



The Correlation of Single Nucleotide Polymorphism of the ACE2 rs4646116 Gene with The Severity of COVID-19

Manal Abdali AL-HIMADAWY^{1,*}, Wisam S. Abbod ALRUBAYE², Israa K. H AL-YASIRI³

¹ Lecturer Ph.D. College of Pharmacy, University of Kufa, Najaf City, Iraq

² Assis. Prof. Ph.D. College of Medicine, University of Al-Qadisiyah, Iraq

³ Prof. Ph.D. College of Medicine, Jabber Ibn Hyyan Medical University, Iraq

SUMMARY. Different genetic and immunological factors can affect the severity of Coronavirus disease 19. Angiotensin-converting enzyme 2 is a human receptor for Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus-2, and the successful interaction between the spike protein of the novel virus and Angiotensin-converting enzyme 2 is responsible for the initial and complete infection. The study aimed to evaluate the correlation between Single Nucleotide Polymorphisms of Angiotensin converting-enzyme 2, with disease severity of Coronavirus disease 19 in AL-Najaf province. The allele Specific-polymerase Chain reaction method was used for investigating Single Nucleotide polymorphisms of Angiotensin converting-enzyme 2 rs4646116 A/G in different states of Coronavirus disease 19 (COVID-19). The wild genotypes (GG) for ACE2 rs4646116 gene recorded a highly significant association $p = 0.0009$, and a high ratio in the control group (90%) in comparison with moderate cases of COVID-19 (60%). While the heterozygote genotype (GA) of the same gene showed a significant (p -value = 0.0144) and high ratio in moderate cases (30%) in comparison with the control group (10%). Conclusion: the wild genotype (GG) for Angiotensin converting-enzyme 2 rs4646116 gene may be associated with more protection from infection with COVID-19. While the polymorphism heterozygote genotype (GA) for the same gene may be associated with more susceptibility to infection with COVID-19.

RESUMEN. Diferentes factores genéticos e inmunológicos pueden afectar la gravedad de la enfermedad por coronavirus 19. La enzima convertidora de angiotensina 2 es un receptor humano para el síndrome respiratorio agudo severo Coronavirus-2, y la interacción exitosa entre la proteína de punta del nuevo virus y convertidora de angiotensina la enzima 2 es responsable de la infección inicial y completa. El estudio tuvo como objetivo evaluar la correlación entre los polimorfismos de nucleótido único de la enzima convertidora de angiotensina 2, con la gravedad de la enfermedad por coronavirus 19 en la provincia de AL-Najaf. Se utilizó el método de reacción en cadena de la polimerasa específica de alelo para investigar los polimorfismos de nucleótido único de la enzima convertidora de angiotensina 2 rs4646116 A/G en diferentes estados de la enfermedad por coronavirus 19 (COVID-19). Resultados: Los genotipos salvajes (GG) para el gen ACE2 rs4646116 registraron una asociación altamente significativa $p = 0.0009$, y una relación alta en el grupo control (90%) en comparación con casos moderados de COVID-19 (60%). Mientras que el genotipo heterocigoto (GA) del mismo gen mostró una relación significativa ($p = 0.0144$) y alta en casos moderados (30%) en comparación con el grupo control (10%). Conclusión: el genotipo salvaje (GG) para el gen rs4646116 de la enzima convertidora de angiotensina 2 puede estar asociado con una mayor protección contra la infección por COVID-19. Mientras que el polimorfismo del genotipo heterocigoto (GA) para el mismo gen puede estar asociado con una mayor susceptibilidad a la infección por COVID-19.

KEY WORDS: ACE2, ACE2 rs4646116 gene, human receptor of SARS-CoV-2, severity of COVID-19, SNP of ACE2.

* Author to whom correspondence should be addressed. *E-mail:* manala.alhimadawy@uokufa.edu.iq