

**Федеральное бюджетное учреждение науки  
Центральный научно-исследовательский институт Эпидемиологии Роспотребнадзора  
Лаборатория диагностики и молекулярной эпидемиологии ВИЧ-инфекции**

**Российская база данных устойчивости ВИЧ к антиретровирусным препаратам (<https://ruhiv.ru/>).  
Уровень и структура лекарственной устойчивости ВИЧ-1 среди пациентов без опыта АРВТ в Российской Федерации.**

## **ОБЩИЕ СВЕДЕНИЯ**

На 01.12.2022 г. в Российской базе данных устойчивости ВИЧ к антиретровирусным препаратам зарегистрировано 11 учреждений. Общее количество пациентов, для которых загружена хотя бы одна нуклеотидная последовательность ВИЧ-1, составило 10626. На момент забора крови для проведения исследования лекарственной устойчивости ВИЧ-1 5347 пациентов находись на АРВТ, 4948 пациентов не имели опыта приема АРВП, и для 331 пациента опыт АРВТ неизвестен.

№	Наименование учреждения	Количество пациентов			Итого
		На АРВТ	Без опыта АРВТ	Опыт АРВТ неизвестен	
1	ФБУН «Омский НИИ природно-очаговых инфекций» Роспотребнадзора Сибирский федеральный окружной центр по профилактике и борьбе со СПИД	1212	284	52	1548
2	ФБУН Нижегородский НИИ эпидемиологии и микробиологии им. академика И.Н. Блохиной Роспотребнадзора	36	13	33	82
3	ФБУН «Екатеринбургский научно-исследовательский институт вирусных инфекций» Роспотребнадзора	264	1	0	265
4	Красноярский краевой Центр профилактики и борьбы со СПИД	60	2	0	62
5	ГУЗ «Липецкий областной Центр по профилактике и борьбе со СПИД и инфекционными заболеваниями»	32	25	0	57
6	ГБУЗ «Клинический центр профилактики и борьбы со СПИД» Министерства здравоохранения Краснодарского края	8	2	0	10

7	ФБУН Ростовский НИИ Микробиологии и Паразитологии Роспотребнадзора	81	0	94	175
8	ФГБУ НИЦЭМ им. Н. Ф. Гамалеи Минздрава России	1911	1548	85	3544
9	ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора	1698	3036	67	4801
10	ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора	45	37	0	82
11	СПб ГБУЗ «Центр по профилактике и борьбе со СПИД и инфекционными заболеваниями»	0	0	0	0
<b>Общее количество пациентов</b>		<b>5347</b>	<b>4948</b>	<b>331</b>	<b>10626</b>

Общее количество загруженных в Российскую базу данных лекарственной устойчивости ВИЧ к антиретровирусным препаратам нуклеотидных последовательностей составило 13126.

Из них 10564 последовательностей областей гена *pol*, кодирующих протеазу и обратную транскриптазу (*pro-rev*), 923 кодирующих интегразу (*int*), 293 кодирующих протеазу, обратную транскриптазу и интегразу (*pro-rev-int*), 950 кодирующих петлю V3 *gp120* (*env*) и 396 последовательностей полного генома ВИЧ-1 (*full*).

№	Наименование учреждения	Количество последовательностей					Итого
		<i>pro-rev</i>	<i>Int</i>	<i>pro-rev-int</i>	<i>env</i>	<i>full</i>	
1	ФБУН «Омский НИИ природно-очаговых инфекций» Роспотребнадзора Сибирский федеральный окружной центр по профилактике и борьбе со СПИД	1548	0	0	0	0	1548
2	ФБУН Нижегородский НИИ эпидемиологии и микробиологии им. академика И.Н. Блохиной Роспотребнадзора	82	0	0	0	0	82
3	ФБУН «Екатеринбургский научно-исследовательский институт вирусных инфекций» Роспотребнадзора	275	0	0	0	0	275
4	Красноярский краевой Центр профилактики и борьбы со СПИД	62	0	0	0	0	62
5	ГУЗ «Липецкий областной Центр по профилактике и борьбе со СПИД и инфекционными заболеваниями»	57	0	0	0	0	57
6	ГБУЗ «Клинический центр профилактики и борьбы со СПИД» Министерства здравоохранения Краснодарского	10	0	0	0	0	10

края							
7	ФБУН Ростовский НИИ Микробиологии и Паразитологии Роспотребнадзора	175	0	0	0	0	175
8	ФГБУ НИЦЭМ им. Н. Ф. Гамалеи Минздрава России	3544	24	0	93	0	3661
9	ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора	4729	899	293	857	396	7174
10	ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора	82	0	0	0	0	82
11	СПб ГБУЗ «Центр по профилактике и борьбе со СПИД и инфекционными заболеваниями»	0	0	0	0	0	0
<b>Общее количество последовательностей</b>		<b>10564</b>	<b>923</b>	<b>293</b>	<b>950</b>	<b>396</b>	<b>13126</b>

Далее представлен анализ нуклеотидных последовательностей фрагментов гена *pol*, кодирующих протеазу и обратную транскриптазу (в том числе pro-rev, pro-rev-int, full), от пациентов без опыта терапии. Во избежание искажения результатов, в случае нескольких загруженных последовательностей для одного пациента, были использованы нуклеотидные последовательности от наиболее раннего забора крови для проведения анализа на резистентность. В результате оценки контроля качества, который был проведен с использованием инструментов Calibrated Population Resistance Tool (<https://hivdb.stanford.edu/cpr/>) и WHO BCCfE HIVDR QC ([http://pssm.cfenet.ubc.ca/who\\_qc/](http://pssm.cfenet.ubc.ca/who_qc/)), **4481** последовательность была отображена для анализа.

## АНАЛИЗ ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКИХ И КЛИНИЧЕСКИХ ДАННЫХ О ПАЦИЕНТАХ

### Распределение пациентов по полу

Пол	Мужской	Женский	Нет данных
n	2510	1847	124
%	56,0	41,2	2,8

### Распределение пациентов по предполагаемым путям передачи ВИЧ-1

Путь передачи	Парентеральный (инъекционный)	Гетеросексуальный	Гомосексуальный	Половой (без уточнения)	Вертикальный	Обратно вертикальный	Пребывание в нозокомиальном очаге	Нет данных
n	967	1951	306	163	17	1	23	1053
%	21,6	43,5	6,8	3,6	0,4	0,02	0,5	23,5

### Распределение пациентов по году забора крови

Год забора крови	1990	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	Нет данных
n	1	1	7	254	295	50	29	67	253	162	251	409	469	433	681	508	246	245	120	0
%	0,02	0,02	0,2	5,7	6,6	1,1	0,6	1,5	5,6	3,6	5,6	9,1	10,5	9,7	15,2	11,3	5,5	5,5	2,7	0

### Распределение пациентов по году первого положительного иммуноблота (ИБ)

Год ИБ+	1997-1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	Нет данных
n	61	48	79	43	32	46	50	70	361	201	155	125	144	176	183	340	416	495	384	345	337	107	145	78	60
%	1,4	1,1	1,8	1,0	0,7	1,0	1,1	1,6	8,1	4,5	3,5	2,8	3,2	3,9	4,1	7,6	9,3	11,0	8,6	7,7	7,5	2,4	3,2	1,7	1,3

Распределение пациентов по федеральным округам (ФО)

ФО	Центральн ый	Северо- Западный	Южный	Северо- Кавказский	Приволжский	Уральский	Сибирский	Дальнево сточный	Нет данных
n	1661	297	666	18	617	432	353	217	220
%	37,1	6,6	14,9	0,4	13,8	9,6	7,9	4,8	4,9

Распределение генетических вариантов ВИЧ-1 у пациентов по ФО

ФО	Распространенность генетических вариантов в ФО, n (%)						
	A6	CRF63_02A6	B	CRF03_AB	CRF02_AG	G	Другие *
Центральный	1310 (78,9)	129 (7,8)	132 (7,9)	5 (0,3)	37 (2,2)	23 (1,4)	25 (1,5)
Северо-Западный	223 (75,1)	2 (0,7)	26 (8,8)	32 (10,8)	6 (2,0)	2 (0,7)	6 (2,0)
Южный	505 (75,8)	46 (6,9)	81 (12,2)	6 (0,9)	10 (1,5)	13 (2,0)	5 (0,8)
Северо-Кавказский	5 (27,8)	9 (50,0)	3 (16,7)	0	0	1 (5,6)	0
Приволжский	579 (93,8)	4 (0,6)	9 (1,5)	0	6 (1,0)	12 (1,9)	7 (1,1)
Уральский	375 (86,8)	9 (2,1)	13 (3,0)	29 (6,7)	1 (0,2)	0	5 (1,2)

<b>Сибирский</b>	218 (61,8)	127 (36,0)	2 (0,6)	0	5 (1,4)	1 (0,3)	0
<b>Дальневосточный</b>	176 (81,1)	19 (8,8)	13 (6,0)	1 (0,5)	4 (1,8)	2 (0,9)	2 (0,9)
<b>Нет данных</b>	123 (55,9)	69 (31,4)	16 (7,3)	0	1 (0,5)	4 (1,8)	7 (3,2)
<b>Всего</b>	3514 (78,4)	414 (9,2)	295 (6,6)	73 (1,6)	70 (1,6)	58 (1,3)	57 (1,3)

\* генетические варианты вируса, обнаруженные с частотой менее 1% от исследуемой выборки (CRF01\_AE, A1, 19\_cpx, 14\_BG, CRF01\_AE/B, CRF20\_BG, 56\_cpx, C, 11\_cpx, CRF06\_cpx, F1)

Для субтипирования ВИЧ-1 были использованы ресурсы HIVdb (v. 9.1) (<https://hivdb.stanford.edu/>) и REGA HIV-1 Subtyping Tool (v. 3.0) (<http://dbpartners.stanford.edu:8080/RegaSubtyping/stanford-hiv/typingtool/>). Для выявления суб-субтипа А6, а также в случае получения дискордантных результатов между двумя указанными инструментами, нуклеотидные последовательности дополнительно анализировали с помощью ресурса HIV BLAST международной базы данных института Лос-Аламос (<https://www.hiv.lanl.gov>).

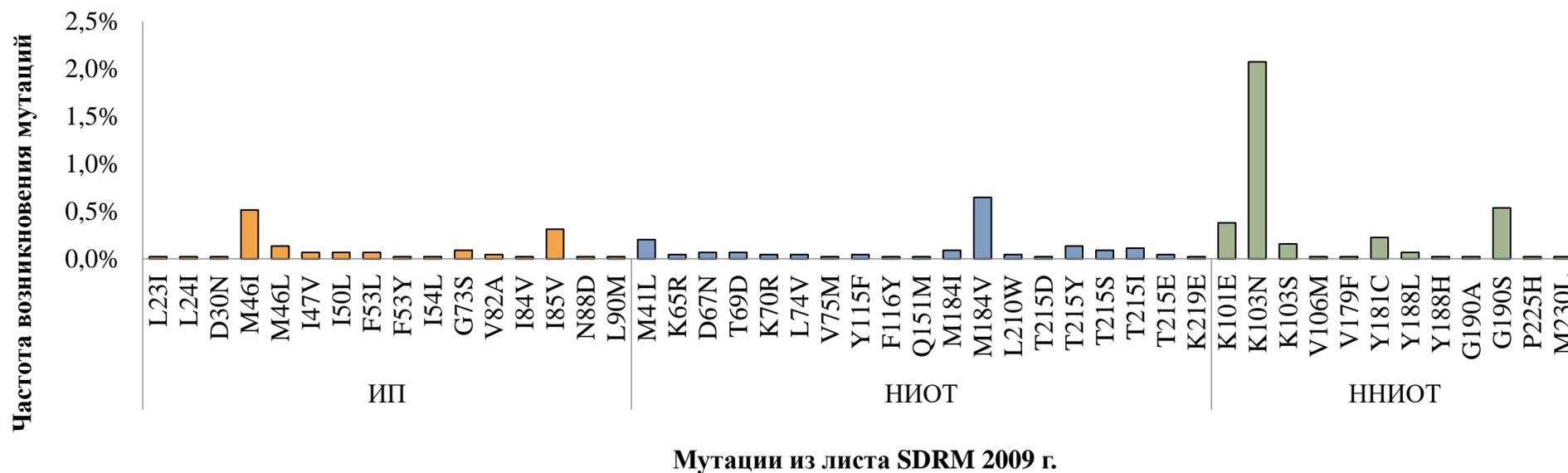
Доминирующим генетическим вариантом был суб-субтип А6, он выявлен у 78,4% пациентов. Вторым по распространенности генетическим вариантом была циркулирующая рекомбинантная форма (CRF) 63\_02А6 (9,2%). У 6,6% ВИЧ-инфицированных был выявлен субтип В. Значительно реже были обнаружены CRF03\_AB (1,6%), CRF02\_AG (1,5%), субтип G (1,3%) и другие генетические варианты (CRF01\_AE, A1, 19\_cpx, 14\_BG, CRF01\_AE/B, CRF20\_BG, 56\_cpx, C, 11\_cpx, CRF06\_cpx, F1) (1,3%).

## РАСПРОСТРАНЕННОСТЬ НАДЗОРНЫХ МУТАЦИЙ ЛУ (SDRM)

Выявление мутаций ЛУ, важных для надзора за резистентностью, осуществлялось согласно списку SDRM (Surveillance drug resistance mutations) 2009 г. с помощью базы данных Стэнфордского университета HIVdb (v. 9.1) (<https://hivdb.stanford.edu/>).

В результате проведенного анализа хотя бы одна надзорная мутация ЛУ была обнаружена у 242 (5,4% (95% ДИ, 4,8%-6,1%)) пациентов.

Наиболее часто встречаемые мутации к ИП: M46I (23; 0,5%), I58V (14; 0,3%); к НИОТ: M184V (29; 0,6%), M41L (9; 0,2%); к ННИОТ: K103N (93; 2,1%), G190S (24; 0,5%), K101E (17; 0,4%), Y181C (10; 0,2%), K103S (7; 0,2%). У основной доли пациентов мутации встречались в единичных случаях. Полный профиль выявленных мутаций ЛУ из списка SDRM 2009 г. у пациентов без опыта АРВТ представлен на Рисунке 1.



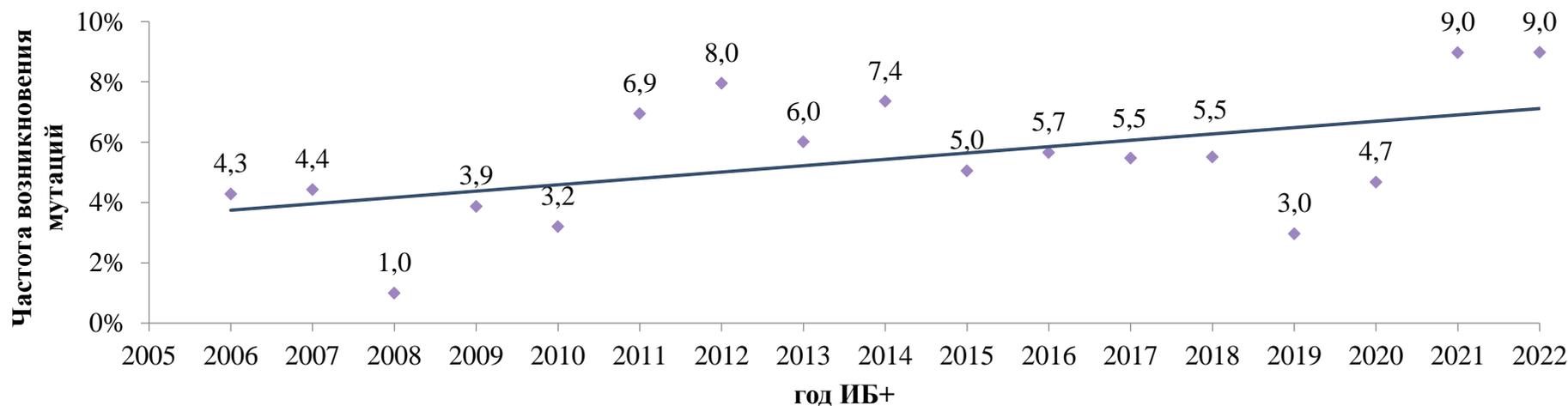
**Рисунок 1.** Профиль выявленных мутаций ЛУ из списка SDRM 2009 г. среди пациентов без опыта АРВТ.

Распределения вариантов вируса с надзорными мутациями по ФО и годам первого положительного результата ИБ представлены в Таблице 1 и на Рисунке 2 соответственно.

**Таблица 1.** Распределение вариантов вируса с надзорными мутациями по ФО.

ФО	Всего пациентов	Пациентов с надзорными мутациями, n	Пациентов с надзорными мутациями, % [95%ДИ]
Центральный	1661	87	5,2 [4,3-6,4]
Северо-Западный	297	19	6,4 [4,1-9,8]
Южный	666	32	4,8 [3,4-6,7]
Северо-Кавказский	18	6	33,3 [16,1-56,4]*
Приволжский	617	20	3,2 [2,1-5,0]
Уральский	432	34	7,9 [5,7-10,8]
Сибирский	353	24	6,8 [4,6-10,0]
Дальневосточный	217	12	5,5 [3,1-9,5]

\* Высокий уровень распространенности объясняется смещенностью выборки, которая включала 6 пациентов (33,3%), для которых были получены нуклеотидные последовательности в ходе расследования внутрибольничного очага, все пациенты которого имели идентичный вирус с надзорной мутацией K103S.



**Рисунок 2.** Распределение вариантов вируса с надзорными мутациями по годам первого положительного результата ИБ (2006-2022 гг.).

## РАСПРОСТРАНЕННОСТЬ ЛЕКАРСТВЕННОЙ УСТОЙЧИВОСТИ ВИЧ-1

Оценка структуры и уровня ЛУ осуществлялась с помощью базы данных Стэнфордского университета HIVdb (v. 9.1) (<https://hivdb.stanford.edu/>) ко всем АРВП и согласно рекомендации ВОЗ по оценке ЛУ у пациентов перед лечением (PDR- Pretreatment drug resistance) к ННИОТ: EFV и NVP, ко всем препаратам НИОТ и к ИП: ATV, DRV и LPV [*Guidelines on the public health response to pretreatment HIV drug resistance, WHO, 2017*]. Потенциально-низкий уровень ЛУ учитывался как чувствительный.

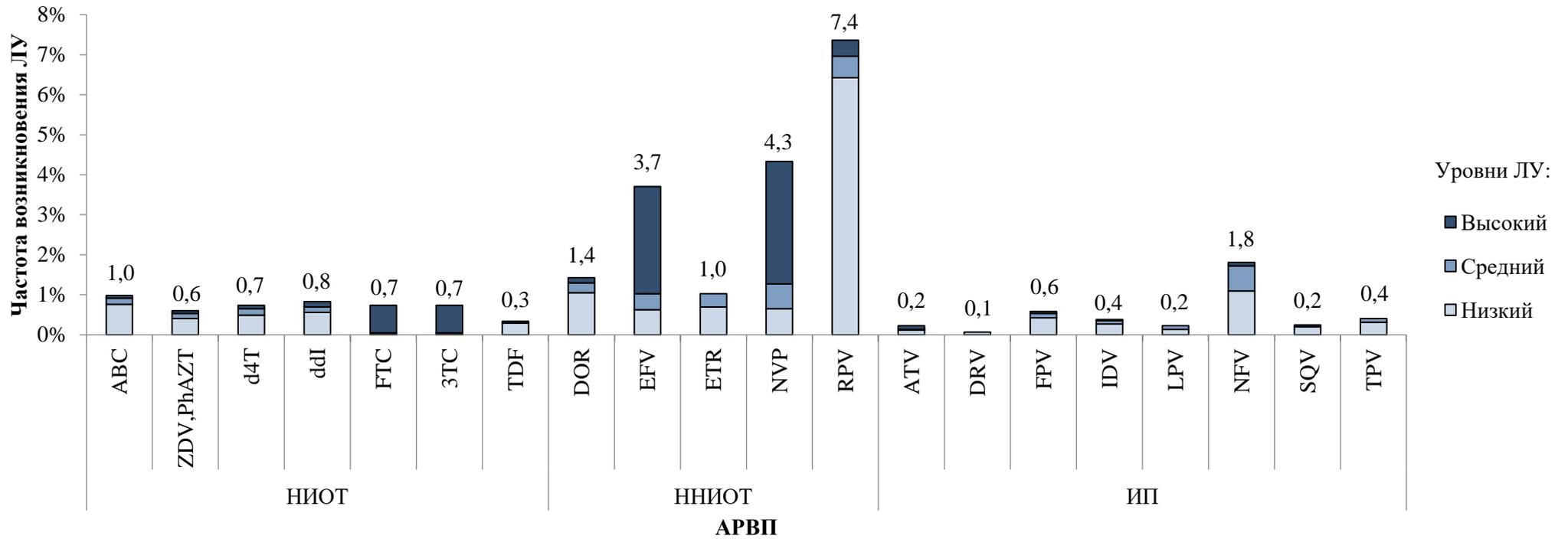
ЛУ хотя бы к одному АРВП была выявлена у 567 (12,7% (95% ДИ, 11,7%-13,7%)) пациентов. Наиболее часто ЛУ была обнаружена к препаратам группы ННИОТ, у 447 (10,0%) пациентов. Реже ЛУ была выявлена к ИП и НИОТ – у 93 (2,1%) и 64 (1,4%) пациентов соответственно.

ЛУ одновременно к двум классам препаратов была обнаружена у 24 (0,5%) пациентов к НИОТ+ННИОТ, у 7 (0,2%) к ИП+ННИОТ и у 4 (0,1%) к ИП+НИОТ. ЛУ одновременно к трем классам АРВП (ИП+НИОТ+ННИОТ) была выявлена у 1 (0,02%) ВИЧ-инфицированного.

Среди класса ННИОТ ЛУ была обнаружена ко всем препаратам (Рисунок 3). Чаще всего к RPV (330; 7,4%), однако преимущественно низкого уровня. Также часто ЛУ была обнаружена к двум другим препаратам класса ННИОТ - NVP (194; 4,3%) и EFV (166; 3,7%), преимущественно высокого уровня.

ЛУ к ИП была обнаружена редко, однако выявлена ко всем препаратам данного класса. ЛУ высокого уровня была обнаружена в единичных случаях. Чаще всего была определена резистентность к NFV (81; 1,8%). К остальным препаратам класса ИП распространенность ЛУ не превышала 1%.

Меньшая частота возникновения резистентности была обнаружена к препаратам класса НИОТ. ЛУ была обнаружена ко всем препаратам данного класса, однако не превышала 1% и была преимущественно низкого уровня. Чаще всего ЛУ была выявлена к ABC у 44 (1,0%) пациентов без опыта приема АРВП.



**Рисунок 3.** Частота возникновения и уровень резистентности к АРВП классов НИОТ, ННИОТ и ИП среди пациентов без опыта терапии

Распределения ЛУ-вариантов вируса по ФО и годам положительного ИБ представлены в Таблице 2 и на Рисунке 4 соответственно

Таблица 2. Распределение вариантов вируса с ЛУ по ФО.

ФО	Всего пациентов	Пациентов с ЛУ, n	Пациентов с ЛУ, % [95%ДИ]
Центральный	1661	202	12,2 [10,7-13,8]
Северо-Западный	297	33	11,1 [8,0-15,2]
Южный	666	78	11,7 [9,5-14,4]
Северо-Кавказский	18	7	38,9 [20,2-61,5]
Приволжский	617	76	12,3 [9,9-15,2]
Уральский	432	64	14,8 [11,8-18,5]
Сибирский	353	48	13,6 [10,4-17,6]
Дальневосточный	217	30	13,8 [9,8-19,1]

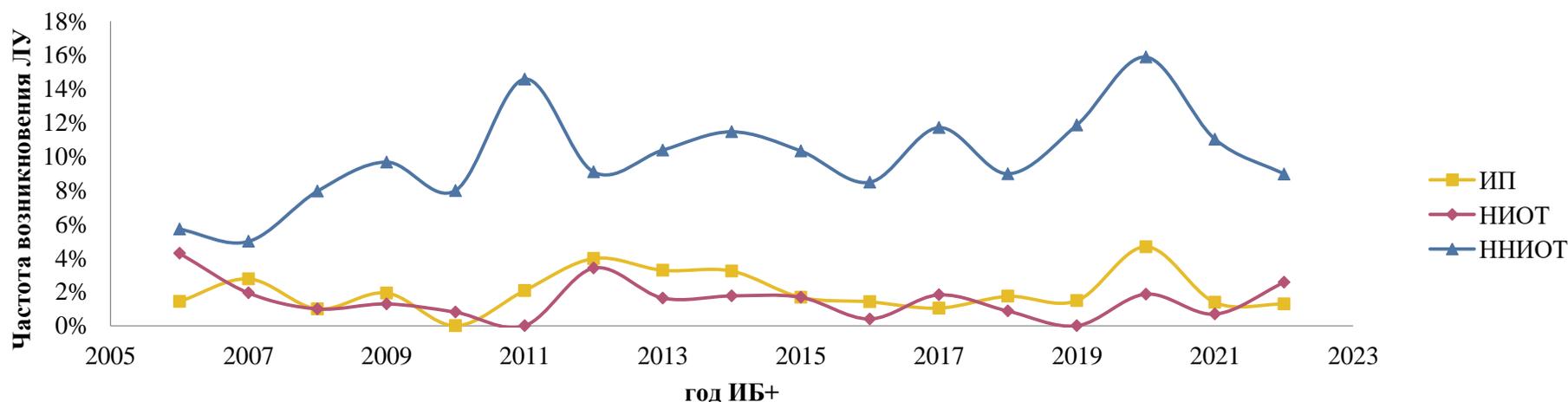


Рисунок 4. Распределение вариантов вируса с ЛУ к различным классам АРВП по годам первого положительного результата ИБ (2006-2022 гг.).

При оценке ЛУ перед лечением (PDR) уровень резистентности был значительно ниже. ЛУ к любому АРВП из перечня была выявлена у 243 (5,4%) пациентов. ЛУ к ИП была обнаружена у 13 (0,3%) пациентов, к ННИОТ у 194 (4,3%) пациентов. Такое различие объясняется тем, что в данном подходе не учитывается ЛУ к препарату класса ИП - NFV и к препарату класса ННИОТ - RPV. Распространенность ЛУ к НИОТ была установлена на том же уровне, поскольку перечень оцениваемых препаратов тот же, что и в первом методе анализа.

## СТРУКТУРА И УРОВЕНЬ ЛЕКАРСТВЕННОЙ УСТОЙЧИВОСТИ ВИЧ-1 К ПРЕПАРАТАМ КЛАССА ИНГИБИТОРЫ ИНТЕГРАЗЫ

Общее количество пациентов, для которых загружена хотя бы одна нуклеотидная последовательность фрагмента гена *pol*, кодирующего интегразу ВИЧ-1 (в том числе *int*, *pro-rev-int*, *full*), составило 1392. На момент забора крови для проведения исследования лекарственной устойчивости ВИЧ-1 494 пациентов находилось на АРВТ, 888 пациентов не имели опыта приема АРВП, и для 10 пациентов опыт АРВТ неизвестен.

№	Наименование учреждения	Количество пациентов			
		На АРВТ	Без опыта АРВТ	Опыт АРВТ неизвестен	Итого
1	ФГБУ НИЦЭМ им. Н. Ф. Гамалеи Минздрава России	12	12	0	24
2	ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора	482	876	10	1358
<b>Общее количество пациентов</b>		<b>494</b>	<b>888</b>	<b>10</b>	<b>1392</b>

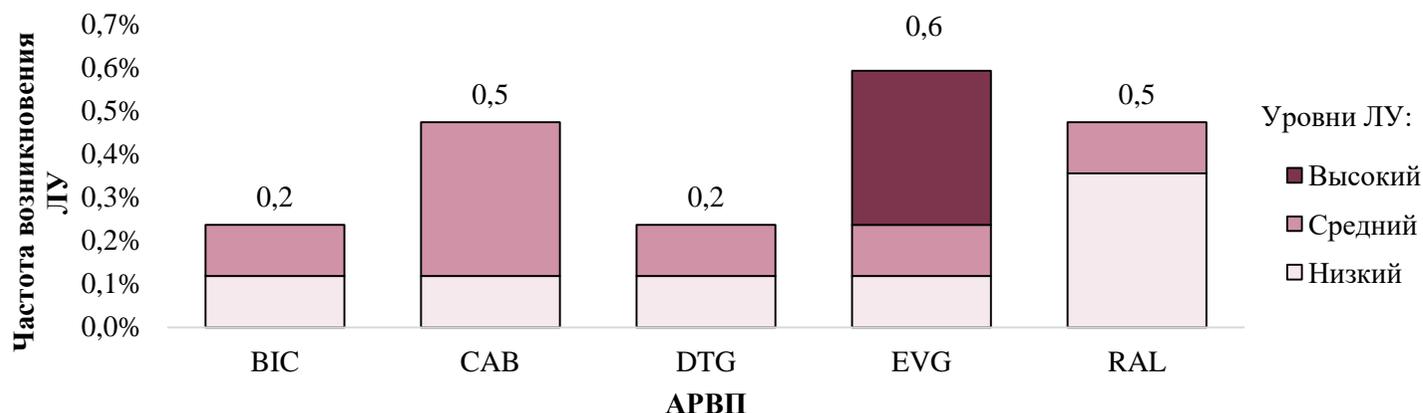
Далее представлен анализ нуклеотидных последовательностей фрагмента гена *pol*, кодирующего интегразу ВИЧ-1, от пациентов без опыта терапии. Во избежание искажения результатов, в случае нескольких загруженных последовательностей для одного пациента, были использованы нуклеотидные последовательности от наиболее раннего забора крови для проведения анализа на резистентность. В результате оценки контроля качества, который был проведен с использованием инструментов Calibrated Population Resistance Tool (<https://hivdb.stanford.edu/cpr/>) и WHO BCCfE HIVDR QC ([http://pssm.cfenet.ubc.ca/who\\_qc/](http://pssm.cfenet.ubc.ca/who_qc/)), **844** последовательности были отобраны для анализа.

Выявление мутаций ЛУ, важных для надзора за резистентностью, осуществлялось согласно списку SDRM (Surveillance drug resistance mutations) 2014 г. с помощью базы данных Стэнфордского университета HIVdb (v. 9.1) (<https://hivdb.stanford.edu/>).

В результате проведенного анализа была обнаружена одна надзорная мутация R263K у 1 пациента (0,2%).

Оценка структуры и уровня ЛУ осуществлялась с помощью базы данных Стэнфордского университета HIVdb (v. 9.1) (<https://hivdb.stanford.edu/>) ко всем АРВП класса ИИ. Потенциально-низкий уровень ЛУ учитывался как чувствительный.

ЛУ хотя бы к одному препарату класса ИИ была обнаружена у 5 (0,6%) пациентов без опыта АРВТ (Рисунок 5).



**Рисунок 5.** Частота возникновения и уровень резистентности к АРВП класса ИИ среди пациентов без опыта терапии.

## ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В настоящий момент в Российскую базу данных устойчивости ВИЧ к антиретровирусным препаратам депонировано 13126 нуклеотидных последовательностей от 10626 ВИЧ-инфицированных пациентов.

В данной справке приведен анализ 4481 нуклеотидных последовательностей фрагментов гена *pol*, кодирующих протеазу и обратную транскриптазу, и 844 нуклеотидных последовательностей фрагмента гена *pol*, кодирующего интегразу ВИЧ-1, которые прошли контроль качества.

Наибольшее количество последовательностей было получено от ВИЧ-инфицированных из Центрального федерального округа (1661; 37,1%). Меньше всего последовательностей было задепонировано от пациентов, проживающих в Северо-Кавказском ФО (18; 0,4%).

В результате субтипирования нуклеотидных последовательностей ВИЧ-1 в большинстве случаев был определен генетический вариант вируса, доминирующий в России и странах постсоветского пространства – суб-субтип А6, он выявлен у 3514 (78,4%) пациентов. Реже были обнаружены CRF63\_02A1 (9,2%), субтип В (6,6%), CRF03\_AB (1,6%), CRF02\_AG (1,5%), субтип G (1,3%) и другие генетические варианты (CRF01\_AE, A1, 19\_cpx, 14\_BG, CRF01\_AE/B, CRF20\_BG, 56\_cpx, C, 11\_cpx, CRF06\_cpx, F1) (1,3%).

В результате анализа последовательностей фрагментов гена *pol*, кодирующих протеазу и обратную транскриптазу вируса, было установлено, что надзорные мутации из списка SDRM 2009 г. у ВИЧ-инфицированных без опыта приема АРВП за весь период наблюдения были выявлены у 5,4% (242/4481) пациентов. Чаще всего мутации были обнаружены к препаратам класса ННИОТ. При оценке распределения вариантов вируса с надзорными мутациями ЛУ по ФО было установлено, что во всех округах распространенность не превышала 10%, за исключением Северо-

Кавказского, в котором надзорные мутации были обнаружены у 33,3% пациентов из-за смещения выборки.

Отмечался рост вариантов вируса с надзорными мутациями. Так, распространенность мутаций увеличилась с 4,3% до 9,0% у пациентов с первыми положительными результатами ИБ в 2006 г. и 2022 г. соответственно.

ЛУ хотя бы к одному АРВП была выявлена у 12,7% пациентов. ЛУ ВИЧ-1 была обнаружена у 10,0% ВИЧ-инфицированных к препаратам группы ННИОТ, у 2,1% к ИП и 1,4% к НИОТ. Мультирезистентность среди пациентов без опыта АРВТ не превышала 0,5%.

Распределение вариантов вируса с ЛУ к различным классам АРВП по годам первого положительного результата ИБ было неравномерным, тенденции не отмечались.

При оценке ЛУ перед лечением (PDR) резистентность была выявлена у 4,3% пациентов к препаратам группы ННИОТ, у 1,4% к НИОТ и 2,1% к ИП. Таким образом, уровень ЛУ у пациентов без опыта АРВТ, не превышал 10%, порог, при котором ВОЗ рекомендует менять схему АРВТ 1 линии. Однако следует принять во внимание, что выборка не соответствует критериям оценки PDR, поскольку не включала пациентов с опытом приема АРВП, что снижает уровень ЛУ ВИЧ-1.

В результате анализа последовательностей фрагмента гена *pol*, кодирующего интегразу ВИЧ-1, от пациентов, не имеющих опыта приема АРВП, надзорные мутации были выявлены у одного (0,2%) пациента. ЛУ хотя бы к одному препарату класса ИИ была обнаружена у 5 (0,6%) ВИЧ-инфицированных.

На фоне широкомасштабного применения АРВП классов ИП, НИОТ и ННИОТ и возрастающего уровня ЛУ к ним, необходимо осуществлять регулярный надзор за уровнем распространения ЛУ ВИЧ-1 к применяемым препаратам среди пациентов без опыта АРВТ в Российской Федерации. Централизованный сбор нуклеотидных последовательностей и последующая оценка ЛУ ВИЧ-1 может способствовать повышению эффективности применения и уменьшению стоимости схем АРВТ и минимизации риска возникновения и дальнейшего распространения ЛУ-вариантов вируса на территории Российской Федерации.

Согласно результатам исследования можно предположить, что в РФ риск возникновения вирусологической неудачи вследствие резистентности вируса к ИИ минимален. Кроме того, данное исследование не указывает на необходимость в оценке ЛУ к препаратам класса ИИ среди пациентов без опыта АРВТ в качестве рутинного тестирования.