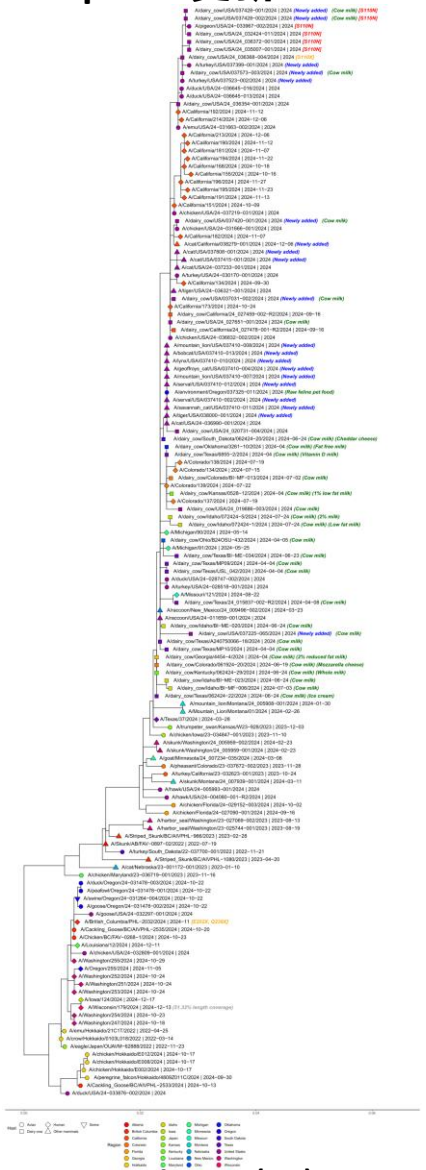
最新分析报告

EpiFlu™ - EpiCoV™ - EpiRSV™ - EpiPox™

2025-01-09

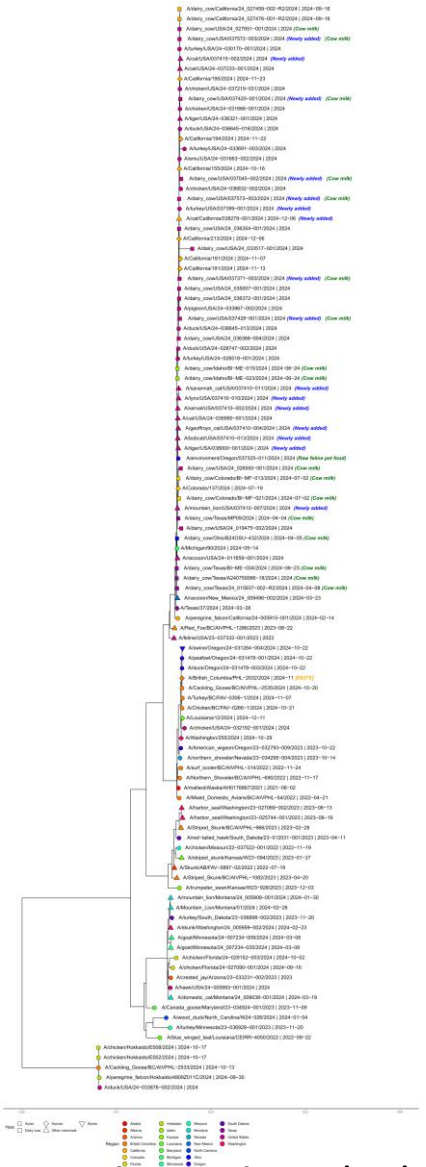
EpiFlu™更新

H5N1禽流感继续影响美国以及现在不列颠哥伦比亚省



Hemagglutinin (HA)

Neuraminidase (NA)



Polymerase basic 2 (PB2)

分别展示了针对近期美国H5N1样本的HA、NA或PB2基因的代表性子样本系统进化树（截至2025年1月7日）。

H5N1（分支 2.3.4.4b）在美国各地持续爆发，美国疾病控制与预防中心（CDC）目前已确认 66 例人类病例，其中大部分涉及乳制品和家禽农场工人，以及加利福尼亚州首例感染途径不明的儿童病例。其他病例涉及猪、大约 919 个奶牛群、超过 1.33 亿只家禽和无数候鸟的 HPAI 病毒。

奶牛的暴露途径和病毒传播方式仍不清楚。在生牛奶中发现了高浓度的病毒 RNA。奶牛场和家禽场的多种动物以及越来越多的农场工人受到影响。

美国农业部动植物卫生检验局的数据显示，受感染的奶牛、其他动物和农场工人体内的病毒密切相关。到目前为止，只有一名农场工人发现了哺乳动物适应标记（E627K），几乎所有农场工人都出现了轻微的眼部症状以及呼吸道症状。此次爆发的一千多个完整病毒基因组序列是从美国和不列颠哥伦比亚省的哺乳动物和鸟类标本中收集的。通过 GISAID EpiFlu 共享。

12月30日，CDC发布了来自爱荷华州和威斯康星州首批人类H5N1病例的初步样本数据（HA和NA片段），这些样本是从接触受感染家禽的农场工人处采集的。此前，在12月11日，CDC还发布了来自路易斯安那州首例严重美国HPAI病例的数据，该病例与在家禽、野生鸟类以及最近在华盛顿州和不列颠哥伦比亚省的人类病例中发现的D1.1基因型相匹配。最新的系统发生树基于代表性子样本构建，时间标注为2025年1月7日。

请在此跟踪美国H5N1疫情。

GISAID

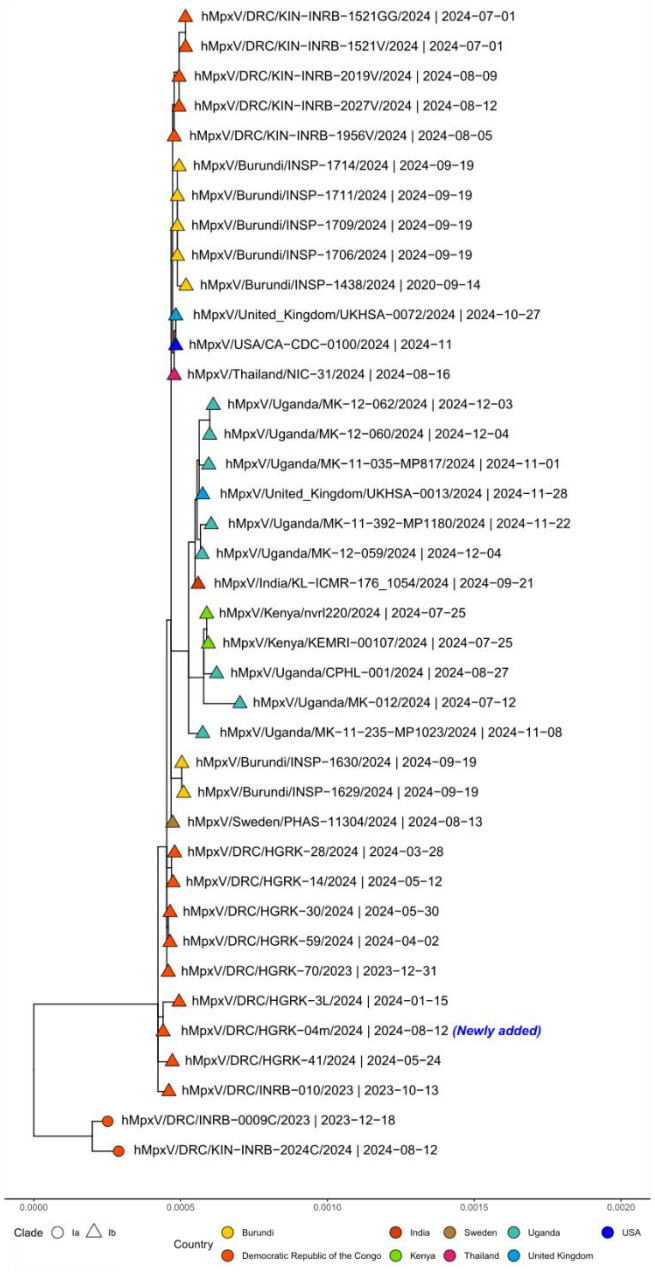
数据由巴西奥斯瓦尔多克鲁兹基金会(FIOCRUZ)提供
国家基因库生命大数据平台（CNGBdb）翻译

EpiPox™更新

Mpox 病毒Ib分支

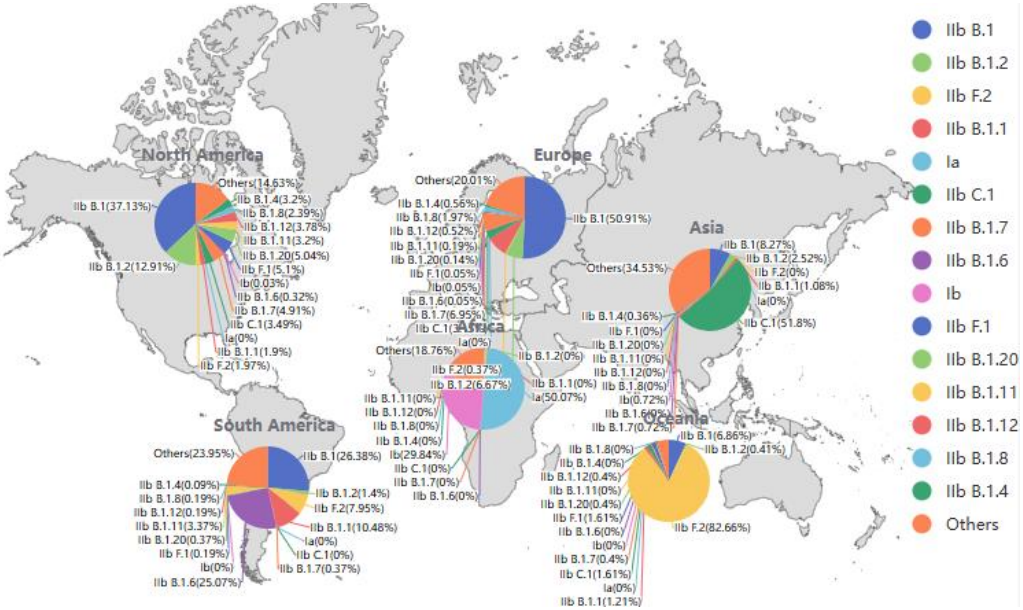
自2023年11月以来，刚果民主共和国（DRC）东部地区持续出现大量mpox病毒Ib分支病例，该病毒通过区域旅行传播至邻国，包括布隆迪、肯尼亚、卢旺达和乌干达。在非洲以外地区，输入性病例的数量也在增加，并已在加拿大、法国、德国、印度、瑞典、泰国、英国和美国报告。

GISAID EpiPox目前提供了325个mpox病毒Ib分支的基因组序列及其相关元数据的访问权限。根据CDC的说法，早期数据显示，在成年人中，Ib分支病例中有很大比例与亲密人体接触有关，包括在一些通常不发现该病毒的国家中被认为正在发生的持续传播。更多详情请参阅Mpox I分支的系统动力学分析。



Ib分支的系统进化树(截至2024年12月19日)

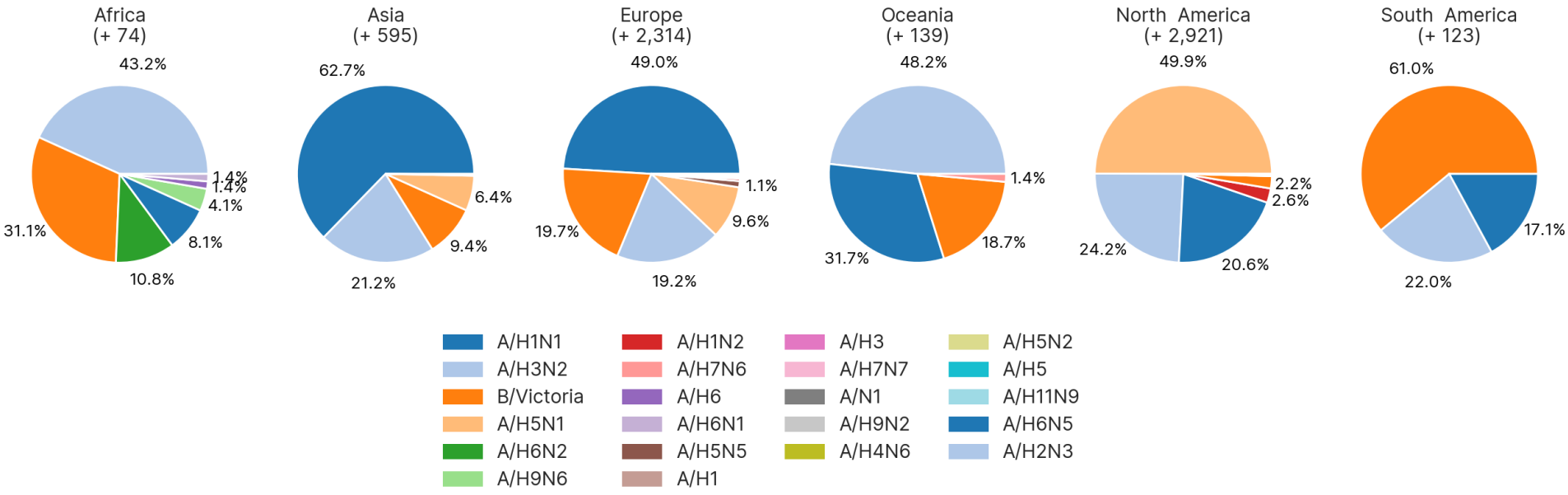
谱系分布（截至 2025年 1月 9 日）



数据由巴西奥斯瓦尔多克鲁兹基金会(FIOCRUZ)提供
国家基因库生命大数据平台（CNGBdb）翻译

EpiFlu™更新

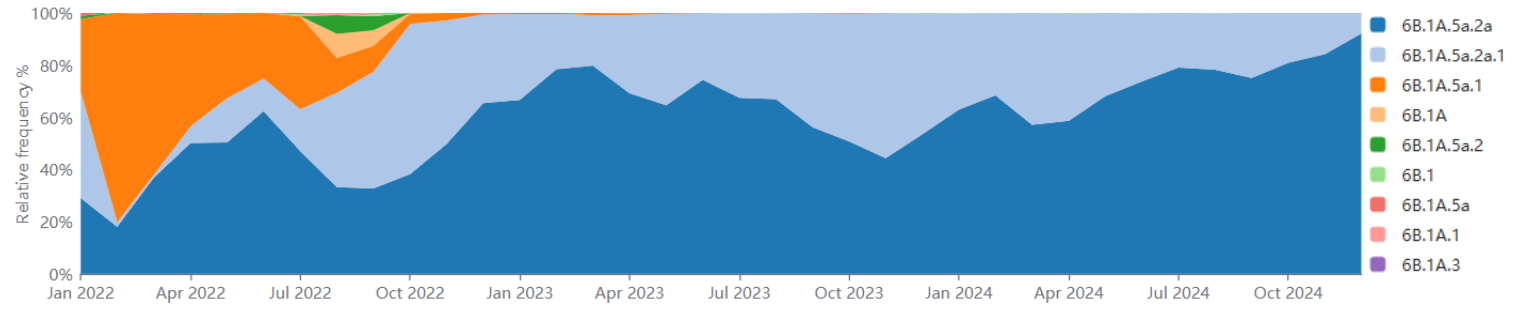
新流感亚型序列的区域分布（2024-10-01至2025-01-01）



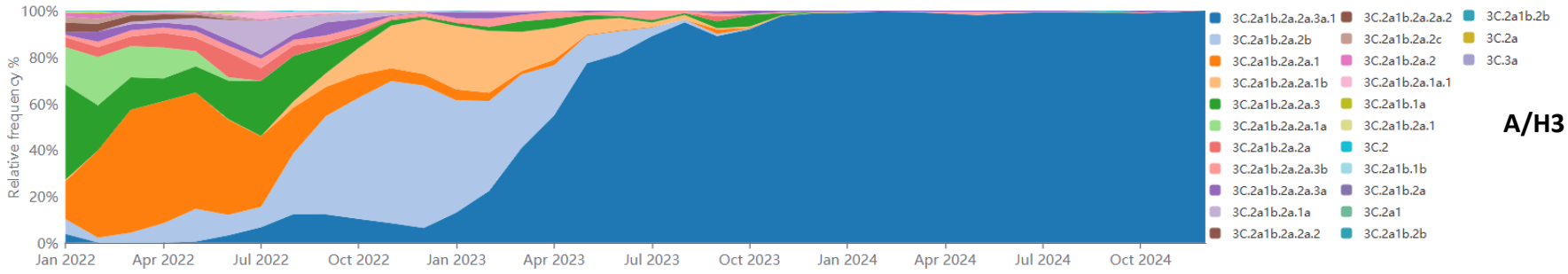
EpiFlu™更新

EpiFlu™提交的所有序列的进化枝进展

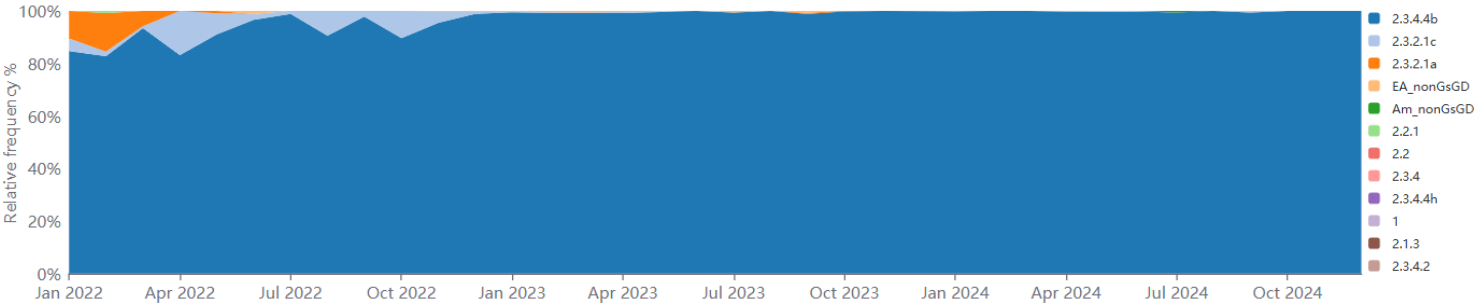
2025-01-09



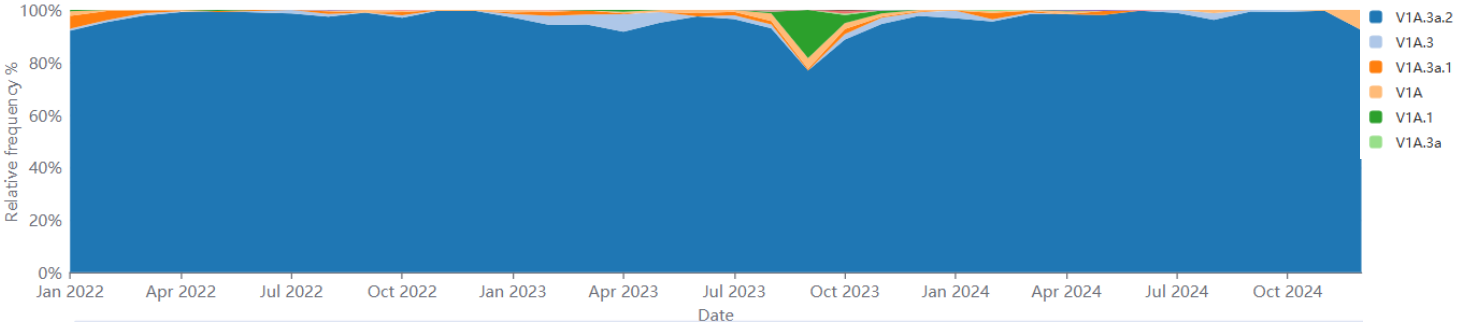
A/H1



A/H3



B/Victoria

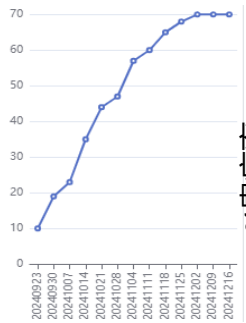
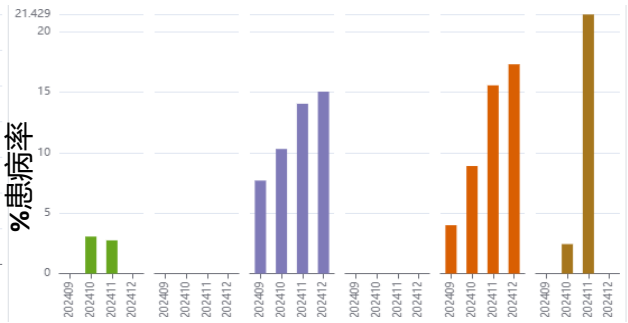
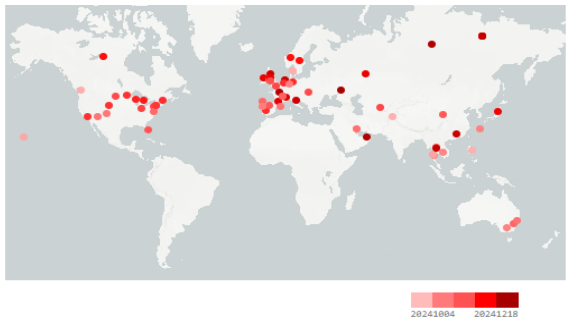
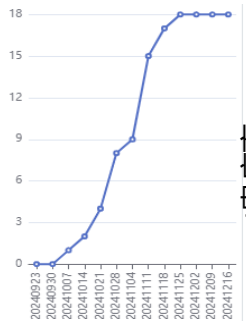
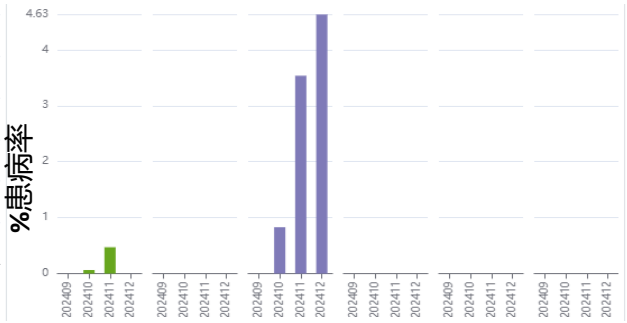
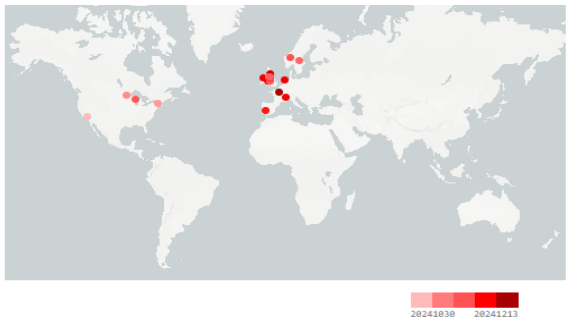
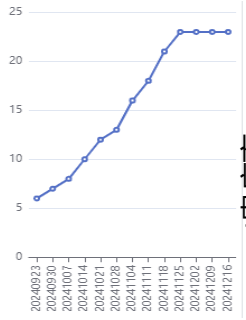
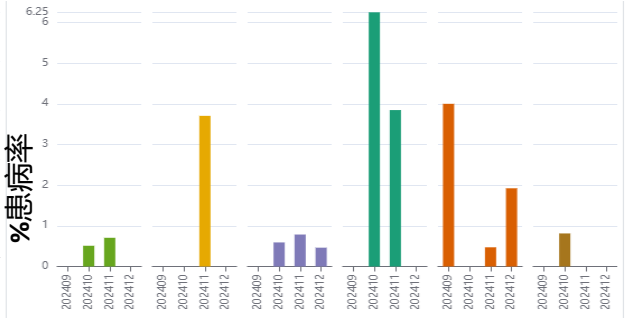
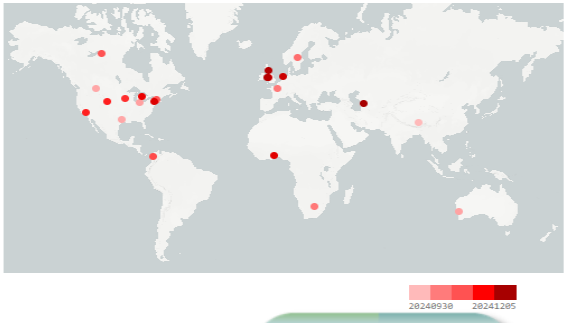


A/H5 (人 + 动物)

EpiFlu™更新

新发现的变体分析 2025-01-07

新发现流感变体的分布

亚型/进化枝 差异化变异*	数量^	累计发现地点数	北美洲 南美洲 欧洲 非洲 亚洲 大洋洲	地图
H1N1pdm/6B.1A.5a.2a	458			
H1N1pdm/6B.1A.5a.2a +HA_A15V, +HA_I183V	70			
H3N2/3C.2a1b.2a.2a.3a.1	40			

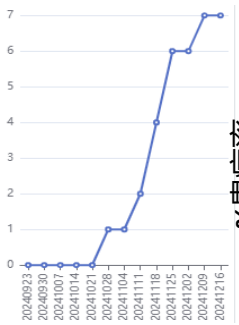
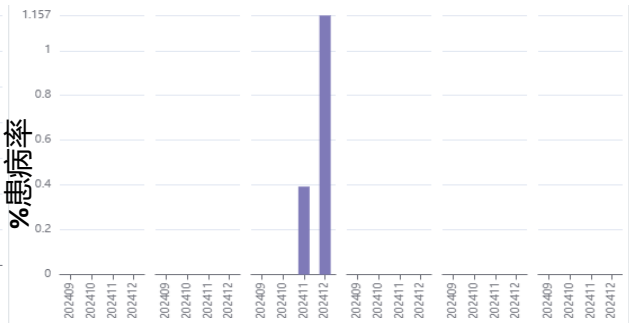
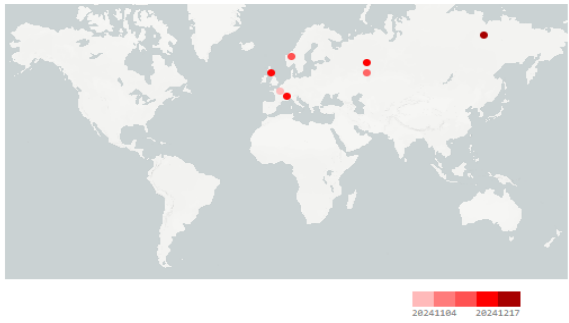
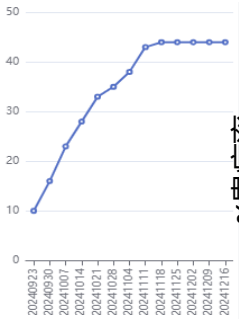
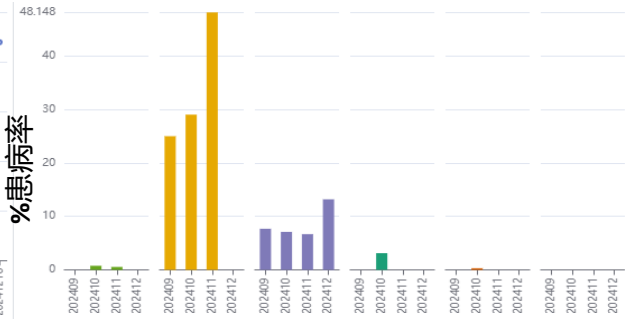
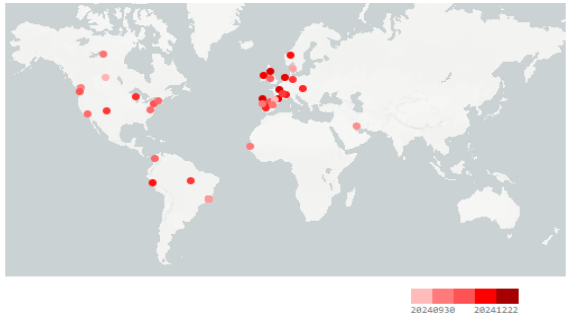
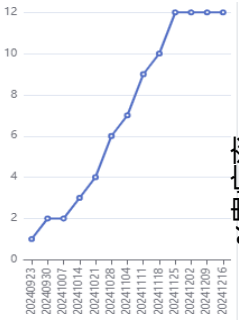
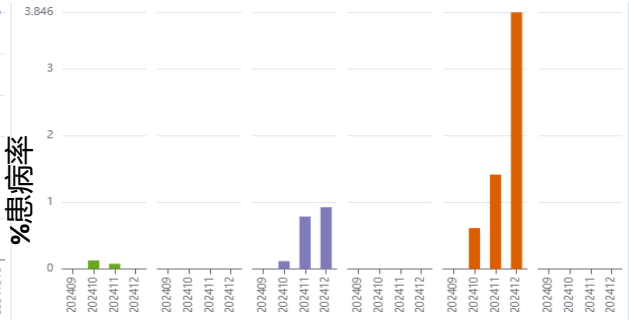
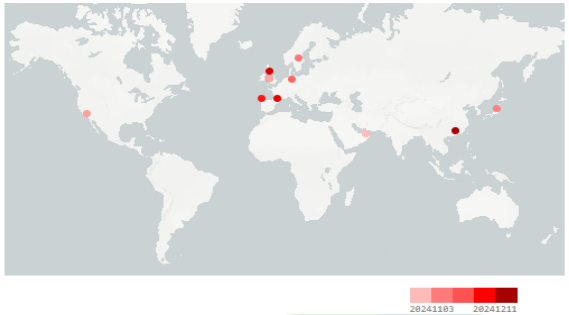
^从分析日期算起过去的100天内

*跟踪过去 100 天内收集的 HA 序列的所有氨基酸变化。然后，仅选择在过去 50 天内发生≥ 4 个新位置突变的氨基酸变化作为变体突变特征（群体）的一部分。每一行代表一个独特的新发现的变体突变特征。差异化突变是指新发现变体中的氨基酸变化，使其在前 50 天内区别于所有其他新发现变体。

EpiFlu™更新

新发现的变体分析 2025-01-07

新发现流感变体的分布

亚型/进化枝 差异化变异*	数量^	累计发现地点数	北美洲 南美洲 欧洲 非洲 亚洲 大洋洲	地图
H1N1pdm/6B.1A.5a.2a +HA_D52N	9			
BVic/V1A.3a.2 +HA_E143K	250			
H1N1pdm/6B.1A.5a.2a +HA_P154S	23			

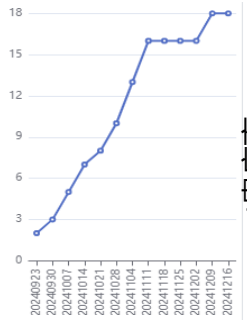
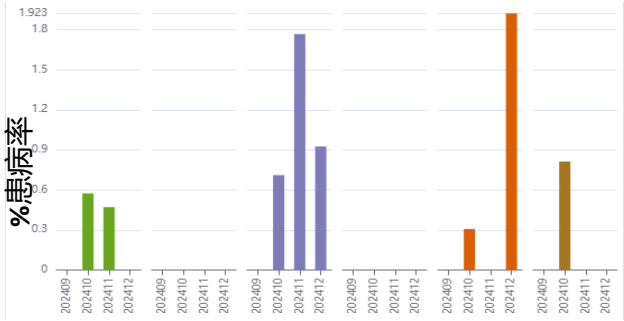
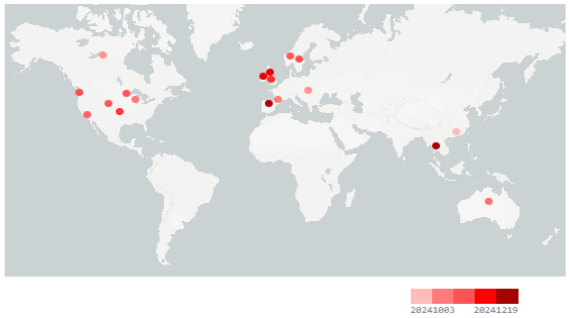
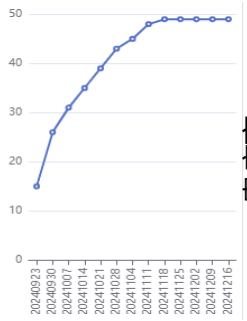
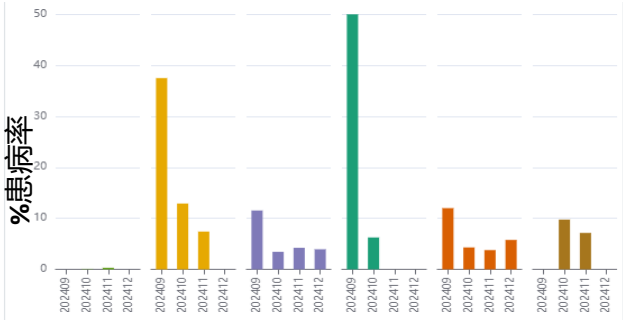
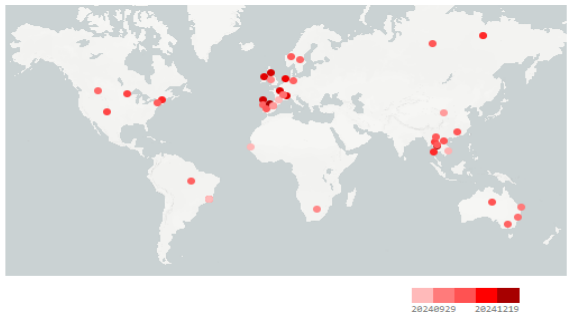
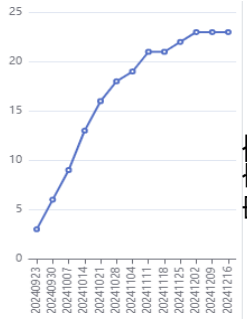
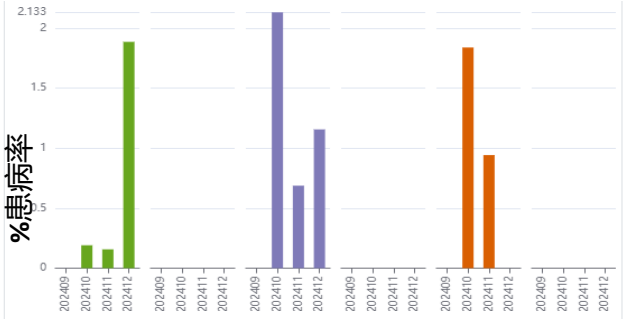
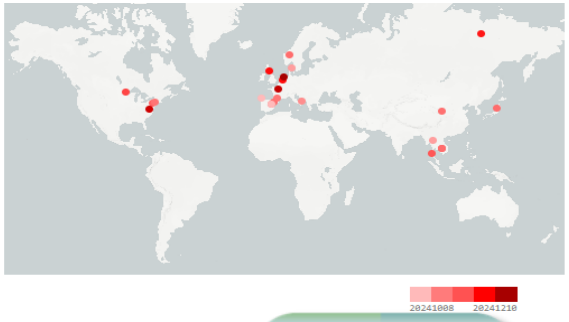
^从分析日期算起过去的100天内

*跟踪过去 100 天内收集的 HA 序列的所有氨基酸变化。然后，仅选择在过去 50 天内发生≥ 4 个新位置突变的氨基酸变化作为变体突变特征（群体）的一部分。每一行代表一个独特的新发现的变体突变特征。差异化突变是指新发现变体中的氨基酸变化，使其在前 50 天内区别于所有其他新发现变体。

EpiFlu™更新

新发现的变体分析 2025-01-07

新发现流感变体的分布

亚型/进化枝 差异化变异*	数量^	累计发现地点数	北美洲	南美洲	欧洲	非洲	亚洲	大洋洲	地图
H1N1pdm/6B.1A.5a.2a.1	46								
BVic/V1A.3a.2 +HA_E143G	158								
H3N2/3C.2a1b.2a.2a.3a.1 +HA_F95L, +HA_P255S, +HA_V363M	44								

^从分析日期算起过去的100天内

*跟踪过去 100 天内收集的 HA 序列的所有氨基酸变化。然后，仅选择在过去 50 天内发生≥ 4 个新位置突变的氨基酸变化作为变体突变特征（群体）的一部分。每一行代表一个独特的新发现的变体突变特征。差异化突变是指新发现变体中的氨基酸变化，使其在前 50 天内区别于所有其他新发现变体。

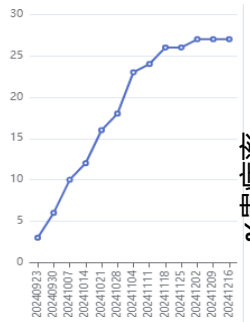
EpiFlu™更新

新发现的变体分析 2025-01-07

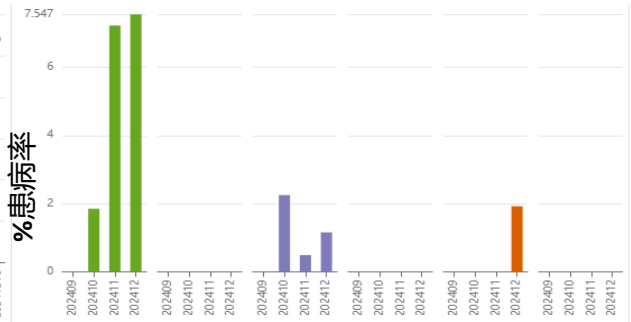
新发现流感变体的分布

亚型/进化枝 差异化变异*	数量^
H3N2/3C.2a1b.2a.2a.3a.1	155
+HA_T151K	

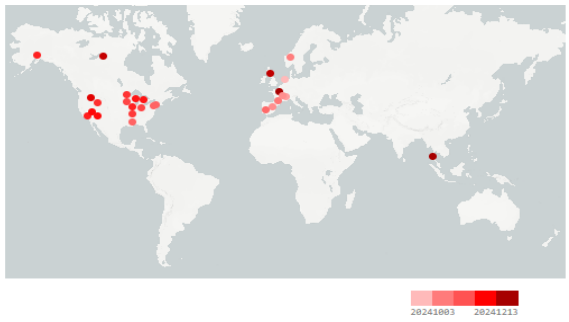
累计发现地点数



北美洲 南美洲 欧洲 非洲 亚洲 大洋洲



地图



^从分析日期算起过去的100天内

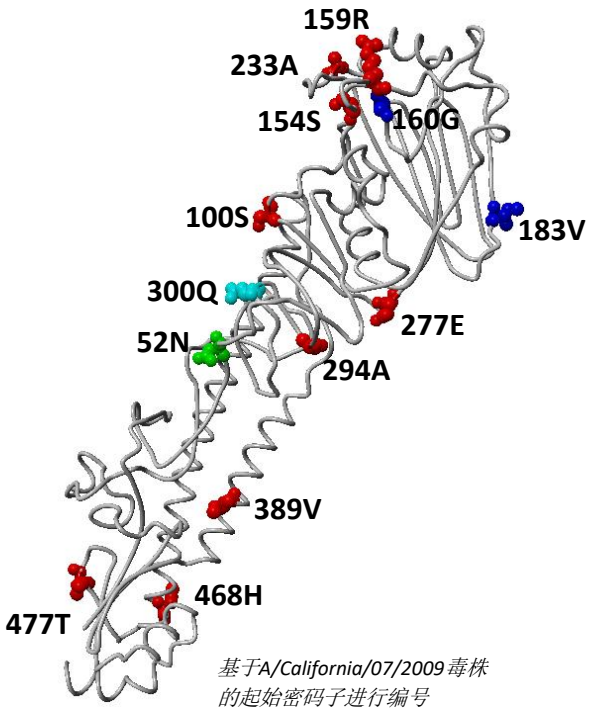
*跟踪过去 100 天内收集的 HA 序列的所有氨基酸变化。然后，仅选择在过去 50 天内发生≥ 4 个新位置突变的氨基酸变化作为变体突变特征（群体）的一部分。每一行代表一个独特的新发现的变体突变特征。差异化突变是指新发现变体中的氨基酸变化，使其在前 50 天内区别于所有其他新发现变体。

EpiFlu™更新

流感血凝素突变监测2025-01-09

根据过去100天收集的序列，主要新发现变体的血凝素变化

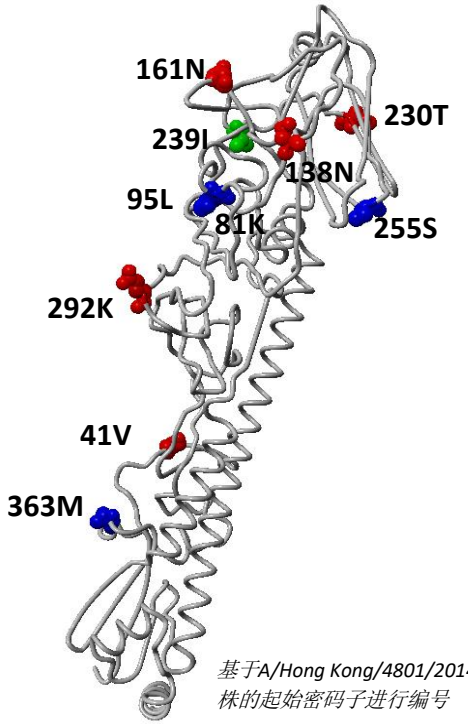
H1N1pdm



基于A/California/07/2009毒株的起始密码子进行编号

利用PDBID 7KNA A/Michigan/45/2015作为模板构建的 A/Victoria/4897/2022 (H1N1pdm)-like病毒三维模型。新发现的突变以不同颜色高亮显示。

H3N2



基于A/Hong Kong/4801/2014毒株的起始密码子进行编号

利用PDBID 4WE8 A/Victoria/361/2011 作为模板构建的 A/Croatia/10136RV/2023 (H3N2)-like病毒三维模型。新发现的突变以不同颜色高亮显示。

B/Victoria

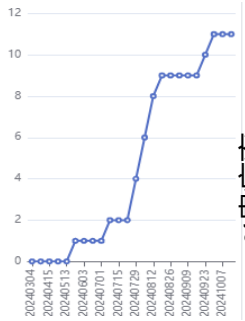
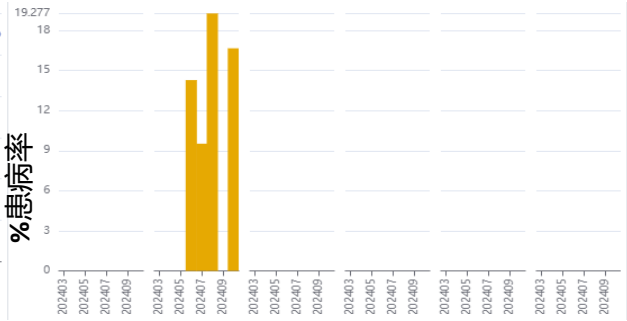
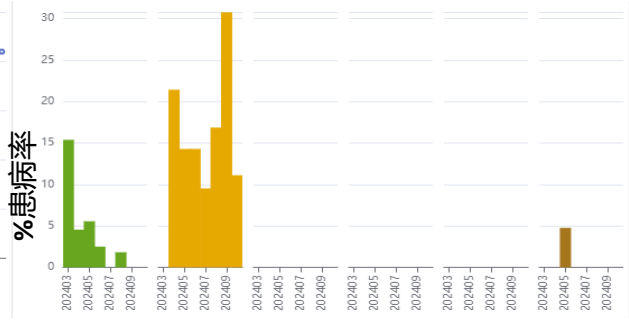
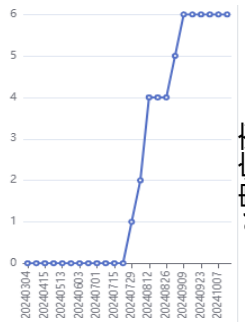
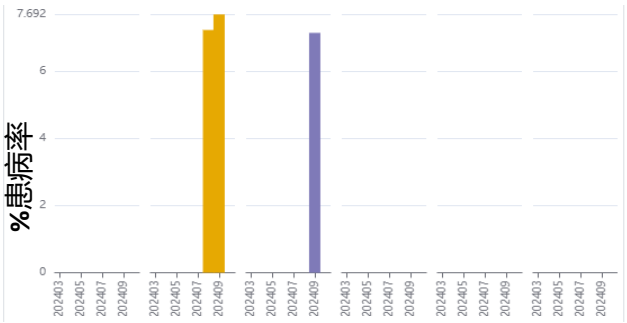
基于B/Brisbane/60/2008毒株的起始密码子进行编号

使用4FQM B/Brisbane/60/2008 绘制的(B/Victoria lineage)-like 病毒三维结构。新发现的突变以不同颜色高亮显示。

EpiPox™更新

新发现的变体分析 2025-01-07

新发现Pox变体的分布

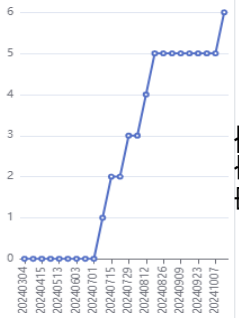
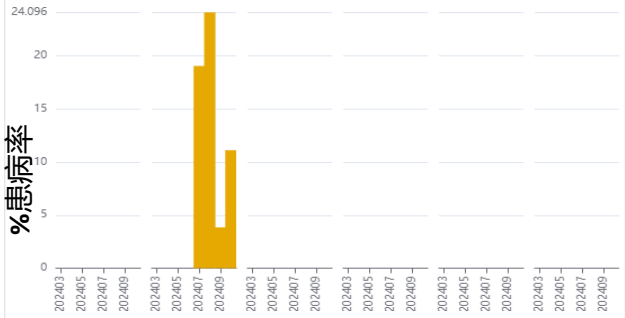
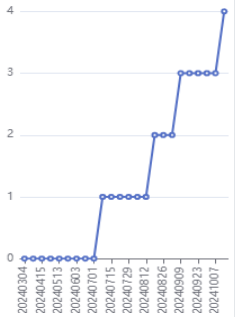
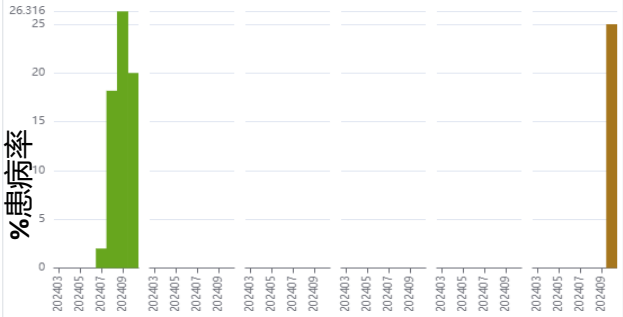
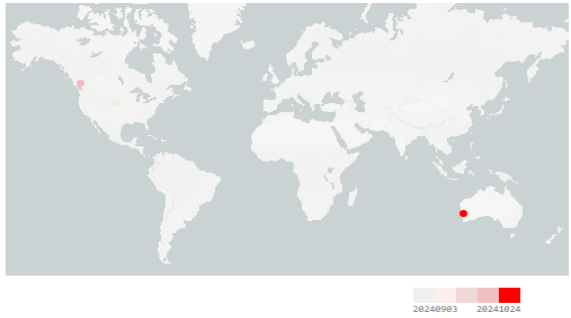
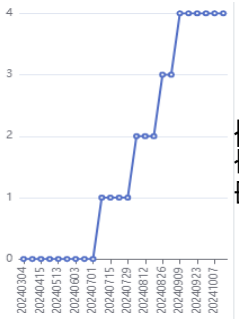
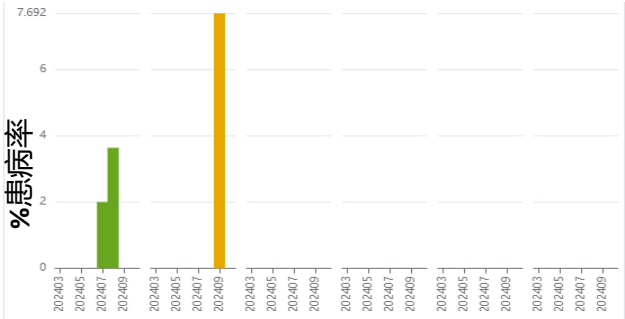
亚型 群体*	数量^	累计发现地点数	北美洲	南美洲	欧洲	非洲	亚洲	大洋洲	地图
IIb (E.3)	24								
A38R_S7L, A47R_S52L, A50R_D59N, A8L_M580I, B11R_S179L, E11L_P615S, E12L_L16F, E6R_S478L, G10R_S80L, I8R_E375K, N3R_R84K, P2L_M1I, Q1L_L56F, R1R_S90L									
IIb (F.2)	46								
B4R_E12K									
IIb (E.3)	9								
A38R_S7L, A47R_S52L, A50R_D59N, A8L_M580I, B11R_S179L, B9R_A218T, E11L_P615S, E12L_L16F, E6R_S478L, G10R_S80L, N3R_R84K, P2L_M1I, Q1L_L56F, R1R_S90L									

*跟踪过去 300 天内收集的所有序列的所有氨基酸变化。然后，仅选择在过去 200 天内发生≥ 4 个新位置突变的氨基酸变化作为变体突变特征（群体）的一部分。每一行代表一个独特的新发现的变体突变特征。上图的变异突变特征表明，在过去 200 天内，Ib分支发生了超过1 个新位点的突变，而其他分支发生了超过4个新位点的突变。

EpiPox™更新

新发现的变体分析 2025-01-07

新发现Pox变体的分布

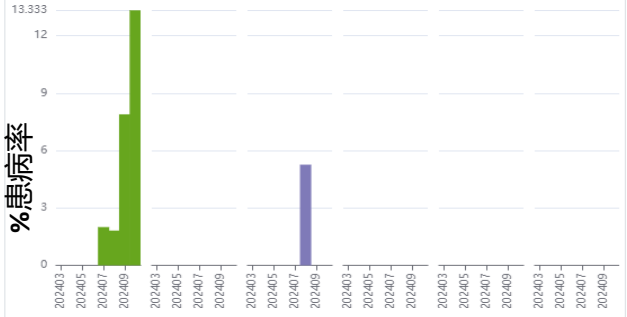
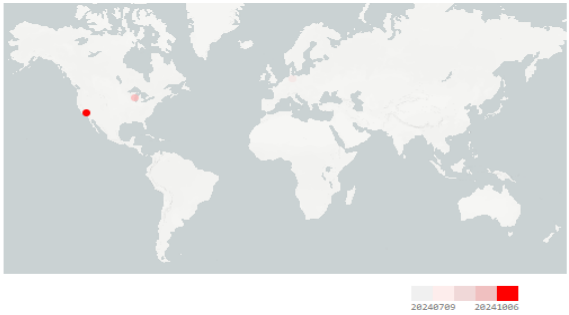
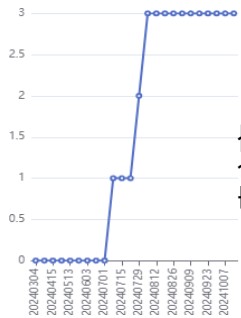
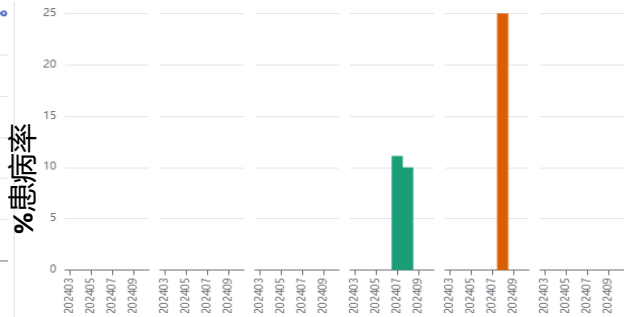
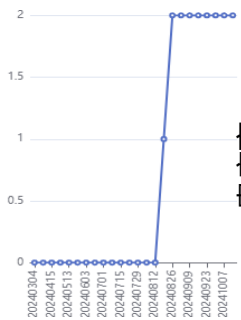
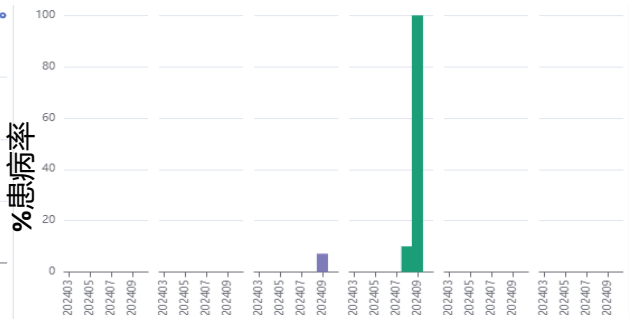
亚型 群体*	数量^	累计发现地点数	北美洲	南美洲	欧洲	非洲	亚洲	大洋洲	地图
IIb (F.2) A51R_D191N, B4R_E12K, I8R_A82T	27								
IIb (F.1) A38R_S167F, A46R_Q98stop, B10R_R170Q, D11L_R108C, E5R_S297L	25								
IIb (F.4) A22R_G312S, A46R_S29L, B17R_D330N, B20R_S30L, E1R_H218Y, E9R_E172K, O1L_S347F	5								

*跟踪过去 300 天内收集的所有序列的所有氨基酸变化。然后，仅选择在过去 200 天内发生≥ 4 个新位置突变的氨基酸变化作为变体突变特征（群体）的一部分。每一行代表一个独特的新发现的变体突变特征。上图的变异突变特征表明，在过去 200 天内，Ib分支发生了超过1 个新位点的突变，而其他分支发生了超过4个新位点的突变。

EpiPox™更新

新发现的变体分析 2025-01-07

新发现Pox变体的分布

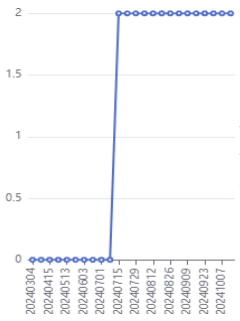
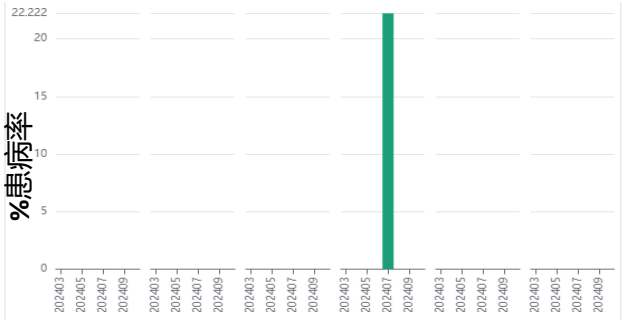
亚型 群体*	数量^	累计发现地点数	北美洲	南美洲	欧洲	非洲	亚洲	大洋洲	地图
IIb (F.6) A27L_S485L, A41L_S30F, B12R_E172K, B2R_S231F, B5R_E190del, B5R_S191del, D18L_G80E, E11L_R471C, F3L_R28C, Q1L_L112F	8								
Ib A24R_D32N, B10.5R_S18T, B4R_S227F, E8L_S124L	3								
Ib A24R_D32N, A28L_ins376II, B10.5R_S18T, B4R_S227F, E8L_S124L	3								

*跟踪过去 300 天内收集的所有序列的所有氨基酸变化。然后，仅选择在过去 200 天内发生≥ 4 个新位置突变的氨基酸变化作为变体突变特征（群体）的一部分。每一行代表一个独特的新发现的变体突变特征。上图的变异突变特征表明，在过去 200 天内，Ib分支发生了超过1 个新位点的突变，而其他分支发生了超过4个新位点的突变。

EpiPox™更新

新发现的变体分析 2025-01-07

新发现Pox变体的分布

亚型	数量^	累计发现地点数	北美洲	南美洲	欧洲	非洲	亚洲	大洋洲	地图
群体*									
Ib	2								
A24R_D32N, A32L_Q60del, B4R_S227F, E8L_S124L									

*跟踪过去 300 天内收集的所有序列的所有氨基酸变化。然后，仅选择在过去 200 天内发生≥ 4 个新位置突变的氨基酸变化作为变体突变特征（群体）的一部分。每一行代表一个独特的新发现的变体突变特征。上图的变异突变特征表明，在过去 200 天内，Ib分支发生了超过1 个新位点的突变，而其他分支发生了超过4个新位点的突变。

Mpox表面蛋白突变监测2025-01-09

根据过去 300 天收集的序列，新发现的 E8L 蛋白（IMV 外膜的包膜蛋白）主要变体

使用AlphaFold3创建的Mpox E8L的同源模型（灰色螺带），置信度得分为pTM=0.77，起始序列为Uniprot ID：Q8V4Y0。该结构对齐到VACV PDB ID 5USH的D8蛋白（蓝色螺带），在该结构中与抗体Fab vv66（绿色螺带）结合。

Mpox表面蛋白分析

作者：Lee RTC, Lim YH, Nguyen M, Maurer-Stroh S

- 方法:
  1. 文献综述：Mpox 表面蛋白、其功能和作为假定抗原的作用
  2. 序列比对以确定 MVA 疫苗与 Mpox Ib分支、MVA 与 Mpox IIb 分支以及 Mpox Ib分支与IIb分支 比较中的氨基酸差异
  3. 相关表面蛋白的AlphaFold3 3D结构模型
  4. 将氨基酸差异映射到结构模型上
  5. 结构模型中 IEDB 已知表位的着色（如果有）

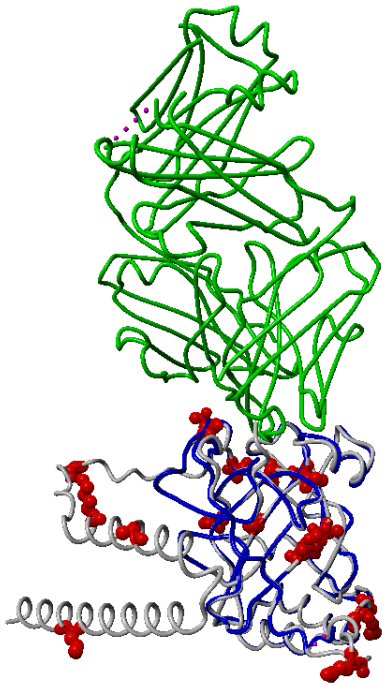
- 发现:

17 种痘病毒表面抗原蛋白的序列和结构模型比较表明，与早期数据显示约 85% 疫苗效力的 IIb分支相比，Ib分支病毒与疫苗株没有获得显著的新差异。

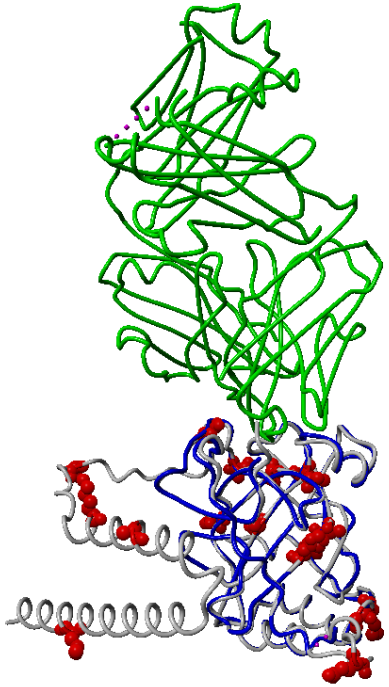
MVA VACV、Mpox病毒（Ib分支和IIb分支）之间表面蛋白的突变差异

Mpox 表面蛋白: E8L (请参考https://doi.org/10.3389/fcimb.2024.1414224)

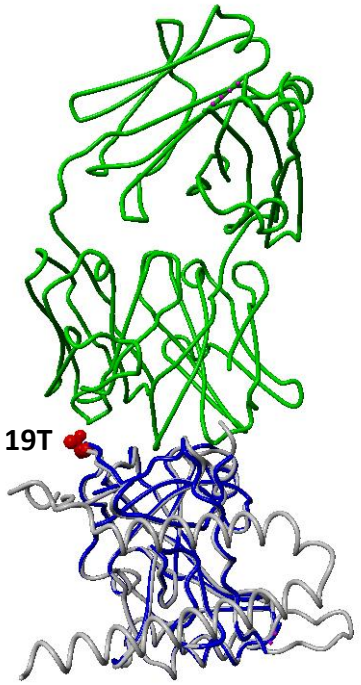
MVA vs Ib



MVA vs IIb



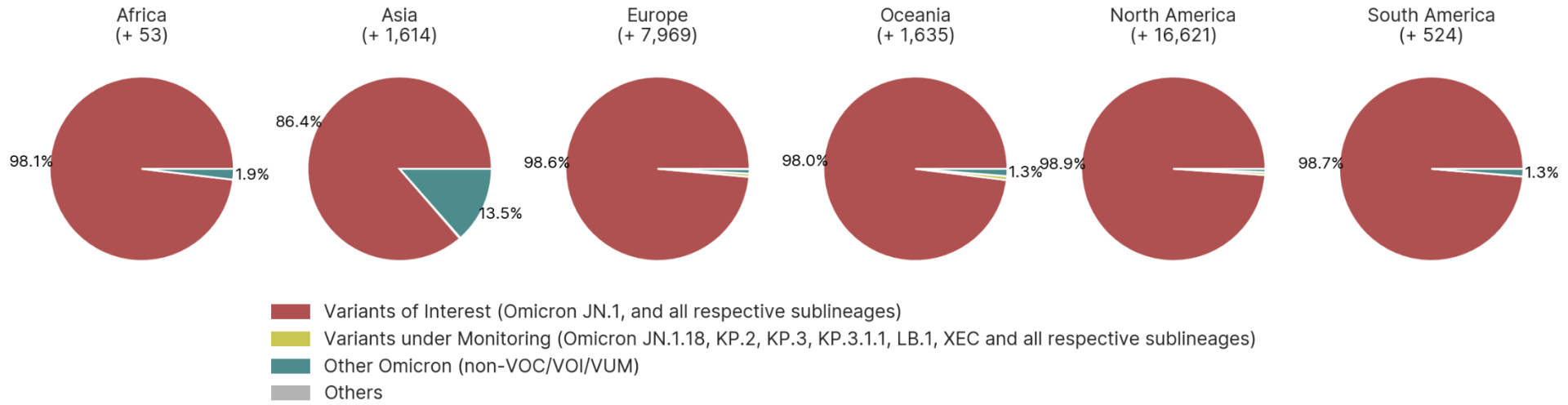
Ib vs IIb



使用AlphaFold3创建的Mpox E8L的同源模型（灰色螺带），置信度得分为pTM=0.77，起始序列为Uniprot ID：Q8V4Y0。该结构对齐到VACV PDB ID 5USH的D8蛋白（蓝色螺带），在该结构中与抗体Fab vv66（绿色螺带）结合。

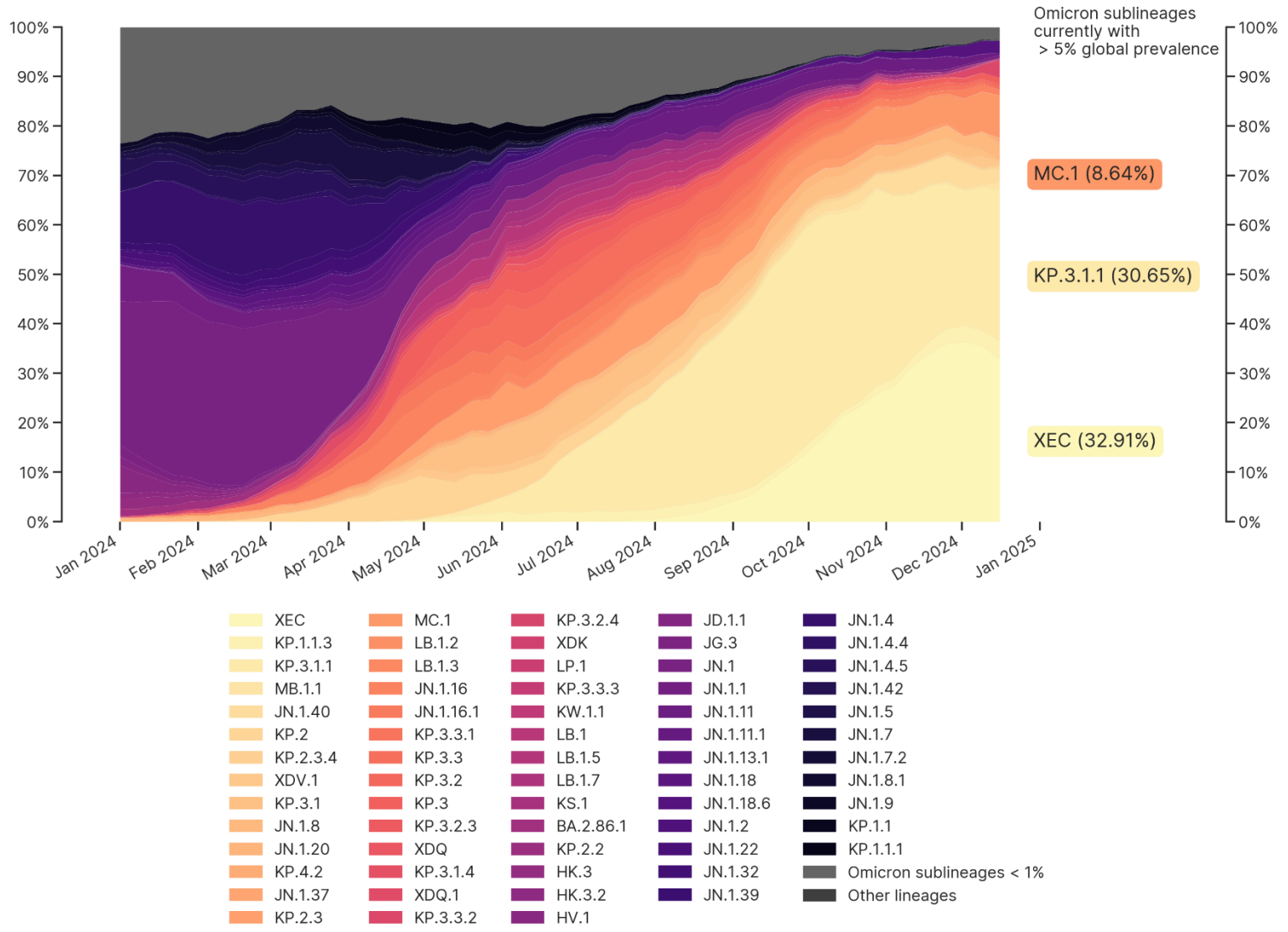
EpiCoV™更新

新型冠状病毒亚型序列的区域分布（2024-11-01至2025-01-01）



EpiCoV™更新

Omicron变异株亚系的发展趋势
2025-01-09



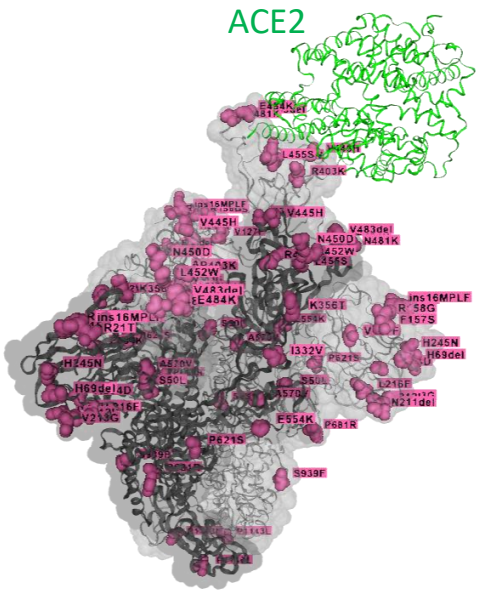
关于变异株的信息和定义，请参考https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/

新发现的变体分析 2025-01-09

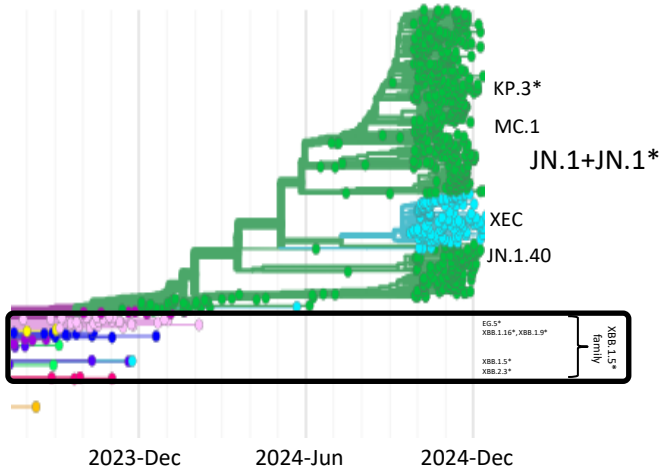
EpiCoV™更新

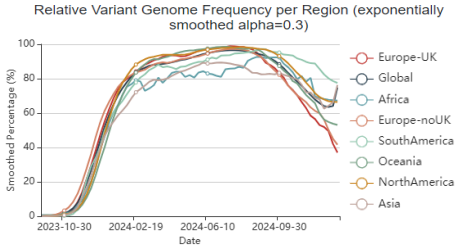
VOI JN.1* 与 XBB1.5疫苗株刺突糖蛋白的置换

JN.1亚系持续增多。截至2025年1月9日，已有149个国家报告了509,471个JN.1及JN.1.*序列。当前主要流行的亚系的系统发育关系如下树状图所示。关注的变种（VOI)的信息可以在该网址获取：https://gisaid.org/hcov19-variants/.



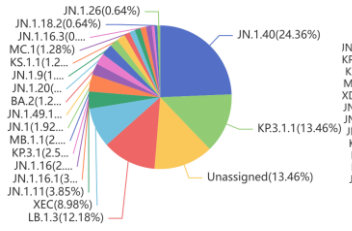
与人类宿主细胞受体ACE2 (显示1个单位)结合的SARS-CoV-2刺突糖蛋白三聚体(显示3个单位，灰色带状).



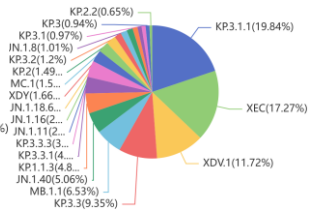


*最新获批的疫苗以XBB.1.5毒株为基础。目前在全球流行的主要毒株属于JN.1*家族。*

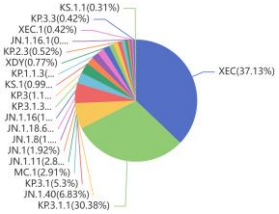
非洲



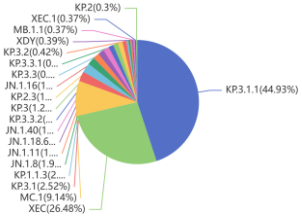
亚洲



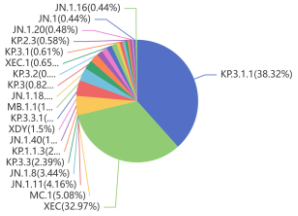
欧洲



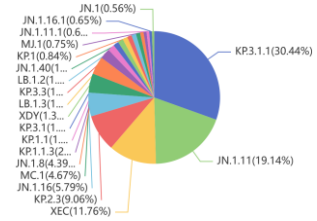
北美洲



大洋洲



南美洲



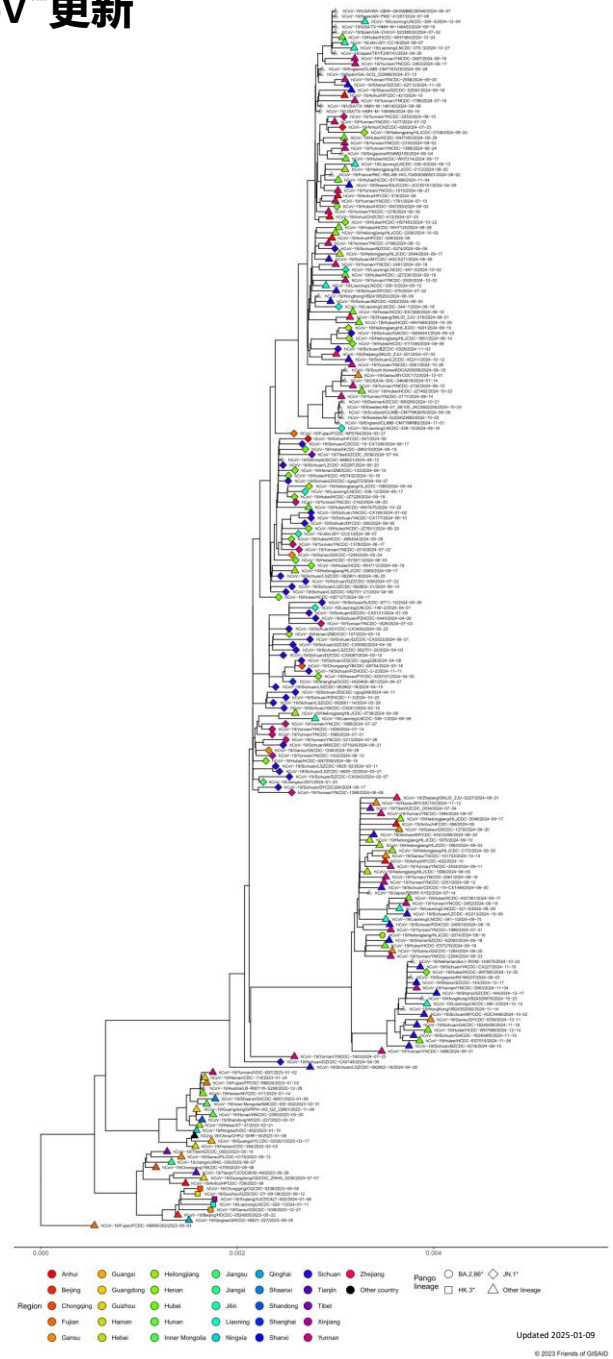
谱系分布（采集日期: 2024-10-08至2025-01-06)

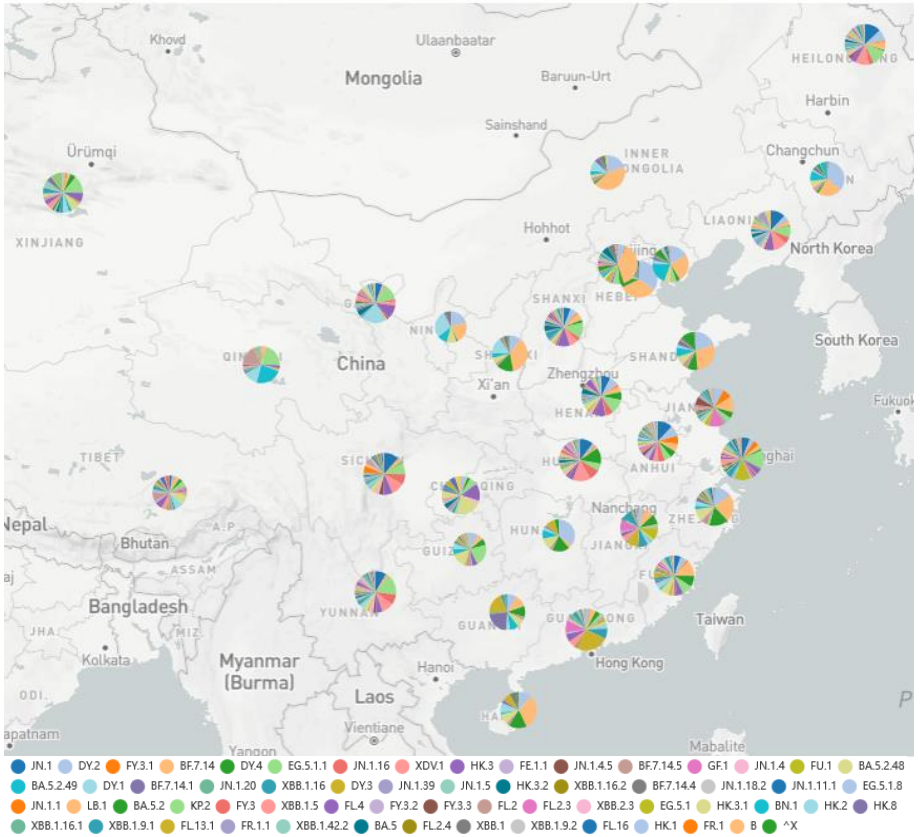
GISAID

EpiCoV™更新

新发现中国30个地区最新基因组序列的系统进化学分析（基于全球数据）

2025-01-09





我们非常感谢提交数据的用户，他们提供了本分析所需要的序列数据。

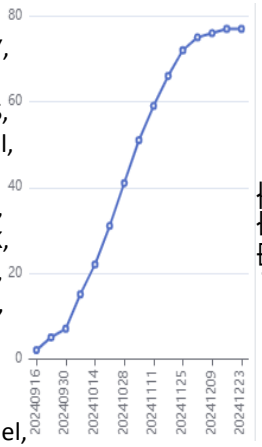
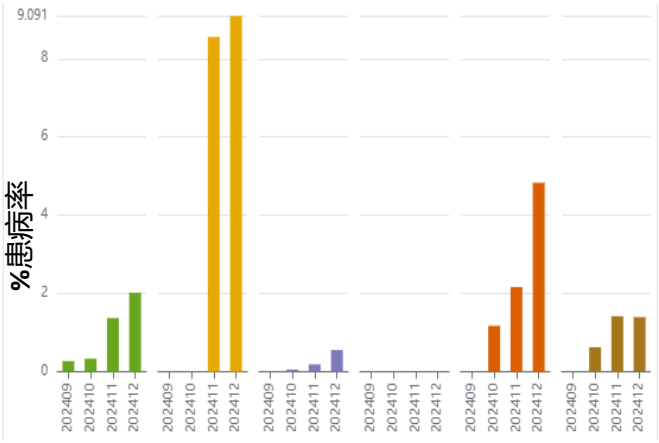
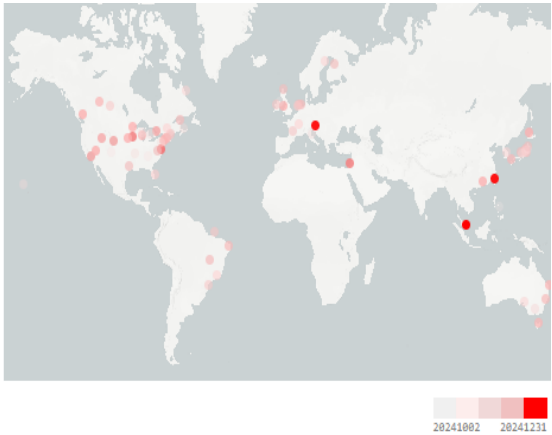
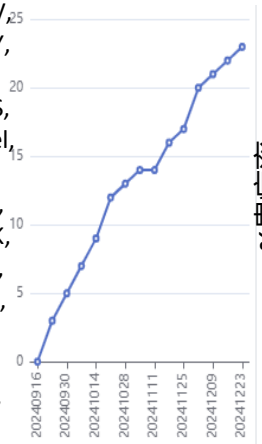
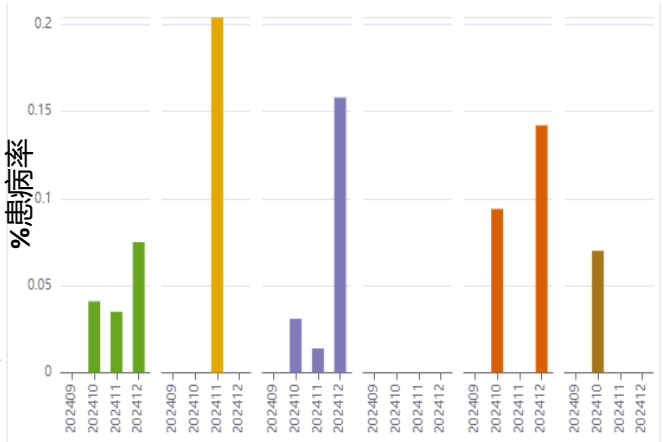
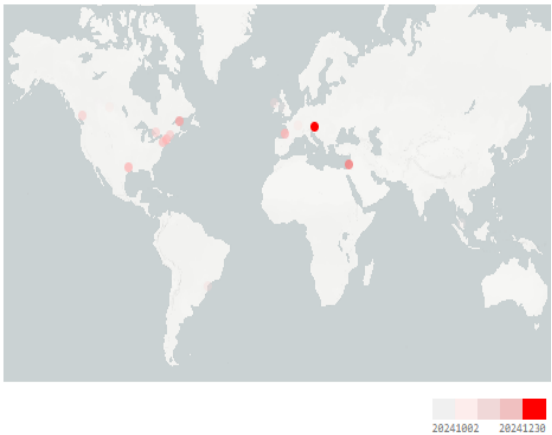
GISAID

数据由巴西奥斯瓦尔多克鲁兹基金会(FIOCRUZ)提供
国家基因库生命大数据平台（CNGBdb）翻译

EpiCoV™更新

新发现的变体分析 2025-01-07

新发现变体的分布

分支/谱系	群体*	数量^	累计发现地点数	北美洲	南美洲	欧洲	非洲	亚洲	大洋洲	地图
GRA/KP.1.1.3	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_R346T, Spike_R403K, Spike_R408S, Spike_S371F, Spike_S373P, Spike_S375F, Spike_S477N, Spike_S939F, Spike_T376A, Spike_T478K, Spike_V445R, Spike_V483del, Spike_V70del, Spike_Y144del, Spike_Y505H		514							
GRA (KP.3.1.1)	N_P13L, N_Q229K, N_T362I, 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		27							

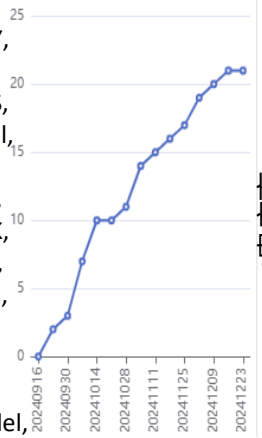
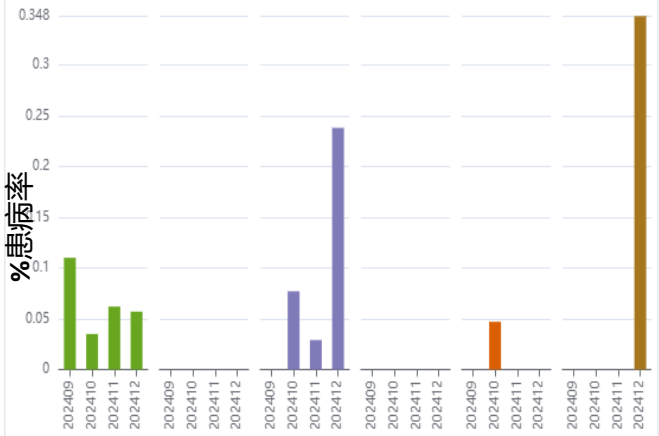
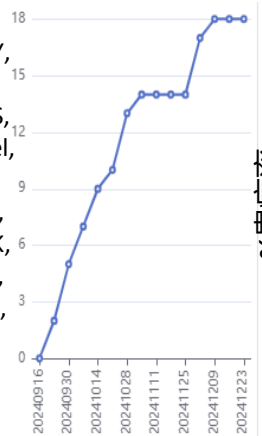
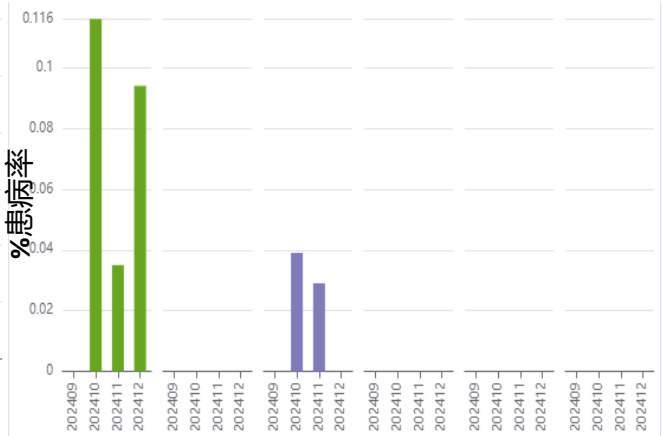
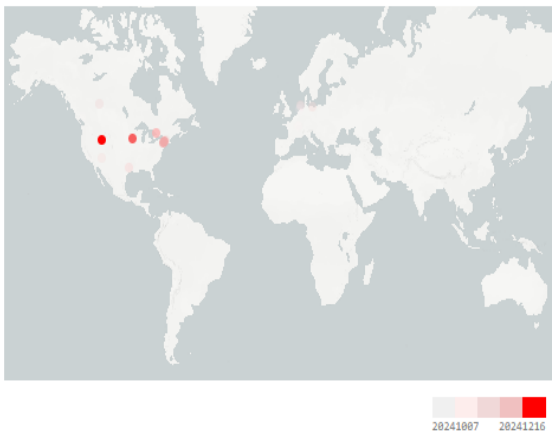
^从分析日期算起过去的100天内

*根据CoVsurver的分析，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。**新发现变体的分布**中的群体变异按照gainInNumNewLocationsInPast30days x sumOfWeightedaaChanges排序。那些与谱系中其他常见的变异不同的氨基酸群体变异以橙色高亮显示。

EpiCoV™更新

新发现的变体分析 2025-01-07

新发现变体的分布

分支/谱系	群体*	数量^	累计发现地点数	北美洲	南美洲	欧洲	非洲	亚洲	大洋洲	地图
GRA/KP.3.1.1	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_N148T, 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		35								
GRA (KP.3.1.1)	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_R346K, 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		36								

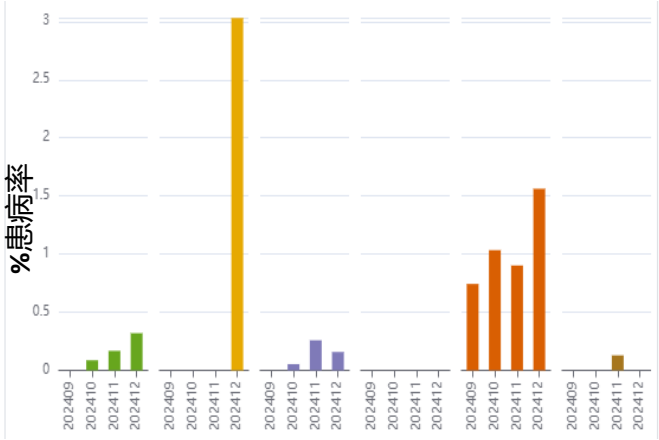
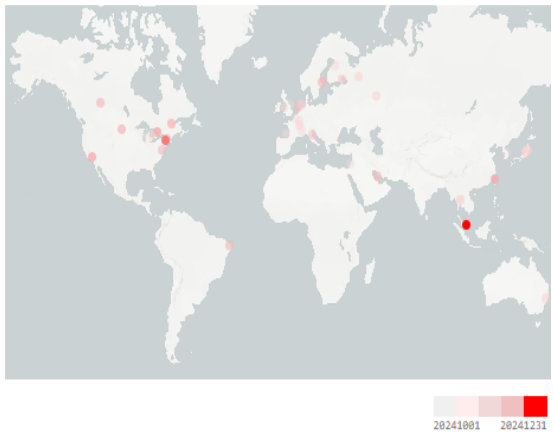
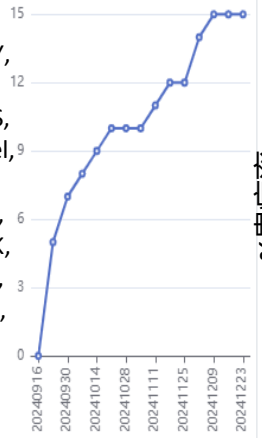
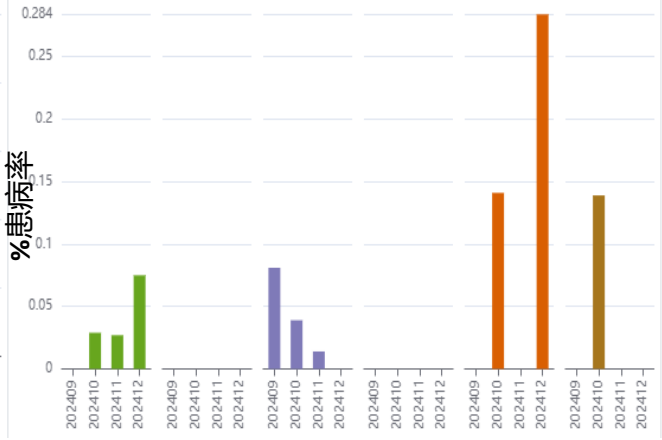
^从分析日期算起过去的100天内

*根据CoVsurver的分析，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。**新发现变体的分布**中的群体变异按照gainInNumNewLocationsInPast30days x sumOfWeightedaaChanges排序。那些与谱系中其他常见的变异不同的氨基酸群体变异以橙色高亮显示。

EpiCoV™更新

新发现的变体分析 2025-01-07

新发现变体的分布

分支/谱系	群体*	数量^	累计发现地点数	北美洲	南美洲	欧洲	非洲	亚洲	大洋洲	地图
GRA/JN.1.40	N_P13L, N_Q229K, Spike_A475V, 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_K444R, 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		126								
GRA (KP.3.1.1)	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_S255F, Spike_S371F, Spike_S373P, Spike_S375F, Spike_S477N, Spike_S939F, Spike_T376A, Spike_T478K, Spike_V445H, Spike_V483del, Spike_V70del, Spike_Y144del, Spike_Y505H		26								

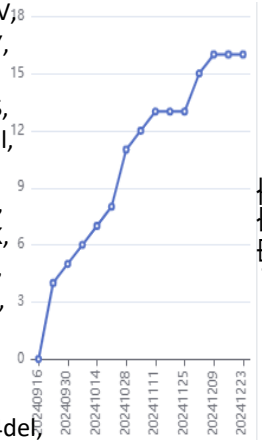
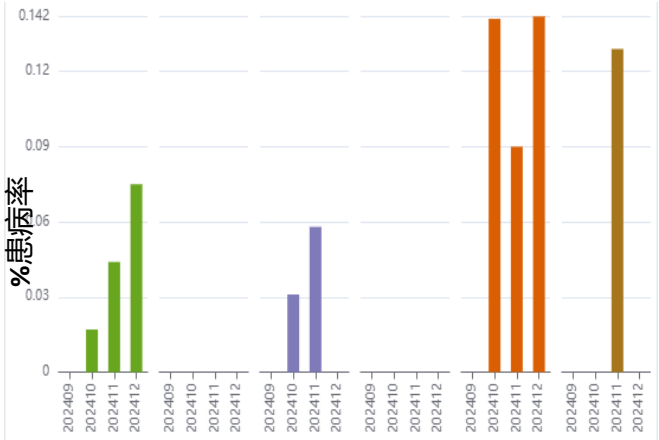
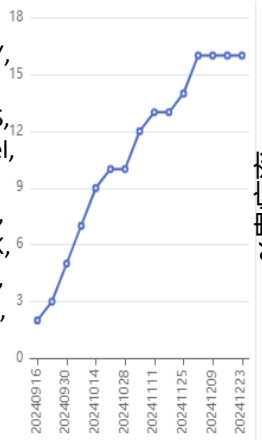
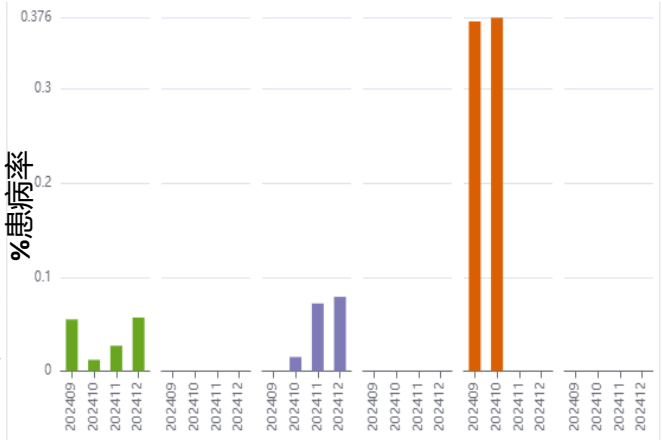
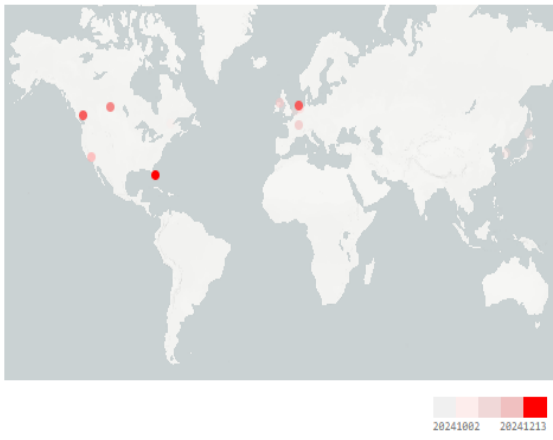
^从分析日期算起过去的100天内

*根据CoVsurver的分析，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。**新发现变体的分布**中的群体变异按照gainInNumNewLocationsInPast30days x sumOfWeightedaaChanges排序。那些与谱系中其他常见的变异不同的氨基酸群体变异以橙色高亮显示。

EpiCoV™更新

新发现的变体分析 2025-01-07

新发现变体的分布

分支/谱系	群体*	数量^	累计发现地点数	北美洲	南美洲	欧洲	非洲	亚洲	大洋洲	地图
GRA/KP.3.1.1	N_P13L, N_P142S, 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		27								
GRA (KP.3.1.1)	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_R683Q, Spike_S371F, Spike_S373P, Spike_S375F, Spike_S477N, Spike_S939F, Spike_T376A, Spike_T478K, Spike_V445H, Spike_V483del, Spike_V70del, Spike_Y144del, Spike_Y505H		26								

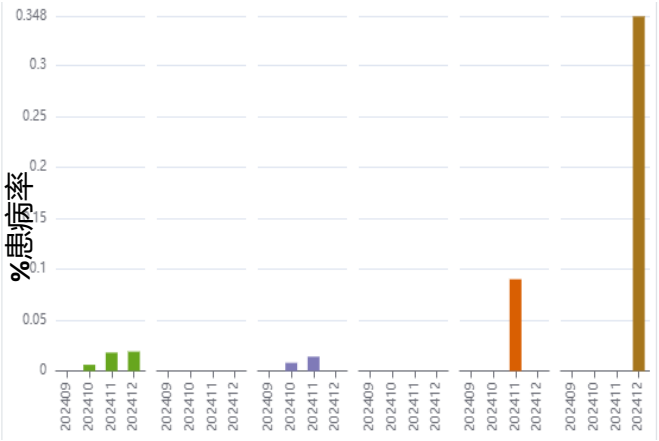
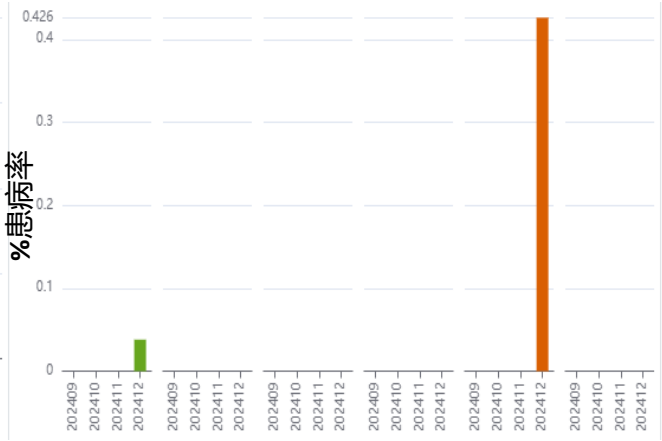
^从分析日期算起过去的100天内

*根据CoVsurver的分析，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。**新发现变体的分布**中的群体变异按照gainInNumNewLocationsInPast30days x sumOfWeightedaaChanges排序。那些与谱系中其他常见的变异不同的氨基酸群体变异以橙色高亮显示。

EpiCoV™更新

新发现的变体分析 2025-01-07

新发现变体的分布

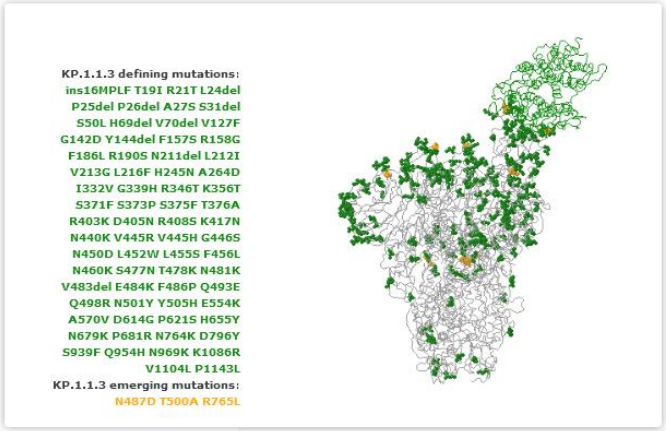
分支/谱系	群体*	数量^	累计发现地点数	北美洲	南美洲	欧洲	非洲	亚洲	大洋洲	地图
GRA/KP.1.1.3	N_A134V, N_P13L, N_Q229K, Spike_A570V, Spike_D405N, Spike_D614G, Spike_D796Y, Spike_E484K, Spike_F456L, Spike_F486P, Spike_G142D, Spike_G339H, Spike_G446S, Spike_H245N, Spike_H655Y, Spike_H69del, Spike_I332V, Spike_K356T, Spike_K417N, Spike_L452W, Spike_L455S, Spike_N440K, Spike_N450D, Spike_N460K, Spike_N481K, Spike_N501Y, Spike_P681R, Spike_Q493E, Spike_Q498R, Spike_R158G, Spike_R346T, Spike_R403K, Spike_R408S, Spike_S371F, Spike_S373P, Spike_S375F, Spike_S477N, Spike_S939F, Spike_T376A, Spike_T478K, Spike_V445R, Spike_V483del, Spike_V70del, Spike_Y144del, Spike_Y505H		8								
GRA (KP.1.1.3)	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_N487D, Spike_N501Y, Spike_P681R, Spike_Q493E, 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_V445R, Spike_V483del, Spike_V70del, Spike_Y144del, Spike_Y505H		5								

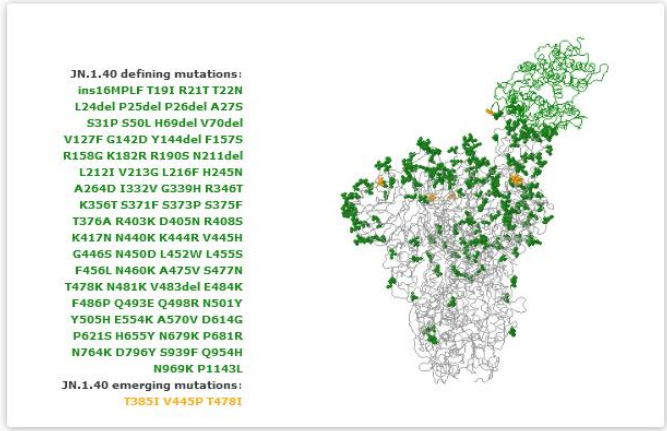
^从分析日期算起过去的100天内

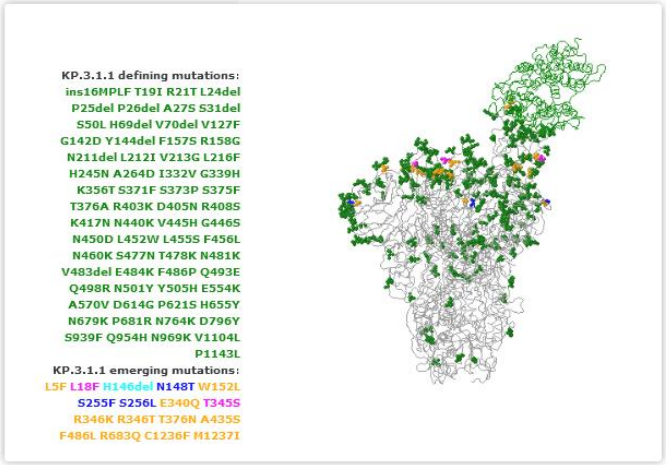
*根据CoVsurver的分析，aa群体变异会影响表型，例如抗体逃逸、ACE2结合、Spike蛋白表达和稳定性的变化。**新发现变体的分布**中的群体变异按照gainInNumNewLocationsInPast30days x sumOfWeightedaaChanges排序。那些与谱系中其他常见的变异不同的氨基酸群体变异以橙色高亮显示。

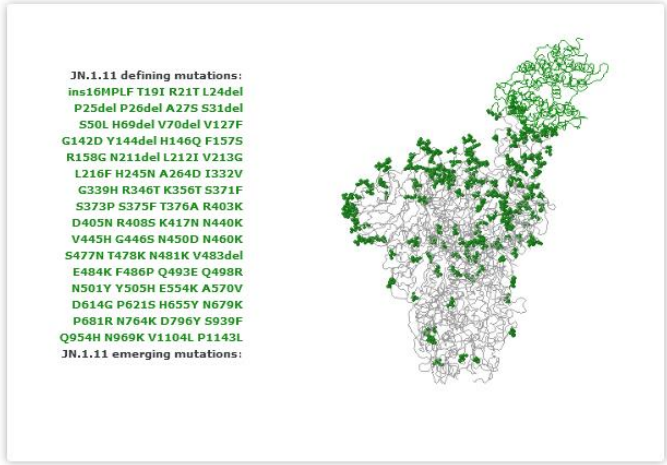
EpiCoV™更新

前4个主要传播谱系的刺突蛋白（S蛋白）突变（基于过去60天收集的9,562条序列）
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。









基于hCoV-19/Wuhan/WIV04/2019毒株的起始密码子21,563进行编号

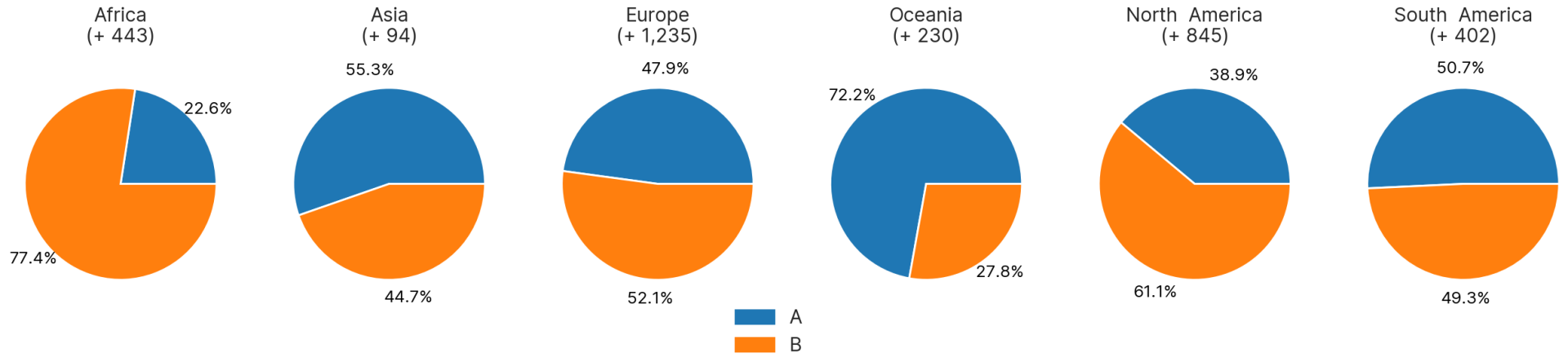
- 在≤ 100条序列中发现S蛋白突变
- 在>100条序列中发现S蛋白突变
- 在≥ 10%的谱系序列中发现S蛋白突变
- 宿主受体附近的S蛋白变异，或其他功能注释
- 插入/缺失
- 改变潜在N-糖基化位点的S蛋白变异

谱系特征突变: 在≥ 10% 的谱系序列中发生氨基酸突变

谱系新出现的突变: 在<10%的谱系序列中发现了氨基酸变化，这些变化也出现在前50个正在传播的新发现变体和前20个加速出现的变体（详见新发现变体分析）

EpiRSV™更新

新RSV亚型序列的区域分布 (2024-02-01至2025-01-01)

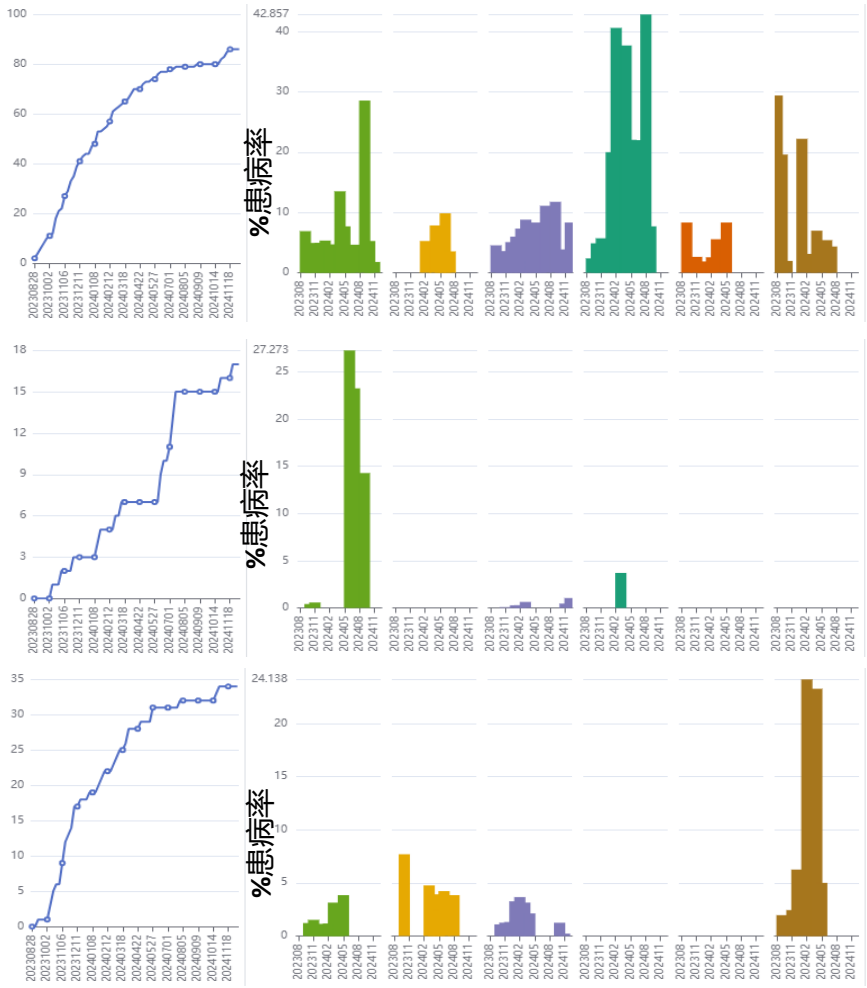


EpiRSV™更新

新发现的变体分析 2025-01-07

新发现RSV变体的分布

亚型	数量^	累计发现地点数	北美洲	南美洲	欧洲	非洲	亚洲	大洋洲	地图
群体*									
B	597								
F_S190N, F_S211N, F_S389P, G_A74V, G_I137T, G_I252T, G_I268T, G_K256N, G_P214S, G_P221L, G_S100G, G_S275P, G_T131A, G_Y285H									
A	30								
F_S276N, F_T12I, G_D284G, G_G224E, G_G98V, G_H258Q, G_H266L, G_H90Y, G_I134K, G_I265L, G_K262E, G_L101S, G_L97F, G_N178G, G_P230T, G_P298L, G_P71L, G_S243T, G_T113I, G_V131D, G_Y304H									
B	161								
F_F12I, F_S190N, F_S211N, F_S389P, G_A74V, G_I137T, G_I252T, G_I268T, G_P214S, G_P221L, G_S100G, G_S275P, G_T131A, G_Y285H									



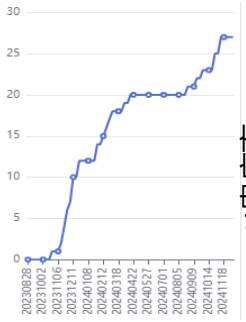
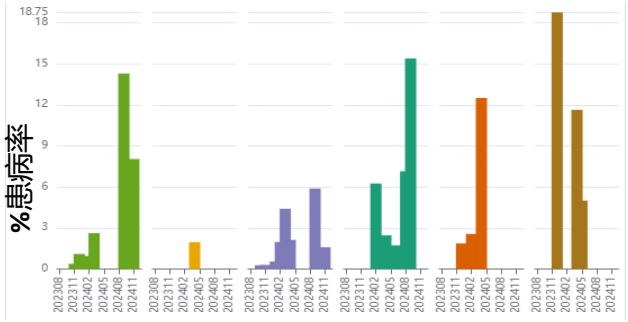
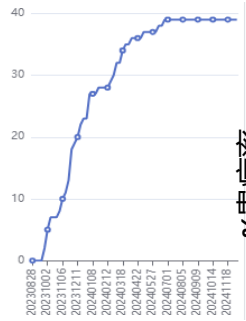
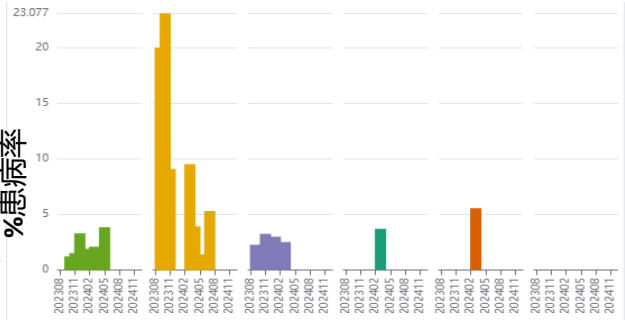
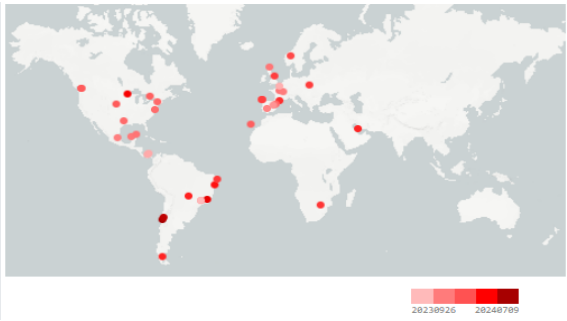
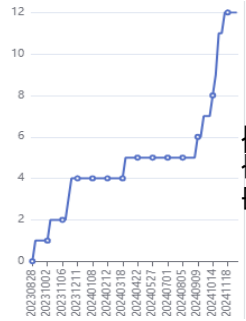
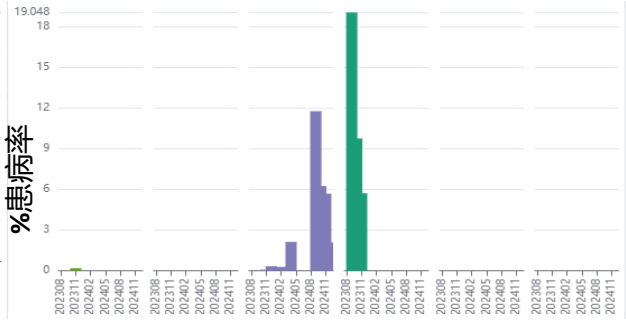
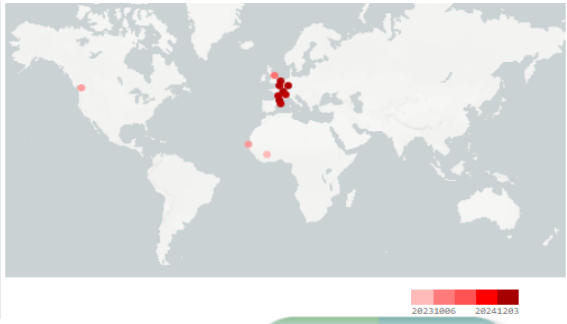
^从分析日期算起过去的500天内

*分析过去 500 天内收集的所有序列。然后，仅选择在过去 300 天内获得至 少7个新位置的F和G基因的氨基酸变异作为变体突变特征（群体）的一部分。每一行代表一个独特的新发现的变体突变特征。

EpiRSV™更新

新发现的变体分析 2025-01-07

新发现RSV变体的分布

亚型	数量^	累计发现地点数	北美洲	南美洲	欧洲	非洲	亚洲	大洋洲	地图
群体*									
B	93								
F_R42K, F_S190N, F_S211N, F_S389P, G_A74V, G_I137T, G_I252T, G_I268T, G_K256N, G_P214S, G_P221L, G_S100G, G_S265P, G_S275P, G_T131A, G_Y285H									
A	196								
F_V127I, G_D284G, G_G224V, G_H90Y, G_I134K, G_I265L, G_K262E, G_L101F, G_L142S, G_P71L, G_S243I, G_T319I, G_T320A, G_Y304H									
B	57								
F_S190N, F_S211N, F_S389P, G_A74V, G_H112Y, G_I137T, G_I252T, G_I268T, G_K256N, G_P214S, G_P221L, G_S100G, G_S275P, G_T131A, G_V249A, G_Y285H									

^从分析日期算起过去的500天内

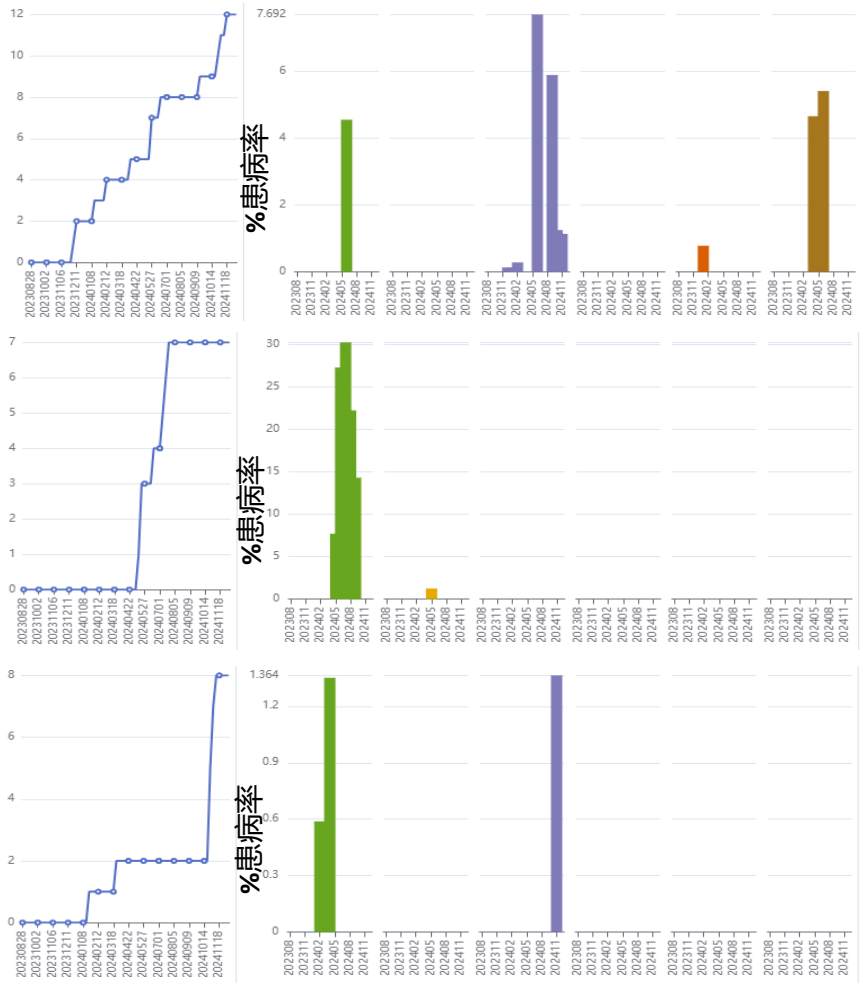
*分析过去 500 天内收集的所有序列。然后，仅选择在过去 300 天内获得至 少7个新位置的F和G基因的氨基酸变异作为变体突变特征（群体）的一部分。每一行代表一个独特的新发现的变体突变特征。

EpiRSV™更新

新发现的变体分析 2025-01-07

新发现RSV变体的分布

亚型	数量^	累计发现地点数	北美洲	南美洲	欧洲	非洲	亚洲	大洋洲	地图
群体*									
A	18								
F_A518V, F_L119H, G_D284G, G_E295V, G_G224E, G_H90Y, G_I134K, G_I265L, G_K262E, G_L101F, G_L142S, G_L314P, G_P276L, G_P71L, G_S243I, G_T320A, G_V225A, G_Y304H									
A	25								
F_A103T, F_T122V, G_A57V, G_D284G, G_G106E, G_G224E, G_H90Y, G_I134K, G_I265L, G_K209R, G_K262E, G_L101F, G_L248I, G_L310P, G_P206Q, G_P71L, G_S243I, G_T319I, G_T320A, G_V303A, G_Y304H									
A	9								
F_L20F, F_S276N, F_T12I, G_D284G, G_E263K, G_G224E, G_H258Q, G_H266L, G_H90Y, G_I134K, G_I265L, G_K262E, G_L101S, G_L314P, G_N178G, G_P230T, G_P298L, G_P71L, G_R151H, G_S243I, G_S250F, G_T113I, G_V131D, G_V225A, G_V303I									



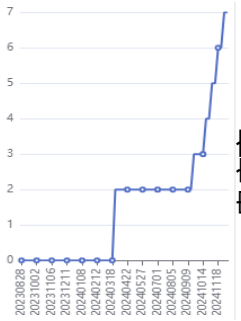
^从分析日期算起过去的500天内

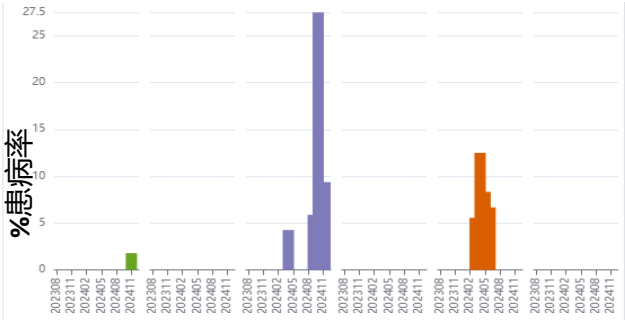
*分析过去 500 天内收集的所有序列。然后，仅选择在过去 300 天内获得至 少7个新位置的F和G基因的氨基酸变异作为变体突变特征（群体）的一部分。每一行代表一个独特的新发现的变体突变特征。

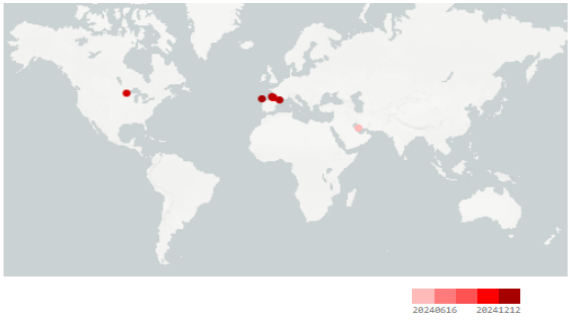
EpiRSV™更新

新发现RSV变体的分布

亚型	数量^	累计发现地点数	北美洲	南美洲	欧洲	非洲	亚洲	大洋洲	地图
群体*									
A	67								
F_V127I, G_D284G, G_E295K, G_G224V, G_H90Y, G_I134K, G_I265L, G_K262E, G_L101F, G_L142S, G_P71L, G_S243I, G_T319I, G_T320A, G_Y304H									





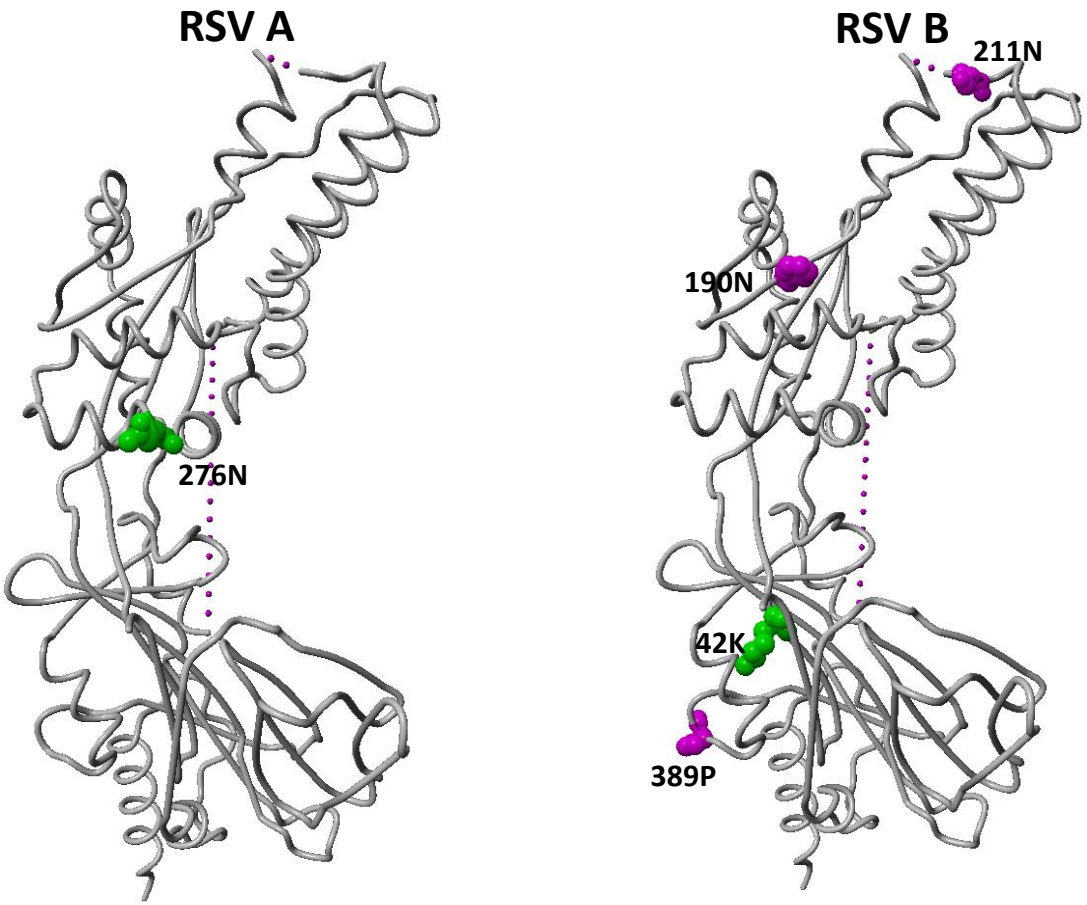


^从分析日期算起过去的500天内

*分析过去 500 天内收集的所有序列。然后，仅选择在过去 300 天内获得至 少7个新位置的F和G基因的氨基酸变异作为变体突变特征（群体）的一部分。每一行代表一个独特的新发现的变体突变特征。

RSV F蛋白突变监测2025-01-09

根据过去 500 天收集的序列，新发现的主要 F 蛋白突变



PDB ID 8DZW A2毒株。新发现的突变以不同颜色高亮显示。