

**ANALISIS EPIDEMIOLOGI MOLEKULER *WHOLE GENOME*
SEQUENCING (WGS) VARIAN VIRUS SARS-CoV-2 DI SUMATERA
BARAT TAHUN 2020 – 2022**

TESIS

**OLEH
MEYSHA FARASHANDA
2221212007**



Dosen Pembimbing :

- 1. Dr. Aria Gusti, S.K.M., M.Kes**
- 2. Prof. Defriman Djafri, S.K.M., M.K.M**

**PROGRAM STUDI MAGISTER EPIDEMIOLOGI
FAKULTAS KESEHATAN MASYARAKAT
UNIVERSITAS ANDALAS
PADANG, 2025**

**FAKULTAS KESEHATAN MASYARAKAT
UNIVERSITAS ANDALAS**

Thesis, Januari 2025

Meysya Farashanda, 2221212007

ANALISIS EPIDEMIOLOGI MOLEKULER WHOLE GENOME SEQUENCING (WGS) VARIAN VIRUS SARS-CoV-2 DI SUMATERA BARAT TAHUN 2020 – 2022

xviii + 102 halaman, 12 tabel, 19 gambar, 8 lampiran

ABSTRAK

Tujuan Penelitian

Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi varian virus SARS-CoV-2 dan penyebarannya di Provinsi Sumatera Barat pada tahun 2020 hingga 2022.

Metode

Penelitian ini memanfaatkan data yang ada pada hasil *Whole Genome Sequencing* (WGS) di Laboratorium Pusat Diagnostik dan Riset Penyakit Infeksi (PDRPI) FK Unand dengan format FASTA yang di dapat melalui GISAID. Data tersebut merupakan data sampling yang diperoleh dari sampel pasien positif COVID-19 pada Puskesmas, Rumah Sakit, dan Laboratorium di Provinsi Sumatera Barat. Identifikasi varian dengan menggunakan analisis filogenetik dan penyebaran varian dengan melakukan analisis *haplotype*. Untuk mengetahui karakteristik varian virus SARS-CoV-2 secara spesifik peneliti melakukan analisis karakteristik individu, fasilitas kesehatan, dan daerah terhadap varian virus SARS-CoV-2 di Provinsi Sumatera Barat.

Hasil

Penelitian ini menganalisis 198 sekuens genom SARS-CoV-2 di Sumatera Barat (2020-2022) dan diperoleh hasil tiga varian utama : (*Unassigned* (53%), Delta (7,6%), dan Omicron (39,4%). Penyebaran dari ketiga varian virus SARS-CoV-2 telah menyebar ke berbagai wilayah di Sumatera Barat dengan perbedaan varian yang memungkinkan dipengaruhi oleh mobilitas dan interaksi antar wilayah. Penelitian juga menemukan hubungan signifikan antara varian virus dengan jenis kelamin, umur, waktu, serajat keparahan, dan sarana kesehatan (*p-value* <0,05).

Kesimpulan

Hasil penelitian menunjukkan hubungan signifikan antara jenis kelamin, umur, waktu, derajat keparahan, dan sarana kesehatan dengan varian virus SARS-CoV-2 di Provinsi Sumatera Barat tahun 2020 - 2022.

Daftar Pustaka : 97 (2017 – 2024)

Kata Kunci : Varian Virus SARS-CoV-2, COVID-19, Omicron, Delta

**FACULTY OF PUBLIC HEALTH
ANDALAS UNIVERSITY**

Thesis, January 2025

Meysha Farashanda, 2221212007

**MOLECULAR EPIDEMIOLOGY ANALYSIS OF SARS-COV-2 VARIANT
VIRUS WHOLE GENOME SEQUENCING (WGS) IN WEST SUMATERA,
2020 – 2022**

xviii + 102 pages, 12 Tables, 19 pictures, 8 attachments

ABSTRACT

Objective

This study aims to identify the types of SARS-CoV-2 variants and analyze their distribution in West Sumatera during the period 2020 until 2022.

Methods

The study utilized Whole Genome Sequencing (WGS) data in FASTA format, sourced from GISAID and provided by the Diagnostic and Research Center of Infectious Diseases at the Faculty of Medicine, Andalas University. The data originated from samples of COVID-19 positive patients collected at community health centers, hospitals, and laboratories across West Sumatera. Variant identification was performed through phylogenetic analysis, while haplotype analysis was employed to assess variant distribution. Additionally, the study explored specific characteristics of SARS-CoV-2 variants by analysing individual demographics, healthcare facilities, and regional factors in West Sumatera.

Result

This study analyzed 198 SARS-CoV-2 genome sequence from West Sumatera (2020 – 2022) and identified three major variants : unassigned (53%), Delta (7,6%), and Omicron (39,4%). These variants were distributed across various regions in West Sumatera, with differences in variant prevalence potentially influenced by interregional mobility and interactions. The study also found significant associations between SARS-CoV-2 variants and factors such a gender, age, time, severity, and healthcare facilities (p-value <0,05).

Conclusion

The study highlights significant relationships between SARS-CoV-2 variants and factors such as gender, age, time, illness severity, and healthcare facilities in West Sumatera Province from 2020 until 2022.

References : 97 (2017 – 2024)

Keywords : SARS-CoV-2 Variants, COVID-19, Delta, Omicron