Investigadores rusos encuentran un factor de predisposición genética a la covid-19 grave

Científicos de la Universidad HSE de Rusia han sido los primeros en analizar la interconexión entre el genotipo HLA-I (importante para la respuesta inmunitaria a cualquier infección vírica) y la gravedad de la enfermedad provocada por el nuevo coronavirus.

Verónica Fuentes 23/2/2021 13:45 CEST

Personal médico y pacientes de covid-19 en el Hospital Clínic de Barcelona durante la tercera ola de la pandemia. / Francisco Avia | HC

La **inmunidad** de las células T es uno de los mecanismos utilizados por el cuerpo humano para combatir las infecciones víricas. De hecho, el punto de partida para el desarrollo de inmunidad celular es la presentación de **péptidos del virus** en la superficie de las células infectadas. Es entonces cuando se produce la activación de los **linfocitos T**, que comienzan a eliminar las células 'enfermas'.

Investigadores de la Universidad HSE de Rusia han detallado cómo la

capacidad de dar este tipo de respuesta inmunitaria al **SARS-CoV-2** viene determinada en gran medida por la genética. En las células humanas las responsables son las moléculas del antígeno leucocitario humano de clase I (HLA-I). El conjunto de seis de estas moléculas es único en cada ser humano y se hereda de los progenitores.

Los individuos con genotipos HLA específicos están más predispuestos a tener covid-19 grave. Del mismo modo, existen algunos genotipos 'fuertes' que raramente se asocian con un curso severo de la enfermedad

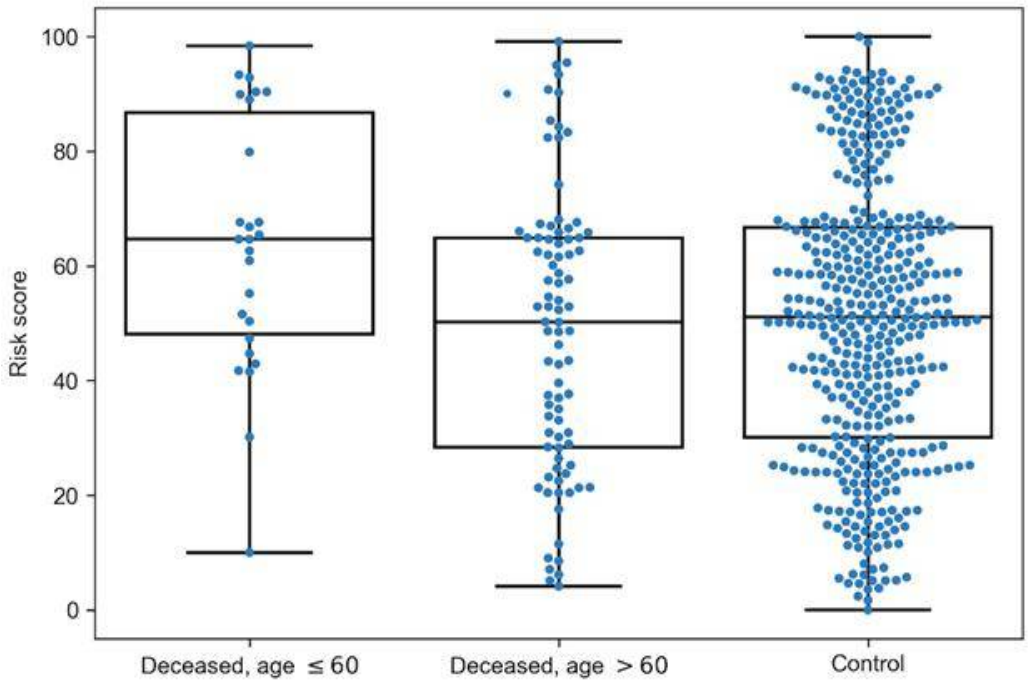
"El genotipo de HLA-I es un factor importante para la respuesta inmunitaria a cualquier tipo de infección vírica. En nuestro trabajo demostramos que los individuos con genotipos HLA específicos están más predispuestos a tener **covid-19 grave**. Del mismo modo, existen algunos genotipos 'fuertes' que raramente se asocian con un curso grave de la enfermedad", explica a SINC **Stepan Nersisyan**, uno de los autores del trabajo, publicado en *Frontiers in Immunology*.

Utilizando el aprendizaje automático (*machine learning*), el equipo construyó un modelo que proporciona una evaluación integral de la posible potencia de la respuesta inmunitaria de las células T a la covid-19: si el conjunto de alelos [versiones del gen] HLA-I permite una presentación eficaz de los péptidos del virus del SARS-CoV-2, esos individuos recibieron una puntuación de riesgo baja, mientras que las personas con menor capacidad de presentación recibieron puntuaciones de riesgo más altas.

Para validar el modelo, se analizaron los genotipos de más de 100 pacientes que habían sufrido covid-19 y de más de 400 personas sanas como grupo de control. Los expertos encontraron que la puntuación de riesgo simulada es "muy eficaz para predecir la gravedad de la enfermedad".

Además de analizar la población de Moscú, los investigadores utilizaron su modelo en una muestra de **pacientes del Hospital Ramón y Cajal de Madrid** (España). "La alta precisión de la predicción se confirmó también en esta muestra independiente: la puntuación de riesgo de los pacientes con covid-

19 grave fue significativamente mayor que en los pacientes con casos moderados y leves de la enfermedad", apuntan.



La puntuación de riesgo sugerida por los investigadores (eje vertical) es considerablemente más alta en el grupo de pacientes que sufren covid-19 grave (muestra de pacientes de Moscú). / S. Nersisyan et al.

Otras aplicaciones de este modelo

Además de las correlaciones descubiertas entre el genotipo y la gravedad de esta enfermedad, este nuevo enfoque puede ayudar a la evaluación sobre cómo una determinada mutación de la covid-19 afectaría al desarrollo de la inmunidad de las células T contra el virus, afirman los investigadores.

"Por ejemplo, podremos detectar grupos de pacientes en los que la infección con nuevas cepas de SARS-CoV-2 puede dar lugar a formas más graves de la enfermedad", subraya **Alexander Tonevitsky**, otro de los autores.

Además de las correlaciones descubiertas entre el genotipo y la gravedad de la covid-19, este nuevo enfoque puede ayudar a la evaluación sobre cómo una determinada mutación afectaría al desarrollo

de la inmunidad de las células T contra el virus

Por su parte, Stepan Nersisyan añade que, en el contexto de una posible escasez de vacunas, “el conocimiento de las personas con genotipo HLA de riesgo podría priorizar a este grupo para la vacunación”. “Por último, saber tu propio grupo de riesgo puede motivar a las personas a mantener una distancia social más responsable, a llevar mascarilla y a hacer otras cosas para estar más seguras”, concluye Nersisyan.

Referencia:

Maxim Shkurnikov, Stepan Nersisyan, Tatjana Jankevic, Alexei Galatenko, Ivan Gordeev, Valery Vechorko and Alexander Tonevitsky. ‘Association of HLA Class I Genotypes With Severity of Coronavirus Disease-19’. *Front. Immunol.*, 23 February 2021 |

Derechos: **Creative Commons.**

TAGS | COVID-19 GRAVE | HLA-I | COVID-19 | PANDEMIA |

Creative Commons 4.0
Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. Lee las condiciones de nuestra licencia