



**New Day in Medicine**  
**Новый День в Медицине**

**NDM**



# TIBBIYOTDA YANGI KUN

Ilmiy referativ, marifiy-ma'naviy jurnal



**AVICENNA-MED.UZ**



ISSN 2181-712X.  
EiSSN 2181-2187

**4 (66) 2024**

**Сопредседатели редакционной коллегии:**

**Ш. Ж. ТЕШАЕВ,  
А. Ш. РЕВИШВИЛИ**

Ред. коллегия:

М.И. АБДУЛЛАЕВ  
А.А. АБДУМАЖИДОВ  
Р.Б. АБДУЛЛАЕВ  
Л.М. АБДУЛЛАЕВА  
А.Ш. АБДУМАЖИДОВ  
М.А. АБДУЛЛАЕВА  
Х.А. АБДУМАЖИДОВ  
Б.З. АБДУСАМАТОВ  
М.М. АКБАРОВ  
Х.А. АКИЛОВ  
М.М. АЛИЕВ  
С.Ж. АМИНОВ  
Ш.Э. АМОНОВ  
Ш.М. АХМЕДОВ  
Ю.М. АХМЕДОВ  
С.М. АХМЕДОВА  
Т.А. АСКАРОВ  
М.А. АРТИКОВА  
Ж.Б. БЕКНАЗАРОВ (главный редактор)  
Е.А. БЕРДИЕВ  
Б.Т. БУЗРУКОВ  
Р.К. ДАДАБАЕВА  
М.Н. ДАМИНОВА  
К.А. ДЕХКОНОВ  
Э.С. ДЖУМАБАЕВ  
А.А. ДЖАЛИЛОВ  
Н.Н. ЗОЛотова  
А.Ш. ИНОЯТОВ  
С. ИНДАМИНОВ  
А.И. ИСКАНДАРОВ  
А.С. ИЛЬЯСОВ  
Э.Э. КОБИЛОВ  
А.М. МАННАНОВ  
Д.М. МУСАЕВА  
Т.С. МУСАЕВ  
М.Р. МИРЗОЕВА  
Ф.Г. НАЗИРОВ  
Н.А. НУРАЛИЕВА  
Ф.С. ОРИПОВ  
Б.Т. РАХИМОВ  
Х.А. РАСУЛОВ  
Ш.И. РУЗИЕВ  
С.А. РУЗИБОВЕВ  
С.А.ГАФФОРОВ  
С.Т. ШАТМАНОВ (Кыргызстан)  
Ж.Б. САТТАРОВ  
Б.Б. САФОВЕВ (отв. редактор)  
И.А. САТИВАЛДИЕВА  
Ш.Т. САЛИМОВ  
Д.И. ТУКСАНОВА  
М.М. ТАДЖИЕВ  
А.Ж. ХАМРАЕВ  
Д.А. ХАСАНОВА  
А.М. ШАМСИЕВ  
А.К. ШАДМАНОВ  
Н.Ж. ЭРМАТОВ  
Б.Б. ЕРГАШЕВ  
Н.Ш. ЕРГАШЕВ  
И.Р. ЮЛДАШЕВ  
Д.Х. ЮЛДАШЕВА  
А.С. ЮСУПОВ  
Ш.Ш. ЯРИКУЛОВ  
М.Ш. ХАКИМОВ  
Д.О. ИВАНОВ (Россия)  
К.А. ЕГЕЗАРЯН (Россия)  
DONG JINCHENG (Китай)  
КУЗАКОВ В.Е. (Россия)  
Я. МЕЙЕРНИК (Словакия)  
В.А. МИТИШ (Россия)  
В.И. ПРИМАКОВ (Беларусь)  
О.В. ПЕШИКОВ (Россия)  
А.А. ПОТАПОВ (Россия)  
А.А. ТЕПЛОВ (Россия)  
Т.Ш. ШАРМАНОВ (Казахстан)  
А.А. ЩЕГОЛОВ (Россия)  
Prof. Dr. KURBANHAN MUSLUMOV (Azerbaijan)  
Prof. Dr. DENIZ UYAK (Germany)

**ТИББИЁТДА ЯНГИ КУН  
НОВЫЙ ДЕНЬ В МЕДИЦИНЕ  
NEW DAY IN MEDICINE**

*Илмий-рефератив, маънавий-маърифий журнал  
Научно-реферативный,  
духовно-просветительский журнал*

**УЧРЕДИТЕЛИ:**

**БУХАРСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ  
МЕДИЦИНСКИЙ ИНСТИТУТ  
ООО «ТИББИЁТДА ЯНГИ КУН»**

Национальный медицинский  
исследовательский центр хирургии имени  
А.В. Вишневского является генеральным  
научно-практическим  
консультантом редакции

Журнал был включен в список журнальных  
изданий, рецензируемых Высшей  
Аттестационной Комиссией  
Республики Узбекистан  
(Протокол № 201/03 от 30.12.2013 г.)

**РЕДАКЦИОННЫЙ СОВЕТ:**

М.М. АБДУРАХМАНОВ (Бухара)  
Г.Ж. ЖАРЫЛКАСЫНОВА (Бухара)  
А.Ш. ИНОЯТОВ (Ташкент)  
Г.А. ИХТИЁРОВА (Бухара)  
Ш.И. КАРИМОВ (Ташкент)  
У.К. КАЮМОВ (Тошкент)  
Ш.И. НАВРУЗОВА (Бухара)  
А.А. НОСИРОВ (Ташкент)  
А.Р. ОБЛОКУЛОВ (Бухара)  
Б.Т. ОДИЛОВА (Ташкент)  
Ш.Т. УРАКОВ (Бухара)

**4 (66)**

**2024**

*апрель*

www.bsmi.uz

https://newdaymedicine.com E:

ndmuz@mail.ru

Тел: +99890 8061882

УДК 616.98:578.843.1:578.23

## JN.1 ВАРИАНТ SARS-CoV-2 ПРЕДСТАВЛЯЮЩИЙ ИНТЕРЕС ДЛЯ НАБЛЮДЕНИЯ

<sup>1</sup>Ибадуллаева Н.С. <https://orcid.org/0000-0001-8334-2548>

<sup>1</sup>Казакова Е.И. <https://orcid.org/0000-0003-1265-7299>

<sup>1</sup>Локтева Л.М. E-mail: [dr.love85@mail.ru](mailto:dr.love85@mail.ru)

<sup>2</sup>Хусанов А.М. Email: [XusanovA@mail.ru](mailto:XusanovA@mail.ru)

<sup>2</sup>Нурматов В.Х. Email: [NurmatovV@mail.ru](mailto:NurmatovV@mail.ru)

<sup>1</sup>Научно-исследовательский институт вирусологии Республиканского специализированного научно-практического медицинского центра эпидемиологии, микробиологии, инфекционных и паразитарных заболеваний, Узбекистан, г.Ташкент, ул. Янгишахар 7А, 998 (71) 234-18-62,

E-mail: [rivuzb@gmail.com](mailto:rivuzb@gmail.com)

<sup>2</sup>Республиканская специализированная больница Зангиота-1, Узбекистан, Ташкентская область.

### ✓ Резюме

*Не смотря на отмену статуса ВОЗ пандемии COVID-19, слежение за циркулирующими штаммами SARS-CoV-2 все еще остается актуальным. В статье представлены результаты секвенирования SARS-CoV-2 образцов полученных за февраль 2024 г. из Республиканской специализированной больницы Зангиота-1. Во всех образцах был выявлен JN.1 вариант SARS-CoV-2, классифицируемый ВОЗ как вариант представляющий интерес.*

*Ключевые слова: COVID-19, SARS-CoV-2, JN.1, мутация, секвенирование.*

## KUZATISH UCHUN QIZIQISH UYG‘OTUVCHI SARS-CoV-2 JN.1 VARIANTI

<sup>1</sup>Respublika ixtisoslashtirilgan epidemiologiya, mikrobiologiya, yuqumli va parazitlar kasalliklar ilmiy-amaliy tibbiyot markazining Virusologiya ilmiy-tadqiqot instituti, O‘zbekiston, Toshkent, Yangishahar 7A ko‘chasi, 998 (71) 234-18-62,

E-mail: [rivuzb@gmail.com](mailto:rivuzb@gmail.com)

<sup>2</sup>Respublika maxsus 1-son Zangiota shifoxonasi, O‘zbekiston, Toshkent viloyati.

<sup>1</sup>Ibadullayeva N.S. <https://orcid.org/0000-0001-8334-2548>

<sup>1</sup>Kazakova E.I. <https://orcid.org/0000-0003-1265-7299>

<sup>1</sup>Lokteva L.M. [dr.love85@mail.ru](mailto:dr.love85@mail.ru)

<sup>2</sup>Xusanov A.M. Email: [XusanovA@mail.ru](mailto:XusanovA@mail.ru)

<sup>2</sup>Nurmatov V.X. Email: [NurmatovV@mail.ru](mailto:NurmatovV@mail.ru)

### ✓ Resyume

*Jahon sog‘liqni saqlash tashkiloti tomonidan COVID-19 pandemiya holati tugallanganligiga qaramay, SARS-CoV-2 ning sirkulyatsiyalovchi shtammlarini monitoring qilish hamon dolzarb bo‘lib qolmoqda. Maqolada 2024-yil fevral oyida Respublika maxsus 1-son Zangiota shifoxonasidan olingan SARS-CoV-2 namunalarini sikvenslash natijalari keltirilgan. Barcha namunalar JSST tomonidan qiziqish uyg‘otuvchi variant sifatida tasniflangan SARS-CoV-2 ning JN.1 varianti uchun ijobiy bo‘ldi.*

*Kalit so‘zlar: COVID-19, SARS-CoV-2, JN.1, mutatsiya, sikvenslash.*

## JN.1 VARIANT OF SARS-CoV-2 PROPOSING INTEREST FOR MONITORING

<sup>1</sup>Ibadullaeva N.S. <https://orcid.org/0000-0001-8334-2548>

<sup>1</sup>Kazakova E.I. <https://orcid.org/0000-0003-1265-7299>

<sup>1</sup>Lokteva L.M. [dr.love85@mail.ru](mailto:dr.love85@mail.ru)

<sup>2</sup>Xusanov A.M. Email: [XusanovA@mail.ru](mailto:XusanovA@mail.ru)

<sup>2</sup>Nurmatov V.X. Email: [NurmatovV@mail.ru](mailto:NurmatovV@mail.ru)

<sup>1</sup>The Research Institute of Virology of the Republican specialized scientific practical medical center of epidemiology, microbiology, infectious and parasitic diseases, Uzbekistan, Tashkent, Yangishahar str., 7A, 998 (71) 234-18-62, E-mail: [rivuzb@gmail.com](mailto:rivuzb@gmail.com)

<sup>2</sup> Republican Specialized Hospital Zangiota-1, Uzbekistan, Tashkent region,

## ✓ Resume

*Despite the cancellation of the WHO COVID-19 pandemic status, tracking circulating SARS-CoV-2 strains is still relevant. This article presents the results of SARS-CoV-2 sequencing of samples received for February 2024 from the Zangiota-1 Republican Specialised Hospital. JN.1 variant of SARS-CoV-2, classified by WHO as a variant of interest, was detected in all samples.*

**Key words:** COVID-19, SARS-CoV-2, JN.1, mutation, sequencing.

## Актуальность

В настоящее время ВОЗ рекомендует отслеживать варианты, вызывающие интерес (ХВВ.1.5, ХВВ.1.16, EG.5, ВА.2.86 и JN.1) и варианты под наблюдением (ХВВ, ХВВ.1.9.1 и ХВВ.2.3) для своевременного реагирования на изменение эпидемиологической ситуации [1]. Наиболее распространенным вариантом, регистрирующимся в мире, является ВА.2.86 (Pirola) и его субвариант JN.1. ВА.2.86 был классифицирован как вариант под наблюдением 17 августа 2023 г. ВА.2.86 имеет >35 аминокислотных изменений по сравнению с линией ХВВ.1.5, которая доминировала на протяжении большей части 2023 года. По состоянию на 18 декабря 2023 г. о росте сублинии JN.1 сообщили многие страны в мире и из-за ее быстро растущего распространения ВОЗ классифицирует JN.1 как отдельный вариант представляющий интерес от родительской линии ВА.2.86. Техническая консультативная группа ВОЗ по эволюции вирусов с учетом имеющихся данных прогнозирует, что нынешний популяционный иммунитет во всем мире, а также иммунитет, возникший в результате ревакцинации ХВВ.1.5, останутся перекрестно-реактивными к этому варианту, против симптоматического и тяжелого течения заболевания.

**Целью исследования** явилось изучение циркулирующих штаммов SARS-CoV-2.

## Материал и методы

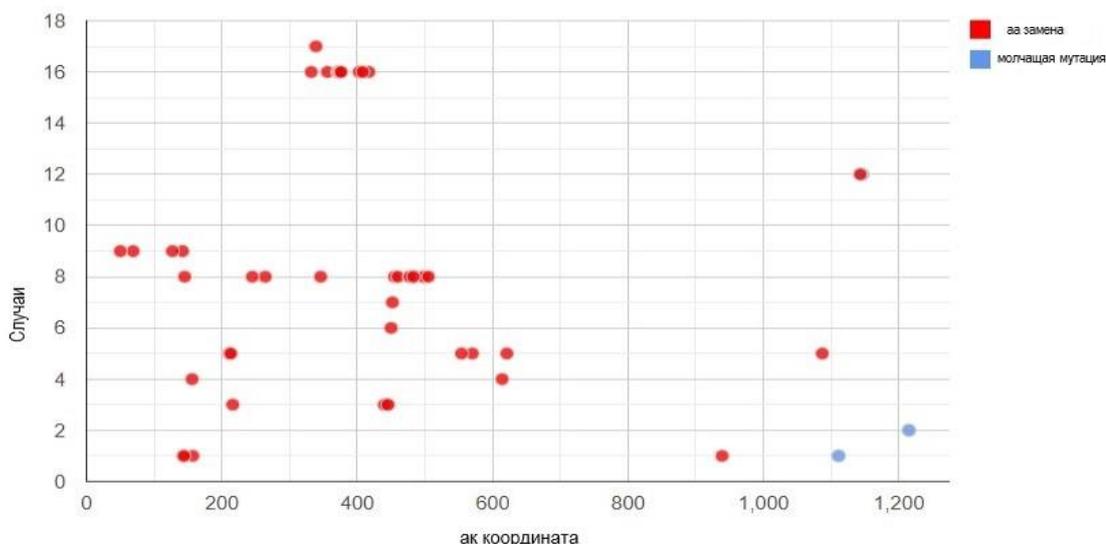
Материалом для исследования явились назофарингеальные образцы от больных с COVID-19 полученные из Республиканской специализированной больницы Зангиота-1 в феврале 2024 г. Для экстракции РНК из клинического материала использовался коммерческий набор реагентов «РИБО-преп» (Россия). Все назофарингеальные образцы до проведения секвенирования были протестированы на наличие РНК SARS-CoV-2 методом ОТ-ПЦР с применением набора «ROSSAmed COVID-19 RT-PCR» (ООО ROSSA, Узбекистан) согласно инструкции производителя. Полногеномное секвенирование проводилось с использованием набора C19 Mini (Oxford Nanopore) в секвенаторе MinION Mk1C Oxford Nanopore Technologies в отделе секвенирования генома вируса и человека НИИ Вирусологии. Полученные результаты обрабатывались с применением программного обеспечения Epi2me. Биоинформатическая обработка результатов проводилась с помощью онлайн инструмента Nextclade.

## Результат и обсуждение

Для проведения секвенирования в НИИ Вирусологии поступило 30 образцов от больных COVID-19 из специализированной больницы Зангиота-1. В 23 случаях результаты ПЦР тестирования на наличие РНК SARS-CoV-2 были положительными. Из них для проведения секвенирования отобраны 22 образца с пороговым циклом ПЦР  $Ct \leq 29$ . Результаты секвенирования получены для 19 образцов. При оценке качества полученных нуклеотидных последовательностей покрытие генома SARS-CoV-2 составляло от 5,4% до 66,1%, количество гапов было от 9 до 47 на один геном и в трех случаях наблюдался сдвиг рамки считывания. Исследование 19 образцов показало циркуляцию линий Омикрона, сублинии ВА.2.86. В 78,9% случаев выявлялась сублиния ВА.2.86.1.1 вариант JN.1 относящийся к кладе 23L. Сублиния ВА.2.86.1.1.1 вариант JN.1.1.3 относящийся к кладе 23L встречался в 15,8% случаев. В единичном случае (5,3%) выявлялась сублиния ВА.2.86.1.1.1 вариант JN.1.5 относящийся к кладе 23L. Все вышеперечисленные случаи относятся к «вариантам под наблюдением» и принадлежат к родительской линии ВА.2.86 (Pirola) варианту JN.1.

При глубоком анализе полученных нуклеотидных последовательностей был выявлен ряд особенностей генома вируса. Наибольшее количество мутаций SARS-CoV-2 на один образец составляло 80, при этом наиболее часто это были однонуклеотидные замены (SNP). При этом

SNP намного чаще встречались с заменой аминокислоты (свыше 600 замен), чем молчащие (менее 200 замен) (рис.1).



**Рис.1. Частота встречаемости мутаций S гена**

В подавляющем большинстве случаев (больше 250) наблюдалась замена С>Т в позиции 28958. Самые часто встречающиеся мутации в белке нуклеокапсида были аминокислотные замены Q229K и RG203KR, в белке NSP14 – С285С, в белке NSP6 – S106 и V24F, в белке NSP3 – T1858T и V238L, в S белке – G339H и D405N, а в белке NSP12b – P314L.

Клинические проявления у пациентов с вариантом Омикрон ВА.2.86 сходны с более ранними штаммами SARS-CoV-2 и проявлялись следующими симптомами: повышение температуры, кашель в 100% случаев, общая слабость – 84,2%, плохой аппетит, насморк – 78,9%, боль и першение в горле – 21,1%, сильная утомляемость, заложенность носа, боль в теле – 15,8%, одышка – 10,5%, миалгия, сухость во рту, снижение запаха и вкуса, боль в грудной клетке, повышение АД, головная боль, головокружение – 5,3%. У 78,9% пациентов заболевание протекало со средней степенью тяжести, тяжелое течение отмечалось в 21,1% случаев. Все пациенты были госпитализированы в стационар в среднем на  $6,1 \pm 0,4$  день заболевания и не было достоверной разницы в сроке госпитализации среди пациентов с различной степенью тяжести. Осложнения заболевания такие как пневмония и бронхит наблюдались в 5,3% случаев. Следует отметить, что в 89,5% пациентов не были вакцинированы против COVID-19, что и указывает на уязвимость невакцинированных лиц к тяжелому течению заболевания. Глобальный анализ на основе различных данных показал, что клинические проявления у пациентов с вариантом Омикрон ВА.2.86 недостаточно документированы и могут быть сходны с более ранними штаммами COVID-19, проявляясь легкими симптомами, включая головную боль, боль в теле, кашель, лихорадку, генерализованную миалгию и сильную усталость [2]. Во всем мире субвариант JN.1 является наиболее сообщаемым вариантом, вызывающим интерес. ВА.2.86 несет более 30 мутаций в белке шипа (S) по сравнению с ХВВ и родительским ВА.2, которые, как предполагается, связаны с уклонением от иммунитета [3]. Иммунный потенциал уклонения ВА.2.86 оценивался в недавних исследованиях [4, 5]. ВА.2.86 показал удивительно высокую аффинность связывания ACE2 [6-8]. Эта повышенная аффинность связывания в сочетании с его выраженной антигенностью может позволить ВА.2.86 накапливать мутации, уклоняющиеся от иммунитета, во время популяционной передачи на низком уровне, что сродни предыдущей эволюции от ВА.2.75 к СН.1.1 и ХВВ [9, 10].

На сегодняшний день вариант ВА.2.86 привлекает внимание из-за широкого распространения по всему миру и большого количества мутаций в спайк белке. Тем не менее, продолжающаяся циркуляция ВА.2.86 может способствовать накоплению большего количества мутаций, уклоняющихся от иммунитета из-за возможности, обусловленной его высоким сродством к ACE2. Мониторинг COVID-19 обеспечит оперативное получение знаний о

штаммах и значимых мутациях SARS-CoV-2 и позволит своевременно реагировать на изменение эпидемиологической ситуации.

### **Заключение**

Изменчивость SARS-CoV-2 подчеркивает необходимость постоянного наблюдения. Усиление национального, регионального и глобального потенциала в сфере надзора за вирусом SARS-CoV-2 с эпидемическим и пандемическим потенциалом посредством расширения возможностей геномного надзора и обмена данными позволит своевременно разработать стратегии профилактики против данной инфекции.

### **СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ:**

1. Tracking SARS-CoV-2 variants. <https://www.who.int/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants>.
2. Meo S.A., Meo A.S., Klonoff D.C. Omicron new variant BA.2.86 (Pirola): Epidemiological, biological, and clinical characteristics - a global data-based analysis // *Eur Rev Med Pharmacol Sci*. 2023 Oct;27(19):9470-9476.
3. Uriu K., Ito J., Kosugi Y., Tanaka Y.L. et al. Transmissibility, infectivity, and immune evasion of the SARS-CoV-2 BA.2.86 variant // *Lancet Infect. Dis*. 2023; 23: e460-e461.
4. Lasrado N., Collier A.Y., Hachmann N.P., Miller J. et al. Neutralization escape by SARS-CoV-2 Omicron subvariant BA.2.86 // *Vaccine*. 2023; 41: 6904-6909.
5. Sheward D.J., Yang Y., Westerberg M., Öling S. et al. Sensitivity of the SARS-CoV-2 BA.2.86 variant to prevailing neutralising antibody responses // *Lancet Infect. Dis*. 2023; 23: e462-e463.
6. Yang S., Yu Y., Jian F. et al. Antigenicity and infectivity characterisation of SARS-CoV-2 BA.2.86. *Lancet Infect Dis*. 2023; 23: e457-e45.
7. Wang Q., Guo Y., Liu L. et al. Antigenicity and receptor affinity of SARS-CoV-2 BA.2.86 spike // *Nature*. 2023; <https://doi.org/10.1038/s41586-023-06750-w9>.
8. Uriu K Ito J Kosugi Y et al. Transmissibility, infectivity, and immune evasion of the SARS-CoV-2 BA.2.86 variant // *Lancet Infect Dis*. 2023; 23: e460-e461.
9. Cao Y., Song W., Wang L. et al. Characterization of the enhanced infectivity and antibody evasion of Omicron BA.2.75 // *Cell Host Microbe*. 2022; 30: 1527-1539.
10. Wang Q Li Z Guo Y et al. Evolving antibody evasion and receptor affinity of the Omicron BA.2.75 sublineage of SARS-CoV-2 // *iScience*. 2023; 26108254.

**Поступила 20.03.2024**