

Дмитриева Л. Н., Чумачкова Е.А., Краснов Я.М., Мартынова А.А., Иванова А.В., Карнаухов И. Г., Караваяева 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 30 мая по 5 июня 2026 г.

*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 30 мая по 5 июня 2026 г.

В соответствии с классификацией ВОЗ с 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 23 февраля 2026 г. включены четыре субварианта, а именно KP.3.1.1, NB.1.8.1, XFG и BA.3.2 (таблица 2). Все VUM являются потомками JN.1, за исключением BA.3.2, который произошел от предковой версии Omicron -субварианта BA.3, который не циркулировал с начала 2022 года.

Таблица 1. Варианты, вызывающие интерес (VOIs) и циркулирующие в настоящее время (по состоянию на 5 июня 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 5 июня 2026 г.)

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
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-, T95L, I101T, C136-, N137-, D138-, P139-, F140-, L141-, G142-, V143-, Y144-, Y145-, H146-, K147-, F157S, N164K, S172F, K187T, N211-, L212I, A243-, L244-, P251S, T326V, 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 представлено геномов SARS-COV-2 – 17 634 258 (рис.1). За прошедшую неделю число депонированных последовательностей составило 1302.

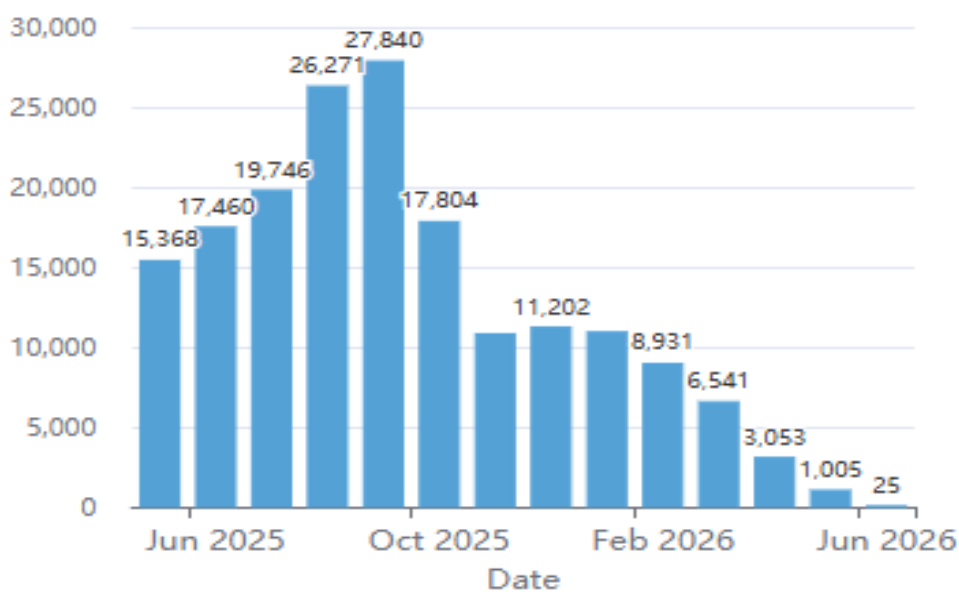


Рисунок 1. Динамика размещения геномных последовательностей в в базе данных GISAID (июнь 2025 г. – июнь 2026 г.)

Геномные последовательности SARS-CoV-2, представлены в GISAID (Global Initiative on Sharing All Influenza Data) в основном из стран с высоким уровнем мониторинга. Удельный вес штаммов, депонированных из США и Великобритании за прошедшую неделю составил 48,6% от всех последовательностей, размещенных в GISAID (5 372 730 и 3 190 312 геномов соответственно).

За прошедшую неделю число депонированных последовательностей составило 1 155, за неделю с 23 по 30 мая 2026 г. депонировано 1 208 геномов.

Всего в базе данных GISAID размещено геномов варианта Omicron (B.1.1.529) – 8 573 501. Сохраняется тенденция снижения доли исходного варианта Omicron (B.1.1.529) среди циркулирующих штаммов SARS-CoV-2 и замена его свои субварианты. Его доля в структуре секвенированных штаммов на анализируемой неделе составила 12% (на предыдущей неделе – 8,4%).

Российскими лабораториями депонировано 98 430 геномов вируса SARS-CoV-2, в том числе геномных последовательностей варианта Omicron (B.1.1.529) – 49 428.

Низкое количество последовательностей вируса SARS-CoV-2, размещаемых в базе GISAID, влияет на точность оценок его распространенности в мире. Поэтому эти данные секвенирования следует интерпретировать с осторожностью.

По данным GISAID EpiCoV на анализируемой неделе в мире доминирующим геновариантом среди циркулирующих штаммов вируса SARS-CoV-2 являются XFG и его сублинии (RV.1 и XFG .5.1) (рис. 2).

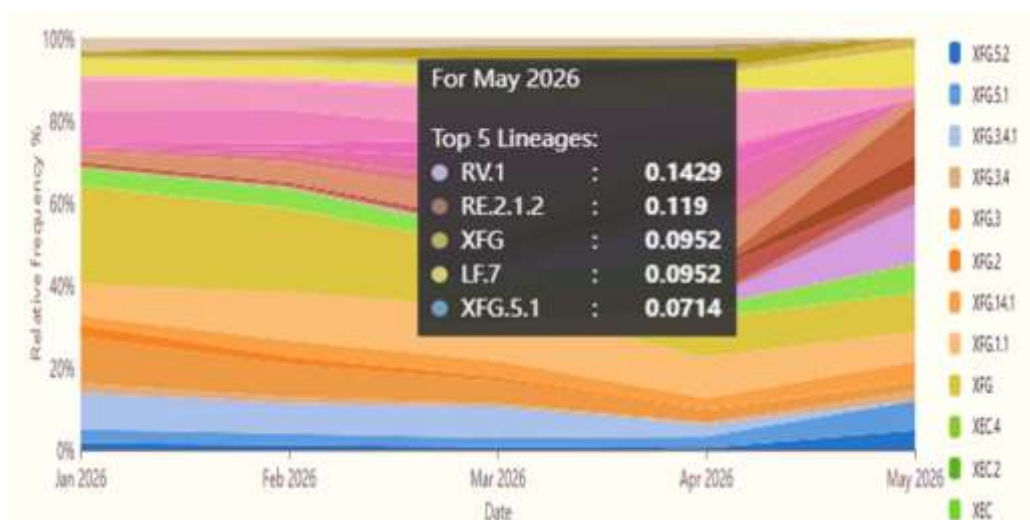


Рисунок 2. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 5 июня 2026 г.)

Распространение в регионах ВОЗ субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID по состоянию на 5 июня 2026 г. представлено на рисунках 3, 4 и 5. В Европейском регионе на текущей неделе, как и на предыдущей, доминировал штамм BA.3.2 («Cicada»), Американском – XFG (рис. 3).

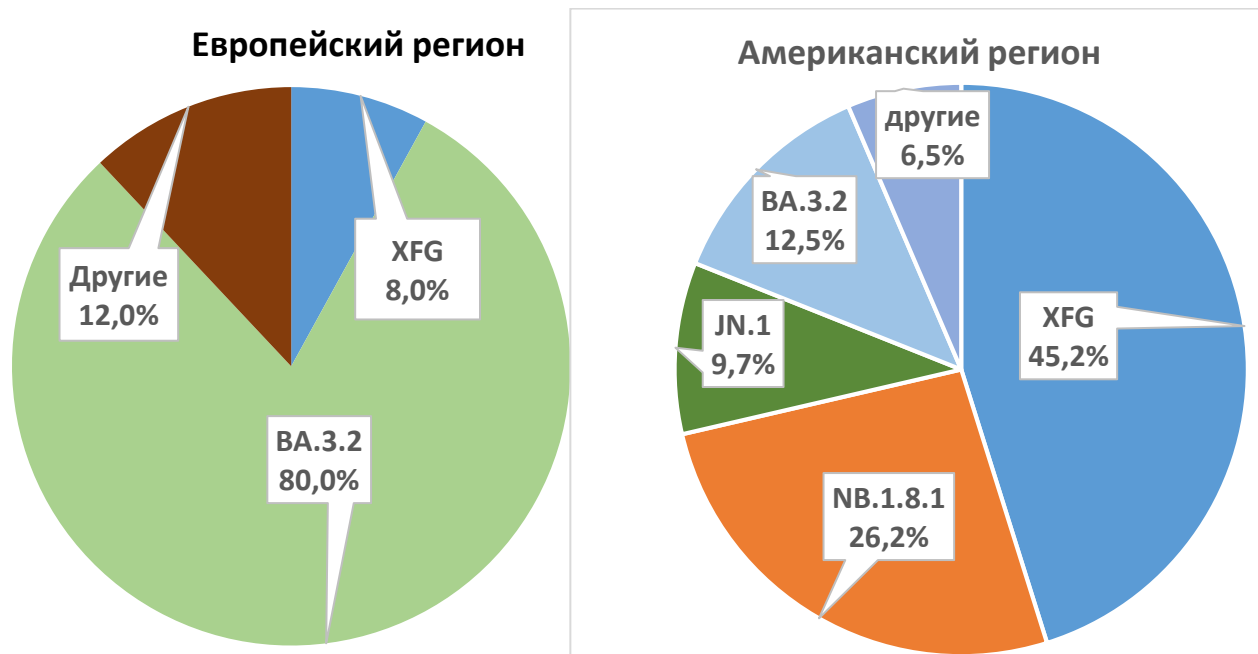


Рисунок 3. Распространение субвариантов Omicron в Европейском и Американском регионах

В базе данных GISAID из стран Западно-Тихоокеанского региона преимущественно представлены штаммы NB.1.8.1, Африканского региона – BA.3.2 (Рис. 4).

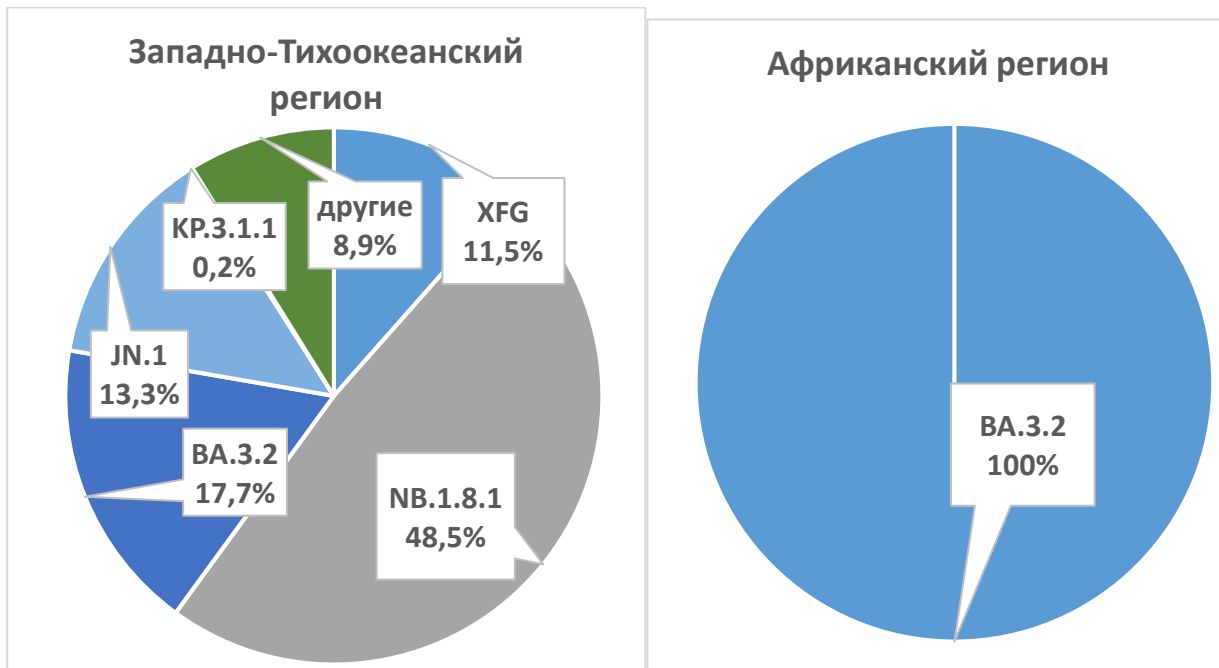


Рисунок 4. Распространение субвариантов Omicron в Западно-Тихоокеанском и Африканском регионах.

В регионах Юго-Восточной Азии и Восточно-Средиземноморском отмечена циркуляция субварианта XFG (рис. 5).

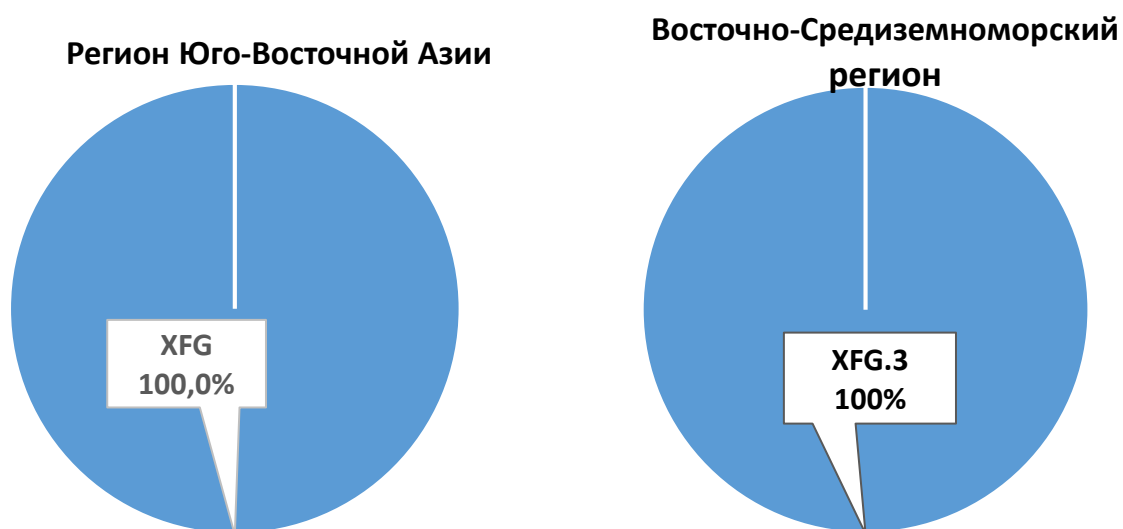


Рисунок 5. Распространение субвариантов Omicron в регионах Юго-Восточной Азии и Восточного Средиземноморья.

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

Геномные последовательности субварианта **JN.1** («Pirola») представлены из 159 стран. Распространение JN.1 составило за прошедшую неделю 9,3% (- 2,4

% за неделю). За последние 4 недели циркуляция варианта отмечена в США и Австралии.

Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)

С момента идентификации в базе данных GISAID распространение субварианта **КР 3.1.1** зарегистрировано в 83 странах. За анализируемую неделю распространение оценивается на низком уровне – 0,6%.

Циркуляция субварианта **NB.1.8.1 («Nimbus»)** установлена в 75 странах. Его доля среди размещенных в базе GISAID штаммов SARS-CoV-2 составила 24%. За последние 4 недели доля субварианта среди размещенных в базе GISAID штаммов составила в Гонконге – 100%, Германии – 75%, Новой Зеландии – 33%.

Субвариант **XFG («Stratus»)** секвенирован как минимум в 103 странах, на текущей неделе распространение в мире XFG и его сублиний составило 47,3%. В Канаде за последние 4 недели доля субварианта среди размещенных в базе GISAID штаммов составила 75%, США – 56,1%, Германии – 25%.

Субвариант **BA.3.2 («Cicada»)** в базе GISAID представлен из 36 стран, распространение в мире оценивается на уровне 25,7%. За последние 4 недели доля субварианта среди размещенных в базе GISAID штаммов составила в Испании – 81,8%, США – 19,5%, Австралии – 13,6%.

Публикации

1. doi: <https://doi.org/10.64898/2026.05.24.727525>

Antigenic characterization of SARS-CoV-2 variants BA.3.2.1 and BA.3.2.2 in three animal models

Антигенная характеристика вариантов SARS-CoV-2 BA.3.2.1 и BA.3.2.2 на трех моделях животных

Samuel A. Turner, Joey Olivier, Madison L. Ellis, и др.

BA.3.2, вариант SARS-CoV-2, содержащий около 40 мутаций в своем шиповом белке по сравнению с ближайшим предком, распространился по всему миру с момента его первого обнаружения в Южной Африке в ноябре 2024 года. В данной работе представлена антигенная характеристика вирусов BA.3.2 в трех моделях животных, не подвергавшихся воздействию вируса, и визуализирован его антигенный фенотип в контексте эволюции SARS-CoV-2 с использованием антигенной картографии. Обнаружили, что: (1) BA.3.2 существенно отличается по антигенным характеристикам от существующих вариантов SARS-CoV-2; (2) заражение BA.3.2 у хомяков и мышей приводит к образованию сывороток с более низким титром гомологов, чем заражение другими вариантами. Оба этих результата могут иметь значение для выбора вакцинных антигенов.

2. Cell Rep. 2026 May 28;45(6):117460. doi: 10.1016/j.celrep.2026.117460.

Online ahead of print.

SARS-CoV-2 intra-host recombination promotes epistatic spike interactions and temperature-dependent adaptation

Внутриклеточная рекомбинация SARS-CoV-2 способствует эпистатическим взаимодействиям шиповидных белков и адаптации, зависящей от температуры.

Mazharul Altaf ¹, Mark Tsz Kin Cheng ², Luis Daniel González-Vázquez ³ и др.

Длительные инфекции у лиц с ослабленным иммунитетом связаны с накоплением неожиданных комбинаций мутаций, примером чего является вари-

ант Omicron. В данной работе показано, что эволюция «внутри хозяина» во время хронической инфекции SARS-CoV-2 в эпоху до омикрона была связана с мутациями, которые модулируют уклонение от действия антител, эффективность проникновения в клетки, процессинг шипового белка и фузогенность. Одиночные мутации N-конца шипового белка S13I и W64G оказывали отрицательное воздействие на расщепление S1/S2, образование синцитиев и проникновение в клетки, но в результате предполагаемого события рекомбинации с P330S восстанавливали функцию. Отдельные мутанты никогда не обнаруживались по отдельности в респираторных образцах, но опосредовали зависимое от температуры уклонение от нейтрализующих антител и изменяли зависимость от слияния мембран, опосредованного TMPRSS2, что, возможно, объясняет их транзитный отбор. Молекулярно-динамическое моделирование показало, что мутация W64G вызывает локальную дестабилизацию N-концевого домена с дистальными эффектами в петле расщепления S1/S2, связывая структурные нарушения с функциональными дефектами и уклонением от иммунного ответа. В совокупности эти результаты демонстрируют, как рекомбинация «внутри хозяина» способствует адаптации вируса.

3. doi: <https://doi.org/10.64898/2026.05.18.726016>

Mechanochemical Decoupling of ATP Hydrolysis and RNA Translocation in SARS-CoV-2 nsp13 by the L405D Mutation

Механохимическое разъединение гидролиза АТФ и транслокации РНК в белке nsp13 вируса SARS-CoV-2 вследствие мутации L405D

Elham Fazelpour, Priti Roy, Kole J Frederick, и др.

Неструктурный белок 13 SARS-CoV-2 (nsp13) представляет собой высококонсервативную хеликазу, которая связывает гидролиз АТФ с транслокацией РНК посредством дальнедействующей аллостерической связи между ее АТФазным и РНК-связывающим доменами. В предыдущей работе авторы идентифицировали L405 как ключевой регулятор междоменных движений и предположили, что мутация L405D нарушит эту связь, воздействуя на конформационные транс-

локации, необходимые для транслокации [J. Phys. Chem. B 2024 v128 492--503]. Последующие эксперименты подтвердили, что L405D ослабляет активность хеликазы, в значительной степени сохраняя при этом активность АТФазы, что указывает на нарушение связи АТФ-РНК [J. Biol. Chem. 2026 v302 111198]. В данной работе они предлагают основанное на данных объяснение этого рассогласования, комбинируя моделирование ускоренной молекулярной динамики Гаусса (GaMD) с кластеризацией Shape-GMM и линейным дискриминантным анализом. В то время как nsr13 дикого типа демонстрирует как конформационный отбор, так и индукцию, мутация L405D приводит к коллапсу конформационного ландшафта, в результате чего белок преимущественно функционирует за счет отбора, устраняя структурные переходы, индуцированные АТФ и необходимые для эффективного каталитического цикла. Эта потеря индукции фиксирует АТФ-связывающий карман в закрытой или полуоткрытой конформации, что ухудшает высвобождение продукта и снижает оборот АТФ, одновременно нарушая скоординированные взаимодействия мотив-РНК, необходимые для транслокации по типу «гусеницы». Эти результаты показывают, что вызванное мутациями изменение конформационных ансамблей может модулировать доступ к реакционно-способным состояниям, предоставляя общую основу для понимания того, как целенаправленные мутации нарушают каталитическую функцию посредством аллостерического ремоделирования ансамблей в моторных белках.

4. Virol J. 2026 May 28. doi: 10.1186/s12985-026-03203-4. Online ahead of print.

Genomic characterization of SARS-CoV-2 variants circulating in the population of Bangui, Central African Republic (CAR) in 2022

Геномная характеристика вариантов SARS-CoV-2, циркулирующих среди населения Банги, Центральноафриканская Республика (ЦАР), в 2022 году

Pulchérie Pelembi ¹, Philippe Colson ², Alain Farra ³, и др.

Целью данного исследования было выявление и характеристика циркулирующих в Банги вариантов SARS-CoV-2 для поддержки геномного надзора и

стратегий профилактики COVID-19. Авторы провели ретроспективное описательное исследование в Банги, Центральноафриканская Республика (ЦАР), с января по август 2022 года. В общей сложности 102 образца из носоглотки, положительные на SARS-CoV-2 ($Ct \leq 30$), отобранные из биобанка Института Пастера в Банги, были повторно проанализированы с использованием мультиплексной количественной ПЦР для подтверждения их значений Ct . Затем соответствующие образцы были секвенированы с использованием платформы MinION MK1C (Oxford Nanopore Technologies) в соответствии с протоколом сети ARTIC в Институте Пастера, Париж (CIBU). Биоинформатическая обработка с использованием ридов, картированных на референсный геном, с последующей генерацией консенсусной последовательности, включала стандартные этапы определения оснований, демultipлексирования, фильтрации качества, выравнивания генома, обрезки праймеров, генерации консенсуса и выявления вариантов. Различные варианты были описаны с помощью веб-приложения Nexstrain. Результаты показали, что 66,7% секвенированных геномов ($n = 68$) имели высокое покрытие $\geq 80\%$, все они принадлежали к варианту Omicron. Были идентифицированы четыре субтипа согласно классификации Pangolin: BA.1 (14,7%), BA.2 (35,3%), BA.4.1 (4,4%) и BA.5.1 (45,6%). Эти субтипы присутствовали во всех восьми районах, с преобладанием в восьмом районе, и чаще всего диагностировались в июне (четвертая волна эпидемии). Вариант Omicron был единственным обнаруженным среди успешно секвенированных образцов, хотя ограниченный объем выборки и успех секвенирования ограничивают возможность более широкого обобщения результатов. Крайне важно наладить непрерывный мониторинг SARS-CoV-2 для выявления любых новых вариантов в режиме реального времени, одновременно укрепляя возможности секвенирования на национальном уровне. Непрерывный геномный мониторинг имеет решающее значение для прогнозирования потенциальных будущих волн COVID-19 и обеспечения своевременного реагирования в сфере общественного здравоохранения.