

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 28 июня по 4 июля 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 28 июня по 4 июля 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 4 июля 2025 г.)

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

[#] Исключая сублинии JN.1, указанные как VUM

Таблица 2. Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM) и циркулирующие в настоящее время (по состоянию на 4 июля 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 17 409 236 геномов вируса SARS-COV-2 (за прошедшую неделю депонировано 4 740 геномных последовательностей, за предыдущий аналогичный период – 17 017). Удельный вес штаммов, депонированных из США и Великобритании составляет 48,8% от всех последовательностей, размещенных в GISAID (5 311 005 и 3 179 798 геномов соответственно).

Всего в базу данных GISAID депонировано 8 348 133 генома варианта Omicron, за анализируемую неделю размещено еще 4 557 геномных последовательностей 96,1% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 97,5%). 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 23 страны (10,8%) (за предыдущие – 30 стран (14,2%)) депонировали новые геномные последовательности Omicron в GISAID.

По данным GISAID EpiCoV на сегодняшний день в мире доминирующими гено-вариантами среди циркулирующих штаммов вируса SARS-CoV-2 являются: XFG, NB.1.8.1, LP.8.1.1, JN.1 и JN.1.16.1 (рис. 1).

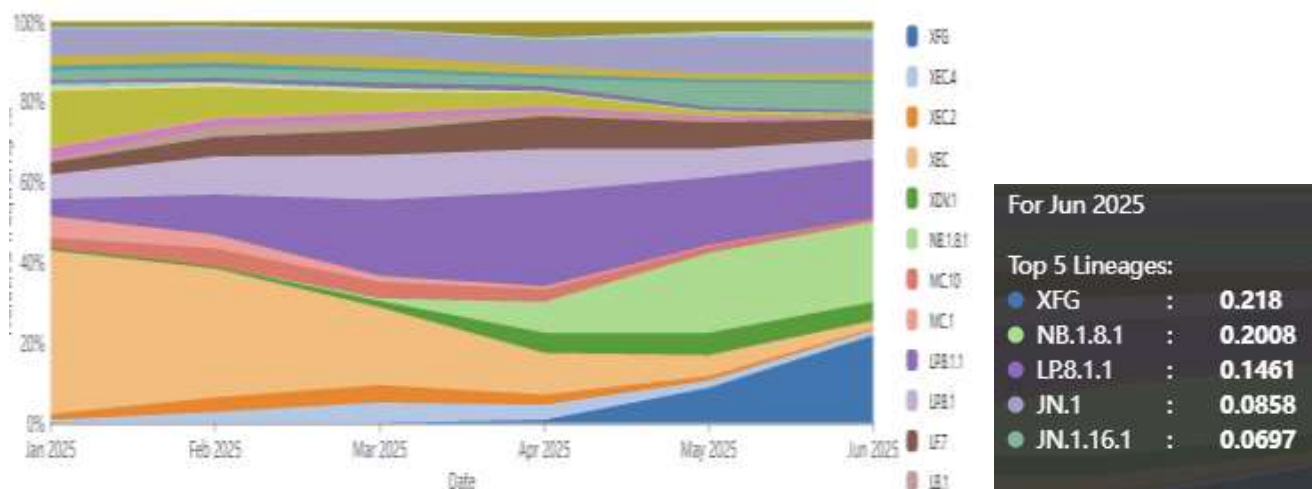


Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 4 июля 2025 г.)

Распространение в регионах ВОЗ субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID по состоянию на 4 июля 2025 г. представлено на рисунках 2 и 3. В Американском регионе доминируют субварианты XFG (26,7%) и LP.8.1.1 (17,6%); Африканском – LP.8.1 (67%); Европейском – XFG (26,3%) и LP.8.1.1 (20,3%) (рис 2). В странах Юго-Восточной Азии среди циркулирующих субвариантов Omicron превалирует JN.1.16.1 (36,6%) и XFG (22,1%); в Западно-Тихоокеанском регионе – NB.1.8.1 (35,4%); Восточного Средиземноморья –XFG (63,2%) (рис. 3).

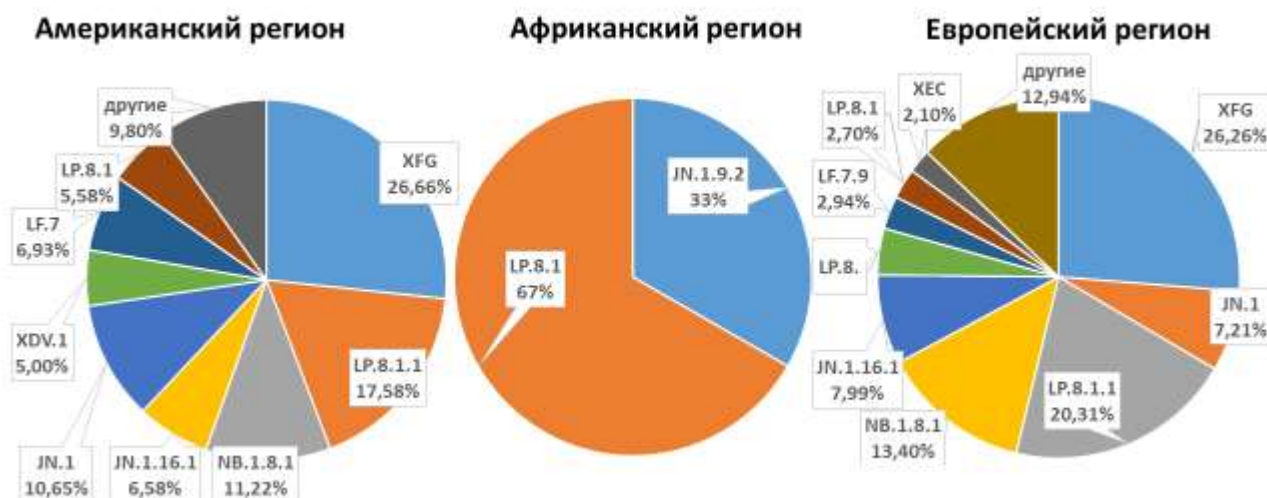


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в регионах – Американском и Европейском

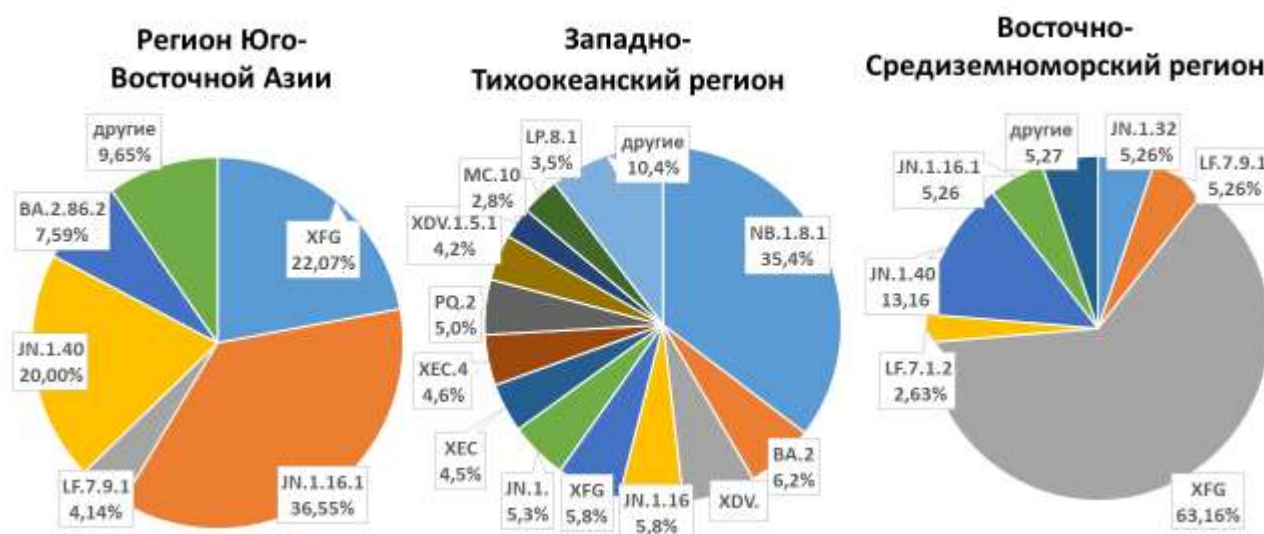


Рисунок 3 Распространение субвариантов Omicron в регионах –Юго-Восточной Азии и Западно-Тихоокеанском

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

Геномные последовательности субварианта JN.1 представлены из 151 страны. За прошедшую неделю распространенность субварианта зарегистрирована на уровне 18,1 %.

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 85 стран.

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

В базе данных GISAID геномные последовательности субварианта XEC представлены из 81 стран, распространенность – 5,9%. За последние 4 недели удельный вес XEC среди секвенированных штаммов составил в Австралии – 12,1%, Новой Зеландии – 10,5%.

В GISAID геномы варианта LP.8.1 представлены из 63 стран, распространенность составляет 19,6%.

Циркуляция субварианта NB.1.8.1 («Nimbus») установлена в 36 странах. На текущей неделе распространенность в мире составила 32,8% (рост за прошедшую неделю 8,3%). За последние 4 недели удельный вес NB.1.8.1 среди секвенированных штаммов составил в странах: Гонконге, Китае, Японии, Малайзии, Новой Зеландии, Австралии,

Вьетнаме, Сингапуре, на уровне 100,0%, 93,3%, 84,6%, 60,8%, 55,6%, 53,0%, 55,1%, 54,5% соответственно; в США – 16,2%, Великобритании – 15,5%.

Субвариант XFG («Stratus») циркулирует как минимум в 45 странах. Значительное распространение субварианта отмечено в Великобритании (до 40%).

Публикации

1. J Virol. 2025 Jun 12:e0209124. doi: 10.1128/jvi.02091-24. Online ahead of print.

Convergent evolution in nucleocapsid facilitated SARS-CoV-2 adaptation for human infection

Конвергентная эволюция нуклеокапсида способствовала адаптации SARS-CoV-2 к заражению человека

Kumari G Lokugamage 1, Yiyang Zhou 1 2, R Elias Alvarado 1, Jessica A Plante 3, Yani Ahearn 1, Jennifer Chen 1, Leah Estes 1, William Meyers 4, Jakob Nilsson 5, Andrew L Routh 2 6, David H Walker 2 7, Vineet D Menachery 1 8, Bryan A Johnson 1 9

На ранних стадиях пандемии COVID-19 несколько вызывающих беспокойство вариантов SARS-CoV-2 (VOC) независимо друг от друга приобрели мутации в высоковариабельном участке 203–205 аминокислот нуклеокапсидного (N) белка, включая R203K + G204R (встречается в вариантах «Альфа», «Гамма» и «Омикрон»), R203M (в «Дельте») и T205I (в «Бете»). В предыдущем исследовании мы показали, что мутация R203K + G204R значительно усиливает фосфорилирование N-концевого домена SARS-CoV-2, что впоследствии повышает вирулентность и патогенность вируса. В этом исследовании мы изучили влияние мутаций R203M и T205I на заражение SARS-CoV-2. Используя обратную генетику, мы ввели эти мутации в штамм Washington-1 (WA-1), появившийся в начале пандемии, и обнаружили, что мутации R203M и T205I усиливают репликацию и вирулентность вируса. Однако, в отличие от мутанта R203K + G204R, мутанты R203M и T205I вызывали лишь умеренные изменения в патологии лёгких. Примечательно, что каждая мутация — R203K + G204R, R203M и T205I — вызывала различные паттерны N-фосфорилирования, что, вероятно, способствует наблюдаемым фенотипическим различиям между мутантами. Интересно, что при заражении клеток летучей мыши, экспрессирующих человеческий ACE2, этими мутантами мы наблюдали снижение, а не усиление репликации SARS-CoV-2 и N-фосфорилирования. В совокупности наши результаты свидетельствуют о том, что мутации R203K + G204R, R203M и T205I являются результатом конвергентной эволюции и отражают то, как SARS-CoV-2 адаптировался к заражению человека. Важно! После своего появления SARS-CoV-2 быстро адаптировался к

заражению человека, приобретая многочисленные мутации в своём геноме. Многие из этих мутаций остаются не охарактеризованными. В этом исследовании рассматривается «горячая точка» мутаций среди вариантов SARS-CoV-2: остатки 203–205 нуклеокапсидного (N) белка. Мы демонстрируем, что три уникальные мутации, выявленные в этом регионе среди вызывающих беспокойство вариантов, усиливают инфекцию в клетках человека и на животных моделях, вызывая при этом различные паттерны фосфорилирования N-белка. Любопытно, что эти же мутации снижают как фосфорилирование N-белка, так и репликацию вируса в клетках летучих мышей. Эти результаты позволяют предположить, что каждая мутация представляет собой независимую адаптацию вызывающих беспокойство вариантов к заражению человека. Важно отметить, что это исследование подчёркивает критическую роль этих мутаций в распространении SARS-CoV-2 среди людей и указывает на возможность того, что подобные мутации могут привести к будущим вспышкам зоонозных коронавирусов.

2. doi:<https://doi.org/10.1101/2025.06.16.25329694> This article is a preprint

Evaluation of the evolution of SARS-CoV-2 Omicron variant and the spreading of LP.8.1 and NB.1.8.1

Оценка эволюции штамма SARS-CoV-2 «Омикрон» и распространения LP.8.1 и NB.1.8.1

До сих пор наше понимание тенденций эволюции и распространения SARS-CoV-2 было ограниченным. Быстрое распространение недавно появившихся вариантов «Омикрона» LP.8.1 и NB.1.8.1 вызвало множество вопросов относительно хода эволюции и тенденций распространения. В этом исследовании мы проанализировали эволюционную связь между репрезентативными подвариантами «Омикрона» и изучили тенденцию распространения, проанализировав относительное преимущество в росте недавно появившихся подвариантов «Омикрона» LP.8.1 и NB.1.8.1. Результаты показали, что LP.8.1 имеет незначительное относительное преимущество в росте, а NB.1.8.1 — гораздо большее относительное преимущество в росте по сравнению с циркулирующими подвариантами BA.2.86/JN.1, включая LP.8.1, что указывает на то, что NB.1.8.1, возможно, станет следующим доминирующим вариантом во всём мире. Поскольку NB.1.8.1 является результатом сложных эволюционных процессов, распространение этого варианта ещё больше усложнит прогнозирование будущей

эволюции и распространения SARS-CoV-2, подчёркивая важность и необходимость проведения геномного надзора и мониторинга эволюции SARS-CoV-2

3. BiosensBioelectron. 2025 Jun 15;278:117311. doi: 10.1016/j.bios.2025.117311. Epub 2025 Mar 5.

Electrochemical pan-variant detection of SARS- CoV-2 through host cell receptor-mimicking molecular recognition

Электрохимическое обнаружение всех вариантов SARS-CoV-2 с помощью молекулярного распознавания рецепторов клеток-хозяев

Minjong Lee 1, Ji-Soo Kwon 2, Sung-Han Kim 2, Sungwook Woo 3, Seung Soo Oh 4

Постоянное появление новых вариантов SARS-CoV-2 создает серьезные проблемы для вакцин и противовирусных препаратов, подчеркивая необходимость разработки методов, обеспечивающих реакцию, не зависящую от варианта. В этом исследовании представлен уникальный датчик, способный электрохимически обнаруживать SARS-CoV-2 в широком спектре вариантов. Всестороннее обнаружение достигается за счёт использования гибрида пептида и ДНК R7-02 в качестве зонда, имитирующего интерфейс связывания между шиповидным белком SARS-CoV-2 и рецептором клетки-хозяина hACE2. Поскольку первым этапом вирусной инфекции является связывание шиповидного белка с hACE2 независимо от типа варианта, зонд, имитирующий hACE2, может естественным образом распознавать все варианты. При создании сенсора зонды R7-02 располагаются на электродах с помощью тетраэдрической наноструктуры ДНК для повышения эффективности обнаружения. Поскольку R7-02 напрямую захватывает белок-шип, находящийся на поверхности, наш подход не требует предварительной обработки образцов, такой как лизис вирусных частиц, в отличие от традиционных методов диагностики. Встроенный в R7-02 датчик продемонстрировал высокую чувствительность к «Омикрону» и его основным подвариантам, известным как «скрытый Омикрон» (BA.5, BA.2.75, BQ.1.1 и XBB.1.5), с пределом обнаружения всего 811,9 пМ, а также высокую специфичность в отношении SARS-CoV-2 по сравнению с гриппом и другими коронавирусами человека. Датчик также успешно выявлял SARS-CoV-2 непосредственно в необработанных образцах слюны пациентов с COVID-19. Благодаря всесторонним и чувствительным возможностям обнаружения в сочетании с простотой эксплуатации наш электрохимический датчик на основе рецепторов-миметиков может стать устойчивым и эффективным

инструментом для диагностики на месте, предлагая многообещающее решение постоянных проблем, связанных с эндемическим присутствием SARS-CoV-2.