

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 29 ноября по 5 декабря 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 29 ноября по 5 декабря 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 4 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 5 декабря 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 5 декабря 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 – 17 540 965. За прошедшую неделю число депонированных последовательностей по сравнению с предыдущей неделей уменьшилось в 1,2 раза и составило 2 827, за неделю с 22 по 28 ноября депонировано 3 484 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 (5 342 655 и 3 187 706 геном соответственно).

Всего в базу данных GISAID депонировано геномов варианта Omicron (B.1.1.529) – 8 413 491. Удельный вес геномов варианта Omicron (B.1.1.529) от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 за анализируемую неделю составил 53,8 % (на предыдущей неделе – 35,2 %). Отмечается снижение доли исходного варианта Омикрон (B.1.1.529) среди циркулирующих штаммов SARS-CoV-2 и замена его свои субварианты.

Российскими лабораториями размещено 95 466 геномов 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 12 стран (5,6%) депонировали новые геномные последовательности Omicron в GISAID, на предыдущей неделе – 14 стран (6,6%).

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).

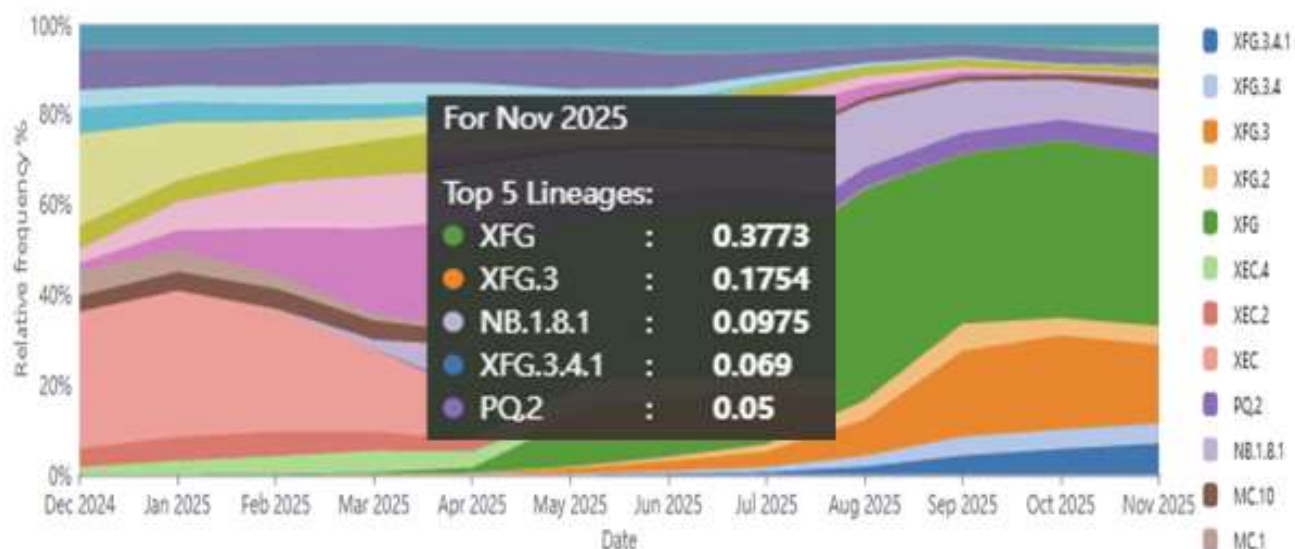


Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 5 декабря 2025 г.)

Распространение в регионах ВОЗ субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID по состоянию на 5 декабря 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 (74,4% и 78,1% соответственно). В динамике распространения варианта XFG и его сублиний в сравнении с предыдущей неделей наблюдается рост в Европейском регионе – на 1%, рост в Американском регионе – на 4,5%, (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 14,1 % (рис 3).

В Африканском регионе доминируют вариант XFG, составляя 57,4% от размещенных геномных последовательностей с ростом распространения в сравнении с предыдущей неделей на 21,4% (рис 3).

Восточно-Средиземноморский регион вирус SARS-COV-2 в GISAID на анализируемой неделе представляли сублинии NB.1.8.1 (50%) и XFG (25%).

Данные о циркулирующих штаммах в регионах Восточно-Средиземноморском и Юго-Восточной Азии в базе GISAID за неделю с 29 ноября по 5 декабря 2025 г. не обновлялись. (рис. 4).

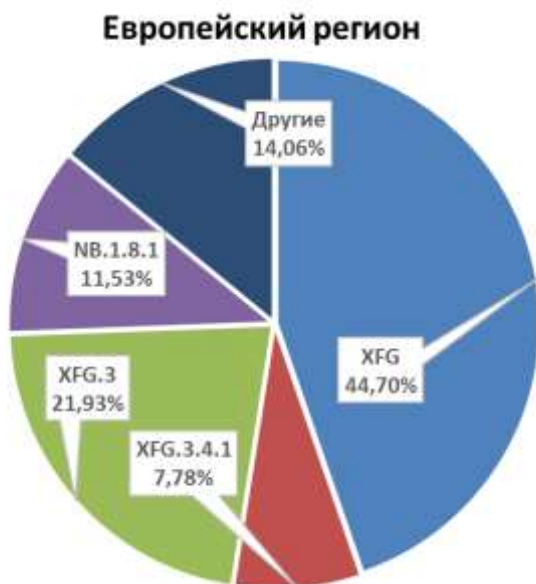


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в Европейском и Американском регионах

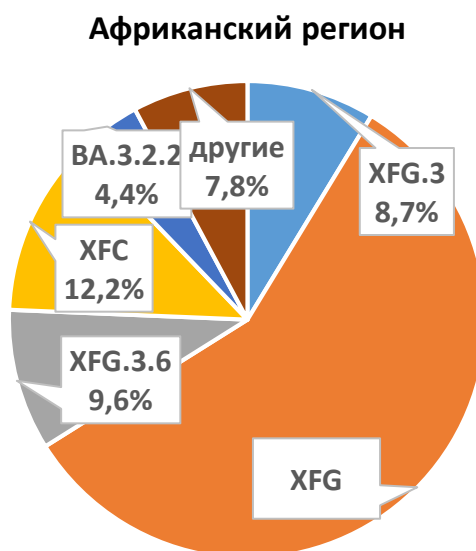
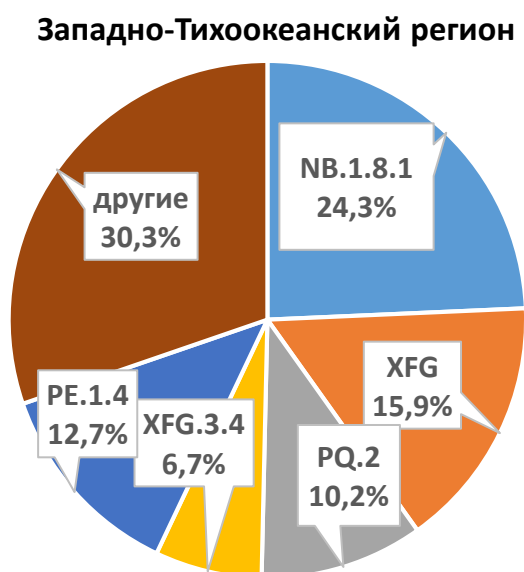


Рисунок 3 Распространение субвариантов Omicron в Западно-Тихоокеанском и Африканском регионах

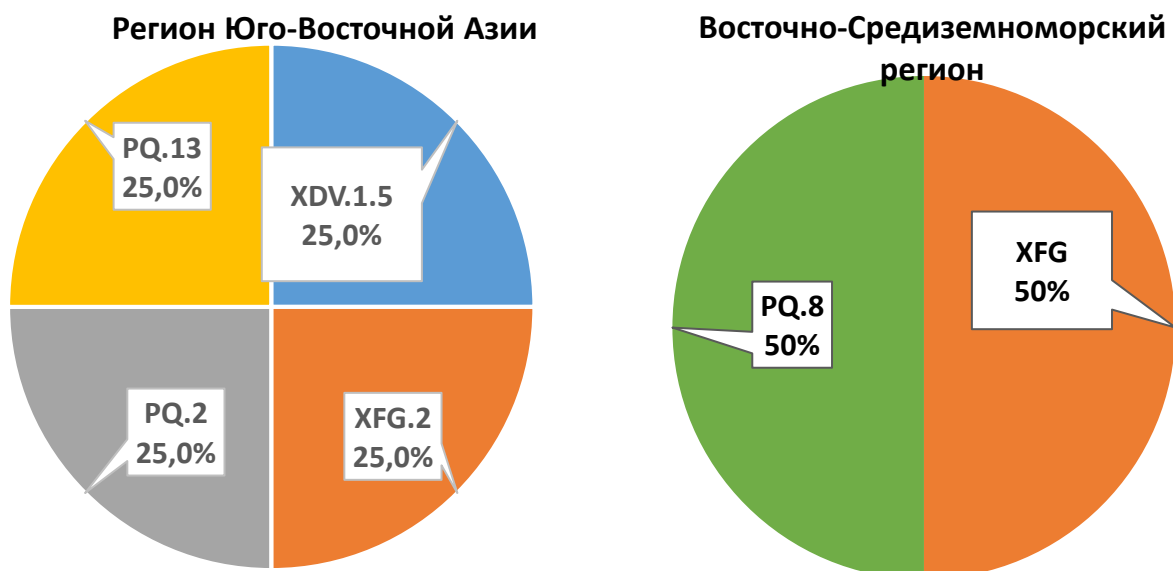


Рисунок 4 Распространение субвариантов Omicron в регионах Юго-Восточной Азии и Восточного Средиземноморья

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

Геномные последовательности субварианта JN.1 представлены из 155 стран. За прошедшую неделю распространенность субварианта зарегистрирована на уровне 2,6%.

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 – 1,0%.

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

В GISAID геномы варианта LP.8.1 размещены из 73 стран, на текущей неделе распространенность составляет 0,3 %.

Циркуляция субварианта NB.1.8.1 («Nimbus») установлена в 62 странах. На текущей неделе распространенность в мире составила 6,3%. За последние 4 недели NB.1.8.1 секвенировали преимущественно в Великобритании, Канаде, США.

Субвариант XFG («Stratus») секвенирован в как минимум 87 странах, на текущей неделе распространение в мире XFG и его сублиний составило 70,8% (рост на 2,5%).

Публикации

1. bioRxiv [Preprint]. 2025 Nov 19:2025.11.18.689118. doi: 10.1101/2025.11.18.689118.

Epistasis and background dependence in the evolution of Omicron variants of the SARS-CoV-2 Spike protein

Эпистаз и фоновая зависимость в эволюции омикронных вариантов белка-шипа SARS-CoV-2

[Alief Moulana](#), [Thomas Dupic](#), [Michael M Desai](#)

Быстрое и повторное появление вариантов SARS-CoV-2, особенно линии Омикрон, подчеркивает способность вируса адаптироваться к меняющемуся иммунному давлению. Центральным молекулярным «полем битвы» в этой эволюционной гонке вооружений является домен связывания рецептора шиповидного отростка (RBD), который должен поддерживать высокое сродство к человеческому рецептору ACE2, одновременно уклоняясь от распознавания нейтрализующими антителами. В этом исследовании сконструировали и проанализировали несколько комбинаторных библиотек вариантов RBD SARS-CoV-2, охватывающих основные ветви эволюции Омикрона, включая BA.1, BA.2, BA.5, XBB и JN.1. Используя высокопроизводительные анализы отображения и связывания, авторы картировали эффекты тысяч мутаций и их комбинаций на связывание ACE2 и уклонение от антител. Их результаты показывают, что, хотя многие мутации RBD имеют аддитивные эффекты, несколько мутаций взаимодействуют эпистатически фоновозависимым образом. В частности, выявлены синергетические взаимодействия между мутациями BA.1 и BA.5, которые усиливают способность вируса ускользать от антител, что, вероятно, способствует появлению рекомбинантных вариантов и конвергентной эволюции. Напротив, некоторые мутации демонстрируют ограниченную генетической линией совместимость, что указывает на потенциальные ограничения будущих эволюционных траекторий. Комплексные карты генотип-фенотип выявляют как неровные, так и гладкие области вирусного ландшафта приспособленности и подчёркивают важность эпистаза в формировании эволюции SARS-CoV-2. Эти результаты расширяют возможности прогнозирования будущих вирусных вариантов и создают основу для понимания того, как коэволюция хозяина и патогена происходит на молекулярном уровне.

2. J Infect Public Health. 2025 Nov 29;19(2):103075. doi: 10.1016/j.jiph.2025.103075. Online ahead of print.

Genomic evolution and epidemiological impact of SARS-CoV-2 omicron subvariants in Taiwan, 2023-2025

Геномная эволюция и эпидемиологическое воздействие омикронных субвариантов SARS-CoV-2 в Тайване в 2023–2025 гг.

Li-Teh Liu ¹, Chao-Ju Chen ², Po-Chih Chen ³, и др.

Продолжающаяся эволюция сублиний SARS-CoV-2 омикрон требует постоянного геномного и эпидемиологического надзора. В данном исследовании изучались геномная эпидемиология, национальные тенденции и клинические аспекты SARS-CoV-2 на Тайване с ноября 2023 года по февраль 2025 года. Проанализировали молекулярные и клинические характеристики локальной когорты ($n = 22$) с юга Тайваня. Динамика заболеваемости и смертности оценивалась на основе данных общенационального надзора с учетом изменений в определениях случаев. Более широкий геномный надзор включал 1782 тайваньские последовательности из GISAID для характеристики распространения и эволюции субвариантов омикрон с учетом графика внедрения вакцин XBB.1.5 и JN.1. Геномный надзор выявил значительный эпидемиологический сдвиг, обусловленный последовательностью вариантов: JN.1 и его потомки (например, KP.2, KP.3) заменили субварианты, связанные с XBB, что совпало с волнами инфекции в начале и середине 2024 года. Более строгое национальное определение случая «тяжелой осложненной формы COVID-19», введенное в сентябре 2024 года, существенно изменило эпидемиологические показатели, снизив число зарегистрированных случаев, но увеличив летальность. В локальной когорте не наблюдалось значимой связи между полом, возрастом, значением C_t , количеством сопутствующих заболеваний, статусом вакцинации и госпитализацией или тяжестью заболевания, вероятно, из-за ограниченного размера выборки. В общенациональном масштабе лица в возрасте ≥ 65 лет были непропорционально представлены среди тяжелых случаев и летальных исходов, при этом риск был повышен у лиц с сопутствующими заболеваниями и низким охватом вакцинацией против XBB.1.5/JN.1 в последнее время. На Тайване наблюдалась динамическая эволюция вируса SARS-CoV-2 омикрон, в которой доминировал JN.1 и его производные, что привело к последующим волнам заражения. Изменения в национальных определениях случаев привели к существенным артефактам наблюдения, затрудняющим интерпретацию бремени болезни. Хотя национальные данные подтверждают, что пожилой возраст является ключевым фактором риска тяжёлых исходов, эти результаты подчёркивают важность целевых стратегий вакцинации

и интегрированных систем наблюдения, способных отличать последствия вирусной эволюции от изменений в отчётности, обусловленных политикой.

3. Med Sci Monit. 2025 Dec 1;31:e952217. doi: 10.12659/MSM.952217.

Editorial: COVID-19 Six Years on and Endemic Omicron Variants of SARS-CoV-2 Under Monitoring Now Include NB.1.8.1 (Nimbus) and XFG (Stratus)

Редакционная статья: COVID-19 спустя шесть лет, эндемичные варианты SARS-CoV-2 омикрон, находящиеся под наблюдением, теперь включают NB.1.8.1 (Nimbus) и XFG (Stratus)

Dinah V Parums 1

К 2 ноября 2025 года общее число случаев COVID-19, о которых поступили сообщения в ВОЗ с 2020 года, составило 778 900 250. 25 июня 2025 года Техническая консультативная группа ВОЗ по эволюции вируса (TAG-VE) сообщила об оценке риска для двух вариантов SARS-CoV-2 Omicron, находящихся под наблюдением (VUM), NB.1.8.1 (Nimbus) и XFG (Stratus). В конце 2025 года геномный анализ вируса SARS-CoV-2, вызывающего заболевание, выявил его как наиболее распространённый циркулирующий вирус, вызывающий COVID-19. Цель данной редакционной статьи – подчеркнуть, что спустя шесть лет после первых сообщений о случаях SARS-CoV-2, приведших к пандемии COVID-19, самоуспокоенность в вопросах инфекционного контроля и эпиднадзора привела к тревожному росту числа случаев заражения эндемичными вариантами вируса группы «Омикрон», включая NB.1.8.1 (Nimbus) и XFG (Stratus).

4. medRxiv [Preprint]. 2025 Nov 22:2025.11.21.25340589.

doi: 10.1101/2025. 11.21.25340589.

SARS-CoV-2 Evolution in an HIV-Endemic Setting: A Genomic Epidemiology Study from Botswana

Эволюция SARS-CoV-2 в эндемичном по ВИЧ регионе: геномное эпидемиологическое исследование из Ботсваны

Xuhua Geng, Ivan Barilar, Monamodi Kesamang

ВИЧ-инфекция может влиять на динамику инфекции SARS-CoV-2 посредством длительной репликации вируса и изменения иммунного ответа, однако

популяционные геномные данные из ВИЧ-эндемичных регионов ограничены. Ботсвана, страна с высокой распространенностью ВИЧ и развитой инфраструктурой геномного надзора, представляет собой важный объект для изучения влияния вариаций иммунитета хозяина на эволюцию вируса в период «омикрон». Проведено популяционное геномное эпидемиологическое исследование в округе Большой Габороне в период с июня 2022 года по ноябрь 2024 года. Из 404 образцов, положительных на SARS-CoV-2, 387 имели высококачественные геномы ($St < 35$). Филогенетические деревья были реконструированы с помощью IQ-TREE, откалиброваны по времени с помощью TreeTime и визуализированы в Nextstrain для иллюстрации смены генеалогических линий и закономерностей кластеризации. Метаданные участников, включая ВИЧ-статус и историю вакцинации, были обобщены и включены в филогенетические визуализации для аннотации последовательностей по ВИЧ-статусу. Было выявлено шесть последовательных волн сублиний омикрон (BA.4/BA.5, BQ/FN, XBB, BA.2.86, KP и XEC.9), что согласуется с повторными заносами вируса, а не с устойчивой локальной диверсификацией. Последовательности от ВИЧ-положительных и ВИЧ-отрицательных индивидуумов были широко разбросаны по всему дереву, что указывает на отсутствие разделения по ВИЧ-статусу на уровне популяции. Однако небольшие диады ВИЧ-положительных хозяев наблюдались в сублиниях BA, JN и KP. В популяции, получающей интенсивное лечение и вакцинацию, ВИЧ-инфекция не привела к фундаментальным изменениям эволюционных траекторий SARS-CoV-2 на популяционном уровне. Однако незначительная кластеризация среди ВИЧ-положительных хозяев предполагает возможные специфичные для хозяина эффекты, что подчеркивает важность непрерывного геномного мониторинга, объединяющего иммунологические и клинические данные хозяина для выявления ранних сигналов вирусной адаптации.

5. Pathogens. 2025 Oct 26;14(11):1091. doi: 10.3390/pathogens14111091.

Phylogenetics of SARS-CoV-2 Lineages B.1.1.7, B.1.1.529 and B.1.617.2 in Nigeria Suggests Divergent Evolutionary Trajectories

Филодинамика линий SARS-CoV-2 B.1.1.7, B.1.1.529 и B.1.617.2 в Нигерии предполагает расходящиеся эволюционные траектории

Babatunde O Motayo ¹, Olukunle O Oluwasemowo ², Anyebe B Onoja ³

Первые месяцы пандемии COVID-19 характеризовались высокой частотой передачи вируса и смертностью, что усугублялось появлением множества линий

SARS-CoV-2, включая варианты, вызывающие опасения (VOC). Данное исследование изучает филодинамические и пространственно-временные тенденции VOC во время пика пандемии в Нигерии. Данные полногеномного секвенирования (WGS) трёх основных VOC, циркулирующих в Нигерии: B.1.1.7 (Альфа), B.1.617.2 (Дельта) и B.1.1.529 (Омикрон), были проанализированы с использованием таких инструментов, как Nextclade, R Studio v4.2.3 и BEAST X v10.5.0. Были охарактеризованы пространственное распределение, эволюционная история, предковые интродукции вируса и закономерности географического распространения. Были выявлены три основные линии, соответствующие номенклатуре ВОЗ: Альфа, Дельта и Омикрон. Вариант «Дельта» продемонстрировал самое широкое географическое распространение, обнаруженное в 14 штатах, в то время как вариант «Альфа» был наименее распространенным, выявленным только в восьми штатах, но присутствовавшим в течение большинства изученных эпидемиологических недель. Темпы эволюции несколько варьировались, при этом вариант «Альфа» демонстрировал самую низкую скорость ($2,66 \times 10^{-6}$ замен/сайт/год). Анализ вирусной популяции выявил четкие закономерности: вариант «Омикрон» поддерживал высокие темпы роста популяции с течением времени, в то время как вариант «Дельта» снижался после первоначальной экспансии. Самые ранние значения времени до появления последнего общего предка (TMRCA) соответствовали самым ранним вспышкам SARS-CoV-2 в мире. Географический анализ передачи показал преимущественное распространение всех вариантов от побережья к внутренним районам, при этом вариант «Омикрон» продемонстрировал наиболее диффузное распространение, что подчеркивает коммерческие пути как значимые движущие факторы распространения вируса. Эпидемия SARS-CoV-2 в Нигерии характеризовалась множественными заносами вариантов и доминирующим распространением от побережья к внутренним районам, что подчеркивает, что, несмотря на меры изоляции, коммерческие торговые пути играли решающую роль в распространении вируса. Эти результаты дают представление о стратегиях борьбы с пандемиями и готовности к будущим вспышкам заболеваний.

6. Virol J. 2025 Nov 26. doi: 10.1186/s12985-025-03020-1. Online ahead of print.

The virology of Omicron: pathophysiology, immune regulation, and clinical impact of SARS-CoV-2 sub variants

Вирусология Омикрона: патофизиология, иммунная регуляция и клиническое влияние подвариантов SARS-CoV-2

Nistha Mishra # 1 2 , Tanya Goel # 1 3 , Nisarg Gangani 4 , и др.

Целью данного обзора является комплексное исследование вирусологии, патофизиологии и системных проявлений Омикрона и его новых субвариантов по состоянию на июль 2025 года в Индии. Обсуждают механизмы их проникновения и репликации, взаимодействие с рецепторами ACE2 и TMPRSS2, а также уклонение от иммунного ответа хозяина. Особое внимание уделяется полиорганному поражению помимо дыхательной системы, включая нейрореспираторную дисрегуляцию, сердечно-сосудистые осложнения, поражение печени, желудочно-кишечные расстройства и почечную дисфункцию. Кроме того, оценивается эффективность доступных вакцин, противовирусных препаратов и диагностических инструментов, а также новых клинических стратегий, таких как стимуляция блуждающего нерва, термомодуляция и тренировка дыхательных мышц. Объединяя молекулярные данные с клиническими результатами, этот обзор подчеркивает многогранную и системную природу заболевания, вызванного Омикрон. Авторы подчёркивают острую необходимость в вариант-специфической иммунизации, стратегиях раннего вмешательства и надёжном геномном мониторинге для смягчения долгосрочных последствий и обеспечения готовности к будущим вспышкам.