

ПРОГНОЗ ПРЕДРАСПОЛОЖЕННОСТИ ЧЕЛОВЕКА К РАЗВИТИЮ ВИРУСНОГО ГЕПАТИТА С ПО ПОЛИМОРФИЗМАМ ГЕНОВ ЦИТОКИНОВ G-308A TNFA, T-330G IL-2, C-590T IL-4, C-703T IL-5 И C-592A IL-10

Авдошина В.В., Дортман В.В., Коненков В.И.,
Белобородова Е.В.*, Рязанцева Н.В.*,
Наследникова И.О.*, Новицкий В.В.*

ГУНИИ клинической и экспериментальной лимфологии СО РАМН, Новосибирск, Россия;

*Сибирский государственный медицинский университет, Томск, Россия

Резюме. Целью данной работы явилось выявление аллельных вариантов генов цитокинов в точках полиморфизма G-308A TNFA, T-330G IL-2, C-590T IL-4, C-703T IL-5 и C-592A IL-10 и их влияние на предрасположенность и резистентность индивидов к развитию вирусного гепатита С. Обращает на себя внимание значительное повышение частоты встречаемости генотипа T/G T-330G IL-2 среди пациентов по сравнению со здоровыми лицами. Исследование характера распределения аллелей промотора гена C-590T IL-4 показал преимущественное распространение среди пациентов генотипа C/T. Среди пациентов с хроническим вирусным гепатитом С возрастает частота распространения генотипа G/A G-308A TNFA, редко выявляемого среди здоровых лиц. На основании анализа частоты встречаемости аллельных вариантов генов цитокинов в данных полиморфных точках мы получаем возможность с вероятностью 95% прогнозировать состояние предрасположенности к хронизации вирусного гепатита С при условии инфицирования данного индивида.

Ключевые слова: гепатит С, аллельный полиморфизм генов цитокинов.

Avdoshina V.V., Dortman V.V., Konenkov V.I., Beloborodova E.V., Rysantseva N.V., Naslednikova I.O., Novitsky V.V.

PROGNOSIS FOR PREDISPOSAL TO DEVELOPMENT OF VIRAL HEPATITIS C BASED ON G-308A TNFA, T-330G IL-2, C-590T IL-4, C-703T IL-5, AND C-592A IL-10 GENE POLYMORPHISMS

Abstract. The main objective of this work was to identify allelic variants of cytokine genes at the polymorphic positions of G-308A TNFA, T-330G IL-2, C-590T IL-4, C-703T IL-5, and C-592A IL-10, and to assess their contribution to predisposition and resistance of human patients to progression of viral hepatitis C infection. We observed significant increase in frequency of T/G T-330G IL-2 genotype in HCV-infected patients, as compared to healthy individuals. Distribution analysis of C-590T promoter alleles of the IL-4 gene displayed a wide overrepresentation of C/T genotype among HCV-infected patients. Likewise, we have shown the G/A genotype of G-308A TNFA to be highly frequent in the group of HCV-infected patients, whereas this genotype was rare in the sample of healthy persons. When analysing allelic frequencies of cytokine genes at these polymorphic positions, we get an opportunity to predict predisposal for the chronic variant of viral hepatitis C in HCV-infected persons. (*Med. Immunol.*, 2006, vol.8, № 5-6, pp 715-720)