

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 27 декабря 2025г. по 2 января 2026г.

*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 27 декабря 2025г. по 2 января 2026г.

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 серьезно 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 2 января 2026 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 2 января 2026 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.8.1	25A	JN1 + S:S31-, S:F186L, S:R190S, S:R346T, S:V445R, S:F456L, S:Q493E, S:K1086R, S:V1104L	01-07-2024	24-01-2025 LP.8.1 Initial Risk Evaluation 03 February 2025
NB.1.8.1	25B	JN1 + S:T22N, S:F59S, S:G184S, S:A435S, S:F456L, S:T478I, 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: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-, 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	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 – 17 558 246. За прошедшую неделю число депонированных последовательностей по сравнению с предыдущей неделей уменьшилось в 1,2 раза и составило 2 745, за неделю с 19 по 26 декабря депонировано 3 181 геном.

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 (5 349 324 и 3 188 086 геном соответственно).

Всего в базу данных GISAID депонировано геномов варианта Omicron (B.1.1.529) – 8 419 836. Удельный вес геномов варианта Omicron (B.1.1.529) от всех представленных геновариантов вируса SARS-CoV-2 за анализируемую неделю составил 26,7% (на предыдущей неделе – 43,1%). Отмечается снижение доли исходного варианта Омикрон (B.1.1.529) среди циркулирующих штаммов SARS-CoV-2 и замена его свои субварианты.

Российскими лабораториями размещено 96 581 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).

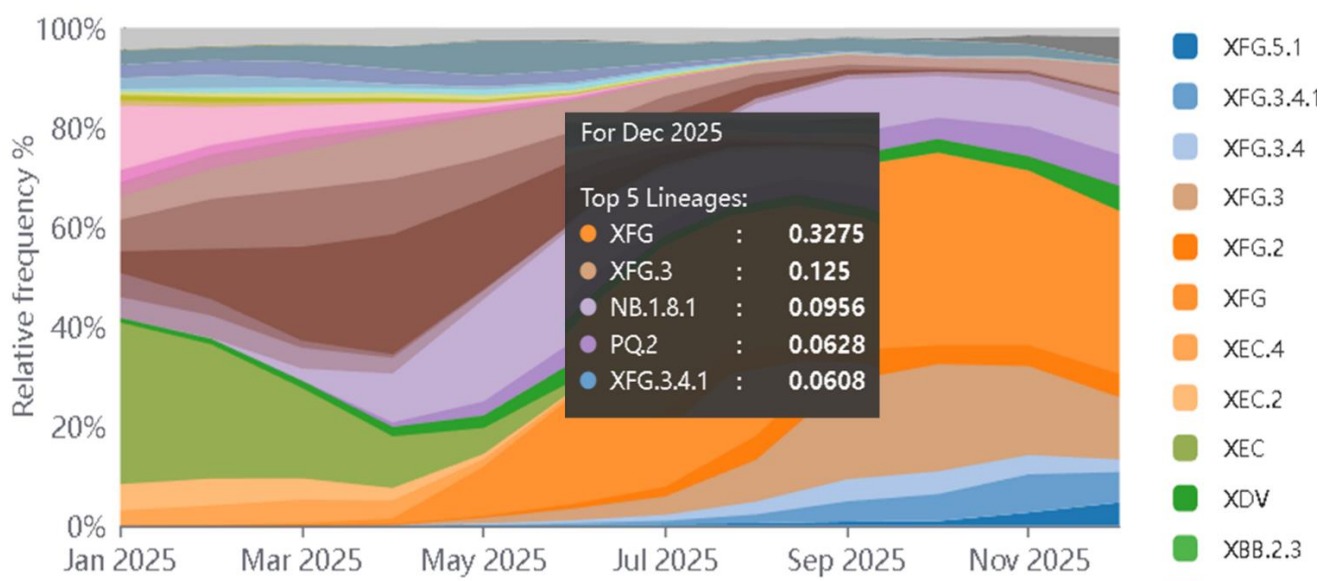


Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 2 января 2025 г.)

Распространение в регионах ВОЗ субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID по состоянию на 2 января 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 (51,7% и 51,6% соответственно). В динамике распространения варианта XFG и его субли-

ний в сравнении с предыдущей неделей наблюдается снижение в Европейском регионе – 1,1 раза и рост в Американском регионе – в 1,4 раза (рис. 2).

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

Данные о циркулирующих штаммах в регионах Юго-Восточной Азии, Африканском и Восточно-Средиземноморском в базе GISAID за неделю с 27 декабря 2025 г. по 2 января 2026 г. не обновлялись. (рис. 3-4).

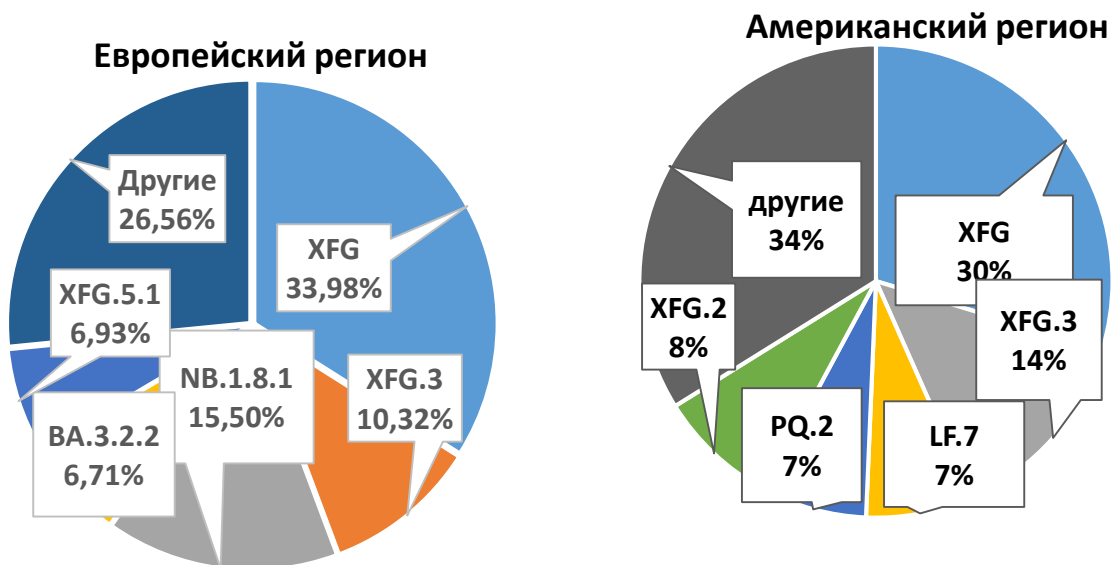


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в Европейском и Американском регионах

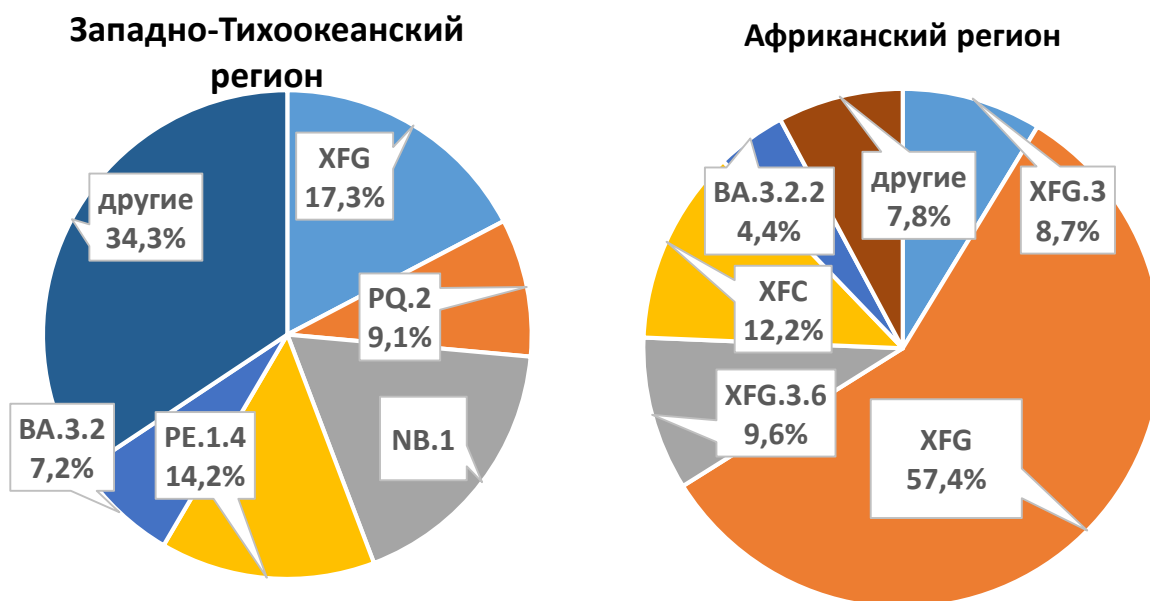


Рисунок 3 Распространение субвариантов Omicron в Западно-Тихоокеанском и Африканском регионах

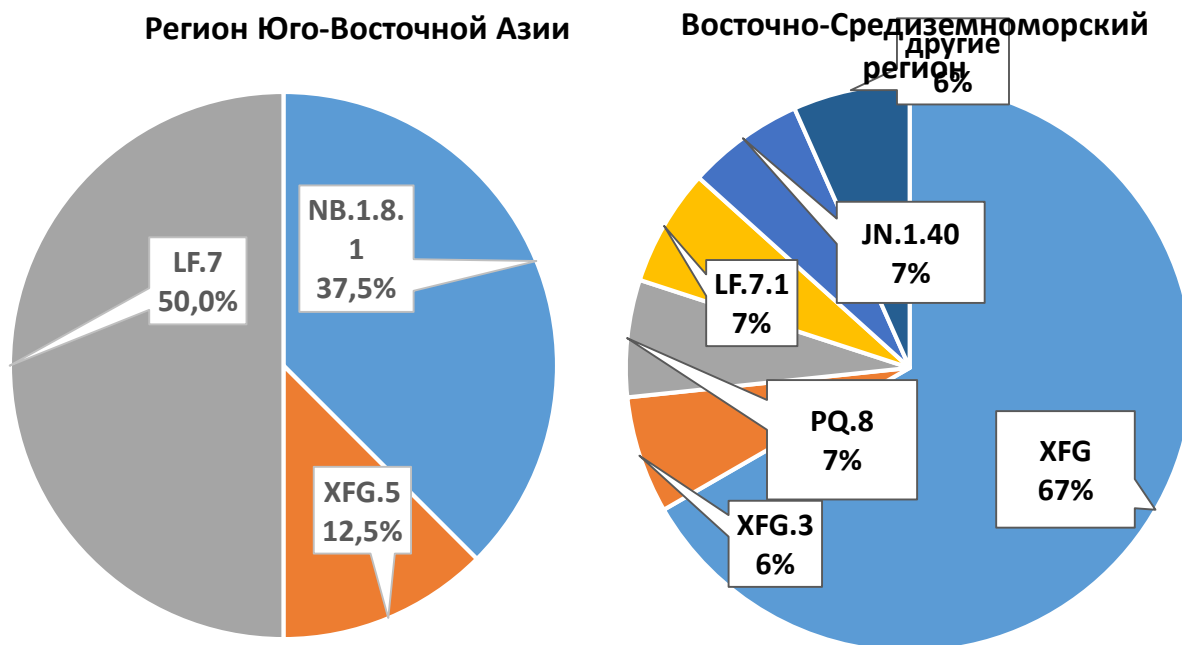


Рисунок 4 Распространение субвариантов Omicron в регионах Юго-Восточной Азии и Восточного Средиземноморья

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

Геномные последовательности субварианта JN.1 («Pirola») представлены из 154 стран. Доля варианта JN.1 продолжает снижаться. За прошедшую неделю распространенность субварианта зарегистрирована на уровне 0,9%.

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 1%.

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, доля варианта среди размещенных в базе GISAID составила 9,6%. 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 66,7% (+6,4%).

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 (ЮАР, Сингапур, Дания, Германия, Ирландия, Нидерланды, Словения, Великобритания, Люксембург, США, Австралия) (Рис.5).



Рисунок 5 Географическое распределение варианта между (01.10.2025г. – 08.12. 2025г.) (<https://www.epicov.org/epi3/frontend#46dce3>)

Публикации

1. Comput Struct Biotechnol J. 2025 Dec 2;27:5575-5589.

doi: 10.1016/j.csbj.2025.11.056. eCollection 2025.

Decoding the cross-immune pressure: Dengue's role in SARS-CoV-2 evolution

Расшифровка перекрестного иммунного давления: роль вируса денге в эволюции SARS-CoV-2

Abinash Mallick ¹ , Rudra Chhajjer ¹ , Subhajit Biswas ^{1 2}

Имеющиеся данные свидетельствуют о том, что антитела к вирусу денге (DV) и антитела к SARS-CoV-2 обладают перекрестной реактивностью, что приводит к взаимному серологическому взаимодействию и обеспечивает перекрестную защиту в популяциях в эндемичных регионах. В ходе настоящего исследования стало очевидно, что варианты SARS-CoV-2 преимущественно отбирают мутации/делеции в белке-шипе, чтобы избежать взаимодействия с антителами к DV. Авторы изучили мутации в белке-шипе SARS-CoV-2 и то, как они влияют на антигенность, сосредоточившись на последовательно появляющихся основных вариантах, таких как B.1.1.7 (Kent), B.1.617 (Delta), B.1.617.2.1 (Delta-Plus), B.1.1.529 (Omicron-BA.1) и B.1.1.529 (Omicron-BA.2). Для дальнейшего изучения влияния перекрестно-реагирующих антител к вирусу DV на мутации шипового белка SARS-CoV-2 были проведены структурные исследования и моделирование докинга с использованием антител к оболочке (E) вируса DV-2, а также рассчитаны энергии связывания. Вышеупомянутые исследования показали, что большинство характерных мутаций в вариантах шипового белка, по-видимому, в основном обусловлены антителами к вирусу DV, а не иммунным отбором, вызванным SARS-CoV-2 (предшествующие варианты) или другими факторами отбора. Это подтверждается наблюдаемым и высокоспецифичным перекрестным связыванием сывороток, положительных на антитела к вирусу DV, до пандемии с синтетическими пептидами в ИФА, разработанными на основе определенных областей рецептор-связывающего домена (RBD) шипового белка дикого типа SARS-CoV-2. Эти области RBD показали максимальное перекрестное взаимодействие с антителами к оболочке (E) вируса DV в моделировании докинга. В соответствии с предыдущими результатами вышеупомянутые высокоперекрестно-реактивные

антитела к вирусу денге также продемонстрировали потенциал перекрестной нейтрализации в тесте на нейтрализацию суррогатного вируса SARS-CoV-2, что позволяет предположить, что они действительно могут оказывать селективное давление на SARS-CoV-2. Вышеизложенные результаты были дополнительно подтверждены нашим предыдущим наблюдением, что недавно появившиеся варианты SARS-CoV-2, такие как Омикрон (2022-23), были почти на 50 % менее перекрестно реактивны к вирусу денге по сравнению с предшествующими штаммами.

2. J Med Virol. 2026 Jan;98(1):e70771.

doi: 10.1002/jmv.70771.

Evaluation of the GeneTex U-OK SARS-CoV-2 Neutralizing Antibody Detection Assay: Comparison With GenScript cPass and Viral Neutralization Assays

Оценка эффективности анализа GeneTex U-OK для обнаружения нейтрализующих антител к SARS-CoV-2: сравнение с тестами GenScript cPass и тестами нейтрализации вируса

Hui-Ju Lin¹, Wen-Chi Su^{2 3 4}, Hsu-Yu Wen¹,

В этом исследовании были оценены два суррогатных теста нейтрализации вируса (sVNT) на основе ИФА: новый набор GeneTex U-OK SARS-CoV-2 Neutralizing Antibody Detection ELISA и одобренный FDA набор GenScript cPass SARS-CoV-2 Neutralization Antibody Detection. Набор GeneTex U-OK содержит рекомбинантные спайковые белки из штамма дикого типа и субвариантов Omicron BA.1, BA.2 и BA.4/BA.5. Всего было проанализировано 115 образцов сыворотки, в том числе 75 от не вакцинированных против SARS-CoV-2 лиц и 40 от вакцинированных лиц. Ни у одного из участников не было признаков предшествующей инфекции SARS-CoV-2, что было подтверждено отрицательными результатами тестов на антитела к нуклеокапсиду. По сравнению с набором GenScript cPass, набор GeneTex U-OK продемонстрировал 100% положительное совпадение (95% ДИ: 90,4–100,0%) и 100% отрицательное совпадение (95% ДИ: 95,4–100,0%) при обнаружении нейтрализующих антител против штамма дикого типа, что соответствует 100% чувствительности и 100% специфичности. При сравнении с анализами вирусной нейтрализации он достиг 100% совпадения для

субвариантов Omicron BA.1, BA.2 и BA.4/BA.5 с коэффициентами корреляции (R) 0,85, 0,98 и 0,46 соответственно. Эти результаты подчеркивают точность и надежность набора GeneTex U-OK, указывая на его потенциал в качестве ценного инструмента для мониторинга эффективности вакцины и выявления лиц с защитными нейтрализующими антителами против вариантов SARS-CoV-2, включая варианты Omicron.

3. J Phys Chem Lett. 2025 Dec 26.

doi: 10.1021/acs.jpclett.5c02783. Online ahead of print.

Protease-Mediated Shedding and Intermittent Mobility of the SARS-CoV-2 Delta Variant

Manorama Dey ¹, Poojitha Sai Potharaju ², Khushika ³

Сообщается, что растворимые сериновые протеазы, такие как трипсин и химотрипсин, запускают отщепление и/или отсоединение частиц SARS-CoV-2, связанных с липидными мембранами. Кинетика отщепления оценивалась с помощью флуоресцентной визуализации меченых вирусных частиц на имитаторах нативных мембран. Временное изменение флуоресцентного сигнала, подтвержденное кинетическими данными SPR, подтверждает самое быстрое отщепление варианта Delta. B.1.1.8 (близкий Уханьскому) и Omicron демонстрируют сопоставимую кинетику отщепления. Связанные с мембраной варианты Delta становятся латерально подвижными после обработки протеазой. Другие варианты распространяются из неподвижного состояния. Среднеквадратичное смещение и распределение вероятностей латеральных смещений частиц, оцененные при отслеживании отдельных частиц, показывают броуновскую, но не гауссову диффузию, возникающую из-за прерывистой подвижности варианта Delta. Полученные результаты обсуждаются в контексте модели, описывающей «скачковое движение» варианта Delta, вызванное динамическим связыванием с мембраной в присутствии растворимой сериновой протеазы.