

Aktuelle Details zu SARS-CoV-2:

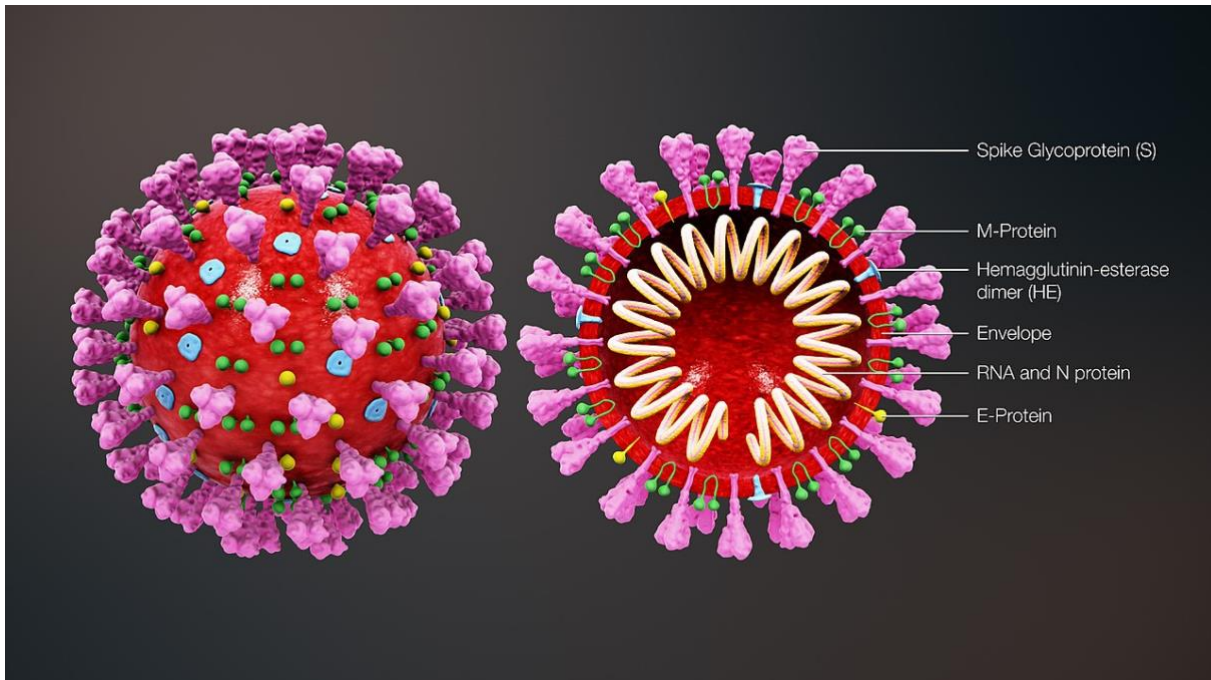


Abb. 1: Querschnitt von SARS-CoV-2. Quelle: <https://www.scientificanimations.com> - <https://www.scientificanimations.com/wiki-images/>, CC BY-SA 4.0, <https://commons.wikimedia.org/w/index.php?curid=86436446>

Das Virusgenom besteht, wie in Coronaviren üblich, aus einzelsträngiger RNA (ssRNA) mit positiver Polarität. Die derzeit vermuteten Gene könnten für zehn Proteine codieren: ein 7096 Aminosäuren (AS) langes sogenanntes „open reading frame“ ORF1ab-Polyprotein (wird auch als Replikase-Komplex bezeichnet), ein 1273 AS langes Oberflächen-Glykoprotein (auch „S“ genannt für Englisch „spikes“), ein 75 AS langes Hüllprotein (E genannt für Englisch „envelope“), ein 222 AS langes Membran-Glykoprotein (M), ein 419 AS langes Nukleokapsid-Phosphoprotein (N) und weitere fünf Proteine, deren weitere Funktion noch unbekannt sind und daher nur ORF3a, ORF6, ORF7a, ORF8 und ORF10 genannt werden. Eines dieser Gene codiert für die RNA-abhängige RNA-Polymerase (RdRP für engl. RNA-dependent RNA polymerase) (verändert nach <https://de.wikipedia.org/wiki/SARS-CoV-2>).

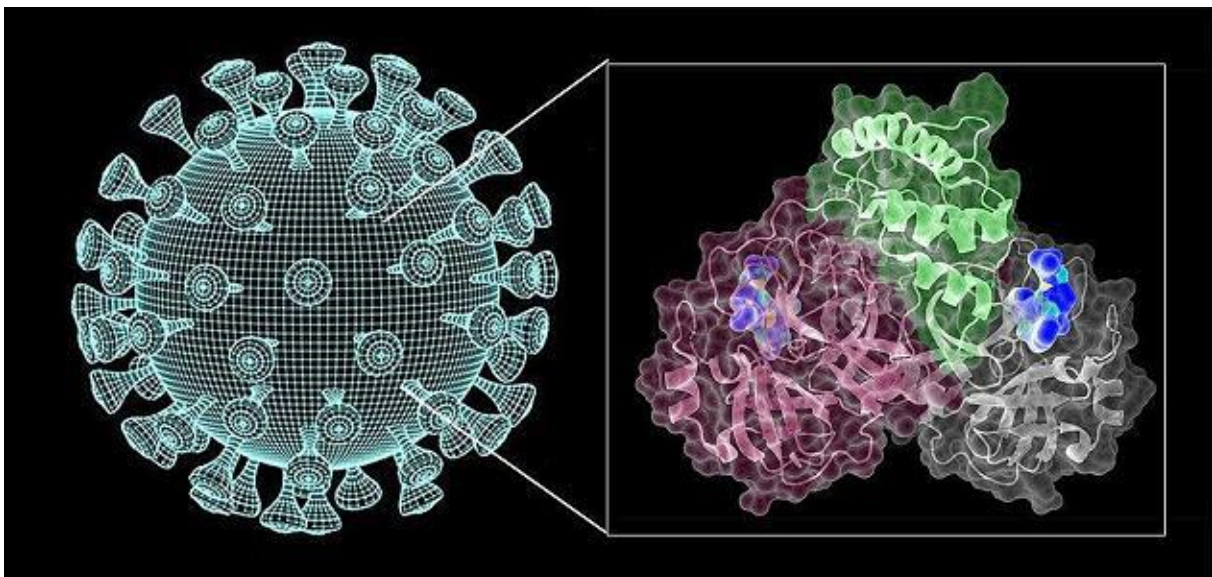


Abb. 2: Detail der viralen Hauptprotease Mpro, an anderen Stellen auch als M-Protein bezeichnet. Dieses Enzym benötigt das Virus, um seine virale RNA von der Wirtszelle kopieren zu lassen. Dafür produziert es zunächst große Proteinkomplexe, sogenannte Polyproteine. Die Hauptprotease zerschneidet diese in zwölf kleinere Proteine, die dann den Replikationskomplex aufbauen – und so die RNA-Vermehrung in Gang setzen. (Quelle: https://www.focus.de/wissen/natur/hemmstoff-gefunden-sars-cov-2-entscheidende-enzymstruktur-aufgeklart_id_11802100.html)