

11. Study of hepatitis B (HB) vaccine non-responsiveness among health care workers from an endemic area (Taiwan) / Y.H. Yen, C.H. Chen, J.H. Wang [et al.] // *Liver Int.* — 2005, Dec. — Vol. 25(6). — P. 1162–1168.
12. Survey of the level of anti-HBs antibody titer in vaccinated Iranian general dentists / S.M. Alavian, M Izadi, A.A. Zare [et al.] // *Spec. Care Dentist.* — 2008, Nov-Dec. — Vol. 28(6). — P. 265–270.
13. What level of hepatitis B antibody is protective? / A.D. Jack, A.J. Hall, N. Maine, [et.al.] // *J. Infect. Dis.* — 1999. — Vol. 179. — P. 489–492.
14. Yu A.S. Hepatitis B vaccines / A.S. Yu, R.C. Cheung, E.B. Keeffe // *Clin Liver Dis.* — 2004, May. — Vol. 8(2). — P. 283–300.

ОЦІНКА ЕФЕКТИВНОСТІ ВАКЦИНАЦІЇ МЕДИЧНИХ ПРАЦІВНИКІВ ПРОТИ ГЕПАТИТУ В

В.Ф. Марієвський¹, В.Р. Шагінян¹, А.Л. Гураль¹, Т.А. Сергеева¹, А.Б. Садкова², В.І. Лисецка²

¹ДУ “Інститут епідеміології та інфекційних хвороб ім. Л.В. Громашевського АМН України”, Київ

²Обласна санітарно-епідеміологічна станція, Одеса

У роботі представлені результати вивчення напруженості імунітету у медичних працівників (МП), вакцинованих проти гепатиту В (ГВ). Антитіла в захисних титрах виявлені у 77,27% обстежених. Відсутність антитіл у протективному титрі у щеплених МП не було пов'язане з термінами після вакцинації. Серед МП, які не мали захисного рівня антитіл, з найбільшою частотою зустрічались особи старші 50 лет. Не встановлено залежності між наявністю маркера інфікування вірусом ГВ (анти-НВс) та відсутністю імунної відповіді на вакцину у щеплених.

Ключові слова: гепатит В, вакцинація, медичні працівники, імунна відповідь.

EVALUATION OF HEPATITIS B VACCINATION IN HEALTH CARE WORKERS

V.F. Marievsky¹, V.R. Shaginian¹, A.L. Gural¹, T.A. Sergeyeva¹, A.B. Sadkova², V.I. Lisetskaya²

¹SI “The L.V. Gromashevsky Institute of epidemiology and infectious diseases of NAMS Ukraine”, Kyiv

²Regional sanitary epidemiology station, Odesa

The results of the study of the immunity in health care workers (HCW) who were vaccinated against hepatitis B (HB) are presents. Antibodies in protective titers were detected in 77.27% of the HCW. The absence of antibodies in protective titers in vaccinated HCW was not associated with time since vaccination. Among HCW do not have protective antibody levels, with the greatest frequency met a person over 50 years. Not established the relationship between the presence of the marker of HB-infection (anti-HBc) and absence of immune response to the vaccine in the vaccinated HCW.

Key words: hepatitis B, vaccination, health care workers, the immune response.

Рецензент: к. мед. н. І.Л. Маричев

УДК 616.931:575.2–576.16

С.И. Доан¹, А.И. Савчук², Е.А. Гладкая³, Е.И. Мотыка⁴, Ж.Н. Манина⁴, В.Р. Гайдей⁴

RAPD-АНАЛИЗ В ИЗУЧЕНИИ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ГЕТЕРОГЕННОСТИ CORYNEBACTERIUM DIPHTHERIAE

¹ГУ “Институт эпидемиологии и инфекционных болезней им. Л.В. Громашевского НАМН Украины”

²Одесский государственный медицинский университет

³Львовский научно-исследовательский институт эпидемиологии и гигиены МЗ Украины

⁴Харьковская медицинская академия последипломного образования

Методом полимеразной цепной реакции с универсальным праймером № 45 (RAPD-ПЦР) изучен генетический полиморфизм 76 культур *Corynebacterium diphtheriae*, выделенных в разных регионах Украины в период 1998–2009 гг. Установлено, что исследуемые культуры

принадлежали к 5 генетически обособленным типам, частота встречаемости которых составила 68,4%, 6,6%, 11,8%, 5,3%, 2,6% соответственно. Ещё 5,3% культур биоваров *mitis* и *belfanti* принадлежали к генетически обособленным атипичным амплификатам.

Ключевые слова: *Corynebacterium diphtheriae*, RAPD-ПЦР, генетический полиморфизм.

© С.И. Доан, А.И. Савчук, Е.А. Гладкая, Е.И. Мотыка, Ж.Н. Манина, В.Р. Гайдей

Одной из задач микробиологического мониторинга как важной составляющей системы эпидемиологического надзора за дифтерийной инфекцией является изучение структуры популяции *C. diphtheriae* в динамике эпидемического процесса с целью раскрытия механизмов формирования и распространения эпидемических штаммов возбудителя, а также его сохранения в межэпидемический период [2, 7]. Современные молекулярно-генетические методы внутривидового типирования микроорганизмов (мультилокусный энзимный электрофорез, риботипирование, пульс-электрофорез, RAPD-анализ, SSCP-типирование) позволяют выявлять эпидемически значимые штаммы и наблюдать за их распространением [6].

RAPD-анализ (random amplification of polymorphic DNA PCR), или ПЦР с универсальными праймерами основывается на использовании праймеров с произвольной последовательностью нуклеотидов. По наборам продуктов реакции — RAPD-спектрам, — представляющим собой фрагменты ДНК разной длины, можно регистрировать различия между геномами близкородственных микроорганизмов [8].

Использование RAPD-анализа в изучении геномного полиморфизма *C. diphtheriae* показало его высокую информативность, простоту выполнения и надежность при анализе эпидемических вспышек. Это может быть использовано для выявления источника инфекции и своевременного проведения противоэпидемических мероприятий [9, 11, 12]. Для оценки риска индигенного формирования эпидемического варианта *C. diphtheriae* особый интерес представляет изучение культур, циркулирующих в Украине в межэпидемический период.

Цель работы: изучение геномного полиморфизма культур *C. diphtheriae* методом RAPD-анализа, которые были выделены в разных регионах Украины в период снижения заболеваемости дифтерией.

Материалы и методы

Исследовано 76 культур *C. diphtheriae*, выделенных в разных регионах Украины (табл.). В качестве контроля использовались эталонный штамм NCTC 10648 *gravis* tox+ и производственный штамм PW-8.

Пробы для ПЦР готовили следующим образом. Одну колонию суточной чистой культуры исследуемого микроорганизма снимали с агар стерильной петлей и помещали в пластиковую пробирку емкостью 1,5 мл, заполненную 50° этиловым спиртом. Крышку пробирки закрывали и многократным встряхиванием тщательно суспензировали имеющуюся в пробирке колонию. Таким образом, достигалась гибель микроорганизмов и возможность последующей работы с культурой без соблюдения специальных мер предосторожности. Приготовленный таким способом материал сохранялся до 1 недели при комнатной температуре или 6 месяцев — при температуре минус 12°C [1]. В дальнейшем для выделения хромосомной ДНК использовался коммерческий набор “ДНК-экспресс” фирмы “Литех” (Россия). В работе использовался олигонуклеотидный праймер № 45 (5'-GGATCCA-AAACGACGGCCAGT-3') [4].

ПЦР проводилась с использованием методики по Saiki et al. [10] в объеме 25 мкл на программируемом амплификаторе “Терцик” (“ДНК-технология”, Россия). Реакционная смесь имела следующий состав: 10 mM Tris HCl (pH 8,3), 10 mM KCl, 1,5 mM Mg₄Cl₂, 0,2 mM dNTP, 1ед Tag-полимеразы (“Ампли Сенс”, Россия), 30 пмоль праймера, 10 мкл ДНК. После начальной денатурации 92°C 3 мин проводили 35 циклов ПЦР при следующих условиях: 92°C — 50 с, 5°C — 60 с, 70°C — 60 с, завершающий синтез в течение 3 мин. при температуре 70°C. Анализ ПЦР-продуктов проводили в 2% агарозном геле, окрашенном 1% раствором бромистого этидия с последующим просмотром в

Таблица. Территориальное распределение, количества исследованных культур *C. diphtheriae*, выделенных от больных дифтерией и бактерионосителей за период в 1998–2009 гг.

№ п/п	Регион	Исследованные культуры <i>C. diphtheriae</i>			
		Всего	<i>gravis</i>	<i>mitis</i>	<i>belfanti</i>
1.	Западный (Львовская обл.)	42	14	27	1
2.	Восточный (Харьковская обл.)	22	15	6	1
3.	Южный (Одесская и Николаевская обл.)	12	3	9	—
	Всего	76	32	42	2

проходящем ультрафиолетовом свете трансиллюминатора. Для оценки молекулярной массы продуктов амплификации использовался маркер молекулярного веса фирмы "Bio-line" (США). Степень сходства между профилями ампликонов оценивали по формуле:

$$2 N_{xy} / (N_x + N_y),$$

где N_{xy} — число совпадающих полос на спектрах обоих образцов; N_x и N_y — общее число фрагментов образцов x и y [5].

Культуры относились к одному генотипу при уровне гомологии геномов 70–100%.

Результаты и их обсуждение

Среди культур варианта *gravis* можно выделить 2 профиля RAPD-спектров: с наличием высокомолекулярных фрагментов массой 1600 п.н. и 1400 п.н. (рис. 1, дорожки № 2 — 9) и без этих фрагментов. В пределах первого ПЦР-типа степень подобия RAPD-спектров колебалась от 73,7% до 100%, в пределах второго — от 71,4% до 77,0%. При сравнении, между собой RAPD-спектров разных типов степень сходства составила 48,3 %, что свидетельствует о их значительном генетическом отличии. Идентичность RAPD-спектров отмечалась у нескольких культур (рис. 1, дорожки № 4–9), выделенных на территории Харьковской области в 2006 г., что указывает на единый источник распространения.

Профиль коллекционного штамма *C. diphtheriae* NCTC 10648 вариант *gravis* tox+ состоял из фрагментов размером 1600, 1400, 1000, 900, 700, 600 и 250 п.н. (рис. 2, дорожка 1). При сравнении отмечалось определенное генетическое родство с профилями культур первого типа (75,5% подобия) и низкая степень родства с профилями культур второго типа (35,5%).

Культуры варианта *mitis* отличались большей генетической гетерогенностью, причем изменения

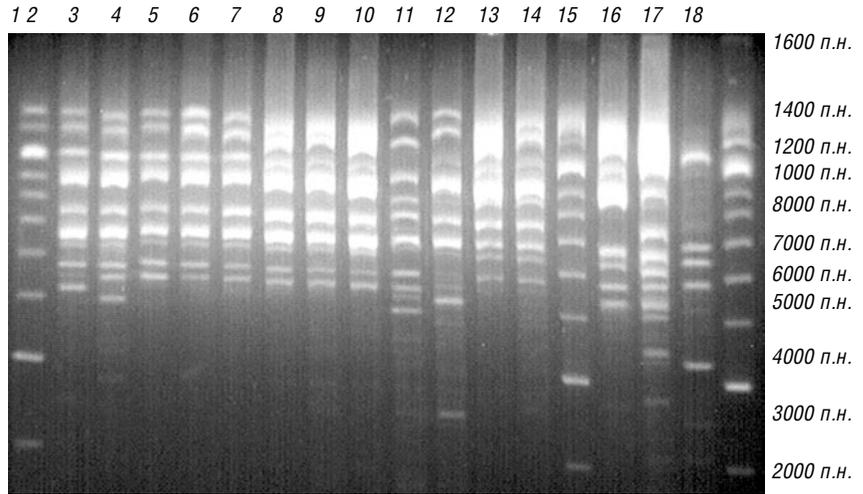


Рис. 1. Амплификационные профили ДНК культур *C. diphtheriae* вариантов *gravis*, *mitis*, *belfanti*: дорожки 1, 14, 18 — маркер молекулярного веса; дорожки 2–13 — профили культур *C. diphtheriae* варианта *gravis*; дорожки 15–16 — профили культур *C. diphtheriae* варианта *mitis*; дорожка 18 — профиль культуры *C. diphtheriae* варианта *belfanti*

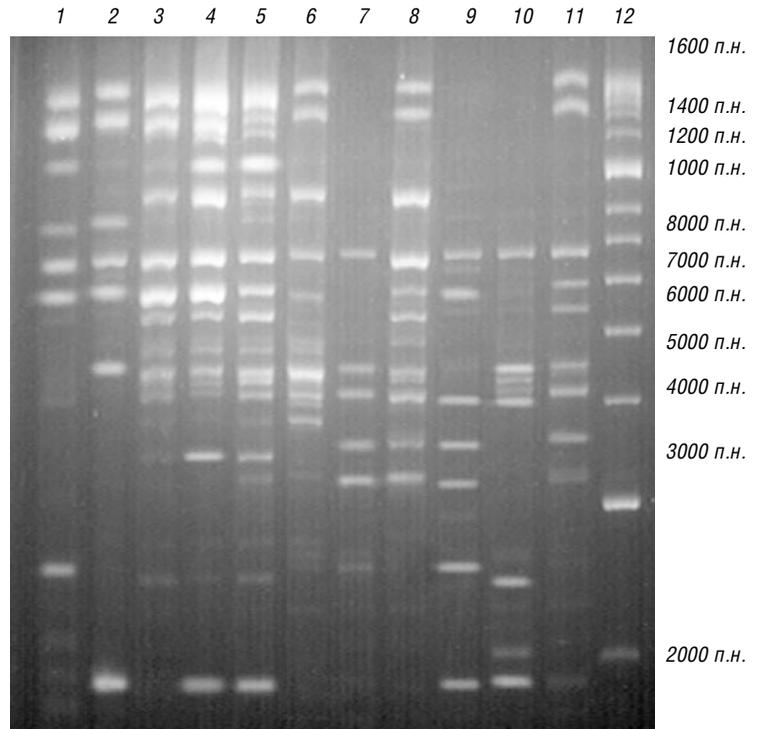


Рис. 2. Амплификационные профили ДНК культур *C. diphtheriae* вариантов *gravis*, *mitis*: дорожка 1 — профиль эталонного штамма *C. diphtheriae* NCTC 10648 вариант *gravis* токсигенный; дорожки 2–5 — профили культур *C. diphtheriae* варианта *gravis*; дорожки 6–11 — профили культур *C. diphtheriae* варианта *mitis*; дорожка 12 — маркер молекулярного веса

локализовались преимущественно в низкомолекулярной части спектра, в сравнении с профилями варианта *gravis*. Так, наличие низкомолекулярных ампликонов отмечалось у 90% культур варианта *mitis* и у 45,5% культур варианта *gravis* (рис. 3).

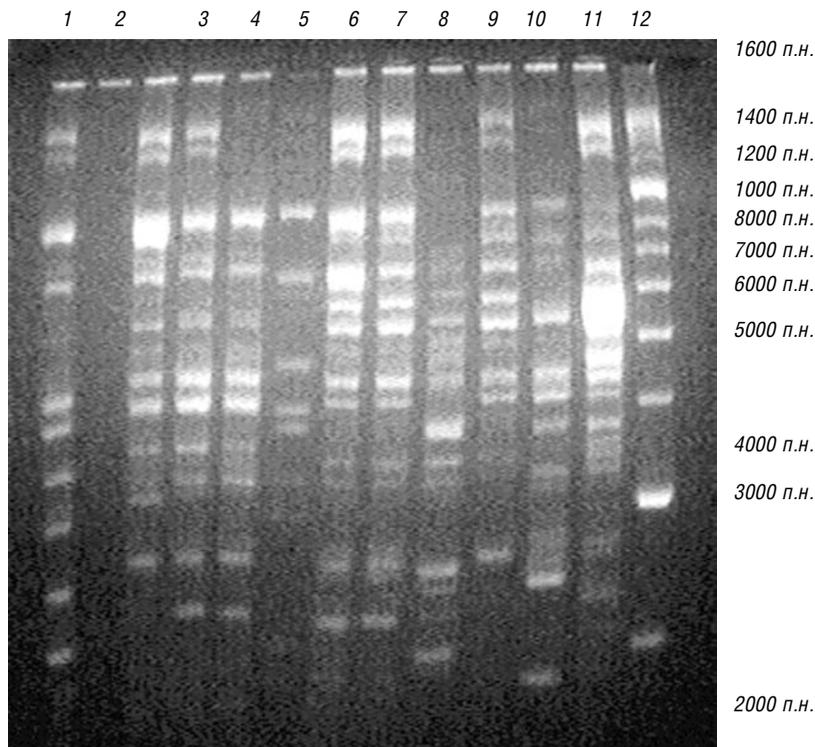


Рис. 3. Амплификационные профили ДНК культур *C. diphtheriae* вариантов *mitis* и *belfanti*: дорожки 1–7, 9–11 — профили культур *C. diphtheriae* варианта *mitis*; дорожка 8 — профиль культуры *C. diphtheriae* вариант *belfanti*; дорожка 12 — маркер молекулярного веса

RAPD-спектры культур биовара *mitis*, так же, как и описанные ранее спектры биовара *gravis*, можно было разделить на 2 варианта: с высокомолекулярными ампликонами 1600 п.н. и 1400 п.н. и без них. Среди культур с высокомолекулярными фрагментами степень подобия составила 78,0–100%. При сравнении со спектрами культур варианта *gravis*, степень подобия составила — 84,2%, что позволило говорить о их генетическом родстве и объединить культуры с высокомолекулярными фрагментами в RAPD-спектре в единый тип.

Таким образом, первый ПЦР-тип охватывал 68,4% изученных культур, независимо от биовара (78,1% культур варианта *gravis* и 64,3% культур варианта *mitis*). Он характеризовался наличием в спектре высокомолекулярных фрагментов массой 1600 п.н. и 1400 п.н., а также единичными низкомолекулярными фрагментами (меньше 400 п.н.). При сравнении культур варианта *gravis*, которые составили второй тип, с культурами варианта *mitis* степень подобия составила $\approx 56,8\%$, что позволило говорить об их генетическом отличии и выделить в отдельный тип со спектром 900, 600, 450, 400 и 350 п.н. Удельный вес культур второго генотипа

составил 6,6% всех изученных культур (12,5% культур варианта *gravis*). Следует отметить, что культуры второго генотипа были выделены преимущественно в западном регионе и не выделялись на юге.

При сравнении RAPD-спектров культур варианта *mitis*, у которых отсутствовали фрагменты 1600 п.н. и 1400 п.н., показали достаточно высокую степень соответствия $\approx 82,3\%$ (рис. 3, дорожки № 4, 10). При сравнении этих профилей со спектрами культур первого и второго генотипов, степень подобия составила $\approx 54,1\%$ и $57,9\%$ соответственно. Это позволило выделить третий генотип, включавший культуры варианта *mitis* со спектром ампликонов 900, 700, 550, 450, 400, 350, 300, 250 и 200 п.н. Общее количество культур третьего генотипа составило 21,4% среди культур варианта *mitis* и 11,8% среди всех изученных культур.

Ещё 10 культур по характеру профилей ампликонов не относились ни к одному из 3 основных генотипов. Из них 2 культуры относились к варианту *gravis*, 6 — к варианту *mitis* и 2 — к варианту *belfanti*. В RAPD-спектрах атипичных изолятов варианта *gravis* и 2 изолятов варианта *mitis* отмечались фрагменты молекулярной массой 1200 п.н. и 1000 п.н., а также отсутствие низкомолекулярных фрагментов (меньше 400 п.н.) (рис. 4). При сравнении профилей этих культур между собой степень подобия составила от 71,0% до 93,3%, а при сравнении с другими генотипами степень подобия колебалась: $\approx 66,7\%$ — первый тип; $\approx 58\%$ — второй тип и $\approx 63,2\%$ — третий тип. Это позволило говорить о генетической обособленности этих культур и выделить их в отдельный четвертый генотип. Удельный вес культур четвертого генотипа составила 5,3% от общего числа исследований и они были выделены на территории Харьковской области в 2006 г. (1 культура) и 2009 г. (3 культуры).

Анализ атипичных изолятов варианта *mitis* выявил генетическое родство у 2 из них: степень подобия составила 80,0%. При сравнении RAPD-

спектров этих культур с генотипами, выделенными ранее, степень подобия колебалась и составила $\approx 14,2\%$ — первый тип, $\approx 40,0\%$ — второй тип, $\approx 66,7\%$ — третий тип, $\approx 50,0\%$ — четвертый тип. Таким образом, эти культуры были отнесены к отдельному пятому генотипу (см. рис. 2, дорожка № 7). Ещё у 2 изолятов варианта *mitis* при сравнении между собой степень подобия составила $50,0\%$, с вариантом *belfanti* $\approx 40,0\%$, а с уже проанализированными профилями — менее $50,0\%$. Сравнение культур варианта *belfanti* между собой, а также с другими культурами выявило относительно низкую степень подобия — менее $40,0\%$. То есть, эти культуры представляли генетически обособленные изоляты и составляли $5,3\%$ всех изученных культур.

Выводы

На территории Украины в межэпидемическом периоде циркулируют генетически разнородные изоляты *C. diphtheriae*. Использование RAPD-анализа позволило условно выделить 5 генотипов, в пределах которых наблюдалось достаточно высокое сходство амплификационных профилей ДНК. Первый генотип охватывал $68,4\%$ всех изученных культур биоваров *gravis* и *mitis*. Отличительной особенностью этого генотипа было присутствие в

RAPD-спектрах высокомолекулярных фрагментов 1600 п.н. и 1400 п.н. Культуры второго и третьего генотипов составляли $6,6\%$ и $11,8\%$ всех исследованных образцов. Второй генотип составляли культуры варианта *gravis*, а третий — варианта *mitis*. Четвертый генотип характеризовался наличием в RAPD-спектрах фрагментов молекулярной массой 1200 п.н. и 1000 п.н. и включал культуры вариантов как *gravis*, так и *mitis*. Этот генотип составил $5,3\%$ всех исследованных образцов. Пятый генотип составлял $2,6\%$ всех изученных образцов и состоял из культур варианта *mitis*. Еще 4 культуры принадлежали к генетически обособленным “атипичным” амплификатам.

Следует отметить генетическую неоднородность культур, которые циркулируют на территории Украины в межэпидемическом периоде. Так первый и третий генотипы выделялись во всех регионах, второй — преимущественно в западном регионе, четвертый — в восточном. Это еще раз подтверждает разнообразие культур, циркулировавших на разных территориях при разной интенсивности эпидемического процесса [3, 4].

Перспектива дальнейших исследований предусматривает изучение культур, циркулировавших в разных регионах Украины во время последней эпидемии.

ЛИТЕРАТУРА

1. Бажора Ю.И. Молекулярно-генетические и биофизические методы исследования в медицине / Ю.И. Бажора, В.И. Кресюн, В.Н. Запорожан [и др.] — К.: Здоров'я, 1996. — 207 с.
2. Колодкина В.Л. Изменения в популяции *Corynebacterium diphtheriae* на этапе снижения заболеваемости в Беларуси / В.Л. Колодкина, Т.П. Шарапа, Л.П. Титов [и др.] // Здравоохранение. — 2004. — № 10. — С. 18–20.
3. Комбарова С.Ю. Микробиологический и молекулярно-генетический мониторинг возбудителя дифтерийной инфекции: Автореф. дис. на соиск. уч. степ. докт. мед. наук. — 2007. — 36 с.
4. Мокроусов И.В. Генетическое типирование штаммов *Corynebacterium diphtheriae* методом полимеразной цепной реакции с универсальными праймерами / И.В. Мокроусов, О.В. Нарвская, Г.Я. Ценева // Журн. микробиологии. — 1996. — № 5. — С. 73–75.
5. Потапов С.Г. Молекулярно-генетическое маркирование геномов представителей рода *Rhodopus* / С.Г. Потапов, В.А. Васильев, О.П. Самарина, А.П. Рысков // Генетика. — 1994. — Т. 30, № 5. — С. 615–621.
6. Роль и место молекулярно-генетических методов в эпидемиологическом анализе внутрибольничных инфекций / И.А. Шагинян // Клин. микробиол. и антимикробн. химиотер. — 2000. — Т. 2, № 3. — С. 82–95.
7. Харсеева Г.Г. Изменения в популяции *Corynebacterium diphtheriae*, циркулирующих в г. Ростов-на-Дону и Ростовской области в межэпидемический период / Г.Г. Харсеева, Е.П. Москаленко, А.Л. Трухачев [и др.] // Журн. микробиол. — 2006. — № 6. — С. 6–9.
8. De Zoysa A.S. PCR typing of *Corynebacterium diphtheriae* by random amplification of polymorphic DNA / A.S. De Zoysa, A. Efstratiou // J. Med. Microbiol. — 1999. — Vol. 48, № 4. — P. 335–340.
9. Nakao H. Use of random amplified polymorphic DNA for rapid molecular subtyping of *Corynebacterium diphtheriae* / H. Nakao, T. Popovic // J. Clin. Microbiol. — 1998. — Vol. 30 (3) — P. 167–172.
10. Saiki R.K. Primer-detected enzymatic amplification of DNA with a thermostable DNA polymerase / R.K. Saiki, D.N. Gelfand, S. Stoffel [et al.] // Science. — 1988. — Vol. 239. — P. 487–491.
11. Sulakvelidze A. Diphtheria in the Republic of Georgia: use of molecular typing techniques for characterization of *Corynebacterium diphtheriae* strains / A. Sulakvelidze, M. Kekelidze, T. Gomelauri // J. Clin. Microbiol. — 1999. — Vol. 37. — P. 3265–3270.
12. Use of random amplified polymorphic DNA for rapid molecular subtyping of *Corynebacterium diphtheriae* / S. Kombarova, K. Chung, V. Melnikov [et al.] // Emerging Infectious Diseases. — 2001. — Vol. 7, № 1. — P. 133–136.

RAPD-АНАЛІЗ У ВИВЧЕННІ ГЕНЕТИЧНОЇ ГЕТЕРОГЕННОСТІ CORYNEBACTERIUM DIPHTHERIAEС.І. Доан¹, А.І. Савчук², О.А. Гладка³, О.І. Мотика⁴, Ж.М. Маніна⁴, В.Р. Гайдей⁴¹ДУ "Інститут епідеміології та інфекційних хвороб ім. Л.В. Громашевського НАМН України"²Одеський державний медичний університет³Львівський науково-дослідний інститут епідеміології та гігієни МОЗ України⁴Харківська медична академія післядипломної освіти

Проведено молекулярно-генетичне типування полімеразною ланцюговою реакцією з універсальним праймером № 45 (RAPD-ПЛР) 76 культур *C. diphtheriae*, які були виділені в різних регіонах України протягом 1998–2009 рр. від хворих на дифтерію та бактеріоносіїв. Встановлено, що досліджувані культури належали до 5 генетично відокремлених типів, питома вага яких складала 68,4%, 6,6%, 11,8%, 5,3% та 2,6% відповідно. Ще 5,3% культур біоварів *mitis* та *belfanti* належали до генетично відокремлених атипичних ампліфікатів.

Ключові слова: *Corynebacterium diphtheriae*, ПЛР, універсальні праймери.

RAPD-PCR IN INVESTIGATION OF CORYNEBACTERIUM DIPHTHERIAE STRAINS GENETIC HETEROGENEITYS.I. Doan¹, A.I. Sauchuk², O.A. Gladka³, O.I. Motyka⁴, G.N. Manina⁴, V.R. Gaidei⁴¹SI "Institute of Epidemiology and Infectious Diseases. L. Gromashevsky NAMN Ukraine"²Odessa State Medical university³Lviv Research Institute of Epidemiology and Hygiene Health Ukraine⁴Kharkiv Medical Academy of Postgraduate osvity

Genetic polymorphism of 76 bacterial cultures of *Corynebacterium diphtheriae* was conducted by polymerase chain reaction with arbitrary primers (random amplification of polymorphic DNA PCR). The bacterial cultures were isolated from different regions of Ukraine in 1998–2009. It was determined that these cultures belong to 5 genetic isolated types, which was found with frequency 68,4%, 6,6%, 11,8%, 5,3% and 2,6% accordingly, still 5,3% of all bacterial cultures belonged to genetic isolated "atypical" amplifcats, which accordingly to *mitis* and *belfanti*.

Key words: *Corynebacterium diphtheriae*, random amplification of polymorphic DNA PCR.

Рецензент: д. мед. н. С.Л. Рибалко

УДК [616.36–002:616.98]- 085.281

В.О. Коршенко, Т.С. Кириченко

ДОСЛІДЖЕННЯ ЕФЕКТИВНОСТІ ТА БЕЗПЕЧНОСТІ ПРОТИВІРУСНОГО ЛІКУВАННЯ ХРОНІЧНОГО ГЕПАТИТУ С У ВІЛ-ІНФІКОВАНИХ ПАЦІЄНТІВ

Полтавський обласний Центр профілактики ВІЛ-інфекції та боротьби зі СНІД

Представлені результати лікування хронічного гепатиту С (ХГС) у ВІЛ-інфікованих пацієнтів, які отримують антиретровірусну терапію препаратами AZT/3ТС EFV у порівнянні з результатами лікування хворих на ХГС. Стійка вірусологічна відповідь на специфічну терапію ХГС була досягнута у 83,3% ВІЛ-інфікованих пацієнтів, та 72,4% хворих на ХГС без ВІЛ-інфекції. У ВІЛ-інфікованих осіб, хворих на ГС, частіше реєструвались такі побічні ефекти, як депресія, схуднення, м'язовий біль,

кашель, анемія, лейкопенія, що потребує індивідуальних підходів до їх лікування.

Ключові слова: хронічний гепатит С, противірусне лікування, ВІЛ-інфекція, АРТ.

Поширеність вірусних гепатитів, перш за все гепатиту С (ГС) серед людей, що живуть з ВІЛ (ЛЖВ) у Європейському регіоні, за оцінками ВОЗ, становить 40–90%. Серед всіх ВІЛ-інфікованих осіб у Європі, Австралії, США, як мінімум один з чотирьох інфікований вірусом ГС (ВГС) [9].

© В.О. Коршенко, Т.С. Кириченко