

# 深圳地区1992—2008年HIV-1 分子流行病学研究

赵广录 于微 张娟娟 陈琳 冯铁建 王峰 洪福昌 王晓辉 李青

**【摘要】** 目的 了解1992—2008年深圳地区HIV-1亚型的流行特点。方法 抽取1992—2008年深圳地区HIV确认阳性患者血清489份,应用巢式PCR扩增膜蛋白基因(*env*基因),并对PCR产物进行序列测定和分析。结果 共有464份样本获得分型结果,主要为CRF01\_AE亚型(64.4%,299/464),其次是CRF\_BC(17.5%,81/464)、B'(14.7%,68/464)和B亚型(2.4%,11/464),还发现C(0.4%,2/464)、A1(0.2%,1/464)、CRF02\_AG(0.2%,1/464)和CRF06\_cpx(0.2%,1/464)亚型/重组亚型。CRF01\_AE和CRF\_BC主要流行于异性性传播、同性性传播和静脉吸毒人群,B'亚型主要经异性、同性性传播和血液传播。另外经系统进化分析发现,不同时间段的样本出现明显的时间汇聚现象,并伴随传播途径的聚集以及交叉感染现象;各亚型/重组株样本组内及与标准参考株间的基因离散率随着时间的增加有明显增大趋势。结论 CRF01\_AE重组株是深圳地区HIV-1的主要流行株,CRF\_BC、B、B'、C、A1和CRF02\_AG、CRF06\_cpx亚型/重组亚型也在深圳地区少量流行,各亚型在流行过程中发生较大变异。

**【关键词】** 艾滋病病毒-1;分子流行病学

**Study on the molecular-epidemiological characteristics of HIV-1 in Shenzhen, 1992 — 2008**  
ZHAO Guang-lu<sup>1</sup>, YU Wei<sup>1,2</sup>, ZHANG Juan-juan<sup>1</sup>, CHEN Lin<sup>3</sup>, FENG Tie-jian<sup>1</sup>, WANG Feng<sup>1</sup>, HONG Fu-chang<sup>1</sup>, WANG Xiao-hui<sup>3</sup>, LI Qing<sup>1</sup>. 1 Shenzhen Center for Chronic Disease Control, Shenzhen 518020, China; 2 College of Life Science, Shenzhen University; 3 Shenzhen Center for Disease Control and Prevention

Corresponding author: FENG Tie-jian, Email: tiejian.feng@gmail.com

This work was supported by a grant from the Major Program Fund of Bureau of Health of Shenzhen (No. 200901021).

**【Abstract】 Objective** To investigate the epidemiological characteristics of HIV-1 subtype in Shenzhen from 1992 to 2008. **Methods** 489 HIV-1 positive plasma samples were collected from 1992 to 2008 in Shenzhen. HIV-1 *env* genes were amplified by nested-PCR from RNA. Phylogenetic analysis was performed on data regarding the nucleotide sequence. **Results** A total of 464 sequences were amplified and genotyped. Data from this study revealed that CRF01\_AE was a predominant HIV-1 subtype in Shenzhen (64.4%, 299/464), followed by subtypes CRF\_BC (17.5%, 81/464), B' (14.7%, 68/464) and B (2.4%, 11/464). Subtype C (0.4%, 2/464), A1 (0.2%, 1/464), CRF02\_AG (0.2%, 1/464) and CRF06\_cpx (0.2%, 1/464) were also prevalent in Shenzhen. CRF01\_AE and CRF\_BC were predominant among heterosexuals, homosexuals and injection drug users, while B' was predominant among blood donors. Results from phylogenetic tree analysis showed that some of the HIV-1 clusters had been defined in CRF01\_AE strains at different time or groups with different transmission routes. Cross-infections were also seen. **Conclusion** CRF01\_AE was the predominant HIV-1 subtype in Shenzhen while CRF\_BC, B, B', C, A1, CRF02\_AG and a small amount of CRF06\_cpx or recombinant subtypes were prevalent in this city. Different subtypes showed great variation in the process of epidemics.

**【Key words】** Human immunodeficiency virus-1; Molecular epidemiology

HIV可分为HIV-1和HIV-2两个亚型,为了解深圳地区HIV-1各亚型毒株流行状况、在不同人群

中的分布及进化趋势,对1992—2008年深圳地区发现的HIV-1阳性样本进行分子流行病学研究。

DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2012.01.019

作者单位:518020 深圳市慢性病防治中心(赵广录、于微、张娟娟、冯铁建、王峰、洪福昌、李青);深圳大学生命科学院(于微);深圳市疾病预防控制中心(陈琳、王晓辉)

通信作者:冯铁建, Email: tiejian.feng@gmail.com

## 对象与方法

1. 对象及样本:按照单纯随机抽样的方法,从1992—2008年深圳地区HIV-1阳性样本库中抽取

489例感染者血浆样本[样本均经初筛实验(硒标、PA或ELISA)和Western Blot确认为HIV-1抗体阳性],对样本进行流行病学个案调查,防止同一感染者的样本重复出现。根据1992—2008年深圳地区各年份流行状况和流行趋势,分为1992—1999、2000—2005、2006—2008年3个阶段进行分析。

2. 病毒RNA提取:使用QIAamp Viral RNA extraction Mini Kit(德国Qiagen公司),按说明书提取RNA,巢式PCR扩增蛋白基因(*env*基因)片段,扩增引物及条件参见文献[1]。

3. PCR产物鉴定和序列测定:PCR产物经2.0%的琼脂糖凝胶电泳鉴定无误后,取1 μl作为模板,用美国ABI公司荧光标记末端终止物循环测序试剂盒进行测序反应,反应产物经ABI PRISM®3130xl测序仪进行序列测定。

4. 进化树分析:序列测定后(除去引物段序列)与HIV-1参考株进行比对,判断亚型结果。用Mega 4.0软件的Clustal W工具编辑、校正序列,然后将序列与国际标准参考序列进行比对和同源性分析,用Pileup、Pretty和Clustal等软件进行排列和比较、Mega 4.0软件绘制系统进化树、双参数计算法计算基因离散率。

### 结 果

1. HIV-1各亚型在不同人群中的分布:489例HIV-1阳性样本中,共有464例成功获得亚型,其中男性317例(67.89%),女性147例(32.11);共发现CRF01\_AE(64.4%, 299/464)、CRF07\_BC(13.4%, 62/464)、CRF08\_BC(4.1%, 19/464)、B'(14.7%, 68/464)、B(2.4%, 11/464)、C(0.4%, 2/464)、A1(0.2%, 1/464)、CRF02\_AG(0.2%, 1/464)和CRF06\_cpx(0.2%, 1/464)9个亚型/重组株(表1)。

表1 1992—2008年深圳地区HIV-1亚型不同传播途径分布

亚型/ 重组株	传播途径					合计
	异性	同性	静脉吸毒	血液	不详	
CRF01_AE	137(45.8)	46(15.4)	106(35.5)	3(1.0)	7(2.3)	299
CRF07_BC	14(22.6)	12(19.4)	35(56.5)	0	1(1.6)	62
CRF08_BC	8(42.1)	4(21.1)	5(26.3)	1(5.3)	1(5.3)	19
B'	27(39.7)	21(30.9)	6(8.8)	11(16.2)	3(4.4)	68
B	7(63.6)	4(34.6)	0	0	0	11
C	2(100.0)	0	0	0	0	2
A1	1(100.0)	0	0	0	0	1
CRF02_AG	1(100.0)	0	0	0	0	1
CRF06_cpx	1(100.0)	0	0	0	0	1
合计	198(42.7)	87(18.8)	152(32.8)	15(3.2)	12(2.6)	464

注:括号外数据为例数,括号内数据为构成比(%)

3个时间段的比较分析显示,1992—1999年,CRF01\_AE重组株主要经异性性传播,CRF07\_BC重组株主要经静脉吸毒途径传播,B'亚型主要经血液传播;2000—2005年,CRF01\_AE在静脉吸毒人群中传播的比例超过异性性传播,成为这一人群中的主要传播亚型,CRF07\_BC主要经吸毒传播,B'主要经异性性传播;2006—2008年,CRF01\_AE和CRF07\_BC的3个主要传播方式为异性性传播、同性性传播和静脉吸毒传播,B'主要经异性及同性性传播,并且在此时期亚型/重组型的多样性有所增加,除1992—2005年检测到的5种亚型外,还检测到C、A1、CRF02\_AG和CRF06\_cpx 4种亚型/重组株(表2)。

### 2. HIV-1 *env*基因区的系统进化树分析:

(1)HIV-1 CRF01\_AE重组株:不同时间段的样本有较明显的时间聚集现象,尤其是2006—2008年感染人群样本,形成2个簇,簇I包含12例样本(2006—2008 AE簇I),其中8例经同性性传播感染,4例经异性性传播感染,组内离散率为(8.929±3.823)%;簇II(2006—2008 AE簇II)由31例样本组成,其中18例为同性性传播,11例异性性传播,1例吸毒传播,1例传播途径不详,组内离散率为(8.546±4.120)%;另有一主要由2006—2008年样本组成的簇III(2006—2008 AE簇III),包含13例2006—2008年时间段样本和2例2000—2005年感染人群样本,5例经异性性传播感染,10例经吸毒感染,表现出异性性传播和吸毒人群的交叉传播现象,组内离散率为(6.472±2.207)%;2000—2005年感染人群样本也形成1个较为聚集的簇IV(2000—2005 AE簇IV),由18例2000—2005年样本和9例2006—2008年样本组成,组内离散率为(2.997±2.562)%,该组样本有22例(81.5%)经吸毒途径感染,5例经异性性传播感染,表现出明显的传播途径聚集现象。在2006—2008 AE簇II中包含1个Bootstrap值为85%的同性性传播人群聚集簇(AE MSM簇),共14例样本,其中11例(78.6%)经同性性传播感染,组内离散率为(3.605±1.917)%。另有一吸毒途径感染样本的聚集簇(AE IDU簇),共27例,22例(81.5%)经吸毒途径感染,5例经异性性传播感染,组内离散率为(2.997±2.562)%,该组样本有18例2000—2005年样本和9例2006—2008年样本,同时表现出较明显的年份聚集性。除此之外,另有几个表现出交叉传播特征的簇(AE交叉感染簇I、II、III、IV),见图1。

(2)HIV-1 CRF\_BC重组株:CRF\_BC重组株同样存在时间聚集和感染方式聚集的现象。16例

表2 1992—2008年深圳地区HIV-1亚型在各时间段的分布

时间 (年)	亚型/重组株	传播途径					合计
		异性	同性	静脉吸毒	血液	不详	
1992—1999	CRF01_AE	11(55.0)	1(5.0)	4(20.0)	1(5.0)	3(15.0)	20
	CRF07_BC	0	0	4(100.0)	0	0	4
	B'	3(25.0)	0	3(25.0)	6(50.0)	0	12
	B	1(100.0)	0	0	0	0	1
	合计	15(40.5)	1(2.7)	11(29.7)	7(18.9)	3(8.1)	37
2000—2005	CRF01_AE	34(43.6)	0	40(51.3)	2(2.6)	2(2.6)	78
	CRF07_BC	1(6.7)	0	14(93.3)	0	0	15
	CRF08_BC	0	0	3(100.0)	0	0	3
	B'	7(46.7)	2(13.3)	1(6.7)	3(20.0)	2(13.3)	15
	B	1(50.0)	1(50.0)	0	0	0	2
合计	43(38.1)	3(2.7)	58(51.3)	5(4.4)	4(3.5)	113	
2006—2008	CRF01_AE	92(45.8)	45(22.4)	62(30.8)	0	2(2.1)	201
	CRF07_BC	13(30.2)	12(27.9)	17(39.5)	0	1(2.3)	43
	CRF08_BC	8(50.0)	4(25.0)	2(12.5)	1(6.3)	1(6.3)	16
	B'	17(41.5)	19(46.3)	2(4.9)	2(4.9)	1(2.4)	41
	B	5(62.5)	3(37.5)	0	0	0	8
	C	2(100.0)	0	0	0	0	2
	A1	1(100.0)	0	0	0	0	1
	CRF02_AG	1(100.0)	0	0	0	0	1
	CRF06_cpx	1(100.0)	0	0	0	0	1
	合计	140(44.6)	83(26.4)	83(26.4)	3(1.0)	5(1.6)	314

注:同表1

2006—2008年的样本组成1个Bootstrap值达到99%的聚集簇(2006—2008 BC簇),同时也是1个传播方式聚集簇,其中14例为同性性传播,2例为异性性传播,组内离散率为(4.463±2.727)%。另外有2个吸毒传播聚集簇(BC IDU I, II),簇I的12例样本均经吸毒方式感染,主要为2005年前的样本;簇II主要为2006—2008年样本,包括7例吸毒传播的样本和1例异性性传播样本,组内离散率分别为(5.696±2.822)%和(8.732±2.004)%。3个簇均与07\_BC.CN.97.CN54有较近的亲缘关系,与其离散率分别为(7.619±2.209)%、(3.575±2.509)%和(6.150±1.292)%,见图2。

(3)HIV-1 B'亚型:6例1992—1999年样本组成1个聚集簇(1992—1999 B'簇),其中4例为吸毒传播,异性性传播和血液传播各1例,组内离散率仅为(0.273±0.215)%,与中国B.CN.RL42标准株的亲缘关系较近,基因离散率为(3.700±0.245)%。另外10例2006—2008年的样本组成1个Bootstrap值达到99%的聚集簇(2006—2008 B'簇),其中9例为同性性传播,1例为异性性传播,组内离散率为(5.887±2.362)%,见图3。

3. 不同时间段各亚型基因离散率进化分析:比较

3个时间段CRF01\_AE、CRF\_BC重组株和B'亚型基因离散率,结果显示,随着时间推移,3个时间段的组内基因离散率逐渐增大。另外将3个时间段各重组株和亚型的样本分别与相应的标准株序列比较,计算基因离散率,发现深圳地区CRF01\_AE重组株整体上与01\_AE.TH.90.CM240参考株有较近的亲缘关系,CRF\_BC重组株整体上与07\_BC.CN.97.CN54亲缘关系较近,B'亚型与B.CN.RL42参考株亲缘关系较近,且与各参考株的离散率均随着时间的增加而增大,具体离散率数据见表3~5。

### 讨 论

1992—2008年深圳地区HIV-1感染者中CRF01\_AE、CRF07\_BC重组株,B'和B亚型毒株的比例与广东省的流行状况基本一致<sup>[2]</sup>。总体上,1992—2008年深圳地区主要流行HIV-1 CRF01\_AE重组株,其次是B'亚型和CRF07\_BC重组株。与广东省HIV-1感染者人群中流行毒株以重组株

表3 1992—2008年深圳地区HIV-1 CRF01\_AE重组株与参考株基因离散率(%、 $\bar{x} \pm s$ )

参 考 株	1992—1999	2000—2005	2006—2008
01_AE.CF.1990.90CF11697(中非,1990年)	9.460±2.558	10.664±5.041	13.436±2.460
01_AE.CN.1997.97CNGX_11F(中国广西,1997年)	9.267±3.106	10.056±5.057	11.270±2.544
01_AE.HK.2004.HK001(中国香港,2004年)	14.020±2.961	15.436±5.444	14.917±2.165
01_AE.TH.90.CM240(泰国,1990年)	4.267±3.352	7.666±5.073	9.181±2.355
合 计	8.783±4.717	11.054±7.141	13.218±4.080

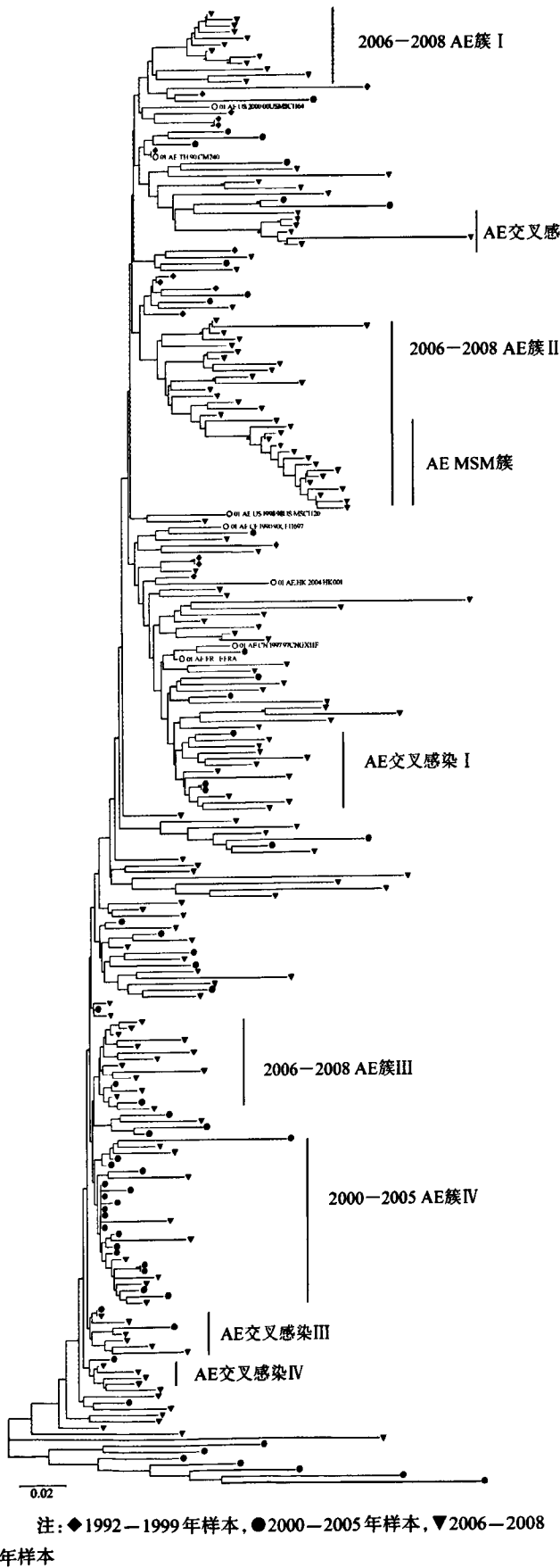
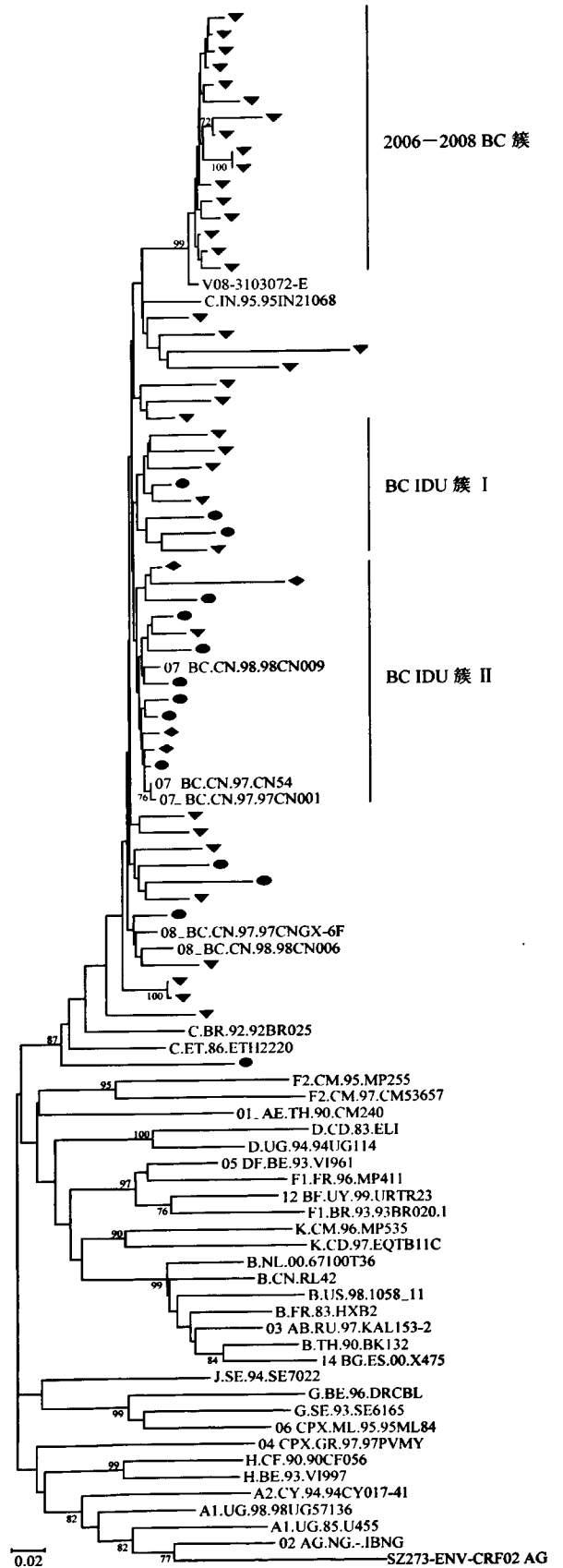
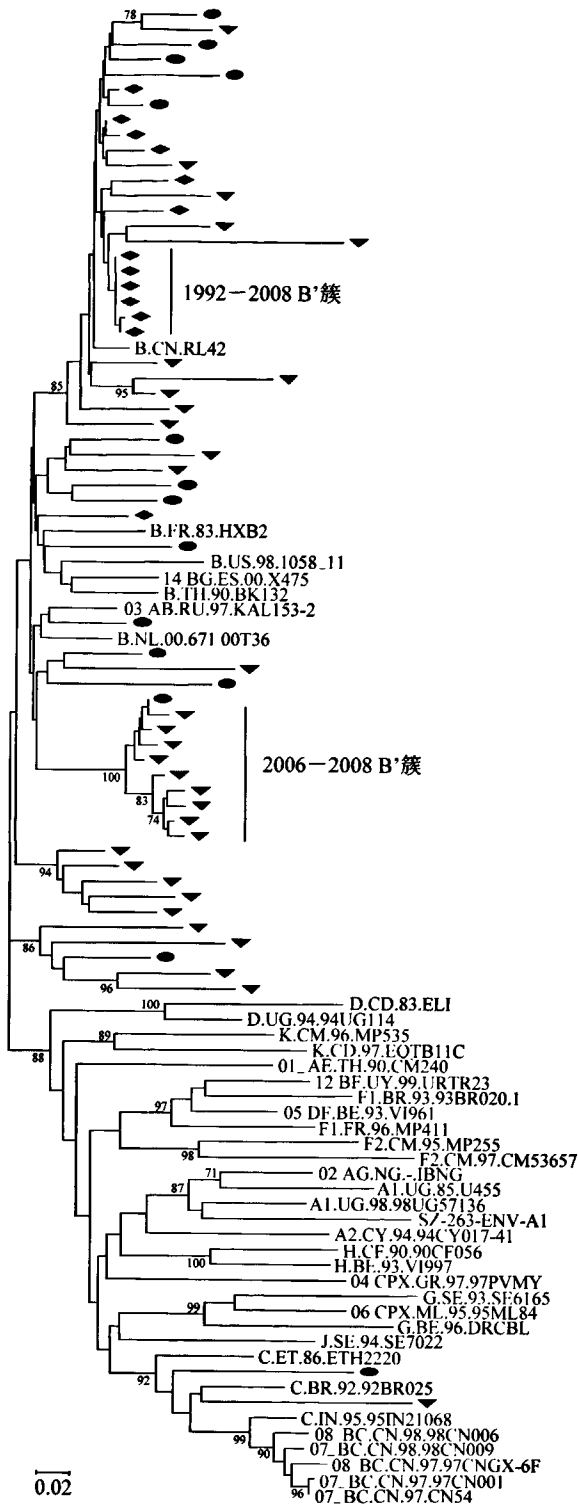


图 1 1992-2008 年深圳地区 HIV-1 CRF01\_AE 重组株 *env* 基因系统树



注: 同图 1

图 2 1992-2008 年深圳地区 HIV-1 CRF\_BC 重组株 *env* 基因系统树



注:同图1

图3 1992—2008年深圳地区HIV-1 B'亚型毒株env基因系统树

CRF01\_AE、CRF\_BC和B'亚型为主的结论相符<sup>[3]</sup>。  
 3个时间段CRF01\_AE重组株的比例与广东省<sup>[3]</sup>及云南省西双版纳州的流行状况基本一致,低于海南省<sup>[4]</sup>;高于香港特别行政区、北京市、河北省、云南

省、浙江省<sup>[5-9]</sup>。2006—2008年,CRF01\_AE在异性性传播、同性性传播和吸毒人群中所占比例分别为65.7%、54.2%和74.7%,表明CRF01\_AE重组株已经成为深圳地区各主要感染人群中的优势株。此外,CRF01\_AE重组株同时也广泛流行于吸毒人群中,这可能与吸毒人群中的高危性行为 and 性传播感染人群中的吸毒行为有关。同时,从系统进化树分析来看,1992—1999年CRF01\_AE重组株样本分布较散,2000—2005年样本出现1个聚集簇,2006—2008年样本则形成2个完全由该时间区段内的样本组成的簇,说明在深圳地区,2000年前CRF01\_AE的流行较为分散,未出现暴发传播的现象,处于一种低流行阶段;2000—2005年出现较为明显的时间汇聚现象,聚集簇的出现,表明在该时间段CRF01\_AE重组株可能出现暴发式传播现象,处于一种低流行向高流行的过渡阶段;2006—2008年CRF01\_AE重组株成簇特征更为明显,呈现一定的暴发趋势,表明此阶段CRF01\_AE处于一种高流行态势。

CRF\_BC重组株在3个时间段感染人群中所占比例基本保持稳定。1992—2005年发现的22例CRF\_BC重组株中有21例为吸毒传播,2006年起该重组株开始广泛流行于性传播人群中,吸毒人群和性传播人群之间的交叉传播是造成这一现象的主要原因。系统进化分析发现,吸毒途径聚集簇I由62.5%的1992—2005年样本组成,吸毒途径聚集簇II和同性性传播聚集簇则完全由2006—2008年样本组成。同性性传播聚集簇包含14例经同性性传播样本,占CRF\_BC重组株中所有经同性性传播感染者的87.5%。结合表2数据可发现,2006—2008年,经同性性传播感染成为该重组株又一主要传播途径,并且由系统树和离散率可以看出,同性性传播聚集簇的组内亲缘关系较近,表明此时期CRF\_BC重组株在同性恋人群中传播迅速。

B'亚型早期为我国中原地区献血人员中的主要流行株<sup>[10]</sup>,1992—1999年B'亚型在深圳地区HIV-1感染人群中所占比例较高,2000年后下降并保持稳定。推测2000年前,大批的中原地区青壮年来到深圳地区务工,将主要在中原地区流行的B'亚型毒株带入深圳并在此期间发病,导致1992—1999年较高的B'亚型流行率。2000年后B'亚型经血液传播的比例明显减低,但由于人群间的交叉传播使性传播人群中感染B'亚型的比例上升,使其仍有一定程度的流行。B'亚型系统树中,1992—1999年样本组成1个组内离散率仅为(0.273±0.215)%时间聚

表4 1992—2008年深圳地区HIV-1 CRF07\_BC/CRF08\_BC重组株与参考株基因离散率(%,  $\bar{x} \pm s$ )

基因	1992—1999	2000—2005	2006—2008
08_BC.CN.97.97CNGX-6F(中国广西, 1997年)	5.725±4.580	5.973±2.146	8.225±5.423
08_BC.CN.98.98CN006(中国, 1998年)	5.275±3.259	6.655±1.903	8.360±5.258
07_BC.CN.97.CN54(中国, 1997年)	4.025±4.252	4.273±1.977	7.103±5.415
07_BC.CN.98.98CN009(中国, 1998年)	4.550±3.902	4.873±1.928	7.883±5.181
合计	6.367±3.999	6.478±2.297	10.954±7.503

表5 1992—2008年深圳地区HIV-1 B'亚型与参考株基因离散率(%,  $\bar{x} \pm s$ )

参考株	1992—1999	2000—2005	2006—2008
B.TH.90.BK132(泰国, 1990年)	19.342±2.366	16.650±1.768	17.827±3.566
B.US.98.1058_11(美国, 1998年)	23.058±2.414	20.950±1.061	20.624±2.969
B.CN.RL42(中国云南, 1996年)	4.650±1.708	5.300±1.414	14.706±4.479
B.FR.83.HXB2(法国, 1883年)	16.358±1.903	15.500±5.657	17.397±3.535
合计	3.855±2.600	5.700±0.000	18.882±6.533

集簇(1992—1999 B'簇),提示该簇样本具有很近的亲缘关系。另有1个由2006—2008年样本组成的同性性传播聚集簇,表明B'亚型在同性恋人群中快速传播。

另外,一些新的亚型或重组株随着时间的推移进入本地区,2006—2008年C、A1亚型和CRF02\_AG、CRF06\_cpx重组亚型在本地区发现,应密切注视该人群的动态,结合分子流行病学研究加强艾滋病预防监测措施的施行,预防和控制新流入基因型毒株的流行。

系统进化树分析发现,2006—2008年,同性性传播人群在CRF01\_AE、CRF\_BC和B'亚型/重组株中均形成1个或多个进化簇,包含在簇内的该人群样本占有同性性传播样本的48.3%,表明深圳地区主要流行的3个HIV-1亚型/重组株在同性恋人群中均呈现出暴发传播趋势。

从基因离散率分析来看,CRF01\_AE、CRF\_BC重组株和B'亚型毒株的离散率均随着时间的推移而增大,表明随着时间推移,各亚型的变异性逐渐增大,符合HIV-1分子进化规律<sup>[11]</sup>,其中B'亚型的变异率最大。各亚型与相应标准株间的基因离散率均呈现增加趋势。1992—1999年CRF01\_AE、CRF\_BC和B'亚型样本与各相近标准株的离散率分别仅为(4.267±3.352)%、(4.025±4.252)%和(4.650±1.708)%,提示这段时间应为HIV-1病毒从周边国家或地区向深圳的传入期。

综上所述,深圳地区主要流行CRF01\_AE、CRF\_BC重组株和B'亚型毒株,CRF01\_AE和CRF\_BC主要流行于异性性传播、同性性传播和静脉吸毒人群,B'亚型主要经性传播和血液传播,其中同性性传播的比例明显上升。

[基金项目:深圳市科技计划重点项目(200901021)]

### 参考文献

- [1] Zhao GL, Feng TJ, Zhao J, et al. Study on molecular epidemiology of human immunodeficiency virus type 1 infection in inell who have sex with men (MSM) in Shenzhen. Chin J AIDS STD, 2008, 14(2): 137-141. (in Chinese)  
赵广录,冯铁建,赵锦,等.深圳地区男男同性恋人群中HIV-1分子流行病学研究.中国艾滋病性病,2008,14(2):137-141.
- [2] Zhuo L, Tang XP, Chen WL, et al. HIV-1 subtype in AIDS patients in Guangdong. Inter J Epidemiol Infect Dis, 2011, 38(1): 21-25. (in Chinese)  
卓丽,唐小平,陈伟烈,等.广东省艾滋病患者HIV-1基因亚型分析.国际流行病学传染病学杂志,2011,38(1):21-25.
- [3] Wan ZY, Xing H, Li J, et al. Subtype and sequence analysis of human immunodeficiency virus type-1 strains in Guangdong province. Chin J Prev Med, 2006, 40(5): 344-347. (in Chinese)  
万卓越,邢辉,李杰,等.广东省人免疫缺陷病毒1亚型基因序列特征分析.中华预防医学杂志,2006,40(5):344-347.
- [4] Deng W, Bao LL, Vidal N, et al. Comparison of molecular epidemiology on HIV-1 between Hainan province and Xishuangbanna Dai Autonomous Prefecture of Yunnan province. Chin J Comparat Med, 2009, 19(6): 1-8. (in Chinese)  
邓巍,鲍琳琳, Nicole Vidal, 等.海南省及云南西双版纳州HIV-1的分子流行病学比较研究.中国比较医学杂志,2009,19(6):1-8.
- [5] Leung TWC, Mak D, Wong KH, et al. Molecular epidemiology demonstrated three emerging clusters of human immunodeficiency virus type 1 subtype B infection in Hong Kong. Aids Res Human Retroviruses, 2008, 24(7): 1-8.
- [6] Ye JR, Guo L, Bai LS, et al. Subtype and sequence analysis of gag genes in HIV-1 circulating in sexual infectors in Beijing. Chin J Microbiol Immunol, 2011, 31(2): 136-139. (in Chinese)  
叶景荣,郭蕾,白立石,等.北京市性传播HIV-1感染者流行毒株gag基因序列测定和亚型分析.中华微生物学和免疫学杂志,2011,31(2):136-139.
- [7] Li QM, Zhao HR, Zhao CY, et al. Molecular epidemiological study on HIV-1 infection cases in 2008 in Hebei province. Hebei Med J, 2010, 32(16): 2156-2158. (in Chinese)  
李巧敏,赵宏儒,赵翠英,等.河北省2008年HIV-1感染者分子流行病学研究.河北医药,2010,32(16):2156-2158.
- [8] Zhou YH, Pang W, Zheng YT. Progress of molecular epidemiology of HIV-1 in Yunnan. J Dermatol Venereol, 2010, 32(1): 20-23. (in Chinese)  
周衍衡,庞伟,郑永康.云南省HIV-1分子流行病学研究进展.皮肤病与性病,2010,32(1):20-23.
- [9] Yao YP, Xin RL, He X, et al. Molecular characteristics of HIV-1 CRF01\_AE strains in Zhejiang province. Chin J Epidemiol, 2008, 29(2): 161-165. (in Chinese)  
姚亚萍,辛若雷,何翔,等.浙江省HIV-1 CRF01\_AE流行株的分子特征分析.中华流行病学杂志,2008,29(2):161-165.
- [10] Liu SZ. The spread of HIV research hot blood transfusion analysis. Foreign Med Virol Vol, 2000, 5(7): 129-131. (in Chinese)  
刘淑贞.经输血传播HIV的研究热点分析.国外医学病毒学分册,2000,5(7):129-131.
- [11] Liang H, Shao YM. HIV-1 gene mutation and molecular evolution and their relationship. Foreign Med Virol Volume, 2003, 10(6): 161-165. (in Chinese)  
梁浩,邵一鸣. HIV-1基因变异和分子进化及其相互关系.国外医学病毒学分册,2003,10(6):161-165.

(收稿日期:2011-06-17)

(本文编辑:万玉立)