



INFEMECOG

La delección del receptor NKG2C que codifica el gen KLRC2 y las variantes HLA-E son factores de riesgo para el COVID-19 grave

En el artículo de H. Vietzen y colaboradores se menciona que las variantes genéticas del huésped pueden contribuir a la gravedad de COVID-19. Los efectores antivirales NKG2C+ de las células NK potencialmente pueden limitar la extensión de las infecciones por SARS-CoV-2. El NKG2C es un receptor celular NK activado, codificado por el gen KLRC2, el cual se une a HLA-E en células infectadas que conduce a la activación de células NK. La delección heterocigótica u homocigótica KLRC2 (KLRC2del) puede ocurrir naturalmente y se asocia con un nivel de expresión NKG2C significativamente menor o ausente. Además, se producen variantes genéticas HLA-E*0101/0103, causadas por el polimorfismo de un solo nucleótido. En este estudio se investigó si la gravedad de COVID-19 está asociada con estas variantes genéticas.

Se investigó la distribución de la delección de KLRC2 y las variantes alélicas HLA-E*0101/0103 en una cohorte de estudio de 361 pacientes con COVID-19 leve (n=92) o grave (n=269).

Se encontró que principalmente el KLRC2del y en menor grado el HLA-E*0101 estaban significativamente sobre-representados en pacientes hospitalizados ($p=0.0006$ y $p=0.01$), particularmente en pacientes que requerían cuidados intensivos ($p<0.0001$ y $p=0.01$), en comparación con pacientes con síntomas leves. Ambas variantes genéticas fueron factores de riesgo independientes para COVID-19 grave.

Los datos muestran que las variantes genéticas en el eje NKG2C/HLA-E tienen un impacto significativo en el desarrollo de infecciones graves por SARS-CoV-2 y pueden ayudar a identificar pacientes con alto riesgo de COVID-19 grave.