

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 13 по 19 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 13 по 19 декабря 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 5 декабря 2025 г. включены пять субвариантов, а именно KP.3.1.1, LP.8.1, NB.1.8.1, XFG и BA.3.2 (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 12 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
				<u>JN.1 Initial Risk Evaluation</u> <u>18 December 2023</u>
				<u>JN.1 Updated Risk</u> <u>Evaluation 9 February 2024</u>
				<u>JN.1 Updated Risk</u> <u>Evaluation 15 April 2024</u>

[#] Исключая сублинии JN.1, указанные как VUM

Таблица 2. Варианты, находящиеся под наблюдением (VUMs) и циркулирующие в настоящее время (по состоянию на 12 декабря 2025 г.)

Currently circulating variants under monitoring (VUMs) (as of 5 Dec. 2025)

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
L.P.3.1	25A	JN1 + S:531-, S:F186L, S:R190S, S:R346T, S:V445R, S:F456L, S:Q493E, S:K1086R, S:V1104L	01-07-2024	24-01-2025 L.P.3.1 Initial Risk Evaluation 03 February 2025
NB.1.8.1	25B	JN1 + S:T22N, S:F59S, S:G184S, S:A435S, S:F456L, S:T478L, S:Q493E	22-01-2025	23-05-2025 NB.1.8.1 Initial Risk Evaluation 23 May 2025
XFG	25C	JN1 + 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
BA.3.2		Relative to Index: P9L, R21T, P26L, A67V, H69-, V70-, T95I, I101T, C136-, N137-, D138-, P139-, F140-, L141-, G142-, V143-, Y144-, Y145-, H146-, K147-, F157S, N164K, S172F, K187T, N211-, L212L, A243-, L244-, P251S, I326V, G339Y, A348P, S371F, S373P, S375F, R403K, D405N, R408S, K417N, A435S, N440R, V445A, G446D, L452W, N460K, S477N, T478N, E484K, G496S, Q498R, N501Y, K529N, E554D, E583D, D614G, H625R, N641K, V642G, E654K, H655Y, N679R, P681R, A688D, S704L, N764K, K795T, D796Y, A852K, S939F, Q954H, N969K, P1162R, D1184E	22-11-2024	05-12-2025 BA.3.2 Initial Risk Evaluation 05 December 2025

На сегодняшний день в базе данных GISAID всего представлено геномов SARS-COV-2 – 17 552 320. За прошедшую неделю число депонированных последовательностей по сравнению с предыдущей неделей увеличилось в 1,1 раза и составило 5 825, за неделю с 6 по 12 декабря депонировано 5 530 геномов.

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 (5 347 345 и 3 188 013 геном соответственно).

Всего в базу данных GISAID депонировано геномов варианта Omicron (B.1.1.529) – 8 418 094. Удельный вес геномов варианта Omicron (B.1.1.529) от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 за анализируемую неделю составил 32,4% (на предыдущей неделе – 49,1 %). Отмечается снижение доли исходного варианта Омикрон (B.1.1.529) среди циркулирующих штаммов SARS-CoV-2 и замена его свои субварианты.

Российскими лабораториями размещено 96 274 генома вируса SARS-COV-2, в том числе геномных последовательностей варианта Omicron – 48 812.

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 доминирующим геновариантом среди циркулирующих штаммов вируса SARS-CoV-2 является XFG (рис. 1).

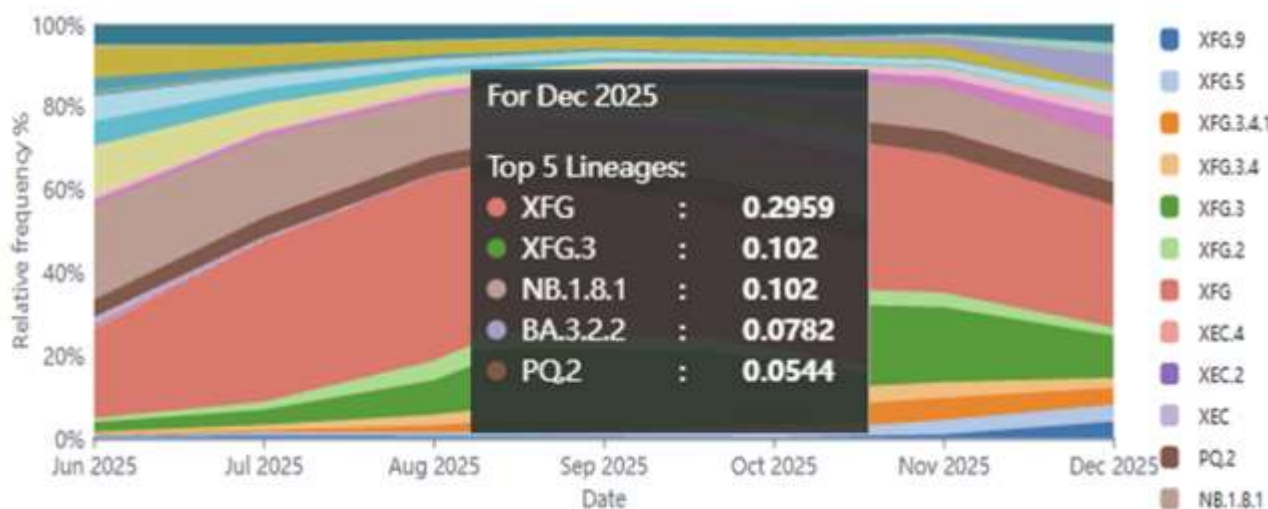


Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 19 декабря 2025 г.)

Распространение в регионах ВОЗ субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID по состоянию на 19 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 (37,4% и 67,0% соответственно). В динамике распространения варианта XFG и его сублиний в сравнении с предыдущей неделей наблюдается снижение в Европейском регионе – на 9,3%, и рост в Американском регионе – на 17,0%. (рис. 2).

В Западно-Тихоокеанском регионе доминировали варианты XFG и NB.18.1 (рис 3).

Из стран Юго-Восточной Азии регионе на анализируемой неделе в базе данных представлен вариант NB.18.1.

Данные о циркулирующих штаммах в регионах Африканском и Восточно-Средиземноморском в базе GISAID за неделю с 13 по 19 декабря 2025 г. не обновлялись. (рис. 3-4).

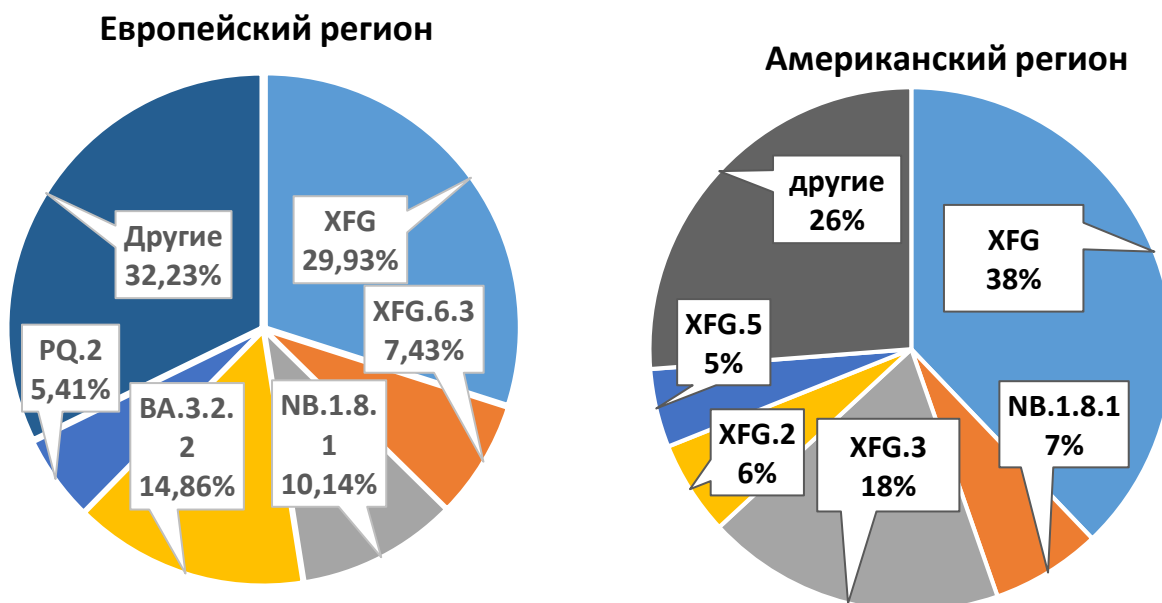


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в Европейском и Американском регионах

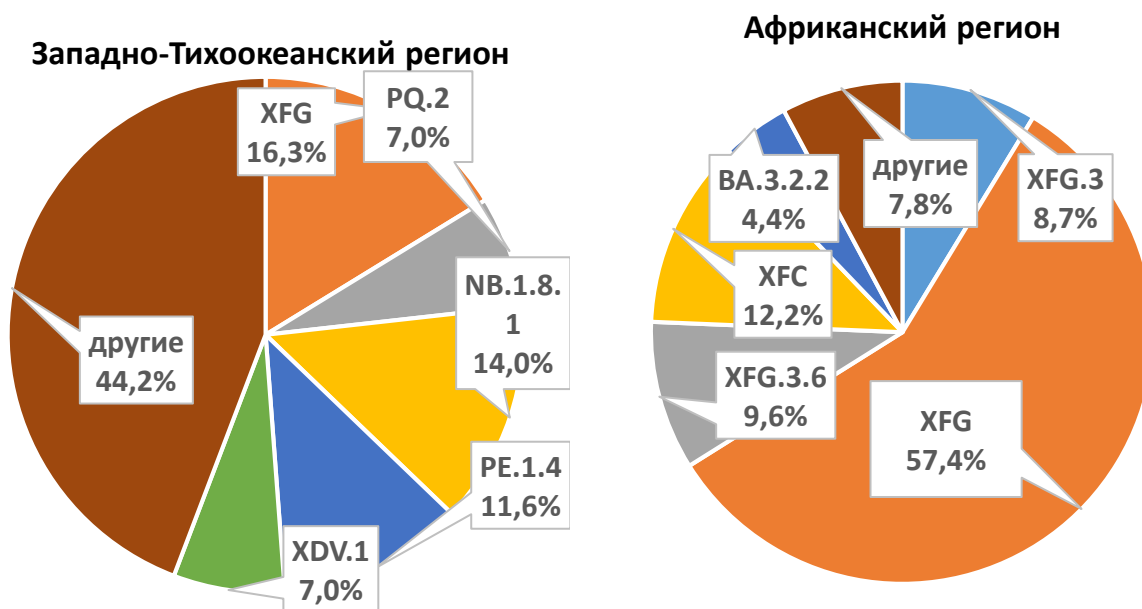


Рисунок 3 Распространение субвариантов Omicron в Западно-Тихоокеанском и Африканском регионах

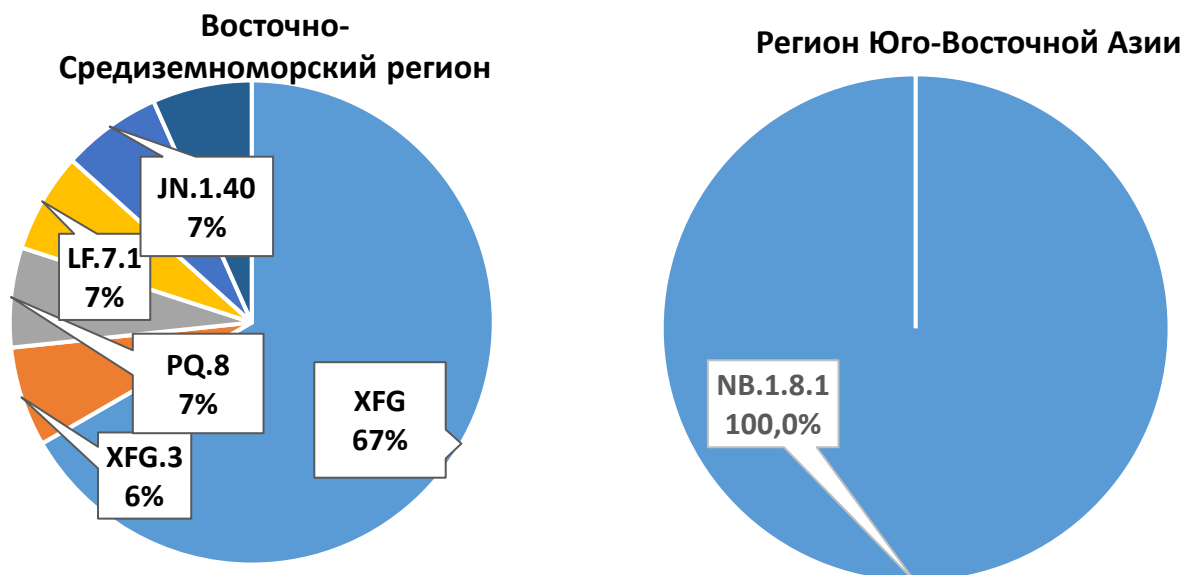


Рисунок 4 Распространение субвариантов Omicron в регионах Юго-Восточной Азии и Восточного Средиземноморья

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

Геномные последовательности субварианта JN.1 представлены из 154 стран. Доля варианта JN.1 продолжает снижаться. За прошедшую неделю распространенность субварианта зарегистрирована на уровне 2,3%.

Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)

С момента идентификации в базе данных GISAID распространение субварианта KP 3.1.1 зарегистрировано в 84 странах. За анализируемую неделю распространенность оценивается на низком уровне – 2,0%.

В GISAID геномы варианта LP.8.1 размещены из 74 стран, на текущей неделе распространенность составляет менее 1%.

Циркуляция субварианта NB.1.8.1 («Nimbus») установлена в 64 странах. В конце 2025 г. штамм NB.1.8.1 стал причиной крупной волны COVID-19 в Индии и Южной Азии

Субвариант XFG («Stratus») секвенирован в как минимум 90 странах, на текущей неделе распространение в мире XFG и его сублиний составило 60,3% (снижение на 2,6%).

VUM BA.3.2, впервые обнаруженный в ноябре 2024 года, продолжает обнаруживаться в низких количествах во всем мире; однако более высокие уровни

были зарегистрированы в ограниченных географических районах. По информации ВОЗ ВА.3.2 в настоящее время не демонстрирует явного преимущества в приспособленности по сравнению с вариантами, происходящими от JN.1; однако его будущий эволюционный потенциал остается неопределенным. За этими вариантами будет продолжаться наблюдение и/или их характеристика, и Техническая консультативная группа по составу вакцин против COVID-19 (TAG-COVAC) активно поддерживает текущую работу с Технической консультативной группой по эволюции вирусов (TAG-VE).

Публикации

1. Front Immunol. 2025 Nov 28;16:1726698.
doi: 10.3389/fimmu.2025.1726698. eCollection 2025.

Hidden players of COVID-19: the evolving roles of SARS-CoV-2 accessory proteins

Скрытые игроки COVID-19: меняющаяся роль вспомогательных белков SARS-CoV-2

[Miguel Padilla-Blanco](#) , [Tránsito García-García](#), [Juozas Grigas](#) и др.

Вспомогательные белки (ВБ) SARS-CoV-2, в частности ORF3a и ORF9b, стали ключевыми модуляторами взаимодействия хозяина и патогена и потенциальными факторами, способствующими развитию длительной формы COVID-19. Из 13 предсказанных ВБ только девять экспрессируются во время инфекции — так называемые ВБ, связанные с инфекцией, — в то время как остальные классифицируются как предполагаемые ВБ. Несмотря на это различие, значительное перекрытие генов среди ВБ подчеркивает замечательную адаптивность вирусного генома SARS-CoV-2. В этом обзоре рассматриваются разнообразные роли исходных ВБ штамма из Уханя и их аналогов из штаммов Омикрон в формировании иммунитета хозяина, с акцентом на их способность подавлять передачу сигналов интерферона I типа (IFN-I), модулировать клеточный метаболизм и запускать воспалительные/апоптотические пути. Благодаря интеграции иммунопатологических данных с эволюционной динамикой и структурными аспектами, данный обзор дает всестороннее понимание механизма, лежащего в основе сниженной патогенности Omicron, и освещает перспективные, но еще не изученные терапевтические мишени во вспомогательном протеоме SARS-CoV-2.

2. doi:<https://doi.org/10.1101/2025.11.10.25338449> This article is a preprint

Low Transmission of the Globally Dominant Recombinant SARS-CoV-2 XFG variant in Kenya, May-July 2025

Низкая распространённость глобально доминирующего рекомбинантного варианта XFG вируса SARS-CoV-2 в Кении, май — июль 2025 года

View ORCID ProfileArnold W. Lambisia, View ORCID ProfileJoyce Nyiro, Esther Nyadzua Katama, View ORCID ProfileDoreen Lugano, Angela W. Maina,

Martin Mutunga, Hillary Wafula, [View ORCID Profile](#)James Nyagwange, Philip Bejon, Simon Delicour, [View ORCID Profile](#)Edward C. Holmes, Isabella Ochola-Oyier, Charles J. Sande, [View ORCID Profile](#)Charles N. Agoti

Цель Продолжающаяся эволюция SARS-CoV-2 привела к появлению более 5200 генетически различных линий ПАНГО, эпидемиологические траектории которых различаются в разных регионах. В начале 2025 года появился новый рекомбинантный вариант SARS-CoV-2 под названием XFG, который к июню 2025 года преобладал в большинстве регионов мира. Здесь мы описываем интродукцию XFG и молекулярно-эпидемиологические закономерности в Кении, май-июль 2025 года.

Результаты из 7564 мазков из носоглотки/ротоглотки, взятых на трёх платформах для наблюдения (в сообществе и в двух амбулаторных центрах по лечению острых респираторных инфекций) и протестированных с помощью количественной ПЦР, только 23 (0,03 %) оказались положительными. Из них мы извлекли шесть почти полных геномов, которые были сопоставлены с линиями PANGO XFG.12, XFG.4.1, XFG.7 и XFG.21. Средний возраст пациентов с положительным результатом составил 18 лет (межквартильный размах 10,0–21,8), и у них наблюдались в основном такие симптомы, как насморк (47,6 %), кашель (42,9 %), боль в горле (33,3 %) и лихорадка (33,3 %). Филогенетический анализ, включающий 14 последовательностей из Найроби, депонированных в GISAID, позволил предположить, что в Кению было завезено не менее 13 случаев варианта XFG. Между кенийскими вариантами XFG.12 и XFG.4.1 были обнаружены аминокислотные различия в белках ORF1a (H45Y) и ORF1b (D1848X/Y) соответственно. Мы подтверждаем завоз, но ограниченную передачу варианта XFG в Кении в период с мая по июль 2025 года. Это наблюдение подчёркивает важность регионального геномного мониторинга для разработки подходящих и оптимальных мер вмешательства.

3. Hum Vaccin Immunother. 2025Dec;21(1):2485840. doi: 10.1080/21645515.2025.2485840. Epub 2025 Apr 11.

From Wuhan to Omicron K.P2 strain: A comprehensive review of SARS-CoV-2 phylogeny and public health implications of the latest booster vaccine

От Уханя до штамма Omicron K.P2: всесторонний обзор филогении SARS-CoV-2 и последствий последней бустерной вакцинации для общественного здравоохранения

Adewunmi Akingbola 1, Olajumoke Adewole 2, Abiodun Adegbesan 3, Favour Peters 4, Tolani Odukoya 5, Olusola Aremu 2, Oluwatimilehin Adeleke 2, Ayotomiwa Idris 6, Abdullahi Owolabi 7, Ademola Aiyenuro 8

Вирус SARS-CoV-2 продолжает эволюционировать, и вариант Omicron KP.2, потомок BA.2.86, вызывает беспокойство в сфере общественного здравоохранения из-за своего быстрого распространения и устойчивости к существующему иммунитету. В этом обзоре рассматривается филогенетическая эволюция SARS-CoV-2, особое внимание уделяется варианту KP.2 и его ключевым мутациям (R346T, F456L, V1104L), а также их эпидемиологическим последствиям. В докладе также обсуждается разработка и одобрение бустерной вакцины, адаптированной к штамму KP.2, которая, как показали клинические испытания, значительно усиливает иммунный ответ и защищает от симптоматического и тяжёлого течения болезни, особенно в уязвимых группах. Несмотря на успехи в разработке вакцин, сохраняются проблемы с их распространением и неравенством, особенно в странах с низким и средним уровнем дохода, что повышает риск появления штаммов, устойчивых к вакцинам. В рукописи подчеркивается важность равного доступа к бустерной вакцине, адаптированной к штамму KP.2, для борьбы с пандемией и предотвращения будущих вспышек, а также отмечается необходимость постоянного наблюдения и исследований вакцин более широкого спектра действия по мере эволюции вируса.