

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 17 по 23 января 2026г.

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 17 по 23 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 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 23 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
				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 23 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 – 17 572 262. За прошедшую неделю число депонированных последовательностей по сравнению с предыдущей неделей уменьшилось в 1,7 раза и составило 4 255, за неделю с 10 по 16 января 2026 г. депонировано 7 260 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 (5 355 308 и 3 188 490 геномов соответственно).

Всего в базу данных GISAID депонировано геномов варианта Omicron (B.1.1.529) – 8 550 260. Удельный вес геномов варианта Omicron (B.1.1.529) от всех представленных геновариантов вируса SARS-CoV-2 за анализируемую неделю составил 34,5% (на предыдущей неделе – 43,3%). 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 и его сублинии (рис. 1).

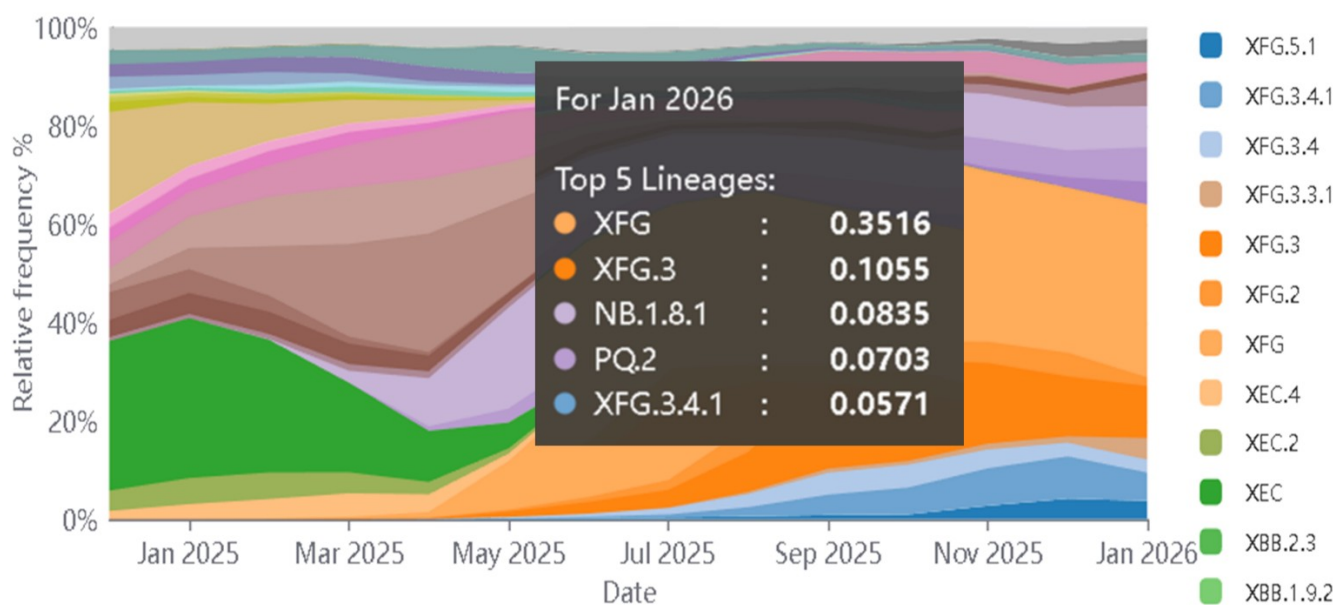


Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 23 января 2025 г.)

Распространение в регионах ВОЗ субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID по состоянию на 23 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 (43,9% и 66,7% соответственно). В динамике распространения варианта XFG и его сублиний в сравнении с предыдущей неделей наблюдается рост в Европейском регионе – на 6,1%, в Американском регионе – на 13,3% (рис. 2). В Западно-Тихоокеанском регионе в группе циркулирующих штаммов преобладали варианты PQ.2, XFG и NB.18.1 (рис 3).

Данные о циркулирующих штаммах в регионах Африканском, Юго-Восточной Азии и Восточно-Средиземноморском в базе данных GISAID за неделю с 17 по 23 января 2026 г. не обновлялись. (рис.3 - 4).

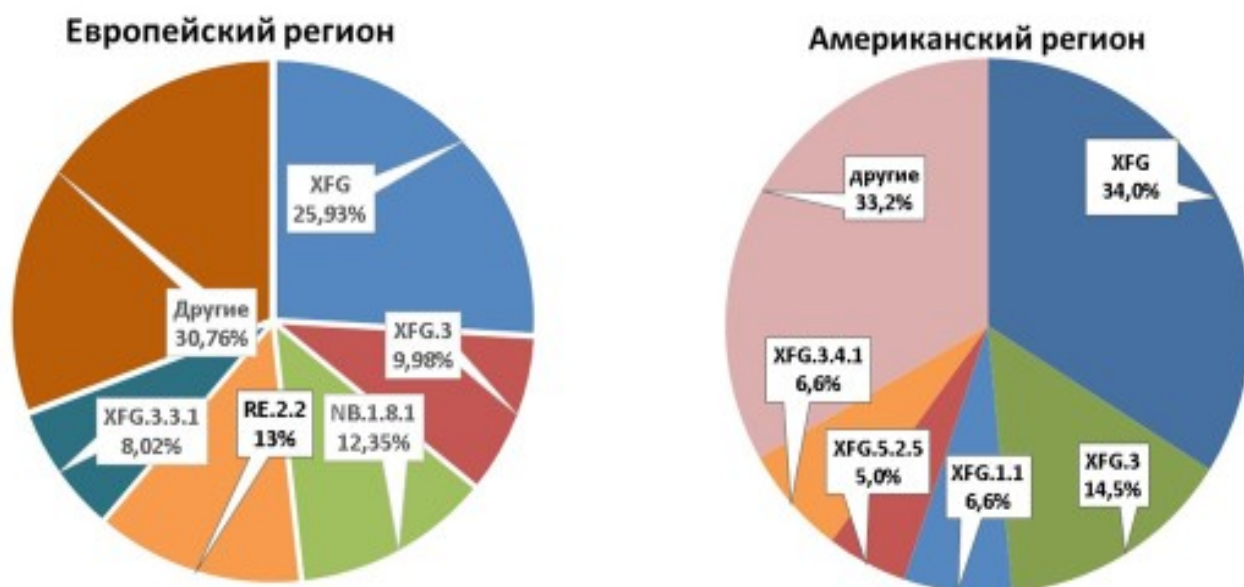


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в Европейском и Американском регионах

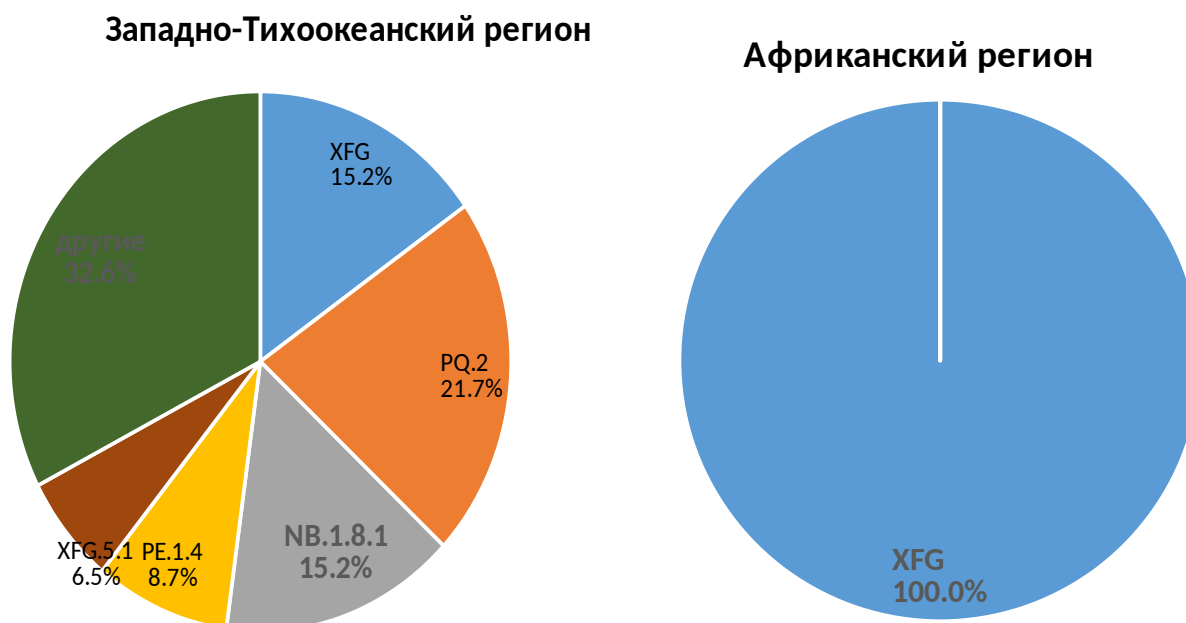


Рисунок 3 Распространение субвариантов Omicron в Западно-Тихоокеанском и Африканском регионах

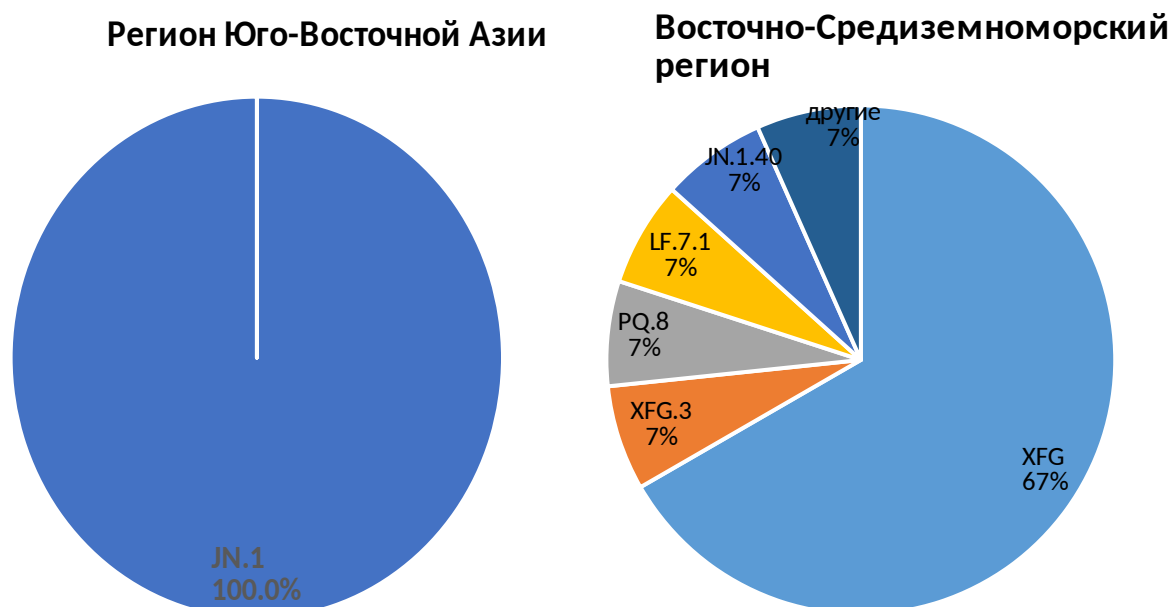


Рисунок 4 Распространение субвариантов Omicron в регионах Юго-Восточной Азии и Восточного Средиземноморья

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

Геномные последовательности субварианта **JN.1 («Pirola»)** представлены из 155 стран. Доля варианта JN.1 продолжает снижаться. За прошедшую неделю распространенность субварианта зарегистрирована на уровне 7,0%.

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 около 4%. За последние 4 недели вариант в базу данных загружен в основном из Австралии и Новой Зеландии.

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 69 странах. После снижения в июле-октябре 2025 г. отмечается рост распространения субварианта, его доля среди размещенных в базе GISAID штаммов SARS-CoV-2 составила 22,1%.

Субвариант **XFG («Stratus»)** секвенирован как минимум в 90 странах, на текущей неделе распространение в мире XFG и его сублиний составило 58,3% (-11,9% за анализируемую неделю). Значительное распространение варианта отмечено в США, Италии, Канаде, Великобритании, Сингапуре, Германии и Нидерландах (от 82% до 42,3%).

Субвариант **BA.3.2 («Cicada»)** обнаружен как минимум в 11 странах (ЮАР, Сингапур, Дания, Германия, Ирландия, Нидерланды, Словения, Великобритания, Люксембург, США, Австралия) (Рис.5).

По данным СМИ на 13 января 2026 года субвариант BA.3.2 обнаружен в Австрии – по крайней мере, в сточных водах. Однако его доля по-прежнему очень низка по сравнению с другими странами. В Германии за последние недели заметно увеличилось распространение субварианта BA.3.2, по информации института Роберта Коха на него приходится растущая доля выявленных инфекций, и в некоторых регионах он уже несколько раз подряд был идентифицирован как один из ведущих вариантов (<https://austrianpress.com/2026/01/13/new-coronavirus-variant-discovered-in-austria/>).



Рисунок 5 Географическое распределение варианта между (10.01.2025г. – 15.12. 2025г.) (<https://www.epicov.org/epi3/frontend#46dce3>)

Публикации

1. Biophys J. 2026 Jan 13:S0006-3495(26)00017-2.

doi: 10.1016/j.bpj.2026.01.017. Online ahead of print.

Mutation and ACE2-induced Allosteric Network Rewiring in Delta and Omicron SARS-CoV-2 Spike Proteins

Мутации и вызванная ACE2 аллостерическая перестройка сети в спайковых белках дельта- и омикрон-SARS-CoV-2

Mandira Dutta, Gregory A Voth

Шиповидный белок SARS-CoV-2 опосредует проникновение вируса, связывая свой рецептор-связывающий домен (RBD) с рецептором хозяина ACE2. Экспериментально показано, что мутации шиповидного белка в различных вариантах влияют на скорость конформационных переходов и изменяют вирусную инфекционность. Параллельно проведенные экспериментальные и вычислительные исследования показали наличие дальнедействующей аллостерической связи внутри шиповидного белка, следовательно, такие мутации могут также влиять на аллостерические сигнальные пути, участвующие в функционировании вируса. Детальное понимание сети аллостерических остатков имеет важное значение для рационального проектирования противовирусных препаратов. В этом исследовании провели обширные атомистические молекулярно-динамические (МД) симуляции шиповидных белков вариантов Delta и Omicron как в связанном, так и в несвязанном с ACE2 состояниях. Интегрируя расчеты линейной взаимной информации (LMI) и анализ на основе теории графов, определили сети дальнедействующей аллостерической связи, встроенные в шиповидный белок. Идентифицировали три ключевых линкера: Link1 (NTD-RBD), Link2 (RBD-SD1) и Link3 (SD2-FP), как основные медиаторы аллостерической коммуникации. Delta демонстрирует более сильную передачу сигналов через Link1 и Link2, тогда как Omicron перенаправляет коммуникацию через Link3. В то время как Delta сохраняет локализованную связь внутри домена S1, но теряет дальний контакт с ядром S2, Omicron формирует более широкую, но более слабую сеть S1 и устанавливает дальнюю связь. Предполагают, что мутации N856K и T547K изменяют

конформационный ландшафт, перестраивая пути аллостерической коммуникации в Omicron. Кроме того, проведенный анализ выявляет различные аллостерические связи на уровне доменов в Delta и Omicron, указывая на специфические для вариантов различия в фузогенности и уклонении от иммунного ответа. Благодаря картированию ключевых аллостерических участков и конформационных сдвигов, вызванных мутациями, это исследование может послужить основой для разработки надежных противовирусных стратегий, устойчивых к появлению новых вариантов SARS-CoV-2 в будущем.

2. J Infect Public Health. 2026 Jan 8;19(3):103140.

doi: 10.1016/j.jiph.2026.103140. Online ahead of print.

Modeling the emergence of divergent mutants of SARS-CoV-2, "Omicron-like events": A time-to-event analysis

Моделирование появления дивергентных мутантов SARS-CoV-2, «Omicron-подобные события»: анализ времени до события.

Haruka Hayashi, Yuta Okada, Taishi Kayano

Во время пандемии COVID-19 появилось несколько дивергентных мутантов вируса, включая вариант Omicron (B.1.1.529) BA.1, имеющих иной механизм возникновения по сравнению с ранее существовавшими вариантами. Помимо того, что эти сильно дивергентные мутанты сыграли важную роль в возникновении повторяющихся эпидемических волн, они также способствовали изменению хода пандемии, демонстрируя значительные различия в фенотипических характеристиках даже среди близкородственных вариантов. Учитывая появление нескольких различных вариантов во время пандемии, настоящее исследование направлено на количественную оценку риска появления дивергентных мутантов SARS-CoV-2 и понимание механизма такого события. После выявления появления филогенетически различных вариантов в «событиях типа Omicron», которые были обнаружены на сегодняшний день, был проведен анализ времени до события для оценки ежемесячной частоты возникновения. Были созданы четыре статистические модели, которые сравнивались с использованием Akaike критерия информации. Модель, использующая

количество госпитализированных больных, была признана наиболее подходящей. Риск возникновения событий, подобных «Omicron», не является независимым от времени; вместо этого ежемесячный риск возникновения, вероятно, будет увеличиваться со временем из-за увеличения числа случаев инфицирования. Постоянный мониторинг генома вируса имеет жизненно важное значение, и следует рассмотреть возможность профилактики среди лиц с ослабленным иммунитетом.