

Resumen

El SARS-CoV-2 es un coronavirus que surgió en Wuhan, China, a finales del año 2019 y que fue declarado pandemia por la OMS. Hoy día, en febrero del 2022, ha causado más de 400 millones de casos a nivel mundial, con 5.88 millones de muertes; en Ecuador son 732 mil los casos reportados y 34,5 mil muertes. El control de esta enfermedad se ha basado en dos líneas, una dirigida al diagnóstico de la enfermedad y la otra, a la vacunación masiva. El Dominio de Unión a Receptor (RBD) de la proteína Spike es el que reconoce al receptor ACE2 de la célula humana, por lo que se ha vuelto el objetivo de vacunas y prueba de diagnóstico. En este trabajo, se realizó un análisis por bioinformática del RBD para epítopes continuos de células B y los cambios que las mutaciones reportadas tienen sobre ello. Además, se diseñaron cebadores para amplificar el RBD por RT-PCR, la cual fue clonada, secuenciada y expresada en un sistema de *E. coli*. Se obtuvo una proteína del tamaño adecuado y reconocida por el suero de una persona convaleciente a COVID-19 por western blots. Con la ayuda de la informática, la secuencia fue evaluada y se encontraron dos mutaciones: N501Y y K529E. El RBD evaluado en este trabajo, no se agrupa evolutivamente con RBD de variantes ni con otras secuencias de Ecuador analizadas en este trabajo. Así mismo, se modeló por bioinformática el RBD y se planteó un modelo con ACE2, cuya interacción tiene más afinidad que la interacción con RBD sin mutaciones.

Palabras clave:

- **DOMINIO DE UNIÓN A RECEPTOR**
- **SARS-CoV-2**
- **FILOGENIA**
- **EXPRESIÓN**
- **INTERACCIÓN ENTRE PROTEÍNAS**

Abstract

SARS-CoV-2 is a coronavirus that emerged in Wuhan, China, at the end of 2019 and was declared a pandemic by the WHO. Today, in February 2022, it has caused more than 400 million cases worldwide, with 5.88 million deaths; in Ecuador there are 732 thousand reported cases and 34.5 thousand deaths. The control of this disease has been based on two lines, one directed to the diagnosis of the disease and the other to mass vaccination. The Receptor Binding Domain (RBD) of the Spike protein is the one that recognizes the ACE2 receptor of the human cell, which is why it has become the target of vaccines and diagnostic tests. In this work, a bioinformatics analysis of the RBD for continuous B-cell epitopes and the changes that the reported mutations have on it was performed. In addition, primers were designed to amplify the RBD by RT-PCR, which was cloned, sequenced and expressed in an *E. coli* system. A protein of the appropriate size was obtained and recognized by the serum of a COVID-19 convalescent by Western blot. With the help of informatics, the sequence was evaluated and two mutations were found: N501Y and K529E. The RBD evaluated in this work does not cluster evolutionarily with variant RBDs or with other sequences from Ecuador analyzed in this work. The RBD was modeled by bioinformatics and a model with ACE2 was proposed, whose interaction has more affinity than the interaction with RBD without mutations.

Keywords:

- **RECEPTOR BINDING DOMAIN**
- **SARS-CoV-2**
- **PHYLOGENY**
- **EXPRESSION**
- **PROTEIN-PROTEIN INTERACTION**