

УДК 615.015.8+616.98

## РАСПРОСТРАНЕННОСТЬ МУТАЦИЙ РЕЗИСТЕНТНОСТИ ВИЧ-1 К ПРЕПАРАТАМ АРВТ В ПРИМОРСКОМ КРАЕ

<sup>1</sup>В.С.Елисеева, <sup>2</sup>С.П.Кругляк, <sup>1</sup>Л.Ф.Скляр, <sup>2</sup>Е.С.Махно

<sup>1</sup>Тихоокеанский государственный медицинский университет Минздрава России, Владивосток, Россия

<sup>2</sup>Краевая клиническая больница № 2 Центр по профилактике и борьбе со СПИД и инфекционными заболеваниями, Владивосток, Россия

## PREVALENCE OF HIV-1 DRUG RESISTANCE MUTATIONS IN PRIMORSKY REGION

<sup>1</sup>V.S.Eliseeva, <sup>2</sup>S.P.Kruglyak, <sup>1</sup>L.F.Sklyar, <sup>2</sup>E.S.Mahno

<sup>1</sup>Pacific Medical University, Vladivostok, Russia

<sup>2</sup>Clinical Hospital №2 (AIDS-Center), Vladivostok, Russia

Коллектив авторов, 2015 г.

Учитывая широкое распространение лекарственной устойчивости ВИЧ-1, большое значение приобретает генотипирование с целью выявления мутаций резистентности. Исследовано 53 образца плазмы пациентов методом секвенирования. В половине случаев выявлен субтип В; отмечены единичные случаи обнаружения циркулирующих рекомбинантных форм (CRF) — CRF01\_AE/A, CRF02\_AG и формы В/А. Резистентность к ингибиторам протеазы в большинстве случаев не обнаруживается. У большинства пациентов выявлена резистентность к нуклеозидным и нуклеозидным ингибиторам обратной транскриптазы (НИОТ и ННИОТ).

**Ключевые слова:** ВИЧ, резистентность, секвенирование, субтип.

Because of drug resistant HIV-1 variants have become widely spread, HIV isolate genotyping is important in order to find out mutations associated with HIV resistance. We performed HIV sequencing in 53 blood plasma samples of patients. Almost half of the cases diagnosed subtype B. Genotyping of the samples revealed recombinant forms CRF01\_AE/A, CRF02\_AG and form B/A. Resistance to protease inhibitors not detected in most cases. Most of the results were consistent with resistance to nucleoside inhibitors of reverse transcriptase and non-nucleoside inhibitors of reverse transcriptase.

**Key words:** HIV, drug resistance, sequencing, subtype.

**Введение.** За период, прошедший с момента первого описания случаев синдрома приобретенного иммунодефицита (СПИД) в 1981 году, инфекция, вызываемая вирусом иммунодефицита человека (ВИЧ), приобрела характер пандемии, стирая географические, государственные и социальные границы. Ежегодно пандемия охватывает от 2,7 до 3 миллионов человек [1]. Приморский край является территорией с высоким уровнем заболеваемости ВИЧ-инфекцией по сравнению с другими территориями Дальневосточного федерального округа (ДФО). Согласно данным, представленным на сайте Федерального научно-методического Центра по профилактике и борьбе со СПИДом (<http://www.hivrussia.org>), количество лиц, живущих с ВИЧ-инфекцией, на территории Приморского края на 31.12.2014 составляет 7833 человека, а пораженность ВИЧ-инфекцией на 100 тысяч населения составляет 404,1. По этим показателям Приморский край лидирует среди других территорий ДФО.

Феномен формирования вариантов ВИЧ-1, обладающих лекарственной резистентностью, подлежит пристальному вниманию и изучению, особенно в группах пациентов, получающих антиретровирусную терапию (АРВТ) длительное время. Возникновение мутантных штаммов ВИЧ, резистентных к антиретровирусным препаратам, является одной из основных причин неэффективности АРВТ [2]. С другой стороны, нарушения поступления действующего лекарственного вещества в кровотоки в случаях несоблюдения режимов приема препаратов, их дозирования или изменения процессов всасывания или метаболизма препаратов, приводят к тому, что мутантные варианты начинают преобладать в вирусной популяции и в свою очередь обуславливают прогрессирование ВИЧ-инфекции до терминальной стадии.

Большой интерес также представляет характер распространения определенных субтипов ВИЧ-1. В литературе встречаются крайне разрозненные

и противоречивые данные о влиянии инфицирования определенным субтипом вируса на клинические проявления и скорость развития поздних стадий ВИЧ-инфекции. Изучение биологических характеристик циркулирующих и появляющихся новых вариантов ВИЧ-1 представляется крайне актуальным в связи с тем, что генетические варианты ВИЧ могут различаться по своим биологическим свойствам — по скорости эволюции и прогрессирования заболевания, иметь отличия в механизмах развития лекарственной устойчивости и в потенциале для возникновения резистентности, по проявлению ответа на применяемую антиретровирусную терапию, а также иметь преимущества при определенных путях трансмиссии вируса [3]. Среди достоверных исследований в этой области можно указать работы, проведенные в Африке в условиях отсутствия АРВТ. При сравнении частоты перинатальной передачи ВИЧ-1 более «агрессивным» оказался подтип А по сравнению с подтипом D; CRF01\_AE и субтип D быстрее приводили к терминальной стадии ВИЧ-инфекции, чем субтипы А и В [4].

**Целью данного исследования** послужил анализ распространенности генетических вариантов ВИЧ-1 и мутаций резистентности к ингибиторам протеазы (ИП), нуклеозидным и нуклеозидным ингибиторам обратной транскриптазы (НИОТ, ННИОТ) среди ВИЧ-инфицированных пациентов Приморского края.

**Материалы и методы исследования.** Под наблюдением находились пациенты (53 чел.), проживающие на территории Приморского края и наблюдающиеся в краевом Центре по профилактике и борьбе со СПИД и инфекционными заболеваниями в 2013–2014 гг. Возраст пациентов составил  $40,0 \pm 6,5$  лет. Распределение по полу было равноценным: 27 мужчин (50,9%) и 26 женщин (49,1%).

Проводился клинико-лабораторный мониторинг эффективности АРВТ с учетом приверженности к терапии. Стадии ВИЧ-инфекции устанавливались в соответствии с Российской классификацией ВИЧ-инфекции (Покровский В.В. 2001, 2006) [5]. Лабораторные тесты контроля эффективности АРВТ включали иммунологические критерии оценки (CD4+, CD8+) методом проточной цитометрии, определение вирусной нагрузки ВИЧ (ВН) методом полимеразной цепной реакции (Real Time ПЦР). Показаниями к исследованию мутаций резистентности послужили неэффективность проводимого лечения, оцененная по РНК ВИЧ или числу CD4-лимфоцитов в крови.

Для оценки приверженности к лечению все пациенты неоднократно консультированы психотерапев-

том с проведением тестирования согласно Протоколам диспансерного наблюдения и лечения больных с ВИЧ-инфекцией 2013 г [6].

Материалом для проведения молекулярно-генетических исследований послужила плазма крови, взятая в период проведения терапии. Для выделения нуклеиновых кислот, проведения реакции обратной транскрипции (ОТ), ПЦР, реакции циклического секвенирования была использована тест-система ViroSeq «HIV-1 Genotyping System» v 2.0 (Celera Diagnostics, Abbott, США), согласно инструкции производителя. Исследованию был подвергнут ген, кодирующий протеазу ВИЧ (1–99 кодоны) и две трети гена, кодирующего обратную транскриптазу (1–335 кодоны). Очистку продуктов секвенирования проводили с помощью комплекта реагентов BigDye X Terminator Purification Kit (Applied Biosystems, США). Для проведения автоматического определения последовательностей методом капиллярного электрофореза использован генетический анализатор АВ 3500 (Applied Biosystems, США). Анализ полученных хроматограмм секвенсов проводился с использованием компьютерной программы «Sequencing Analysis» v 5.4. Для выявления и анализа мутаций лекарственной резистентности ВИЧ использованы программы «ViroSeq» v 2.8 и «SeqScape» v 2.7. Полученные консенсусные последовательности сравнивались с референсными с помощью базы данных Стенфордского университета, находящейся в свободном доступе (<http://sierra2.stanford.edu/sierra/servlet/JSierra?action=sequenceInput>). Для определения субтипов ВИЧ дополнительно использовалась программа «Comet HIV-1» (<http://comet.retrovirology.lu/>) [7].

**Результаты и их обсуждение.** При анализе амбулаторных карт пациентов было выявлено, что давность установления диагноза ВИЧ-инфекции варьировала от 5 месяцев до 14 лет. Более половины больных было выявлено на поздних стадиях — 4А, 4Б, 4В, что составляло 57%. Большинство пациентов указывали на половой путь заражения (31 чел., 50%), 22 пациента (36%) указали на факт внутривенного употребления наркотиков в течение длительного времени. Шесть пациентов (10%) при сборе данных анамнеза жизни указали на факт периодического пребывания за рубежом в странах Юго-Восточной Азии, однако достоверно установить, произошло ли заражение во время пребывания за границей, не представляется возможным. Остальные пациенты были инфицированы на территории Приморского края.

Длительность проведения АРВТ значительно варьирует от 4 месяцев до 8 лет. Наибольшее коли-

чество обследованных пациентов получали терапию в течение трех лет (рис. 1).

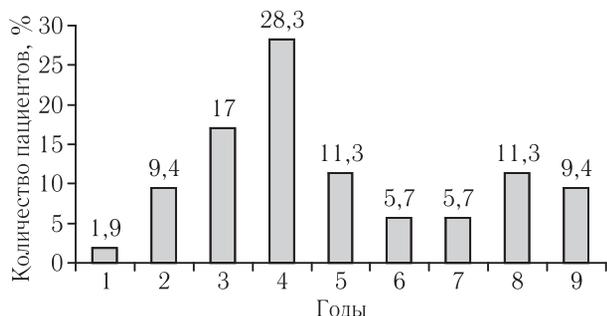


Рис. 1. Распределение пациентов в зависимости от давности проведения АРВТ.

В группу обследования вошли пациенты с различным количеством ранее назначенных схем терапии (рис. 2). Приведенные данные свидетельствуют, что только 7,6% обследованных пациентов было назначено максимальное количество схем АРВТ — пять схем — на протяжении лечения, при этом трое из четырех пациентов этой группы умерли в период наблюдения.

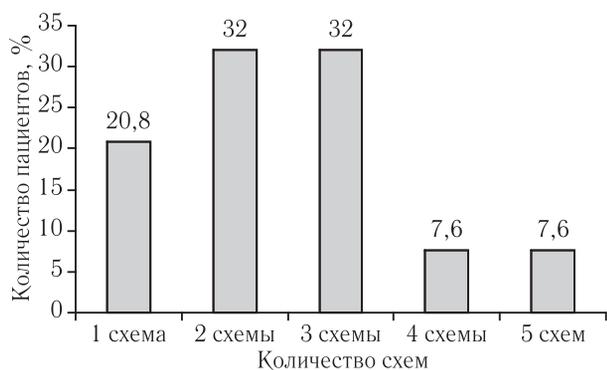


Рис. 2. Распределение по количеству схем АРВТ.

Среди схем ВААРТ первого ряда соотношение назначенных схем, содержащих 2 НИОТ+ННИОТ и 2 НИОТ+ИП, было примерно одинаковым — 53% и 47% соответственно. Среди схем первой группы чаще всего назначалась следующая схема: ламивудин + зидовудин + эфавиренз (82%); среди схем второй группы преобладали ламивудин + зидовудин + лопинавир бустированный (калетра; 67%). При последующих сменах схем ВААРТ предпочтение отдавалось схемам, содержащим бустированные ИП — лопинавир, дарунавир.

При оценке уровня приверженности к проводимой терапии было установлено, что почти у половины больных (31 чел., 58,5%) наблюдалась приверженность низкого уровня, у 15 пациентов (28,3%) — среднего. По результатам тестирования при проведении консультирования психологом только у 3

пациентов уровень приверженности был оценен как 100%, а еще у 2 пациентов — как 95%. На факт самостоятельного прерывания назначенной терапии на различные промежутки времени указали 40 больных (66%). Уровни приверженности терапии оценивались анкетированием пациентов, которым было предложено ответить на вопросы о частоте и полноте приема лекарственных препаратов, наличии перерывов в приеме и соблюдении режимов питания.

Чаще всего пациентам назначалась АРВТ на стадии 4Б — 21 человек (40%). На стадии 4А лечение было назначено 18 больным (34%), на стадии 4В — 14 больным (26%).

Исследование генетических вариантов ВИЧ-1 среди ВИЧ-инфицированных лиц, постоянно проживающих на территории Приморского края, выявило преобладание субтипа В (25 человек, 47%) (рис. 3). Субтипы А и С составляют существенно

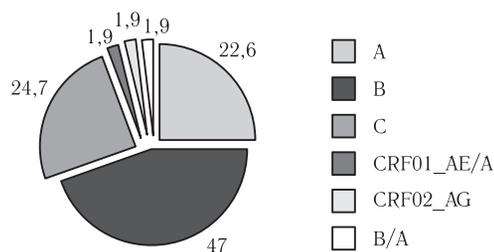


Рис. 3. Распределение субтипов ВИЧ-1 (%).

меньшую долю среди исследованных образцов — 20% и 22% соответственно. Кроме того, было выявлено небольшое количество циркулирующих рекомбинантных форм: CRF01\_AE/A (1 образец), CRF02\_AG (1 образец) и форма В/А (1 образец).

Известно, что CRF 01\_AE распространен в Юго-Восточной Азии и преобладает в Тайланде [8], а вариант ВИЧ-1 CRF02\_AG широко распространен в странах Африки, в Казахстане, а на территории РФ — на Алтае и в Новосибирской области [9]. В целом случаи регистрирования CRF остаются редкими.

Среди пациентов, инфицированных субтипом В, преобладают женщины (15 чел., 60%); мужчины составляют 40% (10 человек). При этом 50% инфицированных этим субтипом были заражены при половых контактах, еще у 50% отмечен факт внутривенного употребления наркотических средств.

Мутации резистентности к ИП выявлены у 37,7% больных (20 человек), при этом только у 5,6% из них (3 человек) отмечены основные мутации резистентности — G48V, M46I, V82F. Среди наиболее часто встречающихся вторичных мутаций к ИП можно выделить A71V, L10I, L33I, L10V. Резистентность высокого уровня была выявлена лишь в одном слу-

чае (1,6%) — к саквинавиру (табл. 1). Резистентность среднего, низкого и потенциально низкого уровней наблюдалась у небольшого процента всех обследованных пациентов. В большинстве случаев резистентность к ингибиторам протеазы не обнару-

Наиболее часто резистентность обуславливали мутации K103N (13%), а также V106M, E138A и Y181C (по 6,6% каждая).

Среди препаратов группы ННИОТ резистентность высокой степени формировалась чаще всего

Таблица 1

Структура резистентности к ингибиторам протеазы

Резистентность	Препарат							
	Атазанавир	Дарунавир	Фосампренавир	Индинавир	Лопинавир	Нелфинавир	Саквинавир	Типранавир
Высокая	0	0	0	0	0	0	1(1,9%)	0
Средняя	2 (3,8%)	0	2 (3,8%)	2 (3,8%)	1 (1,9%)	3 (5,7%)	0	0
Низкая	1 (1,9%)	1 (1,9%)	1 (1,9%)	2 (3,8%)	2 (3,8%)	2 (3,8%)	1 (1,9%)	1 (1,9%)
Потенциально низкого уровня	2 (3,8%)	0	2 (3,8%)	0	1 (1,9%)	4 (7,5%)	0	0
Отсутствие	48 (90,5%)	52 (98,1%)	48 (90,5%)	49 (92,4%)	49 (92,4%)	44 (83%)	51 (96,2%)	52 (98,1%)

живалась. Причиной сохранения чувствительности к препаратам данной группы может являться существующий высокий генетический барьер ингибиторов протеазы, позволяющий нивелировать негативные последствия периодических кратковременных нарушений их приема [4].

Выявлена высокая степень резистентности к препаратам группы НИОТ (табл. 2). Препаратами, к которым сформировались подобные мутации резистентности, в большинстве случаев являлись ламивудин и эмтрицитабин (по 45,3%), в меньшей степени — абакавир (24,5%) и диданозин (20,7%). Резистентность среднего, низкого и потенциально

к эфавирензу (35,8%) и невирапину (37,7%) (табл. 3). Высока доля пациентов, у которых сохранена чувствительность к препаратам этой группы нового поколения — этравирину (73,6%) и рилпивирину (71,7%).

В таблице 4 представлены данные о совокупной встречаемости резистентности ВИЧ-1 у обследованных больных к препаратам трех групп. Наиболее часто обнаруживалась резистентность одновременно к препаратам групп НИОТ и ННИОТ (26,5%). Резистентность к препаратам лишь одной группы встречалась реже: к НИОТ — 5,6%, к ННИОТ — 13,3%. Выявлен лишь один случай развития рези-

Таблица 2

Структура резистентности к нуклеозидным ингибиторам обратной транскриптазы (НИОТ)

Резистентность	Препарат						
	Ламивудин	Эмтрицитабин	Зидовудин	Диданозин	Ставудин	Абакавир	Тенофовир
Высокая	24 (45,3%)	24 (45,3%)	6 (11,3%)	11 (20,7%)	6 (11,3%)	13 (24,5%)	0
Средняя	0	0	2 (3,8%)	3 (5,7%)	0	3 (5,7%)	5 (9,4%)
Низкая	0	0	1 (1,9%)	5 (9,4%)	3 (5,7%)	8 (15,1%)	1 (1,9%)
Потенциально низкого уровня	0	0	0	4 (7,5%)	0	0	2 (3,8%)
Отсутствие	29 (54,7%)	29 (54,7%)	44 (83%)	30 (56,6%)	44 (83%)	29 (54,7%)	45 (84,9%)

низкого уровня к препаратам этой группы встречалась реже — от 0 до 15,1%. При этом наиболее часто регистрировались мутации M184V (39%), L74V (16,3%), а также D67N, K70R и Y115F (по 14,9% каждая). Налицо обратная ситуация, когда при имеющемся низком генетическом барьере ингибиторов обратной транскриптазы очень быстро происходит отбор тех мутаций резистентности, которые приводят в дальнейшем к формированию лекарственной устойчивости при нарушениях режимов приема препаратов.

стентности к препаратам группы ИП. Одновременно резистентность к препаратам трех групп выявлена в 3 случаях (5,6%). Таким образом, более чем у половины пациентов из группы (58,5%) обнаруживалась резистентность к препаратам АРВТ.

**Заключение.** Таким образом, в обследованной группе пациентов выявлено преобладание субтипа В (25 человек, 47%), что совпадает с ранее опубликованными данными [10] и характеризует Приморский край как регион с отличной от иных

территорий РФ картиной распространения генетических вариантов ВИЧ-1. Циркулирующие рекомбинантные формы выявлялись в единичных случаях (CRF01\_AE/A, CRF02\_AG, и форма В/А). Более чем у половины обследованных пациентов (58,5%)

резистентности к препаратам группы НИОТ — ламивудину и эмтрицитабину, в меньшей степени — к абакавиру и диданозину. Среди мутаций, обуславливающих резистентность к этому классу препаратов, наиболее часто встречается мутация M184V.

Таблица 3  
Структура резистентности к нуклеозидным ингибиторам обратной транскриптазы (ННИОТ)

Резистентность	Препарат			
	Эфавиренз	Невирапин	Этравирин	Рилпивирин
Высокая	20 (32,8%)	23 (37,7%)	0	3 (4,9%)
Средняя	3 (4,9%)	1 (1,6%)	7 (11,5%)	7 (11,5%)
Низкая	0	1 (1,6%)	7 (11,5%)	6 (9,8%)
Потенциально низкого уровня	2 (3,3%)	2 (3,3%)	2 (3,3%)	1 (1,6%)
Отсутствие	36 (59%)	34 (55,8%)	45 (73,7%)	44 (72,2%)

Таблица 4  
Структура резистентности к препаратам ИП, НИОТ и ННИОТ

ИП	ИП+НИОТ	ИП+НИОТ+ННИОТ	НИОТ	ННИОТ	НИОТ+ННИОТ	Отсутствие резистентности
1 (1,9%)	3 (5,6%)	3 (5,6%)	3 (5,6%)	7 (13,3%)	14 (26,5%)	22 (41,5%)

обнаруживалась резистентность хотя бы к одному классу препаратов АРВТ. Распространение среди ВИЧ-инфицированных лиц мутаций устойчивости приводит к формированию первичной резистентности у «наивных» пациентов, что может представлять проблему при подборе схем ВААРТ. Одновременно резистентность к препаратам трех групп выявлена в 3 случаях. Вторичные мутации резистентности к ИП выявлены у трети больных, при этом только у 5,6% из них отмечены основные мутации резистентности, приводящие к формированию лекарственной устойчивости. У большей части обследованных пациентов чувствительность к препаратам этого класса сохранена. Выявляется высокая степень

Среди препаратов группы ННИОТ резистентность высокой степени формируется чаще всего к эфавирензу и невирапину (более трети всех обследованных пациентов).

Была обследована лишь небольшая группа получающих терапию пациентов с признаками вирусологической неэффективности проводимого лечения. Работу в данном направлении необходимо продолжать как с целью мониторинга за формированием резистентности ВИЧ-1 и возможного распространения феномена первичной резистентности среди ВИЧ-инфицированных пациентов, так и для изучения особенностей распространения определенных вариантов ВИЧ-1 в регионе.

## ЛИТЕРАТУРА

1. *Онищенко Г.Г.* Выполнение решений «группы восьми» по борьбе с инфекционными болезнями, принятых на саммите в Санкт-Петербурге // Иммунология. — 2010. — № 4. — С. 172–176.
2. *Гашикова Н.М., Богачев В.В., Барышев П.Б., Мещерякова Ю.В., Савочкина Е.Н., Черноусова Н.Я.* Распространенность мутаций, ответственных за резистентность к антиретровирусным препаратам, среди вариантов ВИЧ-1, циркулирующих в Новосибирской области // Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. — 2012. — № 6. — С. 56–60.
3. *Селимова Л.М., Серебровская Л.В., Иванова Л.А., Носик Д.Н.* Показатели CD4+ и CD8+ Т-лимфоцитов пациентов, инфицированных вариантами вируса иммунодефицита человека 1-го типа подтипа А, несущими мутации V77I в протеазе и A62V в обратной транскриптазе // Вопросы вирусологии. — 2010. — № 2. — С. 22–26.
4. *Бобкова М.Р.* Лекарственная устойчивость ВИЧ. — М.: Человек, 2014. — 288 с.
5. *Вирус иммунодефицита человека — медицина.* Под редакцией Беякова Н.А. и Рахмановой А.Г. — СПб.: Балтийский медицинский образовательный центр, 2010. — 752 с.
6. *Покровский В.В., Юрин О.Г., Кравченко А.В., Беляева В.В., Канестри В.Г., Афонина Л.Ю., Ермак Т.Н., Буравцова Е.В., Шахгильдяев В.И., Козырина Н.В., Нарсия Р.С., Зимица В.Н., Покровская А.В., Ефремова О.С.* Протоколы диспансерного наблюдения и лечения больных ВИЧ-инфекцией // Эпидемиология и инфекционные болезни. Актуальные вопросы. — 2013. — № 6. — С. 1–25.

7. Казеннова Е.В., Лаповок И.А., Васильев А.В., Лага В.Ю., Грезина Л.А., Волова Л.Ю., Бобкова М.Р. Проблемы субтипирования ВИЧ-1 на основе анализа гена *pol* и способы их разрешения // ВИЧ-инфекция и иммуносупрессии. — 2010. — №3. — Том 2. — С. 42–48.
8. Tebit D.M., Arts E.J. Tracking a century of global expansion and evolution of HIV to drive understanding and to combat disease // Lancet Infect. Dis. — 2011. — Vol. 11. — P. 45–56.
9. Богачев В.В., Тотменин А.В., Барышев П.Б., Мещерякова Ю.В., Черноусова Н.Я., Гашикова Н.М. Молекулярно-генетическая характеристика вариантов ВИЧ-1 субтипов А и В, выделенных на территории Новосибирской области // Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. — 2012. — № 6. — С. 45–52.
10. Казеннова Е.В., Нешумаев Д.А., Лага В.Ю., Лаповок И.А., Глуценко Н.В., Лебедев А.В., Бобкова М.Р. Молекулярно-эпидемиологическая характеристика эпидемии ВИЧ-инфекции в регионах Сибири и Дальнего Востока России // Сборник трудов VIII Всероссийской научно-практической конференции с международным участием. — М., 2014. — Т. 1. — С. 45–46.

Статья поступила 27.02.2015 г.

Контактная информация: Скляр Лидия Федоровна, e-mail: [lidiya.sklyar@hotmail.com](mailto:lidiya.sklyar@hotmail.com)

**Коллектив авторов:**

*Елисеева Виктория Сергеевна* — аспирант кафедры инфекционных болезней Тихоокеанского государственного медицинского университета Минздрава России, Владивосток, пр-т Острякова, д. 2, e-mail: [vic-eliseeva@mail.ru](mailto:vic-eliseeva@mail.ru);  
*Кругляк Светлана Петровна* — к.м.н., зав. лабораторным отделением ГБУЗ ККБ № 2 Центр по профилактике и борьбе со СПИД и инфекционными заболеваниями, Владивосток, ул. Русская, д. 55, e-mail: [ms.eva2009@mail.ru](mailto:ms.eva2009@mail.ru);  
*Скляр Лидия Федоровна* — д.м.н., профессор кафедры инфекционных болезней Тихоокеанского государственного медицинского университета Минздрава России, Владивосток, Острякова, д. 2, e-mail: [lidiya.sklyar@hotmail.com](mailto:lidiya.sklyar@hotmail.com);  
*Махно Екатерина Савельевна* — врач-лаборант ГБУЗ ККБ № 2 Центр по профилактике и борьбе со СПИД и инфекционными заболеваниями, Владивосток, ул. Русская, 55, e-mail: [Katerina196150@gmail.com](mailto:Katerina196150@gmail.com).

**Уважаемые коллеги!**

**Началась подготовка к проведению Международного конгресса**

**«ВИЧ-инфекция. Вопросы диагностики, лечения, профилактики, прогноза»  
(VII Виноградовские чтения),**

**Мероприятие будет проходить 14–15 октября 2015 года**

**по адресу: Санкт-Петербург, Московский проспект 97А в отеле «Холлидей Инн — Московские Ворота»**

**Президент конгресса:** академик РАН Н.А.Беляков

**Сопредседатели:** профессор М.Р.Бобкова (Москва, Россия), профессор Р.ДиКлементе (Атланта, США),  
д.м.н. В.В.Рассохин (Санкт-Петербург, Россия)

**Ответственный секретарь оргкомитета:** к.м.н. Т.Н.Виноградова

**Основные темы для обсуждения на конгрессе:**

- Эпидемиология и моделирование ВИЧ-инфекции;
- Эволюция и «старение» эпидемии;
- Направления профилактических мероприятий;
- Женщина, ребенок и ВИЧ;
- Сопутствующие заболевания, гепатиты;
- Оппортунистические инфекции;
- ВИЧ и туберкулез;
- Фармакотерапия при ВИЧ-инфекции;
- Группы людей с рискованным поведением (РКС, МСМ, ПИН);
- Психологические вопросы ВИЧ-инфекции;
- Поражение ЦНС;
- Миграционные процессы и ВИЧ;
- Организация службы ВИЧ-медицины;
- Преподавание социально-значимых инфекций;
- Лабораторная диагностика. Генотипирование и молекулярная биология;
- ВИЧ как чрезвычайная ситуация в стране.

**Он-лайн регистрация будет открыта с 15 апреля 2015 года.**

**Подробная информация о мероприятии будет размещена на сайте:** [www.conf-hiv.ru](http://www.conf-hiv.ru), [www.hiv-spb.ru](http://www.hiv-spb.ru).

**Дополнительную информацию о мероприятии можно будет получить по телефону:** 8 (812) 407-83-37.