

WHO-WIDE SEQUENCING OF COVID-19 INFECTION AND PHYLOGENETIC ANALYSIS OF SARS-COV-2 ISOLATES

Colac Svetlana¹, Burduniuc Olga¹, Apostol Mariana¹

¹*Virology Laboratory, National Agency for Public Health.*

Background. Coronavirus genome-wide sequencing and publication of data obtained are essential for evaluating the performance of PCR test systems used, tracking the spread of the virus, determining its genetic variability, and developing the vaccine. **Objective of the study.** Identification of mutation variants of SARS-CoV-2 virus with phylogenetic analysis of circulating isolates on the territory of the Republic of Moldova. **Material and Methods.** The identification of genetic variants and the determination of the type of mutations was performed by the method of sequencing the fragments using the Ion Torrent Genexus tool and using the Pangolin and GISAID programs. **Results.** In the Republic of Moldova, the first sequencing of the SARS-CoV-2 virus was performed at the end of 2021 – 47 biological samples were investigated. According to the results of the investigations, the Delta variant was identified in all 47 samples. Moreover, during 2022, 144 biological samples were sequenced, selected according to all clinical, epidemiological and laboratory diagnostic criteria. Following the sequencing, the following results were obtained: in 141 biological samples the Omicron variant was identified, of them 57 presented the BA.2 line and 84 samples the BA.1 line, and in 3 samples the Delta variant was identified. **Conclusion.** Following the study, it was found that the Delta version circulated on the territory of the Republic of Moldova in the second half of 2021. At the beginning of 2022, the Omicron version begins to appear. At the beginning of the Omicron variant, line BA.1 predominated.

Keywords: COVID-19, sequencing, genome.

MONITORIZAREA INFECȚIEI COVID -19 PRIN SECVENȚIEREA ÎNTREGULUI GENOM ȘI ANALIZA FILOGENETICĂ A IZOLATELOR SARS-COV-2

Colac Svetlana¹, Burduniuc Olga¹, Apostol Mariana¹

¹*Laborator Virusologic, Agenția Națională pentru Sănătate Publică.*

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. **Material 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.** În Republica Moldova au fost realizate primele secvențieri ale virusului SARS-CoV-2 la finele anului 2021 – au fost investigate 47 de probe biologice. Potrivit rezultatelor obținute în urma investigațiilor, în toate cele 47 de probe a fost identificată varianta Delta. Iar în perioada anului 2022 au fost secvențiate 144 probe biologice selectate după toate criteriile clinice, epidemiologice și diagnostic de laborator. În urma secvențierii au fost obținute următoarele rezultate: în 141 probe biologice a fost identificată varianta Omicron, din ele 57 au prezentat linia BA.2 și 84 probe linia BA.1, iar în 3 probe a fost identificată varianta Delta. **Concluzii.** În urma studiului s-a constatat că varianta Delta au circulat pe teritoriul Republicii Moldova în a doua jumătate a anului 2021. La începutul anului 2022, începe să apară varianta Omicron. La începutul circulației variantei Omicron a predominat linia BA.1.

Cuvinte cheie: COVID-19, secvențierea, genom.