

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 12 по 18 июля 2025 г.

*ФКУН Российский научно-исследовательский противочумный институт «Микроб»
Роспотребнадзора, Саратов, Российская Федерация*

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). Ранее 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 18 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 геномов SARS-CoV-2 – 17 417 159 (за прошедшую неделю депонировано геномных последовательностей – 2092, за предыдущий аналогичный период – 3 231). Удельный вес штаммов, депонированных из США и Великобритании составляет 48,7% от всех последовательностей, размещенных в GISAID (5 312 682 и 3 180 317 геномов соответственно).

Всего в базу данных GISAID депонировано геномов варианта Omicron – 8 355 642, за анализируемую неделю размещено новых геномных последовательностей 2 044 – 94,7% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 95,7%). Российскими лабораториями размещено 93 820 геномов вируса SARS-CoV-2, в том числе варианта Omicron – 47 901 геномных последовательностей.

В базе данных GISAID зафиксировано депонирование варианта Omicron из 212 стран и территорий. За последние 4 недели всего 25 стран (10,8%) депонировали новые геномные последовательности Omicron в GISAID (за предыдущие – 23 стран (10,8%).

По данным GISAID EpiCoV на сегодняшний день в мире доминирующими геновариантами среди циркулирующих штаммов вируса SARS-CoV-2 являются: XFG, NB.1.8.1, PQ.2, KP.1.1, LP.8.1.1 (рис. 1).

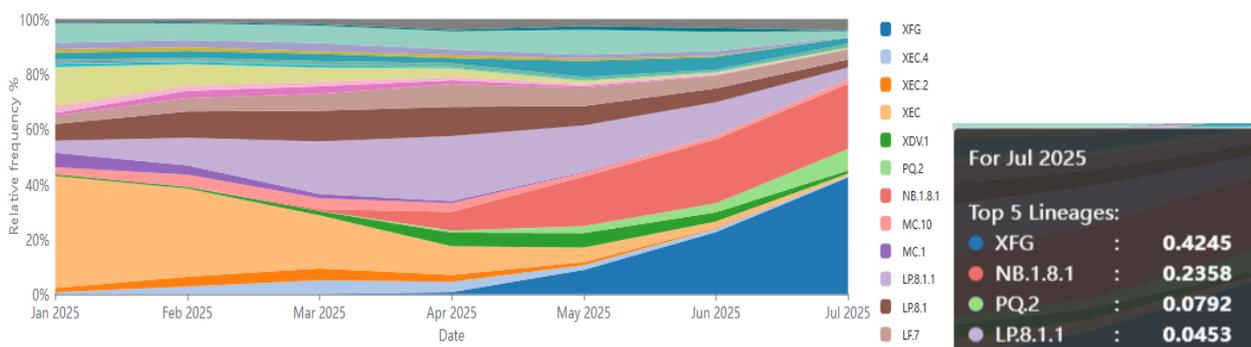


Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 4 июля 2025 г.)

Распространение в регионах ВОЗ субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID по состоянию на 18 июля 2025 г. представлено на рисунках 2 и 3. В Американском регионе доминируют субварианты XFG (52,8%) и XFC (11,2%); Африканском – LF.7.9 (23,9%) и XFC (21,7%); Европейском – XFG (60,1%), NB.1.8.1 и LP.8.1.1 (по 8,7%) (рис 2). В странах Юго-Восточной Азии среди циркулирующих субвариантов Omicron превалирует NB.1.8.1 (33,6%) и JN.1.16.1 (18,9%); в Западно-Тихоокеанском регионе – NB.1.8.1 (44,9%) и XFG (34,9%); Восточного Средиземноморья – XFG (63%) (рис. 3).

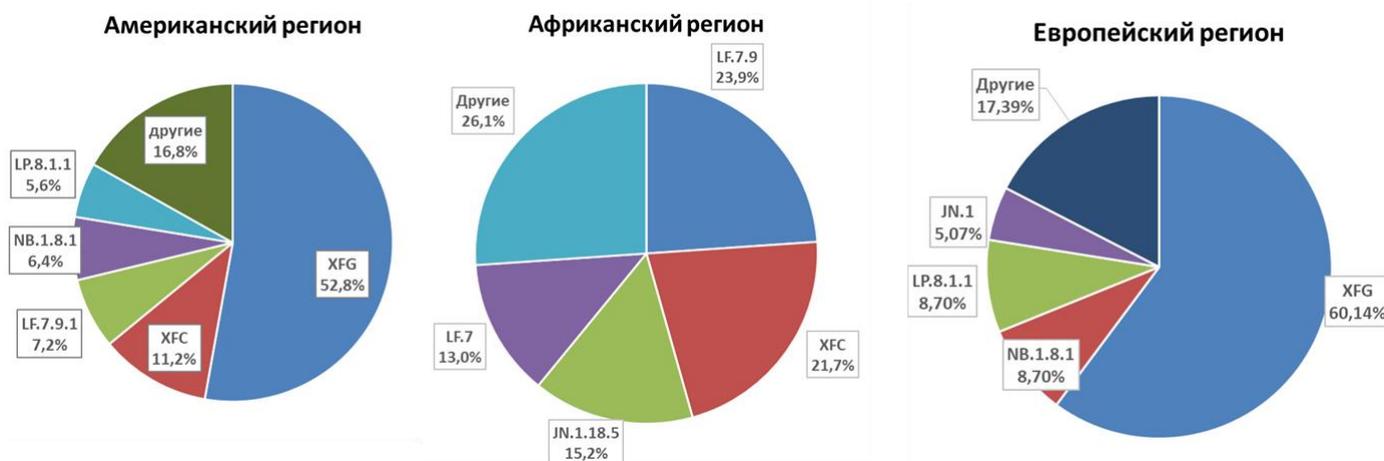


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron Американском, Африканском и Европейском регионах

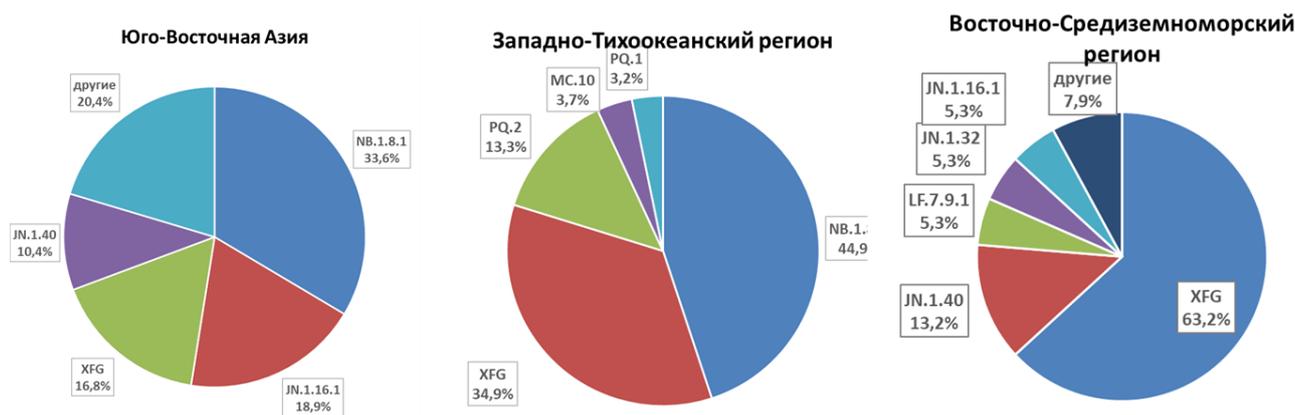


Рисунок 3 Распространение субвариантов Omicron в регионах –Юго-Восточной Азии и Западно-Тихоокеанском

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

Геномные последовательности субварианта JN.1 представлены из 151 страны. За прошедшую неделю распространенность субварианта зарегистрирована на уровне 15,2 %.

Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)

С момента идентификации в базе данных GISAID распространение субварианта KP 3.1.1 оценивается на уровне 2,4%. Последовательности размещены из 85 стран.

Субвариант KP.3 (FLuQE) секвенирован лабораториями 85 стран, распространенность оценивается на уровне 0,6%.

В базе данных GISAID геномные последовательности субварианта XEC представлены из 81 страны, распространенность – 2,9%.

В GISAID геномы варианта LP.8.1 представлены из 63 стран, распространенность составляет 12%.

Циркуляция субварианта NB.1.8.1 («Nimbus») установлена в 40 странах. На текущей неделе распространенность в мире составила 28,9% (снижение за прошедшую неделю на 1,1%). За последние 4 недели удельный вес NB.1.8.1 среди секвенированных штаммов составил в странах: Гонконге, Китае, Южной Корее, Новой Зеландии, Австралии, Сингапуре, на уровне 92,3%, 91,7%, 72%, 61,4%, 55,2%, 44,6% соответственно; в Канаде – 20,7%, Великобритании – 14%.