

BÁ SICA INVESTIGACIÓN

IDENTIFICACIÓN DE VARIANTES NUCLEÓTIDOS DE ECA2 EN PACIENTES QUE CURSARON CON COVID-19 DE LA CIUDAD DE PUEBLA

Maza Lara Estefania¹,
Navarro Estrada José Antonio²,
Rosas Murrieta Ilda Nora³,
Bautista Rodríguez Elizabeth⁴,
Sedeño Monge Virginia²

¹Facultad de biotecnología, UPAEP. estefania.maza@upaep.edu.mx,

²Facultad de Medicina, UPAEP,

³Facultad de Medicina, BUAP,

⁴Facultad de Fisioterapia BUAP

Resumen: El SARS-CoV-2 causante de la COVID-19, ingresa a la célula por medio del dominio de unión al receptor (RBD) de la proteína (S) con el receptor de ECA2 de la célula humana, además otros receptores y moléculas participan en el ingreso. Se han reportado variantes aminoacídicas y nucleotídicas en ECA2 que podrían condicionar el cuadro clínico de la COVID-19, su identificación aportaría datos de la severidad de la enfermedad. Se identificaron las posibles variantes nucleotídicas en los exones 1, 2, 8 y 9 de ECA2 de pacientes que cursaron con COVID-19 infectados en estadios leve - grave en el periodo 2020-2021 de la Ciudad de Puebla del hospital regional ISSSTE y del IMSS Hospital General Zona 20 "La Margarita". Se realizó una investigación observacional, descriptiva y transversal, con muestras de ADN de pacientes que cursaron con infección por SARS-CoV-2 y de personas clínicamente sanas. Se realizó PCR flanqueando 4 exones de ECA2, los productos obtenidos fueron purificados y enviados a secuenciación para ser analizados mediante programas de bioinformática. Se obtuvieron los productos de PCR de los exones 1, 2, 8 y 9, hasta el momento se han secuenciado muestras de 18 pacientes y 1 del grupo control (el producto de cada exón y de cada paciente se realizó por triplicado), los electroferogramas obtenidos se analizaron con el programa Bioedit, mediante BLAST del NCBI se comparó la secuencia con el gen ECA2 reportado en la base de datos Gen del dominio NCBI, y mediante Clustal Omega tipo EMBOSS Needle y SnapGene se identificó una inserción de 5 nucleótidos en el exón 9, en 11 de 19 pacientes, actualmente se está analizando su implicación clínica.

Palabras clave: Covid-19 1, ECA2 2, Inserciones 3, Exones 4.

BIBLIOGRAFÍA

- [1.] 1. Pastrian G. Bases Genéticas y Moleculares del COVID-19 (SARS-CoV-2). Mecanismos de Patogénesis y de Respuesta Inmune. International journal of odontostomatology [Internet]. 2020 Sep 1;14(3):331–7. Available from: https://scielo.conicyt.cl/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0718-381X2020000300331&lng=es&nrm=iso
- [2.] 2. Callaway E. (2022). Are COVID surges becoming more predictable? New Omicron variants offer a hint. Nature, 605(7909), 204–206. <https://doi.org/10.1038/d41586-022-01240-x>
- [3.] 3. Malone B, Urakova N, Snijder EJ, Campbell EA. Structures and functions of coronavirus replication–transcription complexes and their relevance for SARS-CoV-2 drug design. Nature Reviews Molecular Cell Biology. 2021 Nov 25;23.
- [4.] 4. V'kovski P, Kratzel A, Steiner S, Stalder H, Thiel V. Coronavirus biology and replication: implications for SARS-CoV-2. Nat Rev Microbiol. 2021 Mar;19(3):155–170. doi: 10.1038/s41579-020-00468-6. Epub 2020 Oct 28. PMID: 33116300; PMCID: PMC7592455.
- [5.] 5. Jackson, C. B., Farzan, M., Chen, B., & Choe, H. (2022). Mechanisms of SARS-CoV-2 entry into cells. Nature reviews. Molecular cell biology, 23(1), 3–20 <https://doi.org/10.1038/s41580-021-00418-x>

