
Predisposició genètica a la Covid-19

Autor:

Data de publicació: 01-03-2021

Investigadors de la National Research University-Higher School of Economics (HSE) de Rússia s'han convertit en els primers del món a descobrir la predisposició genètica a la COVID-19 greu, tal com es publica a la revista 'Frontiers in Immunology'.

La immunitat de les cèl·lules T és un dels mecanismes clau que utilitza el cos humà per combatre les infeccions per virus. El terreny de posada en escena per al desenvolupament de la immunitat cel·lular és la presentació de pèptids del virus a la superfície de les cèl·lules infectades. Això és seguit per l'activació de cèl·lules T, que comencen a matar cèl·lules infectades.

La capacitat de presentar amb èxit pèptids de virus està determinada en gran part per la genètica. En les cèl·lules humanes, les molècules d'antigen de leucòcits humans de classe I (HLA-I) són les responsables d'aquesta presentació. El conjunt de sis d'aquestes molècules és únic en cada ésser humà i s'hereta dels pares d'un individu.

En termes simples, si el conjunt d'al·lèles detecta bé el virus, llavors les cèl·lules immunitàries detectaran i destruiran les cèl·lules infectades ràpidament; si una persona té un ordinador que és dolent per a aquest cribratge, un cas més greu de malaltia és més probable que s'observi.

Investigadors de la Facultat de Biologia i Biotecnologia de l'HSE, Maxim Shkurnikov, Stepan Nersisyan, Alexei Galatenko i Alexander Tonevitsky, juntament amb col·legues de la Universitat Nacional d'Investigació Mèdica russa Pirogov i l'Hospital Clínic de la ciutat de Filatov, Tatjana Jankevic, Ivan Gordeev, Valery Vechorko, van estudiar la interconnexió entre el genotip HLA-I i la gravetat del COVID-19.

Mitjançant l'aprenentatge automàtic, van construir un model que proporciona una avaluació exhaustiva de la potència potencial de la resposta immunitària de cèl·lules T a la COVID-19: si el conjunt d'al·lèles HLA-I permet una presentació efectiva dels pèptids del virus SARS-CoV-2, aquestes persones van rebre una puntuació de baix risc, mentre que les persones amb menor capacitat de presentació van rebre puntuacions de risc més altes (en el rang de 0 a 100).

Per validar el model, es van analitzar els genotips de més de 100 pacients que havien tingut COVID-19 i més de 400 persones sanes (el grup de control). Va resultar que la puntuació de risc modelada és molt eficaç a l'hora de predir la gravetat del COVID-19.

A més d'analitzar la població de Moscou, els investigadors van utilitzar el seu model en una mostra de pacients a Madrid. L'alta precisió de la predicció també es va confirmar en aquesta mostra independent: la puntuació de risc dels pacients amb COVID-19 greu va ser significativament més gran que en pacients amb casos moderats i lleus de la malaltia.

"A més de les correlacions descobertes entre el genotip i la gravetat del COVID-19, l'enfocament suggerit també ajuda a avaluar com una mutació particular de COVID-19 pot afectar el desenvolupament de la immunitat de cèl·lules T al virus. Per exemple, podem detectar grups de pacients per als quals la infecció amb noves soques de SARS-CoV-2 pot conduir a formes més greus de la malaltia", explica Alexander Tonevitsky.