

Përmbledhje dhe koment mbi artikullin:

Structure, Function, and Antigenicity of the SARSCoV-2 Spike Glycoprotein

me autorë:

Alexandra C. Walls, Young-Jun Park, M. Alejandra Tortorici, Abigail Wall, Andrew T. McGuire and David Veeler

i botuar në revistën shkencore:

Cell (Walls et al., 2020, Cell 180, 1–12; March 19, 2020 ^a 2020 Elsevier Inc. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.02.058>)

Ky artikull është botuar në revistën e mirënjohur "Cell" në 19 Mars 2020 nga një grup autorësh të Universitetit Washington, Seattle, USA, Institutit Pasteur, Paris, Francë dhe Qendrës Kërkimore për Kancerin "Fred Hutchinson", Seattle, USA.

SARS-CoV, MERS-CoV dhe SARS-CoV-2 janë tre koronavirusë shumë patogjenë për njeriun dhe rezervuari i tyre natyral është lakuriqi i natës. Nëpërmjet një ndërmjetësi shtazor tjetër këto viruse kanë mundur të kalojnë barrierën e species dhe të kalojnë te njeriu duke shkaktuar epidemitë e njohura në këtë fillim të shekullit 21. Koronavirusë të tillë janë zbuluar mjaft te lakuriqi i natës dhe këto fakte vejnë në dukje mundësinë që kalimi i tyre nga kafsha te njeriu mund të vazhdojë të ndodhë dhe në të ardhmen.

Të tre këta viruse janë beta-koronavirusë dhe përvec tyre në këtë grup njihen dhe 4 beta-koronavirusë të tjerë (HCoV-OC43, HCoVHKU1, HCoV-NL63, dhe HCoV-229E) të cilët janë endemikë tek njerëzit por kanë patogjenicitet të ulët duke shkaktuar rreth 30% të "të ftohurit" të zakonshëm stinor.

Artikulli bën një analizë të hollësishme të molekulës në formë trimeri "Glikoproteina S" që është përgjegjëse për patogjenicitetin e virusit SARS-CoV-2 i cili po shkakton pandeminë e deritanishme nga COVID-19.

Duke u nisur nga fakti se ky virus përdor receptorin hACE2 për të depërtuar në qelizat shenjë që janë qelizat e mushkërisë, autorët zbulojnë se SARS-CoV-2 dhe SARS-CoV (virusi që shkaktoi epideminë e parë SARS në 2002) lidhen me afinitet të ngjashëm me molekulën hACE2. Gjithashtu antitruapat poliklonalë anti SARS-CoV inhibojnë edhe SARS-CoV-2 të depërtojë në qelizën shenjë. Kjo tregon se pavarësisht se Glikoproteina S e SARS-CoV dhe SARS-CoV-2 kanë homologji prej rreth 75% midis tyre,

përgjigja imunitare humorale që ato provokojnë është efikase për të neutralizuar të dy viruset.

Artikulli studion gjithashtu në mënyrë të detajuar strukturat dhe konformacionet e Glikoproteinës S të SARS-CoV-2. Duke përdorur metoda të kristalografisë si dhe të studimit molekular me mikroskop elektronik, autorët qartësojnë mekanizmat intime dhe mënyrën se si SARS-CoV-2 hyn në qelizën shenjë duke përdorur një mekanizëm unik të tij sic është ndarja e nënjesive S1 dhe S2 të Glikoproteinës S nga enzima furinë në qelizën shenjë.

Ky studim vë në dukje gjithashtu se Glikoproteina S e SARS-CoV-2 është e pranishme në gjëndje konformacionale me hapje të S^B në majë të trimerit. Këto ndryshime strukturale janë të nevojshme që të tre koronaviruset SARS-CoV, MERS-CoV-2 dhe SARS-CoV-2 të futen brënda qelizës shenjë. Përkundrazi, në katër koronaviruset e tjera humanë janë vërejtur vetëm trimerë S me konformacion molekular të mbyllur që shpjegon patogjenicitetin e tyre të ulur.

Studimi i përshkruar në këtë artikull ka rëndësi të vecantë për modelimin e proteinave virale që duhen përdorur për krijimin e një vaksine efikase. Ai ve në dukje faktin se përgjigja imunitare ndaj një vaksine që përmban Glikoproteinën S duhet të jetë efikase në mbrojtjen ndaj këtyre viruseve. Por nga ana tjetër studimi ve në dukje vështirësitë për të dalluar nëpërmjet antitropave këto koronaviruset nga njëri tjetri.