

УДК 578.53

ХАРАКТЕРИСТИКА МУТАЦИЙ В ЛИНИЯХ ОМИКРОНА (ВА.1, ВА.2, ВА.3 И ВА.1.1)

Шарруф К. (Лаборатория прикладной геномики, Химико-Биологический кластер, Университет ИТМО), **Аббас К.** (Лаборатория прикладной геномики, Химико-Биологический кластер, Университет ИТМО), **Кусакин А. В.** (Лаборатория прикладной геномики, Химико-Биологический кластер, Университет ИТМО), **Джъякхво С.** (Лаборатория прикладной геномики, Химико-Биологический кластер, Университет ИТМО)

Научный руководитель – внс, кбн. Комиссаров А. С. (Лаборатория прикладной геномики, Химико-Биологический кластер, Университет ИТМО)

Аннотация. В странах по всему миру коронавирусный штамм омикрон быстро превзошел другие штаммы и стал доминирующим штаммом SARS-CoV-2. В этом исследовании мы исследовали все мутации линий омикрона. Мы выявили общие мутации между этими линиями и другими штаммами SARS-CoV-2. Мы также обозначили место/дату первого появления каждой из этих мутаций в последовательностях SARS-CoV-2. Мы обнаружили, что омикрон-штамм сохранил несколько мутаций, которые обнаруживаются в других вариантах и, как считается, делают вирус более заразным.

Введение. Штамм омикрон (B.1.1.529) был впервые обнаружен в Южной Африке, о нем было сообщено в ВОЗ 24 ноября 2021 г., а 26 ноября 2021 г. он был внесён в список штаммов, вызывающих беспокойство. Последующее распространение этого штамма было обширным как на региональном, так и на глобальном уровне. Поразительной особенностью этого штамма является большое количество мутаций, которые представляют угрозу для эффективности существующих вакцин против COVID-19 и методов лечения антителами. Штамм омикрон включает пять линий PANGO, включая B.1.1.529, ВА.1, ВА.2, ВА.3 и ВА.1.1. Линии (ВА.1, ВА.2 и ВА.3) были впервые обнаружены примерно в одно и то же время и из одного и того же места. Поскольку штамм омикрон представляет серьезную угрозу для многих существующих вакцин и методов лечения COVID-19, исследование и характеристика мутаций линий омикрон является важным и полезным исследованием для понимания и прогнозирования характеристик этого варианта.

Основная часть. В линиях омикрона (ВА.1, ВА.2, ВА.3 и ВА.1.1) накопилось огромное и беспрецедентное количество мутаций. Эти мутации распространяются по геному, включая шиповидные и не шиповидные области. Некоторые из этих мутаций не уникальны для штамма омикрон; скорее, некоторые из них можно найти в других вариантах, вызывающих беспокойство (VOC), или вариантах, вызывающих интерес (VOI).

Было обнаружено, что из 82 мутаций 24 мутации присутствуют по крайней мере в одном дополнительном штамме. Следовательно, 58 мутаций не были идентифицированы ни в каких VOC или VOI, что делает их «мутациями, специфичными для омикрона». Различные линии Омикрон (ВА.1, ВА.1.1, ВА.2 и ВА.3) имеют 33 общих мутации (ORF1a:T3255I, ORF1a:P3395H, ORF1a:Δ3675/3677, ORF1b:P314L, ORF1b:I1566V, S:G142D, S:G339D, S:S373P, S:S375F, S:K417N, S:N440K, S:S477N, S:T478K, S:E484A, S:Q493R, S:Q498R, S:N501Y, S:Y505H, S:D614G, S:H655Y, S:N679K, S:P681H, S:N764K, S:D796Y, S:Q954H, S:N969K, E:T9I, M:Q19E, M:A63T, N:P13L, N:Δ31/33, N:R203K, N:G204R). По опубликованным данным мы обнаружили, что многие мутации, расположенные в области шиповидного белка и вне этой области, влияют на нейтрализующий эффект, патогенность, трансмиссивность, устойчивость к противовирусным препаратам или вакциноиндуцированный иммунитет.

Мы также определили первое появление в мире каждой мутации в линиях омикрона, используя базу данных GISAID. Результаты были расположены в возрастающем хронологическом порядке даты сбора (были выбраны только «полные даты сбора»), и результаты были отфильтрованы, выбрав «Человек» в качестве «Хозяина». Первый

полученный результат рассматривался как первое появление мутации в последовательностях SARS-CoV-2. Выявлено, что несколько мутаций впервые появились в Северной Америке (24 мутации). Другие впервые появились в Азии, Европе, Африке, Южной Америке или Океании (19, 18, 12, 5 и 3 мутации соответственно). Интересно, что основная масса этих мутаций впервые появилась в первые четыре месяца 2020 года (всего 60 мутаций из 82).

Выводы. Наше исследование установило, что штамм омикрон сохранил несколько мутаций, которые обнаруживаются в других штаммах и, как считается, делают вирус более заразным. Мы также обнаружили, что многие из мутаций омикрона чрезвычайно редки в других штаммах SARS-CoV-2 и представляют собой значительный скачок в эволюции SARS-CoV-2. Примечательно, что частота мутаций штамма омикрон превышает другие штаммы. Кроме того, он обладает повышенной трансмиссивностью и уклонением от иммунитета. Эта прогрессия демонстрирует попытку штамма омикрон стимулировать SARS-CoV-2 для повышения вирусной приспособленности.

Шарруф К. (автор)

Подпись

Комиссаров А. С. (научный руководитель)

Подпись