

Дмитриева Л. Н., Чумачкова Е.А., Краснов Я.М., Мартынова 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 8 по 14 ноября 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 8 по 14 ноября 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 14 ноября 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 14 ноября 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 – 17 531 009. За прошедшую неделю число депонированных последовательностей по сравнению с предыдущей неделей увеличилось в 1,2 раза и составило 5 860, за неделю с 1 по 7 ноября депонировано 4 723 генома.

Удельный вес штаммов, депонированных из США и Великобритании за прошедшую неделю, как и на предыдущей неделе, составил 48,6% от всех последовательностей, размещенных в GISAID (5 340 028 и 3 187 053 геномов соответственно).

Удельный вес геномов варианта Omicron от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 за анализируемую неделю составил 40,9 % (на предыдущей неделе – 85,1 %). 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 14 стран (6,6%) депонировали новые геномные последовательности Omicron в GISAID, на предыдущей неделе – 28 стран (13,1%).

По данным GISAID EpiCoV, как и на предыдущей неделе, в мире доминирующими геновариантами среди циркулирующих штаммов вируса SARS-CoV-2 являются: XFG и XFG.3 (рис. 1).

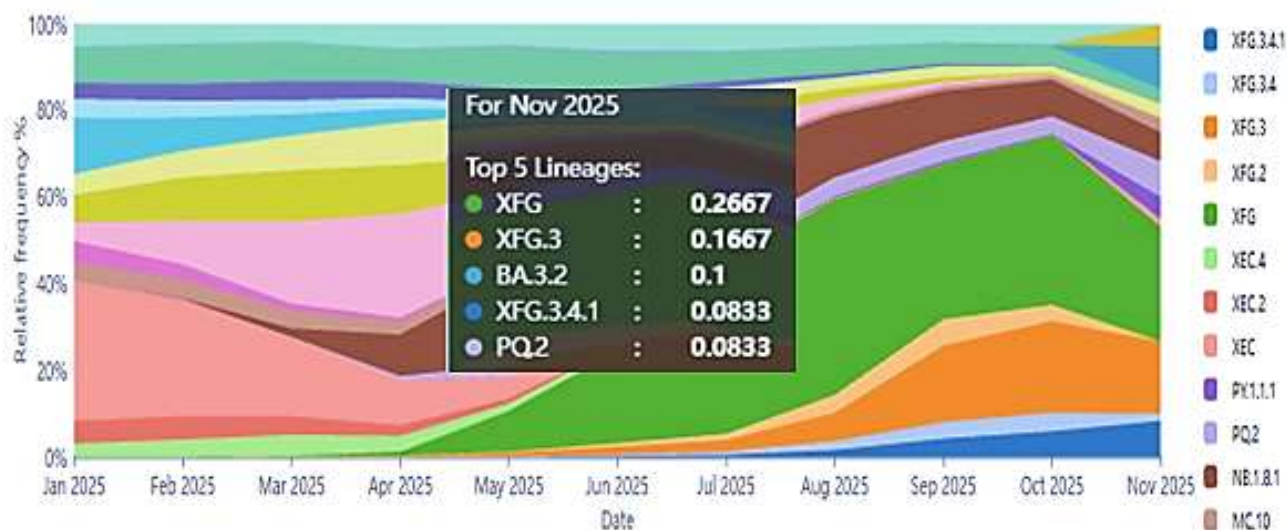


Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 14 ноября 2025 г.)

Распространение в регионах ВОЗ субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID по состоянию на 14 ноября 2025 г. представлено на рисунках 2, 3 и 4. В Европейском и Американском регионах на текущей неделе по-прежнему доминировал штамм XFG и его сублинии (80,1% и 72,3% соответственно). В динамике распространения варианта XFG и его сублиний в сравнении с предыдущей неделей наблюдается рост в Европейском регионе – на 3,5, в Американском регионе – на 2,7%, (рис. 2).

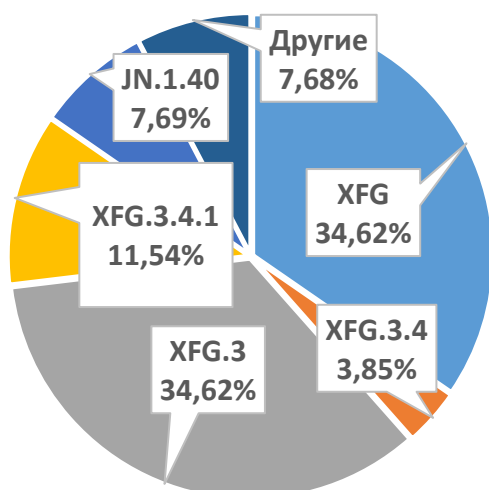
В Западно-Тихоокеанском регионе преобладали варианты: NB.1.8.1 и его сублиния PQ.2 со снижением распространения в сравнении с предыдущей неделей на 17,6 % (рис 3).

В Африканском регионе доминируют вариант XFG и его сублиния – XFG.3, составляя 55,6% от размещенных геномных последовательностей, снижение распространения на 20,8% (рис 3).

Регион Юго-Восточной Азии вирус SARS-COV-2 в GISAID на анализируемой неделе представляли сублинии NB.1.8.1 (50%) и XFG (25%).

Данные о циркулирующих штаммах в регионе Восточного Средиземноморья в базе GISAID за неделю с 8 по 14 ноября 2025 г. не обновлялись. (рис. 4).

Европейский регион



Американский регион

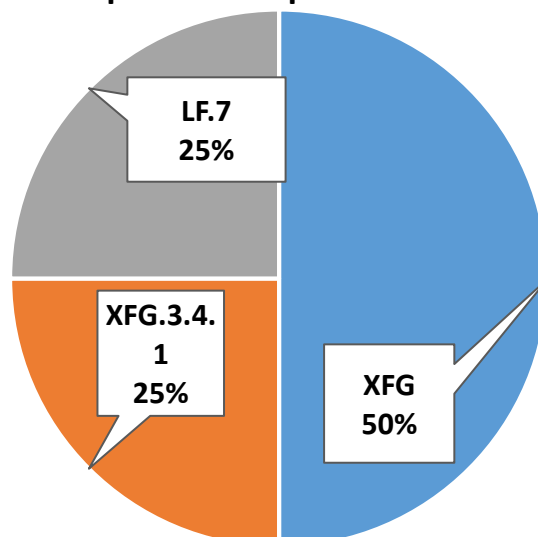
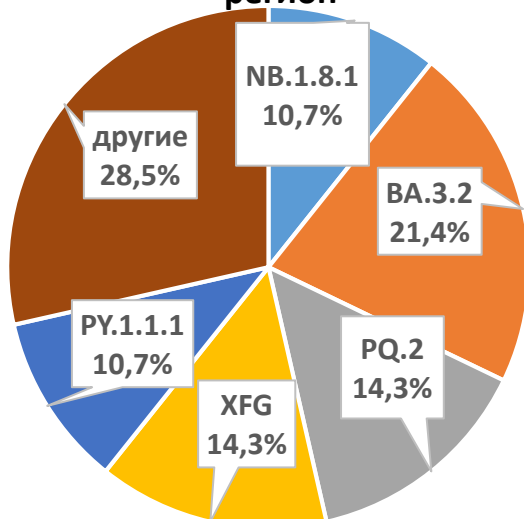


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в Европейском и Американском регионах

Западно-Тихоокеанский регион



Африканский регион

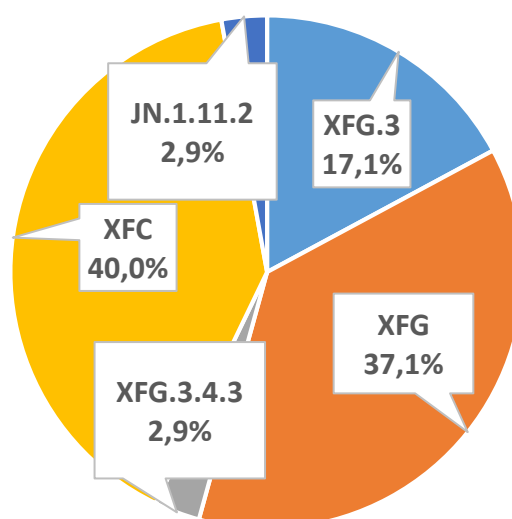


Рисунок 3 Распространение субвариантов Omicron в Западно-Тихоокеанском и Африканском регионах

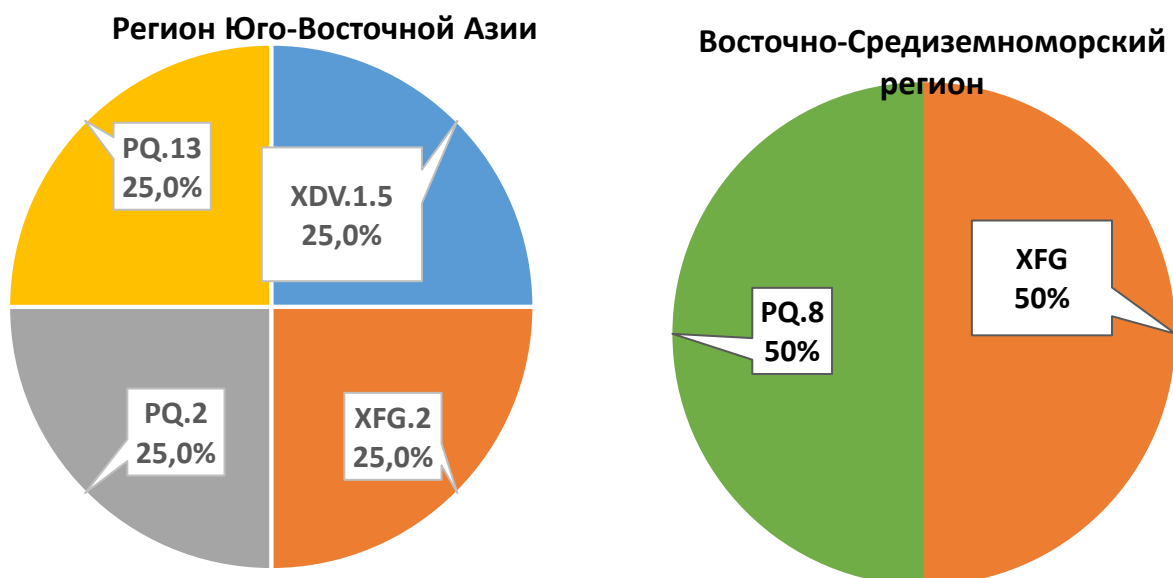


Рисунок 4 Распространение субвариантов Omicron в регионах Юго-Восточной Азии и Восточного Средиземноморья

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

Геномные последовательности субварианта JN.1 представлены из 155 стран. За прошедшую неделю распространенность субварианта зарегистрирована на уровне 3,6%.

Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)

С момента идентификации в базе данных GISAID распространение субварианта KP 3.1.1 зарегистрировано в 83 странах. За анализируемую неделю распространенность оценивается на низком уровне – 1,9%.

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

В GISAID геномы варианта LP.8.1 размещены из 73 стран, на текущей неделе распространенность осталась на уровне 1,1 %.

Циркуляция субварианта NB.1.8.1 («Nimbus») установлена в 62 странах. На текущей неделе распространенность в мире составила 15,6% (рост на 7,4%). За последние 4 недели NB.1.8.1 секвенировали преимущественно в Великобритании, Канаде, Германии, Гонконге, Японии.

Субвариант XFG («Stratus») секвенирован в как минимум 83 странах, на текущей неделе распространение в мире XFG и его сублиний составило 53,64% (снижение на 18%). За последние 4 недели распространение субварианта оценивается в Франции – 85%, США – 82,5%, Испании – 84,9%, Канаде – 77,9%, Великобритании – 66,7%.

Публикации

1. doi: <https://doi.org/10.1101/2025.06.16.25329694> This article is a preprint

Evaluation of the evolution of SARS-CoV-2 Omicron variant and the spreading of LP.8.1 and NB.1.8.1

Оценка эволюции варианта SARS-CoV-2 Омикрон и распространения LP.8.1 и NB.1.8.1

Buqing Yi

До настоящего времени наше понимание тенденций эволюции и распространения SARS-CoV-2 по-прежнему ограничено. Быстрое распространение новых вариантов омикрон LP.8.1 и NB.1.8.1 породило множество вопросов относительно хода эволюции и тенденций распространения. В данном исследовании авторы проанализировали эволюционные взаимоотношения между репрезентативными субвариантами омикрон и исследовали тенденцию распространения, проанализировав относительное преимущество в распространении новых вариантов омикрон LP.8.1 и NB.1.8.1. Результаты выявили небольшое относительное преимущество в распространении LP.8.1 и гораздо большее относительное преимущество NB.1.8.1 по сравнению с циркулирующими субвариантами BA.2.86/JN.1, включая LP.8.1, что указывает на то, что NB.1.8.1, возможно, станет следующим доминирующим вариантом во всем мире. Поскольку NB.1.8.1 является продуктом сложных эволюционных событий, распространение этого варианта еще больше усложнит прогнозирование будущей эволюции и тенденций распространения SARS-CoV-2, что подчеркивает важность и необходимость проведения геномного надзора и мониторинга эволюции SARS-CoV-2.

2. doi: <https://doi.org/10.1101/2025.10.28.25338993> This article is a preprint

Genetic Diversity Drives the Rate and Fitness Jumps of Detectable SARS-CoV-2 Recombination

Генетическое разнообразие определяет скорость и приспособленность обнаруживаемой рекомбинации SARS-CoV-2

Kyle Smith, Pranav Gangwar, Joel O. Wertheim, Yatish Turakhia

Вирусная рекомбинация широко считается мощным фактором адаптации, однако эпидемиологические факторы, которые на нее влияют, и степень ее вклада в общее повышение приспособленности вируса остаются плохо изученными. В этом исследовании авторы используют трехлетние обширные геномные и эпидемиологические данные, собранные по всему миру для SARS-CoV-2 во время пандемии COVID-19, в сочетании с крупномасштабными методами объективного вывода рекомбинации, чтобы исследовать рекомбинацию через эпидемиологическую призму. Используя более 2000 событий рекомбинации, выведенных из 16 миллионов геномов SARS-CoV-2, авторы показывают, что скорость обнаруживаемой рекомбинации в первую очередь определяется постоянным вирусным генетическим разнообразием в популяции и, в меньшей степени, количеством инфекций. Их анализ подчеркивает, что >80% обнаруживаемых событий рекомбинации производят вирусы с нейтральной или сниженной приспособленностью, что указывает на то, что рекомбинация согласуется с «почти нейтральной теорией молекулярной эволюции». Они также обнаружили, что рекомбинация вызывает более существенные сдвиги в приспособленности — как положительные, так и отрицательные — чем замены отдельных нуклеотидов, особенно когда рекомбинанты возникают из генетически дивергентных родительских линий. Рекомбинация между генетически дивергентными родителями может приводить к двум типам эпидемиологических последствий. В очень редких случаях, <0,8% всех событий рекомбинации, она может приводить к высококонтагиозным вариантам со значительным и немедленным повышением приспособленности. Кроме того, кажущиеся нейтральными эффекты приспособленности, возникающие в результате рекомбинации между дивергентными родителями, которые возникают чаще (12,4% всех рекомбинантов), могут представлять собой менее выраженный риск, открывая новые области в ландшафте приспособленности, тем самым создавая новые пути для быстрой адаптации. Эти результаты не только углубляют понимание вирусной рекомбинации, но и имеют важное значение для геномного надзора во время пандемии, например, для выявления периодов высокого риска появления рекомбинантных вариантов и определения направлений вмешательства.

3. doi:<https://doi.org/10.1101/2025.10.27.684767> This article is a preprint

Structural constraints acting on the SARS-CoV-2 spike protein reveal limited space for viral adaptation

Структурные ограничения, действующие в отношении шиповидного белка SARS-CoV-2, указывают на ограниченность возможностей для адаптации вируса

[View ORCID Profile](#)James C Herzig, [Michael L Magwira](#), [View ORCID Profile](#)Simon C Lovell

Пандемия SARS-CoV-2 вызвала беспрецедентную научную реакцию. Благодаря огромному масштабу глобального секвенирования геномов, определению структуры белков и целенаправленным исследованиям динамики белков и их вариантов был создан уникальный набор данных, который представляет собой ценный ресурс для понимания динамики эволюции вирусов. Предыдущий анализ эволюции SARS-CoV-2 выявил скачкообразную динамику, при которой вирусные варианты возникают в результате крупных эволюционных скачков без генетических промежуточных звеньев, представленных в базе данных последовательностей. Мы используем обширные наборы данных о SARS-CoV-2, чтобы изучить роль структурных ограничений белка в эволюции SARS-CoV-2 и выяснить, могут ли эти эволюционные скачки быть вызваны тем, что спайковый белок вируса попадает в новые области жизнеспособного пространства последовательностей. Мы применяем несколько вычислительных методов для прогнозирования структурных ограничений на основе различных структурных данных и оцениваем, как эти ограничения менялись в ходе эволюции вариантов SARS-CoV-2. Эти прогнозы подтверждаются данными о заменах из глобальной базы данных последовательностей SARS-CoV-2. Мы обнаружили, что все методы прогнозирования указывают на то, что структурные ограничения, с которыми сталкиваются определённые участки, претерпели очень незначительные изменения, несмотря на значительную фенотипическую эволюцию S-белка SARS-CoV-2. Ни один вычислительный метод прогнозирования не выявил структурных ограничений для сигнатурных мутаций в вариантах, вызывающих обеспокоенность, независимо от того, структура какого варианта вируса используется для прогнозирования. Мы также разработали модель машинного обучения для оценки жизнеспособности замен, объединив методы прогнозирования эволюционных ограничений с информацией о локальном структурном контексте. Это подтверждает наши выводы: на эффективность модели практически не влияет использование структур различных вариантов вируса. Мы также не обнаружили снижения общей доли доступных замен с течением времени, как можно было бы ожидать, если бы S-белок входил в новое пространство последовательностей и исследовал его в ходе эволюции вариантов. Эти результаты свидетельствуют о том, что, несмотря на высокую скорость мутаций, S-белок SARS-CoV-2 подчиняется строгим структурным ограничениям, и показывают, что вирусные геномы обладают ограниченной пластичностью после заражения нового носителя.