

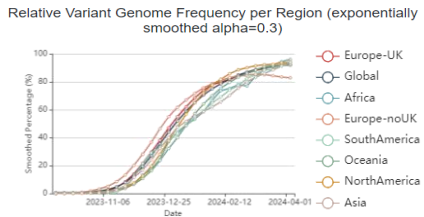
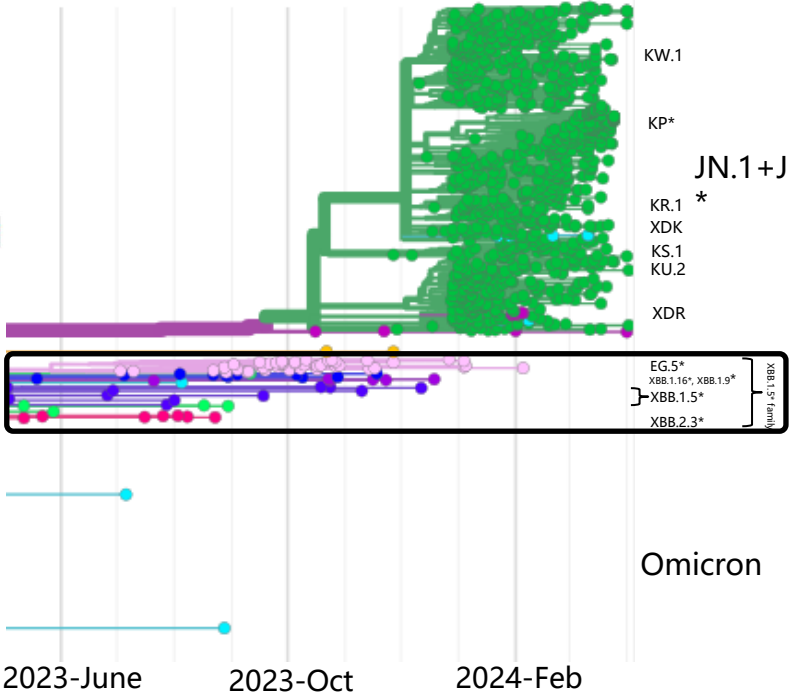
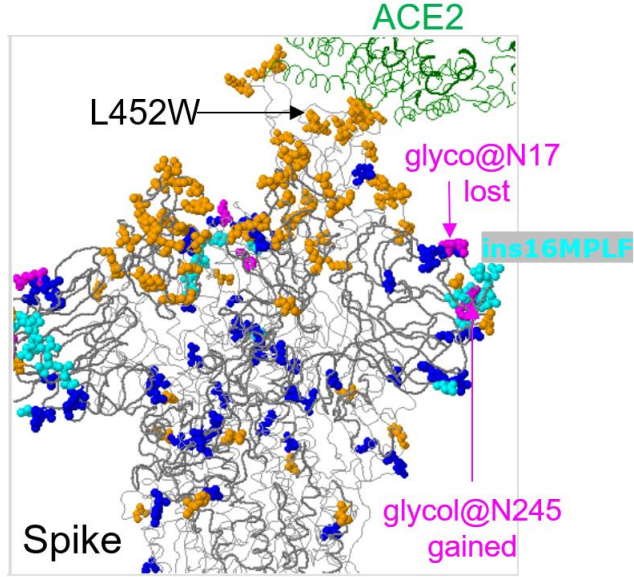
最新分析报告

2024-04-09



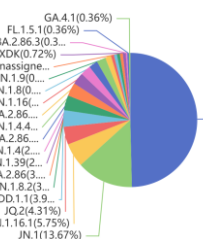
新的VOI BA.2.86*, 具有不同寻常数目的刺突蛋白替换

JN.1 亚系继续增加. 截至 2024 年 4 月 9 日, 125 个国家共享 167,198 个 JN.1+JN.1*. BA.2.86 亚谱系的系统发育关系如下图所示, VOI信息可访问: <https://gisaid.org/hcov19-variants/>.

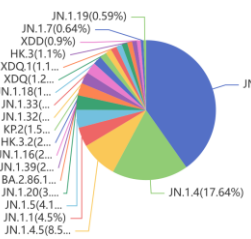


最近批准的更新疫苗以 XBB.1.5 毒株为基础。当前全球流通的大多数菌株属于 JN.1* 家族。

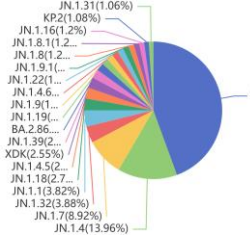
非洲



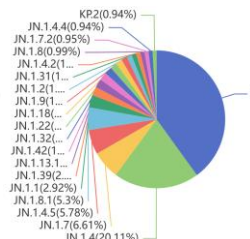
亚洲



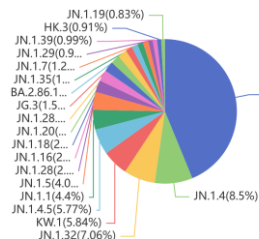
欧洲



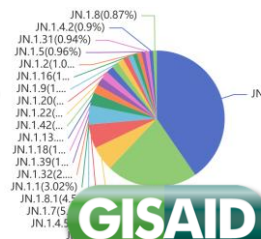
北美洲



大洋洲



南美洲



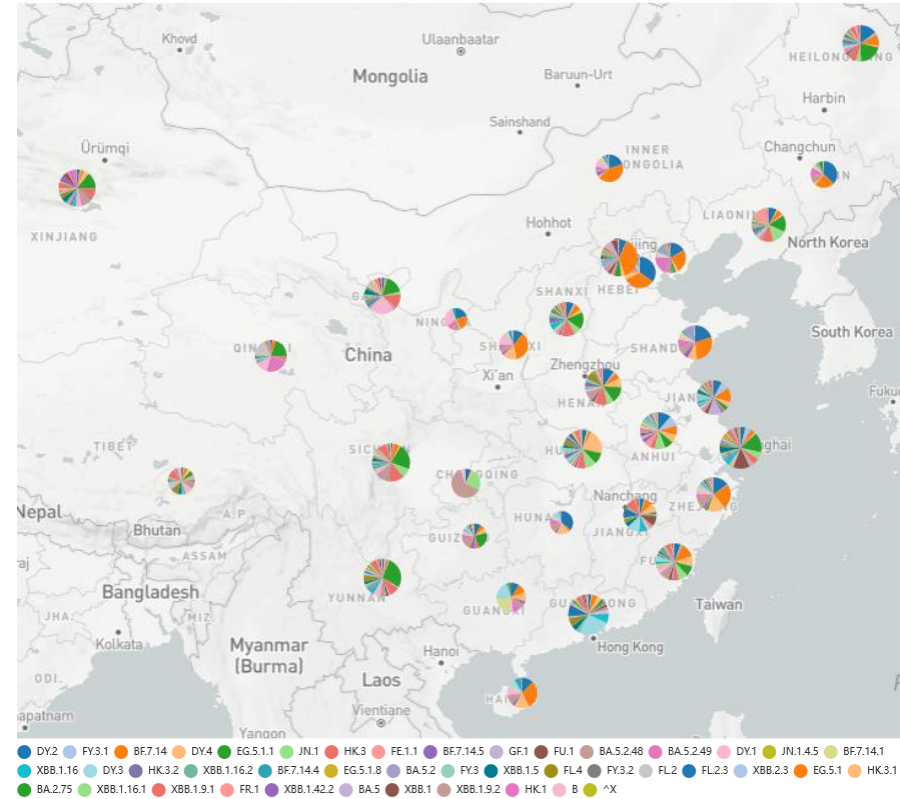
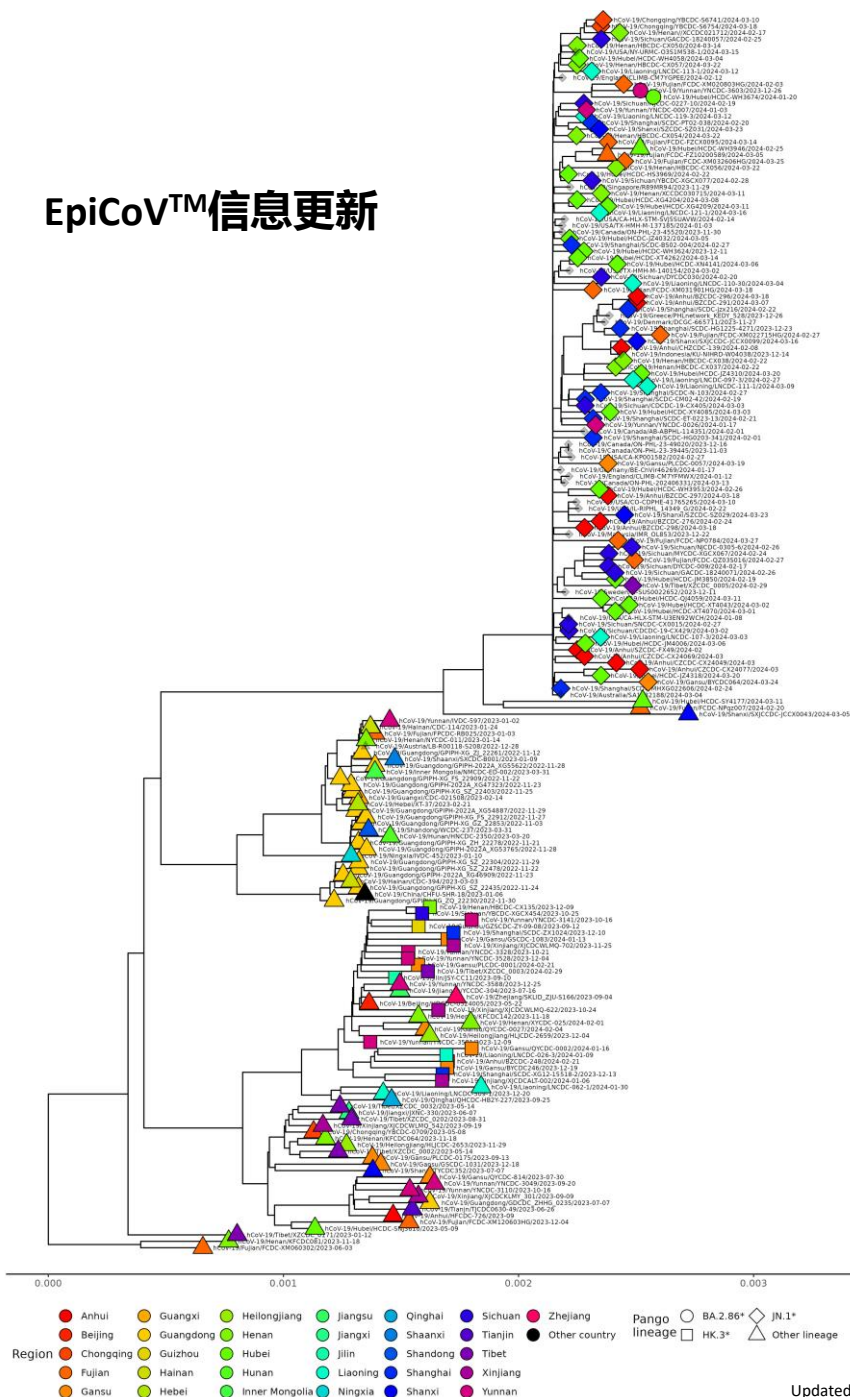
2024 年02月09日至 2024年04月09日血统分布 (按收集日期)

由新加坡科技局生物信息学研究所、基因组研究所提供
由国家基因库生命大数据平台 (CNGBdb) 团队翻译

来自中国30个地区的最新基因组序列的代表性系统发育树 (在全球背景下)

2024-04-09

EpiCoV™信息更新



本次分析以递交到本平台的序列数据为基础。对于产生和递交这些序列数据的实验室人员，我们表示衷心感谢！

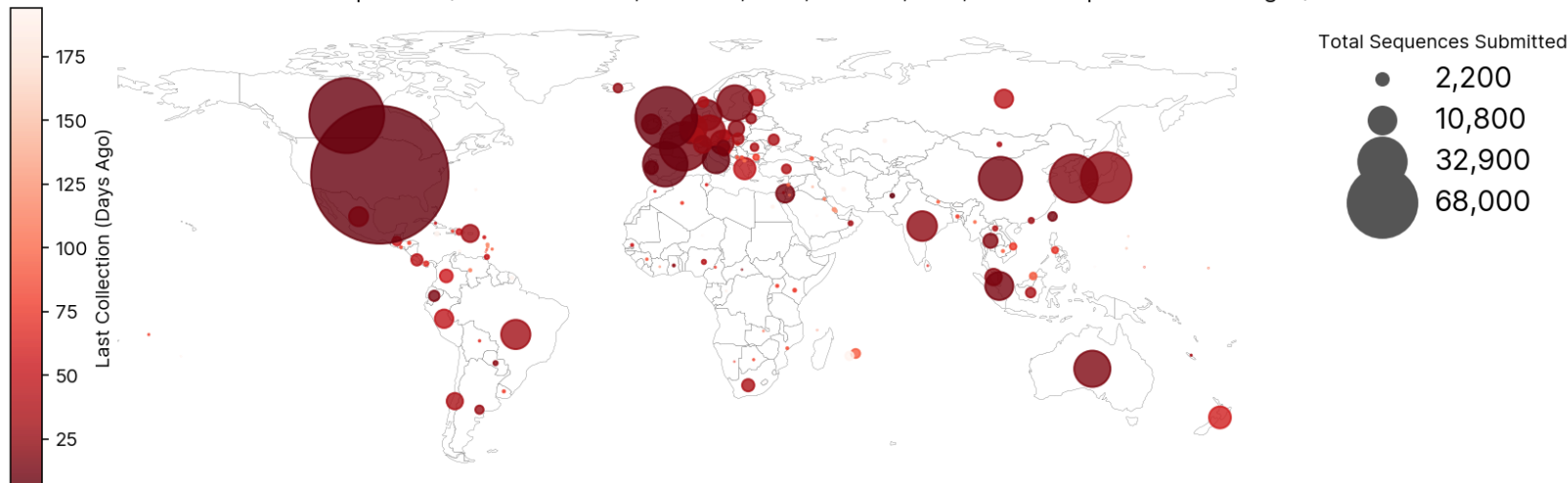


由巴西奥斯瓦尔多克鲁兹基金提供
由国家基因库生命大数据平台
(CNGbDb) 团队翻译

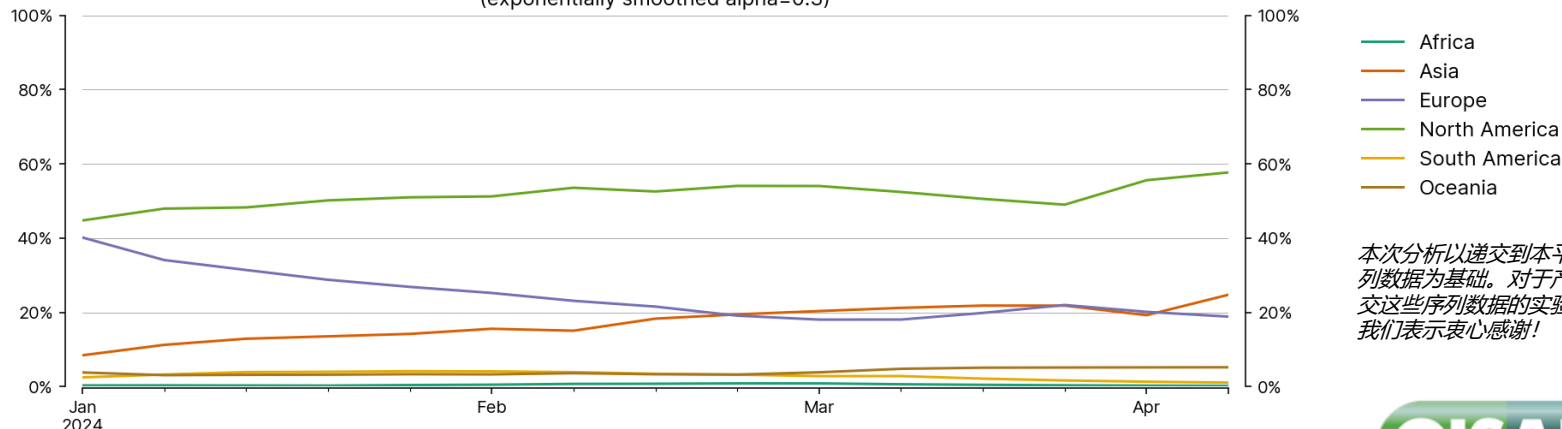
Updated 2024-04-09

© 2023 Friends of GISAID

Global occurrence of VOI sequences (Omicron XBB.1.5, XBB.1.16, EG.5, BA.2.86, JN.1, and all respective sublineages)



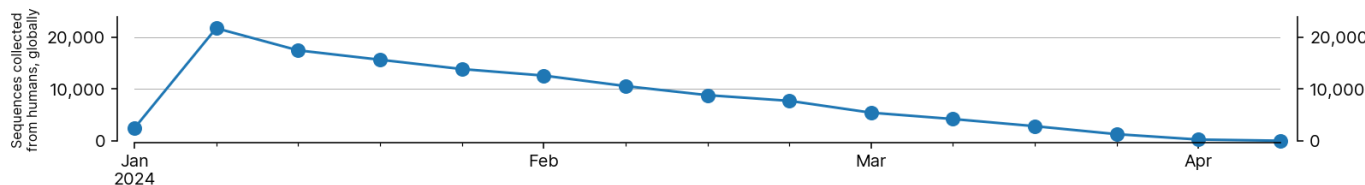
Relative Frequency of VOIs (Omicron XBB.1.5, XBB.1.16, EG.5, BA.2.86, JN.1, and all respective sublineages) per Region (exponentially smoothed alpha=0.3)



本次分析以递交到本平台的序列数据为基础。对于产生和递交这些序列数据的实验室人员，我们表示衷心感谢！



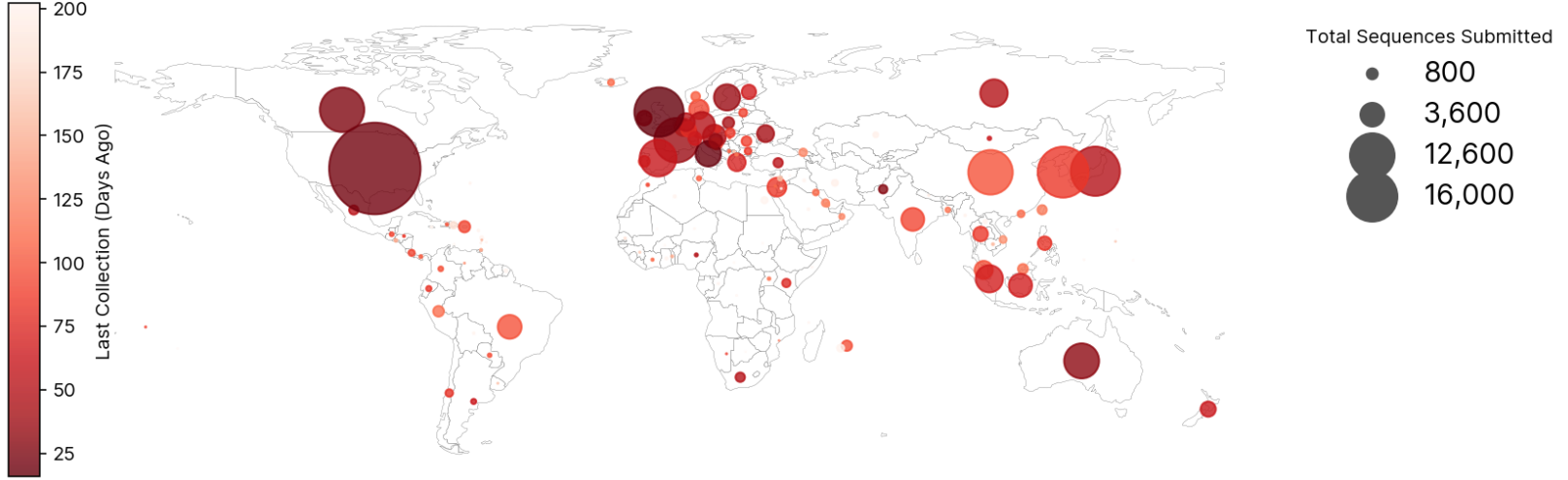
由新加坡科技研究局生物信息学研究所、基因组研究所提供
由国家基因库生命大数据平台 (CNGBdb) 团队翻译



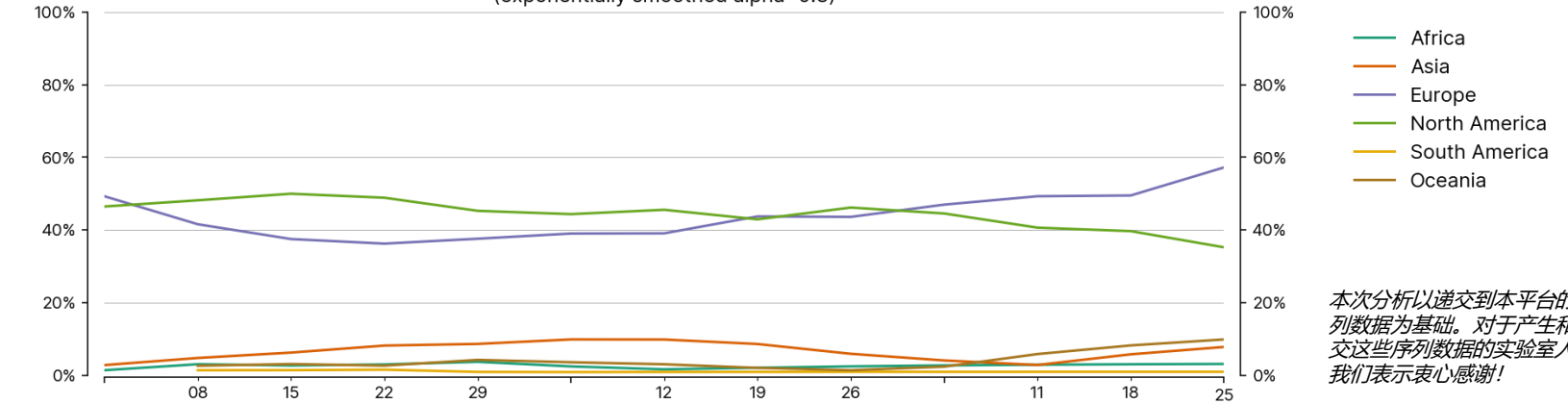
VUMs 全球出现与频率 (Omicron XBB和所有非VOIs的亚系)

2024-04-09

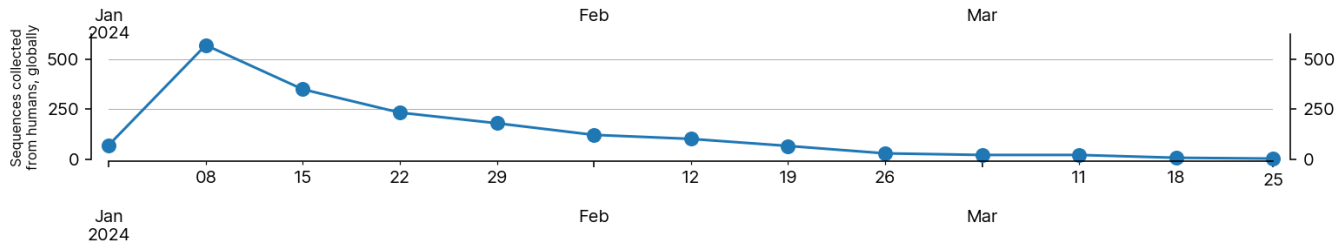
Global occurrence of VUM sequences (XBB and all respective sublineages).



Relative Frequency of VUMs (XBB and all respective sublineages) per Region
(exponentially smoothed alpha=0.3)

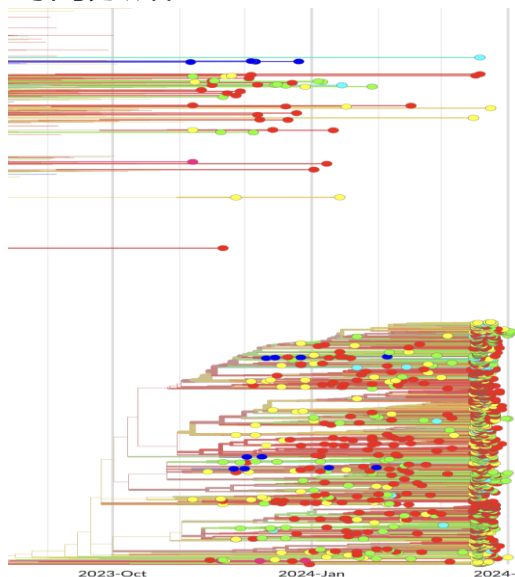


本次分析以递交到本平台的序列数据为基础。对于产生和递交这些序列数据的实验室人员，我们表示衷心感谢！

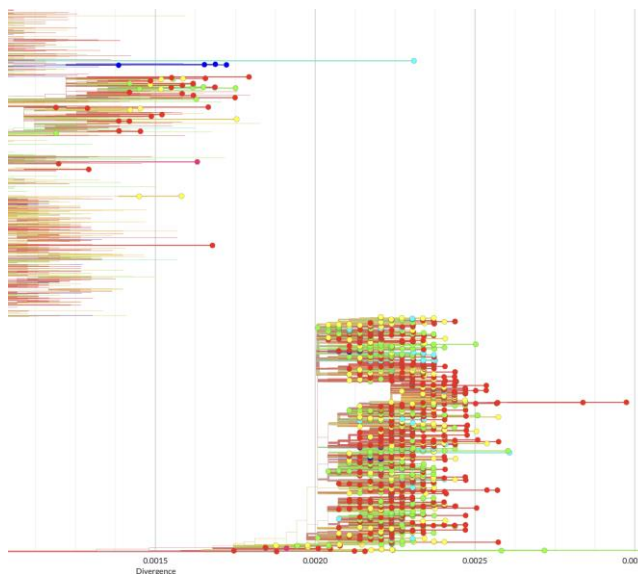


由新加坡科技研究局生物信息学研究所、基因组研究所提供
由国家基因库生命大数据平台(CNGBdb) 团队翻译

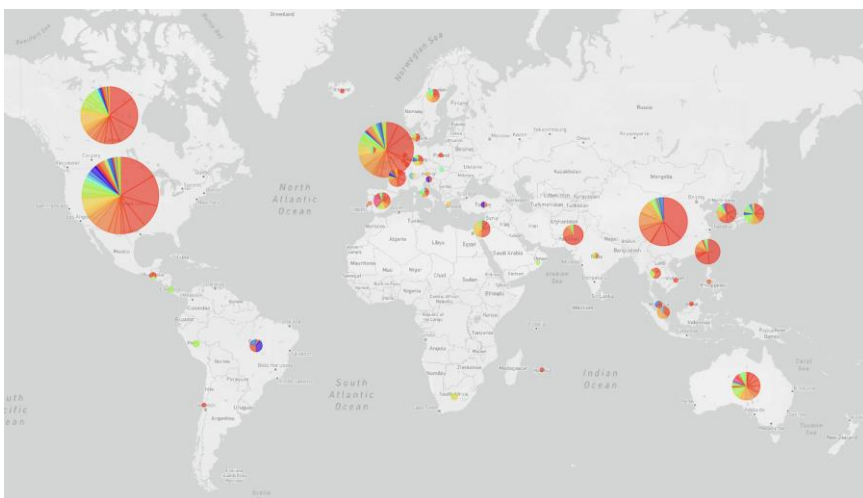
时间分辨树



遗传发散树



- Europe
- North America
- Asia
- Oceania
- South America
- Africa



- JN.1
- JN.138
- JN.14
- JN.17.1
- JN.17
- BA.2.86.2
- JN.14.5
- EG.5.1.8
- JN.1.92
- JN.1.43
- JN.1.16
- JN.1.91
- JN.1.18
- JN.1.18.2
- JN.1.1
- XBB.1.16.19
- XBB.1.5
- XBB.1.2.2.1
- JN.1.8.1
- JN.1.1.1
- JN.1.39
- JN.1.11
- JN.1.16.1
- JN.1.26
- XBB.1
- JN.1.29
- JN.1.5
- JN.1.33
- JN.1.9
- JN.1.4.3
- EG.5.1.1
- XBB.1.16.17
- JN.1.22
- EG.5
- XBB.1.5.6
- JN.1.28.1
- EG.5.1.3
- XBB.1.5.20
- XBB.1.16.6
- BA.2.86.2
- EG.5.1.4
- EG.5.1.7
- JN.1.31
- EG.5.2.1
- JN.1.11.1
- JN.1.17
- JN.1.33.1
- JN.1.14
- JN.1.20
- JN.1.28
- JN.1.4.6
- JN.1.30
- JN.1.4.2
- JN.1.35
- BA.2.86.1
- JN.1.44
- XBB.1.16.15
- JN.1.6.1
- JN.1.8
- BA.2.86.3
- JN.1.6
- JN.1.12
- JN.1.5
- JN.1.10
- JN.1.5.2
- JN.1.13
- JN.1.4.2
- JN.1.15
- JN.1.17
- JN.1.43.1
- JN.1.18.1
- XBB.1.16.11
- JN.1.23
- XBB.1.4.1.1
- JN.1.24
- JN.1.94
- JN.1.24
- JN.1.37
- JN.1.3
- XBB.1.5.70
- JN.1.41
- XBB.2.3
- JN.1.40
- BQ.1.1.47
- JN.1.8.2
- EG.5.1.6
- XBB.1.16.16
- JN.4.2

本次分析以递交到本平台的序列数据为基础。对于产生和递交这些序列数据的实验室人员，我们表示衷心感谢！



由巴西奥斯瓦尔多克鲁兹基金提供
由国家基因库生命大数据平台
(CNCBdb) 团队翻译

传播

传播的新兴变体

分支/谱系

数量^

累计位置

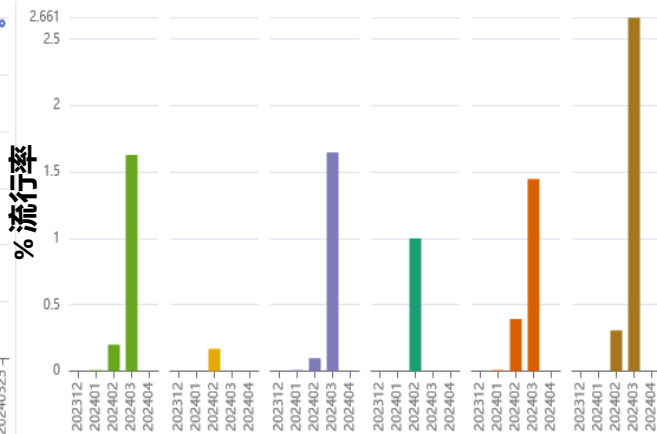
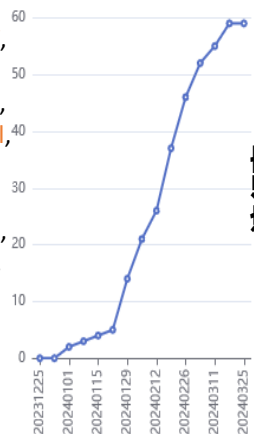
北美洲 南美洲 欧洲 非洲 亚洲 大洋洲

geoMap

群体*
GRA (KP.2)

278

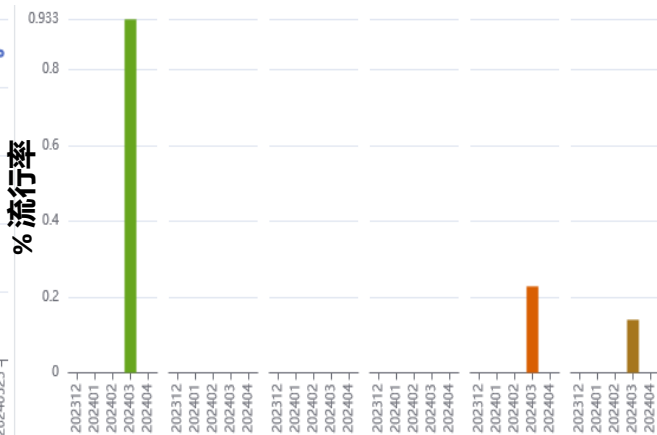
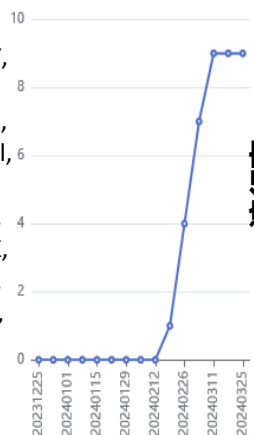
N_P13L, N_Q229K, Spike_A570V,
Spike_D405N, Spike_D614G, Spike_D796Y,
Spike_E484K, Spike_F456L, Spike_F486P,
Spike_G142D, Spike_G339H, Spike_G446S,
Spike_H245N, Spike_H655Y, Spike_H69del,
Spike_I332V, Spike_K356T, Spike_K417N,
Spike_L452W, Spike_L455S, Spike_N440K,
Spike_N450D, Spike_N460K, Spike_N481K,
Spike_N501Y, Spike_P681R, Spike_Q498R,
Spike_R158G, Spike_R346T, Spike_R403K,
Spike_R408S, Spike_S371F, Spike_S373P,
Spike_S375F, Spike_S477N, Spike_S939F,
Spike_T376A, Spike_T478K, Spike_V445H,
Spike_V483del, Spike_V70del,
Spike_Y144del, Spike_Y505H



GRA (KP.3)

58

N_P13L, N_Q229K, Spike_A570V,
Spike_D405N, Spike_D614G, Spike_D796Y,
Spike_E484K, Spike_F456L, Spike_F486P,
Spike_G142D, Spike_G339H, Spike_G446S,
Spike_H245N, Spike_H655Y, Spike_H69del,
Spike_I332V, Spike_K356T, Spike_K417N,
Spike_L452W, Spike_L455S, Spike_N440K,
Spike_N450D, Spike_N460K, Spike_N481K,
Spike_N501Y, Spike_P681R, Spike_Q493E,
Spike_Q498R, Spike_R158G, Spike_R403K,
Spike_R408S, Spike_S371F, Spike_S373P,
Spike_S375F, Spike_S477N, Spike_S939F,
Spike_T376A, Spike_T478K, Spike_V445H,
Spike_V483del, Spike_V70del,
Spike_Y144del, Spike_Y505H



^从分析日期开始计算过去的100天

*根据CoVsurver的文献解读所示, aa群体变异会影响表型, 例如抗体逃逸、ACE2结合、Spike蛋白表达和稳定性的变化。传播的新兴变体按照gainInNumNewLocationsInPast30days x sumOfWeightedaaChanges排序。那些与谱系中其他常见的变异不同的AA群体变异以橙色高亮显示。



传播的新兴变体

分支/谱系

数量^

累计位置

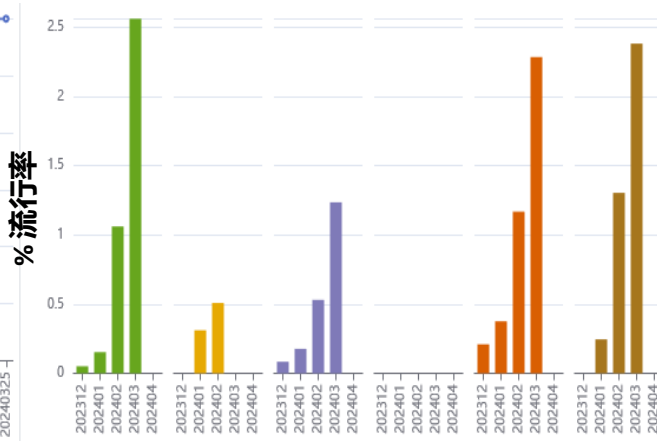
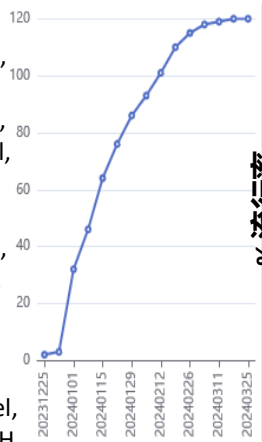
北美洲 南美洲 欧洲 非洲 亚洲 大洋洲

geoMap

群体*
GRA (JN.1.16)

779

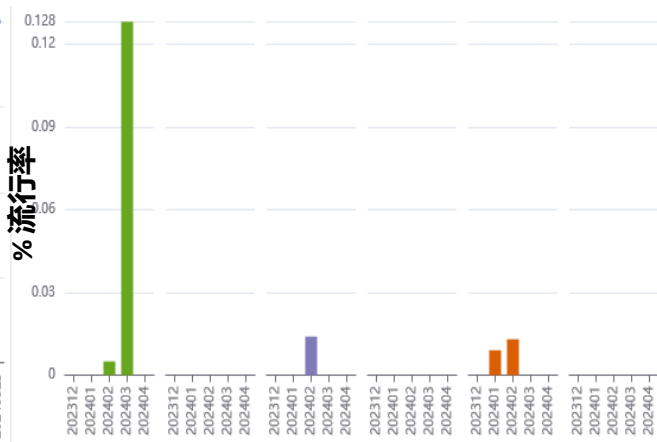
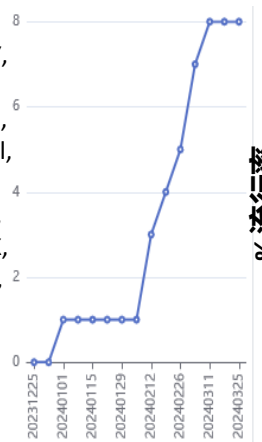
N_P13L, N_Q229K, Spike_A570V,
Spike_D405N, Spike_D614G, Spike_D796Y,
Spike_E484K, Spike_F456L, Spike_F486P,
Spike_G142D, Spike_G339H, Spike_G446S,
Spike_H245N, Spike_H655Y, Spike_H69del,
Spike_I332V, Spike_K356T, Spike_K417N,
Spike_L452W, Spike_L455S, Spike_N440K,
Spike_N450D, Spike_N460K, Spike_N481K,
Spike_N501Y, Spike_P681R, Spike_Q498R,
Spike_R158G, Spike_R403K, Spike_R408S,
Spike_S371F, Spike_S373P, Spike_S375F,
Spike_S477N, Spike_S939F, Spike_T376A,
Spike_T478K, Spike_V445H, Spike_V483del,
Spike_V70del, Spike_Y144del, Spike_Y505H



GRA (JN.1.18)

11

N_P13L, N_Q229K, Spike_A570V,
Spike_D405N, Spike_D614G, Spike_D796Y,
Spike_E484K, Spike_F456V, Spike_F486P,
Spike_G142D, Spike_G339H, Spike_G446S,
Spike_H245N, Spike_H655Y, Spike_H69del,
Spike_I332V, Spike_K356T, Spike_K417N,
Spike_L452W, Spike_L455S, Spike_N440K,
Spike_N450D, Spike_N460K, Spike_N481K,
Spike_N501Y, Spike_P681R, Spike_Q498R,
Spike_R158G, Spike_R346T, Spike_R403K,
Spike_R408S, Spike_S371F, Spike_S373P,
Spike_S375F, Spike_S477N, Spike_S939F,
Spike_T376A, Spike_T478K, Spike_V445H,
Spike_V483del, Spike_V70del,
Spike_Y144del, Spike_Y505H

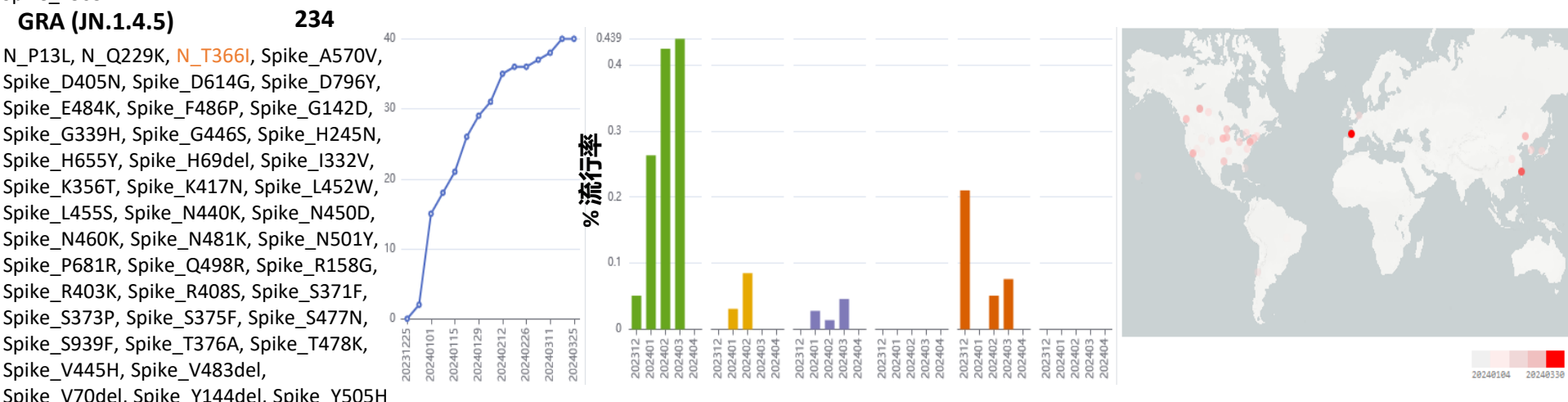
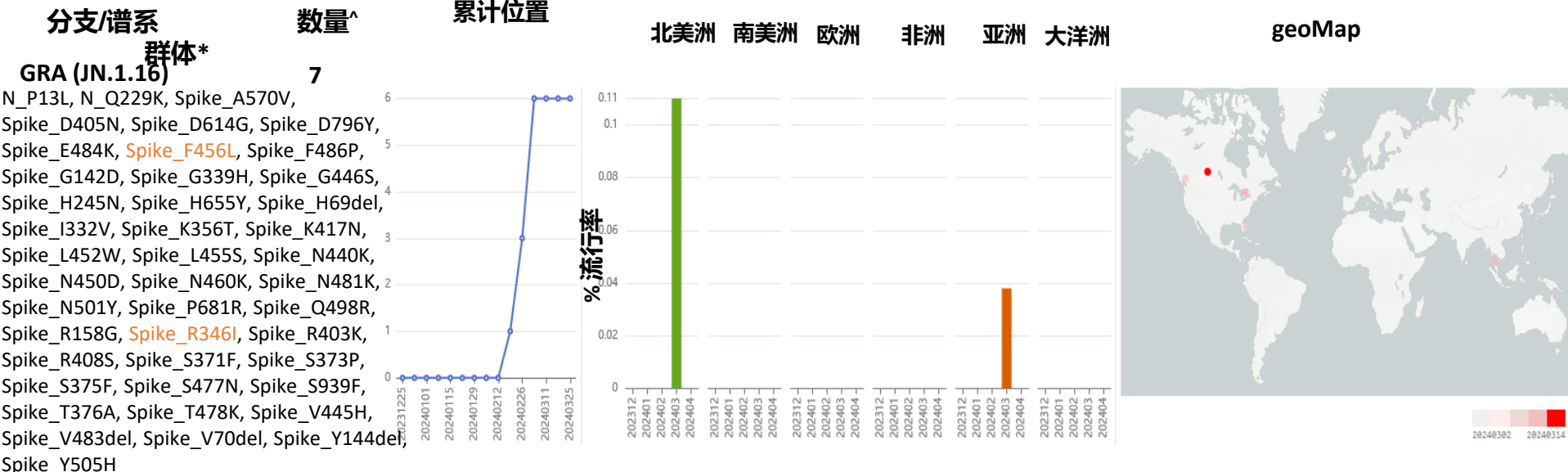


^从分析日期开始计算过去的100天

*根据CoVsurver的文献解读所示, aa群体变异会影响表型, 例如抗体逃逸、ACE2结合、Spike蛋白表达和稳定性的变化。传播的新兴变体按照gainInNumNewLocationsInPast30days x sumOfWeightedaaChanges排序。那些与谱系中其他常见的变异不同的AA群体变异以橙色高亮显示。



传播的新兴变体



^从分析日期开始计算过去的100天

*根据CoVsurver的文献解读所示, aa群体变异会影响表型, 例如抗体逃逸、ACE2结合、Spike蛋白表达和稳定性的变化。传播的新兴变体按照gainInNumNewLocationsInPast30days x sumOfWeightedaaChanges排序。那些与谱系中其他常见的变异不同的AA群体变异以**橙色**高亮显示。



传播的新兴变体

分支/谱系

数量^

累计位置

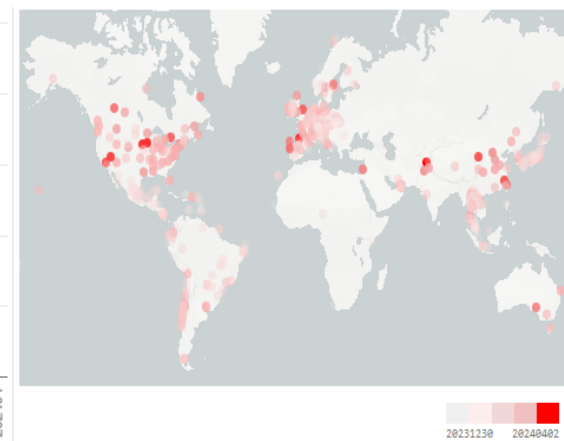
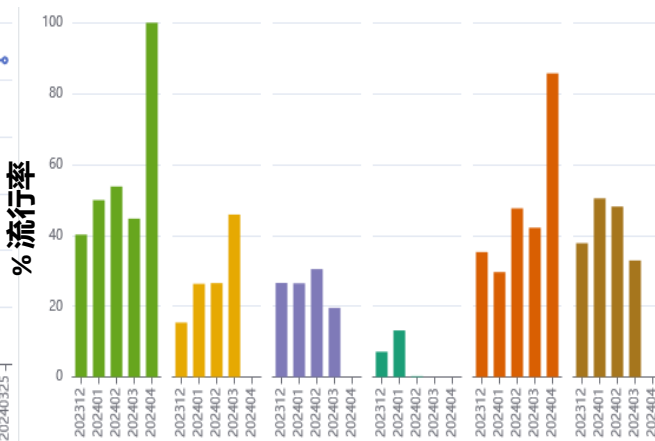
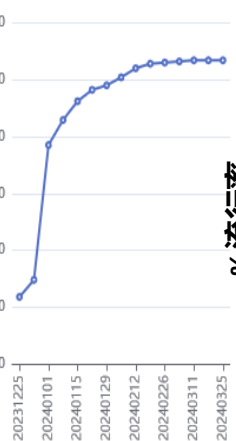
北美洲 南美洲 欧洲 非洲 亚洲 大洋洲

geoMap

群体*
GRA (JN.1)

54,523

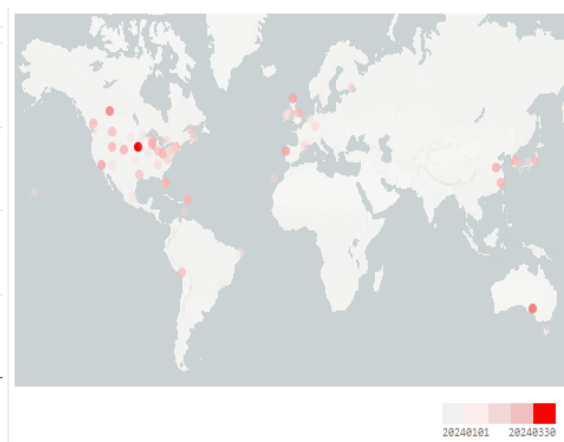
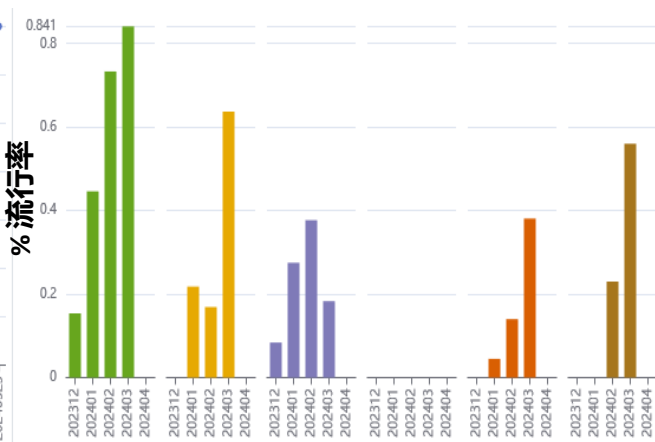
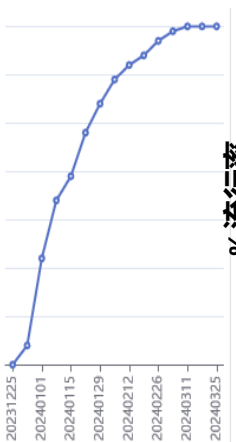
N_P13L, N_Q229K, Spike_A570V,
Spike_D405N, Spike_D614G, Spike_D796Y,
Spike_E484K, Spike_F486P, Spike_G142D,
Spike_G339H, Spike_G446S, Spike_H245N,
Spike_H655Y, Spike_H69del, Spike_I332V,
Spike_K356T, Spike_K417N, Spike_L452W,
Spike_L455S, Spike_N440K, Spike_N450D,
Spike_N460K, Spike_N481K, Spike_N501Y,
Spike_P681R, Spike_Q498R, Spike_R158G,
Spike_R403K, Spike_R408S, Spike_S371F,
Spike_S373P, Spike_S375F, Spike_S477N,
Spike_S939F, Spike_T376A, Spike_T478K,
Spike_V445H, Spike_V483del, Spike_V70del,
Spike_Y144del, Spike_Y505H



GRA (XDP)

512

N_P13L, Spike_A570V, Spike_D405N,
Spike_D614G, Spike_D796Y, Spike_E484K,
Spike_F486P, Spike_G142D, Spike_G339H,
Spike_G446S, Spike_H245N, Spike_H655Y,
Spike_H69del, Spike_I332V, Spike_K356T,
Spike_K417N, Spike_L452W, Spike_L455S,
Spike_N440K, Spike_N450D, Spike_N460K,
Spike_N481K, Spike_N501Y, Spike_P681R,
Spike_Q498R, Spike_R158G, Spike_R403K,
Spike_R408S, Spike_S371F, Spike_S373P,
Spike_S375F, Spike_S477N, Spike_S939F,
Spike_T376A, Spike_T478K, Spike_V445H,
Spike_V483del, Spike_V70del,
Spike_Y144del, Spike_Y505H

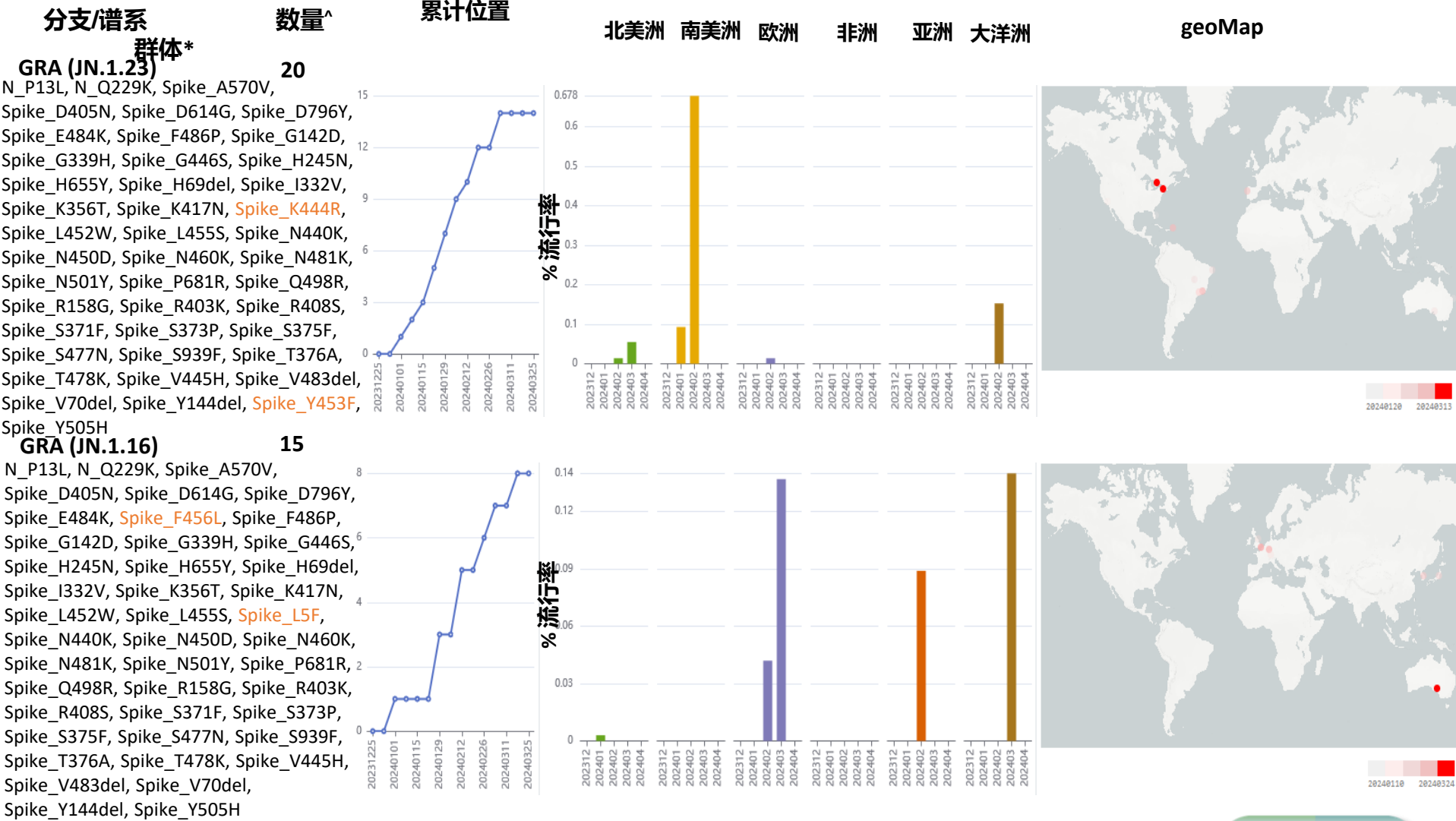


^从分析日期开始计算过去的100天

*根据CoVsurver的文献解读所示, aa群体变异会影响表型, 例如抗体逃逸、ACE2结合、Spike蛋白表达和稳定性的变化。传播的新兴变体按照gainInNumNewLocationsInPast30days x sumOfWeightedaaChanges排序。那些与谱系中其他常见的变异不同的AA群体变异以橙色高亮显示。



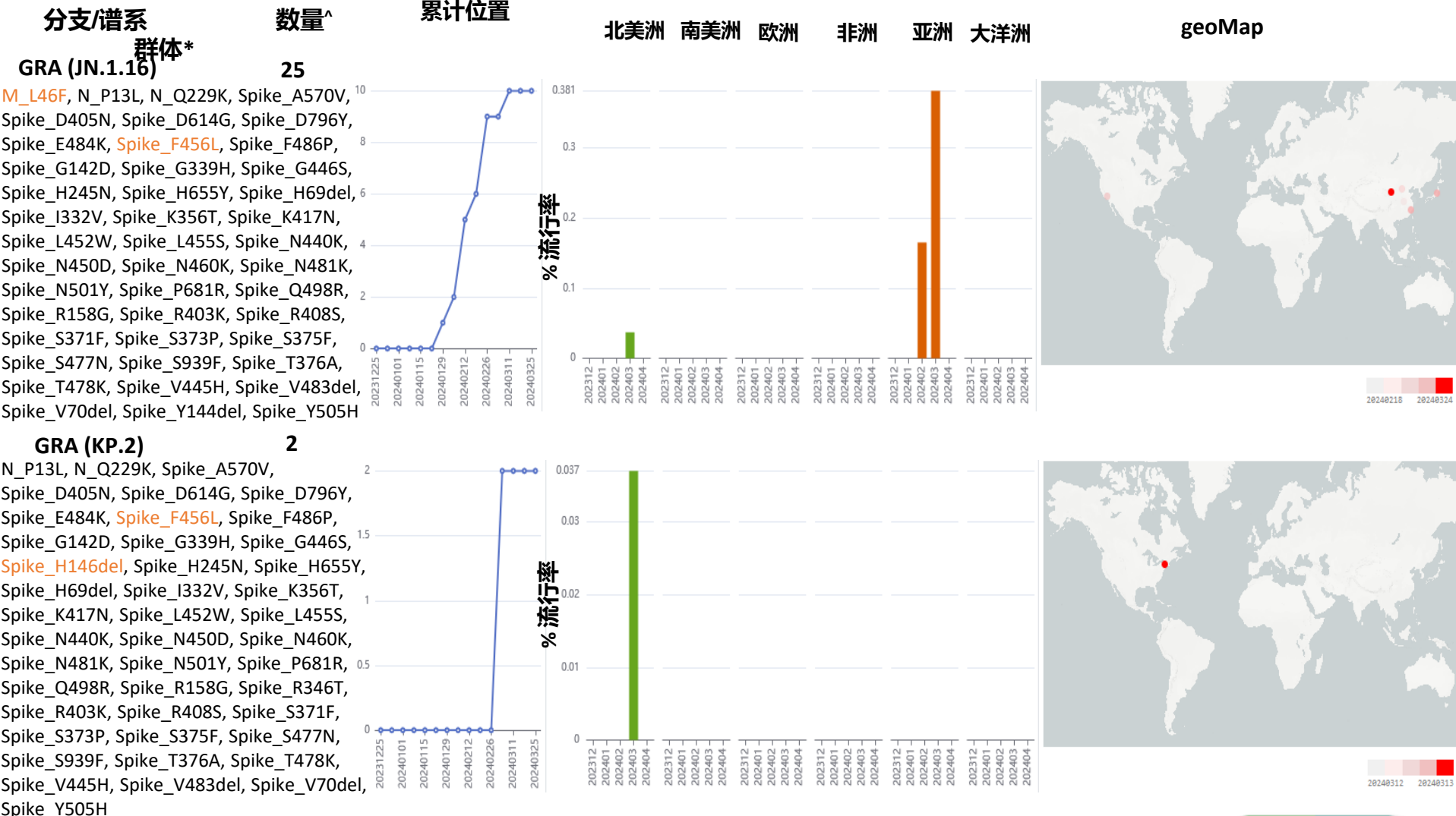
传播的新兴变体



*根据CoVsurver的文献解读所示，aa群体变异会影响表型，例如抗体逃逸、ACE2结合、Spike蛋白表达和稳定性的变化。**传播的新兴变体**按照gainInNumNewLocationsInPast30days x sumOfWeightedaaChanges排序。那些与谱系中其他常见的变异不同的AA群体变异以**橙色**高亮显示。



传播的新兴变体

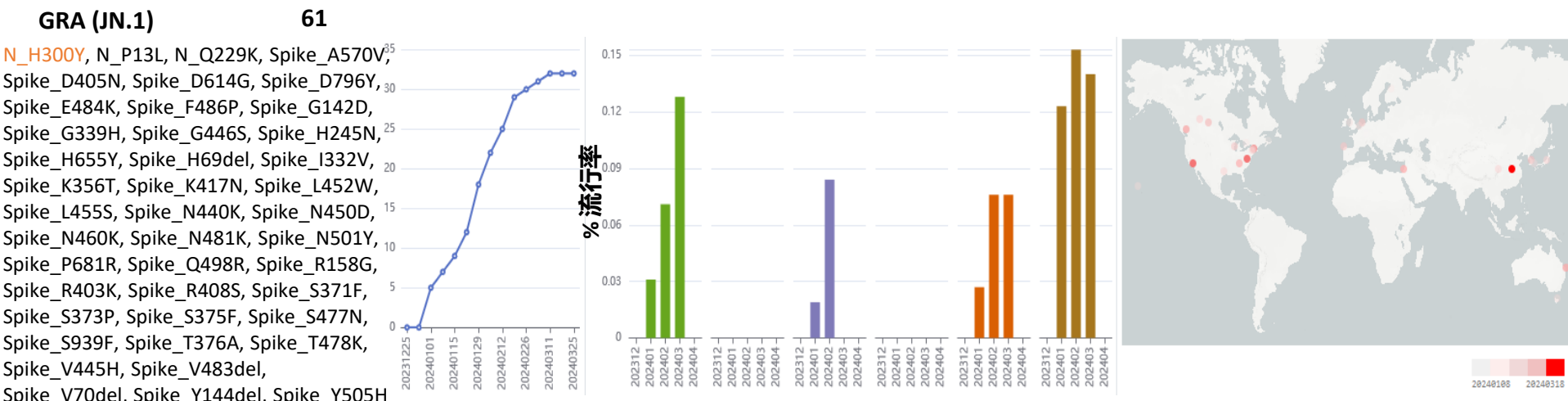
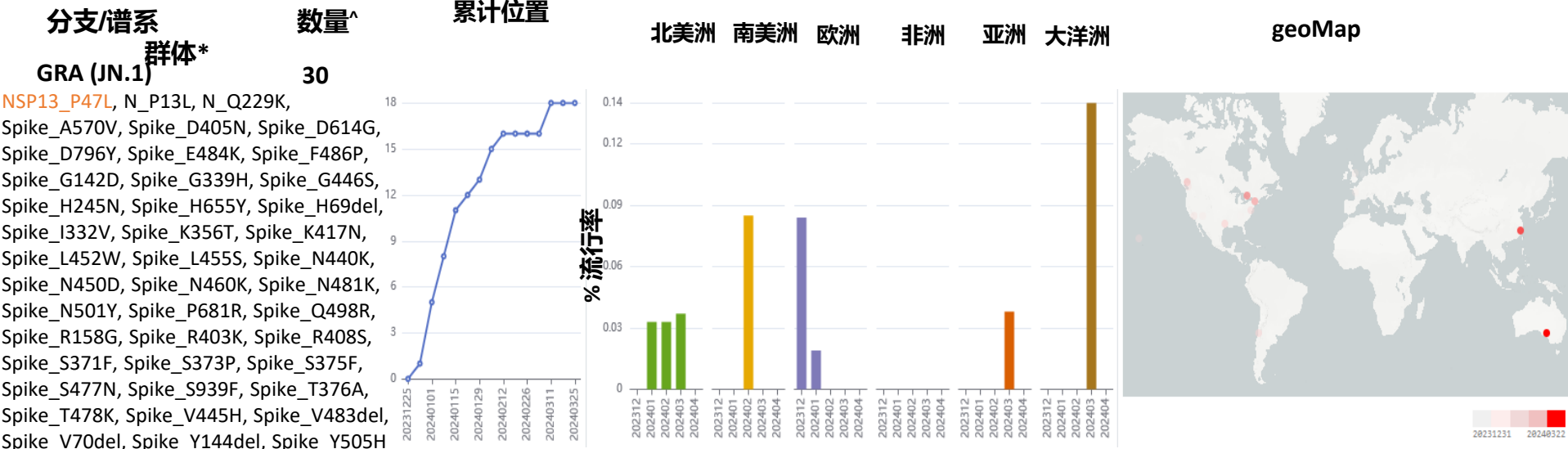


^从分析日期开始计算过去的100天

*根据CoVsurver的文献解读所示, aa群体变异会影响表型, 例如抗体逃逸、ACE2结合、Spike蛋白表达和稳定性的变化。传播的新兴变体按照gainInNumNewLocationsInPast30days x sumOfWeightedaaChanges排序。那些与谱系中其他常见的变异不同的AA群体变异以**橙色**高亮显示。



传播的新兴变体



^从分析日期开始计算过去的100天

*根据CoVsurver的文献解读所示, aa群体变异会影响表型, 例如抗体逃逸、ACE2结合、Spike蛋白表达和稳定性的变化。传播的新兴变体按照gainInNumNewLocationsInPast30days x sumOfWeightedaaChanges排序。那些与谱系中其他常见的变异不同的AA群体变异以**橙色**高亮显示。



传播的新兴变体

分支/谱系

数量^

累计位置

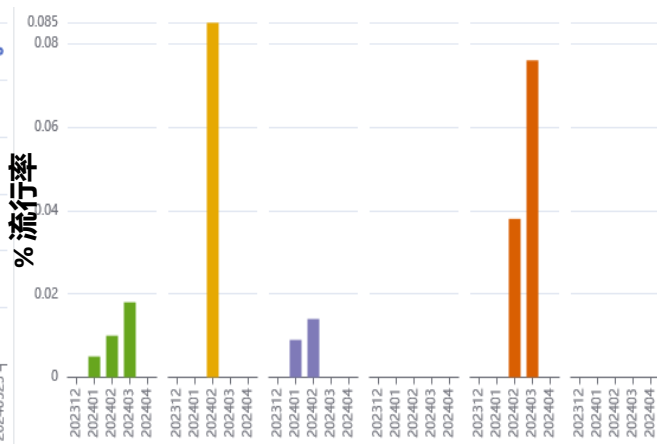
北美洲 南美洲 欧洲 非洲 亚洲 大洋洲

geoMap

群体*
GRA (JN.1.4)

14

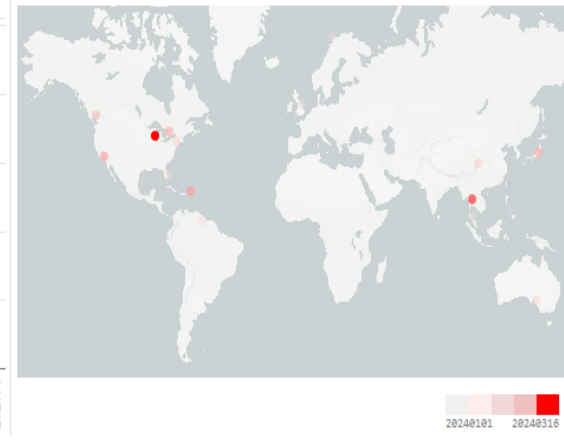
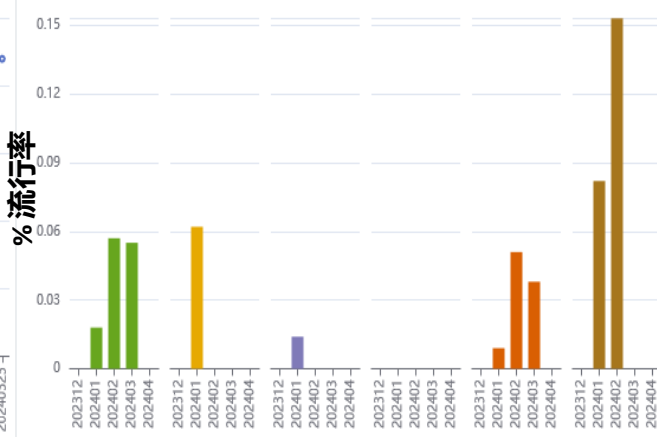
N_A152S, N_P13L, N_Q229K, Spike_A570V,
Spike_D405N, Spike_D614G, Spike_D796Y,
Spike_E484K, Spike_F486P, Spike_G142D,
Spike_G339H, Spike_G446S, Spike_H245N,
Spike_H655Y, Spike_H69del, Spike_I332V,
Spike_K356T, Spike_K417N, Spike_L452W,
Spike_L455S, Spike_N440K, Spike_N450D,
Spike_N460K, Spike_N481K, Spike_N501Y,
Spike_P681R, Spike_Q498R, Spike_R158G,
Spike_R403K, Spike_R408S, Spike_S371F,
Spike_S373P, Spike_S375F, Spike_S477N,
Spike_S939F, Spike_T376A, Spike_T478K,
Spike_V445H, Spike_V483del, Spike_V70del,
Spike_Y144del, Spike_Y505H



GRA (JN.1)

37

N_P13L, N_Q229K, Spike_A570V,
Spike_D405N, Spike_D614G, Spike_D796Y,
Spike_E484K, Spike_F486P, Spike_G142D,
Spike_G339H, Spike_G446S, Spike_H245N,
Spike_H655Y, Spike_H69del, Spike_I332V,
Spike_K356T, Spike_K417N, Spike_L452W,
Spike_L455S, Spike_N440K, Spike_N450D,
Spike_N460K, Spike_N481K, Spike_N501Y,
Spike_P681R, Spike_Q498R, Spike_R158G,
Spike_R403K, Spike_R408S, Spike_R683L,
Spike_S371F, Spike_S373P, Spike_S375F,
Spike_S477N, Spike_S939F, Spike_T376A,
Spike_T478K, Spike_V445H, Spike_V483del,
Spike_V70del, Spike_Y144del, Spike_Y505H



^从分析日期开始计算过去的100天

*根据CoVsurver的文献解读所示, aa群体变异会影响表型, 例如抗体逃逸、ACE2结合、Spike蛋白表达和稳定性的变化。传播的新兴变体按照gainInNumNewLocationsInPast30days x sumOfWeightedaaChanges排序。那些与谱系中其他常见的变异不同的AA群体变异以橙色高亮显示。



传播的新兴变体

分支/谱系

数量^

累计位置

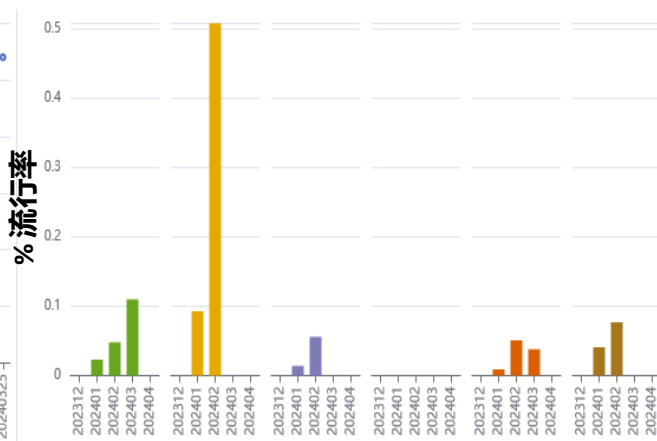
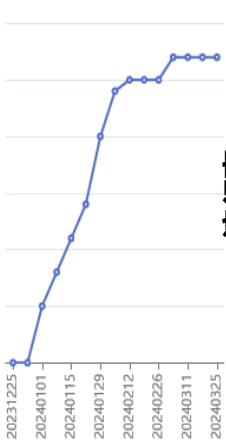
北美洲 南美洲 欧洲 非洲 亚洲 大洋洲

geoMap

群体*
GRA (JN.1)

49

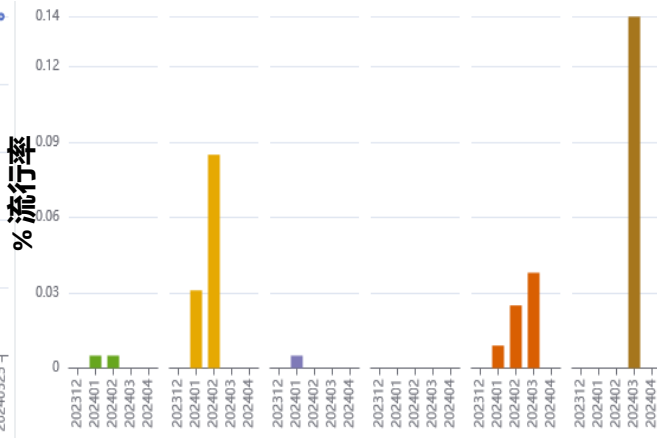
N_P13L, N_P142S, N_Q229K, Spike_A570V, Spike_D405N, Spike_D614G, Spike_D796Y, Spike_E484K, Spike_F486P, Spike_G142D, Spike_G339H, Spike_G446S, Spike_H245N, Spike_H655Y, Spike_H69del, Spike_I332V, Spike_K356T, Spike_K417N, Spike_L452W, Spike_L455S, Spike_N440K, Spike_N450D, Spike_N460K, Spike_N481K, Spike_N501Y, Spike_P681R, Spike_Q498R, Spike_R158G, Spike_R403K, Spike_R408S, Spike_S371F, Spike_S373P, Spike_S375F, Spike_S477N, Spike_S939F, Spike_T376A, Spike_T478K, Spike_V445H, Spike_V483del, Spike_V70del, Spike_Y144del, Spike_Y505H



GRA (JN.1)

11

N_L139F, N_P13L, N_Q229K, Spike_A570V, Spike_D405N, Spike_D614G, Spike_D796Y, Spike_E484K, Spike_F486P, Spike_G142D, Spike_G339H, Spike_G446S, Spike_H245N, Spike_H655Y, Spike_H69del, Spike_I332V, Spike_K356T, Spike_K417N, Spike_L452W, Spike_L455S, Spike_N440K, Spike_N450D, Spike_N460K, Spike_N481K, Spike_N501Y, Spike_P681R, Spike_Q498R, Spike_R158G, Spike_R403K, Spike_R408S, Spike_S371F, Spike_S373P, Spike_S375F, Spike_S477N, Spike_S939F, Spike_T376A, Spike_T478K, Spike_V445H, Spike_V483del, Spike_V70del, Spike_Y144del, Spike_Y505H



^从分析日期开始计算过去的100天

*根据CoVsurver的文献解读所示, aa群体变异会影响表型, 例如抗体逃逸、ACE2结合、Spike蛋白表达和稳定性的变化。传播的新兴变体按照gainInNumNewLocationsInPast30days x sumOfWeightedaaChanges排序。那些与谱系中其他常见的变异不同的AA群体变异以橙色高亮显示。



传播的新兴变体

分支/谱系

数量^

累计位置

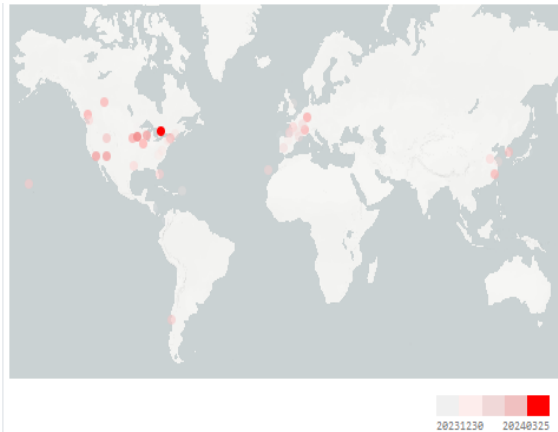
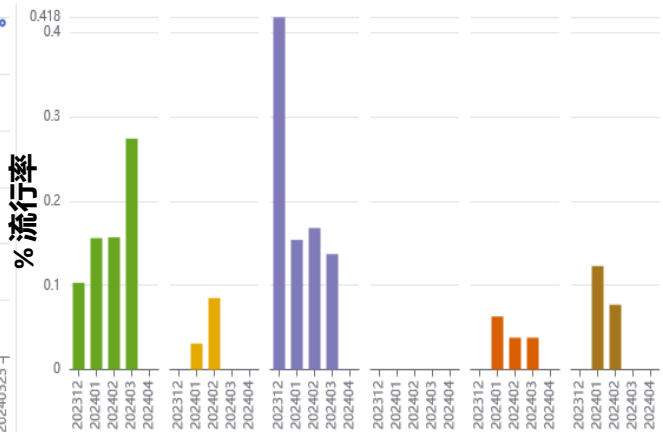
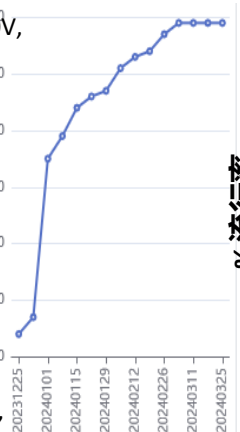
北美洲 南美洲 欧洲 非洲 亚洲 大洋洲

geoMap

群体*
GRA (KP.2)

152

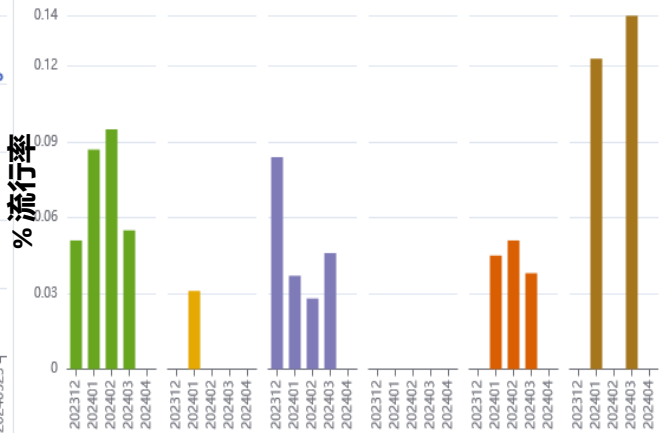
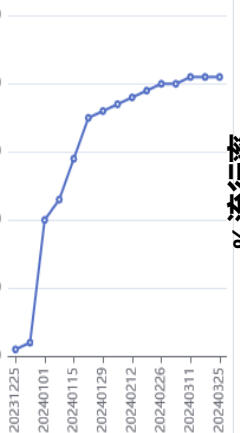
NS3_N119Y, N_P13L, N_Q229K, Spike_A570V,
 Spike_D405N, Spike_D614G, Spike_D796Y,
 Spike_E484K, Spike_F486P, Spike_G142D,
 Spike_G339H, Spike_G446S, Spike_H245N,
 Spike_H655Y, Spike_H69del, Spike_I332V,
 Spike_K356T, Spike_K417N, Spike_L452W,
 Spike_L455S, Spike_N440K, Spike_N450D,
 Spike_N460K, Spike_N481K, Spike_N501Y,
 Spike_P681R, Spike_Q498R, Spike_R158G,
 Spike_R403K, Spike_R408S, Spike_S371F,
 Spike_S373P, Spike_S375F, Spike_S477N,
 Spike_S939F, Spike_T376A, Spike_T478K,
 Spike_V445H, Spike_V483del, Spike_V70del,
 Spike_Y144del, Spike_Y505H



GRA (JN.1)

619

N_P13L, N_Q229K, Spike_A570V,
 Spike_D405N, Spike_D614G, Spike_D796Y,
 Spike_E484K, Spike_F486P, Spike_G142D,
 Spike_G339H, Spike_G446S, Spike_H245N,
 Spike_H655Y, Spike_H69del, Spike_I332V,
 Spike_K356T, Spike_K417N, Spike_L452W,
 Spike_L455S, Spike_N440K, Spike_N450D,
 Spike_N460K, Spike_N481K, Spike_N501Y,
 Spike_P681R, Spike_Q498R, Spike_R158G,
 Spike_R403K, Spike_R408S, Spike_R683W,
 Spike_S371F, Spike_S373P, Spike_S375F,
 Spike_S477N, Spike_S939F, Spike_T376A,
 Spike_T478K, Spike_V445H, Spike_V483del,
 Spike_V70del, Spike_Y144del, Spike_Y505H

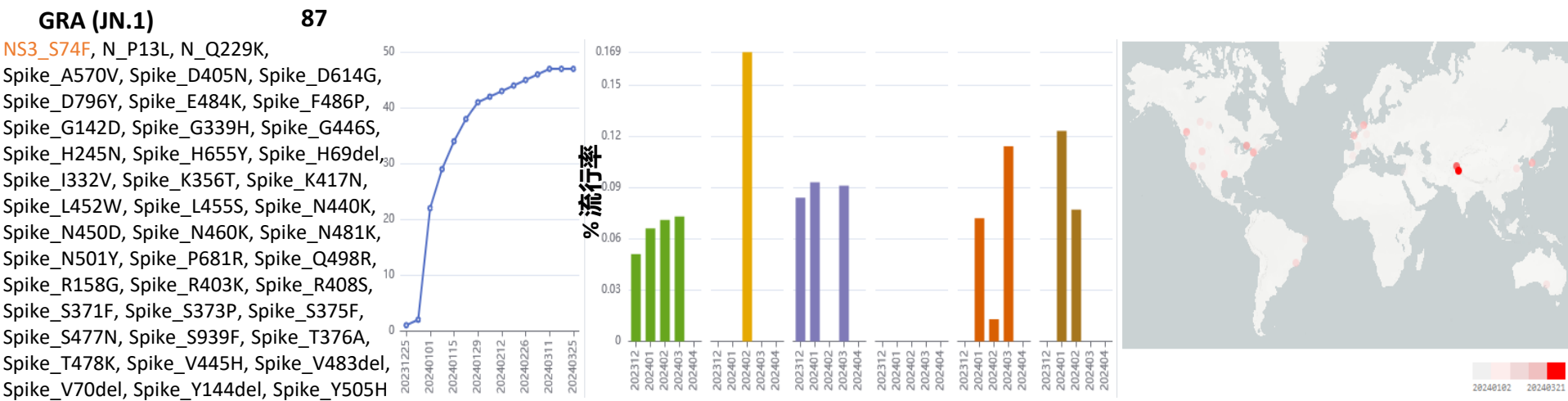
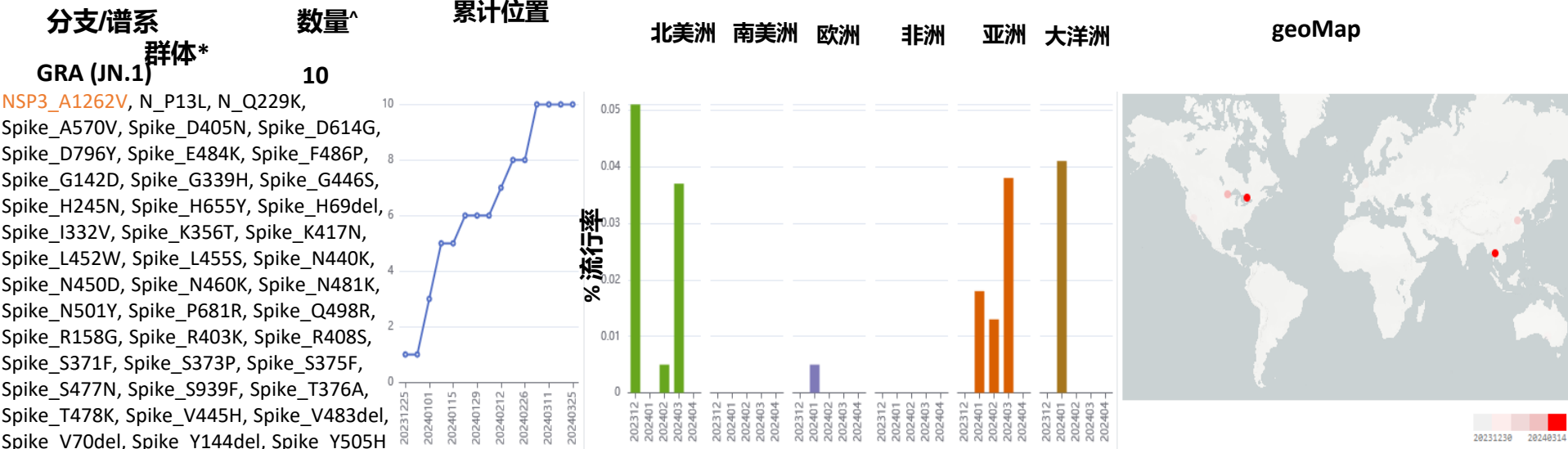


^从分析日期开始计算过去的100天

*根据CoVsurver的文献解读所示, aa群体变异会影响表型, 例如抗体逃逸、ACE2结合、Spike蛋白表达和稳定性的变化。传播的新兴变体按照gainInNumNewLocationsInPast30days x sumOfWeightedaaChanges排序。那些与谱系中其他常见的变异不同的AA群体变异以橙色高亮显示。



传播的新兴变体

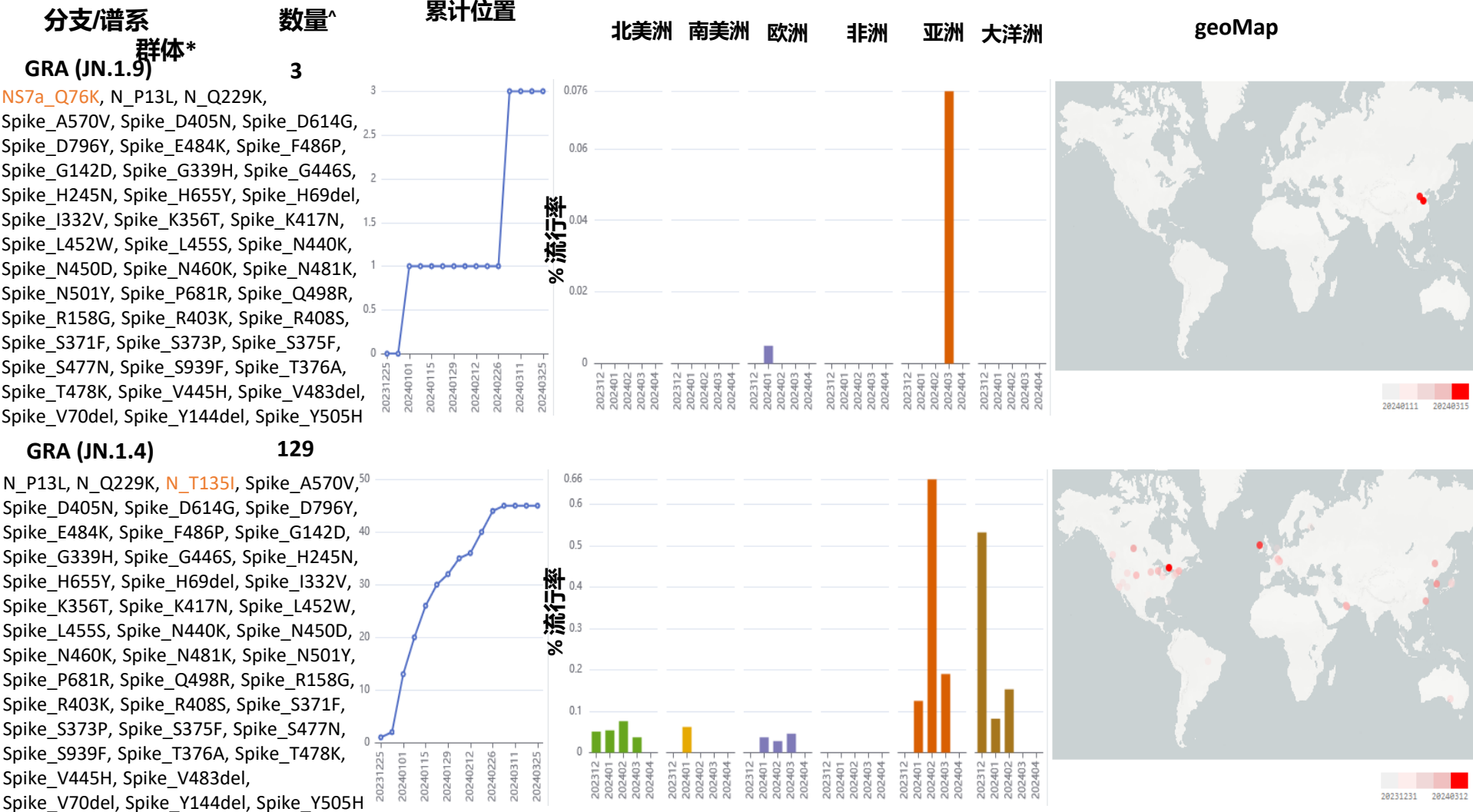


^从分析日期开始计算过去的100天

*根据CoVsurver的文献解读所示, aa群体变异会影响表型, 例如抗体逃逸、ACE2结合、Spike蛋白表达和稳定性的变化。传播的新兴变体按照gainInNumNewLocationsInPast30days x sumOfWeightedaaChanges排序。那些与谱系中其他常见的变异不同的AA群体变异以**橙色**高亮显示。



传播的新兴变体



^从分析日期开始计算过去的100天

*根据CoVsurver的文献解读所示, aa群体变异会影响表型, 例如抗体逃逸、ACE2结合、Spike蛋白表达和稳定性的变化。传播的新兴变体按照gainInNumNewLocationsInPast30days x sumOfWeightedaaChanges排序。那些与谱系中其他常见的变异不同的AA群体变异以**橙色**高亮显示。



传播的新兴变体

分支/谱系
群体*

数量^

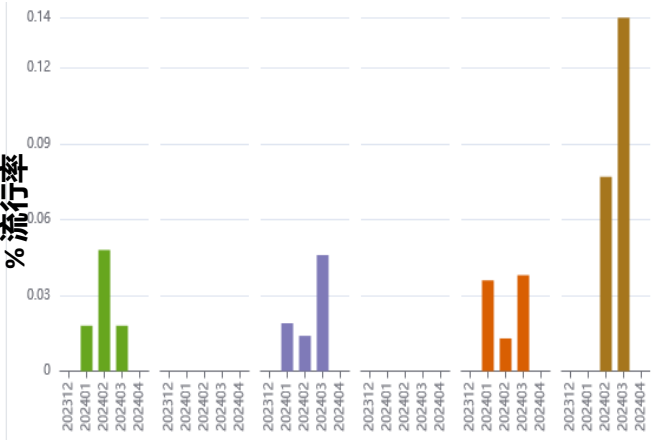
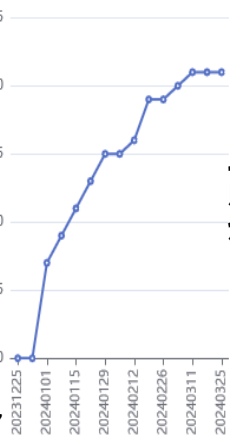
累计位置

北美洲 南美洲 欧洲 非洲 亚洲 大洋洲

geoMap

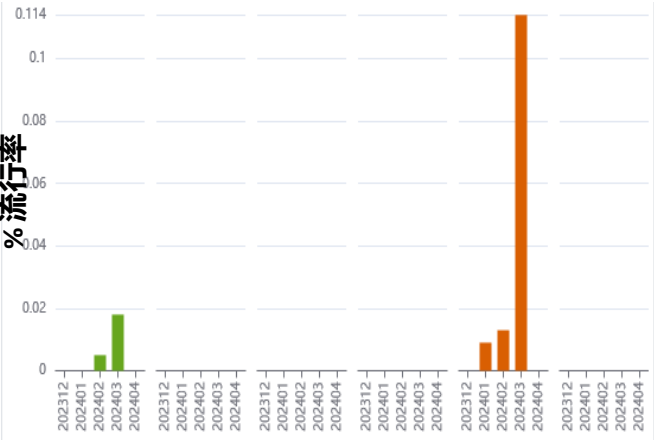
GRA (JN.1.4.5) 32

N_P13L, N_Q229K, **N_T271I**, Spike_A570V, Spike_D405N, Spike_D614G, Spike_D796Y, Spike_E484K, Spike_F486P, Spike_G142D, Spike_G339H, Spike_G446S, Spike_H245N, Spike_H655Y, Spike_H69del, Spike_I332V, Spike_K356T, Spike_K417N, Spike_L452W, Spike_L455S, Spike_N440K, Spike_N450D, Spike_N460K, Spike_N481K, Spike_N501Y, Spike_P681R, Spike_Q498R, Spike_R158G, Spike_R403K, Spike_R408S, Spike_S371F, Spike_S373P, Spike_S375F, Spike_S477N, Spike_S939F, Spike_T376A, Spike_T478K, Spike_V445H, Spike_V483del, Spike_V70del, Spike_Y144del, Spike_Y505H



GRA (JN.1) 7

NS3_S216P, N_P13L, N_Q229K, Spike_A570V, Spike_D405N, Spike_D614G, Spike_D796Y, Spike_E484K, Spike_F486P, Spike_G142D, Spike_G339H, Spike_G446S, Spike_H245N, Spike_H655Y, Spike_H69del, Spike_I332V, Spike_K356T, Spike_K417N, Spike_L452W, Spike_L455S, Spike_N440K, Spike_N450D, Spike_N460K, Spike_N481K, Spike_N501Y, Spike_P681R, Spike_Q498R, Spike_R158G, Spike_R403K, Spike_R408S, Spike_S371F, Spike_S373P, Spike_S375F, Spike_S477N, Spike_S939F, Spike_T376A, Spike_T478K, Spike_V445H, Spike_V483del, Spike_V70del, Spike_Y144del, Spike_Y505H

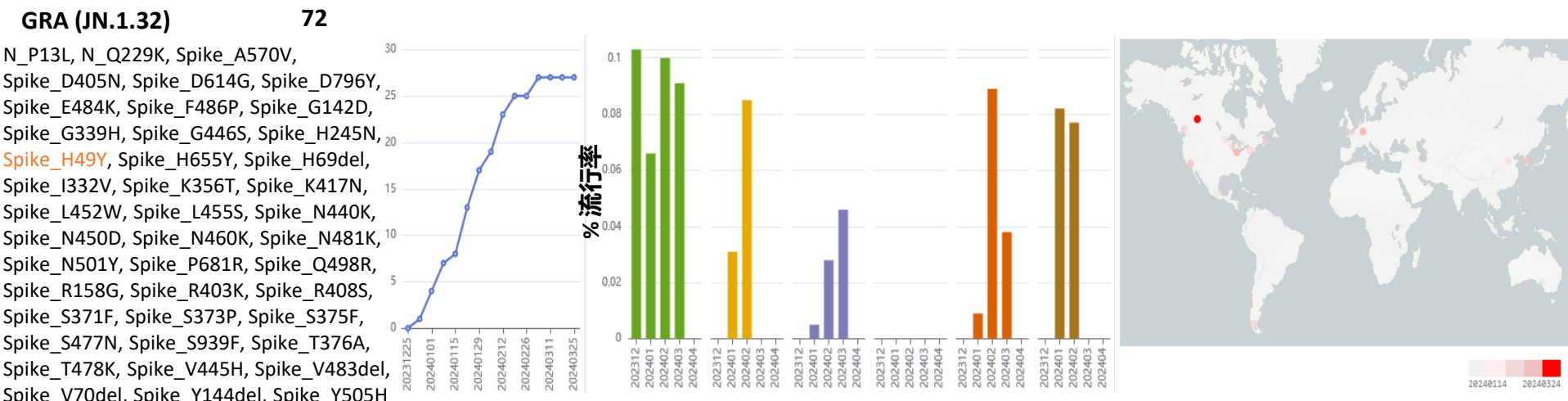
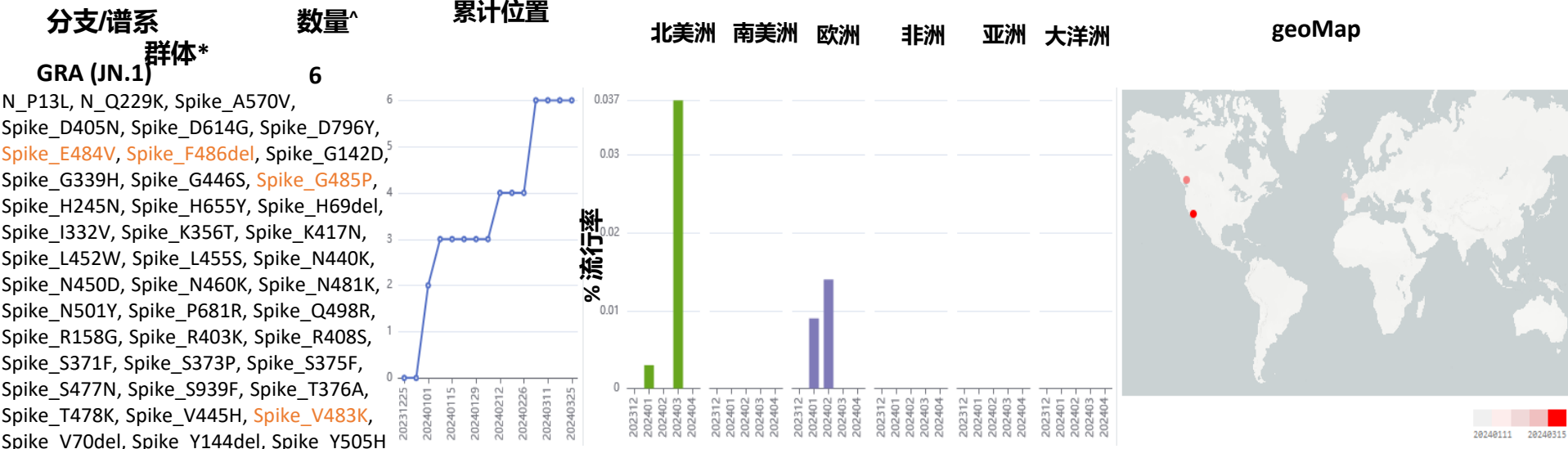


^从分析日期开始计算过去的100天

*根据CoVsurver的文献解读所示, aa群体变异会影响表型, 例如抗体逃逸、ACE2结合、Spike蛋白表达和稳定性的变化。传播的新兴变体按照gainInNumNewLocationsInPast30days x sumOfWeightedaaChanges排序。那些与谱系中其他常见的变异不同的AA群体变异以**橙色**高亮显示。



传播的新兴变体



^从分析日期开始计算过去的100天

*根据CoVsurver的文献解读所示, aa群体变异会影响表型, 例如抗体逃逸、ACE2结合、Spike蛋白表达和稳定性的变化。传播的新兴变体按照gainInNumNewLocationsInPast30days x sumOfWeightedaaChanges排序。那些与谱系中其他常见的变异不同的AA群体变异以**橙色**高亮显示。



传播的新兴变体

分支/谱系

数量^

累计位置

北美洲 南美洲 欧洲 非洲 亚洲 大洋洲

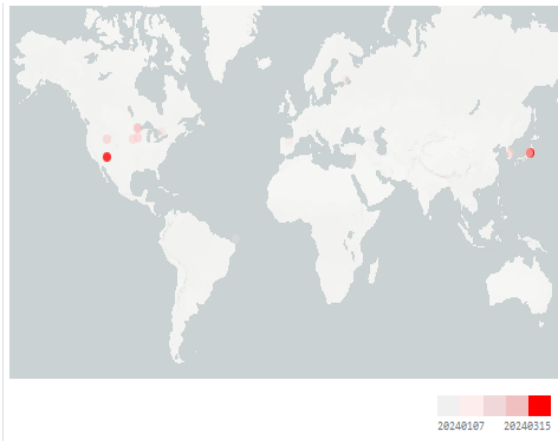
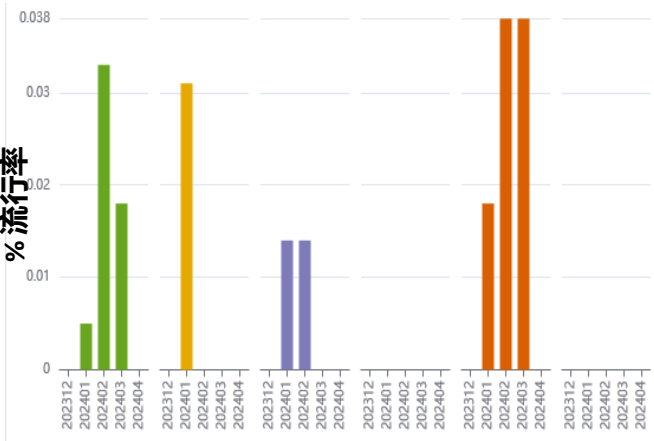
geoMap

群体*

GRA (JN.1)

21

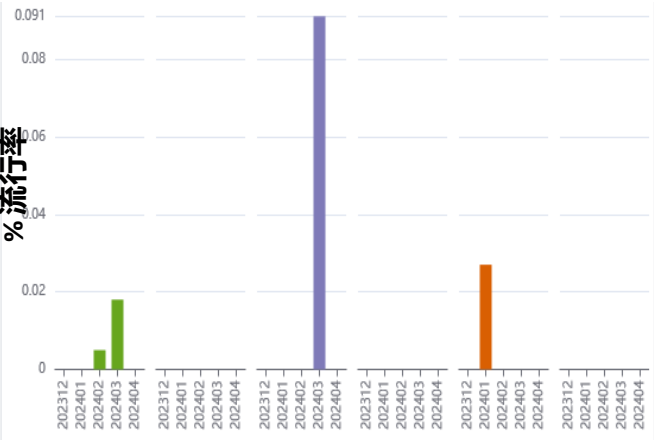
N_P13L, N_Q229K, Spike_A570V, Spike_D111N, Spike_D405N, Spike_D614G, Spike_D796Y, Spike_E484K, Spike_F486P, Spike_G142D, Spike_G339H, Spike_G446S, Spike_H245N, Spike_H655Y, Spike_H69del, Spike_I332V, Spike_K356T, Spike_K417N, Spike_L452W, Spike_L455S, Spike_N440K, Spike_N450D, Spike_N460K, Spike_N481K, Spike_N501Y, Spike_P681R, Spike_Q498R, Spike_R158G, Spike_R403K, Spike_R408S, Spike_S371F, Spike_S373P, Spike_S375F, Spike_S477N, Spike_S939F, Spike_T376A, Spike_T478K, Spike_V445H, Spike_V483del, Spike_V70del, Spike_Y144del, Spike_Y505H



GRA (JN.1)

7

N_P13L, N_Q229K, Spike_A570V, Spike_D405N, Spike_D614G, Spike_D796Y, Spike_E484K, Spike_F486P, Spike_G142D, Spike_G339H, Spike_G446S, Spike_H245N, Spike_H655Y, Spike_H69del, Spike_I332V, Spike_K356T, Spike_K417N, Spike_L452W, Spike_L455S, Spike_N440K, Spike_N450D, Spike_N460K, Spike_N481K, Spike_N501Y, Spike_P681R, Spike_Q498R, Spike_R158G, Spike_R403K, Spike_R408S, Spike_S371F, Spike_S373P, Spike_S375F, Spike_S477N, Spike_S939F, Spike_T376A, Spike_T478K, Spike_V382L, Spike_V445H, Spike_V483del, Spike_V70del, Spike_Y144del, Spike_Y505H



^从分析日期开始计算过去的100天

*根据CoVsurver的文献解读所示, aa群体变异会影响表型, 例如抗体逃逸、ACE2结合、Spike蛋白表达和稳定性的变化。传播的新兴变体按照gainInNumNewLocationsInPast30days x sumOfWeightedaaChanges排序。那些与谱系中其他常见的变异不同的AA群体变异以橙色高亮显示。



新兴变体传播和加速分类的方法

新兴变体分析监测最近出现的hCoV-19变体，这些变体可能由于传播增加的证据而变得相关。

(1)我们跟踪了(1a)过去30天内至少在7个新位置发现的所有蛋白质变化，或者(1b)CoVsurver解读的文献中发现的影响表型的所有蛋白质变化。

(2)仅根据从(1)中选择的一组蛋白质变化，将过去100天内收集的所有序列分类为蛋白质变化群体[C]。

(3)接下来，我们根据(3a)它们在过去30天[S]、(3b)获得的新位置数量，对这些群体进行排名。我们还根据它们的SxC(加权)分数对它们进行排名。C(加权)是对群体/变体中每个蛋白质变化给定的值；对那些在文献中发现影响表型（例如抗体逃逸、ACE2结合、改变 Spike 蛋白表达和稳定性）的蛋白质变化，C=1.5；对于那些发现的蛋白质变化，不论是在高通量研究中发现的导致类似表型变化，或是非常接近PDB数据库中的抗体结构，C=1.0；所有其他的蛋白质变化，c=0.5。

(4)然后对这些群体进行过滤以去除冗余群体(即，如果在较高排名的群体中已经观察到当前占主导地位的pango谱系，并且在较高排名的群体中也观察到当前群体中所有的蛋白质变化，则认为该群体为冗余)。

(5)此外，为了识别比其他群体“加速”更快的、在步骤(1)到(4)发现的群体，我们使用了其他5个因子，分别是：

- i. `changeInRankingInThePast7days`
- ii. `currentRanking`
- iii. `normalizedGainInNumLocationsInPast4weeks`
- iv. `dissimilarityScore`
- (v) `weightsForSpikeMutsUnseenInHigherRankingConst`

如果在过去7天内，群体没有排名，其7天前的排名将被视为当前最高排名，然后统一。

`normalizedGainInNumLocationsInPast4weeks`是衡量最近几周群体增长率的一个因子。通过将本周的累积计数设置为10，我们使用从4周前到本周的数据对`cumulativeGainInNumLocations`进行标准化。为了衡量一个群体与其在群体排名列表(3)中的相邻群体之间的差异程度，`dissimilarityScore`是其2个最接近的排名群体之间的不同aa变异的总和，使用(3)中的加权值。`dissimilarityScore`是两个`dissimilarityScore`中较小的那个，并且可用于预测一个群体与其相邻群体相比是否可能不同。如果在任何高排名的群体里都找不到突变，`weightsForSpikeMutsUnseenInHigherRankingConst`则为S蛋白突变赋予额外的权重。如果在任何高排名的群体里都找不到S突变，`weightsForSpikeMutsUnseenInHigherRankingConst`取值为1，否则取值为 $2 \times \text{numSpikeMutsUnseenInHigherRankingConst}$ 。

(6) 以下方程式是用来对加速出现的变体进行排序的：

$$\frac{\text{changeInRanking} \cdot \text{normalizedGainInNumLocsInPastFourweeks} \cdot \text{dissimilarityScore} \cdot \text{weightsForSpikeMutsUnseenInHigherRankingConst}}{\left(\frac{\text{currentRanking}^2}{100} + 1 \right)}$$



抽样基因组进化

2024-04-09

显著变化:

14,750,700 全基因组 (+ 6,214)
(从16,646,745条序列中排除了低覆盖度序列)

- S分支[#RBDx] 17,168 [6,459] (+1 [+0])
- L分支[#RBDx] 6,429 [163] (+0 [+0])
- V分支[#RBDx] 6,708 [42] (+0 [+0])
- G分支[#RBDx] 301,669 [124,958] (+0 [+0])
- GR分支[#RBDx] 504,023 [266,779] (+16 [+10])
- GRV分支[#RBDx] 1,046,559 [115,818] (+10 [+1])
- GH分支[#RBDx] 534,766 [237,661] (+12 [+8])
- GV分支[#RBDx] 174,836 [9,929] (+0 [+0])
- GK分支[#RBDx] 4,174,020 [663,540] (+20 [+2])
- GRA分支7,938,177 (+6,155)
- 其他分支clade [#RBDx] 46,345 [31,930] (+0 [+0])

本次分析以递交到本平台的序列数据为基础。对于产生和递交这些序列数据的实验室人员，我们表示衷心感谢！



由新加坡科技研究局生物信息学研究所、基因组研究所提供
由国家基因库生命大数据平台 (CNGBdb) 团队翻译

Clade references and Pango lineages

```

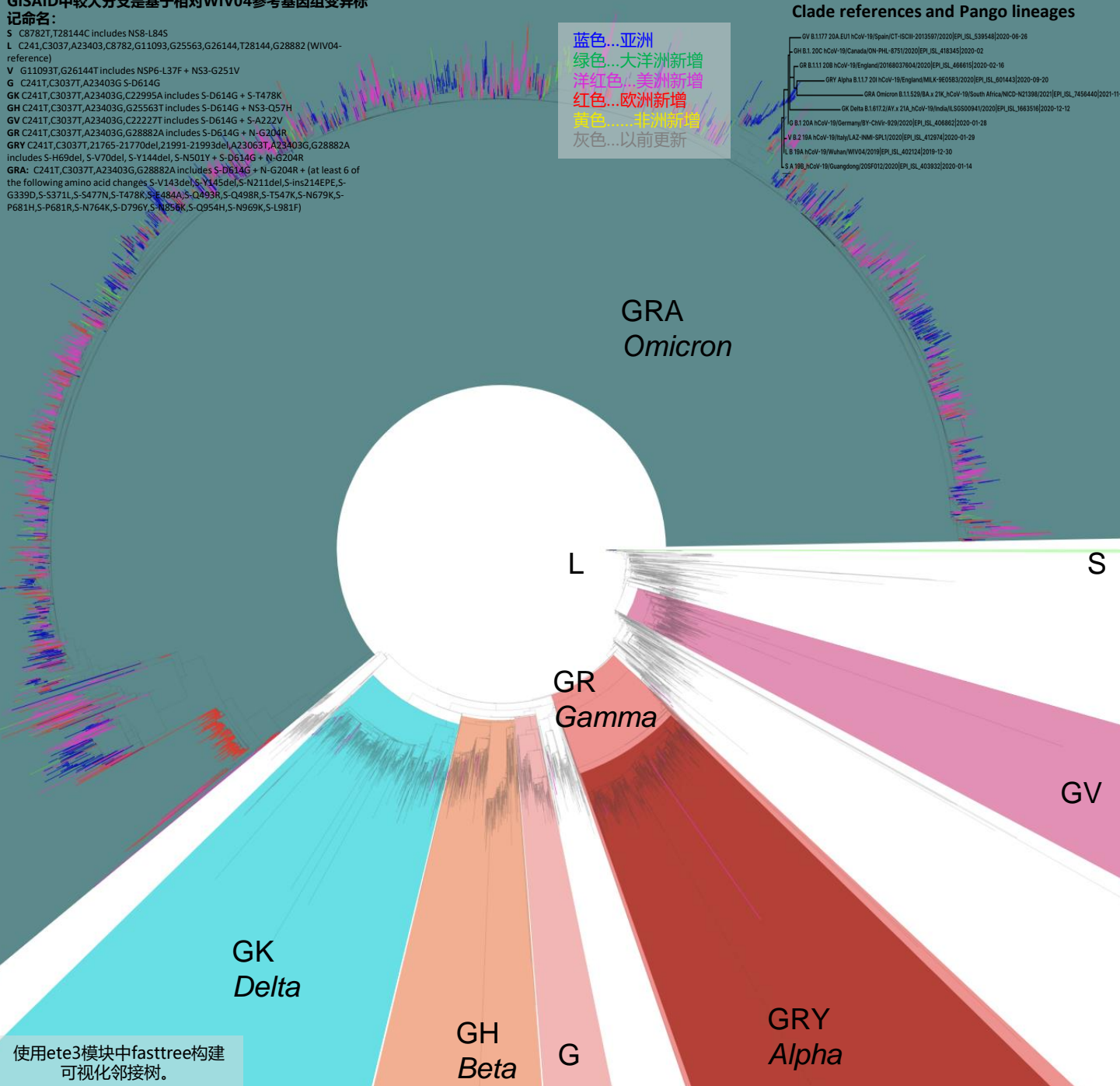
GV B.1177.20A/EU1/hCoV-19/Spain/CT-ISCIII/20193597/2020[EPI_ISL_539548]2020-08-28
GH B.1.20C/hCoV-19/Canada/ON-PHL-8751020/2020[EPI_ISL_418345]2020-02
GR B.1.111.20B/hCoV-19/England/20168037604/2020[EPI_ISL_466615]2020-02-16
GRV Alpha B.1.1.7.20I/hCoV-19/England/MLK-9E0983/2020[EPI_ISL_801443]2020-09-20
GRA Omicron B.1.1.528/BA.1.2/KC_hCoV-19/South Africa/NICD-N21388/2021[EPI_ISL_7456440]2021-11-05
GK Delta B.1.617.2/AY.1.21A_hCoV-19/India/ILSS00841/2020[EPI_ISL_1683516]2020-12-12
G B.1.20A/hCoV-19/Germany/BY-CHW-929/2020[EPI_ISL_408862]2020-01-28
V B.2.18A/hCoV-19/Italy/LAZ-NMI-SPL1/2020[EPI_ISL_412974]2020-01-29
L B.19A/hCoV-19/Wuhan/HW04/2019[EPI_ISL_402124]2019-12-30
S A.198/hCoV-19/Quangdong/205F012/2020[EPI_ISL_403832]2020-01-14

```

蓝色...亚洲
绿色...大洋洲新增
洋红色...美洲新增
红色...欧洲新增
黄色...非洲新增
灰色...以前更新

GISAID中较大分支是基于相对WIV04参考基因组变异标记命名:

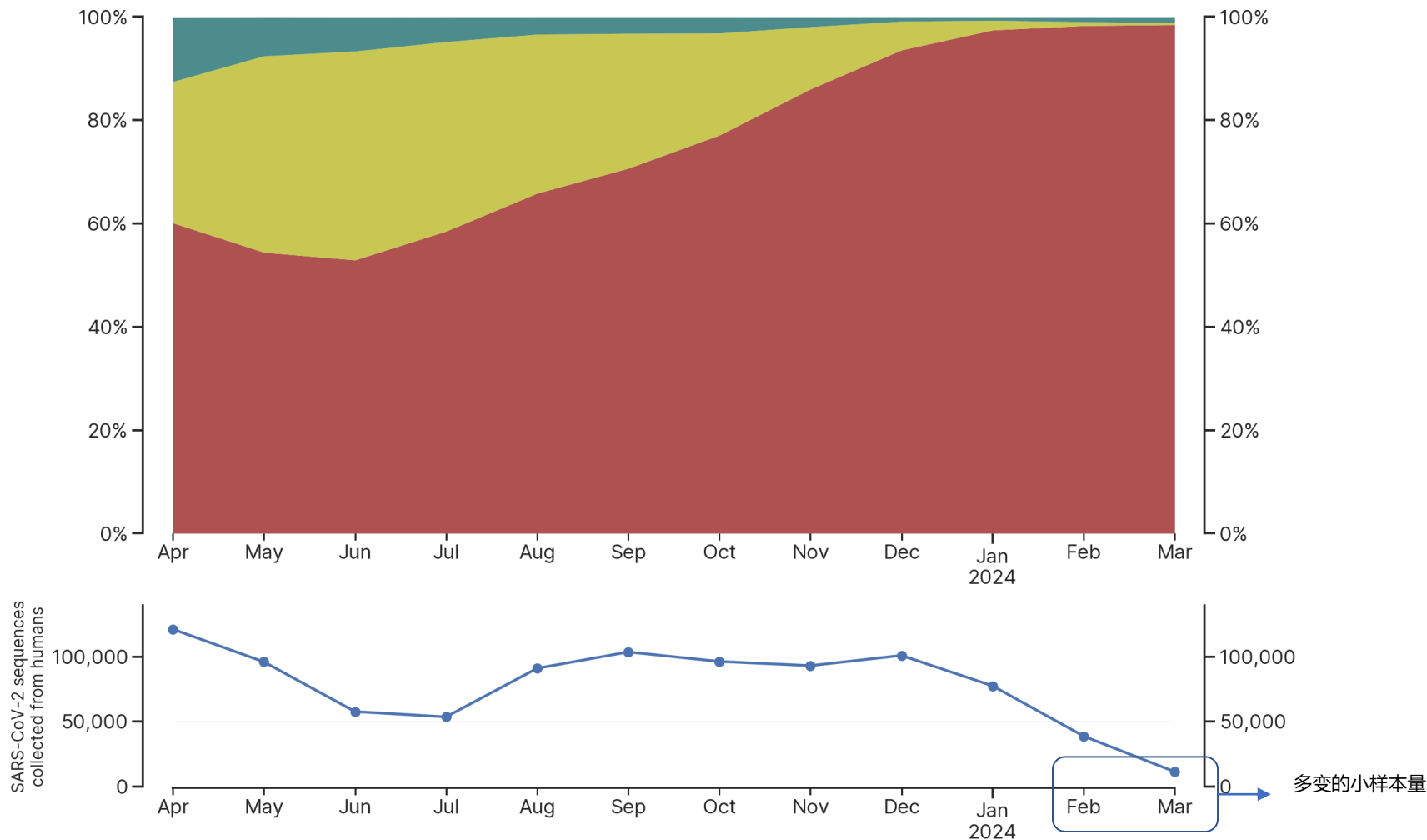
S C8782T,T28144C includes NS8-L84S
L C241,C3037,A23403,C8782,G11093,G25563,G26144,T28144,G28882 (WIV04-reference)
V G11093T,G26144T includes NSP6-L37F + NS3-G251V
G C241T,C3037T,A23403G S-D614G
GK C241T,C3037T,A23403G,C22995A includes S-D614G + S-T478K
GH C241T,C3037T,A23403G,G25563T includes S-D614G + NS3-Q57H
GV C241T,C3037T,A23403G,C22227T includes S-D614G + S-A222V
GR C241T,C3037T,A23403G,G28882A includes S-D614G + N-G204R
GRV C241T,C3037T,21765-21770del,21991-21993del,A23063T,A23403G,G28882A includes S-H69del,S-V70del,S-Y144del,S-N501Y + S-D614G + N-G204R
GRA: C241T,C3037T,A23403G,G28882A includes S-D614G + N-G204R + (at least 6 of the following amino acid changes S-V143del,S-Y145del,S-N211del,S-ins214EPE,S-G339D,S-S371L,S-S477N,S-T478K,S-E484A,S-Q493R,S-Q498R,S-T547K,S-N679K,S-P681H,S-P681R,S-N764K,S-D796Y,S-N856K,S-Q954H,S-N969K,S-L981F)



使用ete3模块中fasttree构建可视化邻接树。

所有递交序列中变异株分布随时间演化过程

2024-04-09



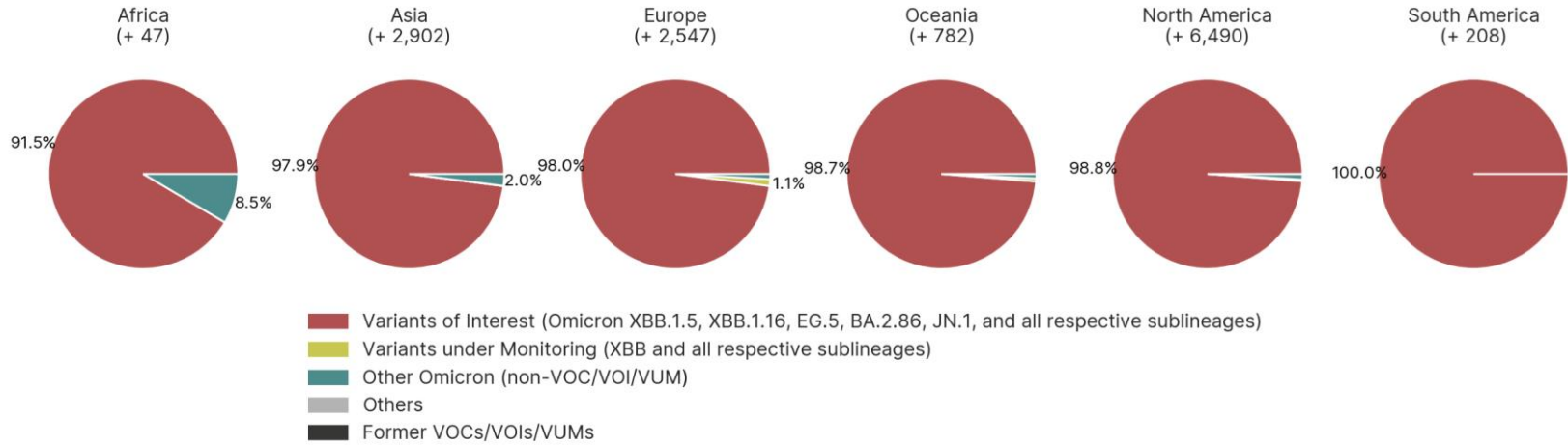
- Variants of Interest (Omicron XBB.1.5, XBB.1.16, EG.5, BA.2.86, JN.1, and all respective sublineages)
- Variants under Monitoring (XBB and all respective sublineages)
- Other Omicron (non-VOC/VOI/VUM)
- Others
- Former VOCs/VOIs/VUMs



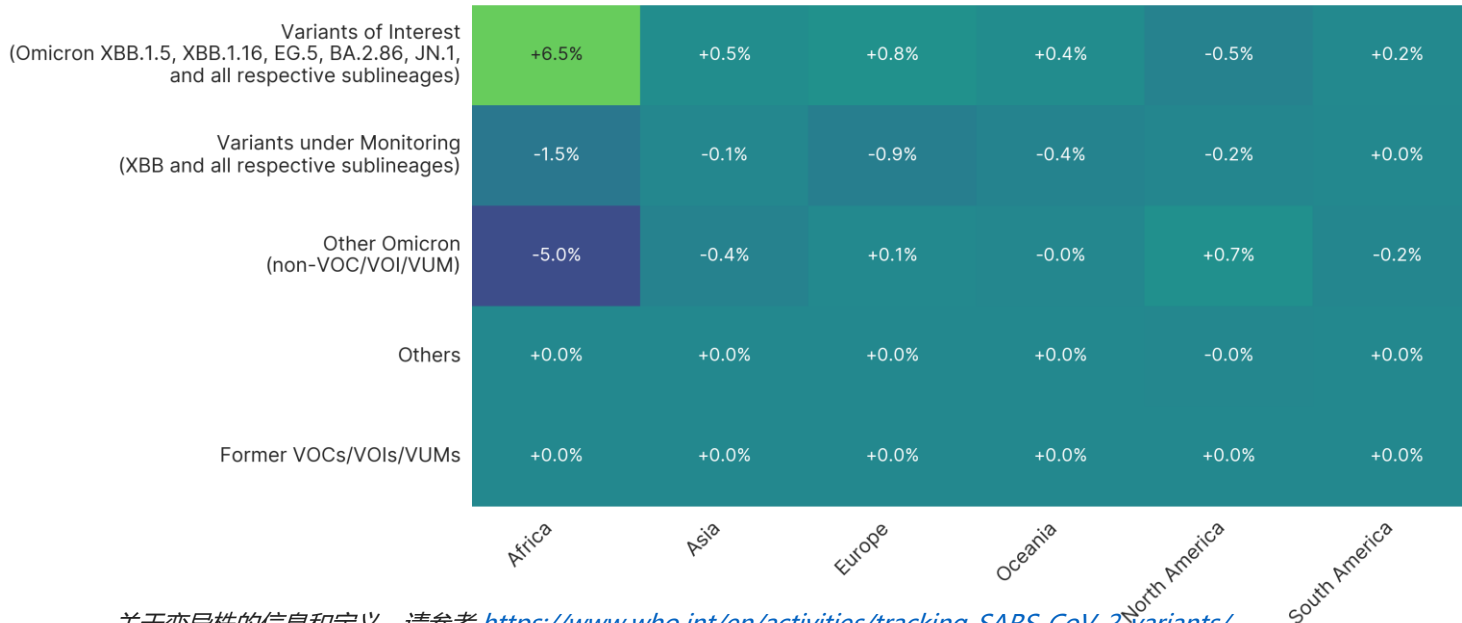
由新加坡科技研究局生物信息学研究所、基因组研究所提供
由国家基因库生命大数据平台
(CNGBdb) 团队翻译

关于变异株的信息和定义, 请参考 <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>
本次分析以递交到本平台的序列数据为基础。对于产生和递交这些序列数据的实验室人员, 我们表示衷心感谢!

收集序列中变异株的区域分布 (2024-03-12至2024-04-09)



Change in proportions of variants compared to the four weeks before 2024-03-12

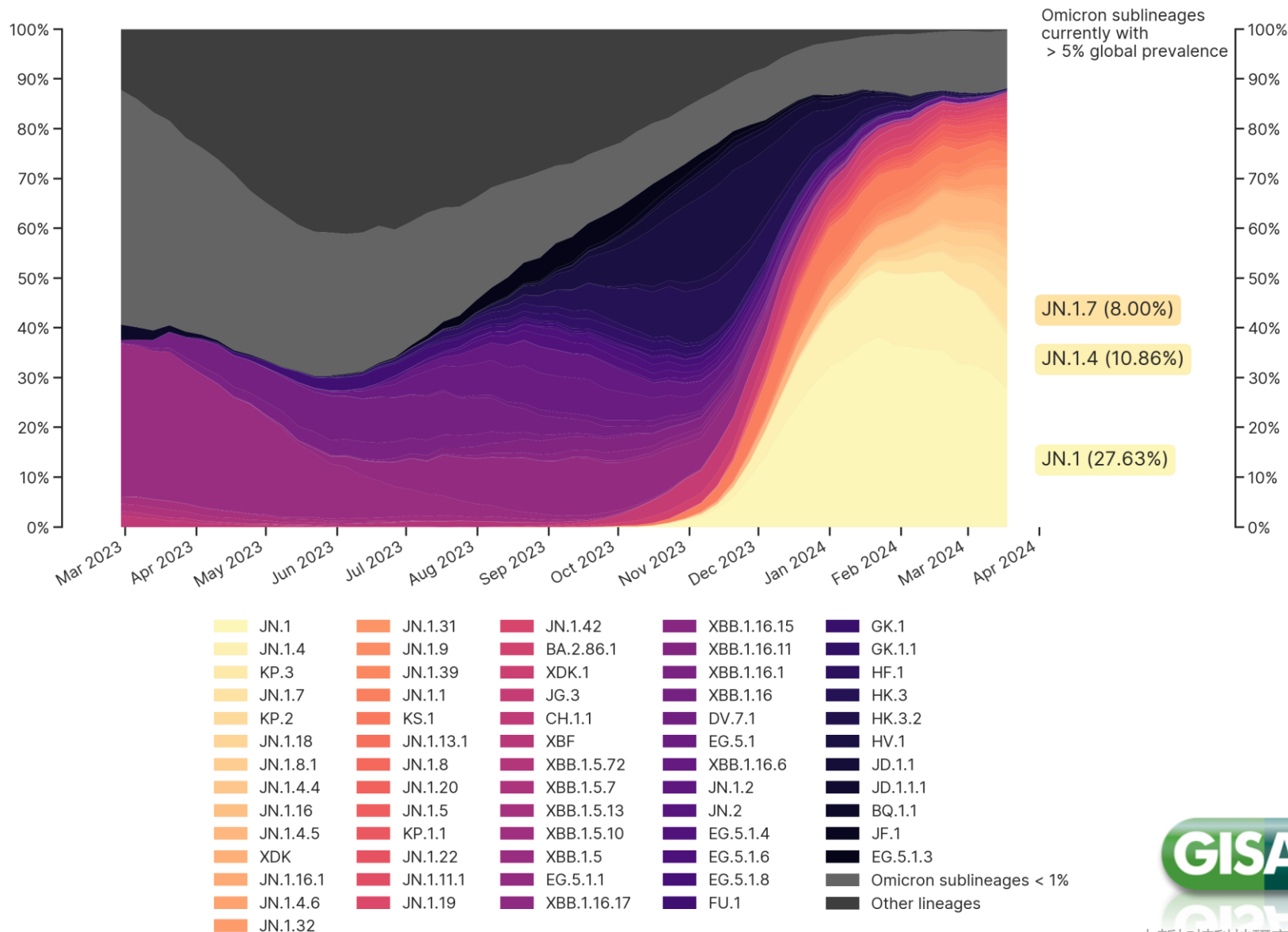


由新加坡科技研究局生物信息学研究所、基因组研究所提供
由国家基因库生命大数据平台 (CNGBdb) 团队翻译

关于变异株的信息和定义, 请参考 <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>
本次分析以递交到本平台的序列数据为基础。对于产生和递交这些序列数据的实验室人员, 我们表示衷心感谢!

Omicron变种亚系分布随时间演化过程

2024-04-09



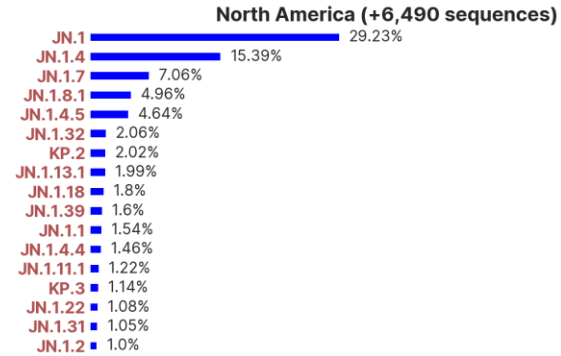
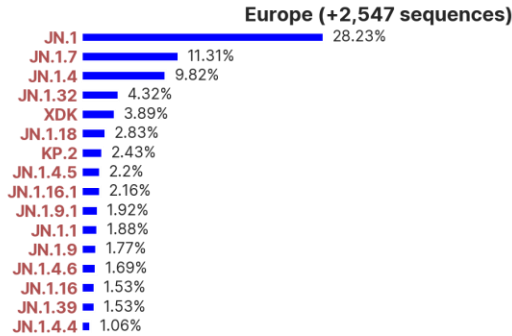
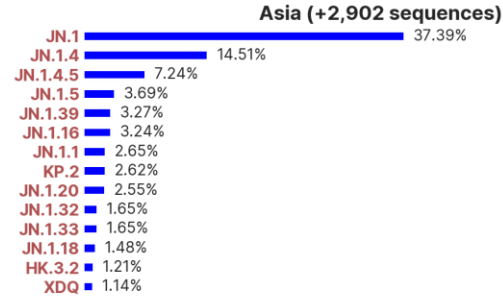
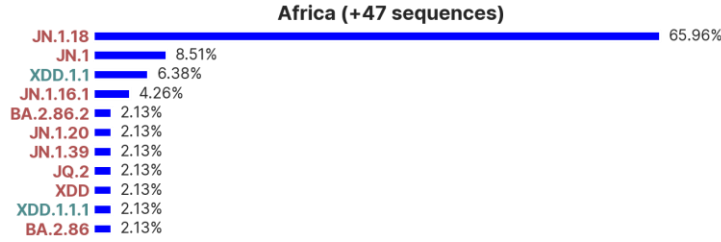
关于变异株的信息和定义, 请参考 <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>

本次分析以递交到本平台的序列数据为基础。对于产生和递交这些序列数据的实验室人员, 我们表示衷心感谢!



由新加坡科技研究局生物信息学研究所、基因组研究所提供
由国家基因库生命大数据平台
(CNGBDB) 团队翻译加坡

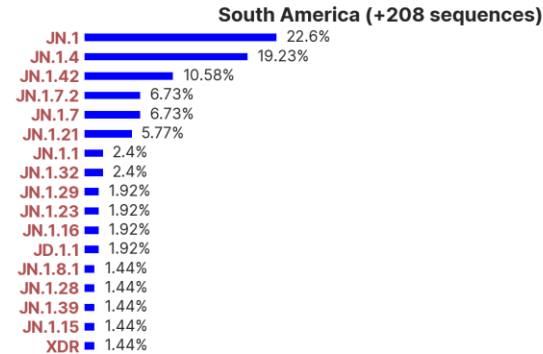
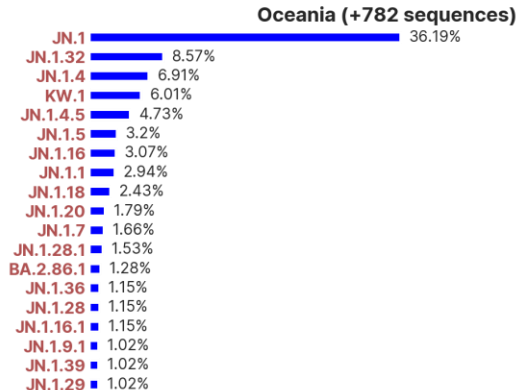
收集序列中Omicron变种亚系的区域趋势 (2024-03-12至2024-04-09)



Variants of Interest
(Omicron XBB.1.5, XBB.1.16, EG.5, BA.2.86, JN.1, and all respective sublineages)

Variants under Monitoring
(Omicron XBB and all respective sublineages that are not VOIs)

Other Omicron (non-VOC/VOI/VUM)



此处显示的亚系不包括任何后代谱系。



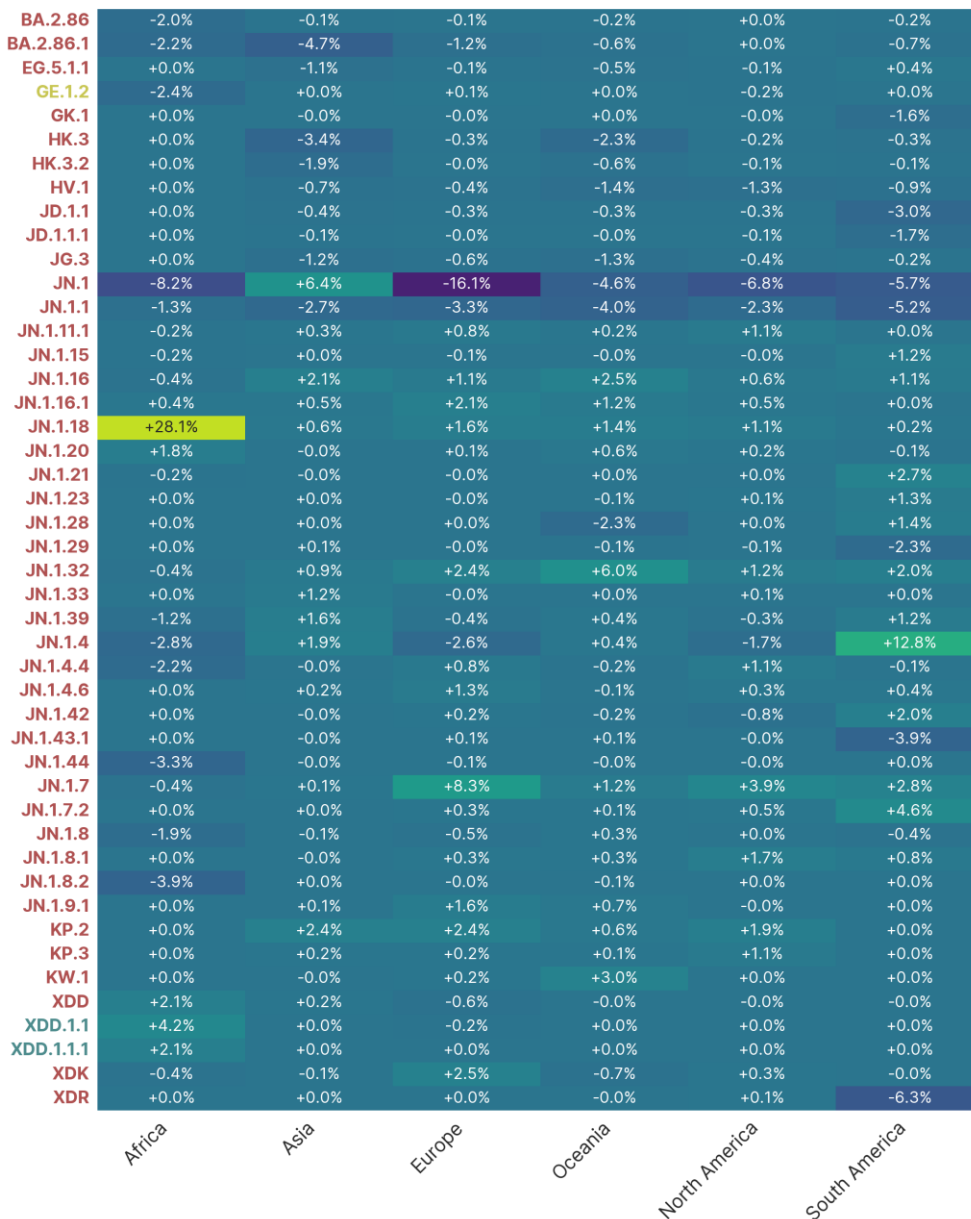
由新加坡科技局生物信息学研究所、基因组研究所提供
由国家基因库生命大数据平台
(CNCBdb) 团队翻译

关于变异株的信息和定义，请参考 <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>
本次分析以递交到本平台的序列数据为基础。对于产生和递交这些序列数据的实验室人员，我们表示衷心感谢！

Omicron变种亚系的比例变化

2024-04-09

Prevalence of sublineages collected 27 Feb 2024-09 Apr 2024 compared with sublineages collected 16 Jan 2024-27 Feb 2024



此处仅显示过去4周内患病率变化 > ±1%的Omicron亚系。

此处显示的亚系不包括任何后代谱系。

Variants of Interest
(Omicron XBB.1.5, XBB.1.16, EG.5, BA.2.86, JN.1, and all respective sublineages)

Variants under Monitoring
(Omicron XBB and all respective sublineages that are not VOIs)

Other Omicron (non-VOC/VOI/VUM)

关于变异株的信息和定义, 请参考 <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>

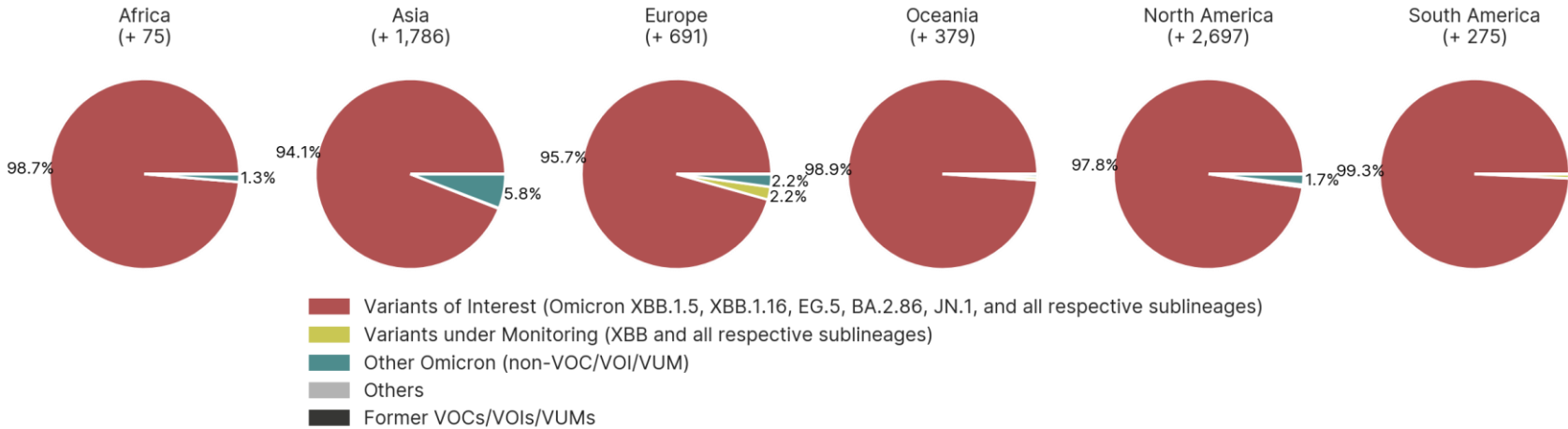
本次分析以递交到本平台的序列数据为基础。对于产生和递交这些序列数据的实验室人员, 我们表示衷心感谢!



由新加坡科技研究局生物信息学研究所、基因组研究所提供
由国家基因库生命大数据平台 (CNGBdb) 团队翻译

新递交序列中变异株的区域分布

2024-04-09



	非洲	亚洲	欧洲	大洋洲	北美洲	南美洲
%关切变异株 (Omicron XBB.1.5, XBB.1.16, EG.5, BA.2.86, JN.1 and sublineages)	98.67	94.06	95.66	98.94	97.78	99.27
%进一步监测的变异株 (Omicron XBB, and all respective sublineages)	0	0.11	2.17	0.53	0.44	0.73
%其他Omicron变异株 (non-VOC/VOI/VUM)	1.33	5.82	2.17	0.53	1.74	0
%其他变异株	0	0	0	0	0	0
%以前的 VOCs/VOIs/VUMs	0	0	0	0	0	0

此页显示自7天前的上次报告至2024年04月09日以来GISAID新递交的数据 (按递交日期更新, 而不是收集日期)

关于变异株的信息和定义, 请参考<https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>

本次分析以递交到本平台的序列数据为基础。对于产生和递交这些序列数据的实验室人员, 我们表示衷心感谢!



由新加坡科技研究局生物信息学研究所、基因组研究所提供
由国家基因库生命大数据平台 (CNGBdb) 团队翻译

GISAID分支和Pango系谱

GV B.1.177 20A.EU1 hCoV-19/Spain/CT-ISCIII-2013597/2020[EPI_ISL_539548][2020-06-26]
 GH B.1.20C hCoV-19/Canada/ON-PHL-8751/2020[EPI_ISL_418345][2020-02-02]
 GR B.1.1.1 20B hCoV-19/England/20168037604/2020[EPI_ISL_466615][2020-02-16]
 GRY Alpha B.1.1.7 20I hCoV-19/England/MILK-9E05B3/2020[EPI_ISL_601443][2020-09-20]
 GRA Omicron B.1.1.529/BA.x 21K_hCoV-19/South Africa/NICD-N21398/2021[EPI_ISL_7456440][2021-11-05]
 GK Delta B.1.617.2/AY.x 21A_hCoV-19/India/ILSGS00941/2020[EPI_ISL_1663516][2020-12-12]
 G B.1.20A hCoV-19/Germany/BY-ChVir-929/2020[EPI_ISL_406862][2020-01-28]
 V B.2.19A hCoV-19/Italy/LAZ-INMI-SPL1/2020[EPI_ISL_412974][2020-01-29]
 L B.19A hCoV-19/Wuhan/WIV04/2019[EPI_ISL_402124][2019-12-30]
 S A.19B_hCoV-19/Guangdong/20SF012/2020[EPI_ISL_403932][2020-01-14]

GISAID中较大分支是基于相对WIV04参考基因组变异标记命名:

S C8782T,T28144C includes NS8-L84S
 L C241,C3037,A23403,C8782,G11093,G25563,G26144,T28144,G28882 (WIV04-reference)
 V G11093T,G26144T includes NSP6-L37F + NS3-G251V
 G C241T,C3037T,A23403G S-D614G
 GK C241T,C3037T,A23403G,C22995A includes S-D614G + S-T478K
 GH C241T,C3037T,A23403G,G25563T includes S-D614G + NS3-Q57H
 GV C241T,C3037T,A23403G,C22227T includes S-D614G + S-A222V
 GR C241T,C3037T,A23403G,G28882A includes S-D614G + N-G204R
 GRY C241T,C3037T,21765-21770del,21991-21993del,A23063T,A23403G,G28882A includes S-H69del,S-V70del,S-Y144del,S-NS01Y + S-D614G + N-G204R
 GRA: C241T,C3037T,A23403G,G28882A includes S-D614G + N-G204R + (at least 6 of the following amino acid changes S-V143del,S-Y145del,S-N211del,S-ins214EPE,S-G339D,S-S371L,S-S477N,S-T478K,S-E484A,S-Q493R,S-Q498R,S-T547K,S-N679K,S-P681H,S-P681R,S-N764K,S-D796Y,S-N856K,S-Q954H,S-N969K,S-L981F)

收集序列中分支分布随时间演化过程

2024-04-09



O	L	G	GV	GH	GR	GRY	GK	GRA
S	V	G+RBDx	GV+RBDx	GH+RBDx	GR+RBDx	GRY+RBDx	GK+RBDx	

RBDx: 受体和抗体结合位点附近的相关突变 (相对于参考分支)

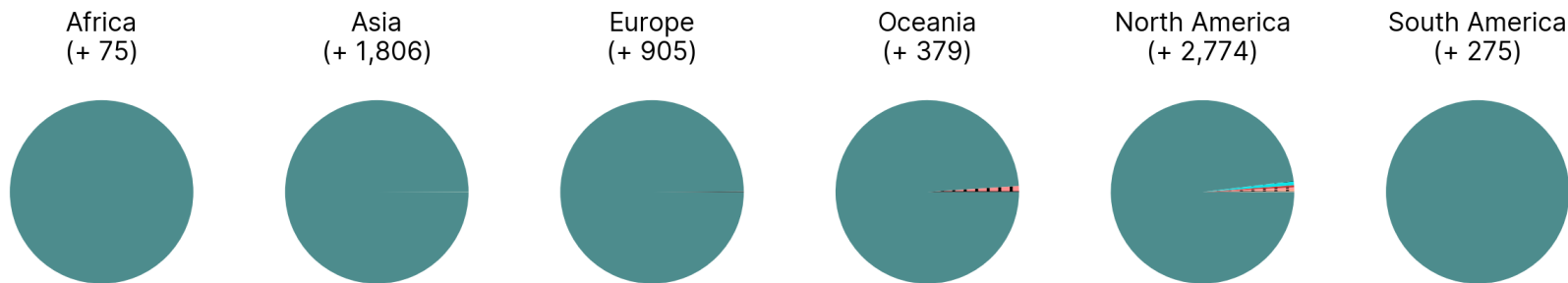
本次分析以递交到本平台的序列数据为基础。对于产生和递交这些序列数据的实验室人员, 我们表示衷心感谢!



由新加坡科技研究局生物信息学研究所、基因组研究所提供
 由国家基因库生命大数据平台 (CNGBdb) 团队翻译

新递交序列区域分支分布

2024-04-09



	非洲	亚洲	欧洲	大洋洲	北美洲	南美洲
总量	121,797	1,490,067	7,333,807	237,335	5,178,017	389,677
新增	75	1,806	905	379	2,774	275

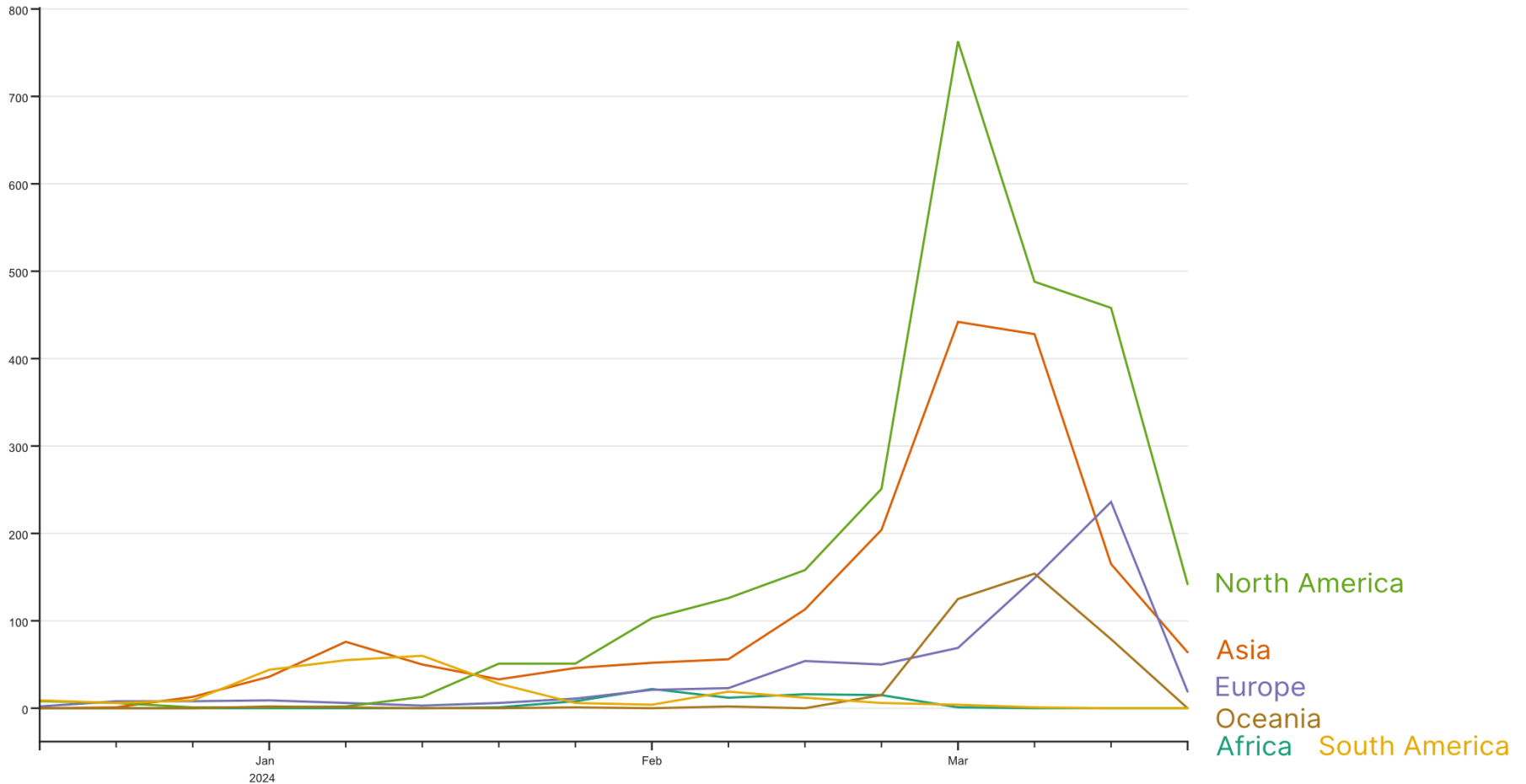
此页显示自7天前的上次报告至2024年04月09日以来GISAID新递交的数据 (按递交日期更新, 而不是收集日期)

本次分析以递交到本平台的序列数据为基础。对于产生和递交这些序列数据的实验室人员, 我们表示衷心感谢!



由新加坡科技研究局生物信息学研究所、基因组研究所提供
由国家基因库生命大数据平台 (CNCBdb) 团队翻译

新递交序列采集时间分布 2024-04-09



此页显示自7天前的上次报告至2024年04月09日以来GISAID新递交的数据（按递交日期更新，而不是收集日期）

本次分析以递交到本平台的序列数据为基础。对于产生和递交这些序列数据的实验室人员，我们表示衷心感谢！



由新加坡科技研究局生物信息学研究所、基因组研究所提供
由国家基因库生命大数据平台（CNGbdb）团队翻译

S分支17,168 [#RBDx 6,459] (+1 [+0]): 1 日本

L分支6,429 [#RBDx 163] (+0 [+0])

V分支6,708 [#RBDx 42] (+0 [+0])

G分支301,669 [#RBDx 124,958] (+0 [+0])

GR分支504,023 [#RBDx 266,779] (+16 [+10]): 5 美国/威斯康星州, 3 [3] 澳大利亚/新南威尔士州, 2 [2] 美国/蒙大拿州, 2 [2] 美国/加利福尼亚州, 1 美国/华盛顿州, 1 [1] 澳大利亚/南澳大利亚州, 1 [1] 美国/内华达州, 1 [1] 德国

GRY分支1,046,559 [#RBDx 115,818] (+10 [+1]): 9 美国/威斯康星州, 1 [1] 美国/弗吉尼亚州

GH分支534,766 [#RBDx 237,661] (+12 [+8]): 12 [8] 美国/威斯康星州

GV分支174,836 [#RBDx 9,929] (+0 [+0])

GK分支4,174,020 [#RBDx 663,540] (+20 [+2]): 19 [2] 美国/蒙大拿州, 1 加拿大

GRA分支7,938,177 (+6,155): 733 加拿大, 586 韩国, 489 英格兰, 286 美国/加利福尼亚州, 249 印度, 161 巴西, 159 澳大利亚/新南威尔士州, 155 美国/路易斯安那州, 154 美国/明尼苏达州, 137 日本, 135 美国/威斯康星州, 135 美国/康涅狄格州, 134 美国/纽约州, 128 澳大利亚/南澳大利亚州, 128 美国/夏威夷州, 122 马来西亚, 120 美国/德克萨斯州, 113 泰国, 113 美国/弗吉尼亚州, 97 中国/陕西, 94 以色列, 84 美国/伊利诺伊州, 83 澳大利亚/昆士兰州, 80 西班牙, 75 美国/科罗拉多州, 74 苏格兰, 71 南非, 70 秘鲁, 65 中国/福建, 63 中国/安徽, 58 新加坡, 52 中国/四川, 51 意大利, 51 中国/甘肃, 47 美国/华盛顿州, 45 中国/辽宁, 42 巴基斯坦, 42 波多黎各, 36 美国/特拉华州, 30 美国/内华达州, 29 美国/内布拉斯加州, 28 法国, 27 美国/新泽西州, 27 美国/艾奥瓦州, 25 阿根廷, 25 美国/密歇根州, 25 中国/河南, 24 乌克兰, 24 波兰, 23 美国/未知地区, 22 斯洛文尼亚, 22 瑞典, 22 丹麦, 20 美国/俄勒冈州, 20 威尔士, 19 美国/新墨西哥州, 19 美国/亚利桑那州, 18 美国/北卡罗来纳州, 16 美国/佛罗里达州, 15 立陶宛, 14 爱尔兰, 12 哥伦比亚, 11 美国/马里兰州, 11 美国/肯塔基州, 11 美国/宾夕法尼亚州, 8 美国/南卡罗莱纳州, 7 捷克, 7 巴拉圭, 7 美国/南达科他州, 6 巴基斯坦, 6 加那利群岛, 6 美国/蒙大拿州, 5 美国/堪萨斯州, 4 塞内加尔, 4 美国/马塞诸塞州, 4 新喀里多尼亚, 4 美国/俄克拉何马州, 4 美国/阿肯色州, 3 美国/俄亥俄州, 3 美国/印第安纳州, 3 美国/阿拉斯加州, 3 德国, 3 美国/密苏里州, 2 env, 2 美国/犹他州, 2 美国/华盛顿哥伦比亚特区, 2 美国/乔治亚州, 1 美国/田纳西州, 1 瓦利斯和富图纳群岛, 1 美国/西弗吉尼亚州, 1 斯洛伐克

其他分支46,345 [#RBDx 31,930] (+0 [+0])

此页显示自7天前的上次报告至2024年04月09日以来GISAID新递交的数据 (按递交日期更新, 而不是收集日期)

RBDx: 受体和抗体结合位点附近的相关突变 (相对于参考分支)



基于过去60天收集的1,499条序列，前4个传播谱系的刺突蛋白（S蛋白）突变。
请访问www.gisaid.org/spike（“所有RBS突变列表”）以获取所有受体结合位点突变列。



相对于hCoV-19/中国武汉
/WIV04/2019毒株2,1563
起始密码子进行编号

- 在≤ 100条序列中发现S蛋白突变
- 在>100条序列中发现S蛋白突变
- 在≥ 10%的谱系序列中发现S蛋白突变
- 宿主受体附近的S蛋白变异，或其他功能注释
- 插入/缺失
- 改变潜在N-糖基化位点的S蛋白变异

谱系定义突变: 在≥10%的谱系序列中发现aa变化
谱系新出现的突变: 在<10%的谱系序列中发现了aa变化，这些变化也出现在了前50个传播的新兴变体和前20个加速出现的变体（详见新兴变体分析）



由新加坡科技局生物信息学研究所、基因组研究所提供
由国家基因库生命大数据平台
(CNCBdb) 团队翻译

本次分析以递交到本平台的序列数据为基础。对于产生和递交这些序列数据的实验室人员，我们表示衷心感谢！

基于过去60天收集的1,499条序列，前4个传播谱系的刺突蛋白（S蛋白）突变。
请访问www.gisaid.org/spike（“所有RBS突变列表”）以获取所有受体结合位点突变列。

KP.2

H146del (2个).

JN.1.16

R346I (14个). L5F (12个).

JN.1.18

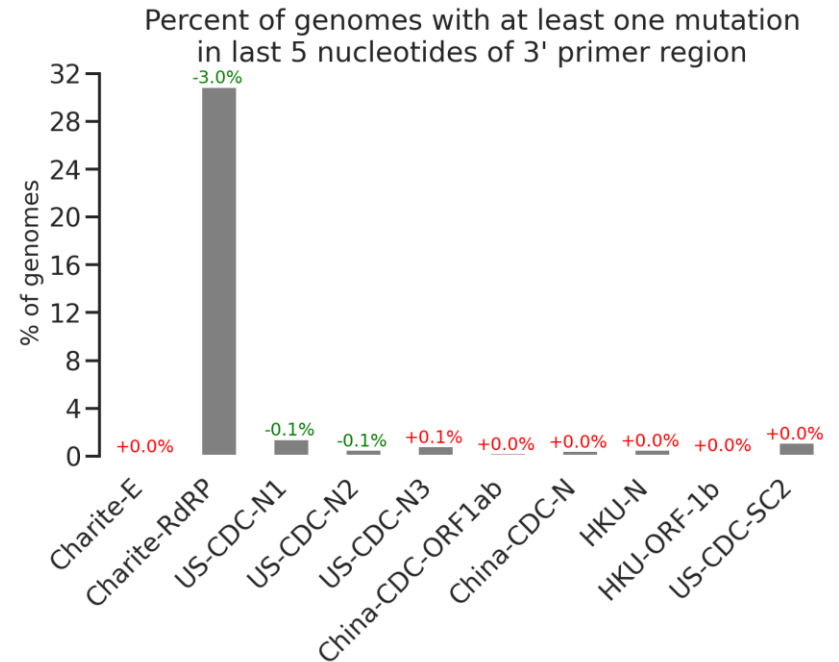
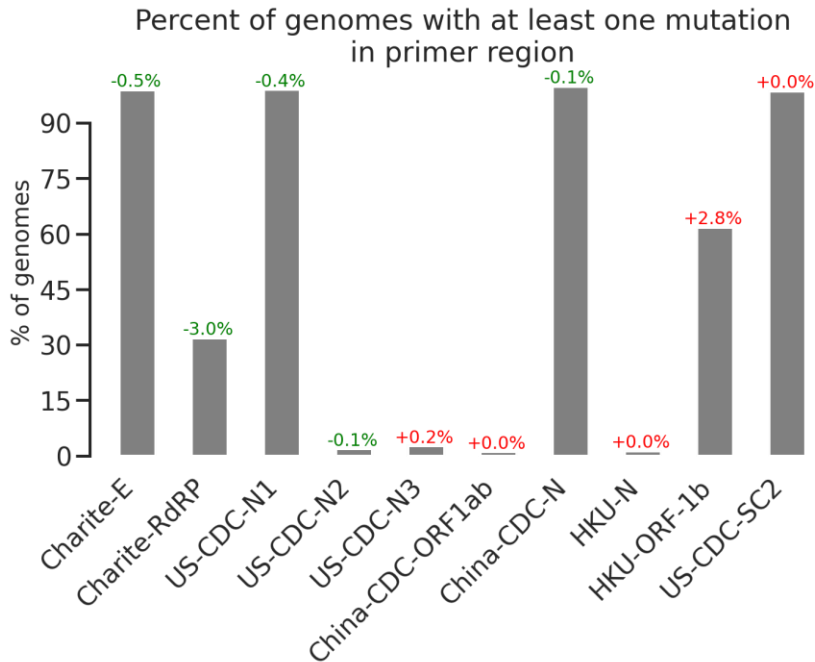
F456V (20个).



相对于hCoV-19/中国武汉/WIV04/2019毒株21,563起始密码子进行编号

本次分析以递交到本平台的序列数据为基础。对于产生和递交这些序列数据的实验室人员，我们表示衷心感谢！

由新加坡科技研究局生物信息学研究所、基因组研究所提供
由国家基因库生命大数据平台
(CNCBdb) 团队翻译



为了减少随机突变干扰，将**过去90天内提交的**176,339中173,260高质量全基因组全部考虑在内。每个柱状图都标注了自上次更新后百分比变化。

这是高质量基因组（定义为含有 $<1\% Ns$ 且 $<0.05\%$ 唯一非同义突变）百分比简化总结视图，在正向、探针或反向引物区域具有一个或多个突变。这不一定表明引物将不起作用，但可作为目标区域多变性指南。

第二张图展示了相似内容，但是引物区域（定义为引物序列的最后5个核苷酸）3'端发生了突变，这会影部分灵敏度。

本次分析以递交到本平台的序列数据为基础。对于产生和递交这些序列数据的实验室人员，我们表示衷心感谢！

引物序列来源（可能已同时更新）：

- <https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/protocol-v2-1.pdf>
- <https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/peiris-protocol-16-1-20.pdf>
- http://ivdc.chinacdc.cn/kyjz/202001/t20200121_211337.html
- <https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/uscdcr-pcr-panel-primer-probes.pdf>

