

# ASSOCIAÇÃO ENTRE GENÓTIPOS DE HLA CLASSE I COM A SEVERIDADE DA COVID-19

Congresso Online Brasileiro de Medicina, 1ª edição, de 22/03/2021 a 24/03/2021  
ISBN dos Anais: 978-65-86861-87-7

**ALARCÃO; Kristine Leão <sup>1</sup>, SOARES; Luca Martins Marquez <sup>2</sup>, REZENDE; Gabrielly de Oliveira <sup>3</sup>, HOLANDA; Luma Andressa Gonçalves <sup>4</sup>**

## RESUMO

A emergência sanitária causada pela pandemia do vírus SARS-CoV-2 suscitou discussões no campo científico sobre os fatores que podem ou não estar envolvidos com a progressão e curso crítico da doença. Um desses fatores seria uma provável suscetibilidade genética ao quadro severo da COVID-19 quando levado em conta determinados genótipos de HLA classe I do paciente infectado. As moléculas de antígeno leucocitário humano (HLA) são importantes para o desenvolvimento da resposta imune específica antiviral, ativando Linfócitos TCD8+ citotóxicos, capazes de destruir as células infectadas. Os genes responsáveis pelo HLA são os mais polimórficos do genoma humano, o que garante as variações individuais no padrão de resposta imune, influenciada pela suscetibilidade e gravidade da doença. Isso sustenta a hipótese de uma relação com as diferentes apresentações e prognósticos da SARS-CoV-2. Para investigar essa relação, um estudo em questão, foi coletada a genotipagem do HLA e a idade de óbito de 111 pacientes falecidos entre maio e julho de 2020 em Moscou. Desses, 26 faleceram com menos de 60 anos, e 85 faleceram com mais de 60 anos, além de haver um grupo controle de 428 voluntários. Não foram incluídos pacientes com comorbidades severas ou com imunossupressões adicionais, e todos os participantes possuíam teste positivo de RT-PCR para SARS-CoV-2. Seus dados de DNA genômico foram obtidos de sangue coletado *post-mortem*, e os genes HLA-A, HLA-B e HLA-C foram sequenciados. Alinharam-se sequências de proteomas dos pacientes com diferentes proteínas virais e calculou-se a probabilidade e a afinidade de ligação e apresentação dos alelos HLA com peptídeos virais. Assim, pontuações baseadas na manifestação de peptídeos da doença foram estabelecidas e comparadas entre os grupos, utilizando testes de estatísticos e de permutação, bem como suas correções. Após a atribuição de escores de risco para os perfis genéticos, encontrou-se que o HLA-A\*02:01 e HLA-A\*03:01 estavam associados ao baixo risco, com significância estatística em comparação ao grupo controle, devido ao bom perfil de apresentação de peptídeos; já o HLA-A\*01:01 foi associado a risco mais alto, principalmente em homozigotos para esse alelo. Interessantemente, a idade média de morte de indivíduos homozigotos para qualquer dos alelos foi menor que a idade média de morte dos heterozigotos, indicando um mau prognóstico para indivíduos homozigotos, excetuando-se os homozigotos dos alelos HLA-A\*02:01 e HLA-A\*03:01. Por fim, os estudos que abordam a associação do antígeno leucocitário humano (HLA) classe I com a severidade e gravidade da COVID-19 sugerem que o perfil genético interfere na variedade clínica de pacientes acometidos pela COVID-19, a partir de dados epidemiológicos e mecanismos de sequenciamento genético dos pacientes admitidos no estudo. Parte dos dados encontrados condizem com a literatura atual, mas muitos dos achados são inéditos ou contradizem estudos anteriores. Dessa maneira, o estudo contribui para elucidar a relação entre genética e clínica da doença, permitindo que, com base nos

<sup>1</sup> Universidade de Brasília

<sup>2</sup> Universidade de Brasília

<sup>3</sup> Universidade de Brasília

<sup>4</sup> Universidade de Brasília

escores de risco de diversos perfis genéticos, medidas preventivas e terapêuticas possam ser efetivadas para mitigar o avanço e casos graves e gravíssimos da doença.

**PALAVRAS-CHAVE:** Antígeno leucocitário humano, COVID-19, Resposta imune, SARS-CoV-2, Suscetibilidade genética