

появлением фебрильной лихорадки и симптомов энтерита, которые были купированы в течение нескольких дней. Однако на десятый день от начала заболевания у ребенка лихорадка приобрела двухволновый характер с последующим развитием синдрома «рука-нога-рот» и энцефалита. Патогномоничные клинические признаки в совокупности с анамнестическими данными (семейный контакт со старшим братом) позволили при поступлении ребенка в стационар предположить течение энтеровирусной инфекции и определить дальнейшую диагностическую и терапевтическую тактику введения пациента. По данным исследования, проведенного в Тайване, 2023 г. вероятность передачи инфекции в семье между детьми составляет практически 80%, при этом в 50% случаев заболевание протекает бессимптомно, и только в 0,2–1% случаев сопровождается поражением ЦНС [8].

Диагностический поиск подтвердил этиологию энтеровирусного энцефалита положительным анализом ликвора методом ПЦР, при этом из других локусов вирус выделить не удалось, по данным мультиспиральной компьютерной томографии головного мозга патологических изменений не отмечено. По данным зарубежных авторов, этиологию энцефалита удастся верифицировать в 50% случаев, при исследовании спинномозговой жидкости методом ПЦР – в 1,1–4,5% случаев. Компьютерная томография головного или спинного мозга в большинстве случаев не позволяет выявить значимых изменений при инфекции ЦНС, обусловленной ЭВИ [1,8].

Таким образом, продемонстрированный нами клинический случай позволил обратить внимание врачей на редкую форму энтеровирусного энцефалита с реализацией у ребенка долгосрочных неврологических нарушений, что требует разработки специфических методов профилактики и совершенствования методов реабилитации, позволив снизить риск развития инвалидизации.

Список литературы / References

1. Chang LY, Lin HY, Gau SS et al. Enterovirus A71 neurologic complications and long-term sequelae. *J Biomed Sci.* 2019; 26 (1): 57.
2. Gundamraj V, Hasbun R. Viral meningitis and encephalitis: an update. *Curr Opin Infect Dis.* 2023; 36 (3): 177–185.
3. Costa BKD, Sato DK. Viral encephalitis: a practical review on diagnostic approach and treatment. *J Pediatr (Rio J).* 2020; 96 (1): 12–19.
4. Kuo CY, Ku CL, Lim HK et al. Life-Threatening Enterovirus 71 Encephalitis in Unrelated Children with Autosomal Dominant TLR3 Deficiency. *J Clin Immunol.* 2022; 42 (3): 606–617.
5. Jubelt B, Lipton HL. Enterovirus/picornavirus infections. *Handb Clin Neurol.* 2014; 123 (1): 379–416.
6. Macaya A, Felipe-Rucián A. Enterovirus y complicaciones neurológicas [Enterovirus and neurological complications]. *An Pediatr (Barc).* 2017; 86 (3): 107–109.
7. Palmas G, Duke T. Severe encephalitis: aetiology, management and outcomes over 10 years in a paediatric intensive care unit. *Arch Dis Child.* 2023; 108 (11): 922–928.
8. Fall A, Forman M, Morris CP et al. Enterovirus characterized from cerebrospinal fluid in a cohort from the Eastern United States. *J Clin Virol.* 2023; 161 (2): 105401.

Вклад авторов: все авторы внесли эквивалентный вклад в подготовку публикации.

Author contributions: all authors contributed equally to the preparation of this publication.

Статья поступила / Received 25.04.2025
Получена после рецензирования / Revised 15.05.2025
Принята в печать / Accepted 22.07.2025

Сведения об авторах

Мальцева Юлия Вадимовна, К.М.Н., доцент кафедры внутренних болезней, ORCID: 0000-0002-8698-3241
Королева Лилия Юрьевна, ст. преподаватель кафедры внутренних болезней, ORCID: 0009-0000-7817-0200

ФГБОУ ВО «Орловский Государственный университет имени И. С. Тургенева», г. Орел, Россия

Автор для переписки: Мальцева Юлия Вадимовна. E-mail: 79155022098@ya.ru

About authors

Maltseva Yulia V., PhD Med, associate professor at Dept of Internal Medicine, ORCID: 0000-0002-8698-3241
Koroleva Liliya Yu., senior lecturer at Dept of Internal Medicine, ORCID: 0009-0000-7817-0200

Oryol State University named after I. S. Turgenev, Oryol, Russia

Corresponding author: Maltseva Yulia V. E-mail: 79155022098@ya.ru

Для цитирования: Мальцева Ю.В., Королева Л.Ю. Клинический случай энтеровирусного энцефалита у ребенка. *Медицинский алфавит.* 2025; (16): 43–46. <https://doi.org/10.33667/2078-5631-2025-16-43-46>

For citation: Maltseva Yu. V., Koroleva L. Y. A clinical case of enterovirus encephalitis in a child. *Medical alphabet.* 2025; (16): 43–46. <https://doi.org/10.33667/2078-5631-2025-16-43-46>



DOI: 10.33667/2078-5631-2025-16-46-53

Изменение генетического разнообразия ВИЧ-1 среди мужчин, практикующих секс с мужчинами, проживающих в России в период 2004–2025 гг.

И. А. Лаповок¹, А. А. Кириченко¹, А. В. Шлыкова¹, Д. Е. Киреев¹, А. А. Попова^{1,2}, А. В. Покровская^{1,3}, Р. С. Амиров¹, В. Г. Акимкин¹

¹ ФБУН «Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии» Роспотребнадзора, Москва, Россия

² ФГБОУ ДПО «Российская медицинская академия непрерывного профессионального образования» Минздрава России, Москва

³ ФГАОУ ВО «Российский университет дружбы народов имени Патриса Лумумбы», Москва, Россия

РЕЗЮМЕ

Введение. Исторически мужчины, практикующие секс с мужчинами (МСМ), являются стигматизированным сообществом в России, что негативно сказывается на профилактике ВИЧ-инфекции в этой уязвимой группе и осложняет исследование генетических вариантов ВИЧ-1.

Целью нашего исследования была характеристика вариантов ВИЧ-1, в образцах, полученных в 2004–2025 гг. от МСМ, проживающих в России. **Материалы и методы.** Были проанализированы нуклеотидные последовательности фрагмента гена *pol* ВИЧ-1 (2253–3369 н.п.) из баз данных RuHIV и GenBank от 562 ВИЧ-инфицированных МСМ, проживающих в РФ. Было проведено генотипирование, филогенетический и кластерный анализ и расчет *p*-дистанции среди наиболее часто встречаемых генетических вариантов ВИЧ-1.

Результаты. К суб-субтипу А6 относились 44,84% образцов, к субтипу В – 35,94% образцов, причем доля ВИЧ-1 суб-субтипа А6 статистически достоверно росла в период 2004–2025 гг. Был выявлен рост *p*-дистанции среди вирусов суб-субтипа А6 (с 0,044 до 0,054) и субтипа В (с 0,05 до 0,072) в 2004–2025 гг. Получены доказательства как размывания границ уязвимой группы МСМ, так и продолжающейся циркуляции субтипа В среди МСМ в России. Показано влияние миграции на увеличение числа случаев инфицирования редкими и рекомбинантными формами ВИЧ-1 среди МСМ в России в последние годы.

Заключение. Показана важность исследования уязвимой группы МСМ для эпидемиологического надзора за ВИЧ-инфекцией в России. Выявлен вклад миграции в генетическое разнообразие вариантов ВИЧ-1, циркулирующих в стране.

КЛЮЧЕВЫЕ СЛОВА. ВИЧ-1, МСМ, генетический вариант, суб-субтип А6, рекомбинант, *p*-дистанция, молекулярный кластер.

КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСОВ. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Changes in HIV-1 genetic diversity among men who have sex with men living in Russia in the period 2004–2025

I. A. Lapovok¹, A. A. Kirichenko¹, A. V. Shlykova¹, D. E. Kireev¹, A. A. Popova^{1,2}, A. V. Pokrovskaya^{1,3}, R. S. Amirov¹, V. G. Akimkin¹

¹ Central Research Institute of Epidemiology, Moscow, Russia

² Russian Medical Academy of Continuous Professional Education, Moscow, Russia

³ Peoples' Friendship University of Russia named after Patrice Lumumba, Moscow, Russia

SUMMARY

Introduction. Historically, men who have sex with men (MSM) are a stigmatized community in Russia, and this fact has negatively affects HIV prevention in this vulnerable group and complicates the study of HIV-1 genetic variants.

The aim of our study was to characterize HIV-1 variants in samples obtained in 2004–2025 from MSM living in Russia.

Materials and methods. Nucleotide sequences of the HIV-1 *pol* gene fragment (2253–3369 bp) from the RuHIV and GenBank databases from 562 HIV-infected MSM living in the Russian Federation were analyzed. Genotyping, phylogenetic and cluster analysis were performed and *p*-distance calculation among the most common HIV-1 genetic variants was carried out.

Results. Sub-subtype A6 comprised 44.84% of samples, subtype B – 35.94% of samples, and the proportion of HIV-1 sub-subtype A6 statistically significantly increased in the period 2004–2025. An increase of the *p*-distance was found among sub-subtype A6 (from 0.044 to 0.054) and subtype B (from 0.05 to 0.072) viruses in 2004–2025. We obtained the evidence of both the blurring of the boundaries of the vulnerable MSM group and the ongoing circulation of subtype B among MSM in Russia. The influence of migration on the increase in the number of cases of rare and recombinant forms of HIV-1 infections among MSM in Russia in recent years was shown.

Conclusion. The importance of studying the vulnerable MSM group for epidemiological surveillance of HIV infection in Russia is shown. The contribution of migration to the genetic diversity of HIV-1 variants circulating in the country was revealed.

KEYWORDS: HIV-1, MSM, genetic variant, sub-subtype A6, recombinant, *p*-distance, molecular cluster.

CONFLICT OF INTEREST. The authors declare no conflict of interest.

Введение

Генетическое разнообразие ВИЧ-1 в России постепенно изменяется – несмотря на то, что в стране в целом доминирует ВИЧ-1 суб-субтипа А6, в последние годы растет доля других генетических форм вируса. Если в 2000–2001 гг. на долю А6 (в то время до обновления номенклатуры относимом к субтипу А1 [1]) приходилось более 91% случаев ВИЧ-инфекции, то в 2007–2008 гг. доля этого генетического варианта снизилась почти до 87%, а в 2014–2015 гг. составляла лишь 70,55% [2]. В целом, в 2010–2019 гг. 71,18% случаев ВИЧ-инфекции приходилось на суб-субтип А6 [3].

Одним из наиболее значимых факторов, влияющих на генетическое разнообразие ВИЧ-1, является миграция. Завозимые в Россию с мигрантами генетические варианты ВИЧ-1 начинают циркулировать на ее территории, внося вклад в эпидемию в стране.

Чаще всего в Россию приезжают мигранты из стран СНГ. В частности, по данным Росстата, миграционный прирост в Россию в 2024 году составил 568,5 тыс. человек, основную часть которого обеспечили граждане СНГ (около 441 тыс. человек), из них 128 тыс. – граждане Таджикистана, 107 тыс. – Узбекистана, 105 тыс. – Киргизии¹. В связи с этим важно отметить особенности эпидемии ВИЧ-инфекции в этом регионе. Ранее нами было показано, что на территории стран Центральной Азии активно циркулируют (а в Узбекистане и Кыргызстане доминируют) AG-рекомбинантные формы ВИЧ-1, в том числе – уникальные рекомбинанты [3]. В исследовании 2018 года была выдвинута гипотеза о происхождении набирающей вес в России рекомбинантной формы CRF63_02A6 с территории Узбекистана [4; 5]. Таким образом, можно предположить, что именно миграционные потоки являются основой значительного роста доли рекомбинантов ВИЧ-1 в России.

¹ Сайт Росстат URL: <https://ssl.rosstat.gov.ru/>

Эпидемия ВИЧ-инфекции среди мужчин, практикующих секс с мужчинами (МСМ), исторически имела свои особенности. До середины 1990-х гг. в РСФСР и России отмечались лишь единичные случаи ВИЧ-инфекции, связанные с инфицированием МСМ, но позже потребление инъекционных наркотиков (ПИН) стало основным путем инфицирования ВИЧ-1 в стране, сделав влияние МСМ на эпидемию ВИЧ-инфекции в стране незначительным [3, 6, 7]. Однако в последние годы вклад уязвимой группы МСМ в эпидемию ВИЧ-инфекции в России неуклонно растёт: если в конце 2020 г. с МСМ было связано 2,8 % случаев ВИЧ-инфекции в стране, то в конце 2021 г. – около 3 %, а в конце 2023 г. – 4,1 %². В то же время неофициальная оценка вероятной распространённости ВИЧ-1 в среде МСМ в разных регионах страны колеблется от 5 до 25 % [7].

Исторически МСМ является стигматизированным сообществом в России [7, 8], что негативно сказывается на профилактике ВИЧ-инфекции в этой уязвимой группе, а также осложняет исследование вариантов ВИЧ-1, циркулирующих среди МСМ.

В прошлом в среде МСМ доминировал ВИЧ-1 субтипа В [3, 6, 7], генетически близкий к варианту, циркулирующему в странах Западной Европы. Это чаще всего объяснялось половыми контактами российских МСМ с иностранными гражданами из стран Западной Европы, что сочеталось с изолированностью МСМ сообщества в СССР и России. Но в последние годы в эпидемии ВИЧ-инфекции среди российских МСМ было обнаружено увеличение доли суб-субтипа А6, и циркуляция BG-рекомбинантов, генетически близких к вирусам, выявляемым среди МСМ в Испании и Португалии [7, 9]. Несмотря на значимость упомянутых особенностей эпидемии ВИЧ-инфекции среди МСМ, они были получены на основании образцов, собранных в 2006–2016 гг. Учитывая рост доли МСМ в эпидемии ВИЧ-инфекции в России, исследование в этой области требует актуализации.

Целью нашего исследования была характеристика вариантов ВИЧ-1, в образцах, полученных в 2004–2025 гг. от МСМ, проживающих в России.

Материалы и методы

Анализу подвергались нуклеотидные последовательности (сиквенсы) (n=463) региона pol (позиции 2253–3369 относительно референсного штамма HXB-2, номер GenBank K03455), кодирующего протеазу, и фрагмент обратной транскриптазы ВИЧ-1 из Российской базы данных устойчивости ВИЧ к антиретровирусным препаратам – RuHIV (<https://ruhiv.ru/>), полученные в ФБУН ЦНИИ эпидемиологии. Дополнительно из базы данных GenBank были выгружены сиквенсы 99 образцов ВИЧ-1, описанных в статье Kazennova с соавторами [7]. Основными критериями отбора сиквенсов были известные данные о дате или годе забора образца, месте проживания людей, живущих с ВИЧ (ЛЖВ), ставших источником образцов, и принадлежность к уязвимой группе МСМ.

Сиквенсы подвергались последовательному анализу, включающему следующие этапы:

- 1) предварительное определение генетического варианта с помощью онлайн-приложения HIVBlast³, на основе поиска в международных базах данных генетически наиболее близких референтных нуклеотидных последовательностей;
- 2) филогенетический анализ в программе «MEGA 6.0» [10]. Для филогенетического анализа геномов, генетически близких к циркулирующим в России вариантам ВИЧ-1, применяли подборку референтных сиквенсов образцов ВИЧ-1, циркулирующих в странах бывшего СССР [3];
- 3) оценка генетической гетерогенности на основе подсчета средней p-дистанции (и минимального и максимального ее показателя) в программе «MEGA 6.0» [10] для наиболее часто выявляемых генетических вариантов;
- 4) кластерный анализ с помощью программы «ClusterPicker 1.2.3» (порог генетической дистанции 4,5 % с bootstrap поддержкой более 90 %).

Достоверность полученных количественных различий оценивали с помощью t-критерия Стьюдента (значимы при $p < 0,001$)⁴, качественных различий – критерия Фишера (значимы при $\phi_{эмп} > 2,31$)⁵.

Результаты

Исследованная коллекция образцов

В общей сложности была сформирована коллекция сиквенсов числом 562, кодирующих исследуемый фрагмент генома вариантов ВИЧ-1 в образцах от ЛЖВ, собранных в периоды 2004–2015 гг. (n=108), 2016–2020 гг. (n=160) и 2021–2025 гг. (n=294).

Основная часть образцов от МСМ граждан РФ была получена от ЛЖВ, проживающих в Центральном (ЦФО) (n=153, 27,22 %), Южном (ЮФО) (n=69, 12,28 %) и Северо-Западном (СЗФО) (n=64, 11,39 %) федеральных округах. Также, коллекция включала образцы от граждан РФ, проживающих в следующих федеральных округах: Приволжском (ПФО) (n=22, 3,92 %), Сибирском (СФО) (n=14, 2,49 %), Уральском (УФО) (n=13, 2,31 %), Северо-Кавказском (СКФО) (n=5, 0,89 %) и Дальневосточном (ДВФО) (n=4, 0,71 %).

Кроме этого, 218/562 (38,79 %) образцов были получены от иностранных граждан (мигрантов), длительно (не менее 1 месяца) проживающих на территории г. Москва и Московского региона (ЦФО): 5 образцов были получены в 2020 г., а 213 – в период 2021–2025 гг. В основном данные ЛЖВ были гражданами стран Центральной Азии (168/218, 77,06 %): Узбекистана (n=74), Таджикистана (n=47), Кыргызстана (n=36), Казахстана (n=9) и Туркменистана (n=2). Еще 15 ЛЖВ были из других стран региона бывшего СССР: Армении (n=6), Белоруссии (n=4), Украины (n=4) и Азербайджана (n=1). Гражданами Кубы были 27 (12,39 % иностранцев, гражданами Нигерии – 2 ЛЖВ, а еще 6 человек были родом из Перу, Колумбии, Конго, Мексики, Ганы и Вьетнама.

² Референс-центр по мониторингу за ВИЧ и ВИЧ-ассоциированными инфекциями. URL: <http://www.hivrussia.info>

³ Los Alamos National Laboratory. HIV sequence database. URL: <https://www.hiv.lanl.gov/>

⁴ Онлайн калькулятор расчета t-критерия Стьюдента. URL: <https://medstatistic.ru/calculators/averagestudent.html>

⁵ Онлайн калькулятор расчета критерия Фишера. URL: <https://www.psychol-ok.ru/statistics/fisher/>

Анализ генетических вариантов ВИЧ-1 среди граждан РФ и иностранных граждан

В общей сложности 252/562 (44,84 %, 95 % ДИ 40,73–48,95) образцов во всей выборке относились к суб-субтипу А6, 202 (35,94 %, 95 % ДИ 31,98–39,91) – к субтипу В, 22 (3,91 %, 95 % ДИ 2,31–5,52) – BG-рекомбинантам, генетически близким к упомянутым выше [9] (рис. 1, рис. 2а). 21 (3,74 %, 95 % ДИ 2,17–5,30) образец относился к CRF63_02A6, а 30 (5,34 %, 95 % ДИ 3,48–7,20) – к уникальным AG-рекомбинантным формам. Еще 35 (6,23 %, 95 % ДИ 4,23–8,23) образцов относились к другим генетическим вариантам ВИЧ-1: CRF56_cpx (n=7), CRF19_cpx (n=6), CRF20_BG (n=6), CRF18_cpx (n=4), субтип С (n=4), CRF01_AE (n=2), BF1-рекомбинанты (n=2), CRF24_BG (n=1), CRF02_AG (n=1), CRF03_AB (n=1), субтип G (n=1).

Большинство образцов ВИЧ-1, не относящихся к суб-субтипу А6 и субтипу В, было получено от иностранных граждан (табл. 1).

В частности, лишь 2 образца ВИЧ-1 упомянутых выше уникальных AG-рекомбинантных форм были получены от ЛЖВ граждан РФ: от жителей СФО в 2019 г. и ПФО в 2023 г., соответственно. Остальные образцы были получены в 2021–2025 гг. от граждан Армении (n=1) и стран Центральной Азии (n=27): Узбекистана (n=18), Кыргызстана (n=4), Казахстана (n=3), Таджикистана (n=2).

BG-рекомбинанты ВИЧ-1, типичные для сообщества МСМ в Европе [9], были обнаружены в образцах не только российских граждан (n=13), но и в образцах граждан стран Центральной Азии (n=9).

Нетипичные для РФ варианты ВИЧ-1 CRF18/19/20/24 были обнаружены в образцах от граждан Кубы (n=16), но также кубинский CRF20_BG был выявлен в образце гражданина РФ, полученном в ЦФО в 2023 г.

Вирусы субтипа С были выявлены только у иностранных граждан из Кубы (n=2) и Узбекистана (n=2), равно как и один образец субтипа G – от гражданина Нигерии.

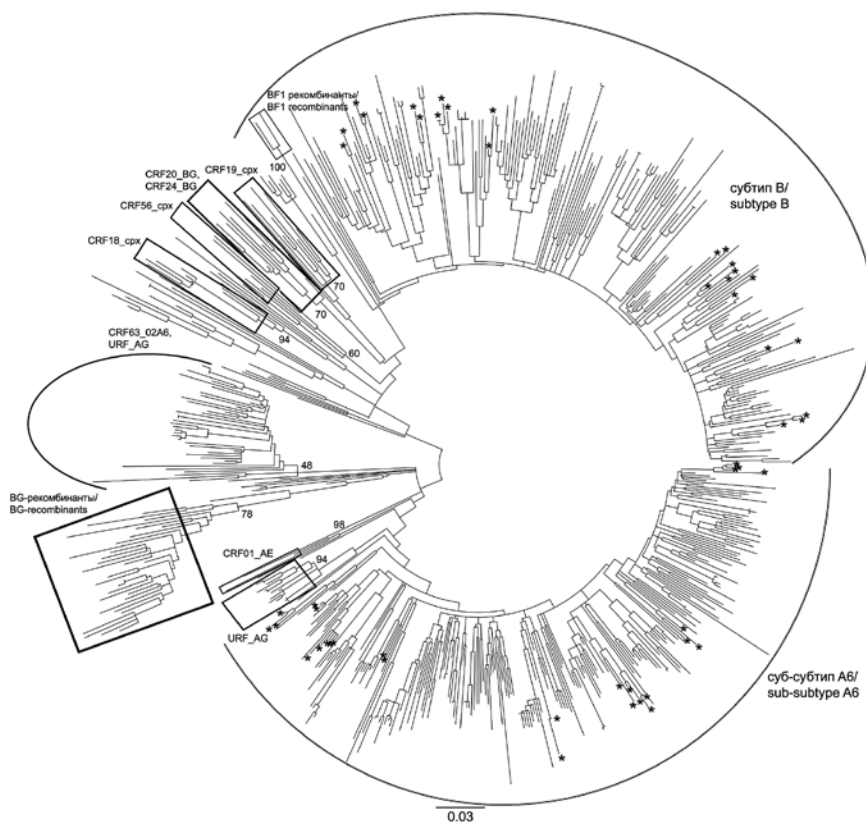


Рисунок 1. Результат филогенетического и кластерного анализа. Филогенетический анализ проведен в программе Mega6.0. с использованием метода наибольшего правдоподобия GTR+G+I модели нуклеотидных замен и bootstrap поддержкой 500. Кластерный анализ выполнен в программе ClusterPicker 1.2.3, с порогом генетической дистанции 4,5% и bootstrap поддержкой более 90%. Звездочками выделены образцы, формирующие молекулярные кластеры, смешанные по времени забора образца и смешанные по времени и гражданству ЛЖВ. Частота формирования ветвей (в %) для сиквенсов, не относящихся к субтипу В и суб-субтипу А6, в 500 независимых построениях указана в виде цифр.

Таблица 1
Распределение обнаруженных вариантов ВИЧ-1 среди образцов от граждан РФ и иностранных граждан разных регионов мира

Генетический вариант	Все ЛЖВ	Граждане РФ	Иностранные граждане				
			Центральная Азия	Латинская Америка	Закавказье	Африка	Другие регионы
A6	252	145	94	4	3	1	5
B	202	171	18	8	2	-	3
CRF63_02A6	21	6	14	-	-	1	-
URF_AG	30	2	27	-	1	-	-
C	4	-	2	2	-	-	-
CRF18_cpx	4	-	-	4	-	-	-
CRF19_cpx	6	-	-	6	-	-	-
CRF20_BG	6	1	-	5	-	-	-
CRF24_BG	1	-	-	1	-	-	-
CRF56_cpx	7	2	3	1	1	-	-
BG-рекомбинанты	22	13	9	-	-	-	-
BF1-рекомбинанты	2	1	1	-	-	-	-
CRF01_AE	2	1	-	-	-	1	-
CRF02_AG	1	1	-	-	-	-	-
CRF03_AB	1	1	-	-	-	-	-
G	1	-	-	-	-	1	-
Всего	562	344	168	31	7	4	8

Наконец у двух ЛЖВ был выявлен CRF01_AE, наиболее часто встречаемый в странах Юго-Восточной Азии [11]: один ЛЖВ был родом из Ганы, другой – россиянин, но имевший опыт длительного проживания в Таиланде.

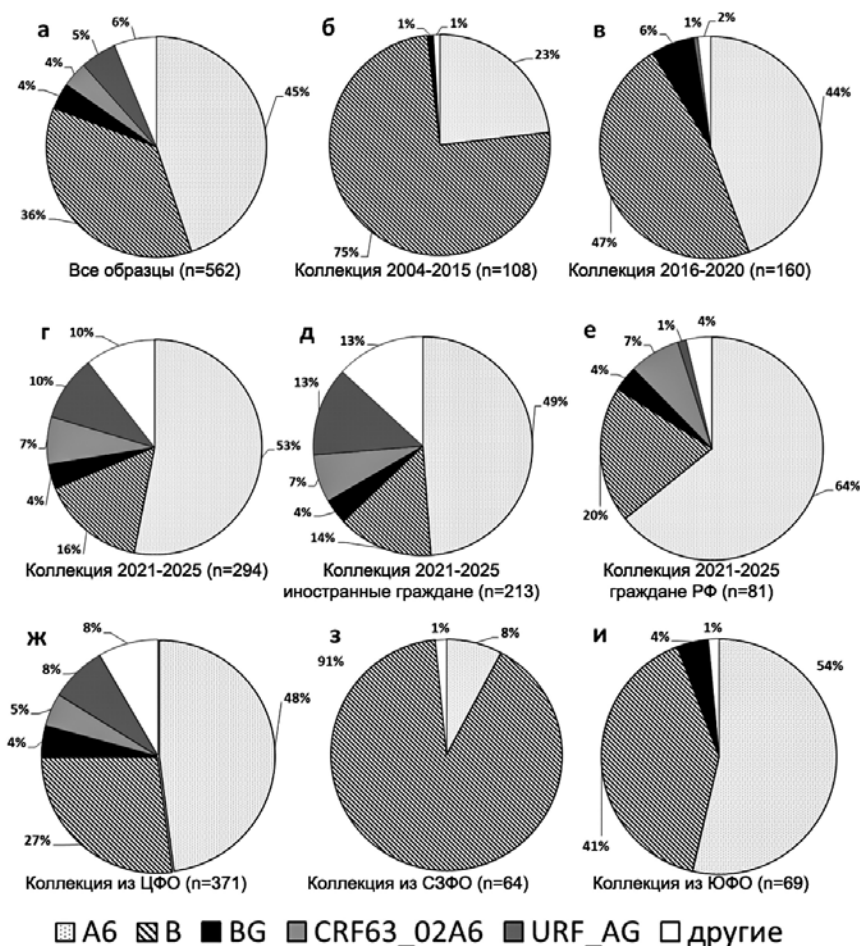


Рисунок 2. Результат генотипирования исследованных образцов ВИЧ-1 (n=562) на основе анализа с помощью HIVBlast, филогенетического и кластерного анализа.

Анализ генетических вариантов ВИЧ-1 в разные временные периоды

Было выявлено значительное различие в распределении генетических вариантов ВИЧ-1 в трех выборках по времени забора образца для исследования (рис. 2 б, в, г): если в коллекции 2004–2015 гг. (n=108) доминирующим генетическим вариантом был субтип В, а на долю суб-субтипа А6 приходилось 23,15 % (95 % ДИ 15,19–31,10), то в период 2016–2020 гг. (n=160) доли субтипа В и суб-субтипа А6 и были приблизительно равны: 46,88 % (95 % ДИ 39,15–54,61) и 44,38 % (95 % ДИ 36,68–52,07) для В и А6, соответственно. В период 2021–2025 гг. (n=294) уже 53,06 % (95 % ДИ 47,36–58,77) образцов ВИЧ-1 относились к суб-субтипу А6, а на долю субтипа В приходилось лишь 15,65 % (95 % ДИ 14,49–19,80). Обнаруженное увеличение доли суб-субтипа А6 с 2004 по 2025 гг. было статистически значимым (среднее $\phi_{эмп} = 3,67$).

При этом, 31,29 % (95 % ДИ 25,99–36,59) образцов 2021–2025 гг. были представлены другими генетическими вариантами. Выявленное генетическое разнообразие в этот временной период было связано с высокой долей образцов от иностранных граждан в коллекции (213/294, 72,45 %) и сильным различием в генетическом разнообразии ВИЧ-1 в образцах от граждан РФ (81, 27,55 %) и мигрантов (рис. 2 д, е). Для сравнения, выборка 2004–2015 гг. состояла только из образцов от граждан РФ, а выборка 2016–2020 гг. содержала лишь 5/160 (3,1 %) образцов от мигрантов, среди которых не было чрезвычайно редких генетических форм: 3 образца относились к суб-субтипу А6, и по одному – к субтипу В и BG-рекомбинанту, соответственно.

Анализ генетических вариантов ВИЧ-1 в трех федеральных округах РФ

Так как большинство образцов ВИЧ-1 было получено от ЛЖВ, проживающих в ЦФО, СЗФО и ЮФО, был проведен анализ генетических вариантов ВИЧ-1 отдельно для каждого из этих регионов.

Поскольку основное количество образцов от иностранных граждан, оказавших влияние на генетическое разнообразие ВИЧ-1 среди МСМ в 2021–2025 гг., были собраны в Москве, степень генетической гетерогенности ВИЧ-1 в образцах из ЦФО (n=371) отличалась от таковой в других регионах. Так, по сравнению с образцами из ЦФО (рис. 2 ж), в коллекции образцов ВИЧ-1, собранных в СЗФО (n=64) (рис. 2 з), 58, 90,63 % (95 % ДИ 87,53–99,57) было представлено субтипом В. Это согласуется с вышеописанными результатами о различиях в генетическом разнообразии ВИЧ-1 в трех временных периодах, так как 56/64 (87,50 %) образцов в СЗФО были собраны в период 2004–2015 гг. Наконец, в коллекции из ЮФО (n=69) (рис. 2 и) доля субтипа В была значительна (28, 40,58 % образцов, 95 % ДИ 28,99–52,17), но уступала суб-субтипу А6 (37, 53,62 %, 95 % ДИ 41,86–65,39). В данном регионе образцы ВИЧ-1 собирались преимущественно в период 2016–2020 гг. (49/69, 71,01 %), который, как было показано выше, отмечался ростом доли суб-субтипа А6 в популяции вируса среди МСМ. Для сравнения, в коллекции из ЦФО только 26 (7,01 %) образцов были собраны в период 2004–2015 гг. и 91 (24,53 %) – в период 2016–2020 гг.

Анализ гетерогенности ВИЧ-1 суб-субтипа А6 и субтипа В

Мы провели анализ гетерогенности популяции доминирующих в исследуемой коллекции вирусов суб-субтипа А6 и субтипа В на основе анализа общей р-дистанции сиквенсов. Учитывая описанное выше влияние миграции на генетическое разнообразие ВИЧ-1 в группе МСМ, анализ проводился как для всех образцов, так и отдельно для граждан РФ и иностранных граждан.

Показатель р-дистанции для образцов суб-субтипа А6 статистически достоверно увеличивался в период с 2004 по 2025 гг. ($p < 0,001$): среди образцов, собранных в 2004–2015 гг. (n=25), р-дистанция составила 0,044 (0,011–0,099), для образцов 2016–2020 гг. (n=71) – 0,047 (0,001–0,076), а для образцов 2021–2025 гг. (n=156) – 0,054 (0–0,093). Рост р-дистанции в период 2021–2025 гг. был связан с иностранными гражданами: р-дистанция среди образцов, полученных от мигрантов

Таблица 2
Результаты кластерного анализа, проведенного с помощью программы ClusterPicker 1.2.3

Группа образцов	Всего образцов	Образцов внутри кластеров	Общее число кластеров	Тип кластеров			
				Несмешанные	смешанные по времени	смешанные по гражданству	смешанные по обоим признакам
Коллекции по времени забора образца							
2004–2015	108	25 (23,15%)	16	6	9	-	1
2016–2020	160	68 (42,50%)	33	16	12	-	5
2021–2025	294	114 (38,78%)	44	30	6	3	5
Генетический вариант ВИЧ-1							
Все варианты	562	207 (36,83%)	72	51	13	3	5
A6	252	97 (38,49%)	29	20	5	1	3
B	202	71 (35,15%)	29	19	8	-	2
CRF63_02A6	21	8 (38,09%)	2	1	-	1	-
URF_AG	30	16 (53,33%)	5	5	-	-	-
C	4	2 (50%)	1	1	-	-	-
CRF18_cpx	4	3 (75%)	1	1	-	-	-
CRF19_cpx	6	2 (33,33%)	1	1	-	-	-
CRF20_BG	6	2 (33,33%)	1	1	-	-	-
CRF56_cpx	7	2 (28,57%)	1	1	-	-	-
BG-рекомб-ты	22	2 (9,09%)	1	1	-	-	-
BF1-рекомб-ты	2	2 (100%)	1	-	-	1	-

(n=104), составила 0,058 (0–0,095) по сравнению с гражданами РФ (n=52) – 0,046 (0,001–0,078), что также было статистически значимо (p<0,001).

Для вирусов субтипа В, собранных в 2004–2015 гг. (n=81), 2016–2020 гг. (n=75) и 2021–2025 гг. (n=46), р-дистанция составила 0,05 (0,006–0,108), 0,064 (0–0,097) и 0,072 (0,001–0,101). Как и в случае суб-субтипа А6, гражданство ЛЖВ оказывало влияние на показатель р-дистанции. Среди образцов от иностранных граждан коллекции 2021–2025 гг. (n=30) этот показатель составил 0,071 (0,001–0,1), в то время как среди всех образцов от граждан РФ (n=171) и от граждан РФ коллекции 2021–2025 гг. (n=16) р-дистанция оказалась 0,060 (0–0,108) и 0,057 (0,002–0,079), соответственно. Все полученные различия были статистически значимы (p<0,001).

Анализ молекулярных кластеров

Было сформировано, в общей сложности, 72 молекулярных кластера, образованные 207/562 (36,83%) всех образцов (табл. 2). Основное количество кластеров (42/72, 58,33%) было сформировано 2 образцами, 3 образцами были сформированы 14 кластеров, 4 образцами – 8 кластеров, 5 образцами – 4 кластера, 6 образцами (CRF63_02A6) – 1 кластер и 7 образцами (суб-субтип А6) – 2 кластера. Только один кластер был сформирован 9 образцами суб-субтипа А6.

В основном формировались «несмешанные» кластеры, т.е. кластеры, сформированные образцами, полученными в один временной промежуток только от граждан РФ или только от иностранных граждан.

Чаще всего кластеры образовывали образцы суб-субтипа А6 (29 кластеров, 97/252, 38,49% образцов этого генетического варианта) и субтипа В (29 кластеров, 71/202, 35,15% образцов).

Наибольший интерес представляли 3 типа кластеров: «смешанные по времени» кластеры, сформированные образцами из разных коллекций по времени забора образца (2004–2015, 2016–2020 или 2021–2025 гг.), «смешанные по гражданству»,

образованные образцами, полученными от гражданина РФ и мигранта, а также смешанные по обоим указанным признакам.

К смешанным только по времени относились 13 кластеров, из которых 8 было образовано вирусами субтипа В, а 5 – образцами ВИЧ-1 суб-субтипа А6. Еще 2 и 3 кластера, смешанные по времени и гражданству ЛЖВ, были сформированы образцами субтипа В и суб-субтипа А6, соответственно.

В 8 смешанных только по времени кластерах субтипа В попали 20/202 (9,9%) образцов. Еще 2 смешанных по времени кластера, образованные вирусами субтипа В, полученными от ЛЖВ из Москвы в 2016 г. и ПФО в 2019 г., включали также по одному образцу, полученному в 2023 г. от граждан Кыргызстана и Таджикистана, соответственно. В общей сложности 24/202 (11,88%) геномов субтипа В формировали кластеры, включающие образцы, собранные в разные временные промежутки, в том числе 2 кластера, смешанных и по гражданству ЛЖВ.

В свою очередь, 5 смешанных по времени кластеров суб-субтипа А6 были сформированы только 15/252 (5,95%) образцами. Однако был выявлен один смешанный по гражданству кластер, сформированный образцами, полученными от жителя Челябинска в 2022 г. и гражданина Таджикистана – в 2024 г. Кроме этого, было выявлено 3 кластера, смешанных по обоим признакам. Один был сформирован 6 образцами, полученными в 2023–2024 гг. от проживающих в Москве граждан Кыргызстана, Таджикистана и Узбекистана, и одним образцом, полученным в 2019 г. от жителя Москвы. Другой кластер был сформирован тремя образцами, полученными от жителей Краснодара (ЮФО) в 2015 (n=1) и 2017 (n=2) гг., а также образцом, полученным в Москве от гражданина Кыргызстана в 2024 г. Наконец, один кластер был сформирован образцом 2018 года от жителя Москвы и образцом, полученным в 2021 г. от проживающего там же гражданина Узбекистана. Таким образом, кластеры, смешанные либо по времени, либо по обоим признакам, включали 28/252 (11,11%) образцов суб-субтипа А6.

Отдельного внимания заслуживают кластеры, образованные вирусами AG-рекомбинантов. Большой кластер CRF63_02A6, включающий 5 образцов, полученных в 2023–2024 гг. от мигрантов, проживающих в Москве, также содержал один образец от ЛЖВ гражданина РФ из СФО. Ни один из кластеров, образованных уникальными AG-рекомбинантами, не относился к смешанным по времени или по гражданству ЛЖВ: все были сформированы образцами от иностранных граждан стран Центральной Азии (n=15) и Армении (n=1), полученных в период 2021–2025 гг. на территории Москвы.

Наконец, единственный кластер BF1-рекомбинанта был образован образцом, полученным в 2023 г. от жителя ПФО и образцом, полученным в 2024 г. от гражданина Узбекистана, проживающего в Москве.

Обсуждение

С середины 1990-х годов основной уязвимой группой ЛЖВ в России были потребители инъекционных наркотиков (ПИН), что было связано как с ростом потребления наркотических средств в России в конце прошлого века, так и с легкостью инфицирования человека через внутривенные инъекции: от максимальной вероятности в 95 % до 1 случая из 150 рискованных инъекций [12]. В настоящее время основной уязвимой группой ЛЖВ в России являются лица, заразившиеся в результате гетеросексуальных контактов. Так, на конец 2023 года более 77 % новых случаев ВИЧ-инфекции стали следствием гетеросексуальных контактов⁶. Между тем, вероятность инфицирования вследствие пассивного анального полового акта, практикуемого МСМ, близка к этому показателю для ПИН (от 1 из 20 до 1 из 300 случаев), в то время, как вероятность инфицирования ВИЧ-1 в результате пассивного гетеросексуального контакта составляет от 1 из 200 до 1 из 2000 случаев [12]. Это, в частности, объясняет причину доминирования МСМ среди других уязвимых групп ЛЖВ по всему миру⁷.

В своем исследовании мы проанализировали генетические варианты ВИЧ-1, циркулирующие среди МСМ в России в 2004–2025 гг. Распределение числа исследованных сиквенсов по годам забора образца с вирусом от ЛЖВ было неравномерным, что является следствием недообследованности уязвимой группы МСМ в России как в прошлые годы, так и в настоящее время. Стигматизация МСМ в стране приводит к сокрытию истинных обстоятельств инфицирования ВИЧ-1 и избеганию скрининга на ВИЧ-инфекцию, как такового.

Значительным ограничением нашего исследования является то, что основное количество (более 66 %) образцов было получено от ЛЖВ из г. Москвы и ЦФО, что несомненно повлияло на результаты анализа генетических вариантов. В частности, лишь 14 (2,49 %) образцов ВИЧ-1 были получены от ЛЖВ из СФО, где высока доля CRF63_02A6 в эпидемии ВИЧ-инфекции [4; 5; 13]. Небольшое число образцов из СФО могло стать причиной низкой частоты встречаемости (3,74 %) CRF63_02A6 в исследуемой коллекции.

Нами был выявлен значительный вклад миграции в генетическое разнообразие ВИЧ-1 среди МСМ в период 2021–2025 гг. В частности, кубинские варианты ВИЧ-1 (CRF18/19/20/24)

были выявлены в образцах от граждан Кубы, инфекция ВИЧ-1 CRF56_srx – среди граждан стран Центральной Азии и Нигерии. Кроме этого, подавляющее число инфекций уникальными AG-рекомбинантными формами ВИЧ-1 (27/30, 90 %) было связано с гражданами стран Центральной Азии, что неудивительно, так как именно этот регион является вероятной «колыбелью», как циркулирующего в России CRF63_02A6, так и новых AG-рекомбинантных форм [3; 5].

Выявленные нами различия в генетическом разнообразии ВИЧ-1 в образцах, полученных из ЦФО, СЗФО и ЮФО могут быть объяснены не столько географическими, сколько временными особенностями формирования коллекции: если в коллекции из СЗФО доминировали образцы, собранные в период 2004–2015 гг. (87,50 %), а из ЮФО – образцы 2016–2020 гг. (71,01 %), то в коллекции из ЦФО на долю образцов 2004–2020 гг. приходилось только 31,54 % (117/371) проб. Кроме того, значительная доля образцов от иностранных граждан в коллекции из ЦФО (218/371, 58,76 %) оказала свое влияние на различия в генетическом разнообразии ВИЧ-1 в этом регионе по сравнению с СЗФО и ЮФО.

Более того, иностранные граждане оказывают влияние не только на генетическое разнообразие ВИЧ-1 в целом, но даже на степень гетерогенности относительно единого вирусного суб-субтипа А6: если между вирусами от граждан РФ показатель общей р-дистанции в период 2004–2025 гг. находился в пределах 0,044–0,047, то в образцах от мигрантов, собранных лишь в 2021–2025 гг. он составил 0,058. Аналогичный эффект миграции был обнаружен и для субтипа В: был отмечен рост р-дистанции от 0,05 до 0,072 среди вирусов этого варианта с 2004 по 2025 гг. за счет ВИЧ-1 от иностранных граждан в 2021–2025 гг. (0,071).

Формирование молекулярных кластеров лишь 36,83 % исследуемых вирусов и присутствие в 58,33 % кластеров только двух образцов ВИЧ-1 говорит об отсутствии доминирования среди МСМ в России какого-то ограниченного набора вариантов вируса, циркулирующих и передающихся среди МСМ в течение длительного времени, что подтверждает ранее обозначенную тенденцию к размыванию границ уязвимой группы МСМ [7]. Это может быть объяснено тем, что некоторое количество МСМ в России практикуют потребление наркотиков или имеют сексуальных партнеров, общих с представителями других групп риска.

Несмотря на то, что суб-субтип А6 был основным вариантом вируса во всей исследуемой нами коллекции, доля образцов этого генетического варианта, образовавших молекулярные кластеры (38,49 %), была схожа с долей таких же образцов субтипа В (35,15 %). Также примерно равные доли образцов суб-субтипа А6 и субтипа В формировали кластеры, смешанные по времени или по времени и гражданству ЛЖВ: 11,11 % и 11,88 %, соответственно.

С одной стороны, это говорит о множественных проникновениях вируса суб-субтипа А6 в сообщество российских МСМ из других уязвимых групп. С другой стороны, это свидетельствует об активной передаче одних и тех же вариантов ВИЧ-1 субтипа В среди МСМ, на фоне случаев новых заносов вируса в уязвимую группу.

⁶ Референс-центр по мониторингу за ВИЧ и ВИЧ-ассоциированными инфекциями. URL: <http://www.hivrussia.info>

⁷ 2024 global AIDS report – The Urgency of Now: AIDS at a Crossroads. URL: <https://www.unaids.org/en/resources/documents/2024/global-aids-update-2024>

Результаты кластерного анализа для 8 (38,09%) образцов CRF63_02A6 не позволяют сделать каких-либо достоверных выводов о тенденции распространения этого генетического варианта среди MSM в России, прежде всего из-за небольшой выборки образцов этого генетического варианта (n=21). Между тем, формирование 6/8 образцов этого вируса совместного кластера может свидетельствовать о циркуляции отдельного варианта среди MSM на территории Москвы и незначительности заносов новых вирусов CRF63 в уязвимую группу.

Кластерный анализ оказал значительную помощь в установлении генетической принадлежности вирусов уникальных АГ-рекомбинантных форм, подтверждая факт циркуляции этих вирусов преимущественно среди иностранных граждан стран Центральной Азии: 15/16 образцов, формировавших кластеры, были получены от граждан стран этого региона. Причем два кластера были сформированы 4 и 5 образцами, соответственно, что может свидетельствовать об эпидемиологической связи этих ЛЖВ между собой.

Закключение

Наша работа показывает важность исследования уязвимой группы MSM для эпидемиологического надзора за ВИЧ-инфекцией в России и выявляет вклад миграции в генетическое разнообразие вариантов ВИЧ-1, циркулирующих в стране. Для эффективного противодействия распространению ВИЧ-1 среди MSM в России большое значение имеет профилактическая и просветительская работа среди этой уязвимой группы с привлечением общественных организаций и представителей иностранных диаспор, а также сотрудничество с подобными организациями в зарубежных странах.

Сведения об авторах

Лаповок Илья Андреевич, к.б.н., старший научный сотрудник лаборатории диагностики и молекулярной эпидемиологии ВИЧ-инфекции¹. E-mail: i_lapovok@mail.ru. ORCID: 0000-0002-6328-1415
Кириченко Алина Алексеевна, к.м.н., старший научный сотрудник лаборатории диагностики и молекулярной эпидемиологии ВИЧ-инфекции¹. E-mail: kirichenko@cmd.su. ORCID: 0000-0002-7116-0138
Шлыкова Анастасия Вениаминовна, научный сотрудник лаборатории диагностики и молекулярной эпидемиологии¹. E-mail: murzakova_a.v@mail.ru. ORCID: 0000-0002-1390-8021
Киреев Дмитрий Евгеньевич, к.б.н., зав. лабораторией диагностики и молекулярной эпидемиологии ВИЧ-инфекции¹. E-mail: dmitkireev@yandex.ru. ORCID: 0000-0002-7896-2379
Попова Анна Анатольевна, к.м.н., старший научный сотрудник специализированного научно-исследовательского отдела по профилактике и борьбе со СПИДом¹, доцент кафедры инфекционных болезней². E-mail: asya-med@mail.ru. ORCID: 0000-0001-9484-5917
Покровская Анастасия Вадимовна, д.м.н., старший научный сотрудник¹, профессор кафедры инфекционных болезней с курсами эпидемиологии и фтизиатрии Медицинского института³. E-mail: pokrovskaya@cmd.su. ORCID: 0000-0002-2677-0404
Амиров Рамиз Сафа оглы, врач клинической лабораторной диагностики клиничко-диагностической лаборатории¹. E-mail: Amirov@cmd.su. ORCID: 0009-0004-3242-6142
Акимкин Василий Геннадьевич, академик РАН, д.м.н., профессор, директор¹. E-mail: arimkin@cmd.su. ORCID: 0000-0001-8139-0247

¹ ФБУН «Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии» Роспотребнадзора, Москва, Россия

² ФГБОУ ДПО «Российская медицинская академия непрерывного профессионального образования» Минздрава России, Москва

³ ФГАУ ВО «Российский университет дружбы народов имени Патриса Лумумбы», Москва, Россия

Автор для переписки: Лаповок Илья Андреевич. E-mail: i_lapovok@mail.ru

Для цитирования: Лаповок И.А., Кириченко А.А., Шлыкова А.В., Киреев Д.Е., Попова А.А., Покровская А.В., Амиров Р.С., Акимкин В.Г. Изменение генетического разнообразия ВИЧ-1 среди мужчин, практикующих секс с мужчинами, проживающих в России в период 2004–2025 гг. Медицинский алфавит. 2025; (16): 46–53. <https://doi.org/10.33667/2078-5631-2025-16-46-53>

Список литературы / References

- Foley B.T., Leitner T., Paraskevis D., Peeters M. Primate immunodeficiency virus classification and nomenclature: Review. Infect. Genet. Evol. 2016; 46: 150–8. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2016.10.018>.
- Лаповок И.А., Лопатухин А.Э., Киреев Д.Е. и др. Молекулярно-эпидемиологический анализ вариантов ВИЧ-1, циркулировавших в России в 1987–2015 гг. Тер. архив 2017; 89 (11): 44–9. <https://doi.org/10.17116/terarkh2017891144-49>
- Lapovok I.A., Lopatukhin A.E., Kireev D.E., et al. Molecular epidemiological analysis of HIV-1 variants circulating in Russia in 1987–2015. Ter. archive 2017; 89 (11): 44–9. (In Russ.). <https://doi.org/10.17116/terarkh2017891144-49>
- Лаповок И.А., Кириченко А.А., Шлыкова А.В. и др. Молекулярно-эпидемиологический анализ генетических вариантов ВИЧ-1, циркулировавших в странах Восточной Европы и Центральной Азии в 2010–2019 гг. Эпидемиол. инфекц. болезни. Актуал. вопр. 2022; 12 (3): 31–40. (In Russ.). <https://doi.org/10.18565/epidem.2022.12.3.31-40>
- Lapovok I.A., Kirichenko A.A., Shlykova A.V., et al. Molecular epidemiological analysis of HIV-1 genetic variants circulating in Eastern Europe and Central Asia in 2010–2019. Epidemiol. infectious diseases. Actual. issues. 2022; 12 (3): 31–40. <https://doi.org/10.18565/epidem.2022.12.3.31-40>
- Baryshev P., Bogachev V., Gashnikova N. HIV-1 genetic diversity in Russia: CRF63_02A1, a new HIV type 1 genetic variant spreading in Siberia. AIDS Res. Hum. Retroviruses 2014; 30(6): 592–7. <https://doi.org/10.1089/AID.2013.019>.
- Kostaki E.-G., Karamitros T., Bobkova M., et al. Spatiotemporal Characteristics of the HIV-1 CRF02_AG/CRF63_02A1 Epidemic in Russia and Central Asia. AIDS Res. Hum. Retroviruses 2018; 34(5): 415–20. <https://doi.org/10.1089/AID.2017.0233>.
- Bobkova M. Current status of HIV-1 diversity and drug resistance monitoring in the former USSR. AIDS Rev. 2013; 15(4): 204–12. PMID: 24192601.
- Kazennova E., Lago V., Gromov K., et al. Genetic Variants of HIV Type 1 in Men Who Have Sex with Men in Russia. AIDS Res. Hum. Retroviruses. 2017; 33(10): 1061–4. <https://doi.org/10.1089/AID.2017.0078>.
- Лаповок И.А., Кириченко А.А., Шлыкова А.В. и др. Анализ генетических вариантов ВИЧ-1 среди мужчин-мигрантов гомосексуальной ориентации, проживающих в Москве. Журнал инфектологии. 2023; 15 (2 S2): 71–2. EDN: <https://elibrary.ru/qtszlb>.
- Lapovok I.A., Kirichenko A.A., Shlykova A.V., et al. Analysis of HIV-1 genetic variants among homosexual male migrants living in Moscow. Journal of Infectology. 2023; 15 (2 S2): 71–2. (In Russ.). EDN: <https://elibrary.ru/qtszlb>.
- Murzakova A., Kireev D., Baryshev P., et al. Molecular epidemiology of HIV-1 subtype G in the Russian Federation. Viruses. 2019; 11 (4): 348. <https://doi.org/10.3390/v11040348>.
- Tamura K., Stecher G., Peterson D., et al. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. Mol. Biol. Evol. 2013; 30 (12): 2725–9. <https://doi.org/10.1093/molbev/mst1197>.
- Казеннова Е.В., Лаповок И.А., Васильев А.В. и др. Проблемы субтипирования ВИЧ-1 на основе анализа гена pol и способы их разрешения. ВИЧ-инфекция и иммуносупрессии. 2010; 2(3): 42–48. УДК: 577.156+616.9.
- Kazennova E.V., Lapovok I.A., Vasiliev A.V., et al. Problems of HIV-1 subtyping based on pol gene analysis and methods for their resolution. HIV infection and immunosuppression. 2010; 2 (3): 42–48. (In Russ.). UDC: 577.156+616.9.
- Shaw G.M., Hunter E. HIV transmission. Review. Cold Spring Harb Perspect Med. 2012; 2 (11): a006965. <https://doi.org/10.1101/cshperspect.a006965>.
- Лукьяненко Н.В., Киреев Д.Е., Лаповок И.А. и др. Анализ заболеваемости ВИЧ-инфекцией в Алтайском крае в 2022 г. // Якутский медицинский журнал. 2024; 4 (88): 80–84. <https://doi.org/10.25789/YMJ.2024.88.19>
- Lukyanenko N. V., Kireev D. E., Lapovok I. A. and others. Analysis of the incidence of HIV infection in the Altai Territory in 2022 // Yakut Medical Journal. 2024; 4 (88): 80–84. (In Russ.). <https://doi.org/10.25789/YMJ.2024.88.19>

Статья поступила / Received 09.07.2025

Получена после рецензирования / Revised 14.07.2025

Принята в печать / Accepted 22.07.2025

About authors

Lapovok Ilya A., PhD Bio Sci, senior researcher at Laboratory of Diagnostics and Molecular Epidemiology of HIV Infection¹. E-mail: i_lapovok@mail.ru. ORCID: 0000-0002-6328-1415
Kirichenko Alina A., PhD Med, senior researcher at Laboratory of Diagnostics and Molecular Epidemiology of HIV Infection¹. E-mail: kirichenko@cmd.su. ORCID: 0000-0002-7116-0138
Shlykova Anastasia V., researcher at Laboratory of Diagnostics and Molecular Epidemiology of HIV Infection¹. E-mail: murzakova_a.v@mail.ru. ORCID: 0000-0002-1390-8021
Kireev Dmitry E., PhD Bio Sci, head of the Laboratory of Diagnostics and Molecular Epidemiology of HIV Infection¹. E-mail: dmitkireev@yandex.ru. ORCID: 0000-0002-7896-2379
Popova Anna A., PhD Med, senior researcher at Specialized Research Department for AIDS Prevention and Control¹, associate professor at Dept of Infectious Diseases². E-mail: asya-med@mail.ru. ORCID: 0000-0001-9484-5917
Pokrovskaya Anastasia V., DM Sci (habil.), senior researcher¹, professor at Dept of Infectious Diseases with Courses in Epidemiology and Phthisiology of Medical Institute³. E-mail: pokrovskaya@cmd.su. ORCID: 0000-0002-2677-0404
Amirov Ramiz Safa, physician of clinical laboratory diagnostics at the Clinical Diagnostic Laboratory¹. E-mail: Amirov@cmd.su. ORCID: 0009-0004-3242-6142
Akimkin Vasily G., RAS academician, DM Sci (habil.), professor, director¹. E-mail: arimkin@cmd.su. ORCID: 0000-0001-8139-0247

¹ Central Research Institute of Epidemiology, Moscow, Russia

² Russian Medical Academy of Continuous Professional Education, Moscow, Russia

³ Peoples' Friendship University of Russia named after Patrice Lumumba, Moscow, Russia

Corresponding author: E-mail: i_lapovok@mail.ru

For citation: Lapovok I.A., Kirichenko A.A., Shlykova A.V., Kireev D.E., Popova A.A., Pokrovskaya A.V., Amirov R.S., Akimkin V.G. Changes in HIV1 genetic diversity among men who have sex with men living in Russia in the period 2004–2025. Medical alphabet. 2025; (16): 46–53. <https://doi.org/10.33667/2078-5631-2025-16-46-53>