTech SupporQve Data) 22 May 2025. US FDA

Vaccines and Related Biological Products Advisory CommiYee MeeQng Available online:

hYps://www.fda.gov/advisory-commiYees/advisory-commiYee-calendar/vaccines-and-related-biologicalproducts-advisory-commiYee-may-22-2025-meeQng-announcement (accessed on 16 June 2025).

4. Moderna, Inc. (Moderna COVID-19 Vaccines Update) 22 May 2025. US FDA Vaccines and Related Biological

Products Advisory CommiYee MeeQng Available online: hYps://www.fda.gov/advisory-commiYees/advisorycommiYee-calendar/vaccines-and-related-biological-products-advisory-commiYee-may-22-2025-meeQngannouncement (accessed on 16 June 2025).

5. 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 Wily 2021, 3, 1049–1051, doi:10.46234/ccdcw2021.255.

6. WHO World Health OrganizaQon Technical Advisory Group on COVID-19 Vaccine ComposiQon: Statement on the

AnQgen ComposiQon of COVID-19 Vaccines 15 May 2025.

7. World Health OrganizaQon SARS-CoV-2 Variant Risk Evalua:on, 30 August 202; World Health OrganizaQon:

Geneva, 2023;

8. Standing RecommendaQons for COVID-19 Issued by the Director-General of the World Health OrganizaQon (WHO)

in Accordance with the InternaQonal Health RegulaQons (2005) (IHR) Available online:

hYps://www.who.int/publicaQons/m/item/standing-recommendaQons-for-covid-19-issued-by-the-directorgeneral-of-the-world-health-organizaQon-(who)-in-accordance-with-the-internaQonal-health-regulaQons-(2005)-

(ihr).

9. 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. QuanQficaQon 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.

10. Guo, C.; Yu, Y.; Liu, J.; Jian, F.; Yang, S.; Song, W.; Yu, L.; Shao, F.; Cao, Y. AnQgenic and Virological CharacterisQcs of

SARS-CoV-2 Variants BA.3.2, XFG, and NB.1.8.1. Lancet Infect Dis 2025, doi:10.1016/S1473-3099(25)00308-1.

11. Krismer, L.; Schoppe, H.; Rauch, S.; Bante, D.; Sprenger, B.; Naschberger, A.; Costacurta, F.; Fürst, A.; Sauerwein, A.;

Rupp, B.; et al. Study of Key Residues in MERS-CoV and SARS-CoV-2 Main Proteases for Resistance against Clinically

Applied Inhibitors Nirmatrelvir and Ensitrelvir. npj Viruses 2024, 2, 23, doi:10.1038/s44298-024-00028-2.

12. Igari, H.; Sakao, S.; Ishige, T.; Saito, K.; Murata, S.; Yahaba, M.; Taniguchi, T.; Suganami, A.; Matsushita, K.; Tamura,

Y.; et al. Dynamic Diversity of SARS-CoV-2 GeneQc MutaQons in a Lung TransplantaQon PaQent with Persistent

COVID-19. Nat Commun 2024, 15, 3604, doi:10.1038/s41467-024-47941-x.

П У Б Л И К А Ц И И

1. bioRxiv [Preprint]. 2025 Apr 28:2025.04.26.650775. doi: 10.1101/2025.04.26.650775.

Evolution of a fuzzy ribonucleoprotein complex in viral assembly

Эволюция нечеткого рибонуклеопротеинового комплекса при сборке вируса

Huaying Zhao, Tiansheng Li, Sergio A Hassan, и др.

При сборке SARS-CoV-2 происходит сжатие вирусной РНК вирусным белком нуклеокапсида (N) в рибонуклеопротеиновые частицы (РНП). В отсутствие структурной информации высокого разрешения, биохимические и биофизические подходы выявили их архитектурные принципы, которые включают кооперативные взаимодействия нескольких интерфейсов белок-белок и белок-РНК, инициированные посредством олигомеризации консервативных транзиторных спиралей в центральном неупорядоченном линкере N. Изучено влияние определения мутаций N-белка в рассматриваемых вариантах на формирование РНП, с использованием биофизических инструментов, анализа вирусоподобных частиц и экспериментов по обратной генетике. Обнаружена конвергентную эволюцию при независимом введении аминокислотных замен, усиливающих существующие интерфейсы связывания. Кроме того, N:P13L вариантов Omicron создает интерфейс самоассоциации de novo, улучшая сборку РНП и повышая вирусную приспособленность. Предполагают, что формирование полидисперсных, нечетких кластеров N-РНК с распределенными интерфейсами слабого связывания оптимизирует обратимую конденсацию РНК, позволяя при этом исследовать большое пространство последовательностей для обоснования адаптации к эволюции хозяина.

2. Braz J Infect Dis. 2025 Jun 25;29(4):104557.doi: 10.1016/j.bjid.2025.104557. Online ahead of print.

SARS-CoV-2 sublineages recovered from southern Brazilian cases during Omicron wave in 2023, early introduction of JN.1

Сублинии SARS-CoV-2, выделенные из случаев заболевания на юге Бразилии во время волны Омикрон в 2023 году, ранняя интродукция JN.1

Mellanie Fontes-Dutra 1 , Micheli Filippi 2 , Meriane Demoliner 2

С момента появления нового коронавируса SARS-CoV-2 меры общественного здравоохранения адаптировались по мере того, как вирус эволюционировал и приобретал большую трансмиссивность и ускользал от иммунного ответа. Геномный надзор является надежным инструментом для мониторинга эволюционной динамики вируса и его нуклеотидного разнообразия. Исследование было направлено на изучение генетической

характеристики сублиний омикрон SARS-CoV-2 в Риу-Гранди-ду-Сул, Бразилия, в 2023 году. Получив вирусную РНК из мазков из носоглотки, положительных на SARS-CoV-2, авторы провели высокопроизводительное секвенирование, и данные были проанализированы с использованием биоинформатических подходов. Полученные результаты выявили динамическое изменение в сублиниях Omicron в течение 2023 года с появлением JN.1+JN.1* в декабре 2023 года, параллельно с первой официальной записью JN.1 в Бразилии, произошедшей в штате Сеара, который находится в северо-восточном регионе Бразилии. Эти данные выявили отчетливое нуклеотидное разнообразие в гене S прочтений JN.1, подчеркивая важность геномного надзора в Риу-Гранди-ду-Сул для раннего обнаружения проникновения будущих вариантов SARS-CoV-2 в Бразилию.

3. mBio. 2025 Jun 23:e0130325. doi: 10.1128/mbio.01303-25. Online ahead of print.

Evolutionary dynamics of heparan sulfate utilization by SARS-CoV-2

Эволюционная динамика использования гепарансульфата SARS-CoV-2

Shuhei Higuchi 1 2 , Yafei Liu 1 2 , Jun Shimizu 3 , и др.

Варианты Omicron SARS-CoV-2 приобрели повышенную инфекционность по сравнению с более ранними вариантами. Чтобы выяснить основные молекулярные механизмы, провели скрининг библиотеки CRISPR для идентификации молекул клеточной поверхности, которые взаимодействуют с белком шипа Omicron. Полученные результаты выявили значительно более высокое сродство между шипом Omicron и гепарансульфатом клеточной поверхности по сравнению с шипом дикого типа. Это повышенное сродство связывания позволяет вариантам Omicron инфицировать клетки, экспрессирующие низкие уровни ACE2, которые минимально инфицированы вирусом дикого типа. Мутационный анализ участков связывания гепарансульфата на белке шипа Omicron в сочетании с картированием электростатического потенциала показал, что накопление положительно заряженных мутаций способствовало усилению связывания гепарансульфата. Сравнительный анализ связывания гепарансульфата среди подвариантов Omicron, включая BA.1, BA.2, BA.4, BA.5, XBB.1 и BA.2.86, показал, что большинство из них, вероятно, эффективно связываются с гепарансульфатом, но потенциальные сайты связывания гепарансульфата белка-шипа сместились от ранних вариантов Omicron к более поздним. Кроме того, обнаружили, что протеогликаны гепарансульфата клеточной поверхности расщепляются TMPRSS2, протеазой, необходимой для заражения SARS-CoV-2 дикого типа. Эти результаты свидетельствуют о том, что SARS-CoV-2 эволюционирует, чтобы повысить свою инфекционность за счет оптимизации взаимодействия с гепарансульфатом клеточной поверхности.