**INFLUÊNCIA GENÉTICA NA SUSCETIBILIDADE AO COVID-19:**

**UMA REVISÃO DE LITERATURA**

Pedro Henrique Buarque de Carvalho¹; Cristimar da Silva Ferreira Júnior1; Laura Clarine Ludovico dos Santos1; Luana Vitória Alves Amorim1; Prof. Dr. Velber Xavier Nascimento2.

1Discentes de Biomedicina, Centro Universitário CESMAC;  2Docente Orientador, Centro Universitário CESMAC

pedrohbc610@hotmail.com

Biomedicina, Centro Universitário CESMAC

(82) 99631-4778

cristimarjr.1@hotmail.com

Biomedicina, Centro Universitário CESMAC

(82) 98803-4072

laura.ludovico@outlook.com

Biomedicina, Centro Universitário CESMAC

(82) 99345-3555

luanavaamorim@gmail.com

Biomedicina, Centro Universitário CESMAC

(82) 98844-0154

velberxavier@gmail.com

Docente, Centro Universitário CESMAC

**RESUMO**

INTRODUÇÃO: O novo coronavírus (SARS-CoV-2), o qual surgiu na china no final de 2019, vem causando inúmeras mortes e alto índice de contaminação. O SARS-CoV-2 é um coronavírus de RNA caracterizado por alta capacidade de mutação, com isso, vários pesquisadores ao redor do mundo investigam seus aspectos. Estudos recentes mostram uma maior suscetibilidade ao vírus a pessoas com perfil genético específico. OBJETIVO: Entender a possível influência genética na suscetibilidade ao COVID-19 através de uma revisão de literatura. MÉTODOS: Foi realizado um estudo bibliográfico exploratório, através das bases de dados Scielo, Google Acadêmico, PubMed e NCBI, com os termos “covid similarity”, “genetic similarity covid” e “genetic and covid”. RESULTADOS: Estudos recentes revelam que a Enzima de Conversão da Angiotensina 2 (ACE2) quanto a Protease Serina Transmembrana tipo 2 (TMPRSS2), desempenham papel crucial para a entrada do vírus nas células hospedeiras, onde, ACE2 é considerado o principal receptor para o pico da proteína (S), através do qual o vírus pode se ligar às células-alvo1. Enquanto o gene TMPRSS2 cliva a proteína (S), permitindo a fusão adicional do vírus e da membrana celular2. As tendências atuais mostram que alelos de polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) do gene ACE2 e variantes genéticas de TMPRSS2, podem determinar um espectro multifatorial complexo de virulência de SARS-CoV2 entre pacientes e prever a suscetibilidade a COVID-193. Variações genéticas e epigenéticas nos genes ACE2, TMPRSS2 e FURIN, como componentes centrais para a entrada da célula SARS-CoV-2, e também em outras moléculas que modulam sua expressão como os genes CALM, ADAM-17, AR e ESRs pode discriminar potencialmente indivíduos que apresentam risco aumentado de infecção por SARS-CoV-2 ou são potencialmente resistentes4. A maioria desses genes está relacionada ao sistema imunológico e aos órgãos respiratórios, o que enfatiza o fato de que a doença pulmonar obstrutiva crônica enfraquece esse sistema e torna os pacientes mais suscetíveis a desenvolver COVID-19 grave5. O sistema de antígeno Leucocitário Humano (HLA), se mostrou ser crucial na influência de susceptibilidade e gravidade do COVID-196 além de ser um dos sistemas mais polimórficos7. As diferenças genéticas nos genes HLA são bem conhecidas por influenciar as variações individuais na resposta imune aos patógenos8. CONCLUSÕES: Estudos sobre esses genes podem trazer melhor tratamento aos indivíduos infectados e medidas preventivas contra o Sars-CoV2.

Palavras chave: Suscetibilidade genética; covid; genes

REFERÊNCIAS

1 – Galisa SLG, Almeida RM de S, Soares ARAP, Ribeiro RRA, Pereira FRA, Gomes KAL, Oliveira MEC de, Nóbrega WFS, Andrade LS dos S, Santos TT de M, Silva BL. Influence of genetic suscetibility on the incidence and mortality of COVID-19 (SARS-COV-2). RSD [Internet]. 2021Jan.17 [cited 2021Apr.18];10(1):e31810111812. Available from: https://rsdjournal.org/index.php/rsd/article/view/11812

2 – Alshahawey M, Raslan M, Sabri N. Sex-mediated effects of ACE2 and TMPRSS2 on the incidence and severity of COVID-19; The need for genetic implementation. Current Research in Translational Medicine. 2020 Nov 1;68(4). https://doi.org/10.1016/j.retram.2020.08.002

3 – Chiappelli F. CoViD-19 Susceptibility. Bioinformation. 2020 Jul 31;16(7):501-504. doi: 10.6026/97320630016501. PMID: 32994673; PMCID: PMC7505245

4 - Ragia G, Manolopoulos VG. Assessing COVID-19 susceptibility through analysis of the genetic and epigenetic diversity of ACE2-mediated SARS-CoV-2 entry. Pharmacogenomics. 2020 Dec;21(18):1311-1329. doi: 10.2217/pgs-2020-0092. Epub 2020 Nov 27. PMID: 33243086; PMCID: PMC7694444.

5 - Sharma P, Pandey AK, Bhattacharyya DK. Determining crucial genes associated with COVID-19 based on COPD Findings✶,✶✶. Comput Biol Med. 2021 Jan;128:104126. doi: 10.1016/j.compbiomed.2020.104126. Epub 2020 Nov 21. PMID: 33260035; PMCID: PMC7680043.

6 - Debnath M, Banerjee M, Berk M. Genetic gateways to COVID-19 infection: Implications for risk, severity, and outcomes. FASEB Journal. 2020 Jul 1;34(7). https://doi.org/10.1096/fj.202001115R

7- Mohammadpour S, Torshizi Esfahani A, Halaji M, Lak M, Ranjbar R. An updated review of the association of host genetic factors with susceptibility and resistance to COVID-19. J Cell Physiol. 2021 Jan;236(1):49-54. doi: 10.1002/jcp.29868. Epub 2020 Jun 15. PMID: 32542735; PMCID: PMC7323230.

8 - Gutierrez L, Beckford J, Alachkar H. Deciphering the TCR Repertoire to Solve the COVID-19 Mystery. Trends Pharmacol Sci. 2020 Aug;41(8):518-530. doi: 10.1016/j.tips.2020.06.001. Epub 2020 Jun 20. PMID: 32576386; PMCID: PMC7305739.