

УДК: 578.5:[616.98:578.828HIV+616.36-002.2](571.6)

DOI: 10.62963/2073-2899-2024-46-45-49

ОСОБЕННОСТИ ГЕНОТИПИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ ВИЧ-1 И ВИРУСА ГЕПАТИТА С СРЕДИ ПАЦИЕНТОВ С МИКСТ-ИНФЕКЦИЕЙ ВИЧ И ХРОНИЧЕСКИМ ГЕПАТИТОМ С В СУБЪЕКТАХ ДАЛЬНЕВОСТОЧНОГО РЕГИОНА

Е.А. Базыкина, В.О. Котова, О.Е. Троценко, Л.А. Балахонцева

ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора, Российская Федерация, г. Хабаровск

Проведен сравнительный анализ распределения геновариантов ВИЧ-1 и вируса гепатита С среди пациентов с моно- и сочетанной инфекцией, проживающих в субъектах Дальневосточного федерального округа. Установлен факт более частого выявления суб-субтипа А1 (84,7%) ВИЧ-1 у лиц, живущих с ВИЧ, в сравнении с пациентами с сочетанным инфицированием ВИЧ и хроническим гепатитом С (62,8%). Среди последних уровень распространенности рекомбинантных форм ВИЧ-1 оказался в 2,7 раза выше (32,6%) относительно ВИЧ-моноинфицированных (11,9%). У пациентов с сочетанной инфекцией ВИЧ – хронический гепатит С выявлена более частая регистрация субтипа 3а вируса гепатита С (49,1%). Реже встречались геноварианты 1b (40,6%), 2 (5,7%) и 1а (4,7%). При этом в целом среди лиц, инфицированных ВИЧ и вирусом гепатита С, и пациентов с хроническим гепатитом С – моноинфекцией отличий в распределении генотипов вируса гепатита С практически не отмечено. Наряду с оценкой общих закономерностей циркуляции генетических вариантов возбудителей инфекционных заболеваний рекомендуется определение особенностей их распределения в зависимости от пола и наличия сочетанного инфицирования другими вирусными агентами.

Ключевые слова: ВИЧ-инфекция, вирусный гепатит С, сочетанное инфицирование, генотипы, Дальневосточный федеральный округ

PECULIARITIES OF GENOTYPE DISTRIBUTION OF HIV-1 AND HEPATITIS C VIRUS AMONG PATIENTS WITH HIV AND CHRONIC HEPATITIS C CO-INFECTION IN CONSTITUENT ENTITIES OF THE FAR EASTERN FEDERAL DISTRICT

E.A. Bazykina, V.O. Kotova, O.E. Trotsenko, L.A. Balakhontseva

FBUN Khabarovsk research institute of epidemiology and microbiology of the Federal service for surveillance on consumers' rights protection and human wellbeing (Rospotrebnadzor), Russian Federation, Khabarovsk

A comparative analysis of HIV-1 and hepatitis C virus (HCV) among patients with mono-infection as well as co-infection residing in constituent entities of the Far Eastern Federal district. It was established that HIV-1 sub-subtype A1 (84.7%) was detected more frequently among people living with HIV (PLWH) compared to individuals co-infected with HIV-1 and HCV (62.8%). Among the latter, prevalence of HIV-1 recombinant forms was 2.7 times higher (32.6%) compared to HIV mono-infected people (11.9%). HCV subtype 3a was identified more frequently among patients co-infected with HIV-1 and HCV (49.1%). HCV 1b (40.6%), 2 (5.7%) and 1a (4.7%) genovariants were less common. However, in general, there were practically no differences in the distribution of HCV genotypes between examined groups. In addition to evaluating general patterns of pathogens genetic variants circulation, it is advisable to estimate peculiarities of their distribution depending on gender and presence of co-infection.

Key words: HIV-infection, viral hepatitis C, co-infection, genotypes, Far Eastern Federal district

ВИЧ-инфекция и вирусный гепатит С продолжают оставаться острыми проблемами современного здравоохранения. Оба заболевания являются хроническими и эффективные вакцины против них до сих пор не разработаны [6, 8, 10, 13, 19]. Одной из причин низкой эффективности иммунобиологических препаратов может быть высокая частота мутаций генов ВИЧ и вируса гепатита С (ВГС), в

связи с чем антитела, вырабатываемые на вакцинные варианты вирусов, не обладают протективными свойствами.

Например, у ВИЧ-1 число замен нуклеотидных последовательностей (н.п.) в год, согласно результатам различных исследований, может составлять от 1.3×10^{-3} до 3.5×10^{-3} , для ВГС – порядка 7.7×10^{-4} , когда у вируса гепатита В (ВГВ), например, оно на порядок ниже – $1.4\text{--}3.2 \times 10^{-5}$ [11, 14, 15].

Следует отметить, что частота возникновения мутаций не является постоянной и может зависеть от разных факторов. Например, частота мутаций ВГС среди лиц, потребляющих инъекционные психотропные вещества, выше, чем в общей популяции (5.7×10^{-3} и 7.7×10^{-4} замен н.п. в год) [17].

Существует также определенная закономерность генотипического разнообразия вирусов в отдельных группах лиц. Например, в Китае (провинция Цзянсу) рекомбинант ВИЧ-1 CRF08_BC выявлялся чаще среди женщин по сравнению с мужчинами, а такие суб-субтипы, как CRF07_BC и CRF08_BC – среди потребителей инъекционных наркотиков (ПИН) в южной части КНР, в то время как доминирующим суб-субтипом являлся CRF01_AE [18, 20, 21].

Распределение генотипов ВГС также имеет свои особенности. Так, в группе ПИН нередко встречается субтип 3а, причем данная тенденция характерна для разных стран мира. Например, в Сербии среди ПИН отмечена более частая циркуляция 3 и 4 генотипов ВГС, в частности среди лиц с сочетанным инфицированием ВИЧ-ВГС, в Испании – 1а и 3а [12]. На территории Российской Федерации и стран постсоветского пространства 3а субтип ВГС присущ для ПИН [1, 3].

Таким образом, проведение сравнительной оценки молекулярно-генетических детерминант вирусов может выявить определенные особенности, в том числе в различных группах обследованных.

Цель исследования: провести сравнительную оценку распределения геновариантов ВИЧ-1 и ВГС среди пациентов с моно- и сочетанной инфекцией, проживающих в субъектах Дальневосточного федерального округа (ДФО).

Материалы и методы

Для достижения цели исследования был осуществлен сравнительный анализ генотипов ВИЧ-1, полученных от пациентов с ВИЧ-моноинфекцией (n=59) и сочетанным инфицированием ВИЧ-ХГС (n=43), а также геновариантов ВГС, полученных от обследованных с ХГС-моноинфекцией (n=88) и ВИЧ-ХГС микст-инфекцией (n=106).

Биологический материал поступал из следующих субъектов ДФО: Хабаровского края, ЕАО, Республики Саха (Якутия), Магаданской, Амурская и Сахалинская области, а также Чукотского автономного округа. Все участники исследования были зарегистрированы в региональных Центрах по профилактике и борьбе со СПИД и инфекционных заболеваний. От всех пациентов были получены информированные согласия на участие в исследовании. Сбор образцов крови проводился на базе территориальных центров по профилактике и борьбе со СПИД субъектов ДФО.

Генотипирование ВГС проводилось с помощью тест-системы «АмплиСенс® ВГС-генотип FL» (ФБУН «Центральный НИИ эпидемиологии» Роспотребнадзора) с пределом нижнего обнаружения равным 500 МЕ/мл. Для генотипирования ВИЧ-1 проводили секвенирование фрагментов области гена pol вируса, с использованием тест-системы «АмплиСенс® HIV-Resist-Seq» (ФБУН «Центральный НИИ эпидемиологии» Роспотребнадзора), согласно инструкции производителя.

Секвенирование проводили с использованием набора реагентов «BigDye Terminator™ v 3.1» на генетическом анализаторе Applied Biosystems 3500 Genetic Analyzer (Life Technologies, США). Сборка нуклеотидных последовательностей (н.п.) проводилась с помощью программного обеспечения «ДЕОНА» (ООО «МедАйТи Групп», Россия). Выравнивание полученных н.п. осуществляли в программе BioEdit v.7.1.9 посредством алгоритма ClustalW. Оценку подтиповой принадлежности проводили с применением онлайн-программ REGA HIV-1 Subtyping Tool, версия 3 (<http://hivdb.stanford.edu>), а также программы COMET HIV-1/2 [4].

Проводился расчет средних величин (М) и 95% доверительного интервала (95% ДИ). Статистическую значимость полученных различий подтверждали с помощью χ^2 Пирсона с поправкой Йейтса ($\chi^2_{\text{Йейтса}}$) при $p < 0.05$.

Результаты и обсуждение

Молекулярно-генетический анализ позволил определить спектр и современные особенности распространения циркулирующих генетических вариантов ВИЧ-1. Согласно ранее опубликованной нами работе, среди 206 изолятов ВИЧ-1, выделенных от граждан, постоянно проживавших на территории ДФО, на момент обследования продолжал доминировать суб-субтип вируса А6, выявленный в 147 (71,4%; 95% ДИ: 65,0 – 77,3%) случаях. У 14 (6,8%; 95% ДИ: 3,8 – 10,6%) человек определен субтип В, у 4 (1,9%; 95% ДИ: 0,5 – 4,3%) – субтип С [5].

К своеобразным проявлениям ВИЧ-инфекции в ДФО следует отнести довольно частое обнаружение рекомбинантных форм ВИЧ-1 (41 проба или 19,9%; 95% ДИ: 9,3 – 25,6%). Установлено, что в большинстве случаев (в 27 из 41 пробы или в 65,8%; 95% ДИ: 50,8 – 79,4%) зафиксирован геновариант CRF63_02A1, представляющий собой продукт рекомбинации субтипа А и CRF02_AG ВИЧ. Среди субъектов ДФО примечателен факт преимущественного (в 25 из 27 проб) обнаружения этой рекомби-

нантной формы ВИЧ-1 в Еврейской автономной области (ЕАО). В восьми случаях (19,5%; 95% ДИ: 9,0 – 32,9%) выявлена рекомбинантная форма CRF02_AG; в трех пробах (7,3%; 95% ДИ: 1,4 – 17,1%) – рекомбинантная форма CRF01_AE; в 2 (4,9%; 95% ДИ: 0,5 – 13,5%) случаях – CRF03_AB; 1 (2,4%; 95% ДИ: 0,001 – 9,3%) образец был определен как рекомбинантная форма CRF11_spx [5].

Таким образом, Дальний Восток России характеризуется гетерогенностью генотипического пейзажа ВИЧ-1. Причем увеличение числа миграционных процессов способствует выявлению нехарактерных для ДФО геновариантов ВИЧ. Так, рекомбинантная форма ВИЧ-1 CRF01_AE характеризуется доминированием в странах Юго-Восточной Азии, например, Китае, Таиланде, Вьетнаме, Филиппинах, а CRF63_02A1 – превалированием в Сибирском Федеральном округе РФ [2, 7, 9, 16, 19].

Сравнительный анализ разнообразия субтипов ВИЧ-1 среди лиц с ВИЧ-моноинфекцией (n=59) и пациентов с ВИЧ-ХГС микст-инфекцией (n=43) позволил определить факт более частого выявления рекомбинантных форм ВИЧ-1 при сочетанном инфицировании с ВГС ($\chi^2_{\text{Йейтса}}=5,3$; $p=0,02$). Среди последних рекомбинантные формы ВИЧ-1 встречались в 32,6% (14/43; ДИ 95%: 19,5-47,1%), что в 2,7 раза выше, чем в группе ВИЧ-моноинфицированных лиц – 11,9% (7/59; ДИ 95%: 4,9-21,3%). В свою очередь в группе ВИЧ-моноинфицированных лиц статистически значимо чаще определялся суб-субтип А6 (50/59; 84,7% ДИ 95%: 74,5-92,7%) по сравнению с группой пациентов с ВИЧ-ХГС микст-инфекцией (27/43; 62,8%, ДИ 95%: 48,0-76,5%; $\chi^2_{\text{Йейтса}}=5,3$; $p=0,02$). Статистически значимых отличий между субтипами ВИЧ-1 среди мужчин и женщин не выявлено (табл. 1).

Таблица 1.

Сравнительная характеристика молекулярно-генетического разнообразия ВИЧ-1 среди ЛЖВ с моноинфекцией и ВИЧ-ХГС микст-инфекцией

Группа	Генова- рианты	Ж		М		Всего	
		%	Абс.	%	Абс.	%	Абс.
ВИЧ- моноинфекция (n=59)	А6	84,21 [71,1-93,9]	32	85,71 [68,0-97,0]	18	84,75 [74,5-92,7]	50
	В	2,63 [0,002-10,0]	1	0	0	1,69 [0,001-6,5]	1
	С	2,63 [0,002-10,0]	1	0	0	1,69 [0,001-6,5]	1
	Рекомби- нанты	10,53 [2,9-22,1]	4	14,29 [3,0-32,0]	3	11,86 [4,9-21,3]	7
ВИЧ-ХГС микст- инфекция (n=43)	А6	60 [29,7-86,6]	6	63,64 [46,8-78,9]	21	62,79 [48,0-76,5]	27
	В	0	0	3,03 [0,002-11,5]	1	2,33 [0,001-8,9]	1
	С	10 [0,01-34,9]	1	0	0	2,33 [0,001-8,9]	1
	Рекомби- нанты	30 [7,1-60,3]	3	33,33 [18,5-50,1]	11	32,56 [19,5-47,1]	14

Таким образом, для населения ДФО характерно доминирование суб-субтипа А6 ВИЧ-1 в 72,1% (95% ДИ: 65,01–77,31%). В меньшем проценте случаев обнаружены субтипы В и С – соответственно в 6,8% (95% ДИ: 3,8–10,6%) и 1,9% (95% ДИ: 0,5–4,3%) случаев. Показан высокий уровень выявления рекомбинантных форм возбудителя – в 19,9% (95% ДИ: 9,3–25,6%). Среди последних наибольшее распространение получил рекомбинант CRF63_02A1 (65,8%; 95% ДИ: 50,8 – 79,4%). В группе ВИЧ-ХГС микст-инфицированных лиц значимо чаще определялись рекомбинантные формы ВИЧ-1.

Сравнительный анализ геновариантов ВГС, полученных от ЛЖВ, инфицированных ВГС (n=106), и пациентов с ХГС-моноинфекцией (n=88) не выявил статистически значимых отличий между группами. Так, 1b субтип ВГС был определен в 44,3% (39/88; 95% ДИ: 34,1 – 54,7%) среди обследованных с ХГС-моноинфекцией и в 40,6% (43/106; 95% ДИ: 31,4 – 50,0%) – в группе пациентов с микст-инфекцией ВИЧ-ХГС. Субтип 1a ВГС не выявлен среди ХГС-моноинфицированных обследованных, в группе ЛЖВ, инфицированных ХГС, его доля составила 4,7% (5/106; 95% ДИ: 1,5 – 9,5%). Генотип 3a ВГС определен соответственно в 40,9% (36/88; 95% ДИ: 30,9-51,3) и 49,1% (52/106; 95% ДИ: 39,6 – 58,5%), 2 генотип – в 14,8% (13/88; 95% ДИ: 8,2-22,9) и 5,7% (6/106; 95% ДИ: 2,1 – 10,8%) (табл. 2).

Следует отметить, что в группе обследованных с ХГС-моноинфекцией определены некоторые отличия в распределении генотипов ВГС. Так, 3a генотип чаще определялся среди мужчин с ХГС ($\chi^2_{\text{Йейтса}}=4,5$; $p=0,034$), чем у женщин с тем же диагнозом. Среди ЛЖВ, инфицированных ВГС, гендерных отличий в распределении генотипов не выявлено (табл. 2).

Таблица 2.

**Сравнительная характеристика молекулярно-генетического разнообразия ВГС
среди пациентов с ВИЧ-ХГС микст-инфекцией и ХГС-моноинфекцией**

Группы обследованных	Геноварианты	Женщины		Мужчины		Всего	
		%	Абс.	%	Абс.	%	Абс.
ХГС-моноинфекция (n=88)	1 b генотип	53,3 [38,8-67,6]	24	34,9 [21,5-49,6]	15	44,3 [34,1-54,7]	39
	1a	0	0	0	0	0	0
	2 генотип	17,8 [8,1-30,2]	8	11,6 [3,9-22,8]	5	14,8 [8,2-22,9]	13
	3a генотип	28,9 [16,72-42,8]	13	53,5 [38,6-68,0]	23	40,9 [30,9-51,3]	36
ВИЧ-ХГС микст-инфекция (n=106)	1b генотип	43,7 [30,6-66,2]	14	39,2 [30,1-52,5]	29	40,6 [31,4-50,0]	43
	1a	9,4 [30,6-66,2]	3	2,7 [30,6-66,2]	2	4,7 [1,5-9,5]	5
	2 генотип	0	0	8,1 [3,1-15,6]	6	5,7 [2,1-10,8]	6
	3 a генотип	46,9 [33,8-69,4]	15	50,0 [39,3-62,0]	37	49,1 [39,6-58,5]	52

Заклучение

Сравнительный анализ геновариантов ВИЧ-1 показал более частое выявление суб-субтипа А1 (84,7%) у лиц с ВИЧ-моноинфекцией, чем у пациентов с сочетанным инфицированием ВИЧ-ХГС (62,79%). Среди последних уровень распространенности рекомбинантных форм ВИЧ-1 оказался в 2,74 раза выше (32,56%) в сравнении с ВИЧ-моноинфицированными (11,86%).

Среди пациентов с сочетанной инфекцией ВИЧ-ХГС установлена преимущественная циркуляция субтипа 3a ВГС (49,06%). Реже встречались геноварианты 1b (40,56), 2 (5,66%) и 1a (4,72%). При этом в целом среди лиц, инфицированных ВИЧ-ВГС, и пациентов с ХГС-моноинфекцией отличий в распределении генотипов ВГС практически не отмечено.

Таким образом, при проведении анализа генетического разнообразия возбудителей инфекционных заболеваний целесообразно осуществление не только поиска общих закономерностей, но и оценки циркуляции геновариантов в зависимости от пола и наличия сочетанной инфекции.

Литература

1. Азимова С.М., Дустов А.Д., Турсунов Р.А. Хронический гепатит "С" в Таджикистане // Вестник Авиценны. – 2015. – № 2 (63). – С 82-89.
2. Гашникова, Н. М., Ивлев, В. В., Астахова, Е. М., Зырянова, Д. П., Гашникова, М. П., Москалева, Н. В. и др. Кемеровская область - " горячая точка" возникновения уникальных рекомбинантных форм ВИЧ-1 //Актуальные вопросы ВИЧ-инфекции. – 2016. – С. 58-64.
3. Жебрун А.Б., Калинина О.В. Вирусный гепатит С: эволюция эпидемического процесса, эволюция вируса // Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. – 2016. – № 1. – С.102-112.
4. Казеннова Е.В., Лаповок И.А., Васильев А.В., Лага В.Ю., Грезина Л.А., Волова Л.Ю. и др. Проблемы субтипирования ВИЧ1на основе анализа гена pol и способы их разрешения // ВИЧ-инфекция и иммуносупрессии. – 2010. – № 3(2). – С. 42-48.
5. Котова В.О., Троценко О.Е., Балахонцева Л.А., Базыкина Е.А. Молекулярно-генетическая характеристика вариантов ВИЧ-1, выделенных в субъектах Дальневосточного федерального округа // Вопросы вирусологии. – 2019. – № 64(2). – С. 79-89. DOI: <http://dx.doi.org/10.18821/0507-4088-2019-64-2-79-89>.
6. Andrianov A.K., Fuerst T.R. Immunopotentiating and Delivery Systems for HCV Vaccines // Viruses. – 2021. – V.13. – P. 981. doi: 10.3390/v13060981
7. Chen Y., Hora B., DeMarco T., et al. Increased predominance of HIV-1 CRF01_AE and its recombinants in the Philippines // J Gen Virol. – 2019. –V. 100(3). – P. 511-522. doi:10.1099/jgv.0.001198.
8. Dawood R.M., Moustafa R.I., Abdelhafez T.H., El-Shenawy R., El-Abd Y., Bader El Din N.G., Dubuisson J., El Awady M.K. A multiepitope peptide vaccine against HCV stimulates neutralizing humoral and persistent cellular responses in mice // BMC Infect Dis. –2019. – V. 9(1). – P. 932. doi: 10.1186/s12879-019-4571-5.
9. Do H.T., Nguyen D.T., Nguyen L.A.T., et al. An Alarmingly High Proportion of HIV-1 Isolates Carrying Mutations Corresponding to Resistance to Antiretroviral Drugs among HIV-Positive High-Risk Groups

- in Central Vietnam: a Substudy of the National Sentinel Survey // Jpn J Infect Dis. – 2017. – V. 70(6). – P. 621-627. doi:10.7883/yoken.JJID.2016.512.
10. Jacobson, J. M., Routy J.P., Welles S., et al. Dendritic cell immunotherapy for HIV-1 infection using autologous HIV-1 RNA: a randomized, double-blind, placebo-controlled clinical trial // J. Acquir. Immune Def. Syndr. – 2016. – V.72. – P. 31–38. doi: 10.1097/QAI.0000000000000926.
11. Patiño-Galindo J.Á., González-Candelas F. The substitution rate of HIV-1 subtypes: a genomic approach // Virus Evol. – 2017. – V.3(2):vex029. doi:10.1093/ve/vex029.
12. Salemovic D., Pesic-Pavlovic I., Jevtovic D., et al. Intravenous drug use - an independent predictor for HCV genotypes 3 and 4 infection among HIV/HCV co-infected patients // Arch Med Sci. – 2017. – V.;13(3). – P. 652-658. doi:10.5114/aoms.2017.66022.
13. Vieillard V., Combadière B., Tubiana R., Launay O., Pialoux G., Cotte L., Girard P.M., Simon A., Dudoit Y., Reynes J., Rockstroh J., Garcia F, Gatell J., Devidas A., Yazdanpanah Y., Weiss L., Fätkenheuer G., Autran B., Joyeux D., Gharakhanian S., Debré P., Katlama C. HIV therapeutic vaccine enhances non-exhausted CD4+ T cells in a randomised phase 2 trial // NPJ Vaccines. –2019. – V. 4 (25). – P. 1-25 doi: 10.1038/s41541-019-0117-5.
14. Riaz, N., Wu S., Yuan H., Fan H., et al. Evolutionary characteristics and immune mutation of hepatitis C virus genotype 1b among intravenous drug users in mainland, China // J Viral Hepat. – 2022. – V.29(3). – P. 209-217. doi:10.1111/jvh.13647.
15. Salpini R., Colagrossi L., Bellocchi M.C., et al. Hepatitis B surface antigen genetic elements critical for immune escape correlate with hepatitis B virus reactivation upon immunosuppression // Hepatology. – 2015. – V.61. – P. 823–833. DOI:10.1002/hep.27604.
16. Winichakoon P., Tongjai S.. The Emerging of CRF01_AE: A Clinical Story and Future HIV/AIDS Situation in Thailand // Curr HIV Res. – 2020. – V. 18(2). – P. 74-84. doi:10.2174/1570162X18666200129160723.
17. Wu S., Yuan H., Fan H., et al. Evolutionary characteristics and immune mutation of hepatitis C virus genotype 1b among intravenous drug users in mainland, China // J Viral Hepat. – 2022. – V.29(3). – P. 209-217. doi:10.1111/jvh.13647.
18. Xiao P., Zhou Y., Lu J., et al. HIV-1 genotype diversity and distribution characteristics among heterosexually transmitted population in Jiangsu province, China // Virol J. – 2019. – V.16(1). P. 51. doi:10.1186/s12985-019-1162-4.
19. Zhang P., Narayanan E., Liu Q., Tsybovsky Y., Boswell K., Ding S., et al. A multiclade env–gag VLP mRNA vaccine elicits tier-2 HIV-1-neutralizing antibodies and reduces the risk of heterologous SHIV infection in macaques // Nat Med. – 2021. – V.27. – P. 2234–45. doi: 10.1038/s41591-021-01574-5.
20. Zhao Y.T., Han Z.G., Wu H., et al. Characteristics and dynamics of HIV-1 subtype distribution among injected drug users in Guangzhou, 2008 – 2015 // Zhonghua Liu Xing Bing Xue Za Zhi. – 2019. – V.40(12). – P. 1629-1633. doi:10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2019.12.023.
21. Zhou P.P., Yu G., Kuang Y.Q., et al. Rapid and complicated HIV genotype expansion among high-risk groups in Guangdong Province, China // BMC Infect Dis. – 2019. – V.19(1). – P. 185. doi:10.1186/s12879-019-3788-7.

Авторы выражают благодарность сотрудникам региональных центров по профилактике и борьбе со СПИД и инфекционными заболеваниями в Магаданской, Еврейской автономной, Сахалинской, Амурской областях, Республике Саха (Якутия), Чукотском автономном округе и Хабаровском крае за предоставленные сведения и биологический материал.

Сведения об ответственном авторе:

Базыкина Елена Анатольевна - младший научный сотрудник лаборатории эпидемиологии и профилактики ВИЧ-инфекции и вирусных гепатитов ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора, e-mail: dvaids@mail.ru