

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 20 по 26 сентября 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 20 по 26 сентября 2025г.

В соответствии с классификацией ВОЗ со 2 декабря 2024 г. к вариантам вируса SARS-COV-2, вызывающих интерес (VOIs), отнесен один субвариант: JN.1 (таблица 1), в группу вариантов, находящихся под наблюдением (VUMs) с 04 сентября 2025 г. включены пять субвариантов, а именно KP.3.1.1, XEC, LP.8.1, NB.1.8.1 и XFG (таблица 2). Технической консультативной группой по эволюции вирусов (TAG-VE) из списка VUM исключен субвариант KP.3 из-за его низкой глобальной распространенности.

Таблица 1. Варианты, вызывающие интерес (VOIs) и циркулирующие в настоящее время (по состоянию на 26 сентября 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 (VUMs) и циркулирующие в настоящее время (по состоянию на 26 сентября 2025 г.)

Pango lineage	Next strain clade	Genetic features	Earliest documented samples	Date of designation and risk assessments
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 – 17 488 951. За прошедшую неделю число депонированных последовательностей по сравнению с предыдущей неделей снизилось в 1,7 раза и составило 5 303, за неделю с 13 до 19 сентября депонировано 8 948 геномов.

Удельный вес штаммов, депонированных из США и Великобритании за прошедшую неделю составил 48,7% от всех последовательностей, размещенных в GISAID (5 328 013 и 3 183 584 геномов соответственно), на прошлой неделе – 33,1%.

Всего в базу данных GISAID депонировано геномов варианта Omicron – 8 414 658, за анализируемую неделю размещено новых геномных последовательностей – 5 059, т.е. 95,4 % от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 66,0 %). Российскими лабораториями размещено 94 592 генома вируса SARS-COV-2, в том числе геномных последовательностей варианта Omicron – 48 670.

В базе данных GISAID зафиксировано депонирование варианта Omicron из 213 стран и территорий. За последние 4 недели всего 25 стран (11,7%) депонировали новые геномные последовательности Omicron в GISAID, на прошлой неделе – 29 стран (13,6%).

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

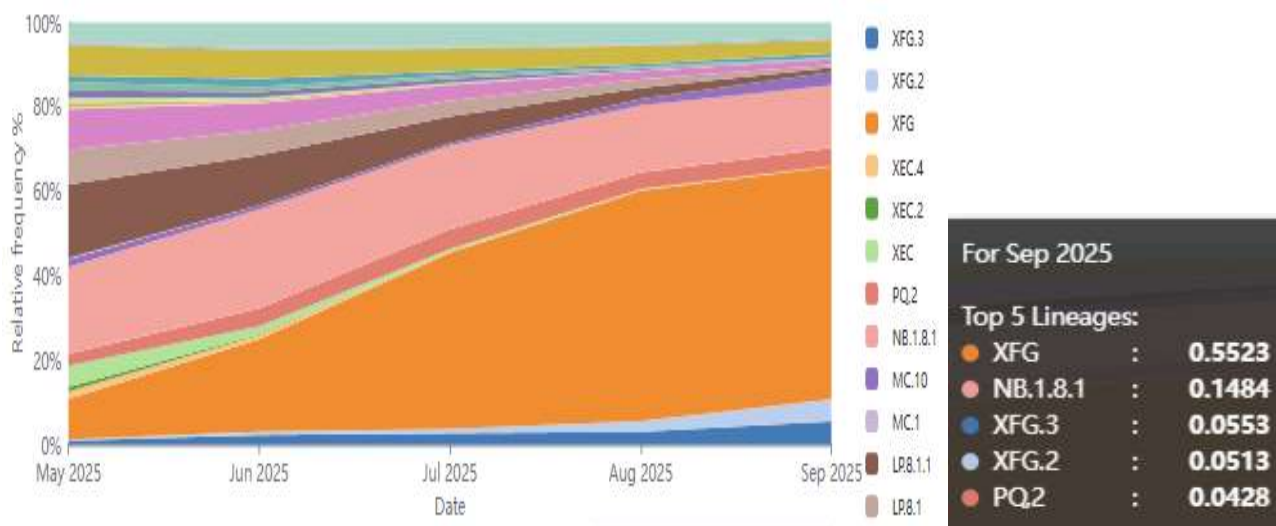


Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 26 сентября 2025 г.)

Распространение в регионах ВОЗ субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID по состоянию на 26 сентября 2025 г. представлено на рисунках 2, 3 и 4. В Американском, Европейском, Восточно-Средиземноморском и Африканском регионах доля доминирующего субварианта XFG среди циркулирующих вариантов составила (57 %, 71,3%, 80% и 62,5% соответственно) (рис 2-4). В динамике наблюдается снижение распространения XFG в сравнении с прошедшей неделей в странах Европейского региона на 17,4% и Западно-Тихоокеанского региона – на 18,2%. Рост распространения XFG отмечен в странах Восточного Средиземноморья и Америки – на 7%. В странах Юго-Восточной Азии установлено распространение только вариантов сублинии NB.1.8.1 – PQ.13, PQ.2, PQ.15 (рис. 4). В Западно-Тихоокеанском регионе доминирует субвариант NB.1.8.1 (рис.3).

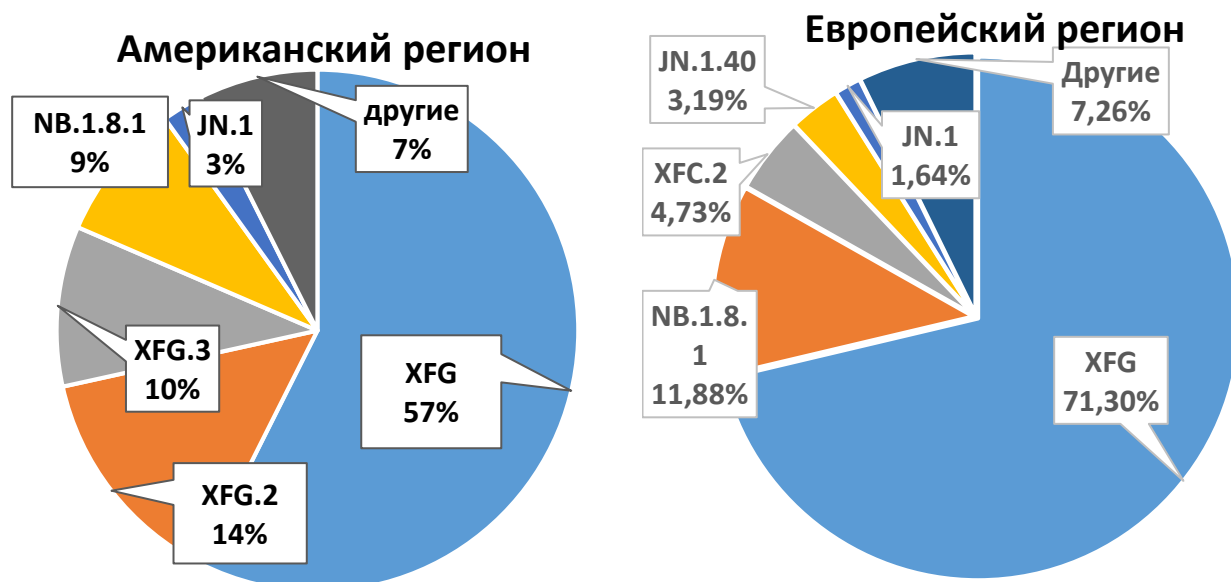


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в Американском и Европейском регионах

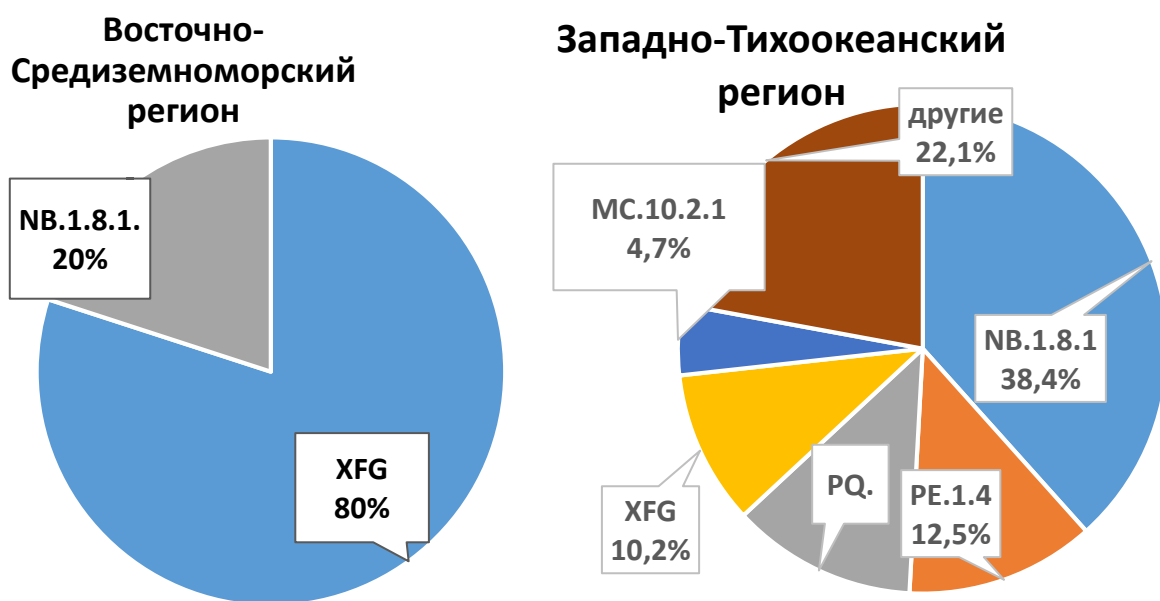
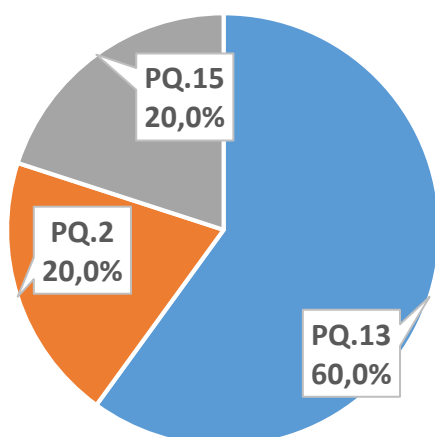


Рисунок 3 Распространение субвариантов Omicron в Восточно-Средиземноморском и Западно-Тихоокеанском регионах

Регион Юго-Восточной Азии



Африканский регион

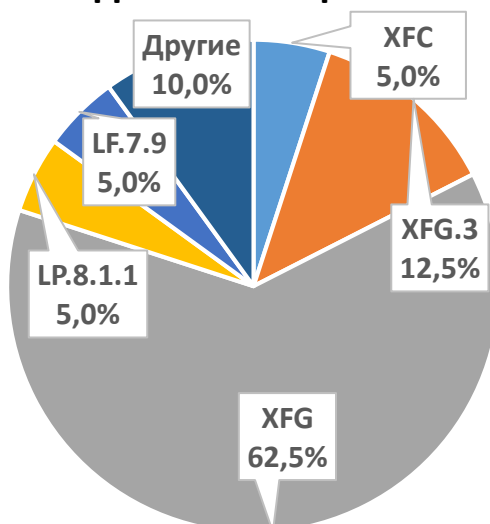


Рисунок 4 Распространение субвариантов Omicron в регионах Юго-Восточной Азии и Африки

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

Геномные последовательности субварианта JN.1 представлены из 152 стран. За прошедшую неделю распространенность субварианта зарегистрирована на уровне 8,5% (снижение за прошедшую неделю на 1%) (рис. 5).

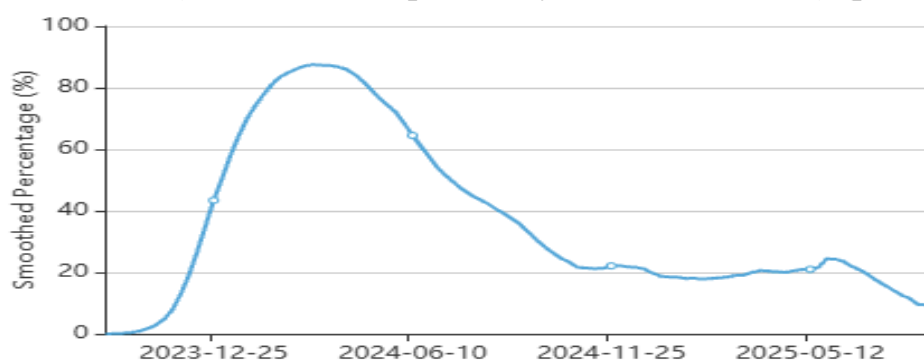


Рисунок 5 Относительная частота субварианта JN.1(по состоянию на 26 сентября 2025 г.)

Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)

С момента идентификации в базе данных GISAID распространение субварианта KP 3.1.1 зарегистрировано в 81 стране. За анализируемую неделю распространенность оценивается на уровне 1,4%.

В базе данных GISAID геномные последовательности субварианта XEC представлены из 85 стран, распространенность – 0,4%.

В GISAID геномы варианта LP.8.1 размещены из 69 стран, за текущую неделю распространенность снизилась с 5,3 % до 3,3%

Циркуляция субварианта NB.1.8.1 («Nimbus») установлена в 56 странах. На текущей неделе распространенность в мире составила 17,7% (снижение за прошедшую неделю на 3,6%). За последние 4 недели удельный вес NB.1.8.1 среди секвенированных штаммов составил в странах: Японии, Тайване, Австралии, Новой Зеландии, Канаде, США, Великобритании, Испании на уровне 97,6%, 87,1%, 58,1%, 55,2%, 38,6%, 11,1%, 10,2%, 8,7% соответственно.

Продолжается рост распространенности субварианта XFG («Stratus»), который секвенирован в как минимум 78 странах. За последние 4 недели удельный вес субварианта «Stratus» составил в Румынии – 88,5%, Бразилии – 86,7%, Испании – 85,7%, Ирландии – 83,8%, Италии – 82,3%, Великобритании – 80,7%, Нидерландах – 80,6%, Германии – 79,4%, США – 78,6%, Швеции – 72,9%, Франции – 72,5%, Канаде – 55,4%.

Публикации

1. J Virol. 2025 Sep 23:e0090825.

doi: 10.1128/jvi.00908-25. Online ahead of print.

Evolution of BA.2.86 to JN.1 reveals that functional changes in non-structural viral proteins are required for fitness of SARS-CoV-2

Эволюция BA.2.86 в JN.1 показывает, что для жизнеспособности SARS-CoV-2 необходимы функциональные изменения в неструктурных вирусных белках.

Shuhei Tsujino, Masumi Tsuda, Naganori Nao и др.

SARS-CoV-2 Омикрон JN.1 произошел от отдельной линии SARS-CoV-2, BA.2.86, и быстро распространился по всему миру. Неясно, почему BA.2.86 не стал доминирующим и был быстро заменен JN.1, который по сравнению с BA.2.86, имеет одну аминокислотную замену в белке продуцируемым S геном (S:L455S) и две в неструктурных белках NSP6 и ORF7b (NSP6:R252K и ORF7b:F19L). В данной работе использовали рекомбинантные вирусы для выяснения влияния этих мутаций на вирусологические характеристики JN.1. Обнаружено, что мутация в S гене ослабляла репликацию вируса, в то время как мутации, не связанные с S геном, действовали синергетически, усиливая репликацию. Это говорит о том, что мутации в белках не связанных с S геном могут компенсировать негативные мутации в S гене, повышая приспособленность вируса и способствуя дальнейшему его уклонению от иммунного ответа. Эти результаты свидетельствуют о том, что функциональные изменения как в связанных с S геном, так и в не связанных с ним белках необходимы для эволюции SARS-CoV-2, позволяя ему уклоняться от адаптивного иммунитета в популяции человека, поддерживая репликацию.

2. Front Artif Intell. 2025 Sep 8:8:1512003.

doi: 10.3389/frai.2025.1512003. eCollection 2025.

Enhanced deep Convolutional Neural Network for SARS-CoV-2 variants classification

Улучшенная глубокая конволюционная нейронная сеть для классификации вариантов SARS-CoV-2

Olaitan I Awe, Hesborn Obura, Charles Ssemuyiga, и др.

Быстрая и масштабируемая классификация геномов SARS-CoV-2 на основе последовательностей S гена может обеспечивать геномный надзор в режиме

реального времени в условиях ограниченности данных о геноме или высокопроизводительных вычислительных ресурсов. Авторы отобрали около 35 800 качественно отфильтрованных последовательностей S гена, охватывающих несколько кладов и линий, и обучили гибридную модель CNN-BiLSTM со стандартной регуляризацией и обработкой дисбаланса классов. Производительность модели сравнивалась с заданиями Nextclade и с базовыми показателями классического машинного обучения. В ходе 10 экспериментальных запусков модель достигла средней точности обучения $99,74\% \pm 0,11$, точности валидации $99,00\% \pm 0,00$ и точности тестирования $99,91\% \pm 0,03$. В сравнительном анализе с инструментом молекулярной эпидемиологии Nextclade эта модель продемонстрировала превосходную производительность, правильно идентифицировав 100% последовательностей генома варианта омикрон по сравнению с 34,95%, достигнутыми Nextclade. Анализ значимости и атрибуции признаков выявил повторяющиеся замены в S гене, согласующиеся с известными мутациями, определяющими варианты, а также дополнительные неохарактеризованные мотивы с потенциальной биологической значимостью. Эти результаты показывают, что глубокие модели, основанные только на вариантах S гена, могут обеспечить быструю и точную классификацию кладов или вариантов, а также интерпретируемую оценку важности признаков. Такие модели дополняют филогенетические подходы в условиях ограниченных ресурсов и обеспечивают эффективную сортировку образцов для подтверждающего полногеномного анализа, способствуя более своевременному геномному надзору.

3. Front Bioinform. 2025 Sep 8;5:1634111.

doi: 10.3389/fbinf.2025.1634111. eCollection 2025.

Structure-based prediction of SARS-CoV-2 variant properties using machine learning on mutational neighborhoods

Прогнозирование свойств вариантов SARS-CoV-2 на основе структуры с использованием машинного обучения на мутационном окружении

Max van den Boom, Erik Schultes, Thomas Hankemeier

Этот набор данных представляет собой структурно-обогащённый ресурс теоретических и эмпирических вариантов рецептор-связывающего домена (RBD) шиповидных белков SARS-CoV-2, разработанный в рамках проекта STAYAHEAD для обеспечения готовности к пандемиям. Он объединяет крупномасштабные предсказания структуры, полученные *in silico*, с эмпирическими

биофизическими измерениями. Набор данных включает 3705 однотоочечных вариантов RBD Wuhan-Hu-1 и 100 вариантов Omicron BA.1/BA.2 более высокого порядка, аннотированных метриками AlphaFold2 и ESMFold, а также предикторами на основе последовательностей Bio2Byte. Структурные дескрипторы – RMSD, TM-score, pLDDT, доступность растворителя, гидрофобность, склонность к агрегации – коррелируют с данными о связывании ACE2 и экспрессии, полученными в результате глубокого мутационного сканирования. Представленный в виде пакета данных FAIR², поддерживает структурно-функциональный анализ, моделирование вариантов и надежное его использование в вирусологии, структурной биологии и вычислительной науке о белках.