



## Эпидемиологические особенности ВИЧ-инфекции и молекулярно-генетическая характеристика ВИЧ-1, циркулирующего на территории Магаданской области

В.О. Котова<sup>1</sup>, Е.А. Базыкина<sup>1</sup>, Л.А. Балахонцева<sup>1</sup>, О.Е. Троценко<sup>1</sup>, Е.В. Семенова<sup>2</sup>,  
Л.Н. Вахнина<sup>2</sup>, О.Л. Журавкова<sup>2</sup>

<sup>1</sup> ФБУН «Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии» Роспотребнадзора,  
ул. Шевченко, д. 2, г. Хабаровск, 680610, Российская Федерация

<sup>2</sup> ГБУЗ «Магаданский областной диспансер фтизиатрии и инфекционных заболеваний»,  
ул. Попова, д. 7, корп. 2, г. Магадан, 685007, Российская Федерация

### Резюме

**Введение.** ВИЧ-инфекция продолжает оставаться одной из важнейших проблем здравоохранения во всем мире. Поскольку высокое генетическое разнообразие ВИЧ и формирование резистентности к антиретровирусным препаратам оказывают отрицательное влияние на достижение цели по искоренению инфекции, важно проводить регулярный мониторинг циркулирующих вариантов ВИЧ-1 на различных территориях.

**Цель исследования:** проведение эпидемиологического и молекулярно-генетического анализа вариантов ВИЧ-1, циркулирующих на территории Магаданской области, включая анализ мутаций лекарственной устойчивости.

**Материалы и методы.** Анализ эпидемиологической обстановки по ВИЧ-инфекции проведен на основании данных, предоставленных территориальным центром по борьбе и профилактике СПИД в Магаданской области, а также сведений Федеральной службы государственной статистики за 2019–2024 гг. Молекулярно-генетический анализ проведен для 39 образцов плазмы крови методом секвенирования по Сэнгеру фрагментов гена *pol*, кодирующего протеазу и часть обратной транскриптазы ВИЧ-1.

**Результаты.** В обследованной группе преобладал суб-субтип А6 (87,2 %). Выявлено 2 завозных случая инфицирования субтипом В (5,1 %). В 3 случаях (7,7 %) обнаружена рекомбинантная форма CRF63\_02A6. Мутации, ассоциированные с возникновением лекарственной устойчивости к антиретровирусным препаратам выявлены у 1 из 14 пациентов (7,1 %) не имеющих опыта терапии, и у 8 из 25 пациентов (32,0 %), находящихся на терапии.

**Заключение.** Проведенное исследование показало необходимость широкого внедрения современных молекулярно-генетических методов (секвенирования, филогенетического анализа, биоинформатических методов) в систему эпидемиологического надзора за ВИЧ-инфекцией на отдельных территориях Российской Федерации.

**Ключевые слова:** эпидемиологический анализ, ВИЧ-инфекция, субтипы ВИЧ-1, филогенетический анализ, лекарственная устойчивость, антиретровирусная терапия

**Для цитирования:** Котова В.О., Базыкина Е.А., Балахонцева Л.А., Троценко О.Е., Семенова Е.В., Вахнина Л.Н., Журавкова О.Л. Эпидемиологические особенности ВИЧ-инфекции и молекулярно-генетическая характеристика ВИЧ-1, циркулирующего на территории Магаданской области // Здоровье населения и среда обитания. 2025. Т. 33. № 12. С. 83–93. doi: 10.35627/2219-5238/2025-33-12-83-93

## Epidemiological Features of HIV Infection and Molecular Genetic Characteristics of HIV-1 Circulating in the Magadan Region

Valeriya O. Kotova,<sup>1</sup> Elena A. Bazykina,<sup>1</sup> Lyudmila A. Balakhontseva,<sup>1</sup> Olga E. Trotsenko,<sup>1</sup>  
Elena V. Semenova,<sup>2</sup> Larisa N. Vakhnina,<sup>2</sup> Olga L. Zhuravkova<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Khabarovsk Research Institute of Epidemiology and Microbiology,  
2 Shevchenko Street, Khabarovsk, 680610, Russian Federation

<sup>2</sup> Magadan Regional Dispensary of Phthisiology and Infectious Diseases,  
Bldg 2, 7 Popov Street, Magadan, 685007, Russian Federation

### Summary

**Introduction:** HIV infection remains one of the major public health problems worldwide. Since the high genetic diversity of HIV and the formation of resistance to antiretroviral drugs have a negative impact on achieving the goal of eradicating the infection, it is important to monitor circulating HIV-1 variants on different territories on a regular basis.

**Objective:** To conduct an epidemiological and molecular genetics analysis of HIV-1 variants circulating in the Magadan Region, including the analysis of drug resistance mutations.

**Materials and methods:** HIV infection rates were analyzed based on data provided by the Center for AIDS Control and Prevention in the Magadan Region and information from the Federal State Statistics Service for 2019–2024. Molecular genetics testing was performed for 39 blood plasma samples using Sanger sequencing of fragments of the *pol* gene encoding the protease and part of the HIV-1 reverse transcriptase.

**Results:** HIV-1 sub-subtype A6 prevailed in the examined group (87.2 %). We detected two imported cases of subtype B infection (5.1 %) and the recombinant of CRF63\_02A6 in three cases (7.7 %). Mutations associated with the development of antiretroviral drug resistance were found in 1 of 14 untreated patients (7.1 %) and in 8 of 25 patients (32.0 %) undergoing therapy.

**Conclusion:** The results highlight the importance of widespread introduction of modern molecular genetics methods (sequencing, phylogenetic analysis, and bioinformatic techniques) into the HIV surveillance system in certain territories of the Russian Federation.

**Keywords:** epidemiological analysis, HIV infection, HIV-1 subtypes, phylogenetic analysis, drug resistance, antiretroviral therapy.

**Cite as:** Kotova VO, Bazykina EA, Balakhontseva LA, Trotsenko OE, Semenova EV, Vakhnina LN, Zhuravkova OL. Epidemiological features of HIV infection and molecular genetic characteristics of HIV-1 circulating in the Magadan Region. *Zdorov'e Naseleniya i Sreda Obitaniya*. 2025;33(12):83–93. (In Russ.) doi: 10.35627/2219-5238/2025-33-12-83-93

**Введение.** ВИЧ-инфекция продолжает оставаться серьезной проблемой, несмотря на огромные усилия, предпринимаемые во всем мире для борьбы с распространением ВИЧ. На 31 декабря 2024 г. в Российской Федерации (РФ), по данным Роспотребнадзора, показатель пораженности ВИЧ-инфекцией составил 831,44 на 100 тыс. населения. По данным Росстата, в 2023 г. ВИЧ-инфекция была обозначена главной причиной смерти у 16 561 гражданина России<sup>1</sup>. Для Российской Федерации характерна территориальная неравномерность распространения ВИЧ-инфекции, обусловленная географическими и социально-экономическими факторами.

Одним из значительных препятствий в борьбе с эпидемией ВИЧ является способность вируса накапливать в своем геноме мутации, снижающие его чувствительность к антиретровирусным препаратам (АРВП) [1]. Это приводит к формированию лекарственной устойчивости (ЛУ) и повышению риска того, что назначенные схемы антиретровирусной терапии (АРТ) окажутся неэффективными [2, 3]. Исследования, проведенные Всемирной организацией здравоохранения (ВОЗ) по лекарственной устойчивости ВИЧ, показывают, что в мире растет число стран, превышающих 10% порог лекарственной устойчивости до начала лечения нуклеозидными ингибиторами обратной транскриптазы (НИИОТ)<sup>2</sup>.

Важнейшей составляющей эпидемиологического надзора за ВИЧ-инфекцией в РФ является проведение молекулярно-генетического мониторинга, включающего оценку генетического разнообразия ВИЧ и распространенность штаммов, обладающих устойчивостью к лекарственным препаратам [4, 5].

Проводимые ранее исследования по изучению генетического разнообразия ВИЧ-1 на территориях Дальневосточного федерального округа (ДФО) выявили существенные перемены в циркулирующих вариантах вируса за последние годы. Это выражается в снижении преобладания суб-субтипа А6, преобладающего на большинстве территорий РФ, и росте доли рекомбинантных форм и вариантов вируса, ранее не зарегистрированных в регионах округа. Специфические особенности эпидемии ВИЧ-инфекции выявлены на территории Приморского края. Здесь, в отличие от большинства регионов РФ, где эпидемия ВИЧ обусловлена распространением подтипа А6 ВИЧ-1, наблюдается активное распространение восточноевропейского варианта субтипа В ВИЧ-1 и регулярное выявление субтипа С, а также различных рекомбинантных форм вируса. Так, на территории края в 2023 г. зарегистрирована новая форма, являющаяся результатом рекомбинации между вирусами суб-субтипа А6 и С – CRF157\_A6C [6, 7]. На отдельных территориях округа зафиксиро-

вали следующие рекомбинантные варианты ВИЧ-1: CRF03\_AB, CRF02\_AG, CRF63\_02A1, CRF11\_cpx, CRF01\_AE, CRF09\_cpx, CRF07\_BC, URF63\_02A [8–10]. Наибольшая распространенность циркулирующих рекомбинантных форм отмечена на территориях Еврейской автономной (ЕАО) и Амурской областей [11, 12].

Несмотря на относительно стабильную ситуацию по заболеваемости ВИЧ-инфекцией в ДФО, в 2024 году 4 территории округа (Приморский край, Республика Бурятия, Магаданская область и Чукотский автономный округ) вошли в число 25 субъектов РФ с наиболее высокой заболеваемостью, превышающей общероссийский показатель<sup>3</sup>.

Магаданская область расположена на северо-востоке Российской Федерации, относится к району Крайнего Севера и входит в состав ДФО. Граничит на севере с Чукотским автономным округом, на востоке – с Камчатским краем, на западе – с Якутией, на юге – с Хабаровским краем. Город Магадан, являющийся административным центром области, – это крупнейший на Северо-Востоке России порт на побережье Охотского моря, через который проходит основной грузопоток, предназначенный для области. Развитие отдельных отраслей экономики, нуждающихся в рабочей силе, создает спрос на иностранных специалистов, которые ежегодно привлекаются на сезонные работы с других субъектов РФ, а также из стран ЕАЭС (Армения, Беларусь, Казахстан, Киргизия), Таджикистана и Узбекистана.

На 01.01.2025, по данным Роспотребнадзора, за все время мониторинга в Магаданской области зафиксировано 1079 граждан Российской Федерации, инфицированных ВИЧ. Кроме того, случаи ВИЧ-инфекции выявлены у 238 иностранных граждан, находящихся на территории области. По данным формы федерального статистического наблюдения № 1 «Сведения об инфекционных и паразитарных заболеваниях», в Магаданской области в 2024 году было зарегистрировано 53 новых случая заражения ВИЧ, включая 3 случая среди лиц, не являющихся гражданами России<sup>4</sup>.

**Цель исследования** – проведение эпидемиологического и молекулярно-генетического анализа вариантов ВИЧ-1, циркулирующих на территории Магаданской области, включая анализ мутаций лекарственной устойчивости.

#### **Материалы и методы**

**Эпидемиологический анализ.** Эпидемиологический анализ ситуации по ВИЧ-инфекции в Магаданской области в 2019–2024 гг. включал изучение следующих показателей: пораженности, заболеваемости, смертности и летальности. Для выполнения поставленных задач были использованы

<sup>1</sup> Государственный доклад «О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия населения в Российской Федерации в 2024 году». [Электронный ресурс.] Режим доступа: [https://www.rospotrebнадzor.ru/documents/details.php?ELEMENT\\_ID=30171&from=hivrussia.info](https://www.rospotrebнадzor.ru/documents/details.php?ELEMENT_ID=30171&from=hivrussia.info). (дата обращения: 05.08.2025).

<sup>2</sup> WHO. WHO releases HIV drug resistance report 2021. [Электронный ресурс.] Режим доступа: <https://www.who.int/news/item/24-11-2021-who-releases-hiv-drug-resistance-report-2021> (дата обращения: 10.06.2025).

<sup>3</sup> Государственный доклад «О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия населения в Российской Федерации в 2024 году». [Электронный ресурс.] Режим доступа: [https://www.rospotrebнадzor.ru/documents/details.php?ELEMENT\\_ID=30171&from=hivrussia.info](https://www.rospotrebнадzor.ru/documents/details.php?ELEMENT_ID=30171&from=hivrussia.info). (дата обращения: 05.08.2025).

<sup>4</sup> Государственный доклад «О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия населения в Российской Федерации в 2024 году по Магаданской области». [Электронный ресурс.] Режим доступа: <https://49.rospotrebнадzor.ru/content/государственный-доклад-«о-состоянии-санитарно-эпидемиологического-благополучия-населения-в-5> (дата обращения: 10.06.2025).

<https://doi.org/10.35627/2219-5238/2025-33-12-83-93>  
Original Research Article

материалы, предоставленные по запросу отделением-центром по профилактике и борьбе со СПИД ГБУЗ «Магаданского областного диспансера фтизиатрии и инфекционных заболеваний» (далее – Центр СПИД), а также сведения Федеральной службы государственной статистики за 2019–2024 гг.

**Материалы исследования.** В рамках молекулярно-генетического исследования было проанализировано 39 образцов плазмы крови, полученных от лиц, живущих с ВИЧ (ЛЖВ), постоянно проживающих в Магаданской области.

Все пациенты были зарегистрированы в Центре СПИД с диагнозом «ВИЧ-инфекция». Сбор образцов крови был также осуществлен на базе Центра СПИД Магаданской области. Для всех пациентов получены информированные согласия на участие в исследовании, которое одобрено комитетом по этике ФБУН «Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии» Роспотребнадзора (протокол № 10 от 25.10.2023).

Исследование выполнено в рамках НИР «Комплексный подход к совершенствованию системы эпидемиологического надзора за ВИЧ-инфекцией (в том числе в сочетании с другими социально значимыми инфекциями) в Дальневосточном федеральном округе Российской Федерации на основе молекулярно-генетических методов исследования» (Рег. № 121052600116–1).

**Методы исследования.** Выделение РНК ВИЧ-1 проводили с использованием коммерческого набора «РИБО-золь-Е» (ФБУН «Центральный НИИ эпидемиологии» Роспотребнадзора, Москва). Нуклеотидные последовательности генома ВИЧ-1 выявляли методом секвенирования амплифицированных фрагментов гена *pol*, кодирующего протеазу и часть обратной транскриптазы ВИЧ-1, с использованием тест-системы «АмплиСенс® HIV-Resist-Seq» (производства ФБУН «Центральный НИИ эпидемиологии» Роспотребнадзора), согласно инструкции производителя.

Результаты ПЦР визуализировали в 2,0% агарозном геле. Очистку амплифицированной ДНК осуществляли с помощью набора для очистки ДНК из реакционной смеси (diaGene, Россия) в соответствии с инструкцией производителя.

Для проведения секвенирования по Сэнгеру на генетическом анализаторе Applied Biosystems 3500 Genetic Analyzer (Life Technologies, США) использовали набор реагентов «BigDye Terminator™ v 3.1». Сборку нуклеотидных последовательностей осуществляли с помощью специального программного обеспечения «ДЕОНА» (ООО «МедАйТи Групп», Россия). Для выравнивания полученных нуклеотидных последовательностей использовалась программа BioEdit.7.1.9.

**Генотипирование и филогенетический анализ.** Для идентификации близкородственных штаммов ВИЧ-1 полученные нуклеотидные последовательности анализировались в программе BLAST (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST>). Оценку подтиповой принадлежности первоначально проводили с применением специализированных онлайн-программ: REGA HIV-1 Subtyping Tool (версия 3), представленных на сайте Стэнфордского университета (<http://hivdb.stanford.edu>) и COMET HIV-1/2 (<http://comet.retrovirology.lu/>).

Филогенетический анализ выполняли с помощью программы MEGA версии 11.0, путем построения филогенетических деревьев методом ближайших соседей. Генетические дистанции между нуклеотидными последовательностями рассчитывали по двухпараметрическому методу Kimura. Для оценки достоверности филогенетических связей использовали бутстрэп (bootstrap) анализ для 1000 независимых построений каждого филогенетического дерева [13].

**Анализ мутаций лекарственной устойчивости.** Выявление мутаций лекарственной устойчивости, важных для надзора за резистентностью, осуществлялось согласно списку SDRM (Surveillance drug resistance mutations) 2009 г. с помощью базы данных Стэнфордского университета HIVdb (v. 9.1) (<https://hivdb.stanford.edu/>).

Статистическая обработка результатов исследования проведена с использованием программы Excel 2013 и с расчетом средней арифметической ошибки. Использовался метод описательной и аналитической эпидемиологии.

**Результаты.** Магаданская область является территорией со средним уровнем заболеваемости и пораженности ВИЧ-инфекцией в ДФО. Первый случай ВИЧ-инфекции зарегистрирован в 1993 г., но систематический учет новых случаев инфицирования ведется с 1996 г. В 1997–1998 гг. были отмечены эпидемические вспышки ВИЧ-инфекции среди потребителей наркотиков, прибывших на сезонные работы, в основном из Украины.

Проведенный эпидемиологический анализ заболеваемости ВИЧ-инфекцией в регионе за 2019–2024 гг. показал, что показатели заболеваемости и пораженности ВИЧ-инфекцией в субъекте за 2024 г. статистически значимо не отличались ( $p > 0,05$ ) от среднего уровня по ДФО и составили для Магаданской области 30,0 (95 % ДИ 21,4–40,0) случаев на 100 тыс. населения и 407,1 (95 % ДИ 373,6–442,0) случая на 100 тыс. населения, для ДФО – 31,9 (95 % ДИ 30,7–33,2) случая на 100 тыс. населения и 411,6 (95 % ДИ 407,1–416,1) случаев на 100 тыс. населения, соответственно. В период с 2019 по 2024 год заболеваемость ВИЧ-инфекцией в Магаданской области оставалась относительно стабильной ( $T_{np} = 0,9$  %). В то же время в ДФО наблюдалось ее умеренное сокращение ( $T_{yb} = -1,4$  %). В Магаданской области с 2019 г. существенное увеличение новых случаев ВИЧ-инфекции было зафиксировано в 2020 г. (на 42,7 % в сравнении с 2019 г.) и в 2023-м (на 19,7 % в сравнении с 2022 г.) (рис. 1).

Динамика показателей летальности и смертности вследствие ВИЧ-инфекции в Магаданской области имела волнообразный характер. Показатели летальности в Магаданской области и в целом по ДФО за 2024 г. равнялись 0,9 % (95 % ДИ 0,4–1,6 %) и 1,0 % (95 % ДИ 0,9–1,1 %), смертности – 12,7 (95 % ДИ 7,4–19,5) и 17,1 (95 % ДИ 16,2–18,0) случаев на 100 тыс. населения, соответственно (рис. 2). В 2024 г. в Магаданской области эти показатели были несколько меньше среднерасчетного значения по ДФО, однако данная разница оказалась статистически незначимой ( $p > 0,05$ ).

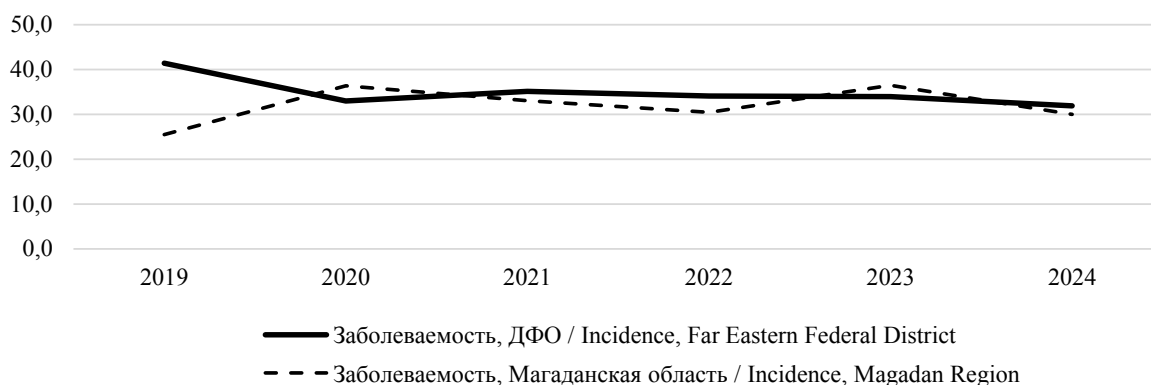


Рис. 1. Заболеваемость ВИЧ-инфекцией в ДФО и Магаданской области за 2019–2024 гг., показатель на 100 тыс. населения

Fig. 1. HIV incidence in the Far Eastern Federal District and the Magadan Region in 2019–2024, per 100,000 population

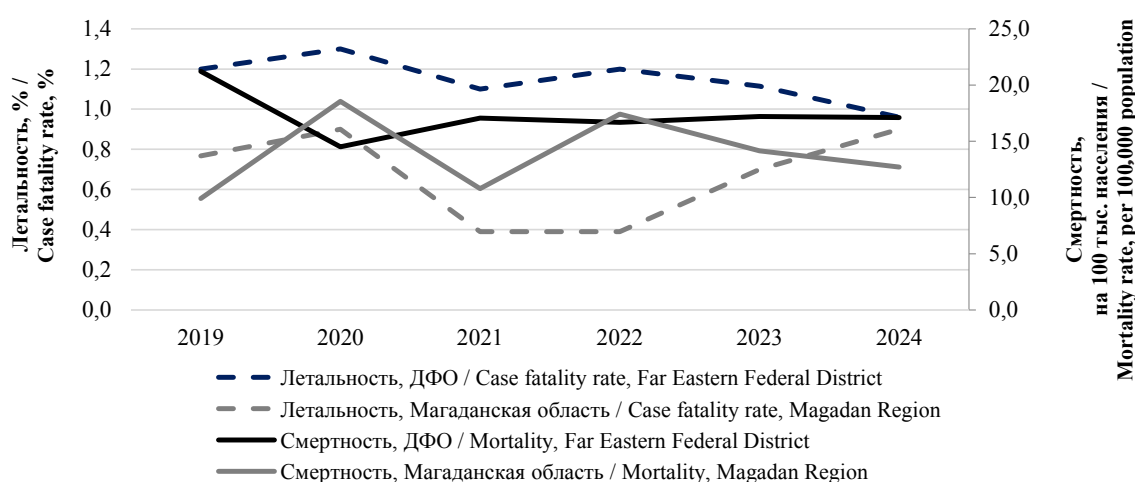


Рис. 2. Уровни летальности (%) и смертности (на 100 тыс. населения) от ВИЧ-инфекции в Магаданской области и ДФО за 2019–2024 гг.

Fig. 2. Case fatality (%) and mortality rates (per 100,000 population) for HIV in the Magadan Region and the Far Eastern Federal District in 2019–2024

Несмотря на то что впервые выявленные случаи ВИЧ-инфекции несколько чаще отмечаются у мужчин, анализ не выявил статистически значимой разницы в процентном соотношении полов ( $p > 0,05$ ) как в Магаданской области, так и в ДФО (рис. 3).

Одной из отличительных особенностей эпидемиологического процесса ВИЧ-инфекции в Магаданской области являлось преобладание гемоконтактного пути передачи ВИЧ вплоть до 2023 г. Причем в 2023 г. в структуре путей передачи ВИЧ доля гемоконтактного пути превышала среднее окружное значение в 2,5 раза ( $p = 0,000005$ ) (рис. 4).

В 2024 г. в Магаданской области произошло значительное изменение в структуре путей передачи ВИЧ-инфекции. На долю гемоконтактного пути пришлось всего 20 % (95 % ДИ 9,2–33,6 %), что оказалось ниже данных 2023 г. в 2,7 раза ( $p = 0,0004$ ). Одновременно с этим зарегистрирован статистически значимый ( $p = 0,0002$ ) рост удельного веса полового пути передачи ВИЧ – с 40,8 % (95 % ДИ 26,2–56,2 %) в 2023 г. до 77,5 % (95 % ДИ 63,5–88,9 %) в 2024 г.

Важно подчеркнуть, что в 2024 году в регионе не зафиксировано случаев вертикальной передачи

ВИЧ. Этот результат достигнут благодаря 100 % (в шести случаях из шести) охвату химиопрофилактикой заболевания как беременных женщин, так и их новорожденных детей.

Расшифровка случаев ВИЧ-инфекции в субъекте проводилась эффективно: доля незавершенных эпидемиологических расследований в 2024 г. составила всего 2,5 % (95 % ДИ 0,001–9,5 %) (рис. 4).

Среди впервые выявленных лиц с ВИЧ-инфекцией в 2024 г. преобладали граждане в возрасте 20–39 лет, причем их доля превышала среднерасчетную по ДФО на 74,9 % ( $p = 0,0001$ ). Следует отметить, что дети и подростки в Магаданской области оказались вовлечены в эпидемический процесс реже, чем в среднем по ДФО. В 2024 г. впервые выявленных случаев ВИЧ-инфекции среди детей до 9 лет не отмечено, а в возрастной группе 10–19 лет был зарегистрирован только один случай ВИЧ-инфекции (рис. 5).

На конец 2024 года на диспансерном учете в Магаданской области состояло 99,6 % от всех ВИЧ-инфицированных. Доля пациентов, получающих антиретровирусную терапию (АРТ), среди лиц, состоящих на диспансерном учете в 2024 году, составила 98,7 %.

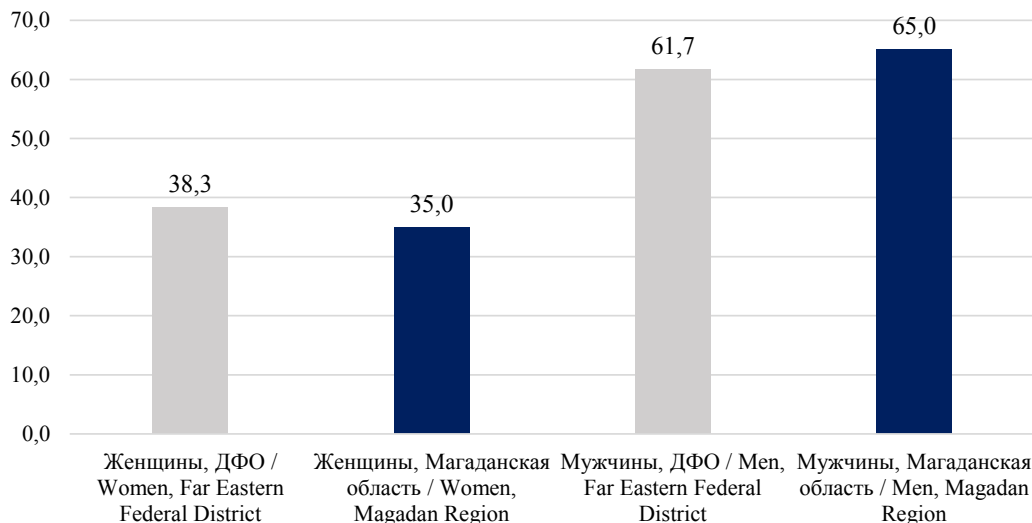


Рис. 3. Структура вовлеченности (%) мужчин и женщин в эпидемический процесс ВИЧ-инфекции в Магаданской области и ДФО в 2024 г.

Fig. 3. Sex distribution (%) of HIV patients in the Magadan Region and the Far Eastern Federal District in 2024



Рис. 4. Структура (%) путей передачи ВИЧ-инфекции в Магаданской области (2023–2024 гг.) и ДФО (2024 г.)

Fig. 4. Distribution of HIV transmission routes (%) in the Magadan Region (2023–2024) and the Far Eastern Federal District (2024)

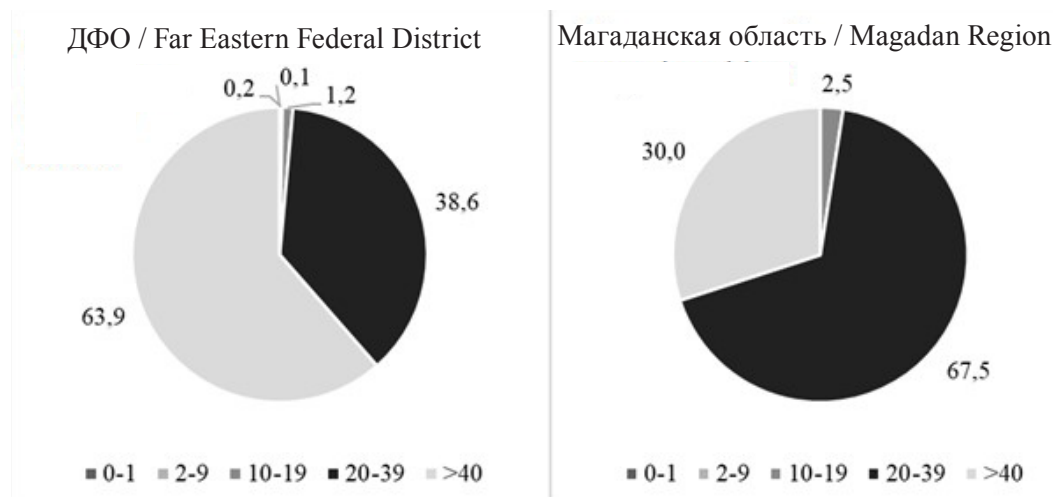


Рис. 5. Возрастная структура (%) пациентов с ВИЧ-инфекцией в Магаданской области и ДФО за 2024 г.

Fig. 5. Age distribution (%) of HIV-infected patients in the Magadan Region and the Far Eastern Federal District in 2024

В ходе проведенного исследования проанализированы образцы плазмы крови от 39 лиц, живущих с ВИЧ (ЛЖВ) в Магаданской области. Медиана возраста обследованных пациентов составила 43,5 года (диапазон от 20 года до 57 лет). Среди обследованных преобладали лица мужского пола – 28 человек (71,8 %; 95 % ДИ 57,1–84,8 %). Доля женщин составила 28,2 % (95 % ДИ 15,2–42,9 %). Годы постановки диагноза «ВИЧ-инфекция» на основе положительного результата на антитела к ВИЧ в реакции иммуноблоттинга были в диапазоне 2000–2023 гг. Инфицирование 5 пациентов произошло за пределами Магаданской области. Предполагаемый путь инфицирования ВИЧ был известен для всех 39 обследованных пациентов, у 22 из них преобладал гетеросексуальный путь передачи ВИЧ (56,4 %; 95 % ДИ 40,4–70,1). У 16 пациентов установлен парентеральный путь заражения при внутривенном употреблении наркотических препаратов (41,0 %; 95 % ДИ 26,3–56,6). Вертикальный путь передачи (от матери к ребенку) зарегистрирован в 1 случае, его доля составила 2,6 % (95 % ДИ 0,9–3,6 %). На момент забора крови терапию получали 25 человек (64,1 %; 95 % ДИ 48,5–78,1 %), 14 пациентов опыта приема АРВП не имели (35,9 %; 95 % ДИ 21,9–51,5 %).

Проведенные исследования показали, что на территории Магаданской области среди ВИЧ-инфицированных продолжает сохраняться высокая доля суб-субтипа А6 (87,2 %; 95 %, 74,8–95,6). В 3 случаях из 39 (7,7 %; 95 % ДИ 1,7–18,4) зафиксирована рекомбинантная форма CRF63\_02A6. В 2 случаях (5,1 %; 95 % ДИ 0,5–13,9) обнаружен субтип В.

В результате проведенного филогенетического анализа штаммы суб-субтипа А6 на филогенетическом древе распределились в пределах единого генетического кластера с образцами, выделенными в разные годы в других регионах РФ и за рубежом. При этом отдельная группа из 19 исследованных штаммов образовала независимый кластер, отличающийся от других штаммов суб-субтипа А6. Данный кластер объединил последовательности от 10 пациентов, у которых ВИЧ-инфекция была диагностирована в период с 2012 по 2015 год, и от 9 пациентов – с периодом постановки диагноза в 2022–2023 гг. Среди этих 19 пациентов 12 являлись потребителями инъекционных наркотиков (рис. 6).

Образец № 114704 от пациента из Магаданской области, инфицированного в результате гетеросексуального контакта (диагноз ВИЧ-инфекции установлен в 2023 году), сформировал единый кластер со штаммами субтипа В, выявленными в разные годы на территориях РФ и Испании, в т. ч. среди мужчин, практикующих секс с мужчинами (МСМ). Образец № 116804, полученный от инфицированного в 2011 году в Приморском крае пациента (на момент забора крови проживающего в Магаданской области), объединился в статистически достоверный кластер с восточноевропейскими штаммами ВИЧ-1, циркулирующими на территориях ДФО (в Приморском и Хабаровском краях).

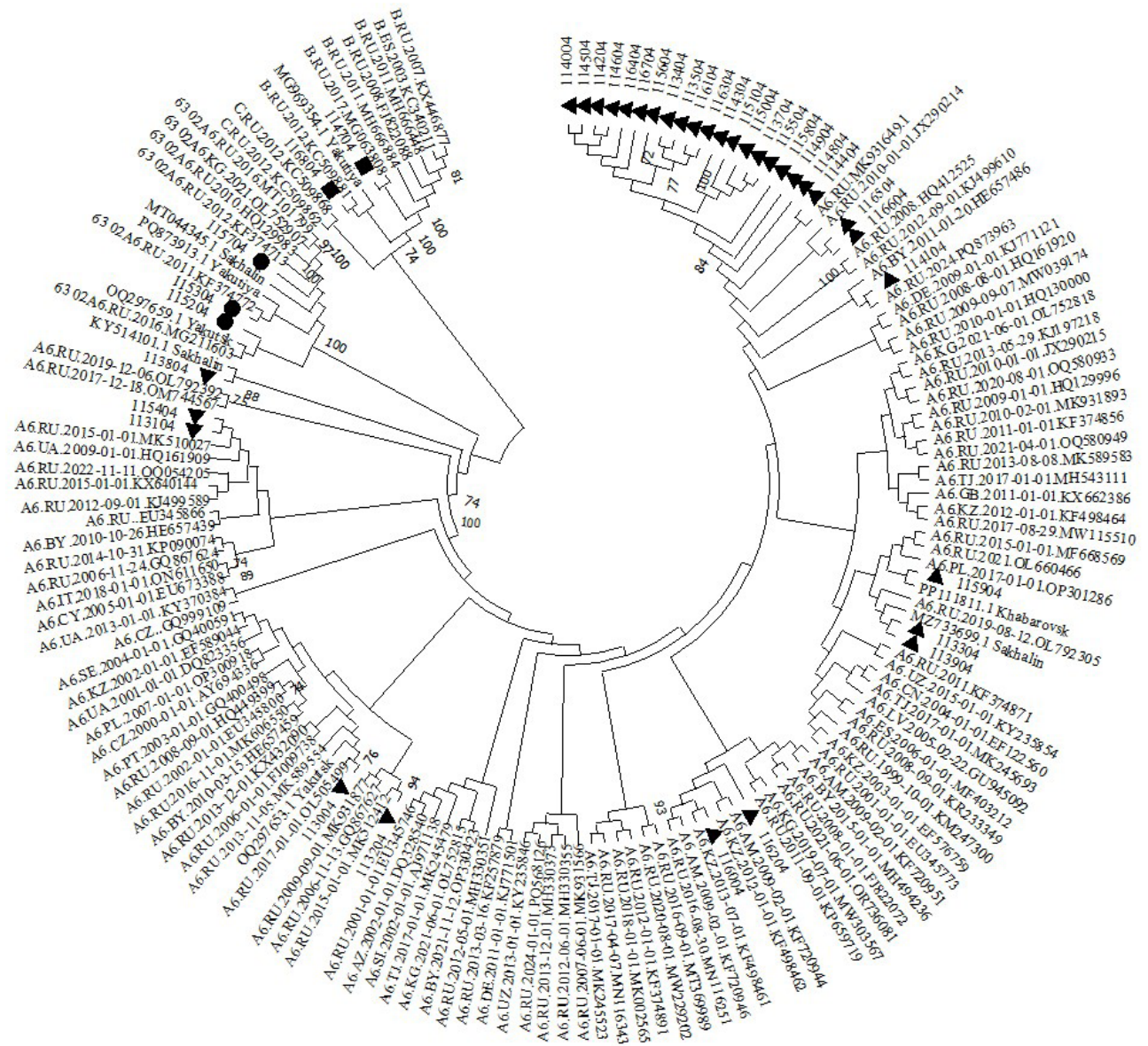
В ходе проведенного анализа три нуклеотидные последовательности образовали общий кластер со штаммами рекомбинантной формы CRF63\_02A1 ВИЧ-1, широко распространенной и доминирующей в регионах Сибирского федерального округа [14, 15]. Все три случая заражения рекомбинантной формой CRF63\_02A6 выявлены у пациентов из Магаданской области, инфицированных гетеросексуальным путем. Самый ранний случай зарегистрирован в 2017 году. Образец № 115204 оказался наиболее близок к образцам из г. Томска (MG211603), а образцы № 115304 и 115704 сформировали отдельный кластер со штаммами, выделенными в Новосибирской области.

Из 39 обследованных пациентов опыт АРТ имели 25 человек. В 9 случаях (36,0 %) использовалась только 1 схема терапии, в 7 случаях (28,0%) – 2 схемы, в 6 случаях (24,0 %) – 3 схемы, и 3 пациента (16,0 %) получали 4-ю схему терапии. В качестве основного препарата из группы нуклеозидных ингибиторов обратной транскриптазы (НИОТ) в 96 % случаев (24 из 25) назначался Ламивудин (ЗТС), чаще всего в комбинации с Тенофовиром (ТДФ) или Зидовудином (АЗТ). В качестве третьего препарата в схемах терапии применялись либо нуклеозидные ингибиторы обратной транскриптазы (ННИОТ), либо ингибиторы протеазы, усиленные Ритонавиром (РТВ). У 12 пациентов в схемы терапии были включены препараты, относящиеся к классу ингибиторов интегразы, – Долутегравир (ДТГ) или Ралтегравир (РАЛ).

У 8 из 25 пациентов, получающих АРТ (32,0 %; 95 % ДИ 15,5–51,2), обнаружены мутации из перечня Стэнфордской базы данных, связанные с развитием лекарственной устойчивости вируса. У 5 пациентов имелись мутации, которые придают устойчивость сразу к двум классам АРВП: НИОТ и ННИОТ, у 1 больного выявлены мутации устойчивости только к НИОТ и еще у 1 пациента – только к ННИОТ. У 1 пациентки, получающей 3-ю схему терапии, выявлен штамм ВИЧ-1, резистентный сразу к трем классам препаратов – ИП, НИОТ и ННИОТ (таблица).

Мутации лекарственной устойчивости к ИП обнаружены только в одном случае. Замена M46I сочеталась с основными (I50V, I54L) и дополнительными мутациями (L24I, L33F, K43T, T74P), что привело к формированию ЛУ высокого уровня к Лопинавиру (ЛПВ) и среднего уровня – к Атазанавиру (АТВ) и Дарунавиру (ДРВ).

Анализ 14 нуклеотидных последовательностей, выделенных от ЛЖВ Магаданской области, ранее не принимавших АРВП, показал наличие надзорных мутаций, связанных с формированием резистентности к АРВП, лишь в одном случае. Данные мутации соответствовали перечню SDRM (Surveillance drug resistance mutations) 2009 г. (<https://hivdb.stanford.edu/>). У пациента, являющегося потребителем инъекционных наркотиков и инфицированного суб-субтипом А6 (диагноз ВИЧ-инфекции установлен в 2023 году), обнаружена мутация K103N, обуславливающая высокий уровень устойчивости к препаратам класса ННИОТ – эфавирензу (ЕФВ) и невирапину (NVP).



**Рис. 6.** Результат филогенетического анализа нуклеотидных последовательностей области гена *pol* генетических вариантов ВИЧ-1, выделенных от пациентов, проживающих на территории Магаданской области

**Примечание:** черный треугольник – образцы суб-субтипа А6, черный круг – образцы рекомбинантной формы CRF63\_02A6, черный квадрат – образцы субтипа В. Обозначение референс-последовательностей ВИЧ-1 соответствует коду GenBank. Указаны значения бутстрэп-индекса, превышающие 70.

**Fig. 6.** Results of the phylogenetic analysis of HIV-1 *pol* gene nucleotide sequences isolated from residents of the Magadan Region

**Notes:** Black triangles mark samples of sub-subtype A6, black circles – samples of the recombinant CRF63\_02A6, and black squares – subtype B samples. HIV-1 reference sequences correspond to the GenBank code. Bootstrap indices exceeding 70 are shown.

Кроме основных (надзорных) мутаций, определяющих ЛУ, были выявлены различные полиморфные мутации. Так, у 24 пациентов, инфицированных вирусом суб-субтипа А6, независимо от приема АРТ встречалась мутация А62V, представляющая собой естественный полиморфизм для варианта А6 [16, 17].

**Обсуждение.** Проведенный анализ эпидемиологической ситуации по ВИЧ-инфекции в Магаданской области – территории с средним уровнем распространенности инфекции выявил некоторые особенности. В Магаданской области,

в отличие от других субъектов ДФО, вплоть до 2023 г. отмечалась значительная распространенность гемоконтактного пути передачи. В 2023 г. его доля оказалась выше таковой в Приморском крае и значительно больше среднерасчетного для ДФО в целом. Примечательно, что изменение структуры путей передачи ВИЧ-инфекции в 2024 г. обусловлено в Магаданской области не только снижением абсолютного числа зарегистрированных случаев ВИЧ-инфекции с гемоконтактным путем передачи ВИЧ среди лиц с впервые выявленным диагнозом (с 27 человек в 2023 г. до 8 в 2024 г.),

**Таблица. Мутации лекарственной устойчивости ВИЧ-1, выявленные у обследованных пациентов, имеющих опыт АРВТ (8 человек)****Table. HIV-1 drug resistance mutations found in eight patients receiving antiretroviral therapy**

№	Пол / Sex	Возраст, лет / Age, years	Дата ИБ / Year of immunoblotting	Код инф. / Code of infection	Генотип / Genotype	Мутации / Mutations		
						НИОТ / NRIT	ННИОТ / NNRIT	ИП / Pls
113004	Ж / F	54	2007	104	A6	<b>D67N, K70R, M184V, K219E</b>	<b>Y181I</b>	<b>M46I, I50V, I54L, L24I, L33F, K43T, T74P</b>
113104	Ж / F	51	2007	104	A6	<b>K65R</b>	<b>G190S</b>	
113204	М / M	50	2008	104	A6	<b>M184V, K219Q</b>	L100V, <b>K101E, E138A, V179F, G190S</b>	
113604	М / M	34	2023	104	A6	<b>K65R</b>	<b>K101E, V106I, E138K</b>	
114204	М / M	39	2012	108	A6	A62V, <b>M184V</b>		
114504	Ж / F	48	2014	108	A6	A62V, <b>M184V</b>	V179D, <b>G190A</b>	
116704	М / M	37	2022	108	A6		<b>K103N</b>	
116804	М / M	39	2012	104	B	<b>L74V, Y115F, M184V</b>	<b>K103N, P225H, L234I</b>	

но и увеличением абсолютного числа случаев половой передачи инфекции (с 20 человек в 2023 г. до 31 в 2024 г.). Помимо особенностей, выявленных в структуре путей передачи ВИЧ-инфекции, Магаданская область отличается и распределением ВИЧ-инфицированных граждан по возрасту. Так, в регионе отмечается высокая доля наиболее трудоспособного населения 20–39 лет среди лиц, у которые ВИЧ-инфекция диагностирована впервые.

Проведенные молекулярно-генетические исследования показали, что профиль геновариантов ВИЧ-1, циркулирующих на территории Магаданской области, не отличается большим разнообразием. Несмотря на происходящие миграционные процессы, в регионе сформировалась достаточно изолированная популяция ЛЖВ. Среди обследованных пациентов продолжает оставаться высокой доля суб-субтипа А6 (87,2 %). Филогенетический анализ выявил 1 крупный молекулярный кластер, образованный 19 полученными нуклеотидными последовательностями суб-субтипа А6, в котором 63,2 % инфицированных заразились в результате внутривенного введения наркотических препаратов. Высокое генетическое сходство вирусов внутри этого кластера указывает на возможную эпидемиологическую взаимосвязь между этими пациентами. Это обстоятельство может быть использовано эпидемиологами при проведении эпидемиологических расследований и для выявления источника заражения.

На территории области зафиксировано 3 случая инфицирования рекомбинантной формой вируса CRF63\_02A6 и 2 случая – субтипом В ВИЧ-1. Анализ эпидемиологических данных обследованных пациентов показал, что оба случая заражения ВИЧ-1 субтипа В являются завозными, поскольку инфицирование произошло за пределами Магаданской области.

Исследования генетической изменчивости и первичной (передаваемой) лекарственной устойчивости ВИЧ-1 имеют большое значение для предотвращения распространения резистентных штаммов вируса.

Поскольку анализируемая выборка пациентов без опыта АРТ ограничивалась 14 образцами, сделать окончательные выводы об общем уровне первичной резистентности в регионе не представилось возможным. В связи с этим исследования в данном направлении будут продолжены.

У ЛЖВ, получавших АРТ, было идентифицировано несколько основных мутаций ЛУ в 12 позициях генов обратной транскриптазы (K65R, D67N, K70R, L74V, K101E, K103N, Y115F, Y181I, M184V, G190S/A, K219Q/E, P225H). Среди наиболее распространенных мутаций была замена M184V среди НИОТ и K103N среди ННИОТ, что подтверждается результатами и других исследований, проведенных в РФ [18–24]. Замена M184V связана с высокой устойчивостью к ЗТС и Эмтрицитабину (FTC) и приводит к снижению восприимчивости к этим препаратам более чем в 200 раз [25].

Результаты исследования по распространению приобретенной ЛУ среди пациентов с опытом терапии указывают на необходимость увеличения охвата тестированием на ЛУ с целью раннего выявления мутаций резистентности, что имеет большое значение для оценки эффективности АРТ, корректировки назначаемых схем лечения и планирования закупок АРВП.

**Заключение.** Проведенное на территории Магаданской области исследование показало необходимость во внедрении современных молекулярно-генетических технологий (таких, как секвенирование, филогенетический анализ, биоинформатические методы) в систему эпидемиологического надзора за ВИЧ-инфекцией. Перечисленные методы позволяют получить дополнительные сведения, которые могут быть применены для более углубленного анализа особенностей распространения ВИЧ в каждом конкретном регионе.

Все полученные нуклеотидные последовательности фрагментов генома ВИЧ-1 внесены в международный банк данных GenBank (№ PQ873916-PQ873954), а также опубликованы в Российской базе

<https://doi.org/10.35627/2219-5238/2025-33-12-83-93>  
Original Research Article

данных резистентности ВИЧ к антиретровирусным препаратам, размещенной на российской платформе агрегации информации о геномах вирусов «VGARus».

### СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- Blassel L, Zhukova A, Villabona-Arenas CJ, Atkins KE, Hué S, Gascuel O. Drug resistance mutations in HIV: New bioinformatics approaches and challenges. *Curr Opin Virol.* 2021;51:56-64. doi: 10.1016/j.coviro.2021.09.009
- Ouyang F, Yuan D, Zhai W, Liu S, Zhou Y, Yang H. HIV-1 drug resistance detected by next-generation sequencing among ART-naïve individuals: A systematic review and meta-analysis. *Viruses.* 2024;16(2):239. doi: 10.3390/v16020239
- Ожмегова Е.Н., Бобкова М.Р. Лекарственная устойчивость ВИЧ: прежние и современные тенденции // Вопросы вирусологии. 2022. Т. 67. № 3. С. 193-205. doi: 10.36233/0507-4088-113
- Киреев Д.Е., Кириченко А.А., Акимкин В.Г. Геномный эпидемиологический надзор за ВИЧ-инфекцией в Российской Федерации // ВИЧ-инфекция и иммуносупрессии. 2024. Т. 16. № 4. С. 17-27. doi: 10.22328/2077-9828-2024-16-4-17-27
- Антонова А.А., Кузнецова А.И., Ожмегова Е.Н. и др. Генетическое разнообразие ВИЧ-1 на современном этапе эпидемии в Российской Федерации: увеличение распространенности рекомбинантных форм // ВИЧ-инфекция и иммуносупрессии. 2023. Т. 15. № 3. С. 61-72. doi: 10.22328/2077-9828-2023-15-3-61-72
- Halikov MR, Ekushov VE, Totmenin AV, et al. Identification of a novel HIV-1 circulating recombinant form CRF157\_A6C in Primorsky Territory, Russia. *J Infect.* 2024;88(2):180-182. doi: 10.1016/j.jinf.2023.11.005
- Халиков М.Р., Екушов В.Е., Тотменин А.В. и др. Вклад рекомбинационной изменчивости ВИЧ в формирование популяции ВИЧ-1, циркулирующих в Приморском крае // Юг России: экология, развитие. 2023. Т. 18. № 4. С. 125-133. doi: 10.18470/1992-1098-2023-4-125-133
- Осипова И.П., Тотменин А.В., Берсенев П.Г. и др. Актуальность использования методов молекулярной эпидемиологии ВИЧ для характеристики территориальных эпидемий: Сахалинская область // Юг России: экология, развитие. 2023. Т. 18. № 3. С. 126-132. doi: 10.18470/1992-1098-2023-3-126-132
- Antonova A, Kazennova E, Lebedev A, et al. Recombinant forms of HIV-1 in the last decade of the epidemic in the Russian Federation. *Viruses.* 2023;15(12):2312. doi: 10.3390/v15122312
- Казеннова Е.В., Антонова А.А., Ожмегова Е.Н. и др. Генетический анализ ВИЧ-1 в Алтайском крае: дальнейшее распространение варианта CRF63\_02A1 по территории Западной Сибири // ВИЧ-инфекция и иммуносупрессии. 2020. Т. 12. № 1. С. 47-57. doi: 10.22328/2077-9828-2020-12-1-47-57
- Котова В.О., Балахонцева Л.А., Базыкина Е.А., Троценко О.Е. Циркулирующие рекомбинантные формы ВИЧ-1 на территориях Дальневосточного федерального округа // Дальневосточный журнал инфекционной патологии. 2021. № 40. С. 79-87.
- Котова В.О., Троценко О.Е., Балахонцева Л.А. и др. Молекулярно-эпидемиологическая характеристика вариантов ВИЧ-1, циркулирующих на территории Еврейской автономной области // ВИЧ-инфекция и иммуносупрессии. 2018. Т. 10. № 4. С. 90-99. doi: 10.22328/2077-9828-2018-10-4-90-99
- Tamura K, Stecher G, Kumar S. MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. *Mol Biol Evol.* 2021;38(7):3022-3027. doi: 10.1093/molbev/msab120
- Зырянова Д.П., Богачева Н.В., Тотменин А.В. и др. Модели CRF63\_02A6 ВИЧ-1 как инструмент для оценки эффективности разрабатываемых антиретровирусных препаратов // Инфекция и иммунитет. 2020. Т. 10. № 4. С. 769-774. doi: 10.15789/2220-7619-МНС-1261
- Sivay MV, Maksimenko LV, Osipova IP, et al. Spatiotemporal dynamics of HIV-1 CRF63\_02A6 sub-epidemic. *Front Microbiol.* 2022;13:946787. doi: 10.3389/fmicb.2022.946787
- Кузнецова А.И. Роль полиморфизма ВИЧ-1 в патогенезе заболевания // ВИЧ-инфекция и иммуносупрессии. 2023. Т. 15. № 3. С. 26-37. doi: 10.22328/2077-9828-2023-15-3-26-37
- Ожмегова Е.Н., Кузнецова А.И., Лебедев А.В. и др. Эффективность схем АРТ первой линии на основе TDF у ВИЧ-инфицированных пациентов с предсуществующей мутацией A62V в обратной транскриптазе // Вопросы вирусологии. 2024. Т. 69. № 3. С. 231-240. doi: 10.36233/0507-4088-232
- Щемелев А.Н., Семенов А.В., Останкова Ю.В. и др. Генетическое разнообразие и мутации лекарственной устойчивости ВИЧ-1 в Ленинградской области // Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. 2022. Т. 99. № 1. С. 28-37. doi: 10.36233/0372-9311-216
- Кириченко А.А., Киреев Д.Е., Сидорина Ю.Н., Абашина Н.Д., Брусенцева Е.Е., Акимкин В.Г. Пилотное исследование по изучению особенностей распространения резистентных вариантов ВИЧ-1 с помощью молекулярных кластеров. Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. 2024. Т. 101. № 5. С. 581-593. doi: https://doi.org/10.36233/0372-9311-565
- Парфенова О.В., Пекшева О.Ю., Зайцева Н.Н. Распространение мутаций резистентности и субтипов ВИЧ-1 как показатель динамики эпидемии ВИЧ-инфекции в Приволжском федеральном округе в 2016-2018 гг. // Здоровье населения и среда обитания. 2019. № 8 (317). С. 50-55. doi: 10.35627/2219-5238/2019-317-8-50-55
- Останкова Ю.В., Щемелев А.Н., Зуева Е.Б., Чурина М.А., Валутите Д.Э., Семенов А.В. Молекулярная эпидемиология и фармакорезистентность ВИЧ у пациентов с вирусологической неэффективностью антиретровирусной терапии в Архангельской области // ВИЧ-инфекция и иммуносупрессии. 2019. № 4. С. 79-90. doi: 10.22328/2077-9828-2019-11-4-79-90
- Питерский М.В., Гусев А.Г., Ходаков О.А. и др. Разнообразие субтипов, филогенетический анализ и изучение лекарственной устойчивости штаммов ВИЧ-1, циркулирующих в Уральском федеральном округе // Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. 2022. Т. 99. № 1. С. 38-53. doi: 10.36233/0372-9311-178
- Капустин Д.В., Краснова Е.И., Халиков М.Р. и др. Анализ распространенности первичной резистентности ВИЧ-1 к антиретровирусным препаратам в Новосибирской области // Терапия. 2022. Т. 8. № 3(55). С. 35-41. doi: 10.18565/therapy.2022.3.35-41
- Kirichenko A, Kireev D, Lopatukhin A, et al. Prevalence of HIV-1 drug resistance in Eastern European and Central Asian countries. *PLoS One.* 2022;17(1):e0257731. doi: 10.1371/journal.pone.0257731
- Leal SDV, Pimentel V, Gonçalves P, et al. Genetic diversity and antiretroviral resistance in HIV-1-infected patients newly diagnosed in Cabo Verde. *Viruses.* 2024;16(12):1953. doi: 10.3390/v16121953

### REFERENCES

- Blassel L, Zhukova A, Villabona-Arenas CJ, Atkins KE, Hué S, Gascuel O. Drug resistance mutations in HIV: New

- bioinformatics approaches and challenges. *Curr Opin Virol.* 2021;51:56-64. doi: 10.1016/j.coviro.2021.09.009
2. Ouyang F, Yuan D, Zhai W, Liu S, Zhou Y, Yang H. HIV-1 drug resistance detected by next-generation sequencing among ART-naïve individuals: A systematic review and meta-analysis. *Viruses.* 2024;16(2):239. doi: 10.3390/v16020239
  3. Ozhmegova EN, Bobkova MR. HIV drug resistance: Past and current trends. *Voprosy Virusologii.* 2022;67(3):193-205. (In Russ.) doi: 10.36233/0507-4088-113
  4. Kireev DE, Kirichenko AA, Akimkin VG. Genomic surveillance of HIV infection in the Russian Federation. *VICH-Infektsiya i Immunosupressii.* 2024;16(4):17-27. (In Russ.) doi: 10.22328/2077-9828-2024-16-4-17-27
  5. Antonova AA, Kuznetsova AI, Ozhmegova EN, et al. Genetic diversity of HIV-1 at the current stage of the epidemic in the Russian Federation: An increase in the prevalence of recombinant forms. *VICH-Infektsiya i Immunosupressii.* 2023;15(3):61-72. (In Russ.) doi: 10.22328/2077-9828-2023-15-3-61-72
  6. Halikov MR, Ekushov VE, Totmenin AV, et al. Identification of a novel HIV-1 circulating recombinant form CRF157\_A6C in Primorsky Territory, Russia. *J Infect.* 2024;88(2):180-182. doi: 10.1016/j.jinf.2023.11.005
  7. Halikov MR, Ekushov VE, Totmenin AV, et al. The role of recombination variability to the formation of the population the HIV-1 population circulating in the Primorsky Krai, Russia. *Yug Rossii: Ekologiya, Razvitie.* 2023;18(4):125-133. (In Russ.) doi: 10.18470/1992-1098-2023-4-125-133
  8. Osipova IP, Totmenin AV, Bersenev PG, Ilyina EYu, Lomakina EA, Gashnikova NM. The relevance of using methods of molecular epidemiology of HIV to characterize territorial epidemics: Sakhalin region, Russia. *Yug Rossii: Ekologiya, Razvitie.* 2023;18(3):126-132. (In Russ.) doi: 10.18470/1992-1098-2023-3-126-132
  9. Antonova A, Kazennova E, Lebedev A, et al. Recombinant forms of HIV-1 in the last decade of the epidemic in the Russian Federation. *Viruses.* 2023;15(12):2312. doi: 10.3390/v15122312
  10. Kazennova EV, Antonova AA, Ozhmegova EN, et al. Genetic analysis of HIV-1 in the Altai Kray: The further spread of the CRF63\_02A1 variant in Western Siberia. *VICH-Infektsiya i Immunosupressii.* 2020;12(1):47-57. (In Russ.) doi: 10.22328/2077-9828-2020-12-1-47-57
  11. Kotova VO, Balakhontseva LA, Bazykina EA, Trotsenko OE. Circulating recombinant forms of HIV-1 in constituent entities of the Far Eastern Federal District. *Dal'nevostochnyy Zhurnal Infektsionnoy Patologii.* 2021;40(4):79-87. (In Russ.)
  12. Kotova VO, Trotsenko OE, Balakhontseva LA, et al. Molecular-epidemiological characteristics of HIV-1 variants circulating in the Jewish Autonomous Region territory. *VICH-Infektsiya i Immunosupressii.* 2018;10(4):90-99. (In Russ.) doi: 10.22328/2077-9828-2018-10-4-90-99
  13. Tamura K, Stecher G, Kumar S. MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. *Mol Biol Evol.* 2021;38(7):3022-3027. doi: 10.1093/molbev/msab120
  14. Zyryanova DP, Bogacheva NV, Totmenin AV, Gashnikova NM. HIV-1 CRF63\_02A6 models as a tool for evaluating efficacy of developing antiretroviral drugs. *Infektsiya i Immunitet.* 2020;10(4):769-774. (In Russ.) doi: 10.15789/2220-7619-MHC-1261
  15. Sivay MV, Maksimenko LV, Osipova IP, et al. Spatiotemporal dynamics of HIV-1 CRF63\_02A6 sub-epidemic. *Front Microbiol.* 2022;13:946787. doi: 10.3389/fmicb.2022.946787
  16. Kuznetsova AI. The role of HIV-1 polymorphism in the pathogenesis of the disease. *VICH-Infektsiya i Immunosupressii.* 2023;15(3):26-37. (In Russ.) doi: 10.22328/2077-9828-2023-15-3-26-37
  17. Ozhmegova EN, Kuznetsova AI, Lebedev AV, et al. Efficacy of first-line ART regimens based on tenofovir in HIV-infected patients with pre-existing A62V mutation in reverse transcriptase. *Voprosy Virusologii.* 2024;69(3):231-240. (In Russ.) doi: 10.36233/0507-4088-232
  18. Shchemelev AN, Semenov AV, Ostankova YuV, et al. Genetic diversity and drug resistance mutations of HIV-1 in Leningrad Region. *Zhurnal Mikrobiologii, Epidemiologii i Immunobiologii.* 2022;99(1):28-37. (In Russ.) doi: 10.36233/0372-9311-216
  19. Kirichenko AA, Kireev DE, Sidorina YuN, Abashina ND, Brusentseva EE, Akimkin VG. The pilot study of the features of HIV-1 resistant variants spread using molecular clusters. *Zhurnal Mikrobiologii, Epidemiologii i Immunobiologii.* 2024;101(5):581-593. (In Russ.) doi: 10.36233/0372-9311-565
  20. Parfenova OV, Peksheva OYu, Zaitseva NN. Spread of mutations of resistance and HIV-1 subtypes as an indicator of dynamics of HIV epidemic in the Volga Federal District in 2016–2018. *Zdorov'e Naseleniya i Sreda Obitaniya.* 2019;8(317):50-56. (In Russ.) doi: 10.35627/2219-5238/2019-317-8-50-55
  21. Ostankova YuV, Schemelev AN, Zueva EV, Churina MA, Valutite DE, Semenov AV. HIV molecular epidemiology and pharmaco-resistance in patients with antiretroviral therapy failure in Arkhangelsk district. *VICH-Infektsiya i Immunosupressiya.* 2019;11(4):79-90. (In Russ.) doi: 10.22328/2077-9828-2019-11-4-79-90
  22. Piterskiy MV, Gusev AG, Khodakov OA, et al. HIV-1 subtype diversity, phylogenetic analysis and study of drug resistance in strains circulating in the Ural Federal District. *Zhurnal Mikrobiologii, Epidemiologii i Immunobiologii.* 2022;99(1):38-53. (In Russ.) doi: 10.36233/0372-9311-178
  23. Kapustin DV, Krasnova EI, Khalikov MR, et al. Analysis of the prevalence of HIV-1 primary resistance to antiretroviral medicinal agents in Novosibirsk region. *Terapiya.* 2022;8(3):35-41. (In Russ.) doi: 10.18565/terapiya.2022.3.35-41
  24. Kirichenko A, Kireev D, Lopatukhin A, et al. Prevalence of HIV-1 drug resistance in Eastern European and Central Asian countries. *PLoS One.* 2022;17(1):e0257731. doi: 10.1371/journal.pone.0257731
  25. Leal SDV, Pimentel V, Gonçalves P, et al. Genetic diversity and antiretroviral resistance in HIV-1-infected patients newly diagnosed in Cabo Verde. *Viruses.* 2024;16(12):1953. doi: 10.3390/v16121953

**Сведения об авторах:**

✉ **Котова** Валерия Олеговна – старший научный сотрудник, заведующая лабораторией эпидемиологии и профилактики вирусных гепатитов и СПИДа ФБУН «Хабаровский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии» Роспотребнадзора; e-mail: kotova.valeriya@mail.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9824-7025>.

**Базыкина** Елена Анатольевна – младший научный сотрудник лаборатории эпидемиологии и профилактики вирусных гепатитов и СПИДа ФБУН «Хабаровский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии» Роспотребнадзора; e-mail: dvaids@mail.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5695-6752>.

**Балахонцева** Людмила Анатольевна – руководитель Дальневосточного окружного Центра по профилактике и борьбе со СПИД ФБУН «Хабаровский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии» Роспотребнадзора; e-mail: dvaids@mail.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-3209-7623>.

<https://doi.org/10.35627/2219-5238/2025-33-12-83-93>  
Original Research Article

**Троценко** Ольга Евгеньевна – д.м.н., директор ФБУН «Хабаровский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии» Роспотребнадзора; e-mail: adm@hniiem.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3050-4472>.

**Семенова** Елена Викторовна – биолог КДЛ ГБУЗ «Магаданский областной диспансер фтизиатрии и инфекционных заболеваний», e-mail: lien3003@mail.ru; ORCID: <https://orcid.org/0009-0004-9504-2832>.

**Вахнина** Лариса Николаевна – заведующая лаборатории ГБУЗ «Магаданский областной диспансер фтизиатрии и инфекционных заболеваний», e-mail: spidlab@49gov.ru; ORCID: <https://orcid.org/0009-0009-3786-3372>.

**Журавкова** Ольга Леонидовна – заведующая ОЛК ЦПБС ГБУЗ «Магаданский областной диспансер фтизиатрии и инфекционных заболеваний», e-mail: olgal.zhuravkova@yandex.ru; ORCID: <https://orcid.org/0009-0009-9694-4826>.

**Информация о вкладе авторов:** концепция и дизайн исследования: *Котова В.О.*; сбор данных: *Семенова Е.В., Вахнина Л.Н., Журавкова О.Л.*; проведение молекулярно-генетических исследований: *Котова В.О., Балахонцева Л.А.*; анализ и интерпретация результатов: *Котова В.О., Балахонцева Л.А., Базыкина Е.А., Троценко О.Е.*; подготовка текста рукописи: *Котова В.О., Троценко О.Е.* Все авторы ознакомились с результатами работы и одобрили окончательный вариант рукописи.

**Соблюдение этических стандартов:** исследование одобрено решением Комитета по этике ФБУН «Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии» Роспотребнадзора (протокол № 10 от 25.10.2023).

**Финансирование:** работа выполнена в рамках НИР «Комплексный подход к совершенствованию системы эпидемиологического надзора за ВИЧ-инфекцией (в том числе в сочетании с другими социально значимыми инфекциями) в Дальневосточном федеральном округе Российской Федерации на основе молекулярно-генетических методов исследования» (Рег. № 121052600116-1).

**Конфликт интересов:** авторы декларируют отсутствие явных и потенциальных конфликтов интересов в связи с публикацией данной статьи.

Статья получена: 11.09.25 / Принята к публикации: 04.12.25 / Опубликовано: 22.12.25

#### Author information:

✉ Valeriya O. **Kotova**, Senior Researcher, Head of the Laboratory of Epidemiology and Prevention of Viral Hepatitis and AIDS, Khabarovsk Research Institute of Epidemiology and Microbiology; e-mail: kotova.valeriya@mail.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9824-7025>.

Elena A. **Bazykina**, Junior Researcher, Laboratory of Epidemiology and Prevention of Viral Hepatitis and AIDS, Khabarovsk Research Institute of Epidemiology and Microbiology; e-mail: dvaids@mail.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5695-6752>.

Lyudmila A. **Balakhontseva**, Head of the Far Eastern Regional Center for AIDS Control and Prevention, Khabarovsk Research Institute of Epidemiology and Microbiology; e-mail: dvaids@mail.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-3209-7623>.

Olga E. **Trotsenko**, Dr. Sci. (Med.), Director, Khabarovsk Research Institute of Epidemiology and Microbiology; e-mail: adm@hniiem.ru; ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3050-4472>.

Elena V. **Semenova**, Biologist, Clinical Diagnostic Laboratory, Magadan Regional Dispensary of Phthysiology and Infectious Diseases; e-mail: lien3003@mail.ru; ORCID: <https://orcid.org/0009-0004-9504-2832>.

Larisa N. **Vakhnina**, Head of the Laboratory, Magadan Regional Dispensary of Phthysiology and Infectious Diseases; e-mail: spidlab@49gov.ru; ORCID: <https://orcid.org/0009-0009-3786-3372>.

Olga L. **Zhuravkova**, Head of the Medical Advisory Department, Magadan Regional Dispensary of Phthysiology and Infectious Diseases; e-mail: olgal.zhuravkova@yandex.ru; ORCID: <https://orcid.org/0009-0009-9694-4826>.

**Author contributions:** study conception and design: *Kotova V.O.*; data collection: *Semenova E.V., Vakhnina L.N., Zhuravkova O.L.*; molecular genetics testing: *Kotova V.O., Balakhontseva L.A.*; analysis and interpretation of results: *Kotova V.O., Balakhontseva L.A., Bazykina E.A., Trotsenko O.E.*; draft manuscript preparation: *Kotova V.O., Trotsenko O.E.* All authors reviewed the results and approved the final version of the manuscript.

**Compliance with ethical standards:** Ethics approval was provided by the Ethics Committee of the Khabarovsk Research Institute of Epidemiology and Microbiology (protocol No. 10 of October 25, 2023).

**Funding:** The study was conducted within the framework of the research “An integrated approach to improving the system of epidemiological surveillance of HIV infection (including in combination with other socially significant infections) in the Far Eastern Federal District of the Russian Federation based on molecular genetics testing” (Registration No. 121052600116-1).

**Conflict of interest:** The authors have no conflicts of interest to declare.

Received: September 11, 2025 / Accepted: December 4, 2025 / Published: December 22, 2025