

DOI: 10.25205/978-5-4437-1843-9-211

**АНАЛИЗ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ВАРИАНТОВ ВИРУСА SARS-COV-2,
ЦИРКУЛИРУЮЩИХ НА ТЕРРИТОРИИ 12 СУБЪЕКТОВ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ*****ANALYSIS OF SARS-COV-2 GENETIC VARIANTS CIRCULATING
IN 12 REGIONS OF THE RUSSIAN FEDERATION**

М. С. Мокроносов, И. А. Драчкова, К. С. Трубенков, Т. С. Тимохина,
Т. В. Трегубчак, М. В. Сивай, С. А. Боднев

Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор» Роспотребнадзора, р. п. Кольцово

M. S. Mokronosov, I. A. Drachkova, K. S. Trubnikov, T. S. Timohina,
T. V. Tregubchak, M. V. Sivay, S. A. Bodnev

State Research Center of Virology and Biotechnology “Vector”, Koltsovo

✉ Mokronosov_ms@vector.nsc.ru

Аннотация

В работе представлен анализ полногеномных последовательностей вируса SARS-CoV-2 в биологическом материале, поступившем из 12 регионов Российской Федерации с января 2024 по апрель 2025 г. Определены циркулирующие субварианты, впервые выявленные линии проанализированы на наличие аминокислотных замен, способных изменить биологические характеристики вируса, способствуя его дальнейшему распространению.

Abstract

The paper presents an analysis of the full-genomic sequences of the SARS-CoV-2 virus in samples from 12 regions of the Russian Federation from January 2024 to April 2025, identified circulating subvariants, and analyzed the lines identified for the first time for the presence of amino acid substitutions that can significantly change the characteristics of the virus, contributing to its further spread.

Впервые выявленный в 2019 г. вирус SARS-CoV-2 продолжает циркулировать в мире. И хотя COVID-19 уже не имеет статуса пандемии, но молекулярно-эпидемиологический мониторинг, направленный на отслеживание циркулирующих и вновь появившихся вариантов, вызывающих тяжелые или летальные случаи заболевания, продолжается в связи с большой значимостью получаемых результатов.

Появление новых мутаций приводит к изменению третичной структуры белков вириона и их функций. Так, одним из самых переменных является поверхностный S-белок коронавируса, отвечающий за связывание с рецептором ACE-2 и проникновение внутрь клетки-мишени, и изменение его конформации может приводить к ускользанию от иммунного ответа, выработанного на ранее перенесенную инфекцию или в результате вакцинации. Кроме того, различные сочетания аминокислотных замен по-разному влияют на структуру белков и их функции. Одна замена, появившаяся ранее, может уменьшать связывание S-белка с клеточными рецепторами, в то время как в сочетании с новой мутацией может усиливать тропность вируса к рецептору в несколько раз.

Цель работы — анализ генетических вариантов вируса SARS-CoV-2, циркулирующих на территории 12 субъектов Российской Федерации (Алтайский край, Кемеровская, Новосибирская, Омская области, Приморский край, Сахалинская, Свердловская, Тюменская области, Хабаровский край, Ханты-Мансийский автономный округ, Челябинская область, Ямало-Ненецкий Автономный округ).

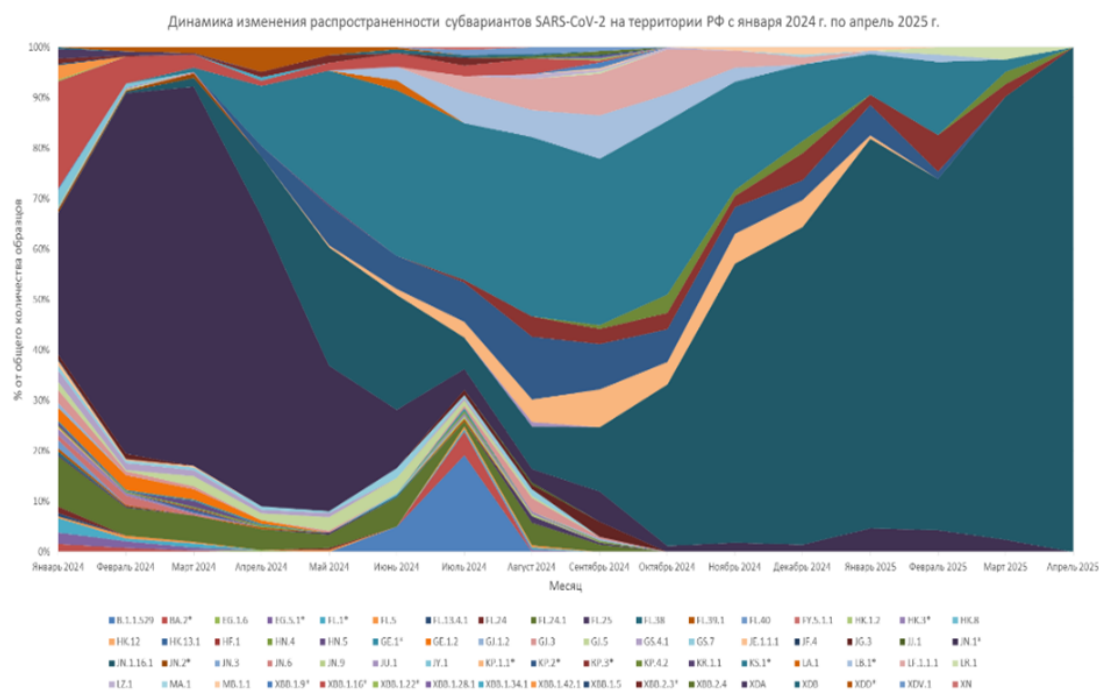
Реакция обратной транскрипции была проведена с помощью набора Реверта L (AmpliSens, Россия). Для наработки коротких фрагментов генома в ходе полимеразной цепной реакции был использован набор олигонуклеотидных праймеров по протоколу ARTIC V.5.3.2. Высокопроизводительное секвенирование проводили на платформе Illumina MySeq/ISEq. Полученные последовательности были проанализированы на наличие аминокислотных замен и принадлежность к различным субвариантам вируса SARS-CoV-2 с помощью онлайн-сервисов NextStrain и GISAID.

С января 2024 по апрель 2025 г. в 4668 образцах, полученных от госпитализированных пациентов с COVID-19, было обнаружено 136 различных генетических линий SARS-CoV-2. Большинство вновь выявленных субвариантов циркулировали в наблюдаемый период в течение нескольких месяцев (см. рисунок). При этом

* Исследование выполнено в рамках государственного задания Государственного научного центра вирусологии и биотехнологии «Вектор» Роспотребнадзора (№ 32/21).

© М. С. Мокроносов, И. А. Драчкова, К. С. Трубенков, Т. С. Тимохина, Т. В. Трегубчак, М. В. Сивай, С. А. Боднев, 2025

количество образцов, содержащих тот или иной вариант, было небольшим, по несколько в месяц. В целом во всех исследованных образцах наиболее часто встречающимися являются линии JN.1 (939 образцов, 20,12 %), JN.1.16.1 (812 образцов, 17,40 %) и KS.1 (627 образцов, 13,43 %).



Динамика распространенности субвариантов SARS-CoV-2 с января 2024 по апрель 2025 г.

В первой половине 2024 г. по регионам наблюдалось различие в генетическом спектре доминирующих вариантов. Так, в Кемеровской области в этот период наиболее распространенным являлся вариант FL.24, в то время как в Ханты-Мансийском автономном округе и Сахалинской области — вариант KS.1. На апрель 2025 г. во всех 12 регионах доминировал вариант JN.1.16.1.

Для впервые выявленных вариантов KP.2, KP.3 и JN.1.18 были обнаружены наиболее значимые аминокислотные замены DelS31, T22N, F59S, Q493E, которые приводят к возникновению дополнительных сайтов гликозилирования S-белка, что снижает аффинность к антителам у переболевших и вакцинированных людей. Однако данные мутации не привели к доминированию этих субвариантов, но их циркуляция на территории регионов Российской Федерации продолжается.

Тем не менее это может свидетельствовать о необходимости продолжения молекулярно-эпидемиологического мониторинга с большим географическим охватом для своевременного обновления разработанных ранее вакцин под впервые выявленные циркулирующие на территории РФ или прогнозируемые к появлению субварианты вируса SARS-CoV-2.