



ANALIZA DIVERSITĂȚII GENETICE A VIRUSULUI SARS-CoV-2: REVISTA LITERATURII

Svetlana COLAC¹, Mariana ULINICI², Olga BURDUNIUC^{1,2}

¹Agenția Națională pentru Sănătatea Publică, Chișinău, Republica Moldova

²Universitatea de Stat de Medicină și Farmacie „Nicolae Testemițanu”, Chișinău, Republica Moldova

Autor corespondent: Svetlana Colac, e-mail: colac.svetlana92@gmail.com

Cuvinte-cheie:

SARS-CoV-2,
COVID-19, monitorizarea genetică, variante de mutații, secvențierea, proteina S.

Introducere. Pandemia COVID-19, provocată de SARS-CoV-2, un agent patogen din familia *Coronaviridae*, a evidențiat necesitatea înțelegerii evoluției virusului. De la secvențierea inițială în ianuarie 2020, virusul a acumulat mii de mutații, majoritatea în proteina S și domeniul său de legare la receptor (RBD). Aceste mutații influențează afinitatea pentru receptorul celular ACE2, crescând infectivitatea și generând noi variante. Secvențierea genomului reprezintă una dintre metodele optime pentru monitorizarea variantelor de COVID-19, identificarea și studierea rapidă a modificărilor în structura genomului virusului și evoluția acestuia.

Scop. Studiul vizează analiza variabilității genetice a SARS-CoV-2 pe parcursul pandemiei, cu accent pe mutațiile semnificative și impactul lor.

Material și metode. Pentru realizarea studiului, a fost efectuată analiza narativă a literaturii, selectând articole relevante publicate între 2020-2023, folosind cuvintele: „genome sequencing”, „SARS-CoV-2”, „mutation analysis” și „genovariants”. În total, au fost examinate 48 de surse bibliografice, utilizând baze de date precum Embase, PubMed, Hinari, Google Academic și bibliotecile naționale.

Rezultate. Monitorizarea genetică a relevat cinci variante de îngrijorare conform OMS: Alpha (B.1.1.7), Beta (B.1.351), Gamma (P.1), Delta (B.1.617.2) și Omicron (B.1.1.529). Aceste variante prezintă mutații multiple în proteina S, în special în RBD, conducând la contagiozitate crescută și evaziunea imunitară. Alpha, detectată inițial în Regatul Unit al Marii Britanii, are așa mutații ca N501Y în RBD, care îmbunătățesc afinitatea pentru receptorul ACE2. Beta, identificată în Africa de Sud, prezintă mutații precum K417N și E484K, crescând evaziunea imună. Gamma, cu origine în Brazilia, are mutații similare cu Beta, influențând atât transmisibilitatea, cât și recunoașterea imunitară. Delta, apărută în India, cu mutații ca L452R și P681R, a generat rate mai mari de infectare și de replicare virală. Varianta Omicron provine din linia genetică B.1.1. Genomul variantei Omicron are mai mult de 30 mutații în proteina S, în comparație cu tulpina de referință Wuhan-Hu-1, dintre care 15 substituții de aminoacizi în domeniul de legare la receptor (RBD), zonele asociate cu răspunsul imun. Mutațiile prezente în Omicron pot fi asociate cu transmisibilitate mai mare, legare alterată la receptor și evaziune imună. Studiul subliniază importanța proteinelor structurale în adaptarea virusului la noi gazde și în patogeneză COVID-19, esențială pentru dezvoltarea strategiilor de control al pandemiei.

Concluzii. Analiza datelor din literatură evidențiază importanța monitorizării mutațiilor pentru înțelegerea dinamicii pandemiei și dezvoltarea strategiilor de control, inclusiv îmbunătățirea vaccinurilor. Proteina S, în particular, joacă un rol crucial în patogeneză infecției și este un punct focal în cercetările viitoare.