

Foto tomada de: https://phil.cdc.gov/por/Alissa_Eckert_MSMI_Dan_Higgins_MAMS

CONOCE AL SARS-CoV-2

Las instrucciones para la replicación y funcionamiento de los virus están contenidas en su genoma. Funcionalmente, el genoma de **SARS-CoV-2** está dividido en dos grupos de secuencias de ARN:

- el primer grupo codifica **proteínas no estructurales** involucradas en la replicación y maduración del virus dentro de la célula del huésped y
- el segundo grupo codifica las **proteínas que forman la estructura** del virus, siendo estas: **proteína spike o espiga (S)**, la **proteína de la nucleocápside (N)**, **proteínas de membrana (M)**, **envoltura viral (E)** y **otras proteínas** accesorias

Todos los miembros de la familia *Coronaviridae* comparten las siguientes características:

a. Virus con grandes proyecciones proteicas (proteína S)

Esta proteína facilita la unión del virus a la célula hospedera uniéndose al receptor celular ECA2. Además de esto, contribuye a que el virus no sea reconocido de forma correcta por el sistema inmune, dando lugar a una respuesta inmune inadecuada.

b. Nucleocapside del virus (proteína N)

Es la estructura proteica que encierra y protege al genoma viral.

c. Proteína M

Importante para la replicación viral ya que está involucrada en el empaquetamiento del genoma dentro del virus

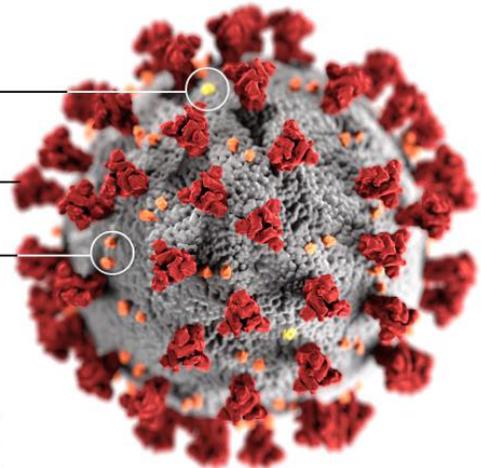
d. Envoltura proteica (proteína E)

Tiene la función de madurar al virus dentro de la célula infectada, antes que salga a infectar a otras células del hospedero.

E protein

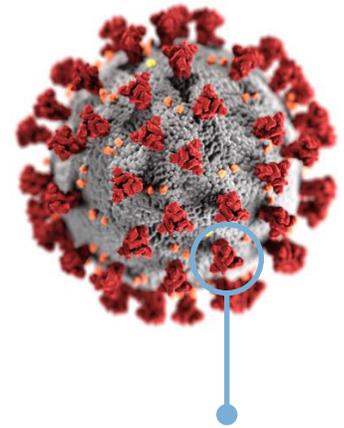
S protein

M protein



COVID-19

De acuerdo con numerosas investigaciones, el **SARS-CoV-2** se originó a través de mutaciones naturales dentro de diferentes hospederos animales (murciélagos y otros mamíferos) y finalmente llegó al ser humano a través de su convivencia con estas especies. La mayoría de las mutaciones son espontáneas y se generan cada día en el genoma de todos los seres vivos, sin mutaciones, todos los organismos seríamos iguales, y lo que es más importante, no habría posibilidades para la evolución y la adaptación. En el caso del virus, esta variabilidad genética ha sido aprovechada para lograr ser más infectivo al hombre y lograr así esparcirse a un mayor número de hospederos.



Las investigaciones han demostrado que la mutación del **SARS-CoV-2 se dio en la proteína S**, específicamente en una región llamada dominio de unión al receptor (RBD), razón por la cual, éste nuevo coronavirus tiene mayor afinidad de unión al receptor ECA2 de diversas células humanas que se encuentran en diversos tejidos, incluyendo el tracto respiratorio inferior de los pulmones, hígado, corazón, riñón y vejiga.

Referencias:

1. Coronaviridae Study Group of the International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV). ICTV 9th Report (2011). Available online: https://talk.ictvonline.org/ictv-reports/ictv_9th_report/positive-sense-rna-viruses-2011/w/posrna_viruses/222/coronaviridae
2. Wu A., Peng Y., Huang B., Ding X., Wang X., Niu P., Meng J., Zhu Z., Zhang Z., Wang J., et al. Genome Composition and Divergence of the Novel Coronavirus (2019-nCoV) Originating in China. *Cell Host Microbe* 2020, 27(3), 325-328. doi: 10.1016/j.chom.2020.02.001
3. Andersen K.G., Rambaut A., Lipkin W.I., Holmes E.C., Garry R.F. The proximal origin of SARS-CoV-2. *Nat. Med.* 2020, 26(4), 450-452. doi: 10.1038/s41591-020-0820-9
4. D., Comish P., Kang R. The Hallmarks of COVID-19 Disease. *PLoS Pathog.* 2020, 16(5), e1008536. doi: 10.1371/journal.ppat.1008536
5. Jin Y., Yang H., Ji W., Wu W., Chen S., Zhang W., Duan G. Virology, Epidemiology, Pathogenesis, and Control of COVID-19. *Viruses* 2020, 12(4),372. doi: 10.3390/v12040372

"Este material sobre prevención y control de infecciones, con énfasis en SARS-CoV2 es posible gracias al generoso apoyo del pueblo de Estados Unidos a través de su Agencia para el Desarrollo Internacional (USAID). El contenido es responsabilidad de IntraHealth y no necesariamente reflejan las opiniones de USAID o del gobierno de los Estados Unidos de América".