

RESUMEN

El SARS-CoV-2 es el virus causante de la COVID-19, enfermedad de la cual se han reportado más de 4 millones de muertes alrededor del mundo. Es por ello por lo que es necesario estudiar sus distintos genes con la finalidad de desarrollar métodos de diagnóstico y ensayos que nos permitan determinar el estado de la enfermedad en la población. El presente estudio tubo la finalidad de identificar, clonar y analizar por bioinformática la proteína de la Nucleocápside N del SARS-CoV-2 de aislados ecuatorianos, con vías al desarrollo de una prueba de ELISA. A través de herramientas de biología molecular se logró aislar el gen de la proteína N, nuestro gen consto de 1218bp y alrededor de 406 residuos aminoacídicos y con una identidad del 100% en relación con otras secuencias del GenBank. Una vez obtenida la secuencia que se clonó se realizó un análisis de regiones antigénicas, en donde se estableció que la región del Enlazador Central (LINKER) posee la mayor cantidad de epítopes, también las mutaciones más comunes en donde se aprecia sustituciones en los residuos 203 y204, además los modelos del Dominio de Unión al RNA (RBD), la región LINKER, y el Dominio de Dimerización; y por último los análisis filogenéticos en donde se pudo observar distintas relaciones entre aislados ecuatorianos en relación a la región latinoamericana y las Variantes del SARS-CoV-2 considerando al gen N.

Palabras Clave

- **SARS-COV-2**
- **PROTEÍNA N**
- **ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO**
- **MODELAMIENTO PROTEICO**
- **CLONACIÓN**

ABSTRACT

SARS-CoV-2 is the virus that causes COVID-19, a disease from which more than 4 million deaths have been reported around the world. That is why it is necessary to study its different genes to develop diagnostic methods and tests that allow us to determine the state of the disease in the population. The purpose of this study was to identify, clone and analyse by bioinformatics the Nucleocapsid N protein of SARS-CoV-2 from Ecuadorian isolates, with pathways to the development of an ELISA test. Through molecular biology tools, it was possible to isolate the N protein gene, our gene consisted of 1218bp and around 406 amino acid residues and with 100% identity in relation to other GenBank sequences. Once the sequence that was cloned was obtained, an analysis of antigenic regions was carried out, where it was established that the Central Linker region (LINKER) has the largest number of epitopes, as well as the most common mutations where substitutions can be seen in residues 203 y204, in addition to the models of the RNA Binding Domain (RBD), the LINKER region, and the Dimerization Domain; and finally the phylogenetic analyses where it was possible to observe different relationships between Ecuadorian isolates in relation to the Latin American region and the Variants of SARS-CoV-2 considering the N gene.

Key Words

- **SARS-COV-2**
- **N PROTEIN**
- **BIOINFORMATIC ANALYSIS**
- **PROTEIN MODELLING**
- **CLONING**