

SIN LENTES

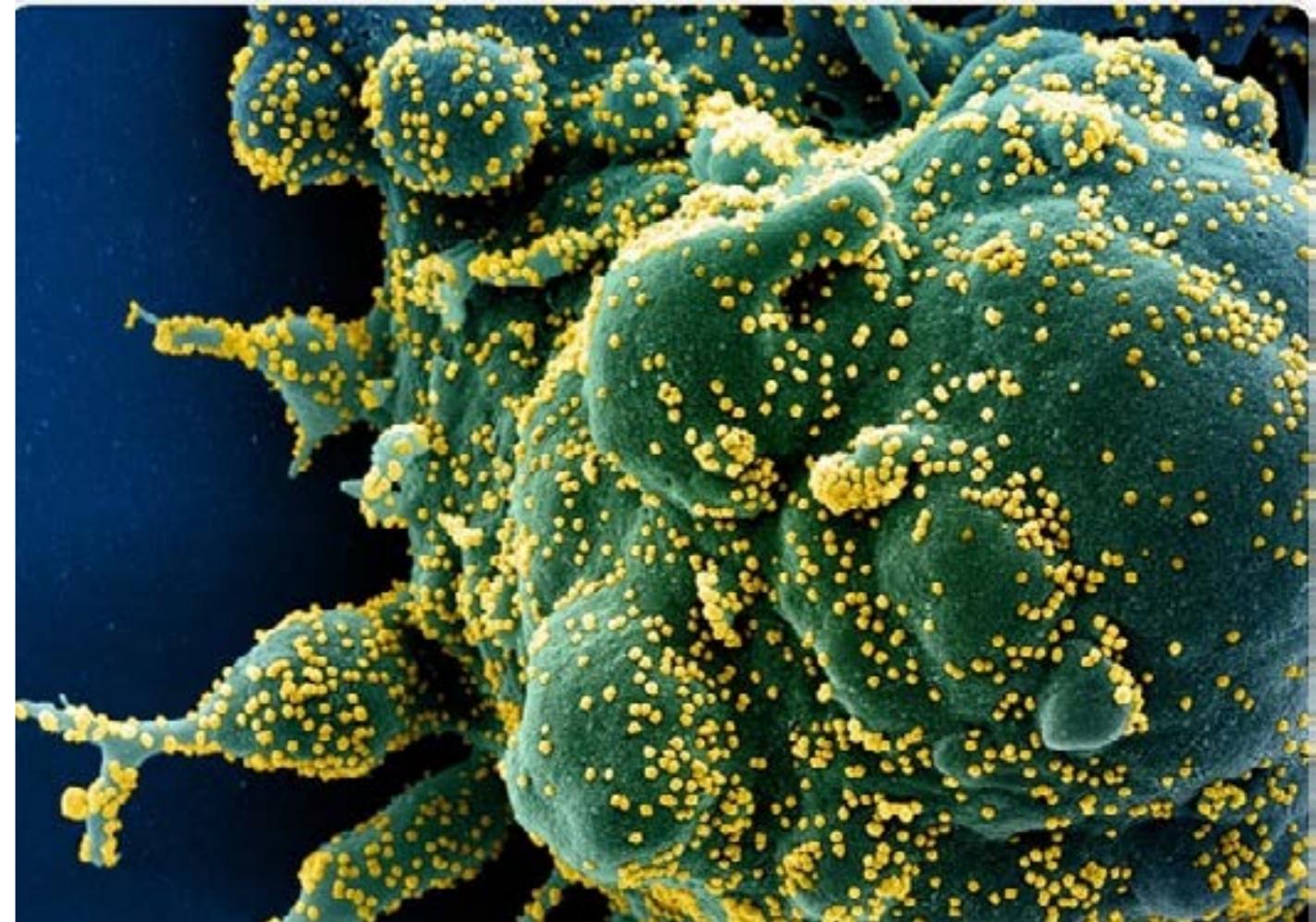
LOS PACIENTES RECUPERADOS DEL COVID-19 PUEDEN SEGUIR CON UNA RESPUESTA HIPERINFLAMATORIA.

En un estudio reciente (Wen y col., 2020), se caracterizó de manera integral los cambios transcripcionales en las células mononucleares de sangre periférica durante la etapa de recuperación de COVID-19 mediante la técnica de secuenciación de ARN de células individuales. Los resultados obtenidos indican que las células T disminuyeron notablemente, mientras que los monocitos con alta expresión de genes proinflamatorios aumentaron en pacientes en la etapa de recuperación temprana (ERS) de COVID-19. Este estudio proporciona la primera evidencia de una firme respuesta inmune inflamatoria durante la ERS, lo que sugiere que los pacientes con COVID-19 siguen siendo vulnerables después del alta hospitalaria.

Se ha observado en la infección por coronavirus una desregulación del sistema inmunitario, como linfopenia y tormenta de citoquinas inflamatorias, la cual se piensa que está asociada con la gravedad de las infecciones por coronavirus patógenos, como el coronavirus por síndrome respiratorio agudo severo (SARS-CoV) y el coronavirus por síndrome respiratorio del Medio Oriente (MERS-CoV) infecciones^{1,2}. Con respecto a COVID-19, estudios recientes también encontraron disminuciones en el número de linfocitos y aumentos en los niveles de citocinas inflamatorias en suero en sangre periférica^{3,4}.

Sin embargo, no se conoce como cambian los subgrupos de células inmunes claves y sus estados funcionales durante COVID-19. Es por ello que los investigadores de este trabajo se enfocaron en definir estos subgrupos celulares en COVID-19, lo cual, es un paso crucial para obtener información crítica sobre el mecanismo de depuración inmune del virus y desarrollar nuevas estrategias terapéuticas para COVID-19.

Los investigadores aplicaron la secuenciación de ARN de una sola célula (scRNA-seq) para caracterizar de manera integral los cambios en las células mononucleares de sangre periférica (PBMC) de 10 pacientes con COVID-19.



Ese estudio describió un panorama de transcriptoma de alta resolución de subgrupos de células inmunes de la sangre durante la etapa de recuperación de COVID-19. Reveló que, en comparación con los controles sanos (HC), predominaban los monocitos que contenían una alta expresión de genes inflamatorios y subconjuntos de IL1β+, mientras que las células T CD4+ disminuyeron notablemente en pacientes en la etapa de recuperación temprana de COVID-19. Finalmente, encontraron que los clones de células T y B se expandieron mucho durante la etapa de recuperación en pacientes con COVID-19.

Todos estos resultados llevan a la conclusión, que este estudio proporcionó el primer atlas inmune de pacientes que se recuperaron de COVID-19 e identificaron desregulación inmune adaptativa después del alta. La expansión clonal de las células T y B indicó que el sistema inmune se ha recuperado gradualmente; sin embargo, la respuesta hiperinflamatoria sostenida durante más de 7 días después del alta sugirió la necesidad de observación médica

después de que los pacientes sean dados de alta del hospital.

REFERENCIAS

1. Assiri, A. et al. Epidemiological, demographic, and clinical characteristics of 47 cases of Middle East respiratory syndrome coronavirus disease from Saudi Arabia: a descriptive study. *Lancet Infect Dis.* 13, 752-761 (2013).
2. Yin, Y. et al. MERS, SARS and other coronaviruses as causes of pneumonia. *Respirology* 23, 130-137 (2018).
3. Huang, C. et al. Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. *Lancet* 395, 497-506 (2020).
4. Wang, D. et al. Clinical characteristics of 138 hospitalized patients with 2019 novel coronavirus-infected pneumonia in Wuhan, China. *JAMA* <https://doi.org/10.1001/jama.2020.1585> (2020).
5. Wen, W. et al. Immune cell profiling of COVID-19 patients in the recovery stage by single-cell sequencing. *Cell Discovery*. 6, 31. (2020).