

## VARIABILITATEA GENETICĂ A VIRUSULUI SARS-COV-2, VARIANTA OMICRON CIRCULANTE PE TERITORIUL REPUBLICII MOLDOVA

Svetlana Colac

Conducător științific: Olga Burduniuc

Laboratorul virusologic, Agenția Națională pentru Sănătate Publică

**Introducere.** Procesul de evoluție a virusului SARS-CoV-2 în populația umană denotă o serie de mutații și apariția variantelor noi mai virulente care au provocat multe valuri de pandemie. Genomul variantei Omicron a fost supus mai mult de 30 mutații în proteina S, asociate cu transmisibilitate mare, legare alterată la receptor și evaziune imună. **Scopul lucrării.** Monitorizarea și caracterizarea genetică a izolatelor variantei Omicron a virusului SARS-CoV-2 în Republica Moldova. **Material și metode.** S-a realizat un studiu descriptiv, retrospectiv în laboratorul virusologic din cadrul Agenției Naționale pentru Sănătate Publică. Au fost analizate 416 probe biologice colectate de la pacienți cu infecția COVID-19, prezența virusului SARS-CoV-2 confirmate prin RT-PCR. Secvențierea fragmentelor a fost efectuată cu secvențiatorul Ion Torrent Genexus și utilizarea programelor Pangolin și GISAID. **Rezultate.** Analiza datelor secvențierii s-a observat că varianta Omicron a suferit multe modificări genetice pe tot parcursul anului 2022. Rezultatele evaluării distinge patru perioade de importanță semnificativă a modificării genomului virusului SARS-CoV-2. Prima perioadă (ianuarie – martie) sa înregistrat predominarea BA.1\* cu descendenții săi (BA.1.1, BA.1.1.1, BA.1.1.13, BA.1.15, BA.1.17 ș. a.), a doua perioadă (martie – iunie) cu predominarea subliniei BA.2\* cu descendenții (BA.2.3, BA.2.75.2, BA.2.9, BA.2.12.1 și BA.2.14) urmată de a treia perioadă (iunie – octombrie) cu predominarea BA.4\*/ BA.5\* cu descendenții și în final a patra perioadă (noiembrie-decembrie) în care sa observat predominarea diverselor sublinii - BQ.1\*, BN.1\*, CC.1\*, XBB.1.5 cu descendenții săi. **Concluzii.** În urma studiului s-a constatat că multiple mutațiile caracteristice genomului variantei Omicron au condus la modificări semnificative ale proprietăților virusologice, cum ar fi transmisibilitate crescută, evaziune imună și tropism alterat. **Cuvinte-cheie:** Omicron, SARS-CoV-2, secvențierea.

## GENETIC VARIABILITY OF THE OMICRON VARIANT OF THE SARS-COV-2 VIRUS CIRCULATING IN THE TERRITORY OF THE REPUBLIC OF MOLDOVA

Svetlana Colac

Scientific adviser: Olga Burduniuc

Virusologic laboratory, National Agency for Public Health

**Background.** Since the appearance of the first variants of the SARS-CoV-2 virus in the human population, a series of mutant variants have appeared that have caused several waves of pandemics. Omicron variant genomes have more than 30 mutations in the S protein, including 15 amino acid substitutions in the receptor binding domain (RBD), which may be associated with higher transmissibility, altered receptor binding, and immune evasion. **Objective of the study.** Monitoring and genetic characterization of isolates of the Omicron variant of the SARS-CoV-2 virus in the Republic of Moldova. **Material and methods.** A retrospective descriptive study was performed in the virology laboratory of the National Public Health Agency. 416 biological samples collected from patients with COVID-19 infection were analyzed, the presence of the SARS-CoV-2 virus confirmed by molecular biology (PCR) techniques. Fragment sequencing was performed with the Ion Torrent Genexus sequencer and using Pangolin and GISAID programs. **Results.** According to the sequencing data, the Omicron variant underwent many genetic changes throughout 2022. Thus, four periods of significant importance of the change in the genome of the SARS-CoV-2 virus can be distinguished: the first period – January – March the predominance of BA.1\* with his descendants (BA.1.1, BA.1.1.1, BA.1.1.13, BA.1.15, BA.1.17 etc.), the second period – March – June with the predominance of the BA.2\* subline with descendants (BA.2.3, BA.2.75.2, BA.2.9, BA.2.12.1 and BA.2.14), and the third period the months of June - October the predominance of BA.4\*/ BA.5\* with the descendants and therefore the fourth period - predominance of various sublines - BQ.1\*, BN.1\*, CC.1\*, XBB.1.5 with its descendants. **Conclusions.** The study found that the multiple mutations characteristic of the Omicron variant resulted in significant changes in virological properties such as increased transmissibility, immune evasion and altered tropism. **Keywords:** Omicron, SARS-CoV-2, sequencing.