

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 11 по 17 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 11 по 17 октября 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 17 октября 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 17 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:531-	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.B.1	25A	JN.1 + S:531-, S:F186L, S:R190S, S:R346T, S:V445R, S:F456L, S:Q493E, S:K1086R, S:V1104L	01-07-2024	24-01-2025 LP.B.1 Initial Risk Evaluation 03 February 2025
NB.1.B.1	25B	JN.1 + S:T22N, S:F59S, S:G184S, S:A435S, S:F456L, S:T478I, S:Q493E	22-01-2025	23-05-2025 NB.1.B.1 Initial Risk Evaluation 23 May 2025
XFG	25C	JN.1 + S:T22N, S:531P, 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 – 17 509 468. За прошедшую неделю число депонированных последовательностей по сравнению с предыдущей неделей уменьшилось незначительно и составило 7 219, за неделю с 4 по 10 октября депонировано 6 220 геномов.

Удельный вес штаммов, депонированных из США и Великобритании за прошедшую неделю, как и на предыдущей неделе – 48,7%. составил 48,7% от всех последовательностей, размещенных в GISAID (5 334 109 и 3 184 921 геномов соответственно).

Всего в базу данных GISAID депонировано геномов варианта Omicron – 8 434 541, за анализируемую неделю размещено новых геномных последовательностей – 6 706, т.е. 92,9 % от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 99,1 %). Российскими лабораториями размещено 94 864 генома вируса SARS-COV-2, в том числе геномных последовательностей варианта Omicron – 48 942.

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 – 27 стран (12,7%).

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 и XFG.3 (рис. 1).

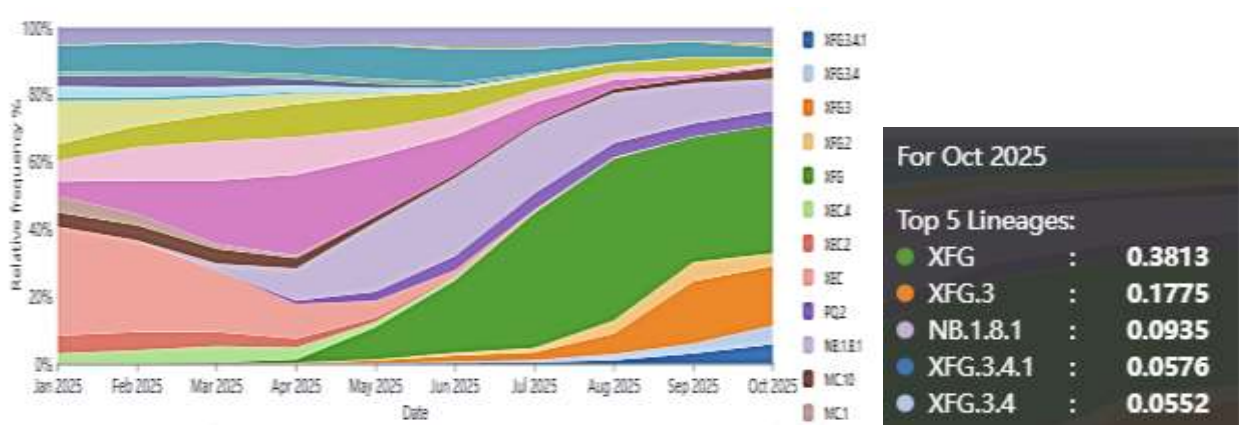


Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 17 октября 2025 г.)

Распространение в регионах ВОЗ субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID по состоянию на 17 октября 2025 г. представлено на рисунках 2, 3 и 4. В Американском и Европейском регионах на текущей неделе по-прежнему доминировал штамм XFG и его сублинии. В динамике наблюдается незначительный рост распространения варианта XFG и его сублиний в сравнении с прошедшей неделей (в Американском регионе – на 2,53%), в Европейском – на 0,34%) (рис. 2).

В странах Африки доля доминирующего варианта XFG и его сублиний среди циркулирующих вариантов по сравнению с предыдущей неделей (с 4 по 10 октября) снизилась на 10% (рис 3). В Западно-Тихоокеанском регионе преобладали варианты: NB.1.8.1 со снижением распространения в сравнении с предыдущей неделей на 20,3%; XFG.3 (рост распространения на 9,47%) и сублиния варианта JN.1 – MC.10.2.

Данные о циркулирующих штаммах в регионах Юго-Восточной Азии и Восточного Средиземноморья в базе GISAID не обновлялись и представлены по состоянию на сентябрь 2025 г. (рис. 4).

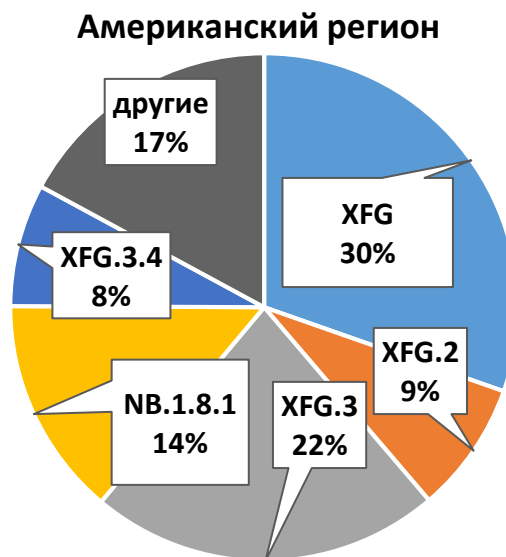
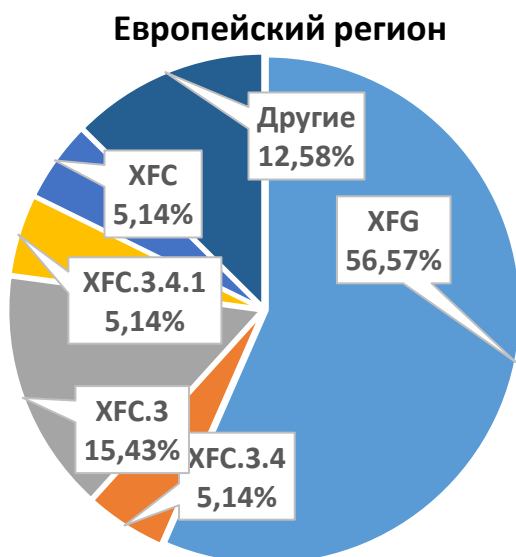


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в Европейском и Американском регионах

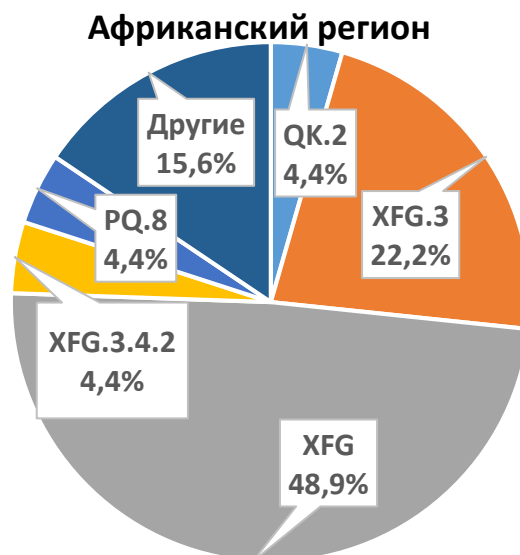
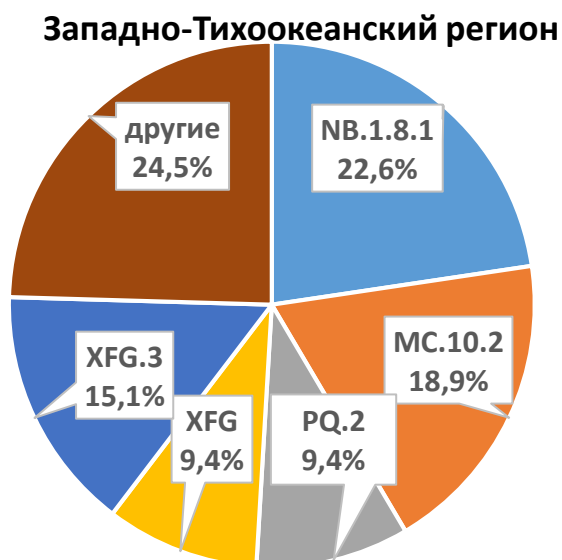


Рисунок 3 Распространение субвариантов Omicron в Западно-Тихоокеанском и Африканском регионах

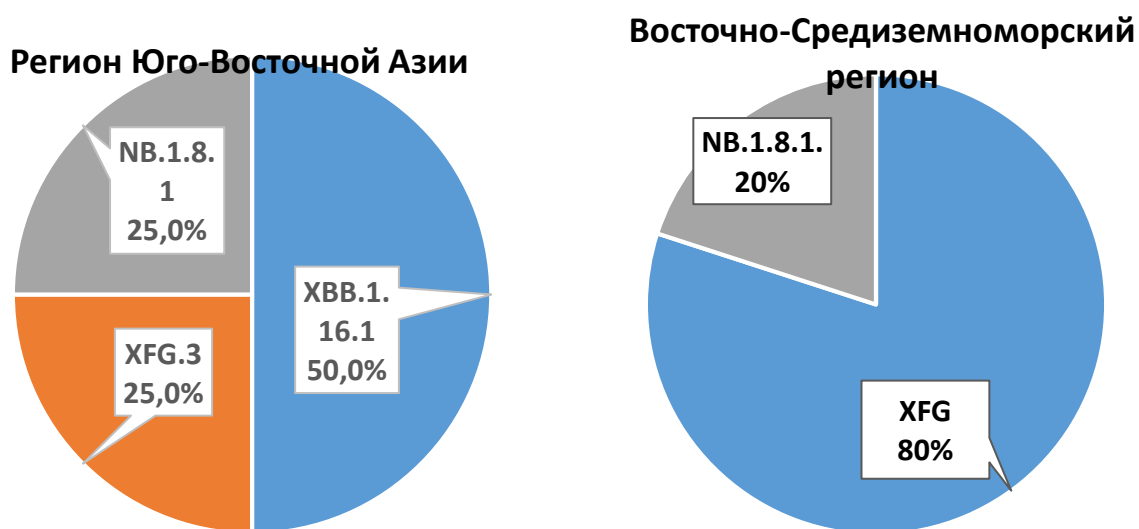


Рисунок 4 Распространение субвариантов Omicron в регионах Юго-Восточной Азии и Восточного Средиземноморья

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

Геномные последовательности субварианта JN.1 представлены из 152 стран. За прошедшую неделю распространенность субварианта зарегистрирована на уровне 6,1% (на уровне прошедшей недели).

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 – 2,6%.

В базе данных GISAID геномные последовательности субварианта XEC представлены из 86 стран, распространенность – менее 1%.

В GISAID геномы варианта LP.8.1 размещены из 69 стран, за текущую неделю распространенность осталась на уровне 3,0 %.

Циркуляция субварианта NB.1.8.1 («Nimbus») установлена в 56 странах. На текущей неделе распространенность в мире составила 15,9% (снижение на 6,7%). За последние 4 недели удельный вес NB.1.8.1 среди секвенированных штаммов составил в странах: Китае, Японии, Австралии, Великобритании, Канаде, Испании на уровне 100%, 95,8%, 49,4%, 17,8%, 15,9%, 11,7% соответственно.

Субвариант XFG («Stratus») секвенирован в как минимум 82 странах, на текущей неделе его распространение в мире составило 87,4%. За последние 4 недели удельный вес субварианта составил в Польше – 95,4%, Чехии – 92%, Нидерландах – 88,3%, Италии – 87,1%, Испании – 82,8%, Франции – 81,3%, США – 80,9%, Германии – 80,3%, Канаде – 74,4%, Великобритании – 73,4%, Сингапуре – 65,5%.

Публикации

1. iScience. 2025 Aug 6;28(9):113318.
doi: 10.1016/j.isci.2025.113318. eCollection 2025 Sep 19.

Evolution of the SARS-CoV-2 spike protein in utilizing host transmembrane serine proteases

Эволюция шиповидного белка SARS-CoV-2 в аспекте использования трансмембранных сериновых протеаз хозяина

Aleksandra Milewska, Luis Fernando Cofas-Vargas, Adolfo B Poma, Krzysztof Pyrc

Проникновение SARS-CoV-2 в клетки хозяина зависит от протеолитической активации шиповидного белка протеазами хозяина, процесса, сформированного мутациями шиповидного белка, которые влияют на специфичность и инфекционность вируса. Используя эпителиальные модели дыхательных путей человека, авторы изучали, как различные варианты SARS-CoV-2 взаимодействуют с сериновыми протеазами хозяина. Вариант Delta продемонстрировал усиленное и стабильное связывание с хепсином за счет более сильных ионных и гидрофобных взаимодействий, способствуя эффективной активации шиповидного белка и проникновению в клетку. Напротив, Omicron BA.1 продемонстрировал более слабое связывание с хепсином и больше полагался на TMPRSS2 или катепсины, в зависимости от клеточного контекста. Эти результаты показывают, как специфичные для вариантов различия в использовании протеаз связаны с мутациями шиповидного белка и эволюцией сайта расщепления. Описывая динамическое взаимодействие между адаптацией вируса и специфичностью протеазы хозяина, эта работа дает представление о механизмах, которые влияют на передачу вируса и уклонения от иммунного реагирования, что имеет значение для разработки целевых противовирусных стратегий и понимания эволюции появляющихся вариантов SARS-CoV-2.

2. J Infect Dev Ctries. 2025 Sep 30;19(9):1322-1329. doi: 10.3855/jidc.19720.

Whole genome sequencing and analysis of the clinical implications of SARS-CoV-2 strains

Полногеномное секвенирование и анализ клинических проявлений для штаммов SARS-CoV-2

Firuze Soyak, Tugba Sari, Onur Tokgun и др.

Было проведено полногеномное секвенирование штаммов SARS-CoV-2, выделенных от 21 пациента с COVID-19. Были проанализированы частота струк-

турных изменений вируса и их влияние на клинические проявления заболевания. Мутация в области гена шипа Q493R выявлялась чаще у пациентов, получивших четыре или более доз вакцины против COVID-19 ($p = 0,043$). Клинический эффект мутаций в области гена шипа R346K и A263T (впервые зарегистрированных в Турции), выявленных у пациента, получившего четыре дозы вакцины в течение 3 месяцев до заражения COVID-19, может быть связан с ускользанием от гуморального ответа. Мутация в гене шипа R21T может усиливать проникновение вируса в клетки кишечника и, как следствие, может быть причиной тяжёлого клинического течения и желудочно-кишечных симптомов. У пациента, инфицированного субвариантом Omicron BA.2 с мутацией в гене шиповидного отростка L452M, наблюдалось значительное повышение воспалительных показателей, что позволяет предположить, что данная мутация может спровоцировать чрезмерный иммунный ответ и гипервоспаление. Это первое исследование, проведённое в Турции, в котором оценивалось клиническое влияние вариаций в последовательностях у вариантов SARS-CoV-2. Необходимо дальнейшее изучение клинического влияния этих результатов на более обширной популяции пациентов в большем количестве центров, а также проведение дополнительных исследований с применением секвенирования.

3. Biochem Genet. 2025 Oct;63(5):4770-4789. doi: 10.1007/s10528-024-10962-8. Epub 2024 Nov 8.

Genomic Surveillance and Molecular Characterization of SARS-CoV-2 Variants During the Peak of the Pandemic in Türkiye

Геномный мониторинг и молекулярная характеристика вариантов SARS-CoV-2 в период пика пандемии в Турции

Faruk Berat Akçeşme, Tuğba Kul Köprülü, Burçin Erkal Çam, Şeyma İş, Birsen Cevher Keskin, Betül Akçeşme, Kürşad Nuri Baydili, Bahar Gezer, Jülide Balkan, Bihter Uçar, Osman Gürsoy, Mehmet Taha Yıldız, Halil Kurt, Nevzat Ünal, Celalettin Korkmaz, Özlem Bayraktar Saral, Barış Demirkol, Yasemin Çağ, Hilal Abakay, Şükran Köse, Hasan Türkeş, Kenan Çadırcı, Mustafa Altındış, Yasemin Derya Gülseren, Nuray Aslan, Abdulkadir Özel, Muhammet Atıf Karagöl, Neslihan Mutluay, Şaban Tekin

SARS-CoV-2 — это коронавирус с высокой степенью заразности, вызвавший пандемию острого респираторного заболевания. Геномная характеристика SARS-CoV-2 важна для мониторинга и оценки его эволюции. Всего было собрано 1346 образцов мазков из носоглотки, но только 879 высококачественных ге-

номов SARS-CoV-2 были выделены, подвергнуты секвенированию нового поколения и проанализированы как статистически, так и с точки зрения мутаций. Также было изучено распределение кластеров и линий в разных городах Турции и связь вариантов SARS-CoV-2 с возрастными группами и клиническими характеристиками COVID-19. Кроме того, в течение 10 месяцев наблюдалась частота появления кластеров и линий. Наконец, с помощью анализа мутаций были выявлены несинонимичные мутации, не характерные для конкретных вариантов SARS-CoV-2 (за этот период). Варианты SARS-CoV-2 B.1.1.7 (Alpha) и B.1.617.2 (Delta), которые также были выявлены в ходе нашего исследования в период с марта по декабрь 2021 года. Мы обнаружили значительную связь между вариантами SARS-CoV-2 и возрастными группами, а также городами. Кроме того, E:T9I, S:A27S, S:A67V, S:D796Y, S:K417N, S:N440K, S:R158X, S:S477N (частота ниже 1 %) были определены как специфические мутации, характерные для появившегося позднее варианта «Омикрон». Наше исследование подчёркивает важность постоянного мониторинга генетического разнообразия SARS-CoV-2 для разработки более эффективных стратегий профилактики и способствует пониманию эволюции SARS-CoV-2 от прошлого до настоящего.