

Булда К.Ю., Коско А.Д., Бунас А.С.
ДИНАМИКА РАСПРОСТРАНЕНИЯ ВАРИАНТА
ОМИКРОН ВИРУСА SARS-COV-2 В Г. МИНСКЕ
Научный руководитель: д-р биол. наук, доц. Гасич Е.Л.

Республиканский научно-практический центр эпидемиологии и микробиологии г. Минск

Актуальность. В конце ноября 2021 г. появились первые сообщения о новом генетическом варианте В.1.1.529 вируса SARS-CoV-2, которому впоследствии было присвоено название Омикрон. Было установлено, что он обладает высокой инфекционностью, трансмиссивностью и способностью ускользать от иммунитета, что обусловило его включение в группу вариантов, согласно классификации ВОЗ, как «вариант вызывающий обеспокоенность» наряду с более ранними циркулирующими вариантами – Альфа, Бета, Гамма и Дельта. Вариант Омикрон содержит не менее 32 мутаций в S белке, часть из которых характерна для вариантов Альфа, Бета, Дельта и др. В дальнейшем произошла быстрая эволюция, результатом которой стало появление большого числа сублиний варианта Омикрон – В.1.1.159+ВА, ряд из которых стали доминирующими во многих странах мира, включая Республику Беларусь. Широкое распространение в мире получили следующие варианты и их сублинии: ВА.1, ВА.2, ВА.4, ВА.5 и производные этих сублиний. Учитывая важность понимания особенностей эпидемического процесса, обусловленного разными генетическими вариантами вируса SARS-CoV-2, для разработки мер реагирования на пандемию COVID-19, одним из его ключевых компонентов является проведение молекулярно-генетического надзора.

Цель: установить особенности распространения варианта Омикрон и его сублиний в г. Минске в 2022 г. на основе анализа частичного секвенирования S участка генома вируса SARS-CoV-2.

Материалы и методы. Исследуемая выборка составила 600 образцов назофарингеальных мазков с подтверждённым диагнозом COVID-19, собранная в 2022 г. в г. Минске. Получение данных частичного секвенирования S участка SARS-CoV-2 выполнялось на генетическом анализаторе 3500 Applied Biosystems. Анализ нуклеотидных последовательностей осуществлялся в программном обеспечении Sequencing Analysis Software v.6, BioEdit, SeqScape v.3. Определение генетического варианта производилось на основе анализа уникальных мутаций, характерных для разных сублиний варианта Омикрон SARS-CoV-2.

Результаты и их обсуждение. Первые случаи заражения вариантом Омикрон в Республике Беларусь были выявлены в конце декабря 2021 г. В период январь-март 2022 года основными циркулирующими сублиниями варианта Омикрон являлись: ВА.1 – 18,51% (20/108), ВА.1.1 – 35,19% (38/108), ВА.2 – 46,30% (50/108); с апреля по июнь: ВА.1 – 2,04% (1/49), ВА.2 – 91,84% (45/49), ВА.4/5 – 6,12% (3/49). Во второй половине 2022 года (июль-сентябрь) произошло изменение генетического пейзажа с появлением новых циркулирующих сублиний: ВА.4.6 – 10,68% (33/309), ВА.4/5 – 87,06% (269/309), ВА.5.2.14 – 0,97% (3/309), ВА.5.2.24 – 0,65% (2/309), ВА.5.5.1 – 0,32% (1/309) и ВF.1 – 0,32% (1/309). В период с октября по декабрь 2022 г. в г. Минске выявлялись варианты ВА.4.6 – 25,38% (34/134), ВА.4/5 – 49,25% (66/134), а также сублинии ВА.5: ВА.5.5.1 – 4,48% (6/134), ВА.5.3.1 – 0,75% (1/134), ВE.4.1.1 – 1,49% (2/134), ВE.9 – 1,49% (2/134), ВQ.1.24 – 1,49% (2/134), CL.1 – 4,48% (6/134), CU.1 – 0,75% (1/134), CP.3 – 0,75% (1/134). Впервые был установлен завоз сублиний варианта ВА.2.75, а также его производных: ВM.1.1.1 – 1,49% (2/134), ВN.1 – 5,22% (7/134), ВN.4 – 1,49% (2/134), ВY.1 – 1,49% (2/134).

Выводы: в Республике Беларусь в 2022 году на территории г. Минска на период январь-март доминировал вариант ВА.2, который постепенно, вплоть до сентября, вытеснялся вариантами ВА.4/5 и ВА.4.6. Период октябрь-декабрь характеризовался распространением вариантов ВА.4/5 и ВА.4.6., а также появлением производных вариантов от ВА.5 (ВА.5.5.1, ВА.5.3.1, ВE.4.1.1, ВE.9, ВQ.1.24, CL.1, CU.1, CP.3) и ВА.2.75 (ВM.1.1.1, ВN.1, ВN.4, ВY.1).