



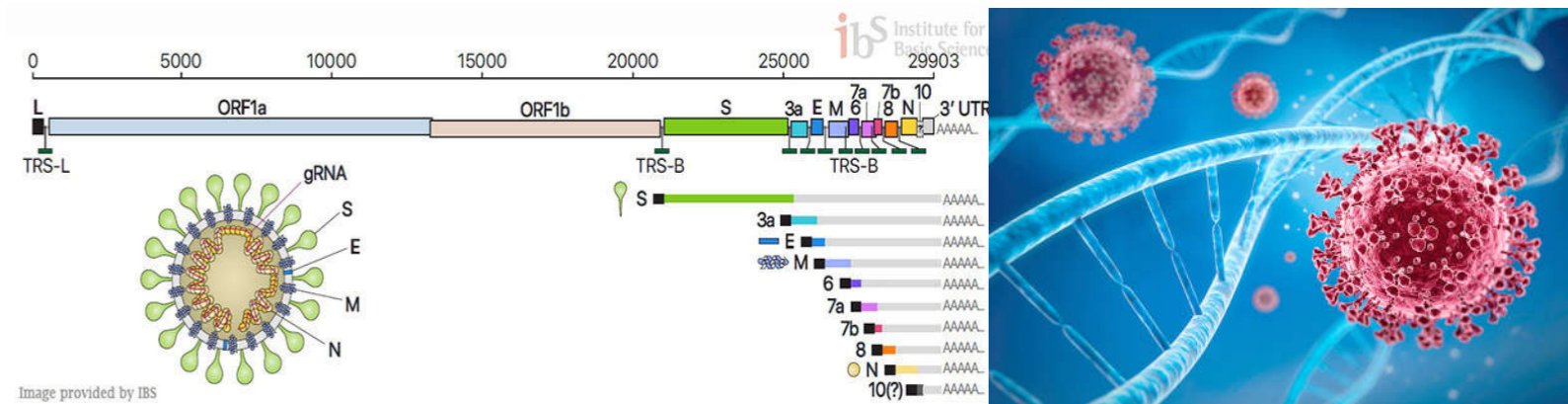
### “MONITORIZAREA INFECȚIEI COVID -19 PRIN SECVENȚIEREA ÎNTREGULUI GENOM ȘI ANALIZA FILOGENETICĂ A IZOLATELOR SARS-CoV-2”

**Autorii:** Colac Svetlana, medic specialist, laboratorul virusologic, ANSP; Burduniuc Olga, dr.șt.med., conf. cercetător; Apostol Mariana, șef laboratorul virusologic, ANSP

**Introducere:** Secvențierea întregului genom al coronavirusurilor și publicarea datelor obținute sunt esențiale pentru evaluarea performanței sistemelor de testare PCR utilizate, urmărirea răspândirii virusului, determinarea variabilității sale genetice și dezvoltarea vaccinului.

**Scopul lucrării.** Identificarea variantelor de mutație a virusului SARS-CoV-2 cu analiza filogenetică a izolatelor circulante pe teritoriul Republicii Moldova.

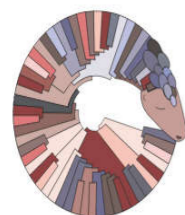
**Materiale și Metode:** Identificarea variantelor genetice și determinarea tipului de mutații a fost efectuată prin metodă de secvențierea fragmentelor cu ajutorul instrumentului Ion Torrent Genexus și folosind programele Pangolin și GISAID.



#### Rezultate:

Rezultatele secvențierii a. 2021	Rezultatele secvențierii a. 2022
<p><b>105 probe secvențiate</b> cu următoarele rezultate:</p> <p><b>46 probe varianta Alpha</b> (B.1.1.7)</p> <p><b>59 probe varianta Delta</b> (B.1.617.2)</p>	<p><b>144 probe secvențiate</b> din ele:</p> <p><b>3 probe varianta Delta</b> (B.1.617.2)</p> <p><b>141 varianta Omicron</b> (B.1.1.529) (57 linia BA.2; 84 probe linia BA.1)</p>

pangolin  
Phylogenetic Assignment of Named Global Outbreak Lineages



**GISAID: find individual records**

Accession ID → EPI\_ISL\_1298424

**Virus detail**  
 Virus name:  
 Accession ID:  
 Type:  
 Clade:  
 Pango Lineage:  
 AA Substitutions:  
 Variant:  
 Passage details/history:  
**Sample information**  
 Collection date:  
 Location:  
 Host:  
 Additional location information:  
 Gender:  
 Patient age:  
 Patient status:  
 Specimen source:  
 Additional host information:  
 Outbreak:  
 Last vaccinated:  
 Treatment:  
 Sequencing technology:  
 Assembly method:  
 Coverage:  
 Comment:  
**Institute information**  
 Originating lab:  
 Address:  
 Sample ID given by the originating laboratory:  
 Submitting lab:

GISAID Database Access Agreement  
[www.gisaid.org/registration/terms-of-use/](http://www.gisaid.org/registration/terms-of-use/)

**Concluzii:** Secvențierea genomului SARS-CoV-2 în RM a demonstrat predominarea variantei Delta - iulie a. 2021.

Iar din ianuarie a. 2022 a fost identificat varianta Omicron cu predominarea liniei BA.1.

**Cuvinte-cheie:** SARS-CoV-2 (COVID-19), secvențierea, genom.