

Оригинальная статья / Original article

УДК 616.98:578.828

DOI: 10.18470/1992-1098-2023-4-125-133

## Вклад рекомбинационной изменчивости ВИЧ в формирование популяции ВИЧ-1, циркулирующих в Приморском крае

Максим Р. Халиков<sup>1</sup>, Василий Е. Екушов<sup>1</sup>, Алексей В. Тотменин<sup>1</sup>, Людмила Г. Готфрид<sup>1</sup>,  
Лидия Ф. Скляр<sup>2</sup>, Наталья П. Соловьева<sup>2</sup>, Елена Н. Сердцева<sup>2</sup>, Марина И. Шпортова<sup>2</sup>,  
Жанна А. Мартынченко<sup>2</sup>, Светлана Н. Бениова<sup>2</sup>, Светлана А. Ермолицкая<sup>2</sup>,  
Ирина С. Горелова<sup>2</sup>, Наталья М. Гашникова<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Федеральное бюджетное учреждение науки Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор» Роспотребнадзора, Кольцово, Новосибирская область, Россия

<sup>2</sup>Государственное бюджетное учреждение здравоохранения «Краевая клиническая больница №2»,  
Центр по профилактике и борьбе со СПИД, Владивосток, Приморский край, Россия

### Контактное лицо

Наталья М. Гашникова, кандидат биологических наук, ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор» Роспотребнадзора; 630559 Россия, рп. Кольцово, Новосибирская область.  
Тел. +79139405479  
Email [nmgashnikova@gmail.com](mailto:nmgashnikova@gmail.com)  
ORCID <https://orcid.org/0000-0002-0891-0880>

### Формат цитирования

Халиков М.Р., Екушов В.Е., Тотменин А.В., Готфрид Л.Г., Скляр Л.Ф., Соловьева Н.П., Сердцева Е.Н., Шпортова М.И., Мартынченко Ж.А., Бениова С.Н., Ермолицкая С.А., Горелова И.С., Гашникова Н.М. Вклад рекомбинационной изменчивости ВИЧ в формирование популяции ВИЧ-1, циркулирующих в Приморском крае // Юг России: экология, развитие. 2023. Т.18, N 4. С. 125-133. DOI: 10.18470/1992-1098-2023-4-125-133

Получена 22 октября 2023 г.

Прошла рецензирование 20 ноября 2023 г.

Принята 25 ноября 2023 г.

### Резюме

**Цель.** Исследовать молекулярно-эпидемиологические особенности территориального распространения ВИЧ-инфекции и влияние рекомбинационной изменчивости на формирование популяции ВИЧ-1 в Приморском крае.

**Материалы и методы.** Выполнен комплексный анализ молекулярно-генетических характеристик ВИЧ-1 и клинико-эпидемиологических данных 127 ВИЧ-инфицированных жителей Приморского края. Нуклеотидные последовательности области гена *pol*, кодирующей протеазу, обратную транскриптазу и интегразу, ВИЧ-1 получали секвенированием амплифицированных фрагментов вируса. Генотипирование, филогенетический и мутационный анализы проводили с использованием специализированных программных ресурсов.

**Результаты.** В изученной выборке ВИЧ-1, выделенных в Приморском крае, выявлено доминирование ВИЧ-1 субтипа А6 – 40,9 %. Зарегистрирована высокая по сравнению с другими российскими регионами распространенность вирусов субтипа В – 29,9 %. ВИЧ-1 субтипа С найден в 6,3 % исследованных образцов; циркулирующие рекомбинантные формы CRF63\_02A6 – в 6,3 %, CRF02\_AG – в 0,8 %. Уникальные вирусы, возникшие в результате рекомбинации ВИЧ субтипов А6 и В, А6 и С, С и В, были найдены в 15,7 % случаев (URF\_A6C, URF\_CB, URF\_BA6). Из 18 описанных URF ВИЧ-1 14 являлись различными вариантами URF\_A6C (11 %). Анализ почти полногеномных последовательностей (NFLG) URF\_A6C позволил найти и описать новый распространяющийся в Приморье геновариант ВИЧ – CRF157\_A6C.

**Заключение.** Выполненный анализ циркулирующих в Приморском крае ВИЧ-1 подтвердил, что на территории края развивается специфическая молекулярно-эпидемическая ситуация, для которой характерна активная передача вирусов не только субтипа А6, но и субтипов В и С, чего не наблюдается в других регионах России. Впервые на Дальнем Востоке описана высокая частота встречаемости новых возникающих уникальных рекомбинантных форм ВИЧ-1, отдельные варианты которых начинают распространяться среди жителей Приморского края. Увеличение генетической гетерогенности вирусной популяции за счет рекомбинационной изменчивости ВИЧ является негативным прогностическим фактором развития территориальной эпидемии ВИЧ-инфекции на Дальнем Востоке страны.

### Ключевые слова

ВИЧ-1, субтипы, филогенетический анализ, рекомбинационная изменчивость, рекомбинантные формы.

# The role of recombination variability to the formation of the population the HIV-1 population circulating in the Primorsky Krai, Russia

Maksim R. Halikov<sup>1</sup>, Vasily E. Ekushov<sup>1</sup>, Alexei V. Totmenin<sup>1</sup>, Ludmila G. Gotfrid<sup>1</sup>, Lidiya F. Sklyar<sup>2</sup>, Natalia P. Soloveva<sup>2</sup>, Elena N. Serdtseva<sup>2</sup>, Marina I. Shportova<sup>2</sup>, Zhanna A. Martynchenko<sup>2</sup>, Svetlana N. Beniova<sup>2</sup>, Svetlana A. Ermolickaja<sup>2</sup>, Irina S. Gorelova<sup>2</sup> and Natalya M. Gashnikova<sup>1</sup>

<sup>1</sup>State Research Centre of Virology and Biotechnology, Vector, Koltsovo, Novosibirsk region, Novosibirsk, Russia

<sup>2</sup>Regional Clinical Hospital No 2, Centre for Prevention and Control of AIDS and Infectious Diseases, Vladivostok, Primorsky Krai, Russia

## Principal contact

Natalya M. Gashnikova, Ph.D., State Research Center of Virology and Biotechnology, Vector; Koltsovo, Novosibirsk, Novosibirskiy region, Russia 630559.

Tel. +79139405479

Email [nmgashnikova@gmail.com](mailto:nmgashnikova@gmail.com)

ORCID <https://orcid.org/0000-0002-0891-0880>

## How to cite this article

Halikov M.R., Ekushov V.E., Totmenin A.V., Gotfrid L.G., Sklyar L.F., Soloveva N.P., Serdtseva E.N., Shportova M.I., Martynchenko Zh.A., Beniova S.N., Ermolickaja S.A., Gorelova I.S., Gashnikova N.M.

The role of recombination variability to the formation of the population the HIV-1 population circulating in the Primorsky Krai, Russia. *South of Russia: ecology, development*. 2023, vol. 18, no. 4, pp. 125-133. (In Russian) DOI: 10.18470/1992-1098-2023-4-125-133

Received 22 October 2023

Revised 20 November 2023

Accepted 25 November 2023

## Abstract

**Aim.** To research the molecular epidemiological features of the territorial spread of HIV infection and the influence of recombination variability on the formation of the HIV-1 population in the Primorsky Krai, Russia.

**Materials and Methods.** A comprehensive analysis of the molecular genetic characteristics of HIV-1 and clinical-epidemiological data of 127 HIV-infected residents of Primorsky Krai was performed. The nucleotide sequences of the pol gene region encoding protease, reverse transcriptase and integrase of HIV-1 were obtained by the sequencing of amplified fragments of the virus. Genotyping, phylogenetic, and mutational analyses were performed using specialised software resources.

**Results.** In the samples studied of HIV-1 isolated in the Primorsky Krai, the dominance of HIV-1 subtype A6 was detected as 40.9 %. The prevalence of subtype B viruses is high compared to other Russian regions – 29.9 %. The HIV-1 subtype C was found in 6.3 % of the samples studied; circulating recombinant forms CRF63\_02A6 – 6.3 %, CRF02\_AG – 0.8 %. Unique viruses resulting from the recombination of HIV subtypes A6 and B, A6 and C, C and B were found in 15.7 % of cases (URF\_A6C, URF\_CB, URF\_BA6). Of the 18 HIV-1 URFs described, 14 were variants of URF\_A6C (11 %). Analysis of the near full-length genome (NFLG) of URF\_A6C made it possible to find and describe a new HIV genovariant spreading in Primorye - CRF157\_A6C.

**Conclusion.** The analysis of HIV-1 circulating in the Primorsky Krai confirmed that a specific molecular epidemic situation is developing in the region, which is characterized by active transmission of viruses not only of subtype A6, but also of subtypes B and C, which is not observed in other regions of Russia. For the first time in the Far East, a high frequency of HIV-1 new unique recombinant forms occurrence has been described, some variants of which are beginning to spread among residents of the Primorsky Krai. An increase in the genetic heterogeneity of the viral population due to recombination variability of HIV is a negative prognostic factor for the territorial epidemic progress of HIV infection in the Far East.

## Key Words

HIV-1, subtypes, phylogenetic analysis, recombination variability, recombinant forms.

## ВВЕДЕНИЕ

В соответствии с современной генотипической классификацией ВИЧ-1 подразделяется на четыре основных группы – М, N, O, P. Абсолютное большинство распространяющихся в мире ВИЧ-1 относится к группе М и дополнительно разделено по степени идентичности их геномов на отдельные субтипы (А–К) и подсубтипы (А1–А7; F1–F2 и др.) [1]. В процессе распространения пандемии ВИЧ-инфекции происходят не только количественные, но и качественные изменения возбудителя. Это означает, что вирусная популяция становится более разнообразной и сложной, поскольку возникают новые варианты вируса, которые могут обладать неизвестными или недостаточно изученными свойствами, осложняя диагностику и терапию ВИЧ-инфекции [2–8].

Генетические варианты ВИЧ-1 имеют различное распространение в отдельных странах мира [7; 9]. На большинстве территорий России масштабная эпидемия ВИЧ-инфекции, начавшаяся в 90-х годах прошлого столетия, была связана с распространением ВИЧ-1 субтипа А подсубтипа А6 [10; 11]. После 2010 года существенные коррективы в молекулярную эпидемиологию ВИЧ-инфекции в России внес возникший и быстро распространившийся рекомбинантный вирус CRF63\_02A6 [12].

Географическое положение и специфическая экономико-демографическая ситуация в ДФО оказали влияние на формирование популяции ВИЧ-1, определяющей развитие инфекционного процесса среди жителей края. В 90-е годы параллельно с распространением наркомании на Дальний Восток страны были завезены два специфических для ключевой группы потребителей наркотиков геноварианта ВИЧ-1 – субтипа А (А6) и субтипа В. С начала 2000-х в Приморье регулярно регистрируются случаи инфицирования специфическим геновариантом субтипа С, вероятно, когда-то завезенного морским путем и попавшего в ключевую группу лиц, оказывающих сексуальные услуги [13; 14]. Наличие параллельной циркуляции разных геновариантов ВИЧ-1 не играло существенной роли в развитии эпидпроцесса до тех пор, пока пораженность общего населения края или жителей, входящих в отдельные ключевые группы, не достигала определенных значений.

После 2010 года в регион были завезены рекомбинантные ВИЧ-1, циркулирующие на других территориях России – CRF63\_02A6, CRF03\_AB и специфический вирус для Республик Средней Азии – CRF02\_A6G [15; 16]. В настоящее время на территории ДФО среди рекомбинантных ВИЧ-1 существенно преобладает CRF63\_02A6, который быстро распространился в Еврейской автономной области [14]. Периодически среди жителей края регистрируются инфекции, вызванные рекомбинантными формами ВИЧ-1, характерными для других стран мира: CRF07\_BC (Китай), CRF01\_AE (Юго-Восточная Азия), CRF09\_cpx (Западная Африка), CRF11\_cpx (Центральная Африка) [13; 14; 17–19].

Приморский край является крупнейшим дальневосточным центром пересечения внутренних и внешних торгово-экономических путей, что обусловлено его удачным расположением как на наземных транспортных маршрутах Европа-Азия, так и на международных морских путях [12–14; 20; 21]. Как следствие, в регионе постоянно изменяется численность населения, естественная убыль и миграция как внутренняя, так и внешняя, происходит активное перемещение иностранных граждан на адми-

нистративные территории края из стран ближнего и дальнего зарубежья [20].

Увеличение концентрации лиц, живущих с ВИЧ, разнонаправленные туристические и трудовые миграционные потоки, сохранение практик поведения, рискованного в отношении инфицирования ВИЧ, одновременная циркуляция разных геновариантов вируса – все эти факторы могут оказывать существенную роль в изменении молекулярной эпидемиологии ВИЧ-инфекции. В связи с этим изучение молекулярно-генетических характеристик ВИЧ-1 как постоянно циркулирующих, так и появляющихся новых его вариантов для Приморского края представляется крайне актуальным.

Целью данной работы было комплексное исследование молекулярно-эпидемиологических особенностей территориального распространения ВИЧ-инфекции в Приморском крае.

## МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЯ

Собрано 138 образцов периферической крови ВИЧ-инфицированных пациентов, проживающих на территории Приморского края РФ. Сбор образцов и клинично-эпидемиологических данных проводился «Городской инфекционной клинической больницей № 2» г. Владивосток в 2021 и 2023 гг. От каждого пациента было получено информированное согласие на участие в исследовании с гарантиями анонимного использования полученных данных в соответствии с требованиями этических норм РФ. Клинично-эпидемиологические данные пациентов включали возраст пациента, его пол, дату первого положительного анализа на ВИЧ, вероятный путь заражения, вирусную нагрузку (количество вирусных частиц в 1 мл плазмы), концентрацию клеток CD4+, наличие, схему и продолжительность аниретровирусной терапии (АРТ).

РНК ВИЧ-1 выделяли из плазмы крови с использованием набора «РИБО-золь-С (для первого этапа) и «РИБО-преп» (для второго этапа) («АмплиСенс», Россия) в рамках действующей инструкции. Для получения целевых фрагментов применялась двухстадийная ПЦР. Первая ПЦР была совмещена с реакцией обратной транскрипции, для амплификации был использован лиофилизированный мастер микс и набор лабораторных праймеров. Для второго раунда ПЦР использовался набор HS Taq производства «ООО Биоллабмикс» (Россия). Полученные фрагменты гена pol ВИЧ-1, включают в себя область протеазы и обратной транскриптазы длиной ~1200 п.н. и области интегразы длиной ~900 п.н. Дальнейшее секвенирование амплифицированных фрагментов ДНК выполняли с использованием набора реагентов «BigDye terminator™ v3.1.» на автоматическом секвенаторе 3130xl (Applied Biosystems, США).

Расшифрованные фрагменты гена pol собирались и сравнивались с референсными в программе Sequencher 4.1 (GeneCodes Corporation, Ann Arbor, MI). Собранные фрагменты сопоставляли со стандартными последовательностями разных субтипов и рекомбинантных форм ВИЧ-1 из международной базы данных (Los Alamos National Laboratory HIV Sequence Database) в программе MEGA11 и AliView [22–24].

Множественное выравнивание производилось при помощи сайта RIMD, с использованием алгоритма MAFFT version 7 со стандартными настройками. Для исследуемых последовательностей был проведен филогенетический анализ с использованием метода максимального правдо-

подобия. Филогенетическое дерево было построено при помощи ресурса IQTree v1.6.12. [25] с бутстрепом 1000 повторов на основе модели замещения GTR+I+G, для оценки топологии использовался анализ бутстрепов.

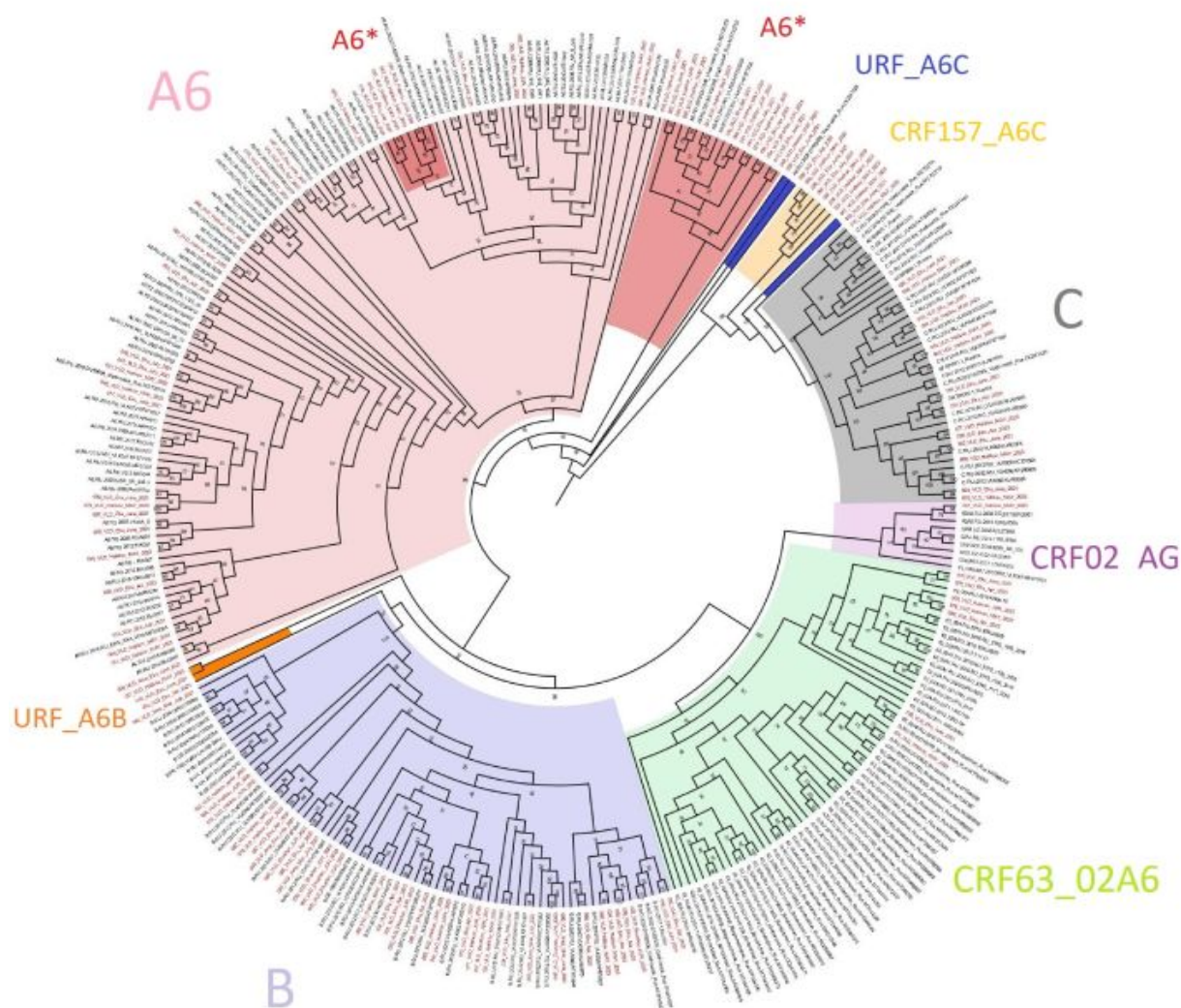
Для рекомбинационного анализа использовались программы RIP, jRNMM и BootScan, а также инструментальный Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) [26–28].

#### ПОЛУЧЕННЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

Суммарно скрининг охватил случайную выборку 138 пациентов с диагнозом ВИЧ-1, обратившихся в ЦСПИД Приморского Края в 2021 и в 2023 гг. Для 127 (92,0 %) пациентов были успешно получены вирусные фрагменты, включающие область протеазы, обратной транскриптазы и область интегразы вируса. Среди них 53,5 % мужчины и 46 % женщины со средним возрастом 41 год. Преобладающий путь заражения был половой – 51,9 % (из них 4 человек являлись мужчинами, практикующими секс

с мужчинами (МСМ) и 2 работника коммерческого секса (РКС)), на втором месте – потребители инъекционных наркотиков – 40,9 % и один случай перинатального заражения 0,8 %. Для 6,3 % пациентов путь заражения выявлен не был. Средняя вирусная нагрузка у пациентов составила 210970 копий РНК/мл, средний показатель клеток CD4 составил 343 кл/мл.

Филогенетический анализ ВИЧ-1, выделенных от инфицированных жителей Приморского края, показал преобладание субтипа А6 40,9 % (n=52), диагноз ВИЧ для 44,2 % (n=23) из этих лиц был поставлен в период с 2011 по 2019 гг. Необходимо отметить, что вирусы данного субтипа достоверно образовывали два отдельных кластера внутри субтипа А6 (5 и 14 образцов, соответственно, отмечены на филогенетическом дереве как А6\*), при этом эпидемиологической связи между людьми, у которых выделены данные ВИЧ-1, не было найдено (рис. 1).



**Рисунок 1.** Филогенетическое дерево фрагмента гена Pol ВИЧ-1

Проанализированные последовательности ВИЧ-1, выделенные от жителей Приморского края, отмечены красным шрифтом; референсные последовательности обозначены черным шрифтом. Цветом выделены филогенетические кластеры генетически близких ВИЧ-1. Близкородственные кластеры внутри субтипа А6 обозначены как А6\* и выделены красным цветом

**Figure 1.** Phylogenetic tree of the HIV-1 Pol gene fragment

Analyzed HIV-1 sequences isolated from residents of the Primorsky Krai are marked in red; reference sequences are marked in black. Phylogenetic clusters of genetically related HIV-1 are highlighted in colour. Closely related clusters within the A6 subtype are designated A6\* and highlighted in red



На втором месте по распространенности был субтип В – 29,9 % (n=38). В 42,1 % (n=16), как и для субтипа А6, заражения данным вирусом происходили в период с 2011 по 2019 гг.

Значительно реже регистрировались инфекции, вызванные ВИЧ субтипа С 6,3 % (n=8), большая часть заражений происходила гетеросексуальным путем и регистрировалась в период с 2011 по 2019 гг. – 62,5 % (n=5).

В 6,3 % (n=8) случаев обнаружена циркулирующая рекомбинантная форма CRF63\_02A6 ВИЧ-1, 75 % случаев заражения данным вирусом были зарегистрированы после 2021 г, инфекция в 62,5 % случаев получена при половых контактах и в 37,5 % найдена среди потребителей наркотических препаратов.

ВИЧ-1 среднеазиатского происхождения CRF02\_AG 0,8 % выделен у женщины, инфицированной до 2020 года половым путем.

В 15,7 % (n=18) случаев были выявлены уникальные рекомбинантные формы вирусов (URF\_A6C, URF\_CB, URF\_BA6).

Рекомбинантные формы ВИЧ-1 были больше распространены среди мужчин 55,2 % (n=16), чем среди женщин 44,8 % (n=13). Преобладающий путь заражения данными вирусами был при употреблении инъекционных наркотиков 58,6 % (n=17), на втором месте – половой путь передачи 37,9 % (n=11), для одного пациента путь передачи неизвестен (3,5 %). Для 14 вирусов субтипа URF\_A6C доминирует путь передачи при употреблении инъекционных наркотиков (57,1 %). Значительная часть из представленных рекомбинантных форм ВИЧ-1 выделена у лиц, диагностированных в период с 2011 по 2019 гг. 41,4 % (n=12).

Среди рекомбинантных ВИЧ-1 нами были выявлены вирусы, имеющие прародительские формы А6 и С (URF\_A6C), получившие более широкое распространение на территории области, нежели остальные (14 из 18 представленных URF являлись различными вариантами URF\_A6C – 11 %). При этом три варианта URF\_A6C ВИЧ-1 образовывали отдельную ветвь филогенетического дерева.

Дополнительно было проанализировано 13 почти полногеномных последовательностей (NFLG) ВИЧ-1 (три варианта URF\_A6C ВИЧ-1, два вируса субтипа С и восемь А6 ВИЧ-1), выделенных от жителей Приморского Края, инфицированных гетеросексуальным путем или при потреблении инъекционных наркотических препаратов, между этими людьми не было обнаружено никакой эпидемиологической связи. Последовательности NFLG изученных изолятов URF\_A6C, включающие фрагменты от 769 до 9603 п.н. согласно HXB2 геному, были депонированы в GenBank под номерами OR736072, OR736073 и OR736074. Филогенетический анализ последовательностей генома данных вирусов показал, что три штамма URF\_A6C ВИЧ-1 группировались вне любого известного подтипа ВИЧ-1 или CRF и образовывали отдельную монофилетическую ветвь со значением бутстрепа 100 %, что указывает на их происхождение от одного предка. У двух пациентов диагноз ВИЧ-инфекция был поставлен в 2022 г., а у одного в 2014 г.

После независимой международной экспертизы было подтверждено, что данные вирусы соответствуют критериям отнесения к новой циркулирующей рекомбинантной форме ВИЧ-1, впоследствии вирусам с

такой структурой генома было присвоено наименование CRF157\_A6C [7].

Рекомбинационные структуры вирусов определяли на основе данных анализов RIP, jRMM и BootScan [26–28]. Результаты показали, что CRF157 ВИЧ-1 является рекомбинантной формой А6С с восемью точками разрыва, разграничивающими пять фрагментов различной протяженности субтипа А6 и четыре коротких фрагмента субтипа С, в соответствии с координатами генома HXB2. Три CRF157\_A6C имели идентичные профили рекомбинации. Восемь точек разрыва рекомбинации были расположены в генах gag (1 точка разрыва), pol (3 точки разрыва), vif (2 точки разрыва), vpr (1 точка разрыва) и vpr (1 точка разрыва). Эти точки разрыва рекомбинации были общими для всех трех штаммов.

Далее был проведен субрегиональный филогенетический анализ 9 геномных сегментов для изучения их вероятных родительских линий. Филогенетический анализ субрегионов CRF157\_A6C подтвердил их родство с субтипом А6 ВИЧ-1, циркулирующим в России [17]. Субрегионы исследуемых CRF157\_A6C кластеризовались со значением бутстрепа 100 между собой и принадлежали к кластеру субтипа С ВИЧ-1. Высокие значения бутстрепа в филогенетических деревьях для каждого из кластеров субрегионов трех образцов CRF157\_A6C и образцов ВИЧ-1 субтипа С выделенных у двух жителей Приморского края (мужчина 48 лет, житель Владивостока, MCM, диагностирован в 2021 году и женщина 36 лет, житель Уссурийска, является ПИН, предполагает инфицирование половым путем, диагностирована в 2021 году)

Чтобы понять происхождение российского варианта субтипа С и соответственно CRF157\_A6C на основе информации о почти полногеномных последовательностях в сочетании с данными о других близкородственных последовательностях, полученных с помощью анализа Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) и филодинамики, был проведен поиск последнего общего предка и оценен временной период его возникновения (TMRCA). Субтип С ВИЧ-1 на Дальнем Востоке России, вероятно, возник в результате независимого заноса субтипа С ВИЧ-1 из Эфиопии или Швеции. Оценка TMRCA для двух ранее исследуемых образцов субтипа С указывает, что субтип С, относящийся к Эфиопскому кластеру, начал распространяться на Дальнем Востоке России примерно с 1981 года. Известно, что множественные заносы субтипа С, связанного с кластером С ВИЧ-1 из Эфиопии, ответственны за распространение этого геноварианта в Швеции [17; 29].

Субтип С в Приморском крае по данным других авторов выявлялся в основном среди лиц, инфицированных гетеросексуально (ГС) или MCM [20]. Важно отметить, что среди 3 пациентов с CRF157\_A6C два являются мужчинами, ПИН, третья – женщина, оказывающая сексуальные услуги за деньги, также имевшая гетеросексуальные контакты с ПИН.

Можно предположить, что субтип С ВИЧ-1 некоторое время распространялся среди жителей Приморского края преимущественно при сексуальных контактах, затем попал и в группу ПИН.

Для общей характеристики инфекционного процесса важно оценивать социально-демографические характеристики вновь выявляемых лиц с ВИЧ.

По состоянию на 01.07.2023 г. кумулятивно (начиная с 1989 года) в Приморском крае выявлено 21 242 ВИЧ-инфицированных лиц. Пораженность населения ВИЧ-инфекцией постепенно продолжает расти, по состоянию на 01.07.2023 г. данный показатель относительно прошлого года вырос на 2,5 % и составил 578,8 на 100 тыс. жителей. На территории Приморского края в структуре ВИЧ-инфицированных, впервые выявленных в текущем году, традиционно преобладают мужчины. В текущем году их удельный вес составил 69,2 % [30]. В Приморье практически на всем на протяжении регистрации ВИЧ-инфекции преобладал наркотический путь инфицирования ВИЧ. В последние годы происходит снижение доли лиц, инфицированных при употреблении наркотиков, но по-прежнему, хоть и незначительно, этот путь заражения ВИЧ преобладает [14].

При анализе путей заражения у пациентов, впервые выявленных в 2023 году, установлено, что на возможность инфицирования при употреблении наркотических веществ указало 43,2 % пациентов (2022 г. – 45,0 %, 2021 г. – 50,9 %, 2020 г. – 46,3 %, 2019 г. – 54,3 %), на половой гетеросексуальный – 39,9 % (2022 г. – 39,9 %, 2021 г. – 33,6 %, 2020 г. – 32,5 %, 2019 г. – 28,8%), на гомосексуальный – 2,2 % (2022 г. – 1,8 %, 2021 г. – 1,1 %, 2020 г. – 1,4 %, 2019 г. – 1,5 %) [30].

## ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Выполненный молекулярно-эпидемиологический анализ ВИЧ-инфекции позволил заключить, что на территории Приморского края продолжает преобладать вирус субтипа А6, незначительно отстает от которого по распространенности субтип В. При этом если ранее данные субтипы ВИЧ преимущественно циркулировали среди потребителей инъекционных наркотиков (ПИН), в последние годы чаще регистрируется передача вирусов субтипа А6 и В при половых контактах.

Напротив, субтип С ранее периодически выявлялся среди жителей края, инфицированных гетеросексуально. В данном исследовании выявлено в 2021 г. 2 случая инфекции субтипом С среди ПИН.

Наиболее значимым результатом является регистрация в Приморском крае новых возникающих вариантов ВИЧ – URF\_A6C, URF\_CB, URF\_BA6. Уникальные рекомбинантные ВИЧ-1 были выявлены в 15,7 % с преобладанием случаев выделения таких вирусов среди ПИН. В группе рекомбинантных вирусов были обнаружены три вируса с идентичной структурой генома, что указывает на то, что возникающие вирусы могут получать дальнейшее распространение.

В результате проведенных исследований впервые было описано возникновение нового ВИЧ-1, получившего номенклатурное наименование CRF157\_A6C. Геном данного вируса депонирован в международной базе данных, что позволит исследователям выполнять корректное генотипирование ВИЧ-1 и выявлять близкие по структуре вирусы.

Таким образом, выполненное исследование позволило описать актуальную молекулярно-эпидемиологическую ситуацию по распространению ВИЧ-инфекции в Приморском крае с её уникальными особенностями.

Общий анализ данных дает основание заключить, что в крае наблюдается увеличение вклада рекомбинационной изменчивости ВИЧ-1 в формирование популяции циркулирующих вирусов. Распрост-

ранение рекомбинантных форм ВИЧ-1 преимущественно происходит среди ПИН с регистрацией случаев передачи и при гетеросексуальных контактах.

Учитывая выявленную параллельную циркуляцию генетически отличающихся ВИЧ-1 среди жителей края, в том числе, среди лиц, практикующих поведение высокого риска заражения ВИЧ (ПИН, РКС, МСМ), и, как следствие, приводящее к возникновению новых рекомбинантных вирусов, можно предположить, что вклад рекомбинационной изменчивости ВИЧ-1 на развитие эпидемии в Приморском крае будет расти.

Выполненное исследование демонстрирует разнообразие развивающихся территориальных процессов по распространению ВИЧ и подтверждает важность молекулярно-эпидемиологических исследований для понимания основных факторов развития эпидемии, для разработки эффективных мер борьбы с распространением ВИЧ в России.

## БЛАГОДАРНОСТЬ

Работа выполнена в рамках выполнения Государственного задания ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор» Роспотребнадзора.

## ACKNOWLEDGMENT

The work was carried out within the framework of the Vector State Research Center of Virology and Biotechnology of Rospotrebnadzor.

## БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. Désiré N., Cerutti L., Le Hingrat Q., et al. Characterization update of HIV-1 M subtypes diversity and proposal for subtypes A and D sub-subtypes reclassification // *Retrovirology*. 2018. V. 15. N 80. <https://doi.org/10.1186/s12977-018-0461-y>
2. Burke D.S. Recombination in HIV: an important viral evolutionary strategy // *Emerging infectious diseases*. 1997. V. 3. N 3. P. 253. <https://doi.org/10.3201/eid0303.970301>
3. Robertson D.L., Anderson J.P., Bradac J.A., Carr J.K., Foley B., et al. HIV-1 nomenclature proposal // *Science*. 2000. V. 288. Iss. 5463. P. 55. <https://doi.org/10.1126/science.288.5463.55d>
4. Perrin L., Kaiser L., Yerly S. Travel and the spread of HIV-1 genetic variants // *The Lancet infectious diseases*. 2003. V. 3. N 1. P. 22–27.
5. Wainberg M.A., Brenner B.G. The Impact of HI Genetic Polymorphisms and Subtype Differences on the Occurrence of Resistance to Antiretroviral Drugs // *Molecular Biology International*. 2012. V. 2012. <https://doi.org/10.1155/2012/256982>
6. Kerina D., Babill S.-P., Muller F. HIV Diversity and Classification, Role in Transmission // *Advances in Infectious Diseases*. 2013. V. 3. N 2. <https://doi.org/10.4236/aid.2013.32022>
7. Vidal N., Peeters M., Mulanga-Kabeya C., Nzilambi N., Robertson D., et al. Unprecedented Degree of Human Immunodeficiency Virus Type 1 (HIV-1) Group M Genetic Diversity in the Democratic Republic of Congo Suggests that the HIV-1 Pandemic Originated in Central Africa // *Journal of Virology*. 2000. V. 74. N 22. <https://doi.org/10.1128/jvi.74.22.10498-10507.2000>
8. Tongo M., Dorfman J.R., Martin D.P. High Degree of HIV-1 Group M (HIV-1M) Genetic Diversity within Circulating Recombinant Forms: Insight into the Early Events of HIV-1M Evolution // *Journal of Virology*. 2016. V. 90. N 5. <https://doi.org/10.1128/jvi.02302-15>
9. Hemelaar J., Elangovan R., Yun J., Dickson-Tetteh L., Fleminger I., et al. Global and regional molecular epidemiology of HIV-1, 1990–2015: a systematic review, global survey, and trend analysis // *The Lancet Infectious Diseases*. 2019. V. 19.

- Iss. 2. P. 143–155. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(18\)30647-9](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(18)30647-9)
10. Abidi S.H., Aibekova L., Davlidova S., et al. Origin and evolution of HIV-1 subtype A6 // PLoS ONE. 2021. V. 16. N 12. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0260604>
  11. Schlösser M., Kartashev V., Mikkola V.H., et al. HIV-1 Sub-Subtype A6: Settings for Normalised Identification and Molecular Epidemiology in the Southern Federal District, Russia // Viruses. 2020. V. 12. N 4. P. 475. <https://doi.org/10.3390/v12040475>
  12. Baryshev P.B., Bogachev V.V., Gashnikova N.M. HIV-1 genetic diversity in Russia: CRF63\_02A1, a new HIV type 1 genetic variant spreading in Siberia // AIDS Res Hum Retroviruses. 2014. V. 30. N 6. P. 592–597. <https://doi.org/10.1089/aid.2013.0196>
  13. Таенкова И.О., Троценко О.Е., Балахонцева Л.А., Котова В.О., Базыкина Е.А. Анализ эпидемиологической ситуации распространения ВИЧ-инфекции в Дальневосточном федеральном округе за 2016–2020 // Дальневосточный журнал инфекционной патологии. 2022. Т. 41. С. 44–52.
  14. Котова В.О., Балахонцева Л.А., Базыкина Е.А., Троценко О.Е. Циркулирующих рекомбинантных форм ВИЧ-1 на территориях Дальневосточного Федерального Округа // Дальневосточный журнал инфекционной патологии. 2021. Т. 40. С. 79–87.
  15. Sivay M.V., Totmenin A.V., Zyryanova D.P., Osipova I.P., Nalimova T.M., et al. Characterization of HIV-1 Epidemic in Kyrgyzstan // Frontiers in Microbiology. 2021. V. 12. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.753675>
  16. Lebedev A., Pasechnik O., Ozhmegova E., Antonova A., Blokh A., et al. Prevalence and spatiotemporal dynamics of HIV-1 Circulating Recombinant Form 03\_AB (CRF03\_AB) in the Former Soviet Union countries // PLOS ONE. 2021. V. 16. N 2. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0247611>
  17. Halikov M.R., Ekushov V.E., Totmenin A.V., Gashnikova N.M., et al. Identification of a novel HIV-1 circulating recombinant form CRF157\_A6C in Primorsky Territory, Russia // Journal of Infection. 2023. <https://doi.org/10.1016/j.jinf.2023.11.005>
  18. Котова В.О., Балахонцева Л.А., Базыкина Е.А., Троценко О.Е. Распространение циркулирующих рекомбинантных форм ВИЧ-1 на территориях Дальневосточного Федерального Округа // Материалы межрегиональной конференции «Молекулярная диагностика и биобезопасность – 2023», Москва, 27–28 апреля, 2023. С. 92–93.
  19. Котова В.О., Базыкина Е.А., Балахонцева Л.А., Троценко О.Е. Возможность использования результатов молекулярно-генетического типирования ВИЧ-1 в эпидемиологической практике в Дальневосточном Федеральном Округе Российской Федерации // Дальневосточный Журнал Инфекционной Патологии. 2020. Т. 38. С. 69–79.
  20. Котова В.О., Троценко О.Е., Балахонцева Л.А., Базыкина Е.А. Молекулярно-генетическая характеристика вариантов ВИЧ-1, выделенных в субъектах Дальневосточного Федерального Округа // Вопросы вирусологии. 2019. Т. 64. N 2. С. 79–89. <http://dx.doi.org/10.18821/0507-4088-2019-64-2-79-89>
  21. Баукова Н.Г., Карпова М.И., Киселева В.Ю., Кривобород Л.Н., Новобрицкая Я.В., Филонова Е.А., Храмова В.А. Социально-экономическое положение Приморского края // Приморскстат. 2023. С. 93. URL: <https://25.rosstat.gov.ru/storage/mediabank/%D1%8F%D0%B%D0%B2%D0%B0%D1%80%D1%8C-%D1%84%D0%B5%D0%B2%D1%80%D0%B0%D0%BB%D1%8C%202023.pdf> (дата обращения: 04.12.2023)
  22. Los Alamos National Laboratory HIV Sequence Database. URL: <https://www.hiv.lanl.gov/content/sequence/HIV/mainpage.html> (дата обращения: 04.12.2023)
  23. Tamura K., Stecher G., Kumar S. MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11 // Molecular Biology and Evolution. 2021. V. 38. Iss. 7. P. 3022–3027. <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>
  24. Larsson A. AliView: a fast and lightweight alignment viewer and editor for large datasets // Bioinformatics. 2014. V. 30. Iss. 22. P. 3276–3278. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu531>
  25. Nguyen L.T., Schmidt H.A., Von Haeseler A., Minh B.Q. IQ-TREE: a fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies // Molecular Biology and Evolution. 2015. V. 32. Iss. 1. P. 268–274. <https://doi.org/10.1093/molbev/msu300>
  26. Siepel A.C., Halpern A.L., Macken C., Korber B.T. A computer program designed to screen rapidly for HIV type 1 intersubtype recombinant sequences // AIDS Research and Human Retroviruses. 1995. V. 11. P. 1413–1416. <https://doi.org/10.1089/aid.1995.11.1413>
  27. Schultz A.-K., Zhang M., Bulla I., Leitner T., Korber B., Morgenstern B., Stanke M. jpHMM: Improving the reliability of recombination prediction in HIV-1 // Nucleic Acids Research. 2009. V. 37. Iss. 2. P. 647–665. <https://doi.org/10.1093/nar/gkp371>
  28. Martin D.P., Posada D., Crandall K.A., Williamson C. A modified bootscan algorithm for automated identification of recombinant sequences and recombination breakpoints // AIDS Research and Human Retroviruses. 2005. V. 21. N 1. P. 98–102. <https://doi.org/10.1089/aid.2005.21.98>
  29. Neogi U., Hagblom A., Santacatterina M., Bratt G., Gisslen M., et al. Temporal Trends in the Swedish HIV-1 Epidemic: Increase in Non-B Subtypes and Recombinant Forms over Three Decades // PLoS ONE. 2014. V. 9. N 6. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0099390>
  30. Таенкова И.О., Балахонцева Л.А., Базыкина Е.А., Котова В.О., Троценко О.Е. Эпидемиологическая ситуация по ВИЧ инфекции в дальневосточном федеральном округе на современном этапе (краткий анализ за 2022) // Дальневосточный Журнал Инфекционной Патологии. 2023. Т. 44. С. 53–57.

## REFERENCES

1. Désiré N., Cerutti L., Le Hingrat Q., et al. Characterization update of HIV-1 M subtypes diversity and proposal for subtypes A and D sub-subtypes reclassification. *Retrovirology*, 2018, vol. 15, no. 80. <https://doi.org/10.1186/s12977-018-0461-y>
2. Burke D. S. Recombination in HIV: an important viral evolutionary strategy. *Emerging infectious diseases*, 1997, vol. 3, no. 3, p. 253. <https://doi.org/10.3201/eid0303.970301>
3. Robertson D.L., Anderson J.P., Bradac J.A., Carr J.K., Foley B., et al. HIV-1 nomenclature proposal. *Science*, 2000, vol. 288, iss. 5463, p. 55. <https://doi.org/10.1126/science.288.5463.55d>
4. Perrin L., Kaiser L., Yerly S. Travel and the spread of HIV-1 genetic variants. *The Lancet infectious diseases*. 2003, vol. 3, no. 1, pp. 22–27.
5. Wainberg M.A., Brenner B.G. The Impact of HIV Genetic Polymorphisms and Subtype Differences on the Occurrence of Resistance to Antiretroviral Drugs. *Molecular Biology International*, 2012, vol. 2012. <https://doi.org/10.1155/2012/256982>
6. Kerina D., Babill S.-P., Muller F. HIV Diversity and Classification, Role in Transmission. *Advances in Infectious Diseases*, 2013, vol. 3, no. 2. <https://doi.org/10.4236/aid.2013.32022>
7. Vidal N., Peeters M., Mulanga-Kabeya C., Nzilambi N., Robertson D., et al. Unprecedented Degree of Human Immunodeficiency Virus Type 1 (HIV-1) Group M Genetic Diversity in the Democratic Republic of Congo Suggests that the HIV-1 Pandemic Originated in Central Africa. *Journal of Virology*, 2000, vol. 74, no. 22. <https://doi.org/10.1128/jvi.74.22.10498-10507.2000>
8. Tongo M., Dorfman J.R., Martin D.P. High Degree of HIV-1 Group M (HIV-1M) Genetic Diversity within Circulating Recombinant Forms: Insight into the Early Events of HIV-1M

- Evolution. *Journal of Virology*, 2016, vol. 90, no. 5. <https://doi.org/10.1128/jvi.02302-15>
9. Hemelaar J., Elangovan R., Yun J., Dickson-Tetteh L., Fleminger I., et al. Global and regional molecular epidemiology of HIV-1, 1990–2015: a systematic review, global survey, and trend analysis. *The Lancet Infectious Diseases*, 2019, vol. 19, iss. 2, pp. 143–155. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(18\)30647-9](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(18)30647-9)
  10. Abidi S.H., Aibekova L., Davlidova S., et al. Origin and evolution of HIV-1 subtype A6. *PLoS ONE*, 2021, vol. 16, no. 12. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0260604>
  11. Schlösser M., Kartashev V., Mikkola V.H., et al. HIV-1 Sub-Type A6: Settings for Normalised Identification and Molecular Epidemiology in the Southern Federal District, Russia. *Viruses*, 2020, vol. 12, no. 4, p. 475. <https://doi.org/10.3390/v12040475>
  12. Baryshev P.B., Bogachev V.V., Gashnikova N.M. HIV-1 genetic diversity in Russia: CRF63\_02A1, a new HIV type 1 genetic variant spreading in Siberia. *AIDS Res Hum Retroviruses*, 2014, vol. 30, no. 6, pp. 592–597. <https://doi.org/10.1089/aid.2013.0196>
  13. Taenkova I.O., Trocenko O.E., Balahontseva L.A., Kotova V.O., Bazykina E.A. Analysis of the epidemiological situation of the spread of HIV infection in the Far Eastern Federal District for 2016–2020. *Dal'nevostochnyi zhurnal infektsionnoi patologii* [Far Eastern Journal of Infectious Pathology]. 2022, vol. 41, pp. 44–52. (In Russian)
  14. Kotova V.O., Balakhontseva L.A., Bazykina E.A., Trotsenko O.E. Circulating recombinant forms of HIV-1 in constituent entities of the Far Eastern Federal District. *Dal'nevostochnyi zhurnal infektsionnoi patologii* [Far Eastern Journal of Infectious Pathology]. 2021, vol. 40, pp. 79–87. (In Russian)
  15. Sivay M.V., Totmenin A.V., Zyryanova D.P., Osipova I.P., Nalimova T.M., et al. Characterization of HIV-1 Epidemic in Kyrgyzstan. *Frontiers in Microbiology*, 2021, vol. 12. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.753675>
  16. Lebedev A., Pasechnik O., Ozhmegova E., Antonova A., Blokh A., et al. Prevalence and spatiotemporal dynamics of HIV-1 Circulating Recombinant Form 03\_AB (CRF03\_AB) in the Former Soviet Union countries. *PLOS ONE*, 2021, vol. 16, no. 2. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0247611>
  17. Halikov M.R., Ekushov V.E., Totmenin A.V., Gashnikova N.M., et al. Identification of a novel HIV-1 circulating recombinant form CRF157\_A6C in Primorsky Territory, Russia. *Journal of Infection*, 2023. <https://doi.org/10.1016/j.jinf.2023.11.005>
  18. Kotova V.O., Balakhontseva L.A., Bazykina E.A., Trotsenko O.E. Rasprostraneniye tsirkuliruyushchikh rekombinantnykh form VICH-1 na territoriyakh Dal'nevostochnogo Federal'nogo Okruga [Distribution of circulation of recombinant forms of HIV-1 in the territories of the Far Eastern Federal District]. *Materialy mezhdunarodnoi konferentsii «Molekulyarnaya diagnostika i biobezopasnost' – 2023»*, Moskva, 27–28 aprelya 2023 [Proceedings of the interregional conference “Molecular diagnostics and biosafety – 2023”, Moscow, 27–28 April 2023]. Moscow, 2023, pp. 92–93. (In Russian)
  19. Kotova V.O., Bazykina E.A., Balakhontseva L.A., Trotsenko O.E. Application of results of HIV-1 molecular-genetic typing in epidemiological practice in the Far Eastern Federal District of the Russian Federation. *Dal'nevostochnyi zhurnal infektsionnoi patologii* [Far Eastern Journal of Infectious Pathology]. 2020, vol. 38, pp. 69–79. (In Russian)
  20. Kotova V.O., Trotsenko O.E., Balakhontseva L.A., Bazykina E.A. Molecular genetic characteristics of HIV-1 variants isolated in the subjects of the Russian Far East. *Problems of Virology*, 2019, vol. 64, no. 2, pp. 79–89. (In Russian) DOI: 10.18821/0507-4088-2019-64-2-79-89
  21. Baukova N.G., Karpova M.I., Kiseleva V.Yu., Krivoborod L.N., Novobritskaya Ya.V., Filonova E.A., Khramkova V.A. *Sotsial'no-ekonomicheskoe polozhenie Primorskogo kraya* [Socio-economic situation of Primorsky Krai]. 2023, p. 93. Available at: <https://25.rosstat.gov.ru/storage/mediabank/%D1%8F%D0%B D%D0%B2%D0%B0%D1%80%D1%8C-%D1%84%D0%B5%D0%B2%D1%80%D0%B0%D0%BB%D1%8C %202023.pdf> (accessed 04.12.2023)
  22. *Los Alamos National Laboratory HIV Sequence Database*. Available at: <https://www.hiv.lanl.gov/content/sequence/HIV/mainpage.html> (accessed 04.12.2023)
  23. Tamura K., Stecher G., Kumar S. MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Molecular Biology and Evolution*, 2021, vol. 38, iss. 7, pp. 3022–3027. <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>
  24. Larsson A. AliView: a fast and lightweight alignment viewer and editor for large datasets. *Bioinformatics*, 2014, vol. 30, iss. 22, pp. 3276–3278. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu531>
  25. Nguyen L.T., Schmidt H.A., Von Haeseler A., Minh B.Q. IQ-TREE: a fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 2015, vol. 32, iss. 1, pp. 268–274. <https://doi.org/10.1093/molbev/msu300>
  26. Siepel A.C., Halpern A.L., Macken C., Korber B.T. A computer program designed to screen rapidly for HIV type 1 intersubtype recombinant sequences. *AIDS Research and Human Retroviruses*, 1995, vol. 11, pp. 1413–1416. <https://doi.org/10.1089/aid.1995.11.1413>
  27. Schultz A.-K., Zhang M., Bulla I., Leitner T., Korber B., Morgenstern B., Stanke M. jpHMM: Improving the reliability of recombination prediction in HIV-1. *Nucleic Acids Research*, 2009, vol. 37, iss. 2, pp. 647–665. <https://doi.org/10.1093/nar/gkp371>
  28. Martin D.P., Posada D., Crandall K.A., Williamson C. A modified bootscan algorithm for automated identification of recombinant sequences and recombination breakpoints. *AIDS Research and Human Retroviruses*, 2005, vol. 21, no. 1, pp. 98–102. <https://doi.org/10.1089/aid.2005.21.98>
  29. Neogi U., Hagblom A., Santacatterina M., Bratt G., Gisslen M., et al. Temporal Trends in the Swedish HIV-1 Epidemic: Increase in Non-B Subtypes and Recombinant Forms over Three Decades. *PLoS ONE*, 2014, vol. 9, no. 6. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0099390>
  30. Taenkova I.O., Balahontseva L.A., Bazykina E.A., Kotova V.O., Trocenko O.E. Epidemiological situation of HIV infection in the Far Eastern Federal District at the present stage (brief analysis for 2022). *Dal'nevostochnyi zhurnal infektsionnoi patologii* [Far Eastern Journal of Infectious Pathology]. 2023, vol. 44, pp. 53–57. (In Russian)

#### КРИТЕРИИ АВТОРСТВА

Наталья М. Гашникова и Светлана Н. Бениова составили концепцию исследования. Лидия Ф. Скляр, Наталья П. Соловьева, Марина И. Шпортова, Жанна А. Мартыненко, Светлана А. Ермолицкая, Ирина С. Горелова и Елена Н. Сердцева собрали эпидемиологические данные и оказали помощь в сборе образцов. Василий Е. Екушов, Алексей В. Тотменин, Максим Р. Халиков и Людмила Г. Готфрид выполнили генотипирование ВИЧ, провели анализ эпидемиологических данных, выполнили

#### AUTHOR CONTRIBUTIONS

Natalya M. Gashnikova and Svetlana N. Beniova composed the research concept. Lidiya P. Sklyar, Natalia P. Soloveva, Elena N. Serdtseva, Marina I. Shportova, Zhanna A. Martynchenko, Svetlana A. Ermolickaja, Irina S. Gorelova and Elena N. Serdtseva collected epidemiological data and assisted with sample collection. Vasily E. Ekushov, Alexei V. Totmenin, Maksim R. Halikov and Ludmila G. Gotfrid performed HIV genotyping, analyzed epidemiological data and performed phylogenetic and



филогенетический и филодинамический анализ. Наталья М. Гашникова руководила проектом и подготовила рукопись. Все авторы в равной степени несут ответственность при обнаружении плагиата, самоплагиата и других неэтических проблем.

phylodynamic analysis. Natalya M. Gashnikova supervised the project and prepared the article. All authors are equally responsible for plagiarism, self-plagiarism and other ethical transgressions.

**КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСОВ**

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

**NO CONFLICT OF INTEREST DECLARATION**

The authors declare no conflict of interest.

**ORCID**

Максим Р. Халиков / Maksim R. Halikov <https://orcid.org/0009-0007-1765-1909>

Василий Е. Екушов / Vasily E. Ekushov <https://orcid.org/0000-0002-0465-1260>

Алексей В. Тотменин / Alexei V. Totmenin <https://orcid.org/0000-0002-7418-4872>

Людмила Г. Готфрид / Ludmila G. Gotfrid <https://orcid.org/0000-0001-5896-8231>

Лидия Ф. Скляр / Lidiya F. Sklyar <https://orcid.org/0000-0001-8466-2826>

Наталья П. Соловьева / Natalia P. Soloveva <https://orcid.org/0009-0004-4171-5093>

Елена Н. Сердцева / Elena N. Serdtseva <https://orcid.org/0009-0001-8860-2828>

Марина И. Шпортова / Marina I. Shportova <https://orcid.org/0009-0005-8884-8579>

Жанна А. Мартынченко / Zhanna A. Martynchenko <https://orcid.org/0009-0002-0704-4439>

Светлана Н. Бениова / Svetlana N. Beniova <https://orcid.org/0000-0002-8099-1267>

Светлана А. Ермолицкая / Svetlana A. Ermolickaja <https://orcid.org/0009-0001-7445-7252>

Ирина С. Горелова / Irina S. Gorelova <https://orcid.org/0000-0002-4635-4678>

Наталья М. Гашникова / Natalya M. Gashnikova <https://orcid.org/0000-0002-0891-0880>