

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 23 по 29 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 23 по 29 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 29 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 29 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 – 17 464 965 (за прошедшую неделю депонировано геномных последовательностей – 6 016, за предыдущий аналогичный период – 3 563). Удельный вес штаммов, депонированных из США и Великобритании составляет 48,7% от всех последовательностей, размещенных в GISAID (5 320 974 и 3 181 992 геномов соответственно).

Всего в базу данных GISAID депонировано геномов варианта Omicron – 8 394 069, за анализируемую неделю размещено новых геномных последовательностей – 5 777 – 96% от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 96,2%). Российскими лабораториями размещено 94 381 геном вируса SARS-CoV-2, в том числе геномных последовательностей варианта Omicron – 48 459.

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 – 29 стран (13,6%).

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

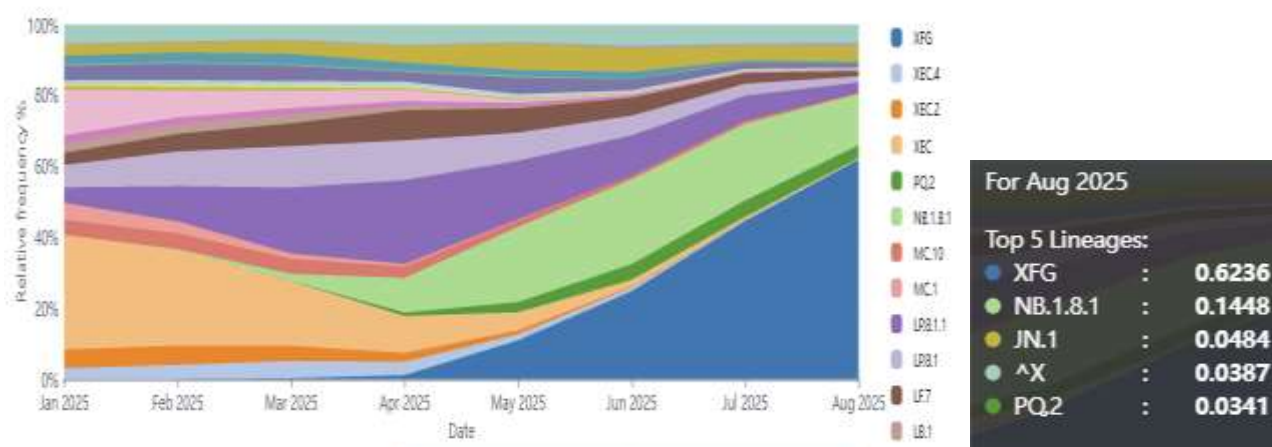


Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 29 августа 2025 г.)

Распространение в регионах ВОЗ субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID по состоянию на 29 августа 2025 г. представлено на рисунках 2,3 и 4. На Африканском континенте за последние две недели зарегистрирована циркуляция одного субварианта – XFG. В Европейском и Американском регионах доля доминирующего субварианта XFG среди циркулирующих вариантов составила (68,4% и 67,1% соответственно) (рис 2). В этих регионах распространение XFG в сравнении с прошедшей неделей осталось практически на прежнем уровне: странах Европы – рост на 1,9%, Америки – снижение на 2,6%. В Западно-Тихоокеанском регионе среди субвариантов Omicron превалируют XFG со снижением распространения за прошедшую неделю на 6,3% и NB.1.8.1 – рост на 2,7%; в странах Восточного Средиземноморья – XFG (рост на 20,4%) (рис. 3). В странах Юго-Восточной Азии установлено распространение только вариантов сублинии NB.1.8.1 – PQ.13, PQ.2, PQ.15 (рис. 4).

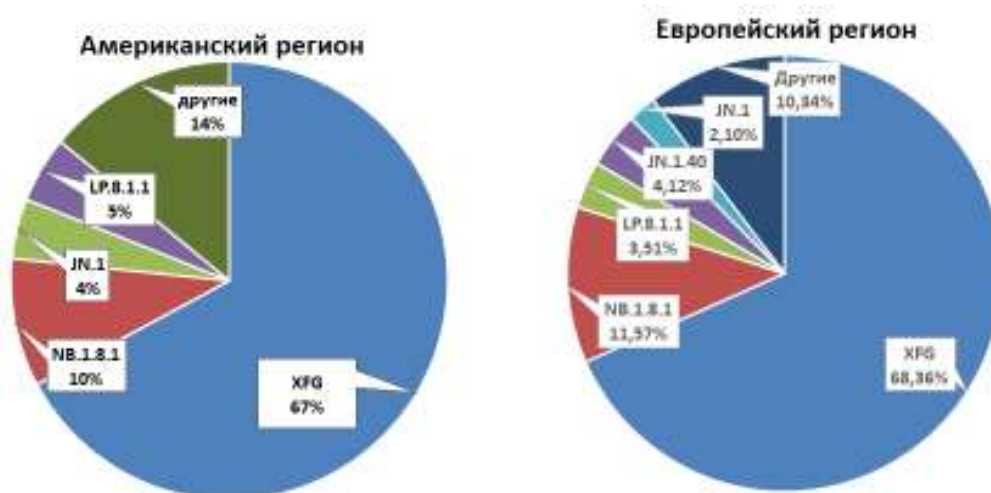


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron Американском, Африканском и Европейском регионах

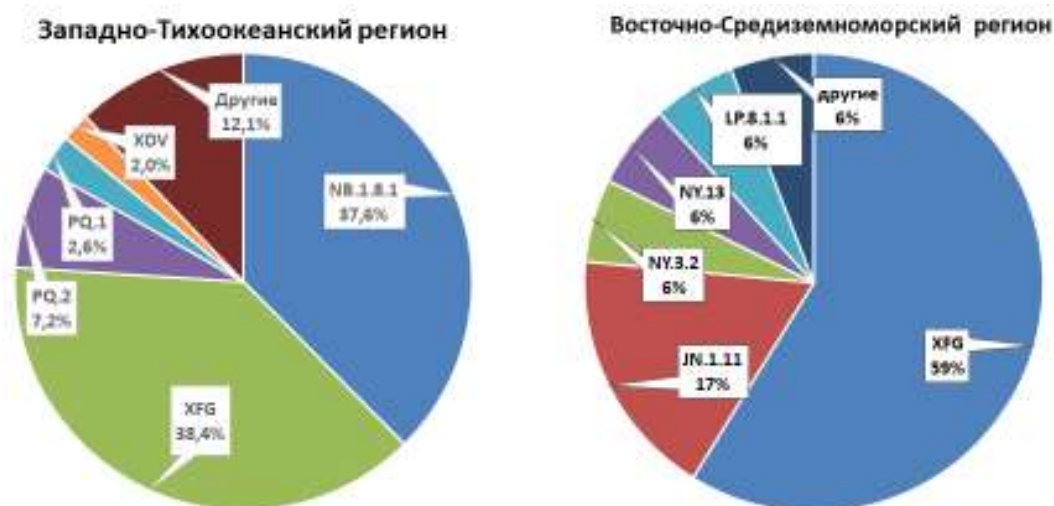


Рисунок 3 Распространение субвариантов Omicron в регионах – Западно-Тихоокеанском и Восточно-Средиземноморском



Рисунок 4 Распространение субвариантов Omicron в регионе Юго-Восточной Азии

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

Геномные последовательности субварианта JN.1 представлены из 152 страны. За прошедшую неделю распространенность субварианта зарегистрирована на уровне 7,5% (снижение за прошедшую неделю на 0,7%) (рис. 5).

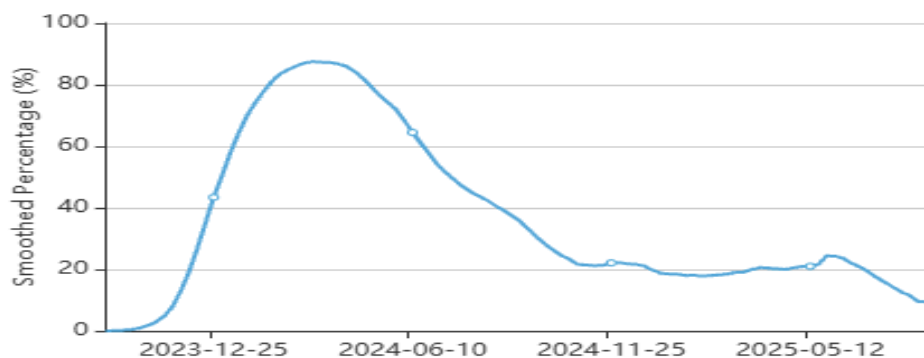


Рисунок 5 Относительная частота субварианта JN.1(по состоянию на 29 августа 2025 г.)

Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)

С момента идентификации в базе данных GISAID распространение субварианта КР 3.1.1 зарегистрировано в 81 стране. За анализируемую неделю распространенность оценивается на уровне 0,3%.

Субвариант КР.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 67 стран, распространенность составляет 5,3 %.

Циркуляция субварианта NB.1.8.1 («Nimbus») установлена в 50 странах. На текущей неделе распространенность в мире составила 21,3% (снижение за прошедшую неделю на 2,7%). За последние 4 недели удельный вес NB.1.8.1 среди секвенированных штаммов составил в странах: Тайване, Японии, Австралии, Новой Зеландии, Сингапуре, США, Великобритании, Испании на уровне 95%, 90,6%, 87,5%, 72,4%, 35,4%, 16,1%, 14,5%, 8,8% соответственно.

Продолжается рост распространенности субварианта XFG («Stratus»), который секвенирован в как минимум 64 странах. За последние 4 недели удельный вес субварианта «Stratus» составил в Бразилии – 95,2%, Ирландии – 81,3%, Испании – 81,1%, Италии – 80,9%, Канаде – 79,5%, Великобритании – 67,9%, США – 67,7%, Сингапуре – 59,9%, Франции – 50%.

Публикации

1. Front Microbiol. 2025 Aug 5;16:1606306. doi: 10.3389/fmicb.2025.1606306. eCollection 2025.

Dynamic changes of Ct values of N gene and ORF1ab genes and laboratory parameters in patients with COVID-19 caused by SARS-CoV-2 B.1, BA.2, and BA.5 variants and their correlation with clinical characteristics

Динамика изменений значений Ct генов N и ORF1ab и лабораторных показателей у пациентов с COVID-19, вызванной вариантами SARS-CoV-2 B.1, BA.2 и BA.5, и их корреляция с клиническими характеристиками

Исследовали динамику значений Ct для ORF1ab и гена N в мазках из ротоглотки пациентов с COVID-19, инфицированных различными вариантами SARS-CoV-2, и оценивали их клинические и лабораторные корреляции. Провели ретроспективное когортное исследование 259 пациентов с COVID-19, госпитализированных в провинции Цзилинь в период с 2021 по 2023 год. Был проведен сравнительный анализ: (1) траекторий значений Ct для генов ORF1ab и N, специфичных для разных вариантов, (2) времени конверсии нуклеиновых кислот и (3) гематологических и биохимических показателей. Вариант B.1 продемонстрировал самые низкие медианные значения Ct (ORF1ab: 31,37; ген N: 30,49) и самое длительное медианное время конверсии нуклеиновых кислот (18 дней). Вариант BA.2 продемонстрировал самые высокие медианные значения Ct (ORF1ab: 33,00; ген N: 32,00) и самое короткое время конверсии (14 дней). Прогрессирование заболевания коррелировало с повышением уровня креатинина (CREA), доли нейтрофилов (NE%) и маркеров коагуляции (D-димера), снижением доли лимфоцитов (LY%). Таким образом, наблюдались значительные межвариантные различия в кинетике вирусного клиренса (значения Ct и время конверсии) и маркерах органной дисфункции. Эти данные подчеркивают патофизиологические профили, специфичные для разных вариантов: для B.1 характерно более длительное выделение вируса, а для субвариантов Омикрон (особенно для BA.2) – более быстрый клиренс, но выраженные гематологические нарушения.

2. Int J Mol Sci. 2025 Aug 21;26(16):8106. doi: 10.3390/ijms26168106.

Long-Term Durability and Variant-Specific Modulation of SARS-CoV-2 Humoral and Cellular Immunity over Two Years

Долгосрочная устойчивость и вариантоспецифическая модуляция гуморального и клеточного иммунитета к SARS-CoV-2 в течение двух лет

[Lilia Matei](#) ¹, [Mihaela Chivu-Economescu](#) ¹, [Laura Denisa Dragu](#) ¹

Существует растущая потребность в понимании долгосрочной динамики и качества иммунной памяти в отношении SARS-CoV-2 — как гуморальной, так и клеточной — особенно с появляющимися вариантами. Данное исследование было направлено на оценку иммунной устойчивости и вариант-специфической модуляции посредством продольного анализа лиц с различным анамнезом воздействия SARS-CoV-2 в течение двух лет после инфицирования и/или вакцинации. Исследование включало оценку уровней анти-шиповых IgG и IgA с течением времени и анализ их связи с нейтрализующей активностью как против предковых вариантов, так и против SARS-CoV-2 омикрон. Устойчивость Т-клеточных ответов оценивали с помощью анализов внутриклеточного окрашивания цитокинами (ICS) и маркеров, индуцируемых активацией (AIM). Уровни анти-S IgG оставались стабильными с течением времени и увеличивались после каждой иммунной стимуляции, что свидетельствует о кумулятивной иммунной памяти. Нейтрализующая способность сильно коррелировала с уровнями IgG, показывая долгосрочную стабильность для пре-омикрон вариантов, но умеренное снижение для омикрон. Реакции CD4⁺ и CD8⁺ Т-клеток сохранялись во всех группах, практически не затронутые мутациями омикрон. Однако профили цитокинов выявили незначительные изменения, зависящие от варианта. Эти результаты подчёркивают стойкость клеточного иммунитета и сравнительно сниженную устойчивость гуморального ответа, специфичного к омикрону. Такие данные имеют решающее значение для понимания долгосрочной защиты от эволюционирующих вариантов SARS-CoV-2 и разработки стратегий общественного здравоохранения.

3. Microorganisms. 2025 Aug 4;13(8):1821. doi: 10.3390/microorganisms13081821.

Assessing SARS-CoV-2 Rare Mutations and Transmission in New York City by NGS

Оценка редких мутаций SARS-CoV-2 и путей их передачи в Нью-Йорке с помощью NGS

[Dakai Liu](#) ¹, [Harlan Pietz](#) ^{1 2}, [George D Rodriguez](#) ³ и др.

SARS-CoV-2 часто подвергается мутациям, которые управляют эволюцией вируса и геномным разнообразием, влияя на заразность, иммунный ответ и тяжесть заболевания. В этом исследовании проведено полногеномное секвенирование изолятов SARS-CoV-2 от пациентов в Нью-Йорке и идентифицировано несколько глобально редких мутаций в нескольких вирусных линиях. Изоляты, проанализированные на редкие мутации, принадлежали к трем линиям: B.1.1.7 (Альфа), B.1.526 (Йота) и B.1.623. Идентифицировали 16 редких мутаций (глобальная частота <1000) в генах неструктурных белков, включая nsp2, nsp3, nsp4, nsp6, nsp8, nsp13, nsp14, ORF7a и ORF8. Три из этих мутаций, локализованные в nsp2, nsp13 и ORF8, были зарегистрированы менее чем у 100 человек по всему миру. Также обнаружили пять редких мутаций в структурных белках (S, M и N), включая две – одну в M и одну в N – ранее зарегистрированные менее чем у 100 случаев во всем мире. В статье представлены клинические профили трех пациентов, каждый из которых был инфицирован генетически различными вирусными изолятами из трех изученных линий. Кроме того, представлена локальная цепочка передачи, выведенная на основе уникальных паттернов мутаций, выявленных в геноме Omicron. Эти результаты подчеркивают важность полногеномного секвенирования для выявления редких мутаций, отслеживания распространения инфекции в популяции и выявления новых вариантов, имеющих клиническое и общественное значение.