

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 7 по 13 февраля 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 7 по 13 февраля 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. Все VUM являются потомками JN.1, за исключением BA.3.2, который произошел от варианта Omicron BA.3.

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 13 февраля 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 18 December 2023</u>
				<u>JN.1 Updated Risk Evaluation 9 February 2024</u>
				<u>JN.1 Updated Risk 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 13 февраля 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:531-	27-03-2024	19-07-2024
L.P.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.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, G339V, 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 – 17 590 389. За прошедшую неделю число депонированных последовательностей по сравнению с предыдущей неделей увеличилось в 3,9 раза и составило 9 931, за неделю с 31 января по 6 февраля 2026 г. депонировано 2 570 геномов.

Геномные последовательности SARS-CoV-2, представлены в GISAID в основном из стран с высоким уровнем мониторинга. 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 (5 359 636 и 3 189 938 геномов соответственно).

Всего в базу данных GISAID депонировано геномов варианта Omicron (B.1.1.529) – 8 556 410. Удельный вес геномов варианта Omicron (B.1.1.529) от всех представленных геновариантов вируса SARS-CoV-2 за анализируемую неделю составил 31,9% (на предыдущей неделе – 30,6%). Отмечается снижение доли исходного варианта Омикрон (B.1.1.529) среди циркулирующих штаммов SARS-CoV-2 и замена его свои субварианты.

Российскими лабораториями размещено 97 020 геномов вируса SARS-CoV-2, в том числе геномных последовательностей варианта Omicron – 49 765.

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).

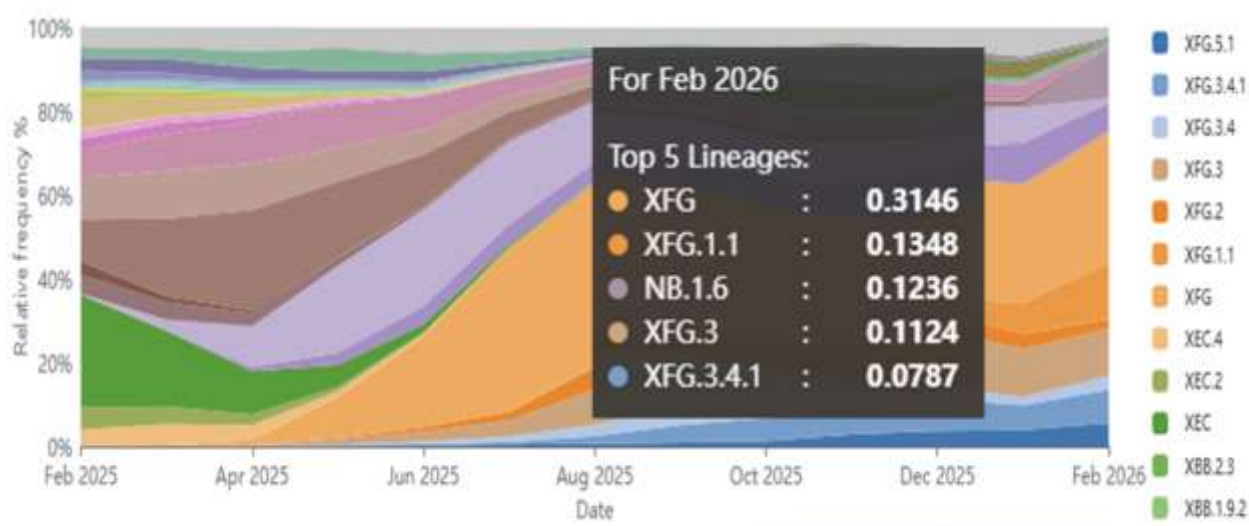


Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 13 февраля 2026 г.)

Распространение в регионах ВОЗ субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID по состоянию на 13 февраля 2026 г. представлено на рисунках 2, 3 и 4. В Европейском и Американском регионах на текущей

неделе по-прежнему доминировал штамм XFG и его сублинии (88,5% и 42,9% соответственно). В динамике распространения варианта XFG и его сублиний в сравнении с предыдущей неделей наблюдается рост в Европейском регионе – на 41,7,1% и снижение в Американском регионе – на 4,2% (рис. 2). В Западно-Тихоокеанском регионе в группе циркулирующих штаммов преобладали варианты NB.1.8.1 (+ 5% за неделю) и PQ.2 (– 6,5% за неделю), Африканском – ХЕС (рис 3).

Данные о циркулирующих штаммах в регионах Юго-Восточной Азии и Восточно-Средиземноморском в базе GISAID за неделю с 7 по 13 февраля 2026 г. не обновлялись. (рис.3 - 4).

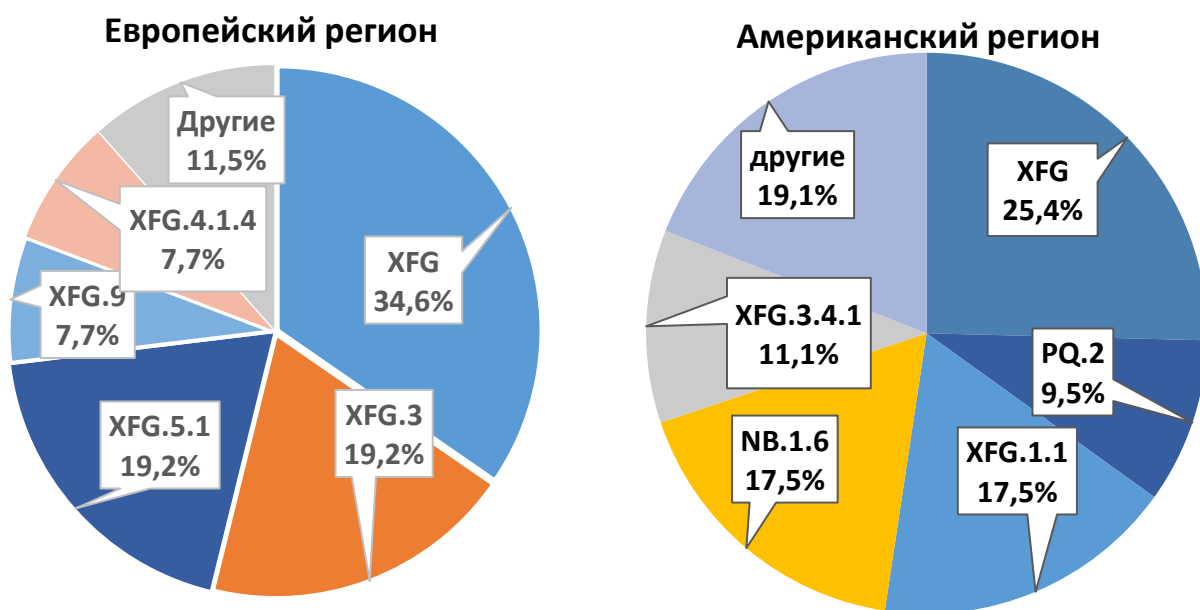


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в Европейском и Американском регионах

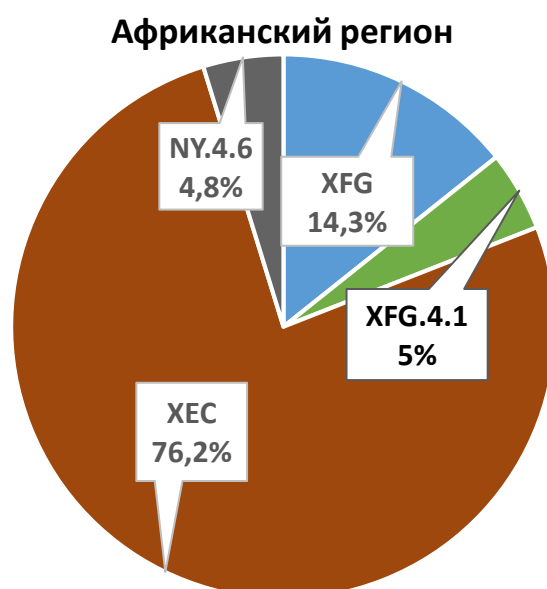
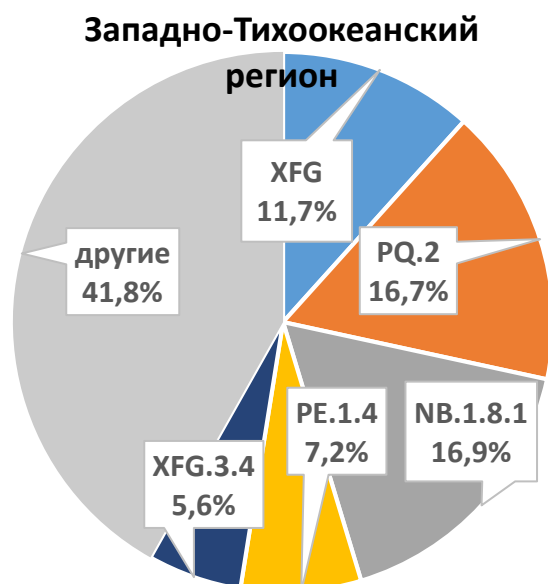


Рисунок 3 Распространение субвариантов Omicron в Западно-Тихоокеанском и Африканском регионах

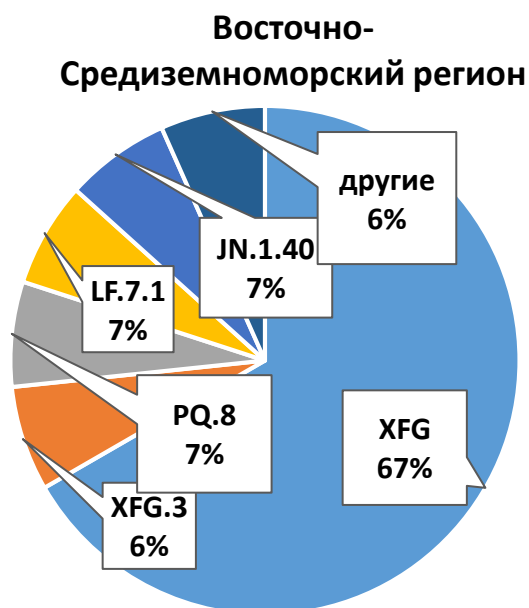
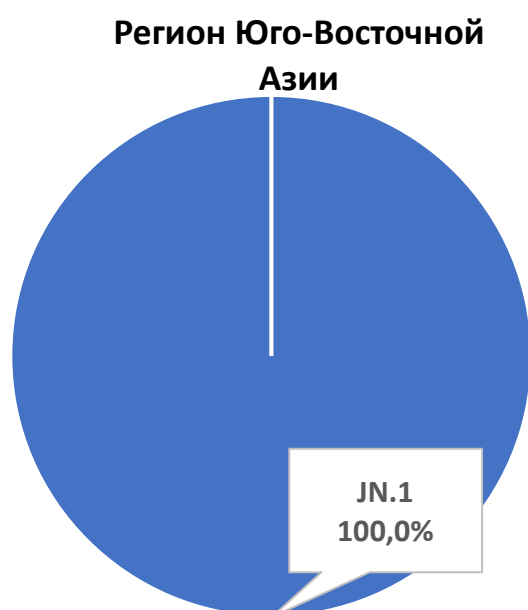


Рисунок 4 Распространение субвариантов Omicron в регионах Юго-Восточной Азии и Восточного Средиземноморья

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

Геномные последовательности субварианта **JN.1 («Pirola»)** представлены из 155 стран. Распространение варианта JN.1 за прошедшую неделю составило 3,2%.

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 преимущественно из 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. Его доля среди размещенных в базе GISAID штаммов SARS-CoV-2 составила 14,7%.

Субвариант **XFG («Stratus»)** секвенирован как минимум в 94 странах, на текущей неделе распространение в мире XFG и его сублиний составило 60,2% (+ 2,8% за анализируемую неделю). Значительное распространение варианта отмечено в Италии, США, Канаде, Испании, Франции (от 80,6% до 41,9%).

Субвариант **BA.3.2 («Cicada»)** обнаружен как минимум в 10 странах (ЮАР, Норвегия, Германия, Ирландия, Нидерланды, Словения, Великобритания, Люксембург, США, Австралия).

Публикации

1. bioRxiv [Preprint]. 2026 Jan 26:2026.01.24.700018.

doi: 10.64898/2026.01.24.700018.

A bireporter recombinant SARS-CoV-2 Omicron BA.5 for *in vitro* and *in vivo* studies

Рекомбинантный бирепортерный белок SARS-CoV-2 Omicron BA.5 для исследований *in vitro* и *in vivo*.

[Esteban M Castro](#), [Ramya S Barre](#), [Chengjin Ye](#), и др.

Вирус SARS-CoV-2, вызывающий пандемию COVID-19, постоянно эволюционирует, чтобы избежать иммунитета, приобретенного в результате предыдущих естественных инфекций или вакцинации. Более того, недавние вызывающие опасения варианты SARS-CoV-2 (VoC) приобрели мутации, обеспечивающие устойчивость к противовирусным препаратам, одобренным FDA. Появление этих VoC подчеркивает важность выявления новых профилактических и терапевтических средств против циркулирующих в настоящее время штаммов SARS-CoV-2. Авторы создали рекомбинантный бирепортерный штамм Omicron BA.5 SARS-CoV-2 (rBA.5 ZsG-Nluc), который экспрессирует репортерные белки, полезные для исследований на клетках и животных, и обладает сходной вирусной репликацией и патогенностью с рекомбинантным штаммом дикого типа (WT) Omicron BA.5 SARS-CoV-2 (rBA.5 WT). У мышей K18 hACE2 инфекцию rBA.5 ZsG-Nluc можно отслеживать системно или в легких инфицированных мышей с помощью системы визуализации *in vivo* (IVIS). Создана экспериментальная платформа на основе rBA.5 ZsG-Nluc в сочетании с исходным штаммом SARS-CoV-2, экспрессирующим mCherry, для одновременной идентификации противовирусных и нейтрализующих антител против исходных и новых штаммов SARS-CoV-2.

2. medRxiv [Preprint]. 2026 Jan 28:2026.01.26.26344861. doi: 10.64898/2026.01.26.26344861.

Synonymous substitution rate slowdown preceding the emergence of SARS-CoV-2 variants and during persistent infections

Замедление скорости синонимической замены, предшествующее появлению вариантов SARS-CoV-2 и происходящее во время персистентных инфекций Jennifer L Havens ^{1 2}, Karthik Gangavarapu ³, Jade C Wang ¹ и др.

В этом исследовании авторы сравнивают эволюционную динамику в вариантах стволовых ветвей, персистентных инфекциях и животных-хозяевах с эволюцией во время типичной передачи между людьми. Они рассматривают стволовые ветви вариантов Alpha, Beta, Gamma, Delta, Epsilon, Iota, B.1.637 и Omicron. Вдоль стволов вариантов они обнаружили свидетельства ускорения скорости несинонимичных замен по сравнению со скоростью несинонимичных замен вдоль ветвей, представляющих генетическое разнообразие циркулирующего вируса. Они также обнаружили свидетельства замедления скорости синонимических замен, предшествующего появлению множества названных вариантов. также обнаружили свидетельства замедления скорости синонимических замен, предшествующего появлению множества названных вариантов (например, Beta, Delta, Iota, Mu, Omicron BA.1); аналогичная картина наблюдалась у некоторых лиц с персистентными инфекциями, что предполагает замедление скорости репликации вируса во время персистентной инфекции. Однако замедление скорости синонимических замен наблюдалось не для всех вариантов, у некоторых из них отмечалось увеличение скорости синонимических замен перед их появлением по сравнению с типичной передачей вируса (например, Alpha, Epsilon). Сходство в эволюционной динамике, предшествующей появлению некоторых вариантов и во время персистентных инфекций, подтверждает гипотезу о том, что персистентные инфекции, вероятно, были источником многих вариантов COVID-19. Таким образом, используя байесовскую филодинамическую модель с локальными молекулярными часами, авторы демонстрируют, как изменения в скорости синонимичных замен указывают на механизм возникновения вариантов.

Nanobodies against the S2 region of the spike protein potently neutralize SARS-CoV-2 viruses and show resistance to virus escape

Нанотела, нацеленные на область S2 шиповидного белка, эффективно нейтрализуют вирусы SARS-CoV-2 и демонстрируют устойчивость к вирусному ускользанию

John Clarke, Luke Jones, Imogen Buckle, [View ORCID Profile](#) Parul Sharma, Emily Park, Anja Kipar, Adam Kirby, Daniele Mega, Siva Ramadurai, Aparajita Karmakar, Katy Cornish, Leah McCaffrey, Hannah Campaigne, [View ORCID Profile](#) Lauren E.-A. Eyssen, William S. James, James P. Stewart, Miles W. Carroll, Raymond J. Owens

Проникновение коронавирусов в клетки осуществляется с помощью вирусных шиповидных (S) гликопротеинов, каждый из которых состоит из субъединиц S1, связывающихся с рецепторами, и S2, обеспечивающих слияние с мембраной. Последовательность участка S2 очень хорошо сохраняется у разных вариантов SARS-CoV-2 и, по сравнению с участком S1, имеет значительную идентичность последовательностей у разных бета-коронавирусов. Нацелившись на участок S2 SARS-CoV-2, мы выявили два селективных и мощных нейтрализующих нанотела (BA.1-C2 и BA.1-D3), которые связываются с двумя разными четвертичными эпитопами в участке S2, образованными тримером гептадного повтора 2 (HR2) в основании шиповидного белка. Последовательность HR2 идентична у SARS-CoV и SARS-CoV-2, но отличается у других бета-коронавирусов, что объясняет отсутствие связывания с шиповидными белками MERS-CoV или HuCoV-OC43. После последовательного пассирования SARS-CoV-2 (JN.1) с комбинацией BA.1-C2 и BA.1-D3 не наблюдалось ускользания вируса от антител, а наиболее эффективное из этих нанотел снижало вирусную нагрузку в модели COVID-19 на хомяках после интраназального введения. В целом результаты показывают ценность технологии нанободи для выявления новых нейтрализующих эпитопов в области S2 бета-коронавирусов, которые могут быть использованы для разработки новых селективных противовирусных препаратов.

4. J Phys Chem Lett. 2026 Jan 8;17(1):325-333. doi: 10.1021/acs.jpclett.5c02783. Epub 2025 Dec 26.

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

Выделение с помощью протеазы и прерывистая подвижность дельта-варианта SARS-CoV-2

Manorama Dey 1,Poojitha Sai Potharaju 2,Khushika 3,Krishnan H Harshan 2 4,Pritam Kumar Jana 3,Nagma Parveen 1

Мы сообщаем, что растворимые сериновые протеазы, такие как трипсин и химотрипсин, запускают процесс высвобождения и/или отделения частиц SARS-CoV-2, связанных с липидными мембранами. Кинетику высвобождения оценивали с помощью флуоресцентной визуализации меченых вирусных частиц на нативных имитаторах мембран. Временное изменение флуоресцентного сигнала, подтвержденное кинетическими данными, полученными с помощью поверхностного плазмонного резонанса, свидетельствует о том, что вариант «Дельта» высвобождается быстрее всего. Варианты B.1.1.8 (близкий к уханьскому) и «Омикрон» демонстрируют сопоставимую кинетику высвобождения. Связанные с мембраной дельта-варианты становятся подвижными в поперечном направлении после обработки протеазой. Другие варианты теряют подвижность. Среднеквадратичное смещение и распределение вероятностей поперечных смещений частиц, оцененные с помощью метода отслеживания отдельных частиц, демонстрируют броуновскую, но не гауссову диффузию, возникающую из-за прерывистой подвижности дельта-варианта. Эти результаты обсуждаются в рамках модели, описывающей «прыгающее движение» дельта-варианта, вызванное динамическим связыванием с мембраной в присутствии растворимой сериновой протеазы.