

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 27 сентября по 3 октября 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 27 сентября по 3 октября 2025 г.

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 3 октября 2025 г.)

Pango lineage	Next strain clade	Genetic features	Earliest documented samples	Date of designation and risk assessments
JN.1 <sup>#</sup>	24A	BA.2.86 + S:L455S	25-08-2023	18-12-2023 <a href="#">JN.1 Initial Risk Evaluation 18 December 2023</a> <a href="#">JN.1 Updated Risk Evaluation 9 February 2024</a> <a href="#">JN.1 Updated Risk Evaluation 15 April 2024</a>

<sup>#</sup> Исключая сублинии JN.1, указанные как VUM

Таблица 2. Варианты, находящиеся под наблюдением (VUMs) и циркулирующие в настоящее время (по состоянию на 3 октября 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 – 17 496 613. За прошедшую неделю число депонированных последовательностей по сравнению с предыдущей неделей увеличилось в 1,4 раза и составило 7 662, за неделю с 20 до 26 сентября депонировано 5 303 геномов.

Удельный вес штаммов, депонированных из США и Великобритании за прошедшую неделю составил 48,7% от всех последовательностей, размещенных в GISAID (5 330 054 и 3 183 943 геномов соответственно), на прошедшей неделе – 48,7%.

Всего в базу данных GISAID депонировано геномов варианта Omicron – 8 422 007, за анализируемую неделю размещено новых геномных последовательностей – 7 349, т.е. 95,9 % от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 95,4 %). Российскими лабораториями размещено 94 635 геномов вируса SARS-COV-2, в том числе геномных последовательностей варианта Omicron – 48 713.

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, на прошедшей неделе – 25 стран (11,7%).

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, XFG.3 и NB.1.8.1 (рис. 1).

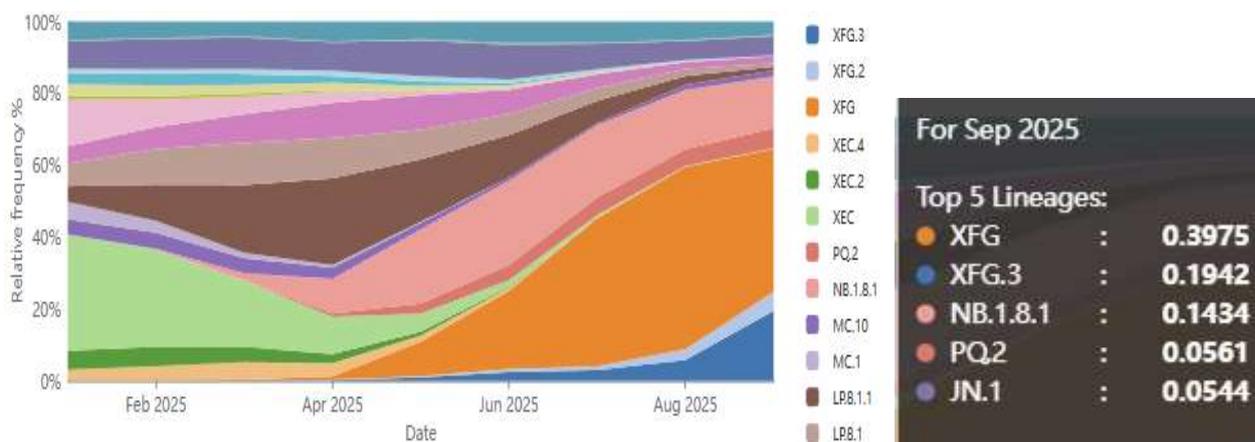


Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 3 октября 2025 г.)

Распространение в регионах ВОЗ субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID по состоянию на 3 октября 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 (38 %, 58%, 80% и 62% соответственно) (рис 2-4). В динамике наблюдается снижение распространения XFG в сравнении с прошедшей неделей в странах Европейского региона на 13,3%, Американского – на 20%, Западно-Тихоокеанского региона – на 2,7%. Рост распространения XFG отмечен в странах Восточного Средиземноморья – на 5%. В странах Юго-Восточной Азии на текущей неделе доминировал штамм ХВВ.1.16.1 (рис. 4), в Западно-Тихоокеанском – субвариант NB.1.8.1 (рис.3).

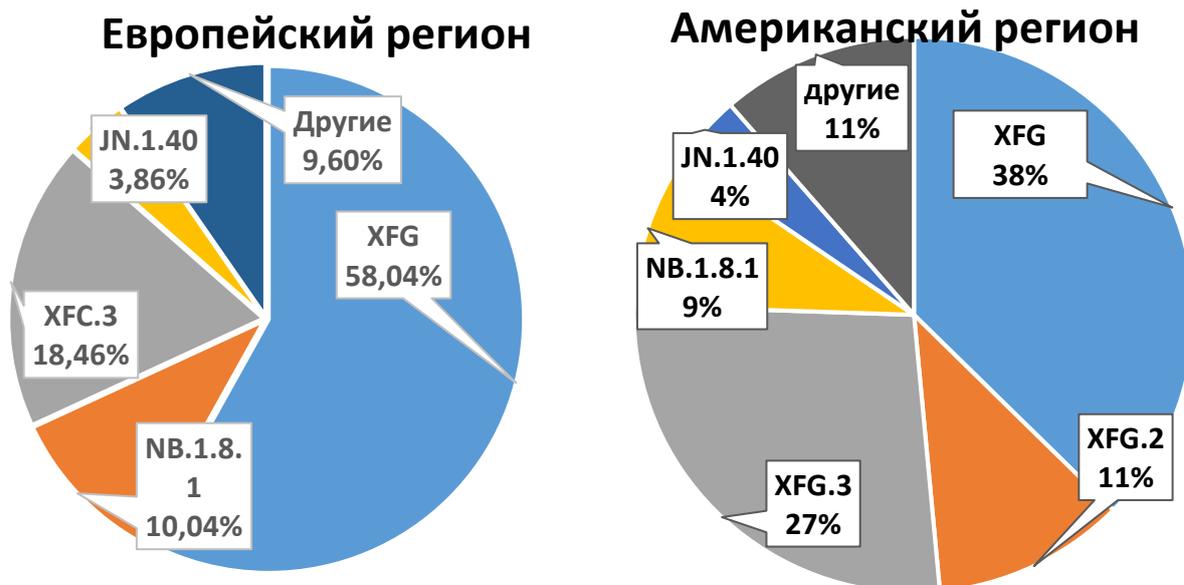


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в Европейском и Американском регионах

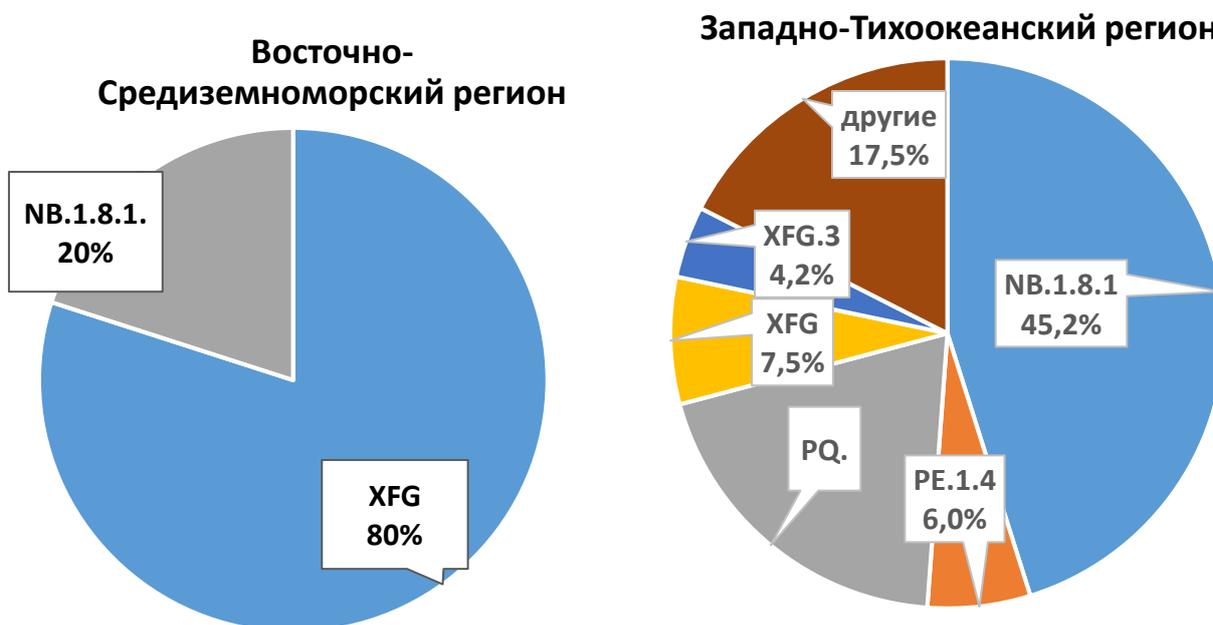


Рисунок 3 Распространение субвариантов Omicron в Восточно-Средиземноморском и Западно-Тихоокеанском регионах

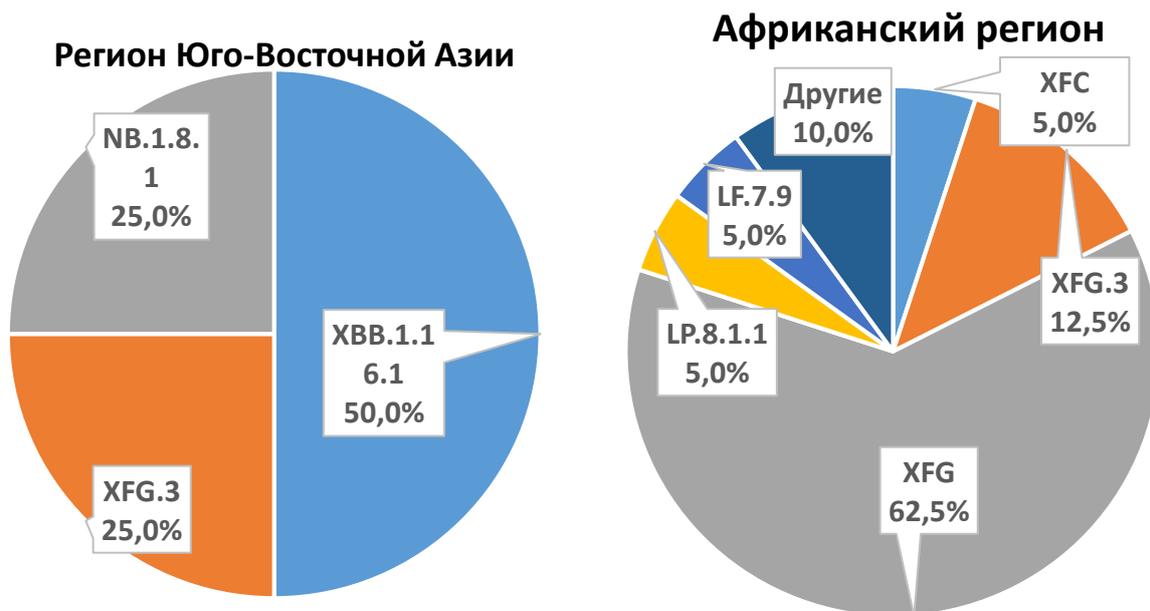


Рисунок 4 Распространение субвариантов Omicron в регионах Юго-Восточной Азии и Африки

### Варианты, вызывающие интерес (VOI)

Геномные последовательности субварианта JN.1 представлены из 152 стран. За прошедшую неделю распространенность субварианта зарегистрирована на уровне 6,9% (снижение за прошедшую неделю на 1,6%) (рис. 5).

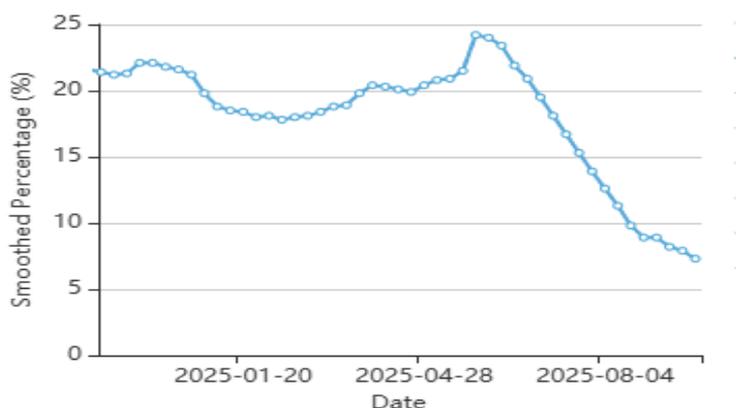


Рисунок 5 Относительная частота субварианта JN.1 (по состоянию на 3 октября 2025 г.)

### 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 низком уровне – 3%.

В базе данных GISAID геномные последовательности субварианта ХЕС представлены из 85 стран, распространенность – 0,5%.

В GISAID геномы варианта LP.8.1 размещены из 69 стран, за текущую неделю распространенность снизилась с 3,3 % до 3,0 %

Циркуляция субварианта NB.1.8.1 («Nimbus») установлена в 56 странах. На текущей неделе распространенность в мире составила 15,7% (снижение за прошедшую неделю на 2%). За последние 4 недели удельный вес NB.1.8.1 среди секвенированных штаммов составил в странах: Японии, Китае, Новой Зеландии, Австралии, Канаде, Великобритании, Испании, США на уровне 97,9%, 92,9%, 57,3%, 53,4%, 37,2%, 10,5%, 7,6% соответственно.

Субвариант XFG («Stratus») секвенирован в как минимум 81 стране, за текущую неделю его распространение в мире снизилось на 15,8%. За последние 4 недели удельный вес субварианта составил в Нидерландах – 84,2%, Испании – 75,9%, Великобритании – 73,3%, Бразилии – 64,0%, Италии – 59,1%, США – 46,9%, Дании – 43,6%, Канаде – 41,9%.

## Публикации

1. Front Public Health. 2025 Sep 11:13:1623413.  
doi: 10.3389/fpubh.2025.1623413. eCollection 2025.

### **Genomic surveillance of SARS-CoV-2 in the Andean Community (2020-2024): integrating regional sequencing efforts from Colombia, Ecuador, Peru, and Bolivia through "ORAS-CONHU" program**

Геномный надзор за SARS-CoV-2 в Андском сообществе (2020–2024 гг.): интеграция региональных усилий по секвенированию из Колумбии, Эквадора, Перу и Боливии в рамках программы «ORAS-CONHU»

[Alfredo Bruno](#)<sup>1, 2</sup>, [Doménica de Mora](#)<sup># 1</sup>, [Paola Rojas-Estevez](#)<sup>#</sup>

В данном исследовании рассматриваются региональные усилия Андского сообщества по геномному эпиднадзору за SARS-CoV-2 в Колумбии, Эквадоре, Перу и Боливии, осуществляемые совместно с организацией «Organismo Andino de Salud-Convenio Hipólito Unanue» (ORAS-CONHU). Кроме того, распределение новых линий SARS-CoV-2, определение кладов и филогенетический анализ в этих странах за период 2020–2024 гг. были проведены с использованием 16867 последовательностей из базы данных GISAID. Из исходных линий 19A и 19B в 2020 году появились линии 20A, 20B и 20C, а затем в 2021 году появились несколько вариантов, таких как 20J (гамма), 21A (дельта), 21G (лямбда) и 21H (мю). К концу 2022 года появились высококонтагиозные варианты омикрон (21 K, 21 L), которые эволюционировали в несколько субвариантных линий, таких как 22F, 23A и 23I (JN.1), последняя из них стала доминирующей к 2024 году. Хотя каждая страна обладает некоторыми специфическими характеристиками, филогенетический анализ выявил общую закономерность в эволюции линий SARS-CoV-2 в Андском сообществе, подтверждающую быструю транснациональную передачу вируса. Данное исследование было частью региональных усилий по созданию интегративной транснациональной сети геномного надзора за SARS-CoV-2.

Viruses. 2025 Aug 31;17(9):1202.

doi: 10.3390/v17091202.

### **2. Long-Term Genomic Surveillance and Immune Escape of SARS-CoV-2 in the Republic of Korea, with a Focus on JN.1-Derived Variants**

Долгосрочное геномное наблюдение и уклонение от иммунного ответа SARS-CoV-2 в Республике Корея с акцентом на варианты, происходящие от JN.1

[Il-Hwan Kim](#)<sup>1</sup>, [Eun Ju Lee](#)<sup>1</sup>, [Jin Sun No](#)<sup>1</sup>, и др.

Целью исследования является анализ долгосрочных тенденций распространения вариантов и связанных с ними изменений иммунного ответа в Республике Корея. Было проведено полногеномное секвенирование на подтверждённых образцах пациентов, собранных с декабря 2020 года по май 2025 года, и сравнение распределения вариантов, генетического разнообразия и нейтрализации. В результате анализа в общей сложности 157 962 последовательностей генов было выявлено, что различные сублинии омикрон, включая BA.1, BA.2, BA.5, а затем JN.1, KP.3 и NB.1.8.1, последовательно циркулируют с течением времени. Нуклеотидное разнообразие генома SARS-CoV-2 постепенно увеличивалось после вспышки JN.1. Из протестированных вариантов в реакции нейтрализации с антисывороткой хомяка наименьшую нейтрализующую активность выявили в отношении Омикрон NB.1.8.1, начавшего циркулировать в 2025 году, – примерно в 6,6 раза ниже, чем в отношении JN.1. Это предполагает потенциальное расширение доминирования новых вариантов с повышенной иммунной устойчивостью. По мере продолжения трансмиссии SARS-CoV-2 могут появляться новые варианты с новыми характеристиками; поэтому непрерывный национальный геномный надзор и иммунологическая характеристика считаются критически важными для раннего выявления новых вариантов и разработки эффективных мер реагирования в области общественного здравоохранения.

Viruses. 2025 Aug 28;17(9):1177.

doi: 10.3390/v17091177.

### **3. Pathogenicity of SARS-CoV-2 Omicron Subvariants JN.1, KP.2, and EG.5.1 in K18-hACE2 Transgenic Mice**

Патогенность субвариантов омикрон SARS-CoV-2 JN.1, KP.2 и EG.5.1 у трансгенных мышей K18-hACE2

[Lila D Patterson](#)<sup>1, 2</sup>, [Amany Elsharkawy](#)<sup>1</sup>, [Hamid Reza Jahantigh](#)<sup>1</sup>,

Появление линии SARS-CoV-2 JN.1 в конце 2023 года ознаменовало собой значительный сдвиг в эволюции вируса. К январю 2024 года она вытеснила варианты ХВВ, став доминирующим штаммом во всем мире. JN.1 и его потомки антигенно отличаются от более ранних субвариантов Омикрон, имея примерно 30 дополнительных мутаций шипов по сравнению с вирусами, производными от ХВВ. Сочетание этих особенностей с растущими доказательствами значительного ускользания от иммунного ответа побудило FDA рекомендовать обновить формулы вакцин для таргетирования JN.1, а не ХВВ.1.5. Продолжающееся доминирование вариантов, производных от JN.1, требует характеристики вирусной инфекции на усто-

явшихся моделях животных для оценки эффективности вакцины и выяснения взаимодействий хозяина и патогена, определяющих исходы заболевания. В этом исследовании трансгенные мыши, экспрессирующие человеческий ACE2, были инфицированы субвариантами SARS-CoV-2 JN.1, KP.2 и EG.5.1 для сравнения патогенности вирусов SARS-CoV-2 линий JN.1 и ХВВ. Инфицирование JN.1 и KP.2 приводило к ослабленному заболеванию, при этом у животных проявлялись минимальные клинические симптомы и не наблюдалась значительная потеря веса. Напротив, у мышей, инфицированных EG.5.1, наблюдалось быстрое прогрессирование до тяжелого клинического заболевания, значительная потеря веса и 100% смертность в течение 7 дней после заражения. Все варианты эффективно реплицировались в верхних и нижних дыхательных путях и вызывали значительную патологию легких. В частности, EG.5.1 приводил к нейроинвазивной инфекции с достаточно высокой вирусной нагрузкой в головном мозге. Кроме того, заражение EG.5.1 приводило к значительному увеличению популяций CD8<sup>+</sup> Т-клеток и CD11b<sup>+</sup> CD11c<sup>+</sup> дендритных клеток в инфицированных легких.