

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 24 по 30 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 24 по 30 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 30 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 30 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 – 17 577 888. За прошедшую неделю число депонированных последовательностей по сравнению с предыдущей неделей увеличилось в 1,3 раза и составило 5 626, за неделю с 17 по 23 января 2026 г. депонировано 4 255 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 (5 356 839 и 3 188 682 геномов соответственно).

Всего в базу данных GISAID депонировано геномов варианта Omicron (B.1.1.529) – 8 552 496. Удельный вес геномов варианта Omicron (B.1.1.529) от всех представленных геновариантов вируса SARS-CoV-2 за анализируемую неделю составил 39,7% (на предыдущей неделе – 34,5%). Отмечается снижение доли исходного варианта Омикрон (B.1.1.529) среди циркулирующих штаммов SARS-CoV-2 и замена его свои субварианты.

Российскими лабораториями размещено 96 978 генома вируса SARS-CoV-2, в том числе геномных последовательностей варианта Omicron – 49 751.

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).

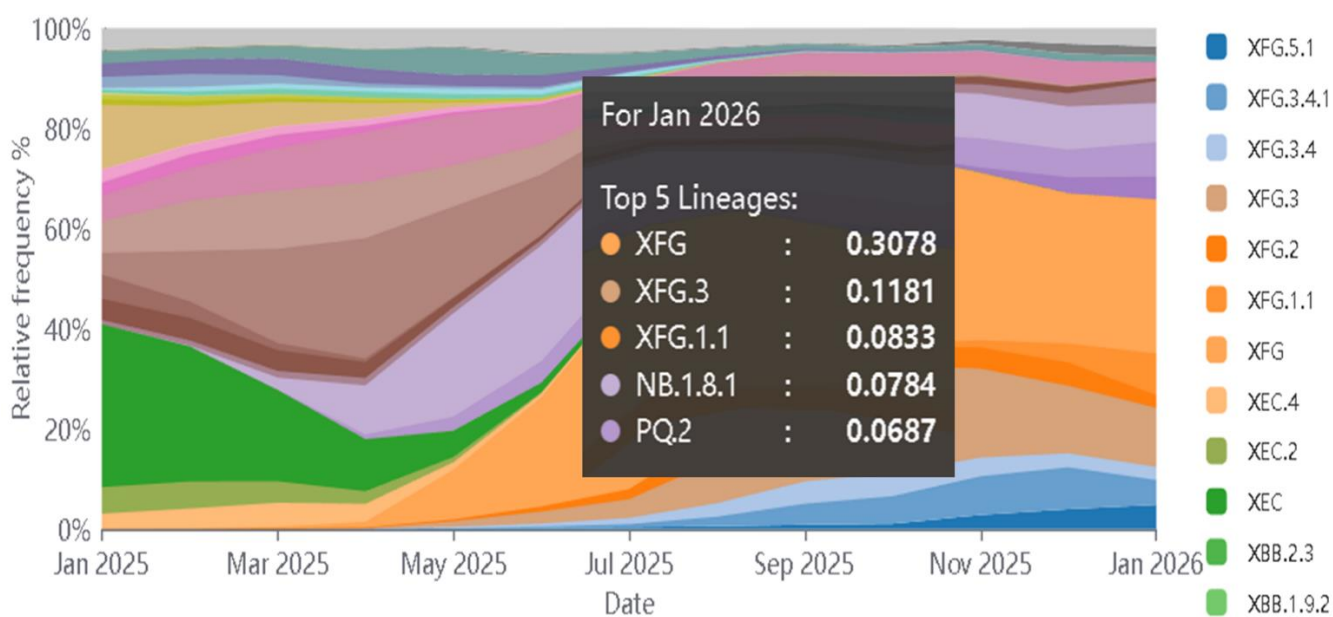


Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 30 января 2025 г.)

Распространение в регионах ВОЗ субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID по состоянию на 30 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 (36,7% и 62,9% соответственно). В динамике распространения варианта XFG и его сублиний в сравнении с предыдущей неделей наблюдается снижение в Европейском регионе – на 7,2%, в Американском регионе – на 3,8% (рис. 2). В Западно-Тихоокеанском регионе в группе циркулирующих штаммов преобладал вариант PQ.2, Африканском – XFG.4.1 (рис 3).

Данные о циркулирующих штаммах в регионах Юго-Восточной Азии и Восточно-Средиземноморском в базе данных GISAID за неделю с 24 по 30 января 2026 г. не обновлялись. (рис.3 - 4).

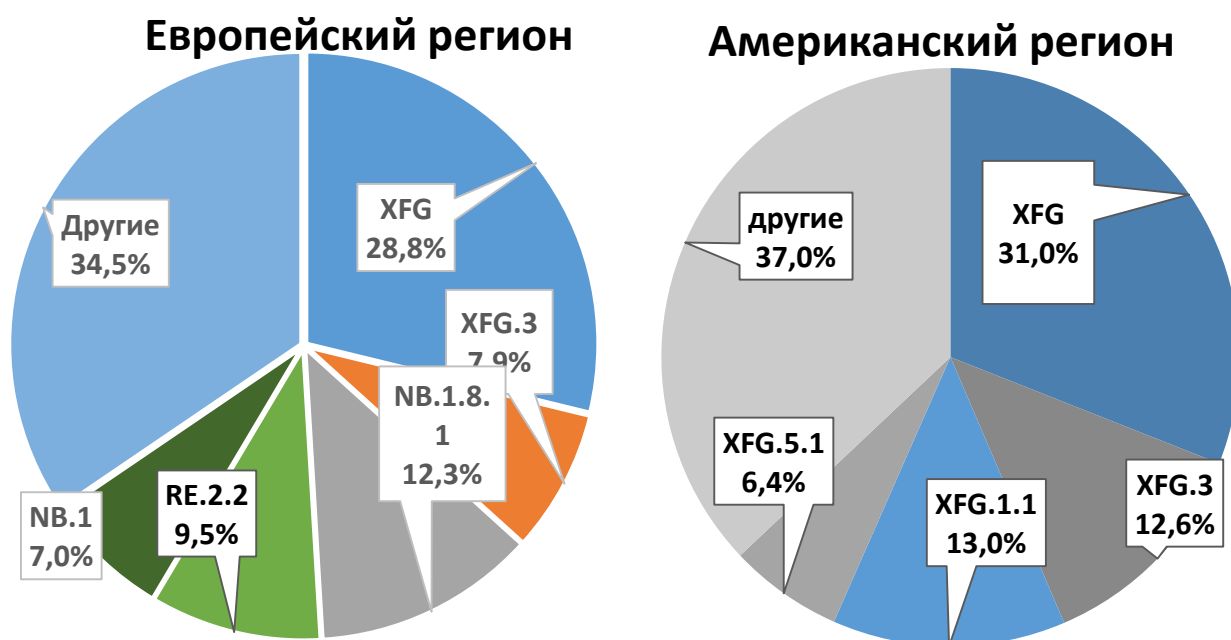


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в Европейском и Американском регионах

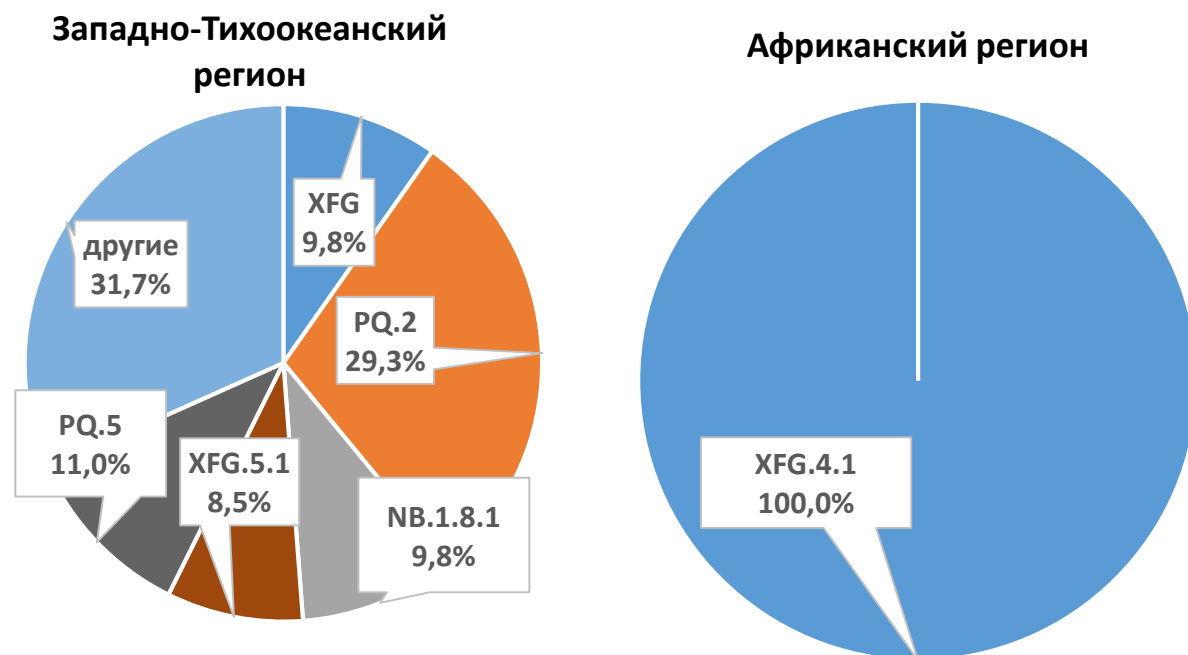


Рисунок 3 Распространение субвариантов Omicron в Западно-Тихоокеанском и Африканском регионах

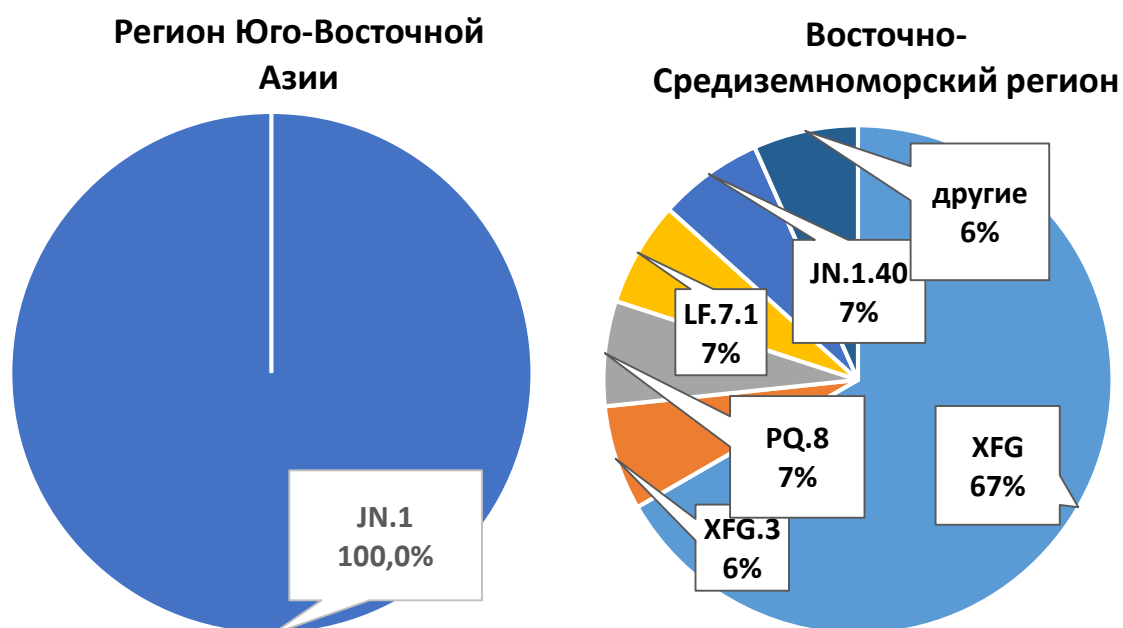


Рисунок 4 Распространение субвариантов Omicron в регионах Юго-Восточной Азии и Восточного Средиземноморья

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 1%. 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 70 странах. После снижения в июле-октябре 2025 г. отмечается рост распространения субварианта, его доля среди размещенных в базе GISAID штаммов SARS-CoV-2 составила 23,8% (рост за неделю на 1,7%).

Субвариант **XFG («Stratus»)** секвенирован как минимум в 94 странах, на текущей неделе распространение в мире XFG и его сублиний составило 60,6% (+ 2,3% за анализируемую неделю). Значительное распространение варианта отмечено в США, Канаде, Испании, Великобритании, Франции, Бразилии, Германии и Италии (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).



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

Публикации

1. Int J Mol Sci. 2026 Jan 15;27(2):891. doi: 10.3390/ijms27020891.

Molecular Aspects of Viral Pathogenesis in Emerging SARS-CoV-2 Variants: Evolving Mechanisms of Infection and Host Response

Молекулярные аспекты вирусного патогенеза новых вариантов SARS-CoV-2: эволюционирующие механизмы инфекции и реакции организма-хозяина.

[Sofia Teodora Muntean](#)^{1, 2, 3}, [Andreea-Raluca Cozac-Szoke](#)^{2, 4}, [Andreea Cătălina Tinca](#)^{2, 4} и др.

Хотя пандемия SARS-CoV-2 больше не представляет собой глобальную чрезвычайную ситуацию, вирус продолжает диверсифицироваться и приобретать свойства уклонения от иммунитета. Понимание молекулярных механизмов, формирующих патогенез SARS-CoV-2, стало крайне важным. В этой статье обобщены самые последние данные о структурной эволюции спайкового белка, об изменениях в ключевых неструктурных белках, таких как nsr14, и о факторах хозяина, таких как TMPRSS2 и нейропилин-1. Эти изменения в совокупности определяют проникновение вируса, точность репликации и антагонизм к интерферону. Учитывая появление вариантов SARS-CoV-2 типа «Омикрон», были проанализированы последние статьи в литературе, криоэлектронно-микроскопические исследования и моделирование мутаций с помощью искусственного интеллекта для выявления и контекстуализации механизмов, обусловленных мутациями. Именно благодаря этим изменениям вирус адаптируется и эволюционирует, например, оптимизируя связывание с ангиотензинпревращающим ферментом, модифицируя антигенные поверхности и накапливая мутации, влияющие на распознавание CD8⁺ Т-клетками. Мультиомиксные исследования дополнительно подтверждают патогенез инфекции, вызванной SARS-CoV-2, предоставляя убедительные доказательства связи адаптации вируса с иммунной и метаболической перестройкой организма-хозяина, как это происходит при миокардите, поражении печени и остром повреждении почек. Интегрируя протеомные, транскриптомные и структурные данные, эта работа показывает, как вирус сохраняется и определяет тяжесть заболевания посредством антагонизма к интерферону (ORF6, ORF9b и

nsp1), адаптивного уклонения от иммунного ответа и метаболической перестройки. Все эти данные подчеркивают необходимость разработки методов лечения нового поколения, которые обеспечат многомерную основу для понимания эволюции SARS-CoV-2 и определения будущих противовирусных стратегий.

2. J Biomol Struct Dyn. 2026 Jan 26:1-12. doi: 10.1080/07391102.2025.2609686. Online ahead of print.

Mutations in SARS-CoV-2 spike protein identified by mass spectrometry based phylogenetics and their structural and functional consequences

Мутации в спайковом белке SARS-CoV-2, выявленные с помощью филогенетического анализа на основе масс-спектрометрии, и их структурные и функциональные последствия.

Matthew Wright ¹ , Kevin M Downard ¹

В данной работе исследуются структурные и функциональные последствия мутаций, расположенных в доменах субъединиц S1 и S2 белка шипа у штаммов омикрон и форм вируса SARS-CoV-2, возникших в результате мутации D614G. Эти структурные мутации были идентифицированы с помощью филогенетического подхода, основанного на анализе массы. Мутация T95I, расположенная в N-концевом домене S1, и мутация T547K в домене связывания с рецептором способствуют стабилизации структуры белка шипа и повышают вирусную приспособленность в вариантах омикронов. Мутация D796Y в N-концевой части субъединицы S2 также стабилизирует белок, в то время как эффекты Q954N и N969K в совокупности снижают инфекционность за счет смещения основной цепи области гептадного повтора 2 (HR2). Мутация N856K в области пептида слияния вводит стабилизирующую водородную связь в остатке T572, которая одновременно изменяет взаимодействие S1/S2 и препятствует конформационным изменениям, что приводит к смешанному эффекту стабилизации.

3. Phys Chem Chem Phys. 2026 Jan 27. doi: 10.1039/d5cp04391c. Online ahead of print.

Evolutionary aspect of spike glycoprotein's conformational dynamics

Эволюционный аспект конформационной динамики шипового гликопротеина

Wentao Xu ¹, Tianyu Guo ¹, Haibin Su ¹

Конформационный переход домена связывания рецептора (RBD) спайкового (S) белка SARS-CoV-2 из «закрытого» в «открытое» состояние является важным динамическим событием, влияющим на инфекционность вируса. Однако, как накапливающиеся мутации изменяют эту конформационную динамику в процессе вирусной эволюции, остается неясным. В этом исследовании наблюдали движение RBD полностью гликозилированных тримеров S-белка от дикого типа до вариантов Omicron (BA.2, BA.4 и 5) с помощью полноатомного моделирования молекулярной динамики. Это исследование показывает, что, хотя полностью конвергентный ландшафт свободной энергии во всех направлениях движения не был получен, анализ траекторий молекулярной динамики выявляет значительные различия в характере движения RBD между вариантами из-за мутаций. Исследования показали, что специфические поверхностные мутации варианта Omicron демонстрируют сильный эффект связи с динамикой гликозильных остатков. Этот эффект изменяет конформацию «гликозильных ворот», опосредованную гликозильными остатками N165 и N343, и впоследствии регулирует движение RBD. Эти результаты проясняют молекулярный механизм связи между мутациями вирусной поверхности и регуляцией динамики гликозильных остатков, предоставляя новую теоретическую основу для понимания эволюционной адаптивности и биологической функции вируса.

4. Viruses. 2026 Jan 21;18(1):138. doi: 10.3390/v18010138.

Genetic Diversity of SARS-CoV-2 in Kazakhstan from 2020 to 2022

Генетическое разнообразие SARS-CoV-2 в Казахстане в период с 2020 по 2022 год

Altynay Gabiden ¹, Andrey Komissarov ², Aknur Mutaliyeva ^{1 3}, и др.

В данном исследовании авторы обобщили и согласовали геномные данные SARS-CoV-2, полученные в нескольких лабораториях Казахстана, с общедоступными последовательностями, чтобы представить национальный обзор динамики

генома в ходе последовательных эпидемических волн с 2020 по 2022 год. Проанализировали 4462 генома, депонированных в GISAID (включая 340, полученных в данном исследовании), из которых 3299 прошли фильтры качества Nextclade, и обобщили данные о смене линий на основных этапах (предварительный этап VOC, Альфа, Дельта, Омикрон BA.1/BA.2, Омикрон BA.4/BA.5 и более поздний период доминирования рекомбинантов). Интенсивность секвенирования заметно менялась со временем (0,60% подтвержденных случаев во время волны Дельта против 11,57% во время волны Омикрон BA.5), что дает основание предполагать, что разнообразие и персистенция линий могут быть недооценены. Циркуляция вируса до появления VOC включала ≥ 12 линий Pango с признаками множественных заносов и устойчивой локальной передачи, включая линию B.4.1, ограниченную Казахстаном, которая появилась в Нур-Султане/Астане и исчезла после апреля 2020 года. Вспышка на нефтяном месторождении Тенгизчевройл включала вирусы B.1.1 с филогенетическим подтверждением ≥ 3 независимых заносов. Волны Альфа и Омикрон характеризовались повторными заносами и гетерогенным происхождением, тогда как в волне Дельта доминировал AY.122 с дополнительным отдельным кластером AY.122; заметное событие локальной передачи BF.7 наблюдалось во время BA.5. Также отмечены локально обогащенные мутации, не определяющие линии. В целом, повторяющиеся заносы и вариабельная локальная амплификация формировали динамику SARS-CoV-2 в Казахстане, в то время как интерпретация ограничена сильно смещенным во времени секвенированием.