

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 18 по 24 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 18 по 24 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 24 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 24 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 – 17 515 773. За прошедшую неделю число депонированных последовательностей по сравнению с предыдущей неделей уменьшилось в 1,1раза и составило 6 305, за неделю с 11 по 17 октября депонировано 7 219 геномов.

Удельный вес штаммов, депонированных из США и Великобритании за прошедшую неделю составил 48,6% (на предыдущей неделе – 48,7%) от всех последовательностей, размещенных в GISAID (5 335 810 и 3 184 459 геномов соответственно).

Всего в базу данных GISAID депонировано геномов варианта Omicron – 8 440 686, за анализируемую неделю размещено новых геномных последовательностей – 6 145, т.е. 97,5 % от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 (на прошлой неделе – 92,9 %). 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.

По данным GISAID EpiCoV, как и на прошедшей неделе, в мире доминирующими геновариантами среди циркулирующих штаммов вируса SARS-CoV-2 являются: XFG и XFG.3 с ростом распространения на 4,6% и 1,7% соответственно (рис. 1).

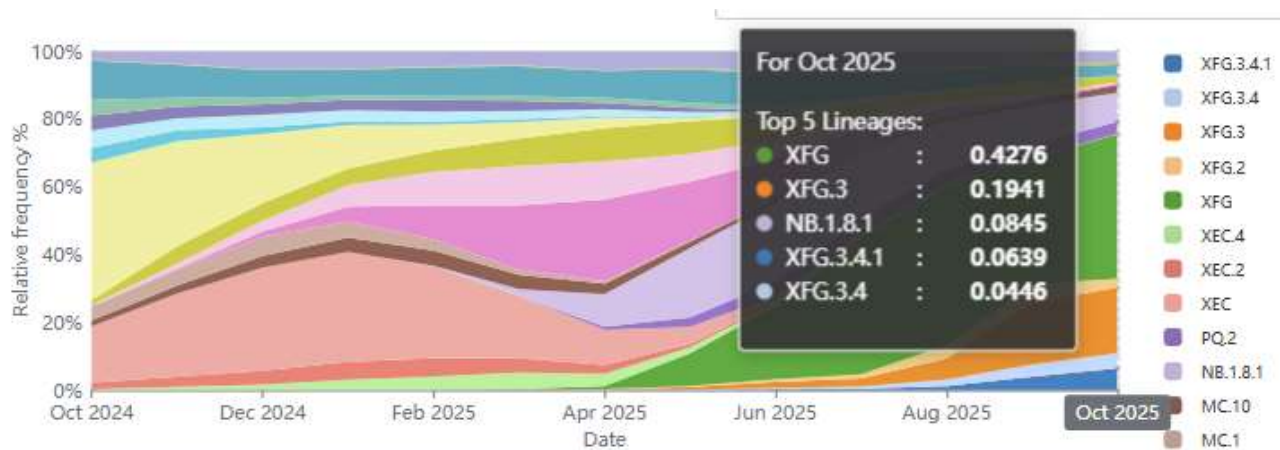


Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 24 октября 2025 г.)

Распространение в регионах ВОЗ субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID по состоянию на 24 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 (74,1% и 83% соответственно). В динамике наблюдается рост распространения варианта XFG и его сублиний в сравнении с прошедшей неделей (в Американском регионе – на 5,17%), в Европейском – на 0,7%) (рис. 2).

В Западно-Тихоокеанском регионе преобладали варианты: NB.1.8.1 и его сублиния PQ.2 с ростом распространения в сравнении с предыдущей неделей на 2,3% и XFG и XFG.3 (снижение распространения на 2,3%) и сублиния варианта JN.1 – PQ.2. (рис 3).

Данные о циркулирующих штаммах в регионах Африки, Юго-Восточной Азии и Восточного Средиземноморья в базе GISAID за неделю с 18 по 24 октября 2025 г. не обновлялись. (рис. 3-4).

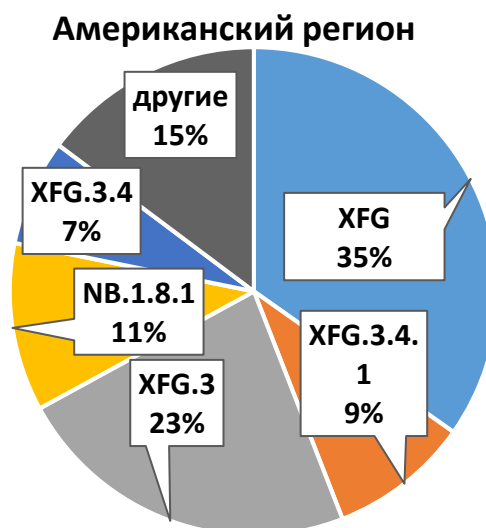
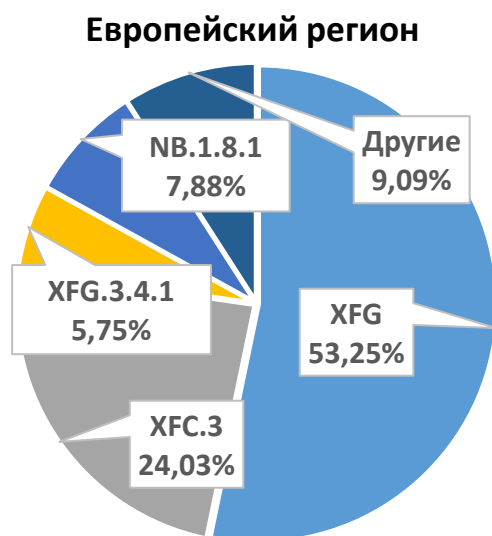


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в Европейском и Американском регионах

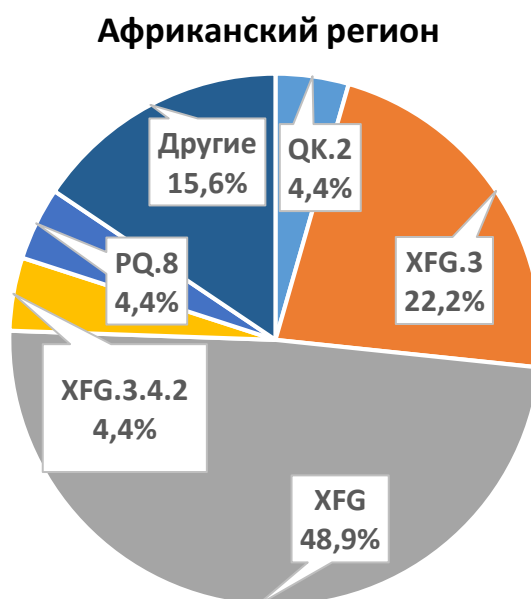
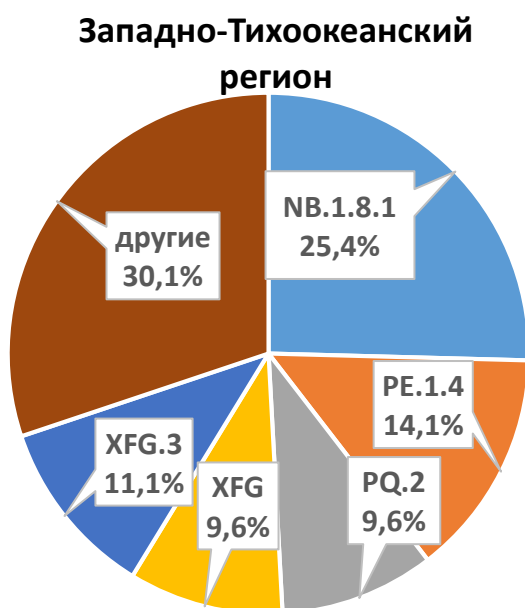
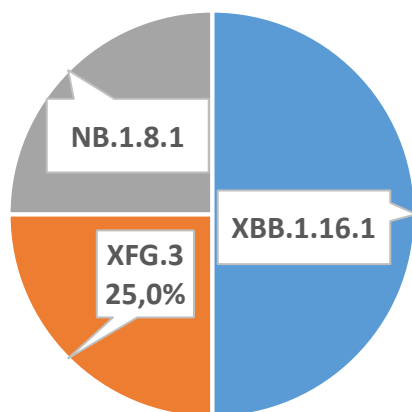


Рисунок 3 Распространение субвариантов Omicron в Западно-Тихоокеанском и Африканском регионах

Регион Юго-Восточной Азии



Восточно-Средиземноморский регион

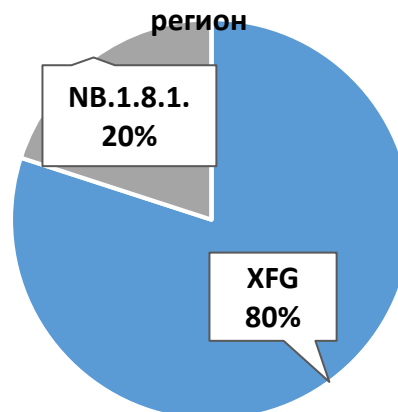


Рисунок 4 Распространение субвариантов Omicron в регионах Юго-Восточной Азии и Восточного Средиземноморья

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

Геномные последовательности субварианта JN.1 представлены из 152 стран. За прошедшую неделю распространенность субварианта зарегистрирована на уровне 3,2%.

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 – 0,9%.

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

В GISAID геномы варианта LP.8.1 размещены из 69 стран, за текущую неделю распространенность снизилась до 2,5 %.

Циркуляция субварианта NB.1.8.1 («Nimbus») установлена в 56 странах. На текущей неделе распространенность в мире составила 15,7% (снижение на 0,2%). За последние 4 недели удельный вес NB.1.8.1 среди секвенированных штаммов составил в странах: Китае, Японии, Австралии, Гонконге, Канаде, Испании на уровне 96%, 95%, 49%, 43%, 15%, 11% соответственно.

Субвариант XFG («Stratus») секвенирован в как минимум 82 странах, на текущей неделе его распространение в мире составило 84,7%. За последние 4 недели удельный вес субварианта составил в Чехии – 92%, Нидерландах – 88,3%, Италии – 87,1%, Германии – 84%, Испании – 82,8%, Франции – 81,3%, США – 80,9%, Канаде – 74,4%, Великобритании – 73,4%, Сингапуре – 65,5%, Австралии – 53,5%.

Публикации

1. PLoS One. 2025 Oct 21;20(10):e0333093.

doi: 10.1371/journal.pone.0333093. eCollection 2025.

Investigating the evolutionary dynamics and mutational pattern of SARS-CoV-2 spike gene on selected SARS-CoV-2 variants

Исследование эволюционной динамики и мутационного профиля гена шипа SARS-CoV-2 у выбранных вариантов SARS-CoV-2

[Bachir Balech](#), [Alessandra Lo Presti](#), [Claudia Telegrafo](#), и др.

Описан эволюционный подход к исследованию в сочетании с мутационным анализом гена шипа SARS-CoV-2 для аннотации и потенциального отслеживания важных вариаций аминокислотных участков конкретного функционального домена, необходимого для выживания вируса. Этот подход был применен к XBB*, EG* и BA* и их сублиниям, доступным в GISAID. Кроме того, рассмотрены основные представляющие интерес варианты (Альфа, Дельта, Омикрон) и штамм Wuhan-Hu-1 в качестве референс. Филогенетическое дерево максимального правдоподобия было построено из полного набора данных, в то время как анализ давления отбора и мутационный анализ проводились для отдельных вариантов отдельно. Полученное филогенетическое дерево аминокислотной последовательности гена Spike показало чёткое разделение вирусных вариантов, а также ожидаемый порядок их появления. Этот результат подтвердил значимость результатов анализа давления отбора в сочетании с частотами мутаций аминокислот, которые во многих случаях демонстрировали линейный и параллельный тренд. Это также позволило выдвинуть гипотезу о потенциальной важности низкочастотных мутаций в новых потенциальных вариантах вируса. Данное исследование представляет собой ценный источник информации, которую следует учитывать в программах регулярного мониторинга. Кроме того, описанная здесь структура анализа представляет собой отправную точку для дальнейшей стандартизации, оптимизации и применения к различным типам данных и в крупномасштабных исследованиях.

2. doi: <https://doi.org/10.1101/2025.10.17.683094> (Препринт)

Predicting SARS-CoV-2 evolution dynamics with spatiotemporal resolution by DMS-empowered protein language model

Прогнозирование динамики эволюции SARS-CoV-2 с пространственно-временным разрешением с помощью модели белкового языка, основанной на DMS

Sijie Yang, Xiaowei Luo, Jiejian Luo, Fanchong Jian, Yunlong Cao

Ранняя идентификация новых доминирующих вариантов SARS-CoV-2 крайне важна для эффективной готовности к пандемии, однако существующие методологии сталкиваются со значительными ограничениями. Экспериментальная характеристика требует больших затрат и не подходит для наблюдения в режиме реального времени, в то время как существующие вычислительные подходы не позволяют достичь удовлетворительной точности в прогнозировании будущих доминирующих линий и не способны уловить пространственно-временную динамику приспособленности под влиянием меняющегося иммунного давления хозяина. В работе представлен DeepCoV (DMS-Empowered Evolution Prediction of CoronaVirus), фреймворк глубокого обучения для динамической идентификации новых вариантов с высоким потенциалом превентивности. Он интегрирует фенотипы мутаций, полученные с помощью глубокого мутационного сканирования (DMS), с данными эпидемиологического надзора, отражающими историческую эволюцию вируса и динамический ландшафт приспособленности. DeepCoV точно предсказал доминирование недавно циркулирующих линий за месяц вперед, достигнув 90% снижения уровня ложных обнаружений, одновременно фиксируя временную и географическую динамику распространения вариантов и реконструируя траектории их региональной распространенности. Более того, DeepCoV выявил мутационные очаги в остовах, полученных от омикрон, *in silico*, выявив тенденции конвергентной эволюции. Это масштабируемое решение позволяет своевременно выявлять варианты, ускользающие от иммунитета, и предупреждать о критических мутациях, предоставляя полезную информацию для обновления вакцин и наблюдения за пандемиями.

3. Virus Res. 2025 Oct;360:199626. doi: 10.1016/j.virusres.2025.199626. Epub 2025 Sep 1.

Mutation profiling, evolution analysis, molecular dynamics simulation, and functional characterization of Omicron sub-strains

Профилирование мутаций, эволюционный анализ, моделирование молекулярной динамики и функциональная характеристика субштаммов «Омикрона»

Tian Gong 1, Xuan Zhang, Haiyan Lin, Jing Li, Jiaqi Tao, Ting Zeng, Xinyi Ren, Zhiting Xie, Xiao Lei, Sufeng Zhang, Chengsheng Zhang

Продолжающаяся мутация и эволюция SARS-CoV-2 представляют серьёзную угрозу для глобального здравоохранения, и их функциональное воздействие ещё предстоит изучить. В этой статье мы проанализировали давление отбора на 49 субштаммов «Омикрона» на уровне генов и аминокислот. Мы также изучили влияние мутаций на аффинность связывания между рецептор-связывающим доменом (RBD) и ангиотензинпревращающим ферментом 2 (АПФ2) и оценили способность RBD избегать иммунного ответа на моноклональные антитела (mAb) с помощью моделирования молекулярной динамики на восьми репрезентативных подвариантах «Омикрона» (B.1.1.529, BA.2, XBB.1.5, BA.2.86, JN.1, KP.2, KP.3 и KP.3.1.1). Мы идентифицировали 12 сайтов мутаций положительной селекции на вирусном S-белке, включая 11 сайтов мутаций в N-концевом домене (NTD) и областях RBD. Большое количество накопленных сайтов мутаций привело к увеличению аффинности связывания с рецепторами B.1.1.529 и BA.2.86. В частности, "сальтаторная" эволюция BA.2.86 достигла максимального сродства к связыванию. Мутация E484K продемонстрировала самую высокую аффинность связывания в BA.2.86 и его производных. Новые участки мутации либо не влияли на аффинность связывания (R346T, L455S и F456L), либо снижали аффинность (K356T и Q493E), что отражает колебания общей силы связывания с рецептором. Мутации и укороченные конформационные эпитопы в рецептор-связывающем домене могут способствовать уклонению от иммунного ответа в вариантах BA.2.86. Кроме того, мы обнаружили, что моноклональное антитело ABBV-47D11 может связываться с участками мутации в рецептор-связывающем домене различных мутантных штаммов. Наши результаты могут помочь понять, как эволюционируют штаммы SARS-CoV-2, и разработать новые стратегии борьбы с инфекцией SARS-CoV-2.