

УДК: 004.65:578.5:578.828HIV(571.6)

О СОЗДАНИИ БАЗЫ ДАННЫХ «ГЕНОВАРИАНТЫ ВИЧ-1, ЦИРКУЛИРУЮЩИЕ НА ТЕРРИТОРИИ ДАЛЬНЕВОСТОЧНОГО ФЕДЕРАЛЬНОГО ОКРУГА»

Котова В.О., Троценко О.Е.

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

Разработана база данных (БД), позволяющая регистрировать, накапливать, систематизировать и анализировать информацию о распространении различных геновариантов ВИЧ-1, циркулирующих в Дальневосточном федеральном округе (ДФО).

Ключевые слова: база данных, ВИЧ-1, геноварианты

ON THE DEVELOPMENT OF DATABASE "GENETIC VARIANTS OF HIV-1 CIRCULATION IN THE FAR EASTERN FEDERAL DISTRICT"

Kotova V.O., Trotsenko O.E.

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

A database was developed in order to register, accumulate, systematize and analyze information concerning the distribution of various HIV-1 genovariants circulating in the Far Eastern Federal District.

Key words: database, HIV-1, genovariants

Изучение генетического разнообразия вируса иммунодефицита человека 1-го типа (ВИЧ-1), его территориальные особенности играют большую роль в совершенствовании эпидемиологического надзора за ВИЧ-инфекцией. Географическое распределение подтипов вируса подвержено постоянным изменениям. Так, важным аспектом современной эпидемии ВИЧ-инфекции на территориях РФ стало все более частое выявление ранее не встречавшихся (или редко встречавшихся) генетических вариантов, которые могут различаться по своим биологическим свойствам, по скорости эволюции вируса и прогрессированию заболевания.

Цель настоящей работы – создание региональной, пополняемой базы данных (БД), позволяющей регистрировать, систематизировать и анализировать сведения о распространении различных геновариантов ВИЧ-1, циркулирующих на территориях, входящих в состав Дальневосточного федерального округа (ДФО).

В качестве системы управления базой данных была применена Embedded версия SQLсервера «Firebird» версии 2.5. Общая структура БД представлена на рис.1.

Структура программы «Геноварианты ВИЧ-1, циркулирующие на территории Дальневосточного федерального округа»



Рис 1. Структурно-логическая схема базы данных

БД содержит следующую информацию: регистрационный номер, ФИО, возраст, пол пациентов, регион проживания, код причины заражения ВИЧ, дату первичного иммуноблота (ИБ), наименование геноварианта, номер регистрации в GenBank (при наличии), дату исследования, нуклеотидные последовательности (НП) в формате fasta, полученные в результате секвенирования амплифицированных фрагментов гена *pol*, кодирующих протеазу и часть обратной транскриптазы (2253-3368 н.п. относительно HXB-2, номер GenBank K03455) (рис 2, 3).

Рис. 2 Форма для введения информации при регистрации нового штамма

Результаты исследования

Анонимно, (15.04.1973)

Дата исследования 15.05.2015

Примечания

```
>601
ACTCTTTGGCAACGACCCGTTGT CACAATAAAATAGAAGGACAGCTAAAAGAAGCTCTA
TTAGATACAGGAGCAGATGATACAGTATTAGAAGACATAAATTTGCCAGGAAAATGGAAA
CCAAAAATGATAGGGGGAATTGGAGGTTTTATCAAAGTAAGACAGTATGATCAGATACCT
ATAGAAATTTGTGGGAAAAAGGCTATAGGTACGGTATTAGTAGGGCCTACCCCTGTCAAC
ATAATTGGAAGAAATATGTTGACTCAGCTTGGTTGTAATTTTAAATTTTCCAATAAGCCCT
ATTGA-CACTGTACCAGTAACATTAAGCCAGGAATGGATGGCCCAAAGGTTAAACAATG
GCCATTGACAGAAGAAAAAATAAAGCATTAAAGACATTTGTAAGGAGATGGAAAAGGA
AGGAAAAATTTCAAAAATTGGGCCTGAAAATCCATACAATACTCCAATATTTGTTATAAA
GAAAAAAGATAGCACTAAGTGGAGGAAATAGTAGATTT CAGGGAGCTCAATAAAGAAC
TCAGGACTTTTGGGAAGTTCAATTAGGAATACCCCATCCAGCGGGTTTAAAAAGAAAAA
ATCAGTAACAGTACTAGATGTGGGGGATGCATATTTTTCAGTTCCTTTAGATAAAAACTT
CAGAAAGTATACTGCATTACCAAACCTAGTATAAACAATGAGACACCAGGGATCATATT
TTTTTACAATGTACTCCCACAGGGATGGAAAGGATCACCATCAATATTCCAGAGTAGCAT
GACAAAAATCTTAGAGCCATT CAGATCAAAAAACCCAGACATAGTTATCTATCAATACAT
GGATGACTTGTATGTAGGCTCTGATTTAGAAATAGGGCAACATAGAACAAAAATAGAGGA
GTTRAGAGCTCATCTATTGAGCTGGGGATTTACTACACCAGACAAAAAGCATCAGAAAGA
```

OK Отмена

Рис. 3. Форма для внесения нуклеотидной последовательности в формате fasta

Созданная база данных позволяет формировать табличные выборки, показывающие зависимость распространения геновариантов на территориях ДФО от возраста, пола, даты первично-положительного иммуноблота (ИБ), пути инфицирования, региона проживания ВИЧ-инфицированного пациента (рис.4).

Зависимость геновариантов ВИЧ-1 от пола по регионам

27

Хабаровский край

25

Приморский край

14

Республика Саха (Якутия)

28

Амурская область

49

Магаданская область

65

Сахалинская область

79

ЕАО

87

ЧАО

	Код региона, пол															
Генетический вариант	14		25		27		28		49		65		79		Итого	
	Муж.	Жен.	Муж.	Жен.	Муж.	Жен.	Муж.	Жен.	Муж.	Жен.	Муж.	Жен.	Муж.	Жен.		
A6	22	21			13	11	5	5	7	6	15	9	13	20	147	
CRF01_AE				1											1	
CRF02_AG				2									1		3	
CRF06_cpx												1			1	
CRF63_02A6	9	5		1	2	2		1				2	24	7	53	
CRF63_A6													1		1	
G	1														1	
A	6	8													14	
B	2			1	1						1		5	7	17	
C		1	1			1							1	2	6	
Итого	40	35	1	18	14	8	5	8	6	16	12	45	36	244		

Рис. 4. Образец табличной выборки зависимости распространения геновариантов от пола и региона проживания пациента

Нуклеотидные последовательности, представленные в БД, могут быть интегрированы в различные онлайн-сервисы и базы данных с целью определения генотипа - COMET v.1 (<http://comet.retrovirology.lu/>), REGAHIV-1 Subtyping Tool (V3) (<http://dbpartners.stanford.edu:8080/RegaSubtyping/stanford-hiv/typingtool/>), NCBI BLAST (National Center for Biotechnology Information Basic Local Alignment Search Tool) (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov>) или идентификации мутаций лекарственной устойчивости к ингибиторам ферментов с применением программы HIVdbProgram Sequence Analysis, представленной на сайте Стэнфордского университета (<http://hivdb.stanford.edu>).

Коллекция НП БД может быть использована дополнительно в качестве контрольной группы при проведении эпидемиологического расследования случаев ВИЧ-инфекции на территориях ДФО, предположительно связанных с оказанием медицинской помощи, или при других, сложных с эпидемиологической точки зрения, случаях [1].

Таким образом, разработанная БД «Геноварианты ВИЧ-1, циркулирующие на территории Дальневосточного федерального округа», зарегистрированная в Реестре баз данных (№ 2022622435 от 06.10.2022 г.) [2], позволяет не только накапливать информацию об циркулирующих вариантах ВИЧ-1 в субъектах ДФО, но и использовать для научных исследований в области эпидемиологии, при генетическом анализе вируса и в системе эпидемиологического надзора при проведении эпидемиологических расследований.

База данных является пополняемой и на 01.04.2023 года содержит информацию о 426 штаммах различных геновариантов ВИЧ-1, циркулирующих на территориях ДФО.

Литература

1. СанПиН 3.3686-21 "Санитарно-эпидемиологические требования по профилактике инфекционных болезней". – 2021. – С.139.
2. Свидетельство о государственной регистрации базы данных № 2022622435 от 06.10.2022

Сведения об ответственном авторе:

Котова Валерия Олеговна – старший научный сотрудник, заведующая лабораторией эпидемиологии и профилактики вирусных гепатитов и СПИДа ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора, e-mail: dvaids@mail.ru