

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 2 по 8 августа 2025 г.

*ФКУН Российский научно-исследовательский противочумный институт «Микроб»
Роспотребнадзор, 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 2 по 8 августа 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). 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 8 августа 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 8 августа 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 – 17 449 694 (за прошедшую неделю депонировано геномных последовательностей – 21 392, за предыдущий аналогичный период – 4 627). Удельный вес штаммов, депонированных из США и Великобритании составляет 48,9% от всех последовательностей, размещенных в GISAID (5 316 586 и 3 180 851 геномов соответственно).

Всего в базу данных GISAID депонировано геномов варианта Omicron – 8 380 213, за анализируемую неделю размещено новых геномных последовательностей – 14 602 – 68,3% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 96%). Российскими лабораториями размещено 94 121 геном вируса SARS-CoV-2, в том числе геномных последовательностей варианта Omicron – 48 201.

В базе данных GISAID зафиксировано депонирование варианта Omicron из 212 стран и территорий. За последние 4 недели всего 18 стран (8,5%) депонировали новые геномные последовательности Omicron в GISAID (за предыдущие – 22 страны (10,3%).

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

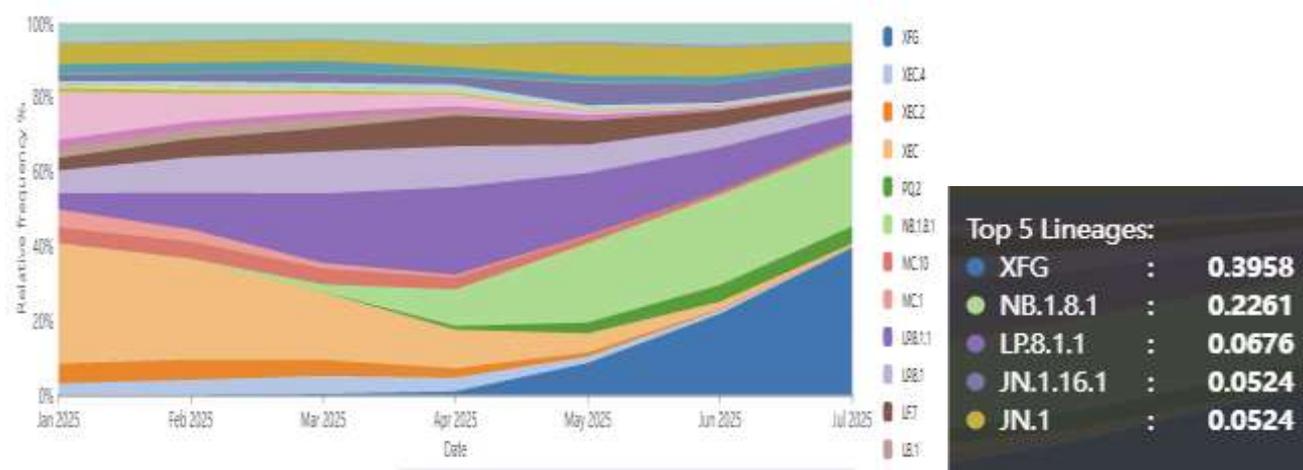


Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 8 августа 2025 г.)

Распространение в регионах ВОЗ субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID по состоянию на 8 августа 2025 г. представлено на рисунках 2 и 3. В Американском регионе доминируют субварианты XFG (46%) и NB.1.8.1 и LP.8.1.1 (по 12% и 10% соответственно); Европейском – XFG (49%), NB.1.8.1 (13%) (рис 2). В странах Юго-Восточной Азии среди циркулирующих субвариантов Omicron превалирует XFG (60%); в Западно-Тихоокеанском регионе – NB.1.8.1 (42%) и XFG (24%); Восточного Средиземноморья –XFG (63%) (рис. 3).

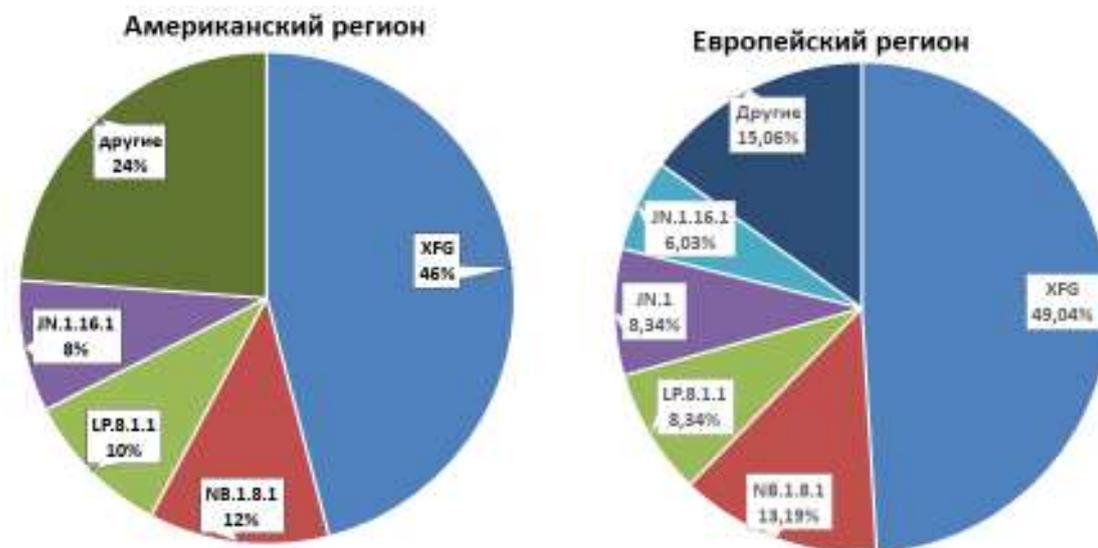


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron Американском и Европейском регионах

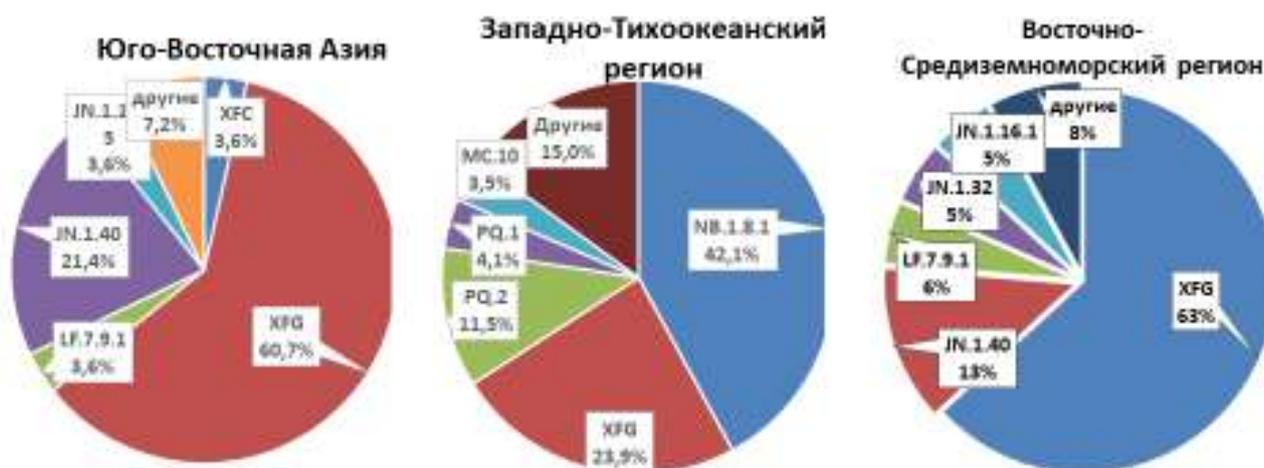


Рисунок 3 Распространение субвариантов Omicron в регионах –Юго-Восточной Азии и Западно-Тихоокеанском

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

Геномные последовательности субварианта JN.1 представлены из 152 страны. За прошедшую неделю распространенность субварианта зарегистрирована на уровне 4,4%.

Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)

С момента идентификации в базе данных GISAID распространение субварианта KP 3.1.1 оценивается на уровне 0,2%. Последовательности размещены из 85 стран.

Субвариант KP.3 (FLuQE) секвенирован лабораториями 95 стран, распространенность оценивается на уровне 1%.

В базе данных GISAID геномные последовательности субварианта XEC представлены из 82 стран, распространенность – 1,2%.

В GISAID геномы варианта LP.8.1 представлены из 63 стран, распространенность составляет 10,3%.

Циркуляция субварианта NB.1.8.1 («Nimbus») установлена в 47 странах. На текущей неделе распространенность в мире составила 22,4% (снижение за прошедшую неделю на 4,9%). За последние 4 недели удельный вес NB.1.8.1 среди секвенированных штаммов составил в странах: Китае, Японии, Гонконге, Австралии, Малайзии, Новой Зеландии, Сингапуре, США, Испании на уровне 100%, 95,2%, 90%, 70,3%, 70,3%, 51,7%, 39,9%, 18%, 11,6% соответственно.

Субвариант XFG («Stratus») секвенирован в 57 странах. За последние 4 недели удельный вес субварианта «Stratus» составила в Непале – 90,1%, Франции – 65,6%, Испании – 63,4%, Бразилии – 62,6%, США – 56,4%, Сингапуре – 50,9%, Великобритании – 49,5%.

1. Anal Chem. 2025 Aug 6. doi: 10.1021/acs.analchem.5c01859. Online ahead of print.

Spectroscopic Characterization and Differentiation of SARS-CoV-2 Virus-like Particles

Спектроскопическая характеристика и дифференциация вирусоподобных частиц SARS-CoV-2 в ходе наблюдения.

Ankit Dodla, Magdalena Giergiel, Aaron Mclean и др.

Вирусоподобные частицы (ВПЧ) представляют собой рекомбинантные, неинфекционные, самоорганизующиеся структуры, состоящие из вирусных структурных белков, которые имитируют морфологию вирусов, но не содержат геномного материала. Авторы охарактеризовали ВПЧ SARS-CoV-2 субвариантов Beta и Omicron BA.5, которые различаются по 43 аминокислотам в белке шипа. Сравнивая спектры комбинационного рассеяния этих частиц со спектрами вирионов SARS-CoV-2 и очищенной РНК, выделенной из дрожжей, они подтвердили отсутствие геномного материала в ВПЧ, что является важнейшим требованием для валидации производимых вакцин на основе ВПЧ. Анализ главных компонент (РСА) был применён к УФ-видимым спектрам в диапазоне длин волн от 240 до 300 нм и рамановским спектрам в диапазоне 3200–800 см⁻¹. Графики оценки РСА показали чёткое разделение между бета- и омикроновыми BA.5 ВПЧ. Данное исследование показывает, что спектроскопические методы в сочетании с хеометрическими инструментами могут быть использованы для быстрого анализа без использования меток с минимальной подготовкой образцов для характеристики ВЛП. Таким образом, рамановская спектроскопия может служить ценным инструментом для обеспечения структурной целостности и контроля качества ВЛП для производства вакцин.

2. J Clin Virol. 2025 Jul 28;180:105845. doi: 10.1016/j.jcv.2025.105845. Online ahead of print.

SpikeID: Rapid and unbiased identification of SARS-CoV-2 variants by spike sequencing

SpikeID: быстрая и объективная идентификация вариантов SARS-CoV-2 с помощью секвенирования спайков

Keith Farrugia, Zain Khalil, Adriana van de Guchte и др.

Варианты SARS-CoV-2, VOC, характеризуются выраженными мутациями в домене S1 вирусного шиповидного белка. Этот домен охватывает N-концевой домен, рецептор-связывающий домен и часть области сайта расщепления. Хотя мутации в других геномных областях SARS-CoV-2 могут влиять на потенциал VOC, домен S1 имеет особое значение для идентификации вариантов, оценки антигенной эволюции и потенциала ускользания от иммунного контроля. Описан быстрый высокопроизводительный анализ на основе секвенирования SpikeID для объективного обнаружения и идентификации вариантов SARS-CoV-2 на основе секвенирования ампликона S1 шиповидного белка. Сравнили результаты анализа SpikeID с данными полногеномного секвенирования Illumina, полученными на 622 клинических образцах, представляющих линии, циркулировавшие по всему миру с октября 2021 года по январь 2024 года. SpikeID однозначно выявил 100% VOC, обозначенных ВОЗ, и идентифицировал линии PANGO, циркулирующие с распространенностью $\geq 1\%$ в районе Нью-Йорка, с точностью 93% по сравнению с полногеномным секвенированием. Это снижение точности в значительной степени обусловлено линиями PANGO, которые различимы только мутациями вне домена S1. Продемонстрирована полезность и масштабируемость анализа SpikeID во время появления и последующего всплеска линий Omicron и производных от Omicron в Нью-Йорке и показано, что данный подход обеспечивает экономически эффективное, надежное и практически в реальном времени обнаружение новых линий.

3. *Microbiol Spectr.* 2025 Aug 6:e0128025. doi: 10.1128/spectrum.01280-25. Online ahead of print.

Genomic epidemiology of SARS-CoV-2 in Bolivia, 2020-2024

Геномная эпидемиология SARS-CoV-2 в Боливии, 2020–2024 гг.

Esdenka Pérez-Cascales, Francesca Caballero, Anne Martínez-Ventura и др.

Пандемия COVID-19 серьезно затронула Боливию из-за ее высокой социальной уязвимости и ограниченных ресурсов здравоохранения. Авторы охарактеризовали генетическое разнообразие и географическое распределение вариантов SARS-CoV-2 в Боливии с 2020 по 2024 год. Было проанализировано в общей сложности 714 геномных последовательностей SARS-CoV-2, включая 313 новых секвенированных образцов и 401, извлеченных из GISAID, что позволило отследить эволюцию вируса на протяжении шести эпидемических волн. Первая волна, в которой доминировала линия Wuhan B.1, привела к 8943 смертям, в то время как четвертая волна, характеризующаяся вариантом Omicron BA, имела самые высокие показатели инфицирования, с приблизительно 80 000 подтвержденных случаев. Хотя смертность снижалась в более поздних волнах, число случаев оставалось высоким из-за появления вариантов с повышенной заразностью и ускользанием от иммунного контроля. Полученные результаты подчеркивают динамичную эволюцию SARS-CoV-2 в Боливии и критическую необходимость постоянного геномного надзора для мониторинга возникающих вариантов и выбора стратегий общественного здравоохранения, особенно в условиях ограниченных ресурсов. Усиление геномного надзора, особенно в приграничных регионах, смягчит будущие волны эпидемии и повысит готовность к пандемии.

4. *Phys Chem Chem Phys.* 2025 Aug 6. doi: 10.1039/d5cp01740h. Online ahead of print.

Modulating functional allostery of the host-cell receptor protein hACE2 to inhibit viral entry of SARS-CoV-2

Модуляция функциональной аллостерии белка-рецептора клетки-хозяина hACE2 для подавления проникновения вируса SARS-CoV-2

Pratyush Pani, Saroj Kumar Panda, Malay Kumar Rana

Появление новых субвариантов SARS-CoV-2 омикрон, характеризующихся более высокой скоростью передачи, потребовало ускорения научных усилий для борьбы с возможной чрезвычайной ситуацией в области здравоохранения. Традиционные стратегии борьбы, направленные на вирусные белки, часто терпят неудачу из-за мутаций. Таким образом, нацеливание на консервативный рецептор хозяина – ангиотензинпревращающий фермент 2 (hACE2), который опосредует проникновение вируса посредством взаимодействия с рецептор-связывающим доменом (RBD) белка шипа, представляет собой рациональную терапевтическую альтернативу. Однако это требует идентификации неортостерических участков hACE2 и подходящих модуляторов, сохраняющих физиологическую функцию hACE2. Используя слепой стыковочный анализ и моделирование методом непродвинутой молекулярной динамики (МД), авторы идентифицировали новый аллостерический участок на hACE2, удаленный от его пептидазного домена. Моделирование показывает, что аллостерический модулятор может нарушать взаимодействие hACE2 с RBD, возмущая RBD белка шипа, одновременно стабилизируя связывание hACE2 с его естественным субстратом – ангиотензином II (AngII). Моделирование фармакофоров и высокопроизводительный виртуальный скрининг (HTVS) больших баз данных позволяют выявить более эффективные модуляторы. Эти аллостерические связыватели подавляют взаимодействие hACE2 с RBD в трёх рассматриваемых вариантах SARS-CoV-2 (бета, дельта и омикрон). Динамический анализ сети остатков выявляет кратчайший субоптимальный путь передачи аллостерического сигнала к RBD. Мы полагаем, что выявленный участок и понимание механизма действия создают многообещающую основу для разработки вариантов-независимых терапевтических средств против SARS-CoV-2.