

中国 15 个民族 HBV 基因型及基因亚型分布特征分析

郭晓琪¹ 张爽¹ 郑徽² 王锋¹ 缪宁² 苏秋东¹ 毕胜利¹ 张国民² 王富珍²
沈立萍¹

¹中国疾病预防控制中心病毒病预防控制所,北京 102206;²中国疾病预防控制中心免疫规划中心,北京 100050

通信作者:沈立萍,Email:shenlp@ivdc.chinacdc.cn;王富珍,Email:wangfz@chinacdc.cn

【摘要】 目的 了解我国不同民族人群感染 HBV 的基因型及基因亚型分布特征。方法 利用多阶段分层整群随机抽样结合系统抽样的方法从 2020 年全国乙型肝炎血清流行病学调查 HBsAg 阳性样本库中抽取样本,利用巢式 PCR 扩增阳性样本 HBV S 区基因,构建系统发育树分析判定 HBV 基因型和亚型,结合社会人口学资料进行综合分析。结果 成功扩增 15 个民族的 1 539 份样本,检出 B、C、D、I 型和 C/D 重组型 5 种基因型。B 型占比较高的民族包括汉(74.52%, 623/836)、壮(49.28%, 34/69)、彝(53.19%, 25/47)、苗(94.12%, 32/34)和布依族(81.48%, 22/27);C 型占比较高的民族为瑶族(70.91%, 39/55);D 型占比较高的民族为维吾尔族(83.78%, 31/37);C/D 重组型占比较高的民族为藏族(92.35%, 326/353);检出 I 型 11 例中,8 例来自于壮族。除藏族外,各民族的 B 型中 B2 亚型均>80.00%;在 C 型中,C2 亚型占比较高的民族包括汉、藏、彝、维吾尔、蒙古、满、回和苗族 8 个民族,C5 亚型占比较高的民族包括壮(55.56%, 15/27)和瑶族(84.62%, 33/39);在 D 型中,彝族均为 D3 亚型,维吾尔和哈萨克族均为 D1 亚型。C/D1 和 C/D2 亚型在藏族占比分别为 43.06%(152/353)和 49.29%(174/353)。I 型均为 I1 亚型。结论 我国 15 个民族中发现 HBV 5 种基因型和 15 种基因亚型,不同民族的 HBV 基因型和基因亚型分布差异明显。

【关键词】 乙型肝炎病毒; 基因型; 基因亚型; 民族分布

基金项目:国家科技重大专项(2017ZX10105015-001-002)

Epidemiological distribution of genotypes and sub-genotypes of hepatitis B virus in 15 ethnic groups in China

Guo Xiaoli¹, Zhang Shuang¹, Zheng Hui², Wang Feng¹, Miao Ning², Su Qiudong¹, Bi Shengli¹, Zhang Guomin², Wang Fuzhen², Shen Liping¹

¹National Institute for Viral Disease Control and Prevention, Chinese Center for Disease Control and Prevention, Beijing 102206, China; ²Department of National Immunization Program, Chinese Center for Disease Control and Prevention, Beijing 100050, China

Corresponding authors: Shen Liping, Email: shenlp@ivdc.chinacdc.cn; Wang Fuzhen, Email: wangfz@chinacdc.cn

【Abstract】 **Objective** To understand the distribution of genotypes and sub-genotypes of HBV in different ethnic groups in China. **Methods** The HBsAg positive samples were selected by stratified multi-stage cluster sampling from the sample base of national HBV sero-epidemiological survey in 2020 for the amplification of S gene of HBV by nested PCR. A phylogeny tree was

DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20221130-01021

收稿日期 2022-11-30 本文编辑 斗智

引用格式:郭晓琪,张爽,郑徽,等.中国 15 个民族 HBV 基因型及基因亚型分布特征分析[J].中华流行病学杂志,2023,44(5):759-764. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20221130-01021.

Guo XQ, Zhang S, Zheng H, et al. Epidemiological distribution of genotypes and sub-genotypes of hepatitis B virus in 15 ethnic groups in China[J]. Chin J Epidemiol, 2023, 44(5):759-764. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20221130-01021.



constructed to determine the genotypes and sub-genotypes of HBV. The distribution of genotypes and sub-genotypes of HBV were analyzed comprehensively by using laboratory data and demographic data. **Results** A total of 1 539 positive samples from 15 ethnic groups were successfully amplified and analyzed, and 5 genotypes (B, C, D, I and C/D) were detected. The proportion of genotype B was higher in ethnic group of Han (74.52%, 623/836), Zhuang (49.28%, 34/69), Yi (53.19%, 25/47), Miao (94.12%, 32/34), Buyi (81.48%, 22/27). The proportions of genotype C were higher in ethnic groups of Yao (70.91%, 39/55). Genotype D was the predominant genotype in Uygur (83.78%, 31/37). Genotype C/D were detected in Tibetan (92.35%, 326/353). In this study, 11 cases of genotype I were detected, 8 of which were distributed in Zhuang nationality. Except for Tibetan, sub-genotype B2 accounted for more than 80.00% in genotype B in all ethnic groups. The proportions of sub-genotype C2 were higher in 8 ethnic groups, i.e. Han, Tibetan, Yi, Uygur, Mongolian, Manchu, Hui and Miao. The proportions of sub-genotype C5 were higher in ethnic groups of Zhuang (55.56%, 15/27) and Yao (84.62%, 33/39). For genotype D, sub-genotype D3 was detected in Yi ethnic group and sub-genotype D1 was detected in both Uygur and Kazak. The proportions of sub-genotype C/D1 and C/D2 in Tibetan were 43.06% (152/353) and 49.29% (174/353). For all the 11 cases of genotype I infection, only sub-genotype I1 was detected. **Conclusions** Five genotypes and 15 sub-genotypes of HBV were found in 15 ethnic groups. There were significant differences in the distribution of genotypes and sub-genotypes of HBV among different ethnic groups.

【Key words】 Hepatitis B virus; Genotype; Sub-genotype; Ethnic group distribution

Fund program: National Science and Technology Major Project of China (2017ZX10105015-001-002)

HBV 属嗜肝 DNA 病毒科正嗜肝病毒属,可引起人类以肝脏受损为主要表现的乙型肝炎(乙肝)。乙肝在全球广泛流行,已成为全球性严重的公共卫生问题,我国 HBV 携带者约占全球的 1/3,乙肝疾病负担较严重。近年开展的全国乙肝血清流行病学调查结果显示,我国约有 8 600 万 HBV 感染者,全国法定传染病报告系统中每年报告的乙肝病例高达 100 万^[1-2]。HBV 感染可导致严重的不良临床结局,如慢性肝炎、肝硬化甚至肝癌等疾病;HBV 基因型是影响乙肝患者病情轻重、临床表现和治疗与预后的重要因素之一^[3]。根据 HBV 全基因核苷酸差异 $\geq 8\%$ 或 S 区基因核苷酸差异 $\geq 4\%$ 将 HBV 分为 10 种基因型(A~J)和 30 余种亚型^[4]。国内外均报告 HBV 基因型分布存在地域差异,A 型主要流行于欧洲、北美洲、亚洲和非洲;B 型和 C 型主要流行于亚洲;D 型呈全球分布,也是地中海地区和印度的主要流行基因型,E 和 F 型主要流行于非洲和南美洲,G 型在欧洲和北美洲被发现;H 型在中美洲和南美洲均有报道;近年来越南、老挝和中国均发现 I 型;在日本和琉球群岛报道发现 J 型^[5-6]。既往研究报道我国 HBV 主要流行的基因型为 B、C 和 D 型^[7-9],我国是多民族国家,各民族的地理分布和历史迁徙过程较复杂,关于 HBV 基因型民族分布的研究较少,为深入了解我国不同民族人群 HBV 基因型和基因亚型分布情况,本研究收集 15 个民族

的样本开展基因分型分析,为乙肝防治提供参考依据。

资料与方法

1. 资料来源:2020 年开展全国乙肝血清流行病学调查 160 个疾病监测点。①采用多阶段分层整群随机抽样方法收集 1~69 岁人群、21 个民族的血清样本 92 018 例;通过 ELISA 和化学发光法检测样本的 HBV 感染指标,筛选 HBsAg 阳性样本 4 326 例,其中汉族 3 426 例,20 个其他民族(藏、壮、瑶、彝、维吾尔、苗、布依、侗、蒙古、哈萨克、满、畲、回、仫佬、土家、黎、仡佬、革、水和珞巴族)共 900 例。②采用系统抽样方法对汉族的 HBsAg 阳性样本按 3:1 的比例抽取 1 142 例;样本例数 >5 例的 14 个其他民族(藏、壮、瑶、彝、维吾尔、苗、布依、侗、蒙古、哈萨克、满、畲、回和仫佬族)纳入研究,样本数 894 例,共 15 个民族的 2 036 例 HBsAg 阳性样本。

2. 核酸提取:取 200 μ l 血清样本,采用病毒 DNA 提取试剂盒(西安天隆科技有限公司生产),按照说明书操作,将提取的样本 DNA 置于 -40°C 保存备用,实验过程避免核酸反复冻融。

3. 基因扩增与检测:用巢式 PCR 扩增样本 S 区基因,扩增长度约 1 100 bp。第一轮 PCR 引物为 LsoutF1 (5'-gggtcaccatattcttggg-3') 和 LsoutR2 (5'-

caaagacaaaagaaaattgg-3'), 模板为样本 DNA; 第二轮 PCR 引物为 LsinF1(5'-gaacaagagctacagcatggg-3') 和 LsinR2(5'-ggtaaaaagggaactcaagatg-3'), 模板为第一轮 PCR 产物。反应体系均为 25 μl, 包含模板 3 μl, Premix Taq 酶 12.5 μl, 正反向引物(20 pmol/μl)各 1 μl, 无酶水 7.5 μl; 反应条件: 95 °C 变性 30 s, 58 °C 退火 30 s, 72 °C 延伸 90 s, 32 个循环。第二轮 PCR 产物送至生工生物工程(上海)股份有限公司进行双向测序。

4. 生物信息学分析: 采用 DNA 序列分析 Sequencher 5.4.5 和 DNASTar 6.0 软件将样本测序结果进行整理与拼接。根据文献从 GenBank 下载参考株 145 条^[10], 利用 MEGA 7.0 和 BioEdit 7.0.9.1 软件将样本序列与参考序列进行比对分析。采用 IQ-TREE 1.6.12 软件和最大似然法构建系统发育树分析其进化关系和核酸相似性, 确定所测样本的基因型和亚型。

5. 统计学分析: 采用 Excel 2016 和 SPSS 22.0 软件进行数据分析, 率的比较采用 χ^2 检验和 Fisher 确切检验。双侧检验, 检验水准 $\alpha=0.05$ 。

结 果

1. 基本情况: 收集 15 个民族(汉、藏、壮、瑶、彝、维吾尔、苗、布依、侗、蒙古、哈萨克、满、畚、回和仫佬族)的 HBsAg 阳性样本和基础信息共 2 036 例,

其中汉族占 56.09%, 藏、壮和瑶族分别占 22.10%、4.62% 和 3.05%。基因分型成功率为 75.59% (1 539/2 036)。样本数与基因分型成功数两组民族分布的差异无统计学意义($P>0.05$)。见表 1。

2. HBV 基因型的分布: 15 个民族检出 B、C、D、I 型以及 C/D 重组型 5 种基因型。B 型占比较高的民族包括汉(74.52%, 623/836)、壮(49.28%, 34/69)、彝(53.19%, 25/47)、苗(94.12%, 32/34)和布依族(81.48%, 22/27); C 型占比较高的民族为瑶族(70.91%, 39/55); D 型占比较高的民族为维吾尔(83.78%, 31/37); C/D 重组型占比较高的民族为藏族(92.35%, 326/353); 检出 I 型 11 例中, 8 例来自壮族。不同民族 5 种基因型构成比的差异有统计学意义($P<0.001$)。见表 1。

3. 基因亚型的分布: 不同民族的亚型构成存在差异, B 型检出 4 个亚型, 除藏族以外, B2 亚型是汉、瑶和彝族等 13 个民族的优势亚型; C 型检出 6 个亚型, 汉族的 C1 和 C2 亚型分别占 31.34%(63/201)和 56.22%(113/201); 壮和瑶族的 C5 亚型分别占 55.56%(15/27)和 84.62%(33/39); 藏、彝、蒙古、满和回族的 C 型中 C2 亚型占比较高, 壮和瑶族未检出 C2 亚型; 彝族的 D 型均为 D3 亚型; 维吾尔和哈萨克族的 D 型均为 D1 亚型。藏族的 C/D 型中, C/D1 和 C/D2 亚型分别占 46.63%(152/326)和 53.37%(174/326)。见表 2。11 例 I 型均为 I1 亚型。汉、壮、彝、苗和布依族以 B2 亚型为主, 分别占 71.89%

表 1 中国 15 个民族 HBV 基因分型概况与 HBV 基因型分布

民族	样本数 ^a	基因分型成功数 ^a	基因分型成功率(%)	B 型 ^b	C 型 ^b	D 型 ^b	C/D 重组型 ^b	I 型 ^b
汉	1 142(56.09)	836(54.32)	73.20	623(74.52)	201(24.04)	7(0.84)	3(0.36)	2(0.24)
藏	450(22.10)	353(22.94)	78.44	4(1.13)	23(6.52)	0(0.00)	326(92.35)	0(0.00)
壮	94(4.62)	69(4.48)	73.40	34(49.28)	27(39.13)	0(0.00)	0(0.00)	8(11.59)
瑶	62(3.05)	55(3.57)	88.71	14(25.45)	39(70.91)	1(1.82)	0(0.00)	1(1.82)
彝	59(2.90)	47(3.05)	79.66	25(53.19)	13(27.66)	6(12.77)	3(6.38)	0(0.00)
维吾尔	41(2.01)	37(2.40)	90.24	2(5.41)	4(10.81)	31(83.78)	0(0.00)	0(0.00)
苗	40(1.96)	34(2.21)	85.00	32(94.12)	2(5.88)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)
布依	32(1.57)	27(1.75)	84.38	22(81.48)	5(18.52)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)
侗	21(1.03)	18(1.17)	85.71	17(94.44)	1(5.56)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)
蒙古	20(0.98)	17(1.10)	85.00	5(29.41)	10(58.83)	1(5.88)	1(5.88)	0(0.00)
哈萨克	22(1.08)	14(0.91)	63.64	0(0.00)	0(0.00)	14(100.00)	0(0.00)	0(0.00)
满	25(1.23)	12(0.78)	48.00	2(16.67)	10(83.33)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)
畚	13(0.64)	8(0.52)	61.54	7(87.50)	1(12.50)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)
回	8(0.39)	7(0.45)	87.50	1(14.29)	6(85.71)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)
仫佬	7(0.35)	5(0.35)	71.43	5(100.00)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)
合计	2 036(100.00)	1 539(100.00)	75.59	793(51.53)	342(22.22)	60(3.90)	333(21.64)	11(0.71)

注: 括号外数据为例数, 括号内数据为构成比(%); ^a不同民族在样本数与基因分型成功数的组间差异无统计学意义($\chi^2=5.20, P>0.05$); ^b不同民族在 5 种基因型的组间差异有统计学意义($\chi^2=2 658.31, P<0.001$)

(601/836)、47.83%(33/69)、48.94%(23/47)、91.18%(31/34)和81.48%(22/27);蒙古、满和回族以C2亚型为主,分别占47.06%(8/17)、83.33%(10/12)和85.71%(6/7);瑶族以C5亚型为主,占60.00%(33/55);维吾尔族以D1亚型为主,占83.78%(31/37);藏族以C/D1和C/D2亚型为主,分别占43.06%(152/353)和49.29%(174/353)。见图1。

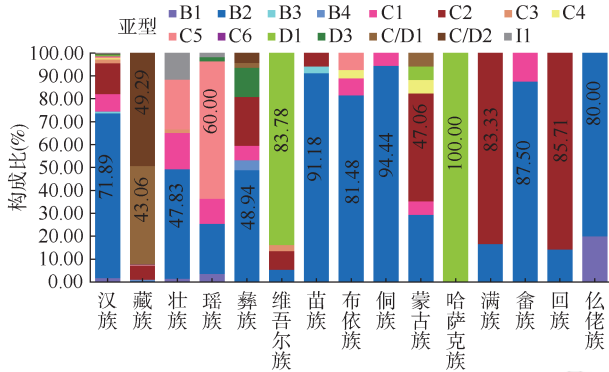


图1 中国15个民族HBV基因亚型分布

4. 汉族与其他民族的HBV基因型与亚型比较:在B型中,汉族占78.56%(623/793),其他民族占21.44%(170/793);C型中汉族占58.77%(201/342),其他民族占41.23%(141/342);在D型中,其他民族占88.33%(53/60),汉族仅占11.67%(7/60);在14个民族中,C/D重组型和I型分别占99.10%(330/333)和81.82%(9/11),差异有统计学意义($\chi^2=623.29, P<0.001$)。其他民族的C5、D1、C/D1和C/D2亚型占比较高;而汉族的B2、C1和C2亚型占比较高。见图2。汉族的B1(15/19)、B3(6/7)、C3(14/17)和C4(4/6)亚型占比较高;其他民族的B4(4/5)、D3(7/10)、I1(8/11)亚型占比较高。汉族与其他民族的HBV基因亚型分布的差异有统计学意义($\chi^2=696.98, P<0.001$)

讨论

HBV基因分型可为研究传染来源和传播途径提供参考依据。既往研究报道我国HBV基因型在华南地区以B型为主,华北地区以C型为主,西北地区的新疆维吾尔自治区以D型为主,我国青藏高原一带以C/D重组型为主,I型发现于我国与越南交界的边境地区,不同民族的基因型分布存在差异^[7-9]。

既往关于民族分布的调查和样本收集范围有一定局限性和片面性,本研究通过多阶段分层整群

表2 中国15个民族HBV基因亚型分布

民族	B型											C型			D型			C/D重组型			合计
	B1	B2	B3	B4	合计	C1	C2	C3	C4	C5	C6	合计	D1	D3	合计	C/D1	C/D2	合计			
	15(2.41)	601(96.47)	6(0.96)	1(0.16)	623	63(31.34)	113(56.22)	14(6.97)	4(1.99)	6(2.99)	1(0.49)	201	4(57.14)	3(42.86)	7	2(66.67)	1(33.33)	3			
汉	0(0.00)	2(50.00)	0(0.00)	0(0.00)	2(50.00)	0(0.00)	21(91.30)	1(4.35)	0(0.00)	0(0.00)	1(4.35)	23	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0	152(46.63)	174(53.37)	326		
藏	1(2.94)	33(97.06)	0(0.00)	0(0.00)	34	11(40.74)	0(0.00)	1(3.70)	0(0.00)	15(55.56)	0(0.00)	27	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0	0(0.00)	0(0.00)	0		
壮	2(14.29)	12(85.71)	0(0.00)	0(0.00)	14	6(15.38)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	33(84.62)	0(0.00)	39	0(0.00)	1(100.00)	0(0.00)	1	0(0.00)	0(0.00)	0		
瑶	0(0.00)	23(92.00)	0(0.00)	2(8.00)	25	3(23.08)	10(76.92)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	13	0(0.00)	6(100.00)	0(0.00)	6	1(33.33)	2(66.67)	3		
彝	0(0.00)	2(100.00)	0(0.00)	0(0.00)	2	0(0.00)	3(75.00)	1(25.00)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	4	31(100.00)	0(0.00)	0(0.00)	31	0(0.00)	0(0.00)	0		
维吾尔	0(0.00)	31(96.88)	1(3.12)	0(0.00)	32	0(0.00)	2(100.00)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	2	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0	0(0.00)	0(0.00)	0		
苗	0(0.00)	22(100.00)	0(0.00)	0(0.00)	22	2(40.00)	0(0.00)	0(0.00)	1(20.00)	2(40.00)	0(0.00)	5	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0	0(0.00)	0(0.00)	0		
布依	0(0.00)	17(100.00)	0(0.00)	0(0.00)	17	1(100.00)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	1	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0	0(0.00)	0(0.00)	0		
侗	0(0.00)	5(100.00)	0(0.00)	0(0.00)	5	1(10.00)	8(80.00)	0(0.00)	1(10.00)	0(0.00)	0(0.00)	10	1(100.00)	0(0.00)	0(0.00)	1	1(100.00)	0(0.00)	1		
蒙古	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0	14(100.00)	0(0.00)	0(0.00)	14	0(0.00)	0(0.00)	0		
哈萨克	0(0.00)	2(100.00)	0(0.00)	0(0.00)	2	0(0.00)	10(100.00)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	10	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0	0(0.00)	0(0.00)	0		
满	0(0.00)	7(100.00)	0(0.00)	0(0.00)	7	1(100.00)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	1	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0	0(0.00)	0(0.00)	0		
畲	0(0.00)	1(100.00)	0(0.00)	0(0.00)	1	0(0.00)	6(100.00)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	6	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0	0(0.00)	0(0.00)	0		
回	1(20.00)	4(80.00)	0(0.00)	0(0.00)	5	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0	0(0.00)	0(0.00)	0		
仫佬	19(2.40)	762(96.09)	7(0.88)	5(0.63)	793	88(25.73)	173(50.58)	17(4.97)	6(1.75)	56(16.37)	2(0.60)	342	50(83.33)	10(16.67)	60	156(46.85)	177(53.15)	333			

注:括号外数据为例数,括号内数据为构成比(%);I型只发现II亚型,未列出

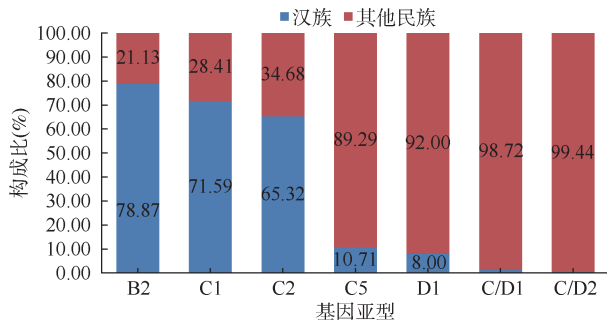


图2 中国汉族和其他民族HBV基因亚型分布

随机抽样结合系统抽样的方法,从全国31个省份收集15个民族的研究样本,分析范围较广,可深入发现基因型分布的现状。本研究发现,汉、彝、苗、布依、侗、畲和佤佬族以B型为主;而瑶、蒙古、满和回族以C型为主;维吾尔和哈萨克族以D型为主;藏族以C/D重组型为主;彝和蒙古族的基因型构成复杂,两者均发现了B型、C型、D型和C/D重组型4种基因型;壮族的I型占比为11.59%,与其他民族的基因型构成的差异明显。

既往研究显示,汉、畲、布依、苗和侗族的HBV基因型均以B型为主^[11-12]。颜武书等^[13]发现维吾尔和哈萨克族的D型感染率高于我国其他地区,分析可能与维吾尔和哈萨克族的血统更接近中东和地中海地区人种有关;李玉梅等^[14]研究报道新疆维吾尔自治区阿勒泰地区哈萨克族的HBV基因型以C型和D型为主;杨柳等^[15]报道新疆维吾尔自治区的汉和回族以C型为主。本研究的结果与以上关于HBV基因型民族分布的报道基本一致。关于汉族的基因型分布有两种观点,一是认为以B型为主,二是认为以C型为主^[8],由于汉族人口分布广泛,华北地区的HBV基因型以C型为主,华南地区以B型为主,因此,南方和北方地区汉族样本的抽样比例可决定汉族是以B型还是C型为主的结果,具体应结合地区进行深入分析。

本研究发现,汉、壮、瑶、彝族等13个民族的B型均以B2亚型为主;藏、彝、维吾尔、苗、蒙古、满和回族的C型均以C2亚型为主,与汉族相同;而壮和布依族以C1和C5亚型为主,瑶族的C5亚型占绝对优势。壮和布依族的C型构成复杂,C2作为中国C型占比最高的亚型,在壮、瑶、布依、侗和畲族中却均未发现;在D型分布中,汉、维吾尔、蒙古和哈萨克族以D1亚型为主,而瑶和彝族以D3亚型为主。既往研究也发现我国主要流行的HBV基因亚型为B2和C2亚型,维吾尔族为D1亚型,藏族包括

C/D1和C/D2亚型^[9,16],但关于我国各民族HBV基因亚型的报道较少。

本研究存在局限性。仅收集到15个民族样本,其中畲、回和佤佬族样本数量有限,结果尚不能代表中国各民族样本,将来研究有待收集更完善的样本。

本研究发现各民族HBV的基因亚型分布的差异明显,彝、蒙古和瑶族的HBV基因型构成较复杂,应重点关注瑶族C5亚型和彝族D3亚型的民族分布特点并开展进一步深入分析。瑶、苗和壮族及西南地区等民族在基因亚型的分布特征明显,可能与历史上的民族迁徙等原因有关。从社会学的角度来说,HBV基因型及亚型的民族分布差异与地区分布可能存在相关性。

利益冲突 所有作者声明无利益冲突

作者贡献声明 郭晓琪:实验操作、数据整理与分析、文章撰写;张爽:研究指导、实验操作;郑徽、缪宁:血清样本及基础信息收集;王锋:统计学分析;苏秋东:实验操作、数据分析;毕胜利:研究指导、实验设计;张国民:数据分析;王富珍:研究指导、数据分析、论文修改;沈立萍:研究指导、实验设计、论文修改、经费支持

参 考 文 献

- [1] Cui FQ, Shen LP, Li L, et al. Prevention of chronic hepatitis B after 3 decades of escalating vaccination Policy, China [J]. *Emerg Infect Dis*, 2017, 23(5):765-772. DOI:10.3201/eid2305.161477.
 - [2] 缪宁, 王富珍, 郑徽, 等. 中国2013-2020年乙型肝炎发病情况估算和病例特征分析[J]. *中华流行病学杂志*, 2021, 42(9):1527-1531. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20210319-00227.
 - [3] Miao N, Wang FZ, Zheng H, et al. Estimation of incidence of viral hepatitis B and analysis on case characteristics in China, 2013-2020[J]. *Chin J Epidemiol*, 2021, 42(9):1527-1531. DOI: 10.3760/cma. j. cn112338-20210319-00227.
 - [4] Cao GW. Clinical relevance and public health significance of hepatitis B virus genomic variations[J]. *World J Gastroenterol*, 2009, 15(46): 5761-5769. DOI: 10.3748/wjg.15.5761.
 - [5] Okamoto H, Tsuda F, Sakugawa H, et al. Typing hepatitis B virus by homology in nucleotide sequence: Comparison of surface antigen subtypes[J]. *J Gen Virol*, 1988, 69(Pt 10): 2575-2583. DOI:10.1099/0022-1317-69-10-2575.
 - [6] Sunbul M. Hepatitis B virus genotypes: global distribution and clinical importance[J]. *World J Gastroenterol*, 2014, 20(18):5427-5434. DOI:10.3748/wjg.v20.i18.5427.
 - [7] Yu H, Yuan Q, Ge SX, et al. Molecular and phylogenetic analyses suggest an additional hepatitis B virus genotype "I"[J]. *PLoS One*, 2010, 5(2):e9297. DOI:10.1371/journal.pone.0009297.
 - [7] 张楠, 张爽, 王锋, 等. 我国2015-2017年急性乙型肝炎病例HBV基因型分布特征分析[J]. *中华流行病学杂志*, 2022, 43(6):865-870. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20211230-01041.
- Zhang N, Zhang S, Wang F, et al. Epidemiological distribution of hepatitis B virus genotypes in acute hepatitis B cases in China, 2015-2017[J]. *Chin J Epidemiol*, 2022, 43(6): 865-870. DOI: 10.3760/cma. j.

cn112338-20211230-01041.

[8] 董哲, 李雪梅, 赵智娟, 等. 不同种族/民族乙型肝炎分子流行病学研究进展 [J]. 中国公共卫生, 2020, 36(4):650-653. DOI:10.11847/zgggws1122201. Dong Z, Li XM, Zhao ZX, et al. Progress in researches on molecular epidemiology of hepatitis B virus in various racial/ethnic populations[J]. Chin J Public Health, 2020, 36(4):650-653. DOI:10.11847/zgggws1122201.

[9] Li HM, Wang JQ, Wang R, et al. Hepatitis B virus genotypes and genome characteristics in China[J]. World J Gastroenterol, 2015, 21(21): 6684-6697. DOI: 10.3748/wjg.v21.i21.6684.

[10] Yin YH, He K, Wu BT, et al. A systematic genotype and subgenotype re-ranking of hepatitis B virus under a novel classification standard[J]. Heliyon, 2019, 5(10): e02556. DOI:10.1016/j.heliyon.2019.e02556.

[11] 朱武军, 杨兴林, 王义光, 等. 贵州省少数民族乙肝病毒基因型分布及耐药变异研究 [J]. 现代检验医学杂志, 2009, 24(2):91-94. DOI:10.3969/j.issn.1671-7414.2009.02.037. Zhu WJ, Yang XL, Wang YG, et al. Study on genotype and drug resistance variation of hepatitis B virus among population of minority in Guizhou[J]. J Mod Lab Med, 2009, 24(2):91-94. DOI: 10.3969/j.issn.1671-7414.2009.02.037.

[12] 李劲, 刘莹, 邓志芳, 等. 不同民族大学生乙肝病毒基因型分布状况调查 [J]. 中南民族大学学报:自然科学版, 2012, 31(2):38-41. DOI:10.12130/znmzdk.20120242. Li J, Liu Y, Deng ZF, et al. Study on the distribution of HBV genotype among undergraduates from different nationalities[J]. J South-Central Univ Nat:Nat Sci Ed, 2012, 31(2):38-41. DOI:10.12130/znmzdk.20120242.

[13] 颜武书, 曾圣涛, 热合玛依·阿布都热合曼, 等. 伊犁州乙型肝炎病毒基因分型特征及不同民族间乙型肝炎病毒基因型分布特点和临床意义 [J]. 中国保健营养, 2016, 26(21):60. Yan WS, Zeng ST, Rehemayi·Abudurehman, et al. The characteristics of hepatitis B virus genotypes in Yili prefecture and the distribution of hepatitis B virus genotypes among different ethnic groups and its clinical significance[J]. China Health Care Nutrition, 2016, 26(21):60.

[14] 李玉梅, 徐志峰, 刘然, 等. 中国黑龙江大庆与新疆阿勒泰地区乙型肝炎病毒基因型分布规律研究 [J]. 现代检验医学杂志, 2012, 27(4): 41-43. DOI: 10.3969/j.issn.1671-7414.2012.04.016. Li YM, Xu ZF, Liu R, et al. Study on hepatitis B virus genotypes distribution of China Heilongjiang Daqing and Xinjiang Aletai region[J]. J Mod Lab Med, 2012, 27(4): 41-43. DOI:10.3969/j.issn.1671-7414.2012.04.016.

[15] 杨柳, 张红梅, 徐娇阳, 等. 新疆地区回族、汉族人群 HBV 基因型的分布与特点 [J]. 分子影像学杂志, 2014, 37(1): 23-27. DOI:10.3969/j.issn.1674-4500.2014.01.06. Yang L, Zhang HM, Xu JY, et al. The distribution and characteristics of HBV genotypes between Hui and Han population in Xinjiang[J]. J Mol Imaging, 2014, 37(1): 23-27. DOI:10.3969/j.issn.1674-4500.2014.01.06.

[16] Liu TZ, Wang FZ, Zhang S, et al. Whole-gene analysis of two groups of hepatitis B virus C/D inter-genotype recombinant strains isolated in Tibet, China[J]. PLoS One, 2017, 12(6):e0179846. DOI:10.1371/journal.pone.0179846.

中华流行病学杂志第八届编辑委员会组成人员名单

(按姓氏汉语拼音排序)

顾问	高福	顾东风	贺雄	姜庆五	陆林	乔友林
	饶克勤	汪华	徐建国			
名誉总编辑	郑锡文					
总编辑	李立明					
副总编辑	邓瑛	冯子健	何纳	何耀	卢金星	沈洪兵
	谭红专	吴尊友	杨维中	詹思延		

编辑委员(含总编辑、副总编辑)

安志杰	白亚娜	毕振强	曹广文	曹卫华	曹务春	陈坤	陈可欣
陈万青	陈维清	代敏	戴江红	党少农	邓瑛	丁淑军	段广才
段蕾蕾	方利文	方向华	冯子健	龚向东	何纳	何耀	何剑峰
胡东生	胡永华	胡志斌	贾崇奇	江宇	阚飙	阚海东	李琦
李群	李敬云	李立明	李秀央	李亚斐	李中杰	林鹏	刘静
刘民	刘玮	刘殿武	卢金星	栾荣生	罗会明	吕繁	吕筠
吕嘉春	马军	马伟	马家奇	马文军	毛琛	孟蕾	米杰
缪小平	潘凯枫	潘晓红	彭晓霞	邱洪斌	任涛	单广良	邵中军
邵祝军	沈洪兵	施小明	时景璞	宋志忠	苏虹	孙业恒	谭红专
唐金陵	陶芳标	汪宁	王蓓	王岚	王丽	王璐	王金桃
王丽敏	王全意	王素萍	王伟炳	王增武	王长军	王子军	魏文强
吴凡	吴静	吴涛	吴先萍	吴尊友	武鸣	项永兵	徐飏
徐爱强	许汴利	许国章	闫永平	杨维中	么鸿雁	叶冬青	于普林
余宏杰	俞敏	詹思延	张建中	张顺祥	张卫东	张作风	赵方辉
赵根明	赵文华	赵亚双	周脉耕	朱凤才	庄贵华		