

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 16 по 22 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 16 по 22 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 22 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 22 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 – 17 458 558 (за прошедшую неделю депонировано геномных последовательностей – 3 563, за предыдущий аналогичный период – 4 424). Удельный вес штаммов, депонированных из США и Великобритании составляет 48,7% от всех последовательностей, размещенных в GISAID (5 318 871 и 3 181 539 геномов соответственно).

Всего в базу данных GISAID депонировано геномов варианта Omicron – 8 387 987, за анализируемую неделю размещено новых геномных последовательностей – 3 427 – 96,2% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 79,6%). 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 27 стран (12,7%) депонировали новые геномные последовательности Omicron в GISAID (за предыдущие – 29 стран (13,6%).

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).

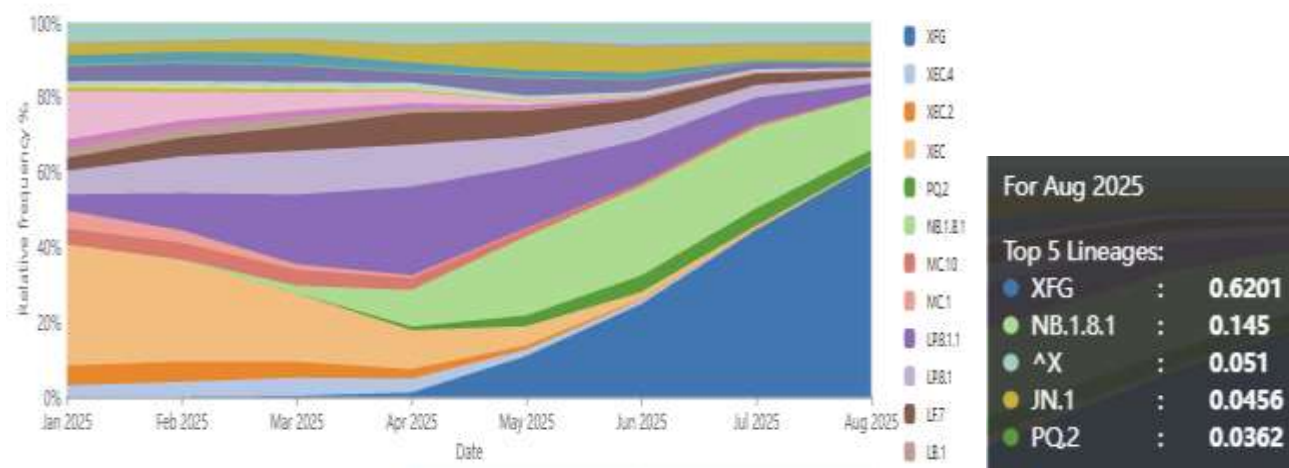


Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 22 августа 2025 г.)

Распространение в регионах ВОЗ субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID по состоянию на 22 августа 2025 г. представлено на рисунках 2 и 3. В Американском и Европейском регионах доля доминирующего субварианта XFG среди циркулирующих вариантов составила (70% и 66,4% соответственно) (рис 2). В странах Юго-Восточной Азии среди субвариантов Omicron превалирует XFG (60,6%) и JN.1.40. (24,2%), в Западно-Тихоокеанском регионе – XFG (44,8%) и NB.1.8.1 (34,8%); в странах Восточного Средиземноморья –XFG (38,46%) (рис. 3).

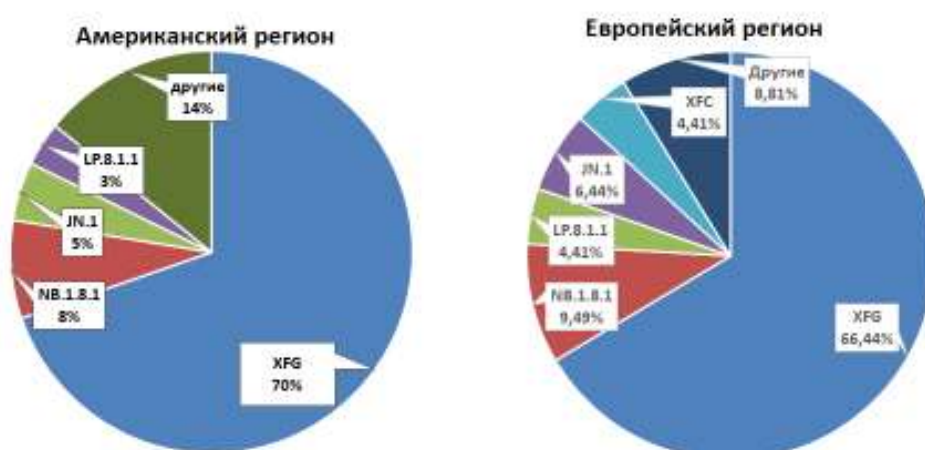


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron Американском. Африканском и Европейском регионах

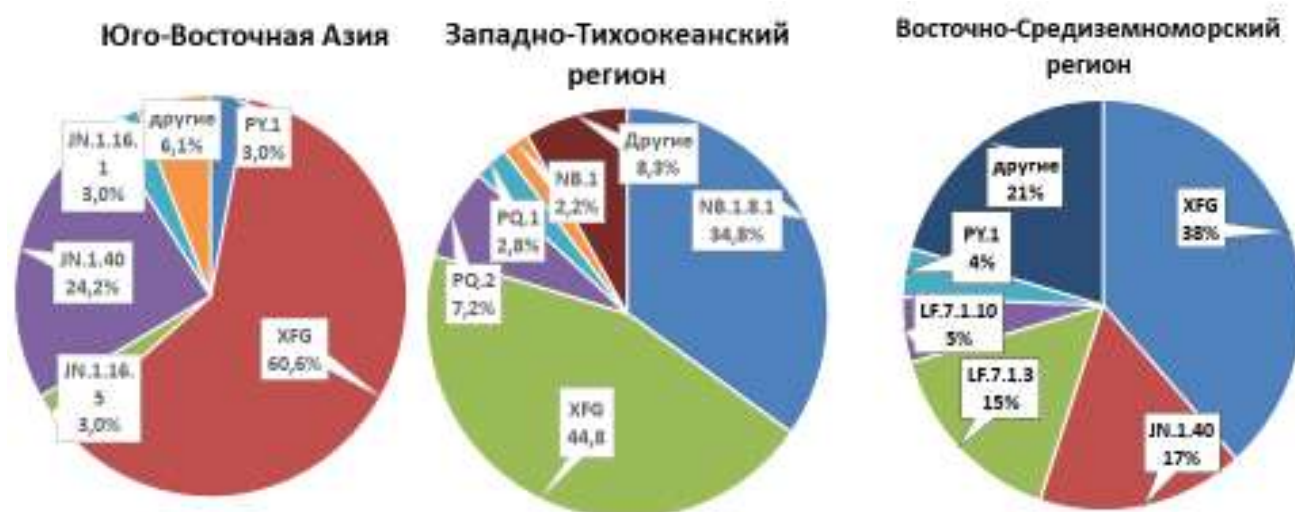


Рисунок 3 Распространение субвариантов Omicron в регионах –Юго-Восточной Азии и Западно-Тихоокеанском

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

Геномные последовательности субварианта JN.1 представлены из 152 страны. За прошедшую неделю распространенность субварианта зарегистрирована на уровне 8,2% (рост за прошедшую неделю на 3.1%).

Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)

С момента идентификации в базе данных GISAID распространение субварианта KP 3.1.1 зарегистрировано в 86 странах. За анализируемую неделю распространенность оценивается на уровне 0,3%.

Субвариант KP.3 (FLuQE) секвенирован в лабораториях 87 стран, распространенность составляет менее 0,1%.

В базе данных GISAID геномные последовательности субварианта ХЕС представлены из 85 стран, распространенность – 0,3%.

В GISAID геномы варианта LP.8.1 размещены из 66 стран, распространенность составляет 4,7 % (снижение за прошедшую неделю на 1,2%).

Циркуляция субварианта NB.1.8.1 («Nimbus») установлена в 48 странах. На текущей неделе распространенность в мире составила 24 % (рост за прошедшую неделю на 3,9%). За последние 4 недели удельный вес NB.1.8.1 среди секвенированных штаммов составил в странах: Китае, Тайване, Гонконге, Японии, Австралии, Новой Зеландии, Сингапуре, Италии, США, Испании на уровне 100%, 93,4%, 91,3%, 81,2%, 76,6%, 72,9%, 41%, 34%, 13,7%, 13,4% соответственно.

Продолжается рост распространенности субварианта XFG («Stratus»), который секвенирован в как минимум 63 странах. За последние 4 недели удельный вес субвари-

анта «Stratus» составила в Ирландии – 94,7%, Швеции – 78,9%, Франции – 75,6%, Испании – 71,8%, Великобритании – 70%, США – 67,1%, Италии – 59,6%, Сингапуре – 52,8%.

Публикации

1. Comput Biol Med. 2025 Aug 16;196(Pt C):110840.

doi: 10.1016/j.compbimed.2025.110840. Online ahead of print.

Exploring the spike glycoprotein-encoding gene of SARS-CoV-2 using multifractal analysis: Unveiling structural complexity and implications for viral transmission

Исследование гена, кодирующего гликопротеин шипа SARS-CoV-2, с помощью мультифрактального анализа: раскрытие структурной сложности и последствий для передачи вируса

[J P Correia](#), [M E P L Dantas](#), [J M G Araújo](#), [R Silva](#)

Белок Spike является ключевым фактором, определяющим инфекционность SARS-CoV-2 и иммунный ответ на него, что делает его геномную область (ген S) критически важной для понимания эволюции вируса. Более того, ген Spike и связанный с ним белок играют центральную роль в биологии SARS-CoV-2, влияя на то, как вирус заражает клетки, а также на то, как разрабатываются вакцины и методы лечения. В этой работе применены передовые вычислительные методы - мультифрактальный анализ флуктуаций с исключенным трендом, плоскость сложности-энтропии и представление в виде игры хаоса - для исследования масштабирующих свойств белка Spike в вариантах Delta, Gamma, Omicron и Zeta. Проведенный анализ выявляет сложные мультифрактальные паттерны с дальними корреляциями, отражающие структурное и функциональное разнообразие этого региона. Варианты Delta и Omicron демонстрируют самую высокую мультифрактальную сложность, что предполагает более значительную гетерогенность последовательностей. Кроме того, такие параметры, как Δh , $\Delta \alpha$ и B , эффективно отражают индивидуальные фрактальные характеристики каждого варианта, выявляя ключевые различия в их геномной архитектуре. Эти данные позволяют глубже понять, как сложность последовательности может влиять на адаптацию и эволюцию вирусов.

2. Environ Health (Wash). 2025 Jun 2;3(8):908-919. doi: 10.1021/envhealth.5c00048. eCollection 2025 Aug 15.

Long-Term Genomic Surveillance of SARS-CoV 2 in Campus Wastewater Depicts Lineage Trends and Public Health Implications during and after Omicron Waves

Долгосрочное геномное наблюдение за SARS-CoV 2 в сточных водах кампуса выявляет тенденции в генетической структуре вируса и последствия для общественного здравоохранения во время и после вызванных вариантом омикрон волн

Rinka Pramanik, Vinay Rajput, Vinita Malik

В настоящем исследовании проанализированы данные надзора за SARS-CoV-2 в сточных водах кампуса в Пуне, штат Махараштра, Индия, что позволило получить представление о тенденциях, специфичных для различных вариантов, и их корреляции с клиническими случаями за 2,5-летний период с ноября 2021 года по апрель 2024 года. Авторы собрали 242 образца сточных вод из канализационного узла кампуса и обработали их для выделения РНК, проведения ОТ-ПЦР и секвенирования с последующим определением генетической линии с помощью инструмента LCS. Ранние признаки различных вариантов SARS-CoV-2, таких как BA.2.X, JN.1.X и KP.2.X, были обнаружены в сточных водах до первого клинического сообщения о его наличии в Махараштре, Индия. Вирусная нагрузка сточных вод сильно коррелировала с клиническими случаями во время фазы омикрон ($\rho = 0,73-0,81$) по сравнению с фазой после омикрон ($\rho = -0,06-0,31$). Это исследование также подчеркивает, что оповещения и предупреждения, выпущенные на основе скачков вирусной нагрузки сточных вод, оказались полезными для предотвращения вспышек вариантов SARS-CoV-2 в кампусе. Однако понижение ВОЗ статуса COVID-19 с пандемического привело к последующему снижению бдительности общественности, изменив вирусную динамику на последнем этапе исследования. Это исследование демонстрирует полезность надзора за сточными водами в условиях кампуса в качестве системы раннего оповещения и понимает взаимодействие эффектов политики общественного здравоохранения в вирусной динамике в контролируемых экосистемах, таких как кампусы или офисы.

3. Npj Viruses. 2025 Aug 19;3(1):63. doi: 10.1038/s44298-025-00145-6.

Genomic surveillance in Morocco tracks SARS-CoV-2 variant shift from Alpha to Omicron sublineage JN1

Геномный надзор в Марокко отслеживает переход варианта SARS-CoV-2 от альфа-линии на линию омикрон JN1

Oumaima Bouddahab, Safaa Aqillouch, Hicham Charoute и др.

Устойчивая эволюция SARS-CoV-2 подчеркивает решающую роль геномного надзора в отслеживании возникающих вариантов и руководстве мероприятиями общественного здравоохранения. Авторы провели полногеномное секвенирование 235 образцов, положительных на SARS-CoV-2, собранных в Марокко в период с 2021 по 2024 год, чтобы охарактеризовать эволюцию вируса и динамику вариантов. Анализ выявил временной сдвиг в распространенности вариантов, соответствующий глобальным тенденциям: первоначальная совместная циркуляция вариантов Альфа и Дельта, за которой последовала полная замена Омикроном и его сублиниями в 2022 году. Филогенетическая реконструкция выявила ключевые мутации, связанные с повышенной уклоняемостью от иммунного ответа и трансмиссивностью, что демонстрирует адаптивную способность вируса. Эти результаты подчеркивают критическую важность постоянного геномного надзора для мониторинга эволюции вируса, информирования о стратегиях вакцинации и терапии, а также руководства ответными мерами общественного здравоохранения. Полученные результаты свидетельствуют в пользу расширения сетей совместного надзора для проактивного реагирования на угрозы, исходящие от SARS-CoV-2 и других бета-коронавирусов.

4. Infect Genet Evol. 2025 Aug 12:134:105812. 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 Omicron SARS-CoV-2 в провинции Хормозган, Иран, и оценка влияния мутаций на функции белков RBD и ORF9b

Khadijeh Ahmadi, Soudabeh Kavousipour, Behzad Shahbazi, Farhad Farzin, Zahra Gharibi, Maryam Sadat Pishva, Ali Pishahang, Hamed Gouklani

Появление штамма «омикрон» в ноябре 2021 года стало важным поворотным моментом в пандемии COVID-19 из-за беспрецедентного количества мутаций по сравнению с предыдущими штаммами. Чтобы лучше понять его клиническое влияние и эволюционную траекторию, мы 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 секвенирование на нанопорах с охватом генома $\geq 96\%$ и передовые инструменты биоинформатики, в том числе платформу Nextclade, мы систематически изучали мутационные профили циркулирующих вариантов, уделяя особое внимание рецептор-связывающему домену (RBD) и белкам ORF9b. Наш анализ показал, что доминирующим штаммом является BA.5.2 (распространенность 32,4 %), за ним следует XBB.1.9.1 (14,2 %), только 17,6 % случаев приходится на вакцинированных лиц. Посредством молекулярного докинга и динамического моделирования мы продемонстрировали, что ключевые варианты, включая BA.5.2, XBB.1.5 и XBB.1.9, проявляют повышенную аффинность связывания с рецепторами хозяина, при этом RBD демонстрирует более сильные взаимодействия с ACE2, а варианты ORF9b демонстрируют улучшенное связывание с TOM70. Примечательно, что наши результаты указывают на схожий патогенный потенциал линий XBB.1.5/XBB.1.9 и BA.5, а также подчёркивают полезность анализа энтропии всего генома для прогнозирования закономерностей эволюции вируса. Эти результаты дают ценную информацию для разработки вакцин, терапевтических методов и стратегий общественного здравоохранения в отношении новых вариантов SARS-CoV-2.