

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 9 по 15 августа 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 9 по 15 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 15 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 15 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 – 17 454 332 (за прошедшую неделю депонировано геномных последовательностей – 4 424, за предыдущий аналогичный период – 21 392). Удельный вес штаммов, депонированных из США и Великобритании составляет 48,7% от всех последовательностей, размещенных в GISAID (5 317 776 и 3 180 854 геномов соответственно).

Всего в базу данных GISAID депонировано геномов варианта Omicron – 8 383 944, за анализируемую неделю размещено новых геномных последовательностей – 3 521 – 79,6% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 68,3%). 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 213 стран и территорий. За последние 4 недели всего 29 стран (13,6%) депонировали новые геномные последовательности Omicron в GISAID (за предыдущие – 18 стран (8,5%).

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).

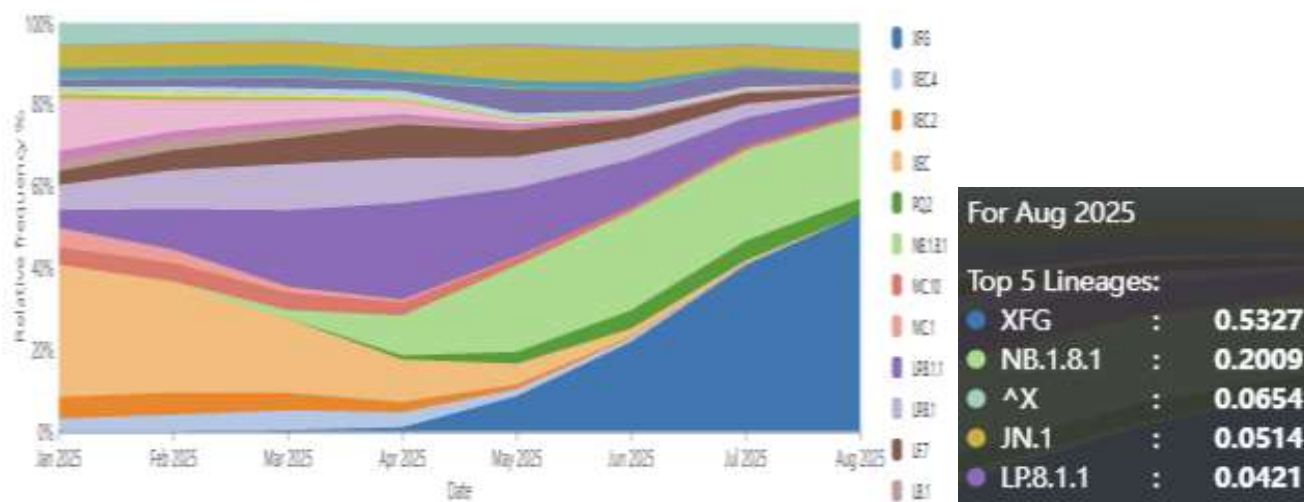


Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 15 августа 2025 г.)

Распространение в регионах ВОЗ субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID по состоянию на 15 августа 2025 г. представлено на рисунках 2 и 3. В Американском, Африканском и Европейском регионах доминирует субвариант XFG (65%, 55,6% и 62,6% соответственно) (рис 2). В странах Юго-Восточной Азии среди циркулирующих субвариантов Omicron превалирует XFG (60,7%); в Западно-Тихоокеанском регионе – NB.1.8.1 (46,4%); в странах Восточного Средиземноморья –XFG (63%) (рис. 3).



Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron Американском. Африканском и Европейском регионах

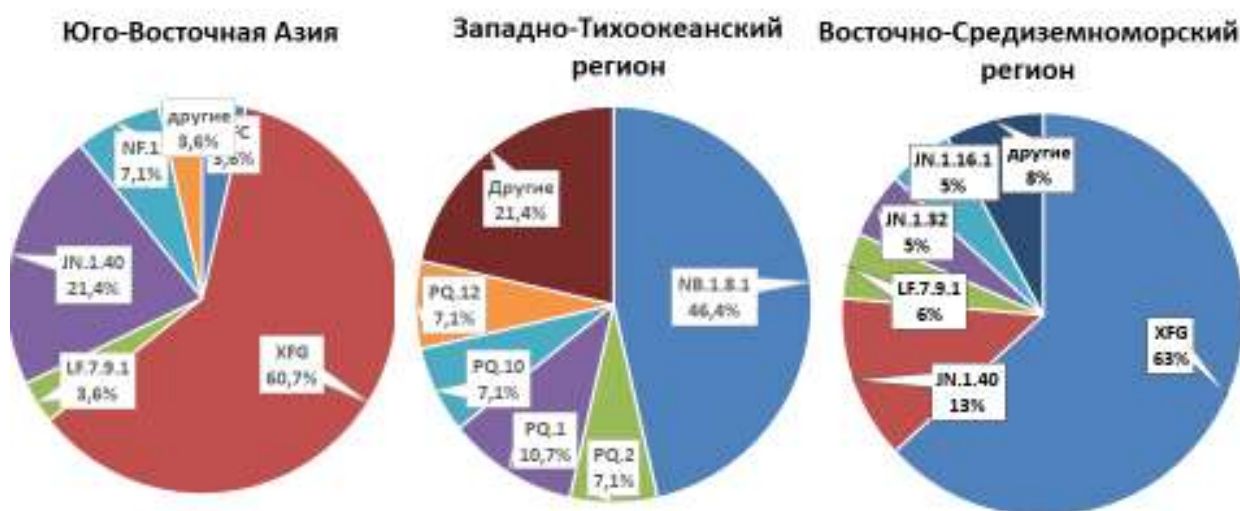


Рисунок 3 Распространение субвариантов Omicron в регионах –Юго-Восточной Азии и Западно-Тихоокеанском

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

Геномные последовательности субварианта JN.1 представлены из 152 страны. За прошедшую неделю распространенность субварианта зарегистрирована на уровне 5,14%.

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 86 стран.

Субвариант KP.3 (FLuQE) секвенирован лабораториями 87 стран, распространенность оценивается на уровне 0,3%.

В базе данных GISAID геномные последовательности субварианта ХЕС представлены из 84 стран, распространенность – 0,9%.

В GISAID геномы варианта LP.8.1 размещены из 65 стран, распространенность составляет 5,9%.

Циркуляция субварианта NB.1.8.1 («Nimbus») установлена в 48 странах. На текущей неделе распространенность в мире составила 20,1% (снижение за прошедшую неделю на 1,5%). За последние 4 недели удельный вес NB.1.8.1 среди секвенированных штаммов составил в странах: Китае, Тайване, Японии, Новой Зеландии, Австралии, Сингапуре, Германии, США, Испании на уровне 100%, 93%, 80,9%, 73,9%, 72,7%, 38,5%, 31,4%, 15,2%, 14,4% соответственно.

Субвариант XFG («Stratus») секвенирован в 59 странах. За последние 4 недели удельный вес субварианта «Stratus» составила во Франции – 76,2%, Ирландии – 70%, Испании – 63,6%, США – 62,9%, Великобритании – 60,6%, Канаде – 60,2%, Германии – 56,9%, Сингапуре – 54,3%.

Публикации

1. Cell Rep. 2025 Aug 13;44(8):116135. doi: 10.1016/j.celrep. 2025. 116135.

Online ahead of print.

Signatures of omicron-like adaptation in early SARS-CoV-2 variants and chronic infection

Признаки омикрон-подобной адаптации в ранних вариантах SARS-CoV-2 и хроническая инфекция

[Mark Tsz Kin Cheng](#), [Mazharul Altaf](#), [Jesu Castin](#) и др.

Персистирующие инфекции, вызванные SARS-CoV-2, являются источником новых вариантов и могут пролить свет на эволюционные траектории. Авторы проследили эволюцию SARS-CoV-2, специфичную для верхних дыхательных путей, и выявили мутацию домена пептида слияния (FP) (S:P812S), прилегающего к сайту расщепления S2', которая возникла во время хронической инфекции. Эта мутация возникла ранее и передавалась в линии дельта-варианта. P812S в вирусе с псевдотипом шипа не повлияла на эффективность входа. Однако расщепление в S1/S2 было снижено, и моделирование молекулярной динамики продемонстрировало измененные конформации петель S1/S2. В соответствии с нарушенным расщеплением S1/S2 и по аналогии с Омикрон BA.1, межклеточная фузогенность была серьезно нарушена P812S. Ген P812S обеспечивал ускользание от моноклональных антител, направленных на FP-специфический белок, что согласуется со структурными перестройками в FP-регионе. Наконец, вирусы, несущие P812S, продемонстрировали ускользание от поликлональных нейтрализующих антител в сыворотке вакцинированных лиц при температуре 32°C. Эти данные проливают свет на баланс между адаптацией к SARS-CoV-2 в верхних дыхательных путях/ускользанием от иммунного ответа, образованием синцития и патогенным потенциалом.

2. Infect Genet Evol . 2025 Aug 12:105812. doi: 10.1016/j.meegid.2025. 105812.

Online ahead of print.

Next-generation sequencing of Omicron SARS-CoV-2 variants in Hormozgan Province, Iran, and evaluation of the effects of mutations on RBD and ORF9b protein function

Секвенирование нового поколения вариантов вируса SARS-CoV-2 в провинции Хормозган, Иран, и оценка влияния мутаций на функцию белков RBD и ORF9b

Khadijeh Ahmadi, Soudabeh Kavousipour, Behzad Shahbazi и др.

Появление варианта Омикрон в ноябре 2021 года ознаменовало собой важный поворотный момент в пандемии COVID-19 из-за беспрецедентного количества мутаций по сравнению с предыдущими вариантами. Чтобы лучше понять его клиническое воздействие и эволюционную траекторию, авторы провели комплексное геномное эпидемиологическое исследование, проанализировав 528 образцов SARS-CoV-2, собранных в Иране в период с марта 2021 года по март 2023 года. Используя нанопоровое секвенирование с покрытием генома $\geq 96\%$ и передовые инструменты биоинформатики, включая платформу Nextclade, они систематически охарактеризовали мутационные профили циркулирующих вариантов, уделяя особое внимание белкам рецептор-связывающего домена (RBD) и ORF9b. Их анализ выявил BA.5.2 как доминирующий штамм (распространенность 32,4 %), за которым следует XBB.1.9.1 (14,2 %), при этом только в 17,6 % случаев вирус выявлен у вакцинированных лиц. С помощью молекулярного докинга и моделирования динамики показано, что ключевые варианты, включая BA.5.2, XBB.1.5 и XBB.1.9, имеют повышенную аффинность связывания с рецепторами хозяина, при этом RBD демонстрирует более сильное взаимодействие с вариантами ACE2, а ORF9b – с улучшенным связыванием с TOM70. В частности, эти результаты указывают на схожий патогенный потенциал линий XBB.1.5/XBB.1.9 и BA.5, одновременно подчеркивая полезность анализа энтропии всего генома для прогнозирования закономерностей эволюции вируса. Они предоставляют ценную информацию для разработки вакцин, терапевтических методов и стратегий общественного здравоохранения, направленных против эволюционирующих вариантов SARS-CoV-2.

3 doi: <https://doi.org/10.1101/2025.08.03.668320>

Integrative genomic study of mutation dynamics and Evolutionary trends in SARS-CoV-2 omicron BA.3

Интегративное геномное исследование динамики мутаций и эволюционных тенденций у SARS-CoV-2 омикрон BA.3

Milton S Kambarami

В данном исследовании изучается эволюционная динамика линии SARS-CoV-2 BA.3 с акцентом на адаптацию, обусловленную скачками. Используя 81 высокопокрывающую геномную последовательность BA.3 и 1011 полных историй болезни пациентов, полученных из GISAID, провели комплексный анализ, объединивший временные, мутационные, филогенетические и селекционные оценки. Временной анализ историй болезни пациентов показал, что последовательности BA.3 были собраны преимущественно в период с ноября 2021 года по март 2022 года, при этом варианты с высокой степенью мутации появились в последнем квартале 2024 года. Парное выравнивание гена spike выявило практически идентичные последовательности среди недавних изолятов из провинции Гаутенг и небольшие, но значимые различия между изолятом из провинции Квазулу-Натал и референтным штаммом Hu-1 из Ухань. Картирование домен-специфических мутаций показало, что мутации были сосредоточены в ключевых функциональных областях белка шипа, особенно в рецептор-связывающем домене и его связывающем мотиве. Филогенетическая реконструкция и анализ первазивного отбора также выявили, что недавние варианты BA.3 образуют дивергентную кладу, характеризующуюся обширными адаптивными мутациями. Эти результаты указывают на то, что скачкообразные изменения играют решающую роль в формировании генетического ландшафта BA.3, что имеет важное значение для вирусной инфекционности, иммунного ускользания и разработки вакцин следующего поколения.

4. Methods. 2025 Aug;240:54-62. doi: 10.1016/j.ymeth.2025.04.006. Epub 2025 Apr 12.

Development and validation of novel RT-PCR assay for molecular diagnostic of viral variants using SARS-CoV-2 as a case study

Разработка и валидация нового метода ОТ-ПЦР для молекулярной диагностики вирусных вариантов на примере SARS-CoV-2

Priyanshi Singh, Gauri Misra, Neelima Mishra, AnupkumarAnvikar, VarshaPotdar

Возникающие вирусы уже давно представляют серьезную угрозу для глобального здравоохранения, часто приводя к массовой заболеваемости и смертности. Непрерывающаяся эволюция вирусов, обусловленная генетическими мутациями, имеет решающее значение для появления этих новых патогенов. Среди многочисленных вирусов,

продemonстрировавших эту способность, SARS-CoV-2, вызывающий пандемию COVID-19, является ярким примером того, как вирусные мутации могут существенно влиять на динамику заболевания, передачу и меры контроля. В этом исследовании мы представляем разработку мультиплексного анализа ОТ-ПЦР с использованием аллель-специфических праймеров и зондов, предназначенных для молекулярной диагностики вирусных вариантов на примере SARS-CoV-2. Мы провели комплексную оценку для подтверждения эффективности анализа с использованием различных клинических образцов, в том числе нескольких закодированных эталонных образцов от сторонних поставщиков. Этот метод мультиплексной ПЦР-типизации выявляет семь уникальных мутаций штамма «Омикрон» и две уникальные мутации штамма «Дельта» с помощью аллель-специфических праймеров и наборов зондов против рецептор-связывающего домена (RBD) шиповидного белка. Анализ обладает высокой аналитической чувствительностью, позволяя обнаружить около 1×10^2 копии/мл РНК SARS-CoV-2 для каждого протестированного генетического варианта и 100 % аналитическая специфичность. Сравнительный анализ с существующими коммерческими наборами для ОТ-ПЦР продемонстрировал более высокую эффективность, особенно при выявлении омикрон- и дельта-вариантов. Это исследование подчеркивает потенциал нашего подхода в расширении диагностических возможностей для выявления новых вирусных инфекций и улучшении реагирования системы здравоохранения на будущие вспышки.