


Субтиповая характеристика ВИЧ-инфекции на Юге России

Д.С. КОЛПАКОВ


Федеральное бюджетное учреждение науки Ростовский
научно-исследовательский институт микробиологии и
паразитологии Роспотребнадзора.

Южный Окружной Центр по борьбе со СПИДом,
г. Ростов-на-Дону



С целью изучения распространяющихся генетических вариантов ВИЧ-1 на территориях Южного и Северо-Кавказского федеральных округов России собрано 377 клинических образцов крови от лиц с диагностированной ВИЧ-инфекцией.

Для всех пациентов проведен сбор и анализ эпидемической информации и данных клинико-диагностических исследований.

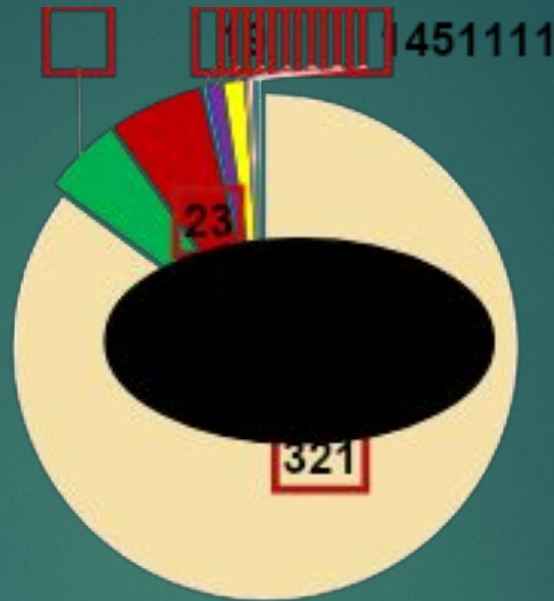


Результаты генотипирования ВИЧ-1 и распределение геновариантов по субтипам приведены на рисунке 2. Из 377 исследованных вирусов 321(85,1%) вариантов относились к субтипу А, 23 – к субтипу В (6,1%), 19 – к субтипу С (5%) и 1 – к субтипу С (0,3%) ВИЧ-1.

Из оставшихся образцов были выделены циркулирующие рекомбинантные формы ВИЧ-1: в четырёх случаях – CRF02_AG (1,1%), в пяти – CRF63_02A1 (1,3%) и по одному случаю (0,3%) инфицирования субтипами CRF03_AB, CRF28_BF, CRF01_AE и рекомбинантом между CRF02_AG и субтипом В.

Рисунок 1.

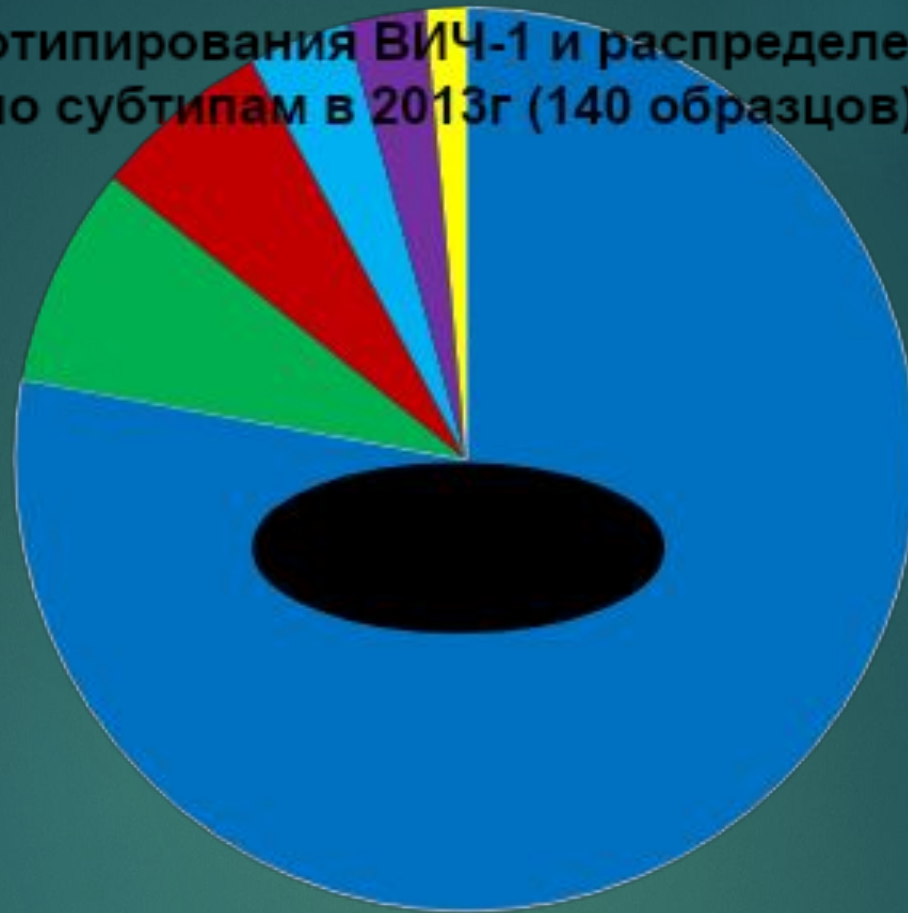
Распространение генетических вариантов ВИЧ-1 в ЮФО и СКФО России в 2015–2016гг. (377 образцов)



- субтип А (85,1%)
- субтип G (5%)
- субтип B (6,1%)
- субтип C (0,3%)
- CRF02_AG (1,1%)
- CRF63_02A1 (1,3%)
- CRF03_AB (0,3%)
- CRF28_BF (0,3%)
- 02_AG, B (0,3%)
- CRF01_AE (0,3%)

Рисунок 4

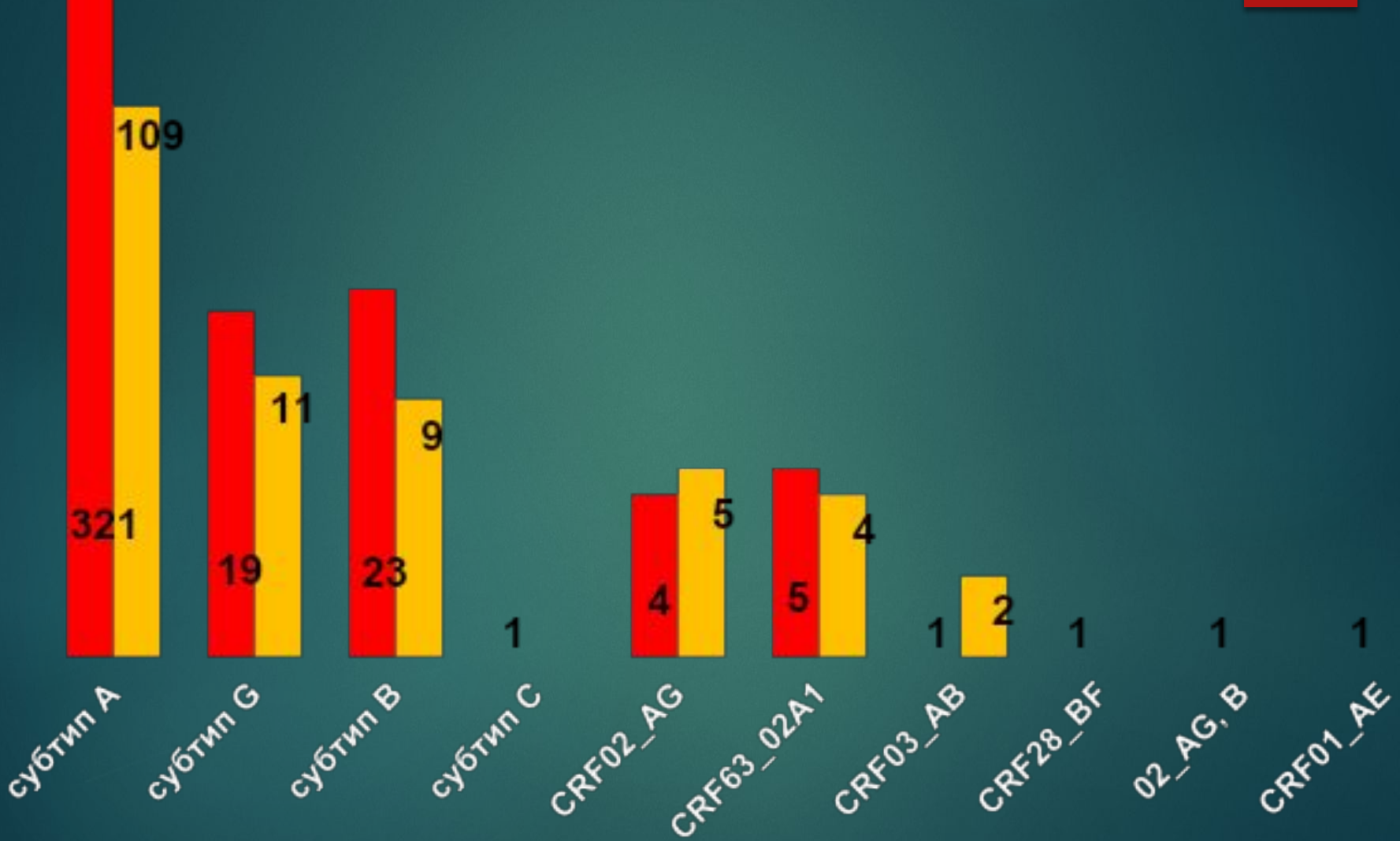
Результаты генотипирования ВИЧ-1 и распределение геновариантов по субтипам в 2013г (140 образцов)




- субтип А (77,8%)
- субтип G (7,9%)
- субтип В (6,4%)
- CRF02_AG (3,6%)
- субтип CRF01_AE (1,4%)
- субтип CRF07_BC (1,4%)

Рисунок 3.

Распространение генетических вариантов ВИЧ-1 в ЮФО и СКФО России в 2013-2016гг.





Представленные данные позволяют заключить, что молекулярно-эпидемиологическая характеристика современного эпидемического процесса по распространению ВИЧ-инфекции на территории Юга России схожа с таковой для большинства регионов России. На фоне преобладающей распространенности классического для России генетического варианта ВИЧ-1 субтипа А (А1) 5-8% циркулирующей популяции вирусов относится к субтипу С и 6-7% к субтипу В.

Вот уже несколько лет подряд в ЮФО и СКФО начинают выявляться не характерные ранее для этих регионов рекомбинантные формы ВИЧ-1. В Ростовской области зарегистрированы случаи инфицирования при гетеросексуальных контактах рекомбинантной формой CRF_01_AE и CRF_63_02A1, в Краснодарском крае - CRF_63_02A1 и CRF_28_BF, на территории Кабардино-Балкарской республики в 2015-2016 годах были выявлены рекомбинант CRF_02_AG и субтипа B, CRF_03_AB, CRF_63_02A1

Выполнен филогенетический анализ для 19 вариантов ВИЧ-1 субтипа В (рис. 4).

В 3-х случаях вирусы выделены от инфицированных гомосексуальным путем лиц из Ростова-на-Дону, в 6 – у MSM из Краснодарского края, в 3-х у MSM из Кабардино-Балкарии. Все вышеперечисленные варианты ВИЧ1 субтипа В располагаются на разных ветвях филогенетического дерева и не образуют общие кластеры.

Четыре варианта ВИЧ-1 субтипа В были выявлены у женщин, с предположительно гетеросексуальным путём передачи и они также располагаются на отдельных ветвях и не образуют кластеры с друг с другом. Ещё два варианта вируса были выделены от ПИН, и последний – от инфицированного при рождении ребёнка.

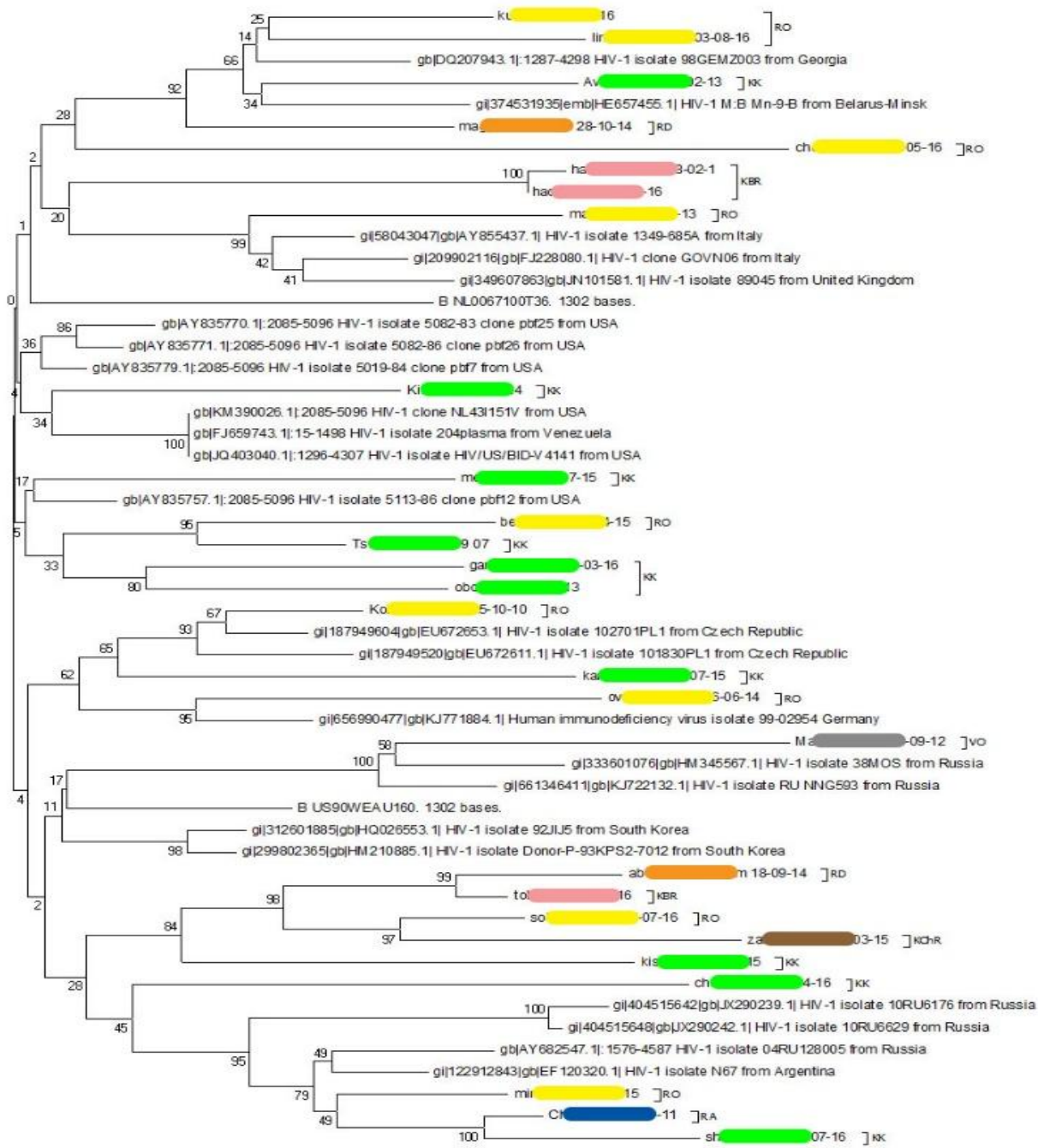
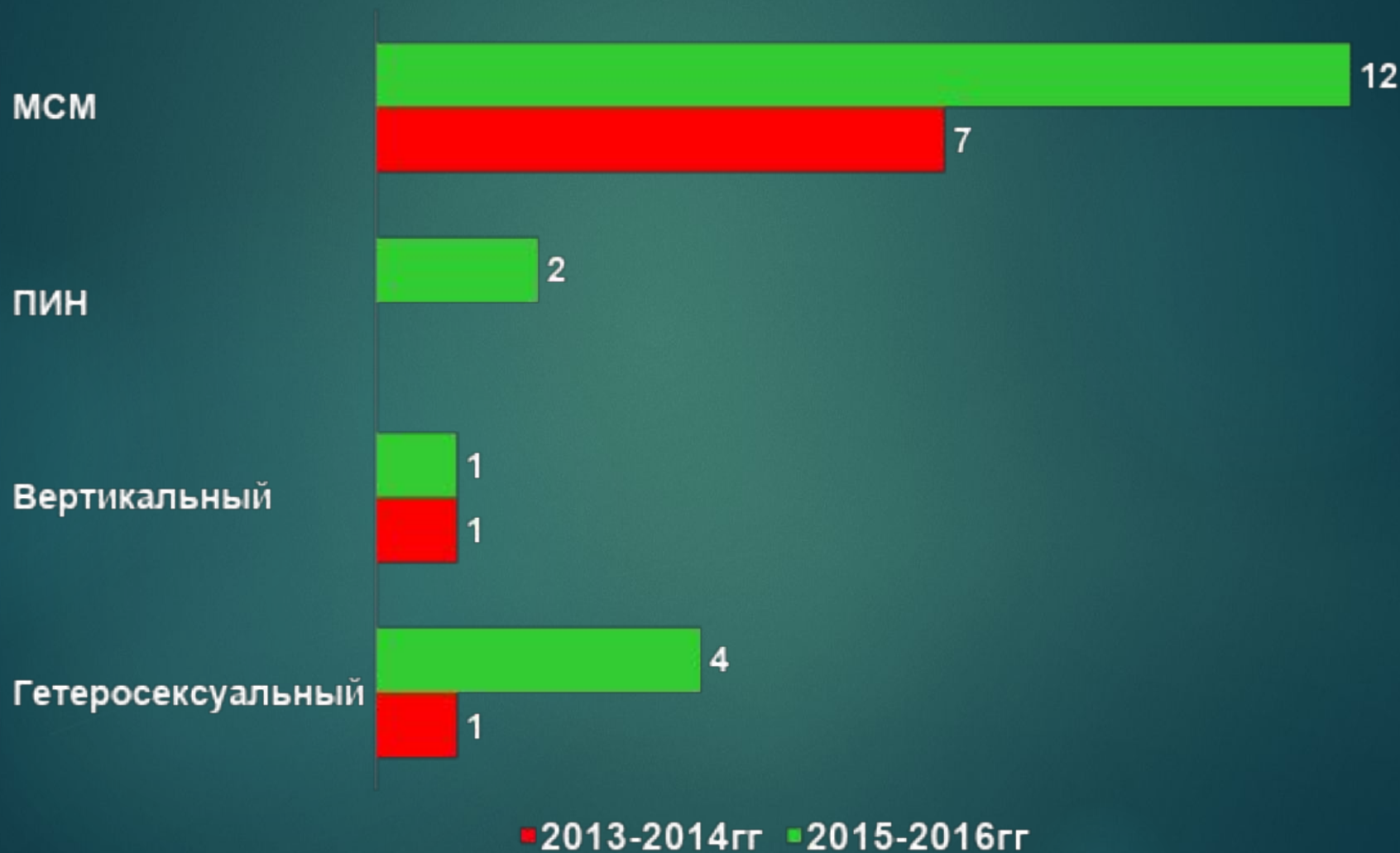


Рисунок 4.
Результаты
филогенетического
анализа области
гена *pol* вариантов
ВИЧ-1 субтипа B


Рисунок 5.
Распределение исследованных генетических вариантов ВИЧ-1 субтипа В по путям инфицирования



Данные факты говорят о том, что на территории ЮФО и СКФО наблюдается циркуляция генетически отдаленных вариантов субтипа В ВИЧ-1. Это можно объяснить независимыми отдельными заносами субтипа В ВИЧ-1 на исследованные территории и ограниченной циркуляцией вирусов этого генетического субтипа, вероятно, связанной с группой риска MSM.


Кроме того, мы видим эволюцию путей передачи субтипа В.

Впервые на Юге России мы наблюдаем передачу этого субтипа гетеросексуальным и инъекционными путями



Интересная ситуация выявилась при анализе рекомбинантных вирусов O2_AG ВИЧ-1 (рис. 6). 6 штаммов, выделенных на территории Юга России, собираются в один кластер.

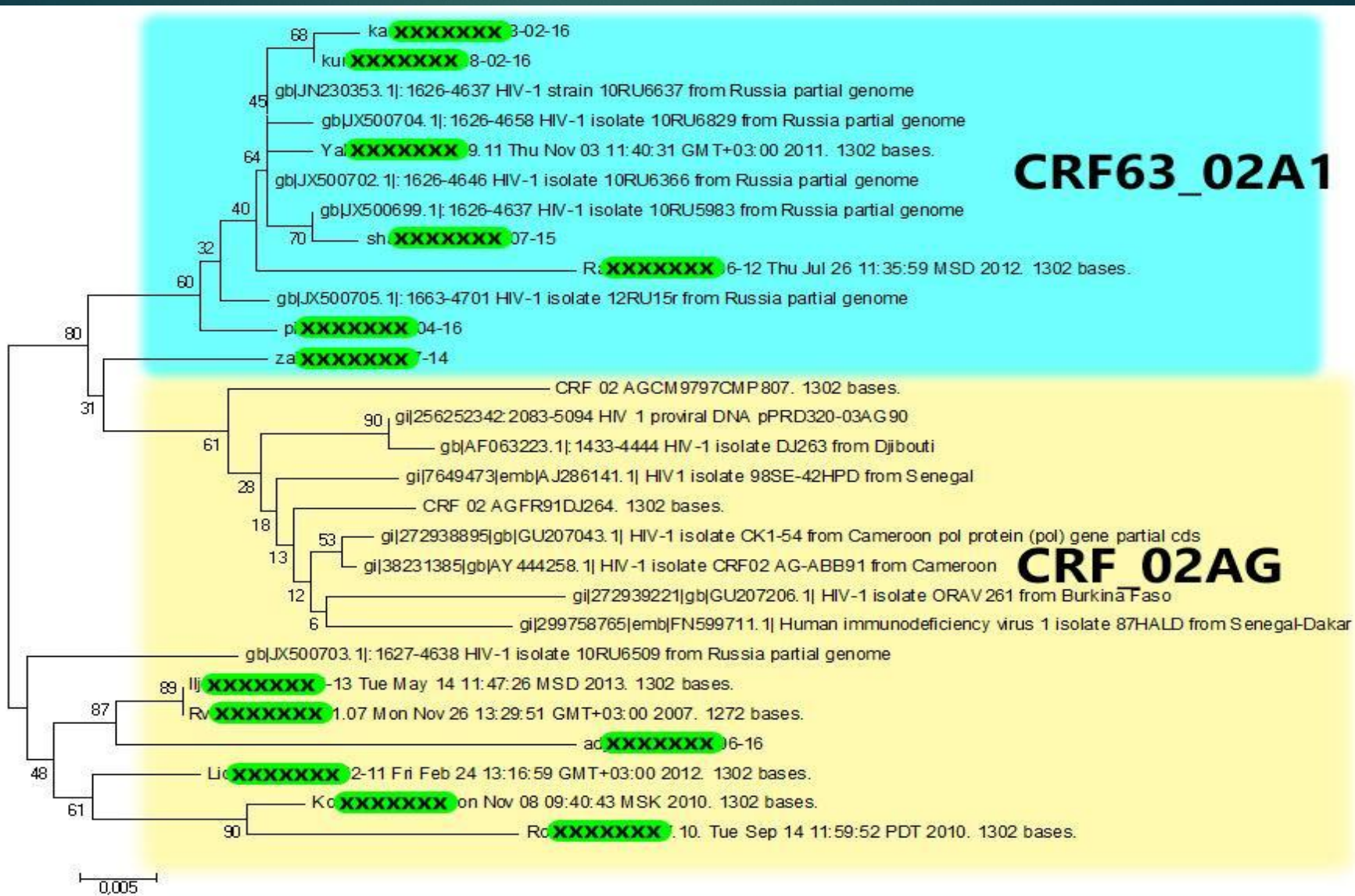
Референсной последовательностью с максимальной степенью идентичности для этого варианта является штамм выделенный в республике Калмыкия и задепонированный в международной базе «Genbank». Классические же штаммы, распространившиеся в Камеруне и Сенегале в середине 90-х годов прошлого столетия кластеризуются вместе и не связаны со штаммами из ЮФО и СКФО.




Филогенетический анализ, выполненный для пяти выделенных вариантов CRF63_02A1, подтвердил выявленную эпидемическую связь с Сибирью, где с 2008 года регистрируется стремительное распространение этого генетического варианта ВИЧ-1. Все варианты вируса, выделенные на территории ЮФО и СКФО, кластеризуются вместе со штаммами, выделеными от детей, прибывших в Ростовскую область из Новосибирской и Омской областей, а также от пациентов из Сибирского федерального округа, чьи штаммы также были депонированы в базе данных «GENBANK».


Рисунок 6.

Результаты филогенетического анализа области гена pol вариантов ВИЧ-1 субтипов CRF63_02A1 CRF02_AG.





В 2015 году на Юге России, а в частности, в Краснодарском крае, был выявлен новый случай инфицирования ВИЧ-1 субтипа С, который предпочтительно доминирует в странах Африки, в Индии и в Китае. Есть данные о том, что субтип С начинает появляться на Дальнем Востоке. Был проведён анализ данного штамма среди близкородственных вариантов ВИЧ-1, депонированных в международной базе данных (GenBank), также был проведён филогенетический анализ.



В результате данного исследования было выявлено, что данный штамм обладает максимальным генетическим сходством с вариантами ВИЧ-1, распространившимися с 1998 по 2015 гг. в Бразилии (рис. 7,8). Заражение скорее всего произошло через незащищенные гетеросексуальные контакты. При исследовании этого штамма ВИЧ-1 на наличие мутаций устойчивости к АРВТ, мутаций к ИП, НИОТ и ННИОТ обнаружено не было

Рисунок 7.

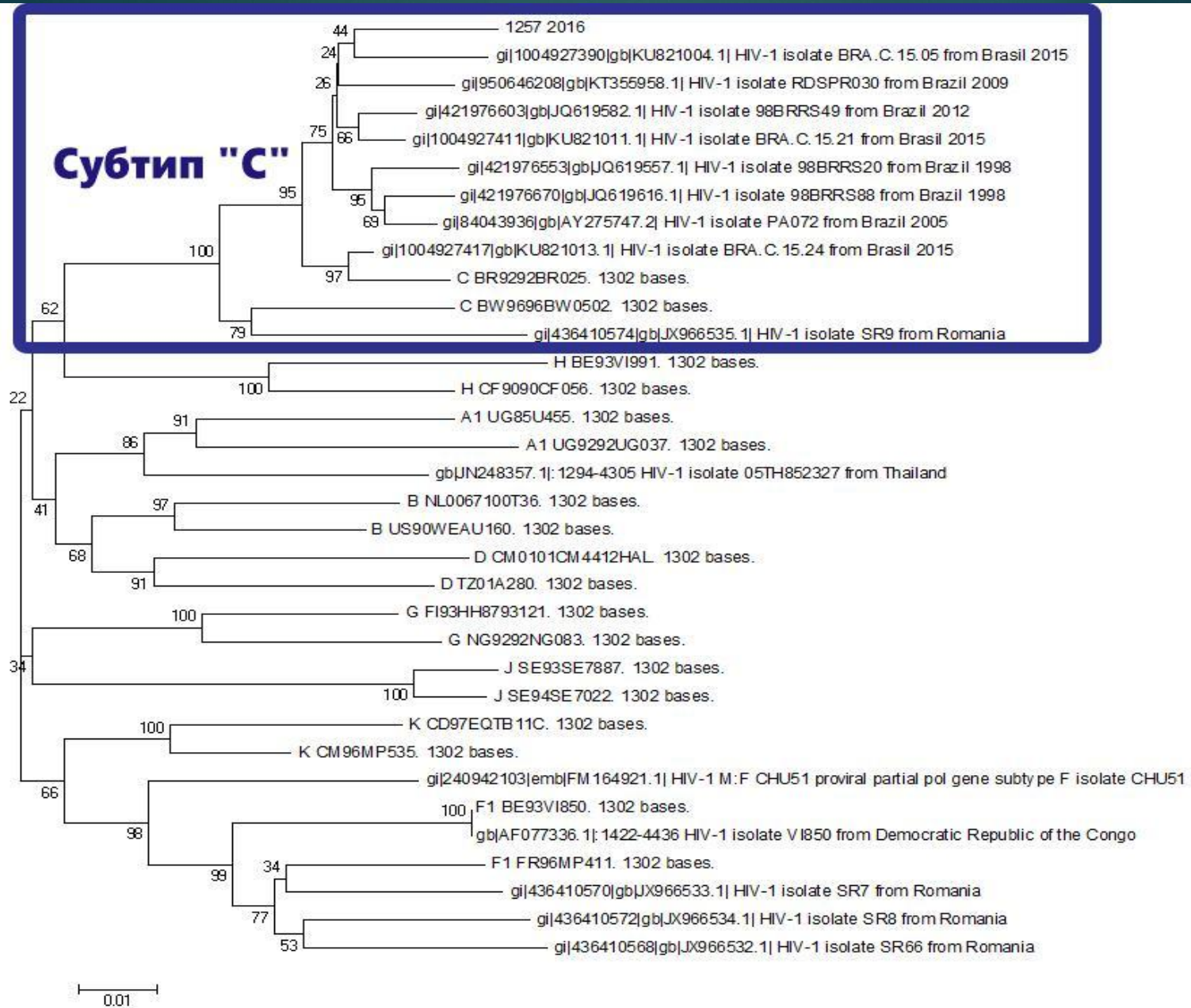
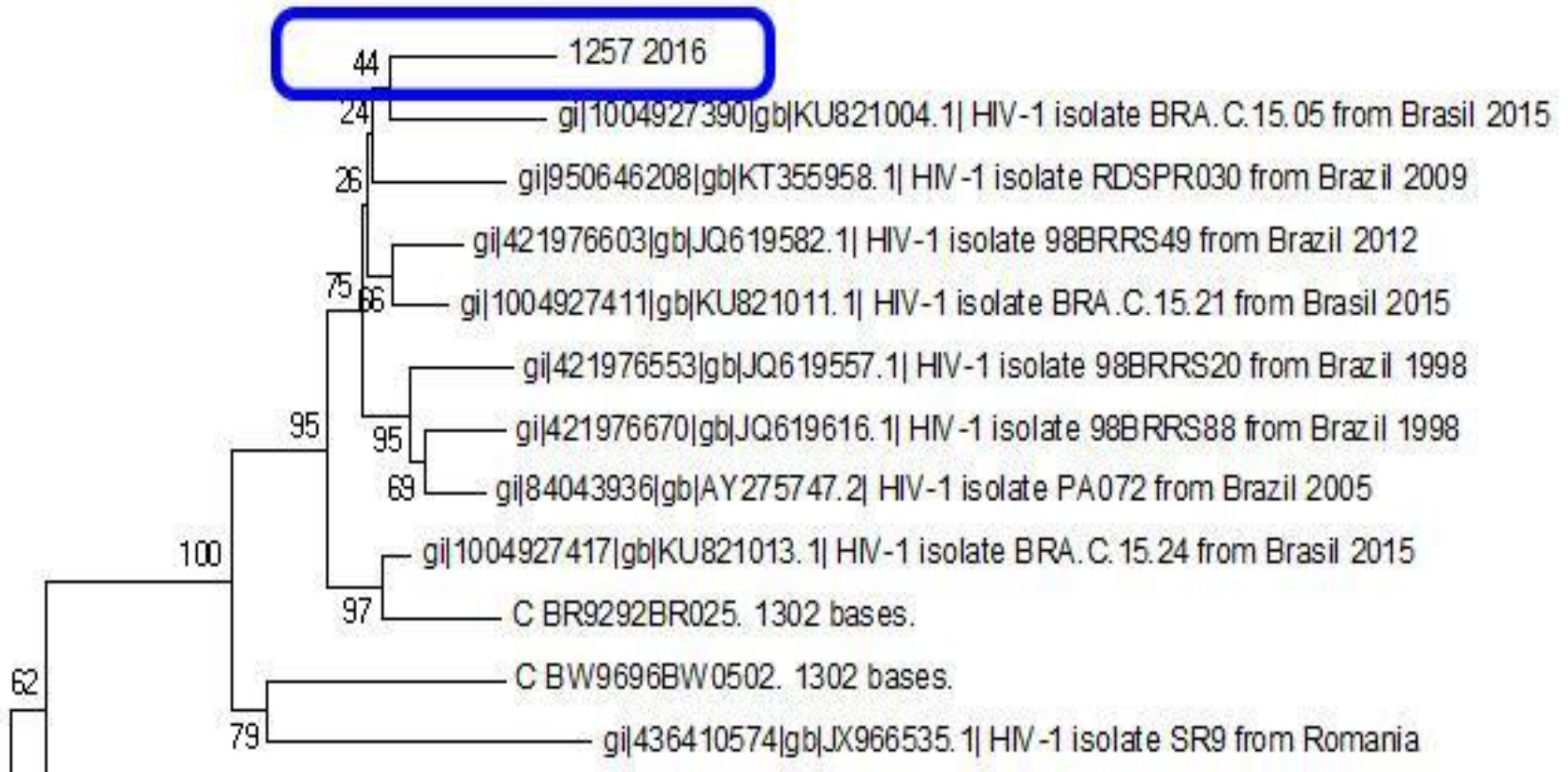


Рисунок 8.



Важным аспектом современной эпидемии ВИЧ-инфекции на Юге России стало все более частое обнаружение новых ранее не встречавшихся (или редко встречавшихся) генетических вариантов вируса (субтипа С, рекомбинантных форм ВИЧ-1 (CRF02_AG, CRF63_02A1 CRF03_AB, CRF28_BF, CRF01_AE и CRF03_AB), которые получили преимущественное распространение в некоторых регионах России (Калининград, Сибирь), в странах Юго-Восточной и Средней Азии (Таджикистан, Туркменистан и др.) и Африки.

В условиях усиления миграционных процессов можно говорить о вероятном расширении эпидемиологических сетей и повышении опасности заноса и дальнейшего распространения на территории ЮФО и СКФО новых форм ВИЧ.

В свете всего вышесказанного, очень важно и необходимо продолжать мониторинг циркуляции субтипов ВИЧ-1 для выявления особенностей развития эпидемии на Юге России.



**СПАСИБО ЗА
ВНИМАНИЕ !!!**