

<https://doi.org/10.31631/2073-3046-2021-20-5-79-88>

Оценка эпидемиологических особенностей ВИЧ-инфекции и генотипического разнообразия вируса гепатита С у ВИЧ-инфицированных граждан в субъектах Дальневосточного федерального округа

Е. А. Базыкина*¹, В. Б. Туркутюков², О. Е. Троценко¹, В. О. Котова¹,
Л. А. Балахонцева¹

¹ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора,
г. Хабаровск

²ФГБОУ ВО Тихоокеанский медицинский университет Минздрава России,
г. Владивосток

Резюме

Актуальность. Мониторинг генотипического разнообразия вируса гепатита С, а также его распространенности в популяции, в том числе среди отдельных групп населения, является важной задачей здравоохранения. **Цель:** проанализировать основные эпидемиологические показатели (заболеваемость и пораженность) ВИЧ-инфекции в субъектах Дальневосточного федерального округа (ДФО), а также распространенность хронического гепатита С (ХГС) в данной группе лиц, определить молекулярно-генетическое разнообразие вариантов вируса гепатита С (ВГС), выделенных от ВИЧ-позитивных граждан. **Материалы и методы.** Проведен ретроспективный эпидемиологический анализ показателей заболеваемости и распространенности ВИЧ-инфекции, а также ХГС на 9 территориях ДФО. Молекулярно-генетическому освидетельствованию подвергнуто 120 проб, полученных от пациентов с установленным диагнозом «ВИЧ-инфекция», с наличием РНК ВГС, выявленной в ПЦР. Для выявления генотипа вируса в пробах, которые не удалось типировать с помощью коммерческой тест-системы, проводилось секвенирование по Сэнгеру. Изучался участок гена NS5B ВГС (241 нт. и 350 нт.). **Результаты и обсуждение.** На диспансерном учете с диагнозом ХГС в 2019 г. состояло 26,26% ВИЧ-позитивных лиц, проживающих на территории ДФО. Их удельный вес увеличивался на протяжении 5-летнего периода. Доминантными субтипами вируса гепатита С среди обследованных ВИЧ-позитивных лиц являлись 3а, чуть реже – субтип 1b. Генотип 2 и субтип 1а оказались минорными. Отмечено более значительное генотипическое разнообразие ВГС среди людей, живущих с ВИЧ, моложе 35 лет. Выявлены некоторые территориальные особенности распространения генотипов, а именно, в Хабаровском крае отмечена более частая регистрация 2 генотипа по сравнению со средним значением, определенным в выборке. В Республике Саха (Якутия) доминантным оказался субтип 1b. **Выводы.** За 5-летний период произошло увеличение числа ВИЧ-позитивных лиц с ХГС в субъектах ДФО, при этом доля ХГС среди них значительно варьировала в зависимости от субъекта ДФО. В целом отмечено преобладание субтипа 3а ВГС, в то время как в Российской Федерации распространен субтип 1b как среди пациентов моноинфицированных ВГС, так и ВИЧ-ВГС-инфицированных граждан.

Ключевые слова: ВИЧ-инфекция, хронический гепатит С, генотип, молекулярное типирование, Дальневосточный федеральный округ

Конфликт интересов не заявлен.

Для цитирования: Базыкина Е. А., Туркутюков В. Б., Троценко О. Е. и др. Оценка эпидемиологических особенностей ВИЧ-инфекции и генотипического разнообразия вируса гепатита С у ВИЧ-инфицированных граждан в субъектах Дальневосточного федерального округа. Эпидемиология и Вакцинопрофилактика. 2021;20(5): 79–88. <https://doi.org/10.31631/2073-3046-2021-20-5-79-88>.

Благодарность

Авторы выражают благодарность руководителям региональных центров и кабинетов по профилактике и борьбе со СПИД и инфекционными заболеваниями ДФО за предоставленные эпидемиологические данные и биологический материал: Горелик Е. В., Глебовой Н. А., Острась М. А., Зиньковской С. В., Ломакиной Е. А., Зозуле Е. Ю., Сергину Д. Д., Кожевникову А. А., Павловой М. Н., Дамерт Е. А., Лукиной З. И., Давудовой И. В., Бениовой С. Н., Скляр Л. Ф., Кузнецовой А. В.

* Для переписки: Базыкина Елена Анатольевна, младший научный сотрудник лаборатории эпидемиологии и профилактики вирусных гепатитов и СПИД, ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора, 680000, г. Хабаровск, ул. Шевченко, 2. +7 (4212) 46-18-54, alyonaf@yandex.ru. ©Базыкина Е. А. и др.

Evaluation of Epidemiologic Peculiarities of HIV-Infection and Genotype Distribution of Hepatitis C Virus among People Living with HIV in Constituent Entities of the Far Eastern Federal DistrictEA Bazykina^{**1}, [VB Turkutukov²], OE Trotsenko¹, VO Kotova¹, LA Balakhontseva¹¹ Khabarovsk scientific-research institute of epidemiology and microbiology of Rospotrebnadzor, Khabarovsk, Russia² Pacific state medical university of Ministry of Healthcare of the Russian Federation, Vladivostok, Russia**Abstract**

Relevance. Monitoring the genotypic diversity of the hepatitis C virus as well as its prevalence in the population, including in certain population groups, is an important public health task. **Aim.** To analyze main epidemiological indices (incidence and prevalence) among people living with HIV and evaluate abundance of chronic hepatitis C among them, reveal molecular-genetic distribution of hepatitis C virus (HCV) isolated from HIV-positive people living in the Far Eastern Federal district (FEFD) of the Russian Federation. **Materials and methods:** a retrospective epidemiological analysis including estimation of HIV-infection incidence and prevalence as well as percent of HIV-positive people suffering from chronic viral hepatitis C was conducted for nine constituent entities of the FEFD. Molecular genetic analysis included evaluation of 120 samples of serum positive for HCV RNA that was obtained from people diagnosed with HIV-infection. A type-specific commercial PCR test-kit as well as partial sequencing by Sanger of HCV NS5B gene (241 bp and 350 bp) were utilized in order to specify HCV genotypes.

Results and discussion: in total 26.26% of people living with HIV were registered for regular medical examination due to chronic hepatitis C in the FEFD in year 2019. Their percentage has grown over a 5-year period. Dominant HCV subtype among surveyed HIV-positive people was subtype 3a followed by HCV subtype 1b. HCV genotype 2 and subtype 1a were detected less frequently and were identified as minor genotypes. Genotype distribution among people aged under 35 years was more significant in comparison with older citizens. Some regional particularities were discovered. For example, HCV genotype 2 was registered more frequently in the Khabarovsk krai compared to mean estimated value of the sampling collection. Subtype 1b was dominant in Republic Sakha (Yakutia). **Conclusion:** an increase in percent of HIV-infected people suffering from chronic hepatitis C has been noted during a 5-year period. Should be noted that the value varies in different constituent entities of the FEFD. Molecular-genetic analysis showed general prevalence of HCV 3a subtype while 1b HCV subtype is dominant in the Russian Federation in patients suffering from HCV-monoinfection as well as in those infected with HIV and HCV.

Keywords: HIV-infection, chronic hepatitis C, analysis, genotypes, molecular typing, Far Eastern Federal district

No conflict of interest to declare.

For citation: Bazykina EA, [Turkutukov VB], Trotsenko OE, et al. Distribution of Hepatitis C Virus among People Living with HIV in Constituent Entities of the Far Eastern Federal District. *Epidemiology and Vaccinal Prevention*. 2021;20(5): 79–88 (In Russ.). <https://doi.org/10.31631/2073-3046-2021-20-5-79-88>.

Acknowledgment

The authors are grateful to the heads of the regional centers and offices for the prevention and control of AIDS and infectious diseases of the Far Eastern Federal District for the provided epidemiological data and biological material: Gorelik E.V., Glebovoy N.A., Ostras M.A., Zinkovskaya S.V., Lomakina E.A., Zozule E.Yu., Serginu D.D., Kozhevnikov A.A., Pavlova M.N., Damert E.A., Lukina Z.I., Davudova I.V., Beniova S. N., Sklyar L. F., Kuznetsova A. V.

Введение

Среди ВИЧ-инфицированных лиц, проживающих на территории Российской Федерации, одной из наиболее распространенных форм вирусного гепатита является хронический гепатит С (ХГС) [1,2].

Молекулярно-эпидемиологическая картина генетического разнообразия вируса гепатита С (ВГС) в различных регионах мира сильно различается и потому представляет практический интерес. Крупномасштабное исследование, проведенное с целью определения генотипических характеристик распространенности ВГС в различных регионах мира, включало более 12 тыс. обследованных [3]. Согласно данной работе, в Северо-Американском регионе преобладающим генотипом ВГС является первый генотип (70,7%) с преобладанием субтипа 1a (76,4%), 1b субтип выделялся в 23,2%. Генотипы 3 и 2 составляли 13,4% и 12,3% соответственно, а доминантными субтипами стали 3a (98,7%) из всех обследованных с 3 генотипом и 2b (82,7%)

в группе лиц, инфицированных 2 генотипом ВГС. Четвертый генотип определен у 2,8% обследованных. Наименее распространенными геновариантами оказались 5 (0,1%) и 6 (0,7%)

В странах Южной Америки, например Бразилии, по данным мультицентровых исследований, также преобладал 1 генотип ВГС среди людей, живущих с ВИЧ. Практически в три раза реже выделялся 3 генотип [4,5].

На территории Европейского региона доминировал первый генотип ВГС с преобладанием 1a (49,9%) и 1b (48,4%) субтипов. Третий генотип встречался в 29,1% случаев, а 3a субтип среди них был наиболее распространенным – 98,9%. Второй и четвертый генотипы вируса выделялись в 7,4% и 8,9% случаев соответственно, пятый – в 3,2%, 6 – в 0,3%. Следует отметить, что в этом регионе был изолирован новый, 7 генотип ВГС (0,05%) [3]. Преобладание 1 геноварианта ВГС характерно и в группах

**** For correspondence:** Bazykina Elena A., junior research associate of the FBUN Khabarovsk research institute of epidemiology and microbiology of the Federal Service for surveillance on consumers rights protection and human wellbeing (Rospotrebnadzor), 2, Shevchenko str., Khabarovsk, 680000, Russia. +7 (4212) 46-18-54, alyonaf@yandex.ru. ©Bazykina EA et al.

ВИЧ-инфицированных лиц, проживающих в европейских странах [6,7].

В Азии наиболее распространен генотип 1 (72,8%), субтип 1b (95,6%). Второй и третий генотипы менее характерны, однако встречаются довольно часто – в 11,3% и 11,9% соответственно. Превалирующими субтипами в разрезе соответствующих геновариантов оказались 2b (59,6%) и 3a (75,2%). Минорным генотипом был шестой, выявленный в 4,0% из исследованных проб. Характерно доминирование указанных геновариантов и среди ВИЧ-ВГС-инфицированных обследованных лиц в Индии [8]. У пациентов с ВИЧ-ВГС-инфекциями, проживавших в Китае, чаще регистрировался генотип 6, в особенности в провинции Гуанси [9,10].

В странах Океании, напротив, доминантным стал 3 генотип (51,7%), субтип 3a (98,7%). В 39,0% регистрировался 1 генотип, среди субтипов которого в 78% случаев определялся субтип 1a. В порядке убывания удалось также типировать генотипы 2 (7,0%), 6 (1,6%) и 4 (0,7%) [3].

Согласно результатам исследования, на Африканском континенте генетическое разнообразие ВГС оказалось не столь выраженным в связи с тем, что было довольно ограниченное количество проб, однако основные тенденции были следующими – 4 генотип доминировал (95,3%) и значительно реже регистрировался 5 генотип (4,7%) [3]. Согласно другой работе, проведенной в Нигерии, уже в группе ВИЧ-позитивных лиц, инфицированных ВГС, преобладал генотип 5 (субтип 5a) вируса, реже выделялись генотипы 1 и 3 [11].

На территории Российской Федерации доминантными генотипами ВГС как среди пациентов с моноинфекцией ВГС, так и ВИЧ-ВГС-инфицированных является 1 генотип, чаще 1b субтип вируса (в особенности в центральной части России), чуть реже типифируется субтип 3a [12–14].

В настоящее время, в эпоху введения препаратов прямого действия при ХГС, молекулярно-генетическая характеристика возбудителя с определением субтипа ВГС является необходимым условием успешного лечения заболевания. Так, согласно клиническим рекомендациям EASL (Европейской ассоциации по изучению печени) по лечению гепатита С от 2018 г., перед началом проведения лечения необходимо определить генотип ВГС и при выявлении 1 генотипа – уточнить его субтип (1a или 1b). Это связано с различным подходом к проведению терапии. В зависимости от генотипа/субтипа вируса и наличия фиброза или цирроза печени устанавливается длительность терапии (8, 12 или 16 недель) и определяется возможность применения той или иной комбинации лекарственных препаратов. Подробные рекомендации прописаны в национальных руководствах и клинических рекомендациях EASL по лечению гепатита С [15,16].

Таким образом, мониторинг генотипического разнообразия вируса гепатита С, а также его

распространенности в популяции, в том числе среди отдельных групп населения, является важной задачей здравоохранения.

Цель исследования – провести ретроспективный анализ основных эпидемиологических характеристик ВИЧ-инфекции (пораженность и заболеваемость), оценить распространенность ХГС в группе ВИЧ-инфицированных лиц, а также изучить молекулярно-генетическое распределение вариантов ВГС, циркулировавших среди ВИЧ-позитивных граждан, проживавших на момент обследования на территории Дальневосточного федерального округа.

Материалы и методы

Проведен ретроспективный эпидемиологический анализ данных о ВИЧ-инфекции (на основе годовой статистической формы отчетности № 61 «Сведения о ВИЧ-инфекции»), предоставленных территориальными центрами по профилактике и борьбе со СПИДом из Хабаровского, Приморского и Камчатского краев, Амурской, Магаданской и Сахалинской областей, Еврейской автономной области (ЕАО), Чукотского автономного округа (ЧАО), Республики Саха (Якутия). Забайкальский край и Республика Бурятия не учитывались при проведении анализа в связи с тем, что данные субъекты были введены в состав ДФО в 2018 г., а расчеты эпидемиологических показателей проводились за 2015–2019 гг.

Рассчитывались уровни заболеваемости и распространенности ВИЧ-инфекции (на 100 тыс. населения), удельного веса (в процентах) ВИЧ-позитивных лиц с хронической формой вирусного гепатита С (ХГС) среди населения девяти регионов в совокупности за 2015 – 2019 гг.

Из 167 проб биологического материала (плазма крови) от пациентов с ВИЧ-инфекцией и имевших антитела к core-белку ВГС, наличие РНК вируса было определено в 120 пробах.

Для оценки распространённости генотипов ВГС среди ВИЧ-инфицированных изучено 120 проб с наличием РНК ВГС от пациентов с установленным диагнозом «ВИЧ-инфекция», находившихся на диспансерном наблюдении в центрах по профилактике и борьбе со СПИДом и инфекционными заболеваниями Хабаровского и Приморского краев, Республики Саха (Якутия), Магаданской, Сахалинской и Амурской областей, ЕАО и ЧАО. Сбор биологического материала проводился на протяжении 2017–2019 гг. Наличие РНК ВГС определялось в полимеразной цепной реакции (ПЦР) в режиме реального времени с помощью набора реагентов АмплиСенс® HCV-FL (предел нижнего обнаружения – 100 МЕ/мл). Определение вирусной нагрузки осуществляли набором реагентов «АмплиСенс ВГС-Монитор-FL» (предел нижнего обнаружения – 300 МЕ/мл). Образцы генотипировались с помощью тест-системы «АмплиСенс® ВГС-генотип-FL». В дополнение проводили постановку ПЦР

Original Articles

с праймерами к NS5B региону генома ВГС (табл. 1) для последующего определения продуктов реакции в 1% агарозном геле.

Положительные образцы отбирались для дальнейшего секвенирования по Сэнгеру (набор реагентов – ДНК BigDye Terminator v 3.1 Cycle Sequencing Kit (США) и генотипирования.

Статистический анализ полученных лабораторных результатов включал в себя непараметрические методы: χ^2 Пирсона, в том числе с поправкой по Йейтсу (использовалась в случае, если одно из ожидаемых значений принимало диапазон от 5 до 9), или точного критерия Фишера (использовалась в случае, если одно из ожидаемых значений оказывалось менее 5). Проводился расчет средних величин (M), ошибки средней (m), 95% доверительного интервала (95% ДИ). Для статистической оценки эпидемиологических данных рассчитывался критерий Стьюдента. Проводилось ранжирование эпидемиологических показателей. Нулевая

гипотеза отвергалась в случае, когда критическое значение (p) оказывалось менее 0,05.

Результаты исследования

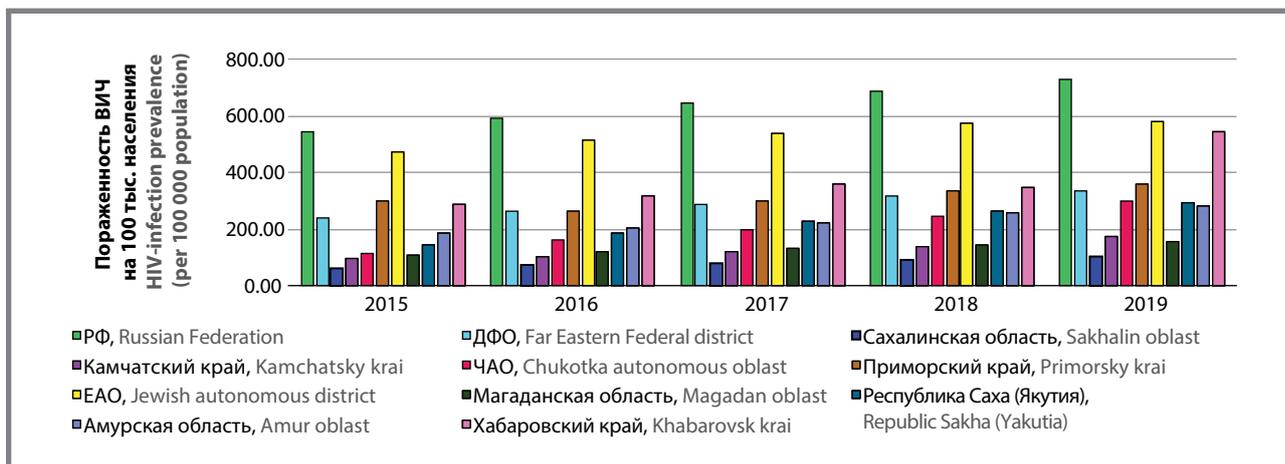
Проведенный ретроспективный эпидемиологический анализ показывает, что на протяжении изучаемого периода времени в ДФО зарегистрирована менее напряженная эпидемическая обстановка по ВИЧ-инфекции, чем в среднем по России [20]. Установлено, что распространенность ВИЧ-инфекции в ДФО в 2019 г. составила 334,22⁰/₀₀₀₀ (95% ДИ: 329,85–338,59), что в 2 раза ниже, чем в среднем по Российской Федерации (728,2⁰/₀₀₀₀; 95% ДИ: 714,40–741,99). В целом в ДФО за 5 лет произошел рост (p < 0,0001) уровня пораженности населения ВИЧ-инфекцией на 38,63% – с 241,09⁰/₀₀₀₀ (95% ДИ: 329,85–338,59) до 334,22⁰/₀₀₀₀ (95% ДИ: 329,85–338,59). Аналогичная динамика характерна для всех 9 анализируемых регионов (рис. 1).

Таблица 1. Праймеры, использованные для получения нуклеотидных последовательностей ВГС
Table 1. Primers that were used in order to obtain HCV nucleotide sequences

Зона генома Genome part	Праймеры Primers	Длина продукта Length of the product
Ген NS5B [17]	5'-cac act cca gty aay tcc tgg-3' 5'-cwm ctg gag agt aac tgt gga g-3'	241 нп
Ген NS5B [18]	5'-tgg ggt tct cgt atg ata ccc-3' 5'-cct ggt cat agc ctc cgt gaa-3'	350 нп
	5'-gat acc cgc tgc ttt gac tc-3' 5'-cct ccg tga agg ctc tca g-3'	
Ген NS5B [19]	5'-ttc tca tat gac acc cgc tgy tty ga-3' 5'-cct ctc ata tga cac ccg wtg ctt yga-3' 5'-gga ggg gcg gaa tac ctg gtc atr gcy tcc gtr aa-3'	350 нп
	5'-cat atg aca ccc gtc gyt tyg actc-3' 5'-cat atg aca ccc gwt gct tyg aytс-3' 5'-gga ggg gcg gaa tac ctg gtc atr gcy tcc gtr aa-3'	

Рисунок 1. Многолетняя динамика пораженности населения ВИЧ-инфекцией в территориях ДФО в сравнении со среднероссийским значением (2015–2019 гг.)

Figure 1. Long-term dynamics of HIV-infection prevalence in constituent entities of the Far Eastern Federal district compared to average index in the Russian Federation (during years 2015–2019)



Уровень распространённости ВИЧ-инфекции среди населения ДФО в 2019 г. оказался наибольшим в Приморском крае и ЧАО, в то время как в Амурской области на протяжении многих лет регистрируются наименьшие значения по сравнению со средними показателями в ДФО и в Российской Федерации (табл. 2).

В ДФО Приморский край на протяжении многих лет отличается высокими уровнями распространённости и заболеваемости ВИЧ-инфекцией. К 2019 г. тенденция сохранилась, а распространённость ВИЧ в данном регионе была практически в 2 раза ($p < 0,001$) выше среднего по ДФО: $580,38^{0}/_{0000}$ (95% ДИ: 569,58 – 591,18) и $334,22^{0}/_{0000}$ (95% ДИ: 329,65–338,79) соответственно. Аналогичная ситуация выявлена в 2019 г. и в ЧАО, где показатель распространённости оказался статистически значимо более высоким ($p = 10^{-10}$) в сравнении со среднерасчетным, равняясь $546,11$ (95% ДИ: 481,51–610,71). В Магаданской области показатель распространённости ВИЧ практически не отличался от среднего по округу – $358,27^{0}/_{0000}$ (95% ДИ: 327,11–389,43). В оставшихся шести субъектах, охваченных наблюдением, были зарегистрированы статистически значимо более низкие показатели распространённости ВИЧ-инфекции.

Заболеваемость ВИЧ-инфекцией в ДФО в 2019 г. находилась на уровне $37,89^{0}/_{0000}$ (95% ДИ: 36,34–39,44) и оказалась практически в два раза ниже среднероссийской ($64,5^{0}/_{0000}$; 95% ДИ: 64,29– 64,71) [20]. В ДФО в 2019 г. произошло незначительное (на 2,3%) снижение заболеваемости

по сравнению с 2018 г. В целом же за 5 лет она увеличилась на 6,07% ($p = 0,047$), в 2015 г. составляла $35,72^{0}/_{0000}$ (95% ДИ: 34,23–37,21).

Снижение интенсивности эпидемического процесса ВИЧ-инфекции было зафиксировано в Хабаровском крае в 2018 г. – $31,85^{0}/_{0000}$ (95% ДИ: 28,81–34,89), 2019 г. – $23,99^{0}/_{0000}$ (95% ДИ: 21,34–26,64), а также в Магаданской области (2015 г. – $59,10^{0}/_{0000}$, 95% ДИ: 46,69–71,51), 2019 – $25,49^{0}/_{0000}$ (95% ДИ: 17,16– 3,82). Для остальных территорий характерно либо нарастание активности эпидемического процесса ВИЧ-инфекции (ЧАО, ЕАО, Амурская область, Республика Саха (Якутия), Камчатский край), либо ее относительная стабилизация (Приморский край, Сахалинская область) (рис. 2).

При ранжировании территорий, входящих в состав ДФО и подвергшихся эпидемиологическому анализу, установлено, что в 2019 г. наибольшая заболеваемость регистрировалась в Приморском, Камчатском краях и ЧАО, наименьшая – в Республике Саха (Якутия) (см. табл. 1).

Анализ заболеваемости ВИЧ-инфекцией в девяти рассматриваемых территориях ДФО показал, что максимальная заболеваемость регистрировалась в Приморском и Камчатском краях, на более низком уровне она находилась в Хабаровском крае, Амурской области, ЕАО и Республике Саха (Якутия) (см. табл. 1).

Ретроспективный эпидемиологический анализ распространённости ХГС среди ВИЧ-положительных дальневосточников показал, что в среднем на 9 территориях

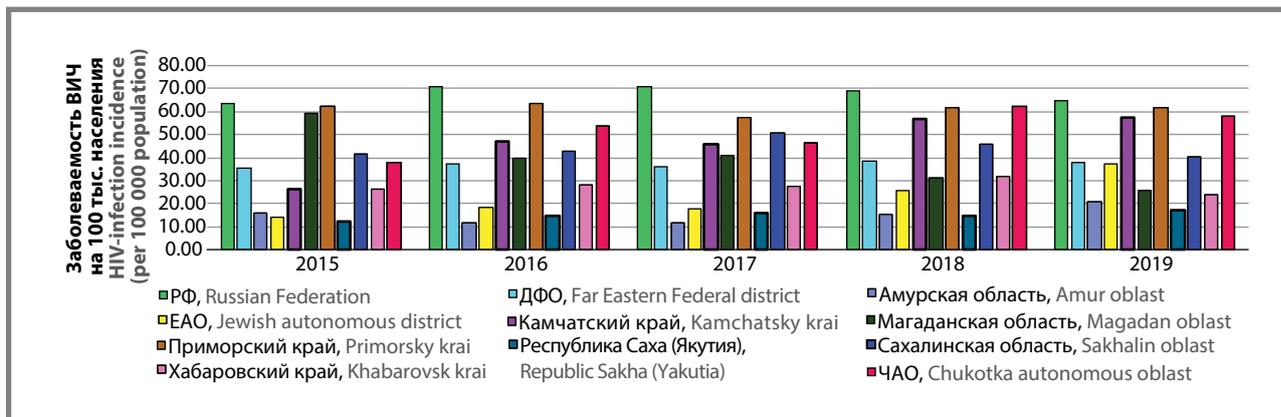
Таблица 2. Распространённость и заболеваемость ВИЧ-инфекцией в 2019 г. (на 100 тыс. населения)
Table 2. Prevalence and incidence of HIV-infection in 2019 (100 ths population)

Субъект Constituent entity	Поражённость Prevalence	Ранг Rank	Заболеваемость Incidence	Ранг Rank
Хабаровский край Khabarovsk krai	280,60 [271,58–289,62]	5	23,99 [21,34–26,64]	6
Приморский край Primorsky krai	580,38 [569,58–591,18]	1,5	61,75 [58,22–65,28]	2
Республика Саха (Якутия) Republic Sakha (Yakutia)	155,91 [148,05–163,77]	7,5	16,87 [14,28–19,46]	9
Амурская область Amur region	103,51 [96,43–110,59]	9	21,05 [17,85–24,24]	6
ЕАО Jewish autonomous district	173,84 [153,42–194,26]	7,5	37,52 [28,03–47,01]	4,5
Сахалинская область Sakhalin region	293,69 [278,54–308,84]	5	40,44 [34,81–46,06]	4,5
Магаданская область Magadan region	358,27 [327,11–389,43]	3	25,49 [17,16–33,82]	6
Камчатский край Kamchatsky krai	299,95 [280,84–319,06]	5	57,51 [49,14–65,88]	2
ЧАО Chukotka autonomous district	546,11 [481,51–610,71]	1,5	58,01 [36,90–79,12]	2

Примечание: *в квадратных скобках указан 95% доверительный интервал
Note: *95% confidence interval is indicated in square brackets

Рисунок 2. Многолетняя динамика заболеваемости ВИЧ-инфекцией в территориях ДФО в сравнении со средней по России (2015–2019 гг.)

Figure 2. Long-term dynamics of HIV-infection incidence in constituent entities of the Far Eastern Federal district compared to average index in the Russian Federation (2015–2019)



округа за 5-летний период показатель распространенности статистически значимо ($p < 0,0001$) увеличился на 12,46%: с 23,35% (95% ДИ: 22,76–23,94) до 26,26% (95% ДИ: 25,77–26,75). Отмечены выраженные региональные отличия. Так, наибольшее число ВИЧ-инфицированных лиц, состоявших на диспансерном учете в связи с ХГС, зарегистрировано в ЕАО (36,69%, 95% ДИ: 31,69–41,69; $p = 0,004$), Сахалинской (30,51%, 95% ДИ: 28,35–32,67; $p = 0,0002$), Магаданской областях (69,90% (95% ДИ: 66,20–73,6); $p = 10^{-14}$) и Камчатском крае (39,11%, 95% ДИ: 35,91–42,30; $p = 10^{-15}$). Меньшее число состоящих на диспансерном учете отмечено в Приморском крае (25,18%, 95% ДИ: 25,77–25,81; $p = 0,01$), Амурской области (15,08%, 95% ДИ: 12,98–17,18; $p = 10^{-24}$) и в Республике Саха (Якутия) (18,36% (95% ДИ: 16,62–20,10); $p = 0,00005$). В ЧАО численность ВИЧ-инфицированных с ХГС (26,26%, 95% ДИ: 25,77–26,75) не отличалась от среднего значения по ДФО.

Наиболее выраженные изменения удельного веса ХГС среди ВИЧ-положительных лиц за 5 лет прослеживались в Магаданской области, где

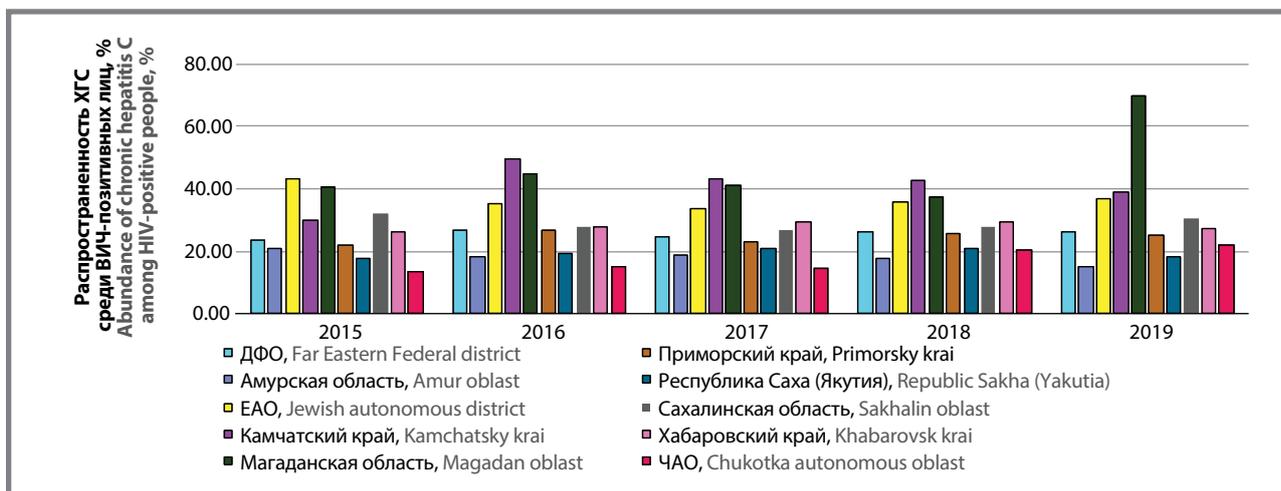
сочетанная инфицированность увеличилась на 71,49% ($p < 0,0001$) – с 40,76% (95% ДИ: 36,35–45,17) до 69,90% (95% ДИ: 66,20–73,6) (рис. 3).

По сравнению с рядом других регионов Российской Федерации в ДФО в среднем (26,26%) распространённость ХГС среди ВИЧ-положительных лиц ниже, например, в Новгородской области (Северо-Западный федеральный округ) – 37,2%, в Московской области (Центральный федеральный округ) – 53,8%, в Новосибирской области (Сибирский федеральный округ) – 45,3% [21–23].

В ходе генотипирования образцов биологического материала, содержавших генетический материал вируса гепатита С, генотип был определен в 102 из 120 проб. Доминантным генотипом ВГС оказался генотип 3, субтип 3a, выявленный у 50,98% (95% ДИ: 41,33–60,63) обследованных. Субтип 1b генотипа 1 был обнаружен у 38,24% (95% ДИ: 28,85–47,62) обследованных лиц. Минорными геновариантами ВГС оказались второй генотип – 5,88% (95% ДИ: 1,34–10,43) и 1a субтип – 4,9% (95% ДИ: 0,73–9,07) (рис. 4). Преобладание

Рисунок 3. Удельный вес ХГС среди ВИЧ-положительных дальневосточников (2015–2019 гг.)

Figure 3. Percentage of chronic hepatitis C among HIV-positive people living in the Far Eastern Federal district (during years 2015–2019)



За геноварианта вируса вероятно связано с тем, что большинство ВИЧ-позитивных пациентов являлись потребителями инъекционных наркотиков, среди которых на территории России, а также стран бывшего СССР доминирует субтип 3а ВГС [24–26]. В целом в Российской Федерации доминантным генотипом ВГС является генотип 1, как и во всём мире [3,12]. В России субтип 1b встречается более чем у 50% инфицированных, чуть реже выявлялся субтип 3а (36,3%) [12]. Аналогичные данные были получены в Новосибирской области – среди ВИЧ-инфицированных лиц с ХГС выявляли 1 геновариант вируса (57,5%) и генотип 3 (39,8%) [21]. При этом в Москве исследование сывороток крови от пациентов с ХГС выявило превалирование 3а субтипа вируса (более чем в 50%). Генотип 1b оказался также доминантным и выявлялся в 34,0% сывороток. Минорными оказались рекомбинантная форма 2к/1b (3,1%) и 4d субтип вируса (0,5%) [27]. В странах СНГ, например, в Беларуси, в отличие от Российской Федерации, регистрируется значительная доля субтипа 3а ВГС (52,8%), а также 1а (36,1%) геноварианта [28].

Проведенный нами статистический анализ не выявил различий в распределении генотипов между обследованными мужчинами и женщинами. Интересным оказался факт более частого выявления второго генотипа ВГС среди ВИЧ-позитивных 35-летних и младше в сравнении с более старшей возрастной группой (36 лет и старше). Так, если в первой группе генотип 2 обнаруживался у 12,5% (95% ДИ: 6,83–19,58) обследованных, то во второй – у 1,61% (95% ДИ: 0,09–4,94; $p_{\text{Fisher exact}} = 0,033$). Генотип 1а также чаще выделялся в возрастной группе 35 лет и младше – 10,0% (95% ДИ: 4,96–16,54), а у лиц 36 лет и старше – лишь в 1,61%

(95% ДИ: 0,09–4,94; $p_{\text{Fisher exact}} = 0,076$), однако статистически значимых отличий между группами все же не зафиксировано. У более молодых пациентов с ВИЧ-инфекцией и ХГС отмечено более частое выявление минорных генотипов ВГС. Установленная закономерность может считаться отличительным признаком ДФО, так как при анализе особенностей геновариантов ВГС в других регионах РФ, например, в Москве, среди пациентов клиник не установлено статистически значимых отличий генотипического пейзажа вируса гепатита С между различными возрастными группами [27].

Анализ территориального распределения генотипов ВГС вскрыл определенные особенности генотипического пейзажа в различных субъектах ДФО. Учитывая, что из группы обследованных, проживающих в Приморском крае, установить генотип удалось лишь у четырех человек (в трех пробах субтип 3а ВГС и в одной 1а), данный регион отдельно не выделялся при проведении анализа в связи с малым количеством данных.

Более значимая циркуляция генотипа 2 ВГС зарегистрирована на территории Хабаровского края – он был выявлен в 27,27% (95% ДИ: 6,31–55,94) проб, когда в целом по ДФО – в 5,88% (95% ДИ: 2,17–11,24, $p_{\text{Fisher exact test}} = 0,042$). Превалирование 1b субтипа ВГС оказалось характерным для Республики Саха (Якутия), где указанный геновариант определялся в 2 раза чаще (77,78% (95% ДИ: 46,79–97,32) по сравнению в целом по ДФО (38,24% (95% ДИ: 29,09–47,83); $p_{\text{Fisher exact test}} = 0,032$). Факт отмеченного нами преобладания 1b субтипа ВГС в Республике Саха (Якутия) согласуется с данными других научных публикаций [29].

В ЕАО, ЧАО, Сахалинской, Амурской и Магаданской областях удельный вес циркулирующих генотипов

Рисунок 4. Распределение генотипов ВГС среди обследованных граждан ДФО, живущих с ВИЧ
Figure 4. HCV genotypes distribution among examined citizens of the Far Eastern Federal district living with HIV

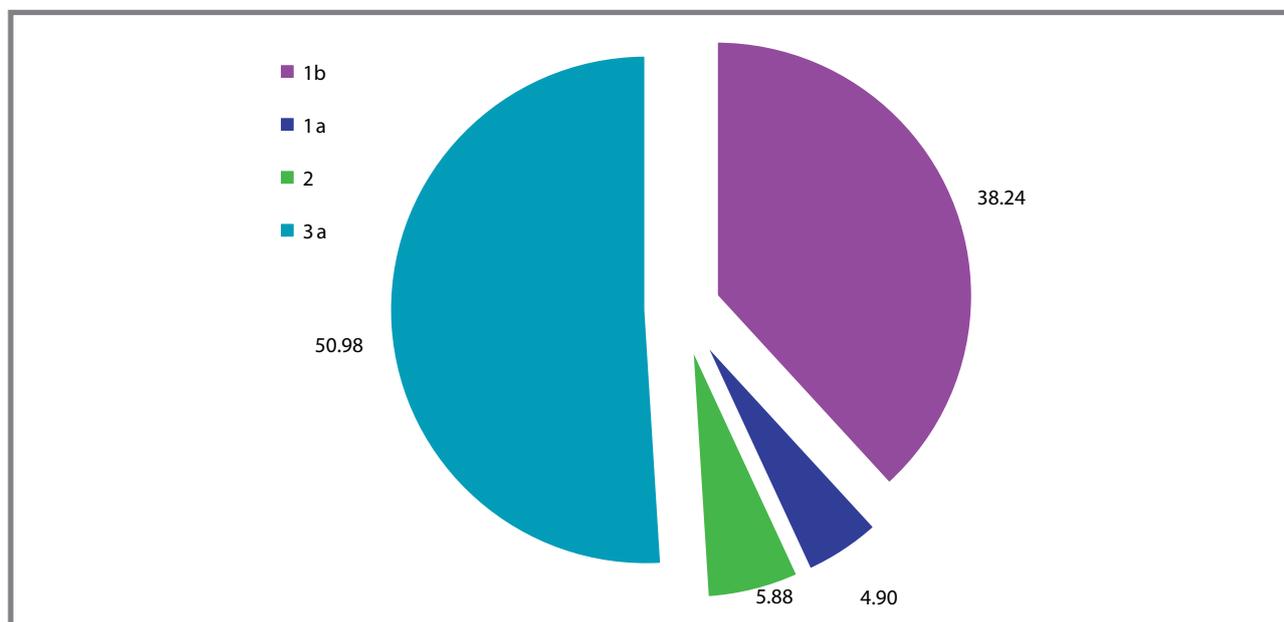
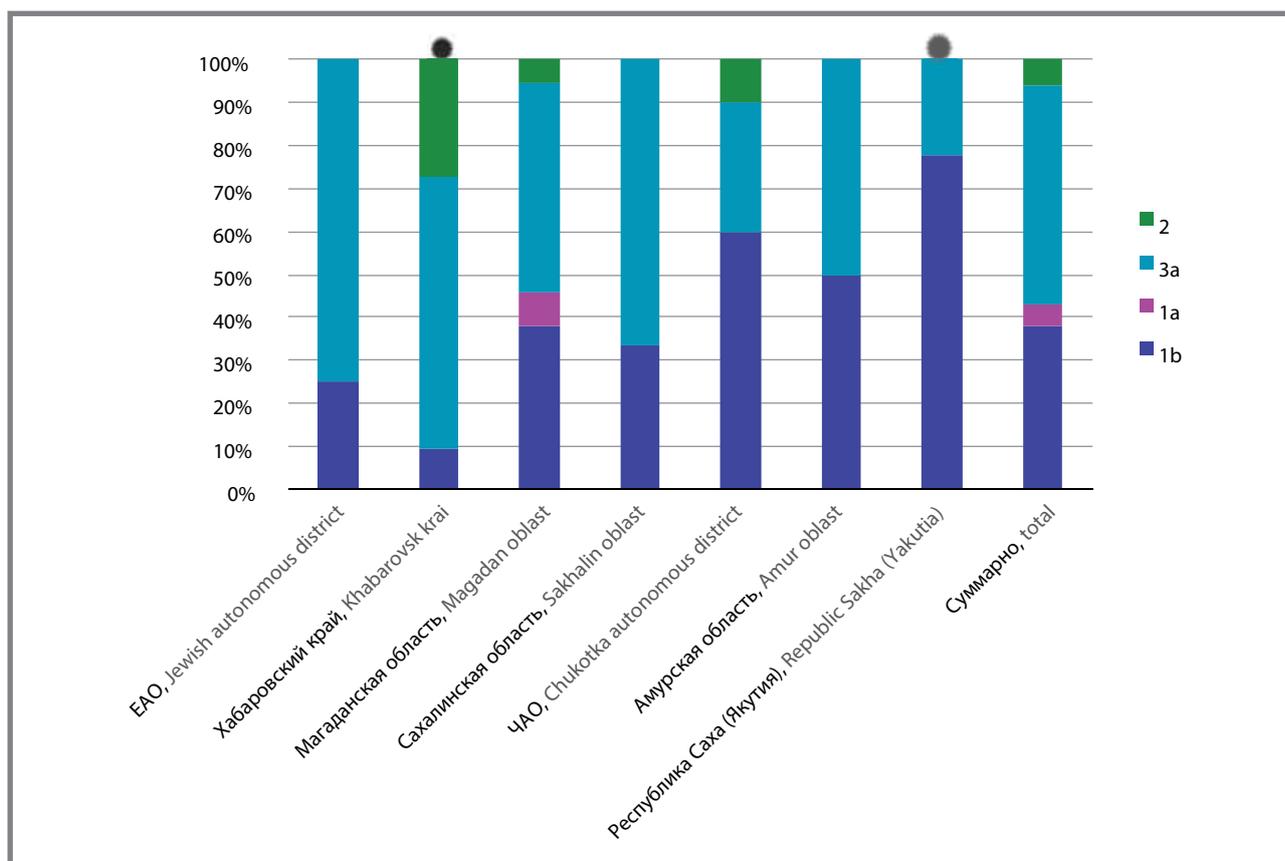


Рисунок 5. Территориальные особенности распределения генотипов ВГС в ДФО
Figure 5. Territorial peculiarities of HCV genotypes distribution in the Far Eastern Federal district



Примечание: *территории, где выявлены статистически значимые отличия от среднего уровня по выборке. Цвет звездочки соответствует генотипу, в отношении которого отличия были зарегистрированы.
 Note: *constituent entities where statistically significant differences compared to mean value in the group were found. Color of stars indicate genotype in relation of which statistically significant differences were found.

ВГС статистически значимо не отличался между субъектами. В ЕАО, Хабаровском крае, Магаданской и Сахалинской областях доминировал генотип 3a, в ЧАО чаще выявлялся 1b субтип вируса, а в Амурской области 1b и 3a геноварианты были распределены практически равномерно. Однако подтвердить статистическую значимость отличий от среднего уровня, полученного в выборке, не удалось (рис. 5).

При сравнении данных, полученных в настоящем исследовании в Хабаровском крае, и предыдущих сведений о генетическом разнообразии ВГС в указанном субъекте, выявлены отличия. Среди обследованных нами ВИЧ-ВГС-инфицированных лиц Хабаровского края чаще выявлялся 3a субтип вируса (63,64%, 95% ДИ: 33,83–93,45), тогда как среди ВГС-моноинфицированных хабаровчан, по данным Н. В. Соболева и соавт. (2017), напротив, доминировал 1b субтип (64,2%), а 3a субтип встречался в 2 раза реже (28,3%) [30].

Выводы

На протяжении 5-летнего периода выявлено статистически значимое увеличение числа ВИЧ-позитивных дальневосточников с диагнозом ХГС (26,26%). При этом для Дальневосточного региона характерна выраженная территориальная

неравномерность показателя. Наиболее распространен ХГС среди ВИЧ-инфицированных в Магаданской области (69,90%, 95% ДИ: 66,20 – 73,6%), наименее – в Амурской (15,08%, 95% ДИ: 12,98–17,18).

В ходе молекулярно-генетического типирования вируса гепатита С установлено доминирование 3 генотипа, 3a субтипа среди всей обследованной группы ВИЧ-ВГС-инфицированных лиц. Реже регистрировался генотип 1, субтип 1b ВГС. Установлены территориальные особенности молекулярно-генотипического пейзажа вируса гепатита С у ВИЧ-позитивных лиц. Так, в Хабаровском крае значительно чаще, чем в других регионах, выявлялся генотип 2. В Республике Саха (Якутия) среди обследованных доминировал генотип 1b, аналогичная тенденция была характерна и для ЧАО, однако для подтверждения последнего необходимо увеличить численность выборки.

Следует отметить тенденцию к увеличению удельного веса второго генотипа ВГС, а также 1a генотипа в группе ВИЧ-инфицированных лиц наиболее молодого возраста (35 лет и младше). В более старшей возрастной группе (36 лет и более) генетическое разнообразие вируса оказалось менее выраженным, при этом чаще выявлялся субтип 3a.

Литература

- Кузнецова А. В., Витько А. В., Каравьянская Т. Н., Баглай И. А., Рогачикова А. Е., Воронцова Г. А., Рудь С. С. Парентеральные вирусные гепатиты на Дальнем Востоке России: вирусологические и эпидемиологические особенности у моноинфицированных и пациентов с ко-инфекцией ВИЧ. *Клиническая фармакология и терапия*. 2015;24(1):34–37.
- Медведева Т. В., Некипелов О. М., Никитина Е. Г., Скворцова Р. Г. О необходимости обязательного исследования образцов крови на присутствие ВИЧ, положительных по отношению к гепатиту С. *Сибирский медицинский журнал*. 2010;(6):187–188.
- Welzel T.M., Bhardwaj N., Hedskog C., Chodavarapu K., Camus G., McNally J., Agarwal K. Global epidemiology of HCV subtypes and resistance-associated substitutions evaluated by sequencing-based subtype analyses. *Journal of Hepatology*. 2017; 67(2): 224–236.
- Silva CMD, Peder LD, Thomazella MV, Teixeira JVV, Bertolini DA. Profile of HCV genotypes and HIV-subtypes among HIV-coinfected patients in southern Brazil. *Arq Gastroenterol*. 2019;56(4):344–350.
- Freitas SZ, Teles SA, Lorenzo PC, et al. HIV and HCV coinfection: prevalence, associated factors and genotype characterization in the Midwest Region of Brazil. *Rev Inst Med Trop Sao Paulo*. 2014;56(6):517–524.
- Medrano J, Resino S, Vispo E, et al. Hepatitis C virus (HCV) treatment uptake and changes in the prevalence of HCV genotypes in HIV/HCV-coinfected patients. *J Viral Hepat*. 2011;18(5):325–330.
- Grzeszczuk A, Wandolowicz AD, Jaroszewicz J, Flisiak R. Prevalence and Risk Factors of HCV/BFC/HIV Co-Infection and HCV Genotype Distribution in North-Eastern Poland. *Hepat Mon*. 2015;15(7):e27740.
- Ponamgi SP, Rahamathulla S, Kumar YN, et al. Prevalence of hepatitis C virus (HCV) coinfection in HIV infected individuals in south India and characterization of HCV genotypes. *Indian J Med Microbiol*. 2009;27(1):12–16.
- Tian D, Li L, Liu Y, Li H, Xu X, Li J. Different HCV genotype distributions of HIV-infected individuals in Henan and Guangxi, China. *PLoS One*. 2012;7(11):e50343.
- Zhou K, Hu F, Wang C, et al. Genotypic distribution and hepatic fibrosis among HIV/HCV co-infected individuals in Southern China: a retrospective cross-sectional study. *BMC Infect Dis*. 2015;15(1):401.
- Shenge JA, Odaibo GN, Olaleye DO. Phylogenetic analysis of hepatitis C virus among HIV/HCV co-infected patients in Nigeria. *PLoS One*. 2019;14(2):e0210724.
- Пименов Н. Н., Чуланов В. П., Комарова С. В., Карандашова И. В., Неверов А. Д., Михайловская Г. В. Гепатит С в России: эпидемиологическая характеристика и пути совершенствования диагностики и надзора. *Эпидемиология и инфекционные болезни*. 2012; (3): 4–10.
- Останкова Ю. В., Валутите Д. Э., Зуева Е. Б., Серикова Е. Н., Щемелев А. Н. и др. Первичные мутации лекарственной устойчивости вируса гепатита С у пациентов с впервые выявленной ВИЧ-инфекцией. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2020;(3):97–105.
- Чемодурова Ю. В., Мамчик Н. П., Ситник Т. Н., Муха Т. А., Бездверная Н. А. Распространенность и генетическая характеристика вирусов гепатита С на территории Воронежской области. *Пермский медицинский журнал*, 2017;34(4):45–53.
- Клинические рекомендации Хронический вирусный гепатит С (ХВГС) у взрослых. Москва: профильная комиссия Министерства здравоохранения Российской Федерации по специальности «Инфекционные болезни». 2018:90.
- European Association for The Study of The Liver et al. EASL recommendations on treatment of hepatitis C 2018. *Journal of hepatology*. 2018;69(2): 461–511.
- Nakatani S.M., Santos C.A., Riediger I.N. et al. Comparative performance evaluation of hepatitis C virus genotyping based on the 5' untranslated region versus partial sequencing of the NSSB region of Brazilian patients with chronic hepatitis C. *Viro J*. 2011;(8):459
- El Hadad S., Al-Hamdan H., Linjawi S. Partial sequencing analysis of the NSSB region confirmed the predominance of hepatitis C virus genotype 1 infection in Jeddah, Saudi Arabia. *PLoS One*. 2017;12(5): e0178225.
- Михайлов М. И., Кюреган К. К. Молекулярно-биологические основы контроля вирусных гепатитов. М.: Издательство Икар; 2013. 336 с.
- Справка: «ВИЧ-инфекция в Российской Федерации в 2019 году». Москва: Федеральный информационно-методический центр по профилактике и борьбе со СПИДом, ФБУН Центральный НИИЭ Роспотребнадзора; 2020:4.
- Максимов С. Л., Царенко С. П., Кравченко А. В. и др. Маркеры хронического гепатита В у больных ВИЧ-инфекцией и подходы к терапии. *Российский журнал гастроэнтерологии, гепатологии, колопроктологии*. 2010;(20):22–26.
- Азовцева О. В., Архипова Е. И., Архипов Г. С. Клинико-генотипическая характеристика ко-инфекции вирусного гепатита С и ВИЧ. *ВИЧ-инфекция и иммуносупрессии*. 2010;2(2):42–47.
- Кузнецов А. И., Кривошеина Е. И., Чуб Е. В., Карташов М. Ю. Изучение уровня зараженности вирусом гепатита С ВИЧ-инфицированных людей в Новосибирской области. IV международная конференция молодых ученых: биотехнологов, молекулярных биологов и вирусологов. 2017:159.
- Жебрун А. Б., Калинин О. В. Вирусный гепатит С: эволюция эпидемического процесса, эволюция вируса. *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии*. 2016;(1):102–112.
- Баранов А. В., Малеев В. В. Распространение генетических вариантов вируса гепатита С у больных с различными факторами инфицирования. *Инфекционные болезни*. 2009; 7(3):87–89.
- Salemovic D., Pesic-Pavlovic I., Jevtovic D., et al. Intravenous drug use - an independent predictor for HCV genotypes 3 and 4 infection among HIV/ BFC co-infected patients. *Arch Med Sci*. 2017;13(3):652–658.
- Кичатова В. С., Соболева Н. В., Карлсен А. А., Исаева О. В., Солонин С. А., Кюреган К. К. и др. Клинически значимые полиморфизмы в геноме вируса гепатита С среди генотипов вируса, наиболее распространенных на территории Российской Федерации // Актуальные вопросы эпидемиологии, диагностики, лечения и профилактики инфекционных и онкологических заболеваний: сборник трудов конференций молодых ученых (2014–2018 гг., г. Москва). Киров: Изд-во МЦИТО, 2019:29–41.
- Еремин В. Ф., Гасич Е. Л., Сосинович С. В., Юровский П. Н., Фисенко Е. Г. Расшифровка вспышки ВИЧ-инфекции среди лиц, употребляющих инъекционные психотропные препараты, с использованием методов молекулярной эпидемиологии. *ВИЧ-инфекция и иммуносупрессии*. 2016;8(4):66–74.
- Семенов А. В., Останкова Ю. В., Герасимова В. В., Бичурин М. А., Козлов А. В., Мукомолов С. Л. и др. Молекулярно-эпидемиологические особенности изолятов вируса гепатита С из разных регионов Республики Саха (Якутия). *Инфекция и иммунитет*. 2015; (4):359–372.
- Соболева Н. В., Карлсен А. А., Исаева О. В., Кюреган К. К., Троценко О. Е., Михайлов М. И. Особенности циркуляции вируса гепатита С в Хабаровском крае. *Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии*. 2017; (3):43–51.

References

- Kuznetsova A.V., Vitko A.V., Karavianskaya T.N., Baglai I.A., Rogachikova A.E., Vorontsova G.A., Rud S.S. Parenteral viral hepatitis in the Russian Far East: virological and epidemiological peculiarities in monoinfected patients and those co-infected with HIV. *Clinical pharmacology and therapy*. 2015;24(1):34–37 (In Russ.).
- Medvedeva T.V., Nekipelov O.M., Nikitina E.G., Skvortsova R.G. On necessity of obligatory research of samples, positive to hepatitis C, for HIV presence. *Siberian medical journal*. 2010;(6):187–188 (In Russ.).
- Welzel T.M., Bhardwaj N., Hedskog C., Chodavarapu K., Camus G., McNally J., Agarwal K. Global epidemiology of HCV subtypes and resistance-associated substitutions evaluated by sequencing-based subtype analyses. *Journal of Hepatology*. 2017;67(2):224–236.
- Silva CMD, Peder LD, Thomazella MV, Teixeira JVV, Bertolini DA. Profile of HCV genotypes and HIV-subtypes among HIV-coinfected patients in southern Brazil. *Arq Gastroenterol*. 2019;56(4):344–350.
- Freitas SZ, Teles SA, Lorenzo PC, et al. HIV and HCV coinfection: prevalence, associated factors and genotype characterization in the Midwest Region of Brazil. *Rev Inst Med Trop Sao Paulo*. 2014;56(6):517–524.
- Medrano J, Resino S, Vispo E, et al. Hepatitis C virus (HCV) treatment uptake and changes in the prevalence of HCV genotypes in HIV/HCV-coinfected patients. *J Viral Hepat*. 2011;18(5):325–330.
- Grzeszczuk A, Wandolowicz AD, Jaroszewicz J, Flisiak R. Prevalence and Risk Factors of HCV/HIV Co-Infection and BFC Genotype Distribution in North-Eastern Poland. *Hepat Mon*. 2015;15(7):e27740.
- Ponamgi SP, Rahamathulla S, Kumar YN, et al. Prevalence of hepatitis C virus (HCV) coinfection in HIV infected individuals in south India and characterization of HCV genotypes. *Indian J Med Microbiol*. 2009;27(1):12–16.
- Tian D, Li L, Liu Y, Li H, Xu X, Li J. Different HCV genotype distributions of HIV-infected individuals in Henan and Guangxi, China. *PLoS One*. 2012;7(11):e50343.
- Zhou K, Hu F, Wang C, et al. Genotypic distribution and hepatic fibrosis among HIV/BFC co-infected individuals in Southern China: a retrospective cross-sectional study. *BMC Infect Dis*. 2015;15(1):401.
- Shenge JA, Odaibo GN, Olaleye DO. Phylogenetic analysis of hepatitis C virus among HIV/HCV co-infected patients in Nigeria. *PLoS One*. 2019;14(2):e0210724.
- Pimenov N.N., Chulanov V.P., Komarova S.V., Karandashova I.V., Neverov A.D., Mikhailovskaya G.V. Hepatitis C in Russia: current epidemiology and approaches to improving diagnosis and surveillance. *Epidemiology and infectious diseases*. 2012;(3): 4–10 (In Russ.).
- Ostankova Yu.V., Valutite D.E., Zueva E.B., Serikova E.N., Shchemelev A.N., Boumbaly S., et al. HCV drug resistance mutations in patients with newly diagnosed HIV infection. *Problems of Particularly Dangerous Infections*. 2020;(3):97–105 (In Russ.).
- Chemodurova Yu.V., Mamchik N.P., Sitnik T.N., Mukha T.A., Bezdvernaya N.A. Prevalence and hygienic characteristic of hepatitis C viruses on the territory of Voronezh region. *Perm medical journal*. 2017;34(4):45–53 (In Russ.).

Original Articles

15. *Klinical recommendations: hronicheskiy virusnyy gepatit C u vsroslikh. Moscow: profilnaya komissiya Ministerstva zdravoohraneniya Rossiiskoi Federatsii po spetsialnosti «Infektsionnye bolezni». 2018;90 (In Russ.).*
16. *European Association for The Study of The Liver, et al. EASL recommendations on treatment of hepatitis C 2018. Journal of hepatology. 2018;69(2):461–511.*
17. *Nakatani SM, Santos CA, Riediger IN, et al. Comparative performance evaluation of hepatitis C virus genotyping based on the 5' untranslated region versus partial sequencing of the NS5B region of brazilian patients with chronic hepatitis C. Virol J. 2011;(8):459.*
18. *El Hadad S., Al-Hamdan H., Linjawi S. Partial sequencing analysis of the NS5B region confirmed the predominance of hepatitis C virus genotype 1 infection in Jeddah, Saudi Arabia. PLoS One. 2017;12(5):e0178225.*
19. *Mikhailov M.I., Kureguan K.K. Molecular-biological principles of viral hepatitis control. Moscow: izdatelstvo Ikar, 2013:336 (In Russ.).*
20. *Report: «HIV-infection in the Russian Federation in 2019». Moscow: Federal Scientific and Guidance Center for AIDS Prevention and Treatment at the Central Research Institute of Epidemiology of the Federal Service for Supervision of Consumer Rights Protection and Human Well-Being (Rospotrebnadzor); 2020:4 (In Russ.).*
21. *Maksimov S.L., Tsarenko S.P., Kravchenko A.V., and al. Markers of chronic viral hepatitis B in patients with HIV-infection and treatment strategy. Russian journal of gastroenterology, hepatology, koloproctology. 2010; (20): 22–26 (In Russ.).*
22. *Azovtseva O.V., Arkhipova E.I., Archipov G.S. Clinical-genotypic characteristics of hepatitis C virus and HIV co-infection. HIV-infection and immunosuppressive disorders. 2010;2(2):42–47 (In Russ.).*
23. *Kuznetsov A.I., Krivosheina E.I., Chub E.V., Kartashov M.Yu. Evaluation of HCV infection rate among HIV-infected people of the Novosibirsk oblast. IV meshdunarodnaya konferentsiya molodikh uchenikh: biotekhnologov, molekularnikh biologov i virusologov. Novosibirsk. 2017:159 (In Russ.).*
24. *Zhebrun A.B., Kalinina O.V. Viral hepatitis C: evolution of the epidemiologic process, evolution of the virus. Journal of microbiology, epidemiology and immunobiology. 2016;(1):102–112 (In Russ.).*
25. *Baranov A.V., Maleev V.V. Spread of hepatitis C virus genetic variants in patients with different infection contamination factors. Infectious diseases. 2009;7(3): 87–89 (In Russ.).*
26. *Salemovic D, Pesic-Pavlovic I, Jevtic 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;13(3):652–658.*
27. *Salemovic D, Pesic-Pavlovic I, Jevtic 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;13(3):652–658.*
28. *Kichatova V.S., Soboleva N.V., Karlsen A.A., Isaeva O.V., Solonin S.A., Kyuregyan K.K., et al. Clinically relevant hepatitis C virus polymorphisms among virus genotypes that are prevalent in the Russian Federation. Aktualniye voprosi epidemiologii, diagnostiki, lecheniya i profilaktiki infektsionnikh i onkologicheskikh zabolevanii: sbornik trudov konferentsii molodikh uchenikh; 2014–2018 gg. Moscow. Kirov: izdatelstvo MTsITO, 2019:29–41 (In Russ.).*
29. *Eremin V.F., Gasich E.L., Sosinovic S.V., Yurovsky P.N., Fisenko E.G. Sing molecular epidemiological methods to investigate HIV breakouts among injection drug users. HIV Infection and Immunosuppressive Disorders. 2016;8(4):66–74 (In Russ.).*
30. *Semenov A.V., Ostankova J.V., Gerasimova V.V., Bichurina M.A., Kozlov A.V., Mukomolov S.L., et al. Molecular epidemiology features of hepatitis C virus isolates from different regions of the republic Sakha (Yakutia). Russian Journal of Infection and Immunity. 2015;5(4):359–372 (In Russ.).*
31. *Soboleva N.V., Karlsen A.A., Isaeva O.V., Kuregyan K.K., Trotsenko O.E., Mikhailov M.I. Features of circulation of hepatitis C virus in Khabarovsk region. Journal of microbiology, epidemiology and immunobiology. 2017;(3):43–51 (In Russ.).*

Об авторах

- **Елена Анатольевна Базыкина** – младший научный сотрудник лаборатории эпидемиологии и профилактики вирусных гепатитов и СПИД, ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора, 680000, г. Хабаровск, ул. Шевченко, 2. +7 (4212) 46-18-55; alyonaf@yandex.ru. ORCID: 0000-0002-5695-6752.
- **Ольга Евгеньевна Троценко** – д. м. н., директор ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора, 680000, г. Хабаровск, ул. Шевченко, 2. +7 (4212) 32-52-28, trotsenko_oe@hniiem.ru. ORCID: 0000-0003-3050-4472.
- **Валерия Олеговна Котова** – заведующая лабораторией профилактики вирусных гепатитов и СПИДа Хабаровского НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора, 680000, г. Хабаровск, ул. Шевченко, 2. +7 (4212) 46-18-54, adm@hniiem.ru. ORCID: 0000-0001-9824-7025.
- **Людмила Анатольевна Балахонтцева** – руководитель Дальневосточного окружного центра по профилактике и борьбе со СПИД Хабаровского НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора, 680000, г. Хабаровск, ул. Шевченко, 2. +7 (4212) 46-18-54, adm@hniiem.ru. ORCID: 0000-0002-3209-7623.

Поступила: 01.06.2021. Принята к печати: 01.09.2021.

Контент доступен под лицензией CC BY 4.0.

About the Authors

- **Elena A. Bazykina** – junior research associate of the FBUN Khabarovsk research institute of epidemiology and microbiology of the Federal Service for surveillance on consumers rights protection and human wellbeing (Rospotrebnadzor), 2, Shevchenko str., Khabarovsk, 680000, Russia. +7 (4212) 46-18-55, alyonaf@yandex.ru. ORCID: 0000-0002-5695-6752.
- **Olga E. Trotsenko** – Dr. Sci. (Med.), director of the FBIS Khabarovsk research institute of epidemiology and microbiology of the Federal Service for surveillance on consumers rights protection and human wellbeing (Rospotrebnadzor), 2, Shevchenko str., Khabarovsk, 680000, Russia. +7 (4212) 32-52-28, trotsenko_oe@hniiem.ru. ORCID: 0000-0003-3050-4472.
- **Valeria O. Kotova** – chief of the laboratory for prevention of viral hepatitis and AIDS of the FBIS Khabarovsk research institute of epidemiology and microbiology of the Federal Service for surveillance on consumers rights protection and human wellbeing (Rospotrebnadzor), 2, Shevchenko str., Khabarovsk, 680000, Russia. +7 (4212) 46-18-54, adm@hniiem.ru. ORCID: 0000-0001-9824-7025.
- **Lyudmila A. Balakhontseva** – chief of the Far Eastern regional center on prevention and combat against AIDS of the FBIS Khabarovsk research institute of epidemiology and microbiology of the Federal Service for surveillance on consumers rights protection and human wellbeing (Rospotrebnadzor), 2, Shevchenko str., Khabarovsk, 680000, Russia. +7 (4212) 46-18-54, adm@hniiem.ru. ORCID: 0000-0002-3209-7623.

Received: 01.06.2021. Accepted: 01.09.2021.

Creative Commons Attribution CC BY 4.0.