

PROFILUL GENETIC AL MUTAȚIEI JN.1 A VIRUSULUI SARS-COV-2 DETECTATĂ ÎN REPUBLICA MOLDOVA

Svetlana Colac¹, Veronica Burlac¹, Olga Burduniuc²

Conducător științific: Olga Burduniuc²

¹Agenția Națională pentru Sănătate Publică, Chișinău, Republica Moldova

²Disciplina de microbiologie și imunologie, USMF "Nicolae Testemițanu", Chișinău, Republica Moldova

Introducere. Tulpina JN.1 a virusului SARS-CoV-2 a fost de-scoperită pentru prima dată la sfârșitul anului 2023, aceasta a evoluat de la varianta BA.2.86. Subvarianta SARS-CoV-2 JN.1 a devenit dominantă la începutul anului 2024, iar stu-diile au arătat că aceasta determină o eficiență redusă a vac-cinurilor. **Scop.** Scopul acestui studiu este de a identifica și caracteriza sistematic particularitățile genetice ale varian-tei virusului JN.1 pe baza secvențierii genomice a probelor de SARS-CoV-2. **Material și metode.** Au fost analizate 94 de fișiere FASTQ, obținute prin secvențierea a 47 de probe bio-logice ale virusului SARS-CoV-2, investigate în două runde. Procesul de secvențiere a fost efectuat cu instrumentul Illu-mina MiSeq Dx, iar pentru identificarea mutațiilor genetice ale variantei JN.1 au fost utilizate instrumentele Nextclade și Pangolin. **Rezultate.** Analiza genomică a variantei JN.1 a relevat evoluția virusului prin acumularea unor mutații spe-cifice care pot afecta virulența și rezistența sa la răspunsul imun. Aceste mutații includ peste 90 de substituții de ami-noacizi, dintre care unele sunt dobândite de la predentul său BA.2.86, precum și o mutație suplimentară L455S, localizată într-o regiune a domeniului de legare a receptorului (RBD). Alte mutații identificate în RBD-ul genomurilor analizate, precum E554K, N450D, K356T, L452W, A484K, V483del și V445H, contribuie, de asemenea, la evitarea recunoașterii de către anticorpii monoclonali multipli și la diverse vacci-nuri. **Concluzii.** JN.1 a fost pentru prima dată detectată în RM în anul 2024, demonstrând o divergență față de tulpina precedentă BA.2.86. Încest studiu a fost evidențiată nece-sitatea monitorizării continue evolutivă a tuturor subliniilor pentru actualizarea viitoarelor vaccinuri COVID-19 bazate pe date genetice. **Cuvinte-cheie:** COVID-19, varianta JN.1, variante de mutații, secvențiere.

GENETIC PROFILE OF THE JN.1 MUTATION OF THE SARS-COV-2 VIRUS DETECTED IN THE REPUBLIC OF MOLDOVA

Svetlana Colac¹, Veronica Burlac¹, Olga Burduniuc¹

Scientific adviser: Olga Burduniuc²

¹National Agency for Public Health, Chișinău, Republic of Moldova

³Discipline of microbiology and immunology, *Nicolae Testemițanu* University, Chișinău, Republic of Moldova

Introduction. The JN.1 strain of the SARS-CoV-2 virus was first discovered in late 2023, evolving from its previous variant - BA.2.86. The J N.1 subvariant of the SARS-CoV-2 virus has become dominant since early 2024, and studies have shown that it causes reduced effectiveness of current-ly used vaccines. **Objective.** The aim of this study is to sys-tematically identify and characterize the genetic peculiari-ties of the JN.1 virus variant based on genomic sequencing of SARS-CoV-2 samples. **Material and methods.** 94 FASTQ files were analyzed, obtained by sequencing 47 biological samples from patients infected with SARS-CoV-2, investigat-ed in two rounds. The sequencing process was performed with the Illumina MiSeq Dx instrument, and the Nextclade and Pangolin instruments were used to identify genetic mutations of the JN.1 variant. **Results.** Genomic analysis of the JN.1 variant revealed that the virus has evolved through the accumulation of specific mutations that may affect its virulence and resistance to immune response. These mu-tations include over 90 amino acid substitutions, some of which are acquired from its predecessor BA.2.86, as well as an additional L455S mutation, located in a region of the receptor binding domain (RBD). Other mutations identi-fied in the RBD of the analyzed genomes, such as E554K, N450D, K356T, L452W, A484K, V483del, and V445H, also contribute to evasion of recognition by multiple monoclo-nal antibodies and various vaccines. **Conclusion.** JN.1 was first identified in the Republic of Moldova in 2024, demon-strating a divergence from the previous strain BA.2.86. This study highlighted the need for continuous evolutionary monitoring of all sublineages to update future COVID-19 vaccines based on genetic data. **Keywords:** COVID-19, JN.1 variant, mutation variants, sequencing.