

EVALUACION DEL PERFIL TRANSCRIPTÓMICO INMUNOLÓGICO Y VARIANTES GENÉTICAS DEL SARS-COV-2 COMO PREDICTORES DE SEVERIDAD DE LA ENFERMEDAD COVID-19.

Jhony A. De La Cruz Vargas, Aly Arnau Gallo Lopez, Diego Ernesto Valencia Chambi, Alessandra Fazio, Joan Loayza Castro.

Instituto de Investigacion en Ciencias Biomedicas, Universidad Ricardo Palma & ARCPER.

Introduccion: La variabilidad genetica del SARS-CoV-2 ha sido reportada por varios autores. La respuesta del huesped frente al virus es clave para determinar su evolucion. El objetivo es identificar genes o vías de señalización de respuesta antiviral o pro inflamatoria en el huésped asociadas a variantes genéticas de SARS-CoV-2 que permitan predecir la progresión de COVID-19 moderado a Severo.

Métodos: Estudio observacional, exploratorio de identificacion pronóstica, en pacientes hospitalizados con COVID-19 comparando aquellos con evolucion favorable con los afectados severamente. Del hisopado nasal se extraera RNA viral, Según procedimiento se extraerá RNA y se convertirá a DNA. De muestras sanguíneas de los días 1, 5 y 10 de hospitalización se extraerá RNA/DNA. Las muestras serán centrifugadas para la obtención de plasma y preservadas a -80 °C. Se procederá a preparar manualmente las librerías genéticas a partir del cDNA de sangre y del virus. El análisis de la data primaria se realizará con el software Torrent Suite. Se determinará los genes diferencialmente expresados y el análisis de enriquecimiento de genes entre pacientes. Adicionalmente se realizará una RT-PCR para evaluar polimorfismos de genes específicos: ACE2, VEGFA. Se correlacionará el perfil inmunológico del huésped con las variantes genéticas de SARS-CoV-2. Se utilizará un modelo estadístico predictivo para establecer un perfil inflamatorio/viral que determine la progresión a COVID-19 severo.

Resultados Esperados: Validacion de resultados previos que demuestran la presencia de un incremento en la expresión de citoquinas proinflamatorias como IL-6 y TNF. Se espera encontrar una respuesta antiviral disminuida en aquellos pacientes que presentan una evolución desfavorable. Además se evaluarán otros genes de la inmunidad innata y adaptativa que puedan estar asociados a la progresión a un cuadro de COVID-19 severo, así como evaluar genes de predisposición genética para enfermedad grave, que serán complementados con la evaluación de los polimorfismos ACE-2 y VEGFA. El estudio permitirá identificar la cepa prevalente en pacientes con COVID-19 moderado en Perú y variantes asociadas a una evolución desfavorable o a un perfil inmunológico específico, además de evaluar predisposición genética basal. Finalmente, este estudio puede potencialmente permitirnos identificar pacientes con un perfil inmunológico que respondan mejor a una terapia específica.