

COVID-19 ИНФЕКЦИЯСИДА ГЕНЕТИК ХАВФ ОМИЛЛАРИНИНГ ПРОГНОСТИК АҲАМИЯТИ

Mirzoyeva M. R.

Бухоро давлат тиббиёт институти

<https://orcid.org/0000-0003-1014-9071>, mirzoyeva.mehriniso@bsmi.uz

Қосимов О. Ш.

Республика ўлат профилактика маркази Ўлат эпидемиологияси ва
бактериологияси лабораториясининг врач-эпидемиологи.

Холов У.А.

Бухоро давлат тиббиёт институти мустақил изланувчиси

<https://orcid.org/0009-0008-5603-8549>

<https://doi.org/10.5281/zenodo.22269603>

COVID-19 инфекциясининг клиник кечиши индивидуал иммун жавоб хусусиятлари билан чамбарчас боғлиқ. Иммун-яллиғланиш жараёнларини бошқарувчи генлардаги полиморф вариантлар касалликнинг оғир шакллари ривожланишига генетик мойилликни белгилаши мумкин. Шу нуқтаи назардан, яллиғланишга қарши муҳим цитокинлардан бири бўлган IL-10 генининг –1082 A/G (rs1800896) полиморфизмини ўрганиш COVID-19 оғир кечишини эрта башоратлашда муҳим аҳамият касб этади (1,2,3).

Калит сўзлар: COVID-19, IL-10, rs1800896, генетик полиморфизм, G аллели, GG генотиби, генетик хавф, прогноз.

Тадқиқот мақсади

COVID-19 инфекциясининг оғир кечиш хавфини баҳолашда IL-10 –1082 A/G (rs1800896) полиморфизми генотиплари ва аллелларининг прогностик аҳамиятини аниқлаш.

Материаллар ва усуллар

Тадқиқотда 40 нафар соғлом шахсдан иборат назорат гуруҳи, 92 нафар бемордан иборат қиёсий гуруҳ ва 98 нафар оғир кечувчи COVID-19 беморидан иборат асосий гуруҳ маълумотлари таҳлил қилинди. IL-10 –1082 A/G (rs1800896) полиморфизмининг AA, AG ва GG генотиплари ҳамда A ва G аллелларининг тарқалиши баҳоланди. Генотиплар тақсимооти Харди–Вайнберг мувозанати асосида текширилди. Генетик вариантларнинг касаллик оғирлиги билан боғлиқлигини баҳолашда χ^2 мезони, Odds Ratio (OR), 95% ишонч оралиғи, сезувчанлик, хослик ва AUC кўрсаткичларидан фойдаланилди.

Натижалар

IL-10 –1082 A/G полиморфизми генотипларининг тақсимланиши касаллик оғирлигига қараб сезиларли фарқ қилди. AA генотиби назорат гуруҳида 55,0%, қиёсий гуруҳда 43,5%, асосий гуруҳда эса 28,6% ҳолатда аниқланди. Унинг частотаси COVID-19 оғирлашиши билан камайиб борди ва фарқ статистик жиҳатдан ишончли бўлди ($\chi^2=11,82$; $p=0,003$). GG генотиби эса мос равишда 10,0%, 15,2% ва 24,5% ҳолатда қайд этилди, унинг оғир кечувчи беморларда кўпроқ учраши статистик аҳамиятга эга бўлди ($\chi^2=8,64$; $p=0,013$). AG генотиби бўйича ишончли фарқ аниқланмади ($p=0,118$).

Аллеллар таҳлилида A аллели назорат гуруҳида 72,5%, қиёсий гуруҳда 64,1% ва асосий гуруҳда 52,0% ни ташкил қилди. Унинг COVID-19 оғир кечишига нисбатан протектив аҳамияти қайд этилди — OR=0,41 (95% CI: 0,26–0,66; $p=0,001$). G аллели эса назорат гуруҳида 27,5%, қиёсий гуруҳда 35,9% ва асосий гуруҳда 48,0% ҳолатда учради.

G аллели ташувчиларида оғир COVID-19 ривожланиш хавфи 2,42 марта юқори бўлди (95% CI: 1,51–3,88; $p=0,001$).

Генотиплар бўйича хавф таҳлилида AA генотиби учун $OR=0,52$ ($p=0,041$), AG генотиби учун $OR=1,25$ ($p=0,412$), GG генотиби учун эса $OR=1,81$ ($p=0,037$) аниқланди. Демак, GG генотиби ташувчиларида COVID-19 оғир кечиш эҳтимоли тахминан 1,8 марта юқори бўлди.

Прогностик таҳлилда G аллели учун сезувчанлик 82%, хослик 64%, $AUC=0,73$ ни ташкил қилди. GG генотиби учун сезувчанлик 58%, хослик 85% ва $AUC=0,71$ бўлди. Бу G аллелининг оғир ҳолатларни эрта аниқлашда, GG генотипининг эса уларни тасдиқлашда муҳим диагностик аҳамиятга эга эканлигини кўрсатди.

Хулоса

IL-10 –1082 A/G (rs1800896) полиморфизмининг G аллели ва GG генотиби COVID-19 инфекциясининг оғир кечиши билан статистик жиҳатдан аҳамиятли боғлиқ. G аллели оғир кечиш хавфини 2,42 марта, GG генотиби эса 1,81 марта ошириши аниқланди. Аксинча, A аллели ва AA генотиби нисбатан протектив хусусият намоён этди. Шу сабабли IL-10 –1082 A/G полиморфизмининг G аллели ва GG генотипини COVID-19 оғир кечиш хавфини эрта баҳолашда қўшимча молекуляр-генетик маркер сифатида қўллаш мумкин.

Калит сўзлар: COVID-19, IL-10, rs1800896, генетик полиморфизм, G аллели, GG генотиби, генетик хавф, прогноз.

Adabiyotlar, References, Литературы:

1. Мирзоева М.Р., Холов У.А. COVID-19 беморларида иммунологик ва яллиғланиш маркерларининг диагностик аҳамияти // *New Day in Medicine*. – 2026. – №6(92). – Б. 544–549.
2. Abbood S.J.A., Anvari E., Fateh A. Association between interleukin-10 gene polymorphisms (rs1800871, rs1800872, and rs1800896) and severity of infection in different SARS-CoV-2 variants // *Human Genomics*. – 2023. – Vol. 17. – Article 19.
3. Han H., Ma Q., Li C., et al. Profiling serum cytokines in COVID-19 patients reveals IL-6 and IL-10 are disease severity predictors // *Emerging Microbes & Infections*. – 2020. – Vol. 9, No. 1. – P. 1123–1130.