

**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 ге-  
номов, депонированных в базу данных GISAID  
за неделю с 20 по 26 декабря 2025 г.**

*ФКУН Российской 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 20 по 26 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 и внесен субвариант BA.3.2, демонстрирующий низкую, но устойчивую циркуляцию в мире.

В октябре 2025 года GISAID прекратила регулярное обновление своих данных по hCoV-19 (SARS-CoV-2) в нескольких базах данных, включая Nextstrain, covSPECTRUM и outbreak.info, что серьёзно ограничило набор инструментов, которые использовались во всём мире для мониторинга и реагирования на появление вариантов SARS-CoV-2.

Таблица 1. Варианты, вызывающие интерес (VOIs) и циркулирующие в настоящее время (по состоянию на 26 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	<u>JN.1 Initial Risk Evaluation</u> <u>18 December 2023</u> <u>JN.1 Updated Risk Evaluation</u> <u>9 February 2024</u> <u>JN.1 Updated Risk Evaluation</u> <u>15 April 2024</u>
				18-12-2023

# Исключая сублинии JN.1, указанные как VUM

Таблица 2. Варианты, находящиеся под наблюдением (VUMs) и циркулирующие в настоящее время (по состоянию на 26 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:S31-	27-03-2024	19-07-2024
LP.B.1	25A	JN1 + S:S31, S:F186L, S:R190S, S:R346T, S:V445R, S:F456L, S:Q493E, S:K1086R, S:V1104L	01-07-2024	<u>24-01-2025 LP.B.1 Initial Risk Evaluation</u> <u>03 February 2025</u>
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:S31P, S:R182R, S:R190S, S:R346T, S:K444R, S:V445R, S:F456L, S:N487D, S:Q493E, S:T572I	27-01-2025	<u>25-06-2025 XFG Initial Risk Evaluation</u> <u>25 June 2025</u>
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-, L212I, 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				
BA.3.2			22-11-2024	<u>05-12-2025</u> <u>BA.3.2 Initial Risk Evaluation</u> <u>05 December 2025</u>

На сегодняшний день в базе данных GISAID всего представлено геномов SARS-CoV-2 – 17 555 501. За прошедшую неделю число депонированных последовательностей по сравнению с предыдущей неделей уменьшилось в 1,8 раза и составило 3 181, за неделю с 13 по 19 декабря депонировано 5 825 геномов.

Удельный вес штаммов, депонированных из США и Великобритании за прошедшую неделю, как и на предыдущей неделе, составил 48,6% от всех по-

следовательностей, размещенных в GISAID (5 348 327 и 3 188 085 геном соответственно).

Всего в базу данных GISAID депонировано геномов варианта Omicron (B.1.1.529) – 8 419 104. Удельный вес геномов варианта Omicron (B.1.1.529) от всех представленных за текущую неделю геновариантов вируса SARS-CoV-2 за анализируемую неделю составил 43,1% (на предыдущей неделе – 32,4%). Отмечается снижение доли исходного варианта Омикрон (B.1.1.529) среди циркулирующих штаммов SARS-CoV-2 и замена его своими субвариантами.

Российскими лабораториями размещено 96 581 генома вируса SARS-CoV-2, в том числе геномных последовательностей варианта Omicron – 48 818.

По данным GISAID EpiCoV, как и на предыдущей неделе, в мире доминирующим геновариантом среди циркулирующих штаммов вируса SARS-CoV-2 является XFG (рис. 1).

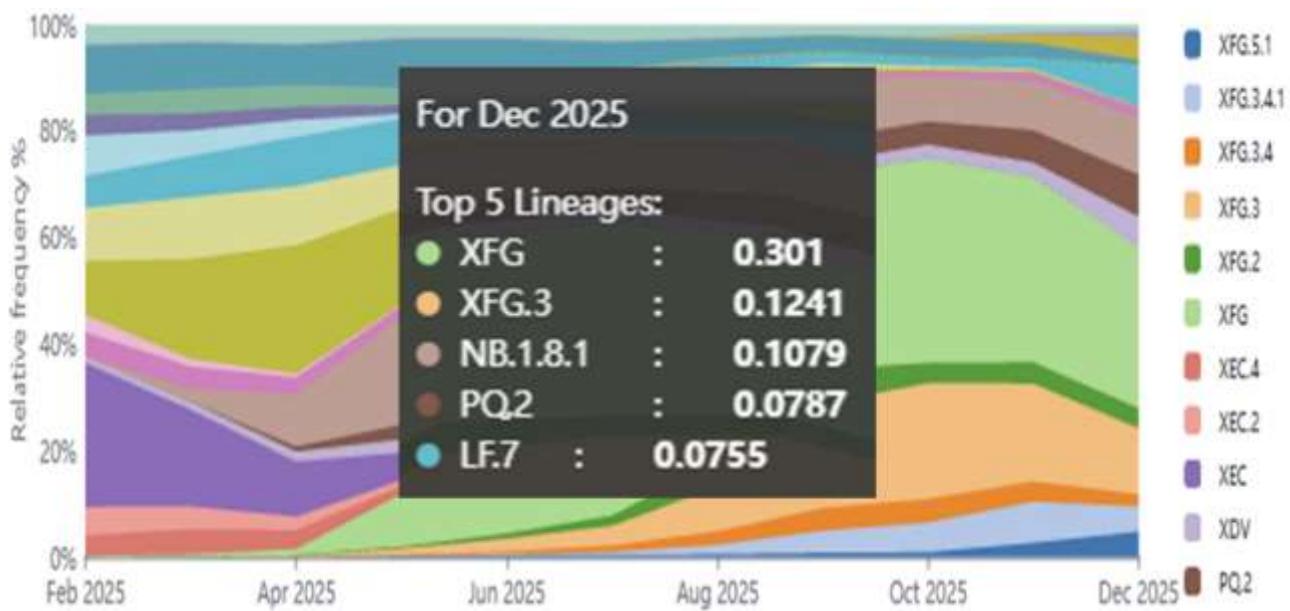


Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 26 декабря 2025 г.)

Распространение в регионах ВОЗ субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID по состоянию на 26 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 сублиний (55,9% и 36,2% соответственно). В динамике распространения варианта XFG и его субли-

ний в сравнении с предыдущей неделей наблюдается рост в Европейском регионе – 1,5раза и снижение в Американском регионе – в 1,9 раза (рис. 2).

В Западно-Тихоокеанском регионе в группе циркулирующих штаммов преобладали варианты XFG и NB.18.1 (рис 3).

Из стран Юго-Восточной Азии регионе на анализируемой неделе доминировала сублиния варианта JN.1 – PQ (Рис. 4).

Данные о циркулирующих штаммах в регионах Африканском и Восточно-Средиземноморском в базе GISAID за неделю с 20 по 26 декабря 2025 г. не обновлялись. (рис. 3-4).

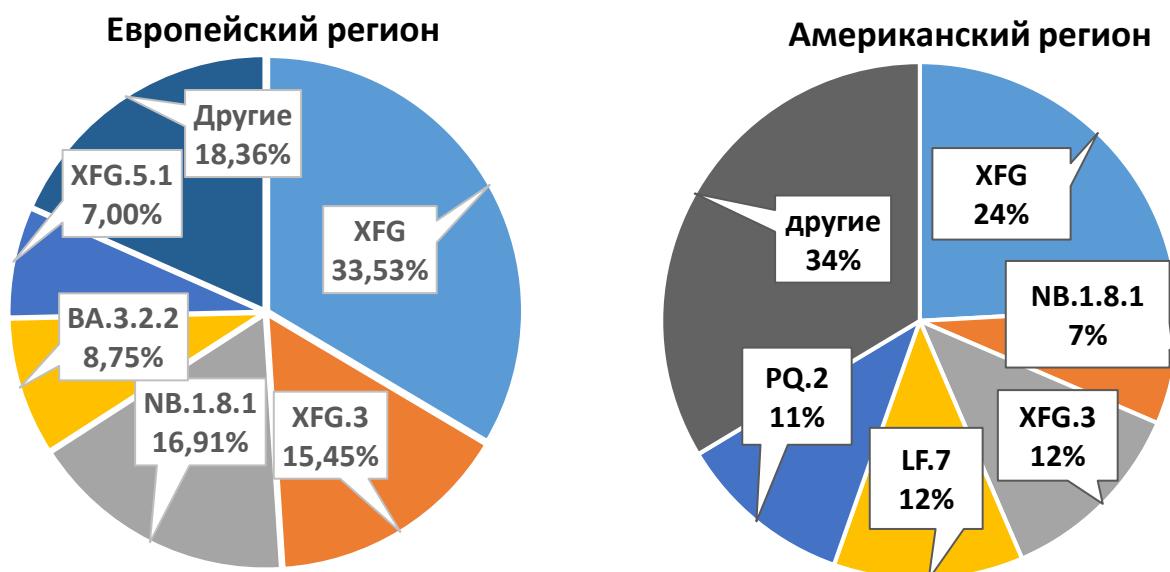
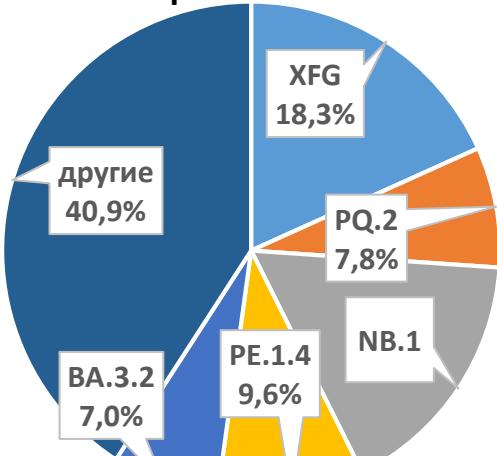
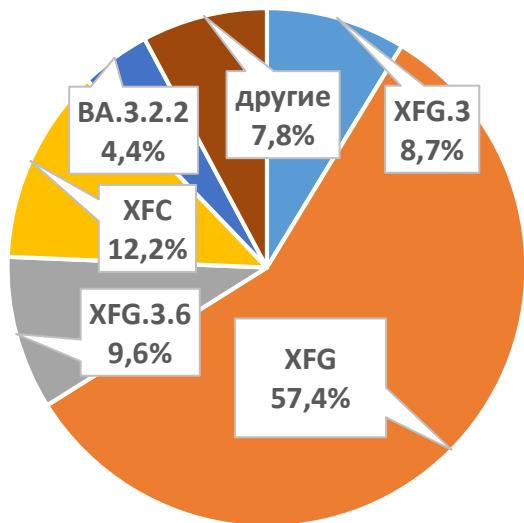


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в Европейском и Американском регионах

**Западно-Тихоокеанский регион**

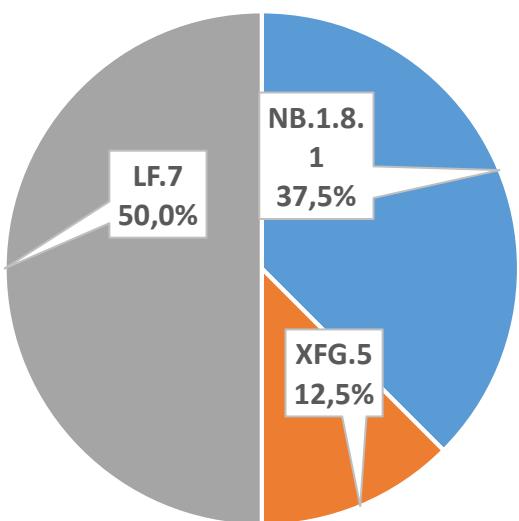


**Африканский регион**

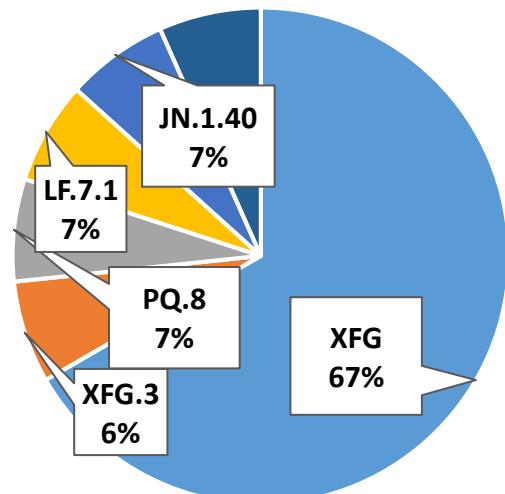


**Рисунок 3 Распространение субвариантов Omicron в Западно-Тихоокеанском и Африканском регионах**

**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 154 стран. Доля варианта JN.1 продолжает снижаться. За прошедшую неделю распространность 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 около 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%.

Субвариант **BA.3.2** («*Cicada*»), мутировавший от наследственной версии субварианта Omicron BA.3, которая не циркулировала с начала 2022 года, обнаружен как минимум в 11 странах. BA.3.2 примечателен наличием более 50 мутаций в его спайк-белке относительно BA.3 и более 70 спайк-мутаций относительно исходного вируса дикого типа Ухань. К ноябрю 2025 года этот штамм был обнаружен в нескольких странах, включая Австралию, Германию и Соединённые Штаты. Исследователи дали этому штамму прозвище Цикада в честь длительного периода развития насекомого под землёй, который был похож на процесс появления BA.3.2.

Некоторые учёные считают, что скрытое и медленное распространение BA.3.2 может послужить образцом для появления будущих вариантов COVID.

К 2025 году были выявлены две подлинии, BA.3.2.1 и BA.3.2.2, каждая из которых отличается от исходной BA.3.2 двумя мутациями шиповидного белка: у BA.3.2.1 это мутации H681R и P1162R, а у BA.3.2.2 — K356T и A575S. Из двух подвариантов доминирующим был BA.3.2.2, который позже особенно активно распространился в районе Перт, в Западной Австралии. Вариант BA.3.2 был впоследствии обнаружен в Европе в апреле 2025 года. Нидерланды сообщили о его обнаружении 2 апреля, а Германия — 29 апреля. Позже этот вариант был выявлен в Соединённых Штатах и Австралии, причём в Австралии он получил широкое распространение. По состоянию на 14 сентября 2025 года вариант BA.3.2 со-

ставлял около 8 % проб сточных вод из Перта, а к 21 сентября его доля выросла до 20 %. [Zhang, Lu; Chen, Nianzhen; Eichmann, Amy; Nehlmeier, Inga; Moldenhauer, Anna-Sophie; Stankov, Metodi V.; Happle, Christine; Dopfer-Jablonka, Alexandra; Behrens, Georg M N.; Hoffmann, Markus; Pöhlmann, Stefan (2025). "Epidemiological and virological update on the emerging SARS-CoV-2 variant BA.3.2". *The Lancet Infectious Diseases*. doi:10.1016/S1473-3099(25)00658-9. PMID 41240961]. Исследователи отметили, что BA.3.2 потенциально является третьим крупным вариантом SARS-CoV-2, появившимся за последнее время. Первым был доминирующий вариант BA.2.86, возникший два года назад (в частности, его основная подлиння JN.1).

В начале декабря 2025 года были выявлены новые подварианты BA.3.2, относящиеся к двум основным линиям. Подвариантам, произошедшим от BA.3.2.1, был присвоен идентификатор PANGO «RD», а подвариантам, произошедшим от BA.3.2.2, — «RE». Примерно в то же время у BA.3.2 наблюдалось масштабное преимущество в росте — около 3,5 % в день по сравнению с линией XFG. Доля BA.3.2.2.1.1 (RE.1.1) и BA.3.2.2.2.2 (RE.2.2) в глобальном росте варианта была значительной. Такие темпы роста были характерны только для подварианта XFG.1.1.1, в шиповидном белке которого была реверсия W452R (L452R) (та же мутация, которая характерна для варианта «Дельта» и омикрон BA.5) [Mike Honey (29 November 2025). "Here's the latest variant picture for the United States, to early November. The XFG.\* "Stratus" variant continued its dominance, roughly flat at 83% frequency. NB.1.8.1 "Nimbus" was down slightly to 7%. #COVID19 #SARSCoV2 #USA #XFG #Stratus #NB\_1\_8\_1 #Nimbus].

Наибольшая доля случаев BA.3.2 наблюдалась в Австралии, где они составляли 13% от общего числа, за ней следовали Южная Африка (более 10%), Германия (10%) и Ирландия (7%) [Mike Honey (6 December 2025). "Here's an animated map showing the spread of the BA.3.2.\* variant, nicknamed "Cicada". The other main hotspots have been South Africa, Western Australia (since July) and Germany (from mid-October). Locations are approximate - typically country and state/province..."].

## **Публикации**

1. Adv Virol. 2025 Dec 18:2025:9916617. doi: 10.1155/av/9916617. eCollection 2025.

### **Molecular Characterization and Genomic Diversity of SARS-CoV-2 Spike Gene Variants Circulating in Iraq: Mutational Impact on ACE2 Affinity, RBD Immune Escape, and Viral Transmission**

Молекулярная характеристика и геномное разнообразие гена Spike у вариантов вируса SARS-CoV-2, циркулирующих в Ираке: влияние мутаций на аффинность к ACE2, ускользание от иммунного ответа RBD и трансмиссию вируса.

Anfal Mohammed Khudhair<sup>1</sup>, Duaa Mohammed Abdulsatar<sup>1</sup>, Sahar Taha Hatif<sup>1</sup>

Ген шипа (S) SARS-CoV-2 играет ключевую роль в процессах проникновения в клетку, уклонения от иммунного ответа и адаптации к хозяину. Данное исследование направлено на всестороннюю характеристику гена шипа у вариантов SARS-CoV-2, циркулирующих в Ираке, и оценку функциональных последствий их мутаций для аффинности рецептора ACE2, ускользания от иммунного ответа, опосредованного RBD, и трансмиссивности вируса. Это первое комплексное геномное и функциональное профилирование иракских вариантов гена шипа SARS-CoV-2, предоставляющее новые региональные данные об адаптации и эволюции вируса. Было проведено полногеномное секвенирование иракских изолятов SARS-CoV-2, за которым последовало профилирование мутаций, филогенетическая классификация и сравнение с глобальными наборами данных. Ключевые мутации гена шипа — N501Y, P681R, D614G и E484K — были проанализированы для оценки их структурных и функциональных последствий. Иракские изоляты в основном группировались в линиях Delta (21J) и 20A. Мутации N501Y (91,7%), P681R (75%) и D614G (100%) были распространены, усиливая связывание вируса и трансмиссию, в то время как мутация E484K отсутствовала, что указывает на ограниченное ускользание от иммунного ответа по сравнению с вариантами типа Omicron. Отсутствие мутации E484K и преобладание

мутаций, усиливающих трансмиссию, указывают на то, что иракские изоляты SARS-CoV-2 предпочитают адаптацию за счет повышения сродства к ACE2, а не за счет обширного ускользания от иммунного ответа. Эти результаты подчеркивают важность регионального геномного надзора для разработки стратегий вакцинации и мер реагирования в области общественного здравоохранения.

2. J Am Chem Soc. 2025 Dec 20. doi: 10.1021/jacs.5c18146. Online ahead of print.

### **Conserved Transmembrane Asparagine Is Essential for the Ion-Conducting Structure and Dynamics of the SARS-CoV-2 Envelope Protein**

Консервативный трансмембранный аспарагин необходим для ионпроводящей структуры и динамики белка оболочки SARS-CoV-2.

Kazem Asadollahi 1 , João Medeiros-Silva 1 , Paul A Wagner 1 , Mei Hong 1

Белок оболочки (E) коронавируса SARS-CoV-2 образует катион-селективный канал для патогена через внутриклеточные мембранны. Механизм ионной проводимости гидрофобного трансмембранного домена белка, ETM, оставался неясным, несмотря на недавнее определение его структур в закрытом и открытом состояниях в высоком разрешении. В данной работе изучен структурный механизм ETM SARS путем мутации двух остатков, T11 и N15. Мутация T11A является второй по распространенности мутацией в вариантах Omicron, и ее носители имеют ослабленную активность канала и летальность для клеток по сравнению с ETM дикого типа, тогда как мутант N15A отсутствует в вариантах SARS-CoV-2 и не проводит ионы. Используя твердотельную ЯМР-спектроскопию, измерили конформацию, динамику, доступность воды и встраивание этих двух мутантов в липидные бислои, содержащие холестерин, которые имитируют клеточную мембрану, где E локализуется во время сборки вируса. Обнаружено, что мутация T11A вызывала минимальные изменения в структуре белка, но снижала его термостабильность. В отличие от этого, мутация N15A вызывала масштабные конформационные изменения белка, делала N-концевой сегмент более жестким, а C-концевой сегмент — более подвижным и неупорядоченным.

доченным. Эти данные указывают на то, что этот аспарагин, консервативный для белков E многих коронавирусов, необходим для сборки трансмембранных спиральных пучка и для конформационной динамики белка. Вместе с предыдущими данными о диком типе ЕТМ авторы предлагают модель транспортера для белка E SARS, в которой N- и C-концевые полярные сегменты аллостерически связываются через консервативный аспарагин для достижения правильной спиральной упаковки и конформационной динамики для катионной проводимости.

3. J Virol. 2025 Dec 19:e0200825. doi: 10.1128/jvi.02008-25. Online ahead of print.

### **Stealth replication of SARS-CoV-2 Omicron in the nasal epithelium at physiological temperature**

Скрытая репликация вируса SARS-CoV-2 Omicron в эпителии носовой полости при физиологической температуре.

Bárbara F Fonseca 1 2 , Rémy Robinot # 1 , Vincent Michel # и др.

Пандемия COVID-19 первоначально характеризовалась быстрой последовательной сменой вирусных вариантов, которые возникали независимо друг от друга, причем каждый из этих вариантов вытеснял предыдущий. В конце 2021 года произошёл крупный эволюционный сдвиг с появлением сильно дивергентного варианта Omicron BA.1. С тех пор все доминирующие варианты SARS-CoV-2 являются потомками Omicron, причины чего до сих пор остаются не до конца понятными. В данном исследовании сравнили репликацию вариантов SARS-CoV-2 в модели эпителия носовой полости человека, выращенной при 37°C, а также при 33°C — температуре, приблизительно соответствующей температуре в носовой полости. В этой модели первичного эпителия Omicron продемонстрировал раннее репликативное преимущество, которое было более выраженным при 33°C. Однако при этой температуре Omicron вызывал лишь минимальный противовирусный интерфероновый ответ. Таким образом, Omicron мог быстро размножаться, частично избегая врожденного иммунитета при фи-

зиологической температуре носовой полости, что объясняет эффективное распространение этого варианта по всему миру.

4. Nat Commun. 2025 Dec 14. doi: 10.1038/s41467-025-67455-4. Online ahead of print.

### **A non-spike nucleocapsid R204P mutation in SARS-CoV-2 Omicron XEC enhances inflammation and pathogenicity**

Не относящаяся к шиповидному белку мутация R204P в нуклеокапсиде SARS-CoV-2 Omicron XEC усиливает воспаление и патогенность

Shuhei Tsujino # 1 2,Masumi Tsuda # 3 4,Sayaka Deguchi # 5 6,Jumpei Ito # 7 8,Taha Y Taha 9 10,Hesham Nasser 11,Lei Wang 3 4,Julia Rosecrans 9,Rigel Suzuki 1 2 12,Saori Suzuki 1 2 12,Kumiko Yoshimatsu 13,Melanie Ott 9 14 15,Terumasa Ikeda 11,Kei Sato 7 8 16 17 18 19 20 21,Kazuo Takayama 22 23 24,Shinya Tanaka 25 26,Tomokazu Tamura 27 28 29 30 31,Takasuke Fukuhara 32 33 34 35 36 37

Глобальное распространение SARS-CoV-2 среди людей привело к появлению подвариантов «Омикрона», которые значительно диверсифицировались в результате рекомбинации. В конце 2024 года в результате рекомбинации двух потомков JN.1, KS.1.1 и KP.3.3, появился вариант SARS-CoV-2 «Омикрон» XEC, который стал доминирующим во всем мире. В этой статье мы изучаем вирусологические особенности варианта XEC. Моделирование динамики эпидемии показывает, что замены шиповидного белка в XEC в основном способствуют повышению вирулентности вируса. Кроме того, четыре лицензированных противовирусных препарата эффективны против XEC. Хотя фузогенность шиповидного белка XEC сравнима с фузогенностью шиповидного белка JN.1, собственная патогенность XEC у самцов хомяков значительно выше, чем у JN.1. Примечательно, что мутация R204P в нуклеокапсиде XEC усиливает воспаление за счёт активации NF-κB. Недавние исследования показывают, что эволюционный потенциал шиповидного белка достигает своего предела. Действительно, наши результаты подчёркивают критическую роль не связанных с шипом мутаций в дальнейшей эволюции SARS-CoV-2.