

# 中国HIV-1基因亚型分布及流行趋势

苏迎盈 刘慧鑫 吴静 朱琳 汪宁

**【摘要】** 目的 分析我国HIV-1基因型的分布及变化趋势。方法 计算机检索中国医院知识总库(CHKD,1994—)、万方数据资源系统(1998—)、中国生物医学文献数据库(CBMDisc)以及PubMed数据库,并结合文献追溯的方法,收集我国HIV-1基因分型的相关文献,提取符合标准的文献信息,对相同的HIV-1亚型分别按地区、研究时间、研究人群分组,并进行数量合并,计算百分比。结果 共纳入175篇文献,包含285条记录。我国HIV-1流行最广泛的毒株为CRF01\_AE、CRF07\_BC重组型,以及B'亚型,但不同地区基因亚型存在差异。北方地区流行毒株比较单一,且流行较稳定。南方地区HIV-1毒株的亚型分布较为复杂,存在多种亚型及流行重组型,同时存在一定比例新的独特重组亚型流行。我国早期HIV-1以B'及C亚型流行为主,近年来,尤其是2007年以后,CRF01\_AE重组型逐渐增高,成为我国优势毒株,同时存在一定比例的CRF07\_BC、CRF08\_BC重组型和B'亚型流行。结论 我国HIV-1基因型地区分布、人群分布差异较大,且随着时间的推移,基因型分布产生较大的变化,流行更为复杂。

**【关键词】** 人类免疫缺陷病毒-1; 基因型; 系统综述

**Distribution of HIV-1 genotypes in China: a systematic review** Su Yingying, Liu Huixin, Wu Jing, Zhu Lin, Wang Ning. National Center for AIDS/STD Control and Prevention, Chinese Center for Disease Control and Prevention, Beijing 102206, China

Corresponding author: Wang Ning, Email: wangnbj@163.com

This work was supported by a grant from the National Science and Technology Support Projects for the "Twelfth Five-Year Plan" of China (No. 2012ZX10001-001).

**【Abstract】 Objective** To provide information on the geographical distribution of HIV-1 genotypes and subtypes in the population of China. **Methods** A comprehensive search was carried out in China Hospital Knowledge Database (CHKD), Wanfang (Chinese), CBMDisc and PubMed databases to identify all studies published related to HIV-1 genotypes in China. All studies were grouped according to the sites, period and objects for analyzing the distribution of HIV genotypes. **Results** A total of 175 studies were included in this Meta-analysis, which contained 285 records. We found that the predominate genotypes in China were B' subtype, CRF01\_AE, CRF07\_BC and CRF08\_BC, but the subtype distribution of HIV-1 was different in the western and southern parts of the country. CRF01\_AE had a significant increase while subtype B' showed a decrease. There were various HIV-1 subtypes among individuals who acquired HIV through sexual contacts and CRF01\_AE was most commonly identified in this group of people. **Conclusion** The distribution of HIV-1 genotypes in Chinese people significantly changed, together with high complexity of the HIV-1 epidemics noticed in China.

**【Key words】** HIV-1; Genotype; Systematic review

导致全球艾滋病流行的主要病原体是HIV-1, HIV-1可以分成3个组(M、N、O),其中M组在全球广泛流行,该组病毒至少可以分成9个基因亚型(A、B、C、D、F、G、H、J和K)以及流行重组型(circulating recombination forms, CRF)<sup>[1]</sup>。HIV-1基因分型不仅

有助于了解HIV-1亚型的演变及流行分布,在疾病进展、艾滋病抗病毒治疗以及耐药等方面均有重要作用<sup>[2]</sup>。本研究对我国HIV-1基因分型的文献进行系统综述,以了解我国HIV-1基因型分布及其变化。

## 资料与方法

1. 文献来源:检索中国医院知识总库(CHKD, 1994—)、万方数据资源系统(1998—)、中国生物医学文献数据库(CBMDisc)以及PubMed数据库。中文自由检索词为:艾滋病,爱滋病,获得性免疫缺陷,

DOI:10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2014.10.020

基金项目:国家“十二五”科技重大专项(2012ZX10001-001)

作者单位:102206 北京,中国疾病预防控制中心性病艾滋病预防控制中心

通信作者:汪宁, Email: wangnbj@163.com

人类免疫缺陷病毒,基因型,基因分型,亚型,分子流行病学;英文自由检索词为:HIV, AIDS, genotype, subtype, molecular epidemiology, China(以上检索词分别以and或or进行连接)。检索时间截至2014年3月,为防止漏检,同时分析文献的参考文献。文献纳入标准:①研究须在中国进行;②研究对象为HIV-1感染者;③提供各基因型的原始数据;④提供研究时间及地点。文献排除标准:①研究对象为混合感染者;②针对HIV-1某特定的单一亚型的研究;③报道信息太少、数据不全;④检测技术评价文献;⑤重复发表。

2. 统计学分析:应用EpiData 3.1软件建立数据库。对于符合标准的文献进行以下信息的提取:第一作者及发表年份,研究时间,研究地点,样本来源,HIV-1 RNA阳性数,成功分型数,各亚型数量;由于分析构成比数据,所以仅对相同的HIV-1亚型数分别按地区、研究时间及样本来源进行简单数量的合并,据此计算分组后HIV-1亚型的构成比。如果一篇文献中包含不同时间、不同人群或不同地区的亚型数据,将此类文献拆分成对应的几条记录,以便进行分组统计。数据采用SPSS 17.0软件进行统计学分析。

### 结 果

1. 文献筛选:共纳入175篇(中文125篇,英文50篇),包含285条记录,发表年份在1997—2014年,其中1997—2000年6篇,2001—2010年95篇,2011—2014年74篇。文献筛选流程见图1。

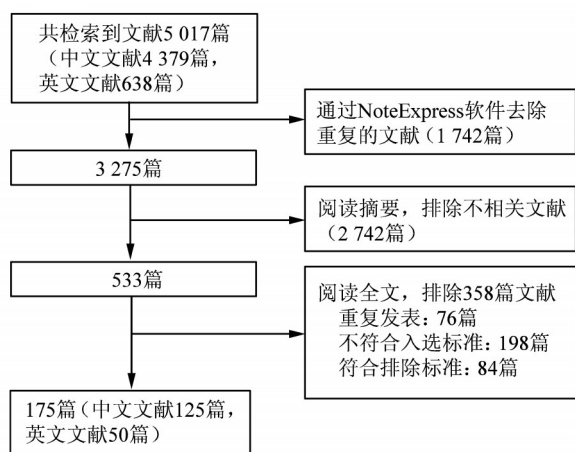


图1 文献筛选流程图

2. 纳入文献基本特征:175篇纳入文献中,11篇文献为全国范围的分子流行病学研究(研究地点≥3个省市),其余文献的研究地点覆盖全国28个省(直

辖市、自治区)。纳入文献的研究时间跨度为1991—2012年,共有23 635例样本成功获得亚型。

3. 基因型地区分布:我国HIV-1流行最广泛的毒株为CRF01\_AE、CRF07\_BC重组型,以及B'亚型,但不同地区基因亚型存在差异。西北地区和华北地区流行毒株比较单一,其中CRF07\_BC亚型是西北地区的绝对优势毒株(86.7%),而B'亚型是华北地区的绝对优势毒株(90.7%)。东北地区、华北地区、华东地区、华南地区主要有3种亚型毒株流行,以CRF01\_AE毒株为主,B亚型及CRF07\_BC亚型次之,CRF08\_BC毒株所占比例很少,低于5%。华南地区流行株仍以CRF01\_AE毒株为主,B亚型、CRF07\_BC亚型次之,CRF08\_BC亚型占一定的比重(8.7%)。西南地区HIV-1毒株的亚型分布较为复杂,以CRF08\_BC、CRF01\_AE亚型为主,CRF07\_BC亚型次之,其他亚型(多为独特重组亚型,URFs)所占比重较大,为16.2%(表1)。

表1 我国HIV主要基因型构成比(%)的地区分布

地区	文献数	样本量 <sup>a</sup>	CRF01_AE	CRF07_BC	CRF08_BC	B'	B	其他型
东北地区	10	805	55.0	8.8	0.6	8.0	22.5	5.1
辽宁	5	91	55.9	7.1	0.9	8.6	23.3	4.3
黑龙江	3	134	45.1	13.2	-	15.4	26.4	-
吉林	2	580	58.2	13.4	-	-	16.4	11.9
西北地区	9	618	1.6	86.7	-	5.7	2.4	3.6
新疆	6	23	0.4	96.3	-	0.2	0.6	2.6
甘肃	1	59	-	69.6	-	26.1	-	4.3
陕西	2	536	13.6	6.8	-	47.5	20.3	11.9
华北地区	30	1 832	37.7	18.7	1.4	12.0	26.6	3.5
北京	18	1 089	36.7	20.9	1.0	8.1	29.2	4.0
河北	9	568	31.0	14.4	2.5	23.2	25.2	3.7
天津	3	175	65.7	18.3	0.6	-	15.4	-
华中地区	20	3 949	3.8	3.1	1.0	90.7	0.4	1.0
河南	11	3 455	2.0	2.3	0.8	93.8	0.3	0.7
湖北	8	458	13.5	7.0	2.0	72.9	1.5	3.1
湖南	1	36	55.6	25.0	-	19.4	-	-
华东地区	39	4 084	37.2	18.8	5.0	15.0	19.2	4.8
安徽	4	533	23.1	13.5	1.1	58.3	2.3	1.7
福建	4	223	70.4	5.8	0.9	-	15.7	7.2
江苏	4	112	46.4	8.0	3.6	8.9	18.8	14.3
江西	2	33	63.6	9.1	-	12.1	12.1	3.0
山东	5	226	14.6	6.2	3.5	49.6	10.6	15.5
上海	9	919	44.4	24.2	3.4	6.4	16.0	5.7
台湾	4	859	13.0	27.8	0.1	-	57.5	1.5
浙江	7	1 179	51.9	16.5	13.1	9.9	3.9	4.7
华南地区	41	5 581	56.9	13.0	8.7	2.9	14.3	4.2
广东	21	30	54.2	23.0	6.3	5.0	8.0	3.5
广西	15	2 389	66.8	8.6	18.5	1.7	1.1	3.2
海南	1	1 772	84.3	-	1.2	9.6	1.2	3.6
香港	3	83	46.4	1.8	0.8	0.1	44.5	6.4
澳门	1	1 307	56.7	3.3	-	-	13.3	26.7
西南地区	35	3 472	29.3	19.2	30.1	1.4	3.7	16.2
云南	26	218	27.2	15.3	33.9	1.2	3.8	18.7
贵州	4	306	38.1	40.8	13.8	1.8	4.1	1.4
四川	5	2 948	43.8	41.8	5.2	2.9	2.6	3.6
全国	175	23 635	34.4	17.1	9.1	22.6	11.1	5.7

注:<sup>a</sup>成功获得亚型的样本数量

4. 基因型时间分布:将纳入文献的研究时间分 6 个阶段(—1997, 1998—2000, 2001—2003, 2004—2006, 2007—2009, 2010—2012)进行分组分析,分析我国 7 个地区的 HIV-1 毒株的流行趋势。东北地区及华北地区无在 2000 年以前的文献,西北地区及华中地区在 2000 年以前分别仅有 2 篇及 1 篇文献,对以上 4 个地区仅分析 2001—2003、2004—2006、2007—2009、2010—2012 的 HIV-1 亚型分布趋势。西北地区、华中地区及东北地区 HIV-1 毒株流行较稳定,CRF07\_BC 亚型作为西北地区的优势毒株以及 B' 亚型作为华中地区的优势毒株持续存在,东北地区 CRF01\_AE 亚型及 B' 亚型为主要毒株持续流行。华北地区及华东地区,CRF01\_AE 亚型所占比例逐年增高,近年已成为两地区的绝对优势毒株,所占比例均超过 60%,而 B 亚型(包括欧美 B 亚型及 B' 亚型)所占比例逐年降低。华南地区 CRF01\_AE 亚型所占比例变化略有波动,而 CRF07\_BC 亚型所占比例随着时间有增加的趋势。在西南地区,CRF01\_AE 逐渐成为主要的流行毒株,而 CRF07\_BC 及 CRF08\_BC 所占比例逐年降低,近年来各种独特重组亚型 URFs 所占比例逐渐增高,总类型逐年增多(图 2)。

5. 基因型人群分布:对提供样本来源的文献进行分类分析,其中来自既往有偿采供血人群(formal paid donor, FPD) 13 篇,静脉注射吸毒人群(injection drug users, IDU) 36 篇,异性性传播人群

(heterosexual transmission, HST) 38 篇, MSM 人群 60 篇。有偿献血人群 HIV-1 基因型较单一, B' 亚型占 95% 以上; IDU 人群中, CRF07\_BC 为主要优势毒株, CRF01\_AE 亚型及 CRF08\_BC 亚型各占一定比重; MSM 人群中, CRF01\_AE 所占比重较大, 超过 50%, CRF07\_BC 亚型及 B 亚型各占一定比例; HST 人群 HIV-1 流行毒株的分布较复杂, 介于 IDU 人群与 MSM 人群之间, 各亚型均有分布(图 3)。

### 讨 论

我国共进行 3 次全国 HIV 分子流行病学调查。1998 年进行的第一次调查显示, HIV-1 主要流行的亚型有 B' (47.5%)、C (34.3%) 及 CRF01\_AE 亚型 (9.6%)<sup>[3]</sup>; 2002 年第二次调查显示, HIV-1 流行的亚型以 BC 重组毒株、B' 和 CRF01\_AE 为主<sup>[4]</sup>; 2006 年第三次调查结果显示, HIV-1 流行的亚型主要有 CRF07\_BC (35.5%), CRF01\_AE (27.6%)、CRF08\_BC (20.1%) 和 B' (9.6%)<sup>[5]</sup>。本研究显示, 我国 HIV-1 主要流行的毒株依次为 CRF01\_AE、CRF07\_BC 重组型, 以及 B' 亚型, 不同亚型在我国分布不平衡。CRF01\_AE 主要在性传播人群中流行, 包括异性性传播和同性性传播人群, 但在吸毒人群中也有一定流行<sup>[6]</sup>; CRF07\_BC 亚型及 CRF08\_BC 亚型主要在吸毒人群中流行<sup>[7,8]</sup>, CRF07\_BC 在异性性传播人群及 MSM 人群也存在一定比例的流行, 而 CRF08\_BC 也在西南地区异性性传播人群流行<sup>[9,10]</sup>; B' 亚型主

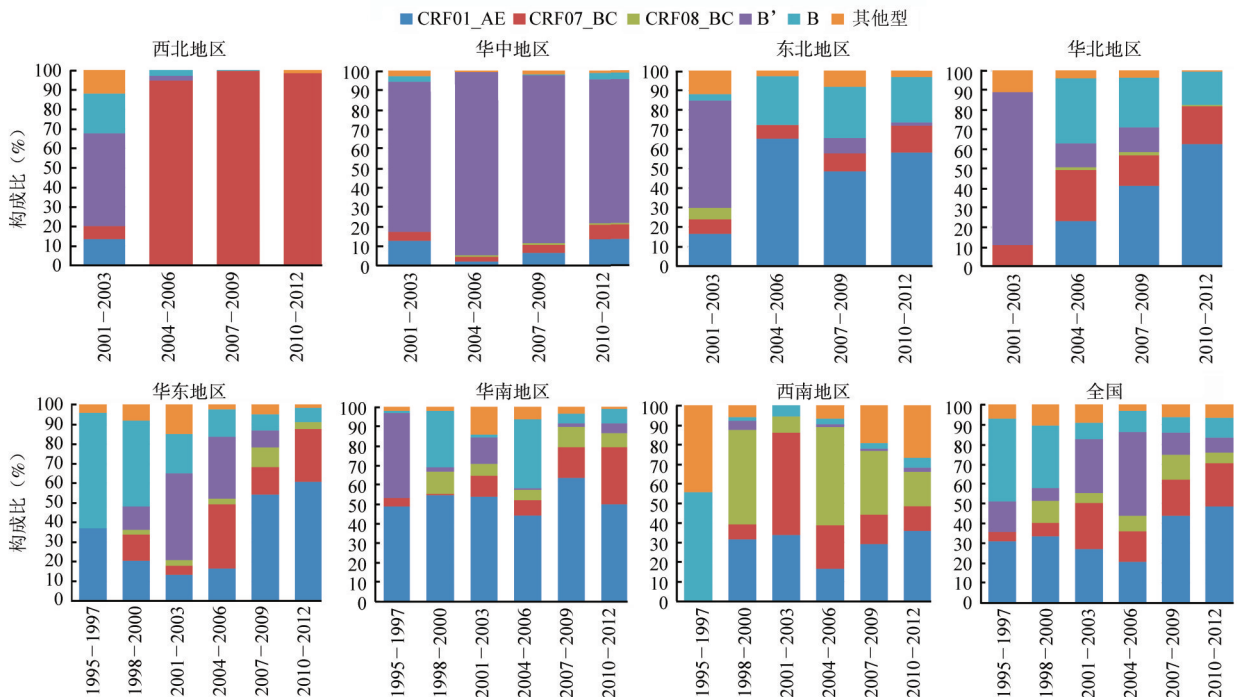


图 2 我国各地区 HIV-1 主要基因型的时间分布趋势



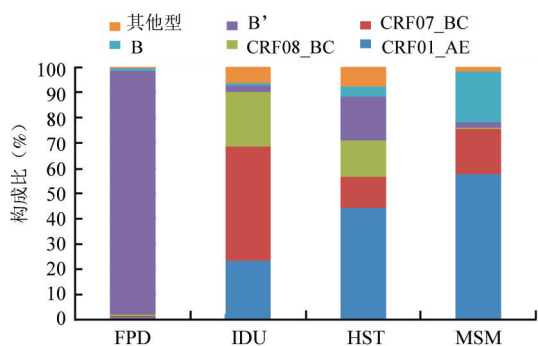


图3 我国HIV-1基因型的人群分布

要在既往有偿采供血人群中流行<sup>[11]</sup>。MSM人群中早期主要以欧美B亚型为主要流行株,提示我国MSM人群早期主要从欧美MSM人群感染HIV,后逐渐被CRF01\_AE重组亚型取代成为主要流行株<sup>[12,13]</sup>。近年来发现,一些新的重组亚型如CRF55\_01B<sup>[14]</sup>、CRF01\_AE/B<sup>[15-17]</sup>以及CRF01\_AE/CRF07\_BC<sup>[18]</sup>等在我国MSM人群流行,由于MSM人群易感染一种以上的病毒<sup>[19]</sup>,新的重组亚型可能在MSM人群中将不断的出现,应加强该人群HIV-1基因型的监测。

1989年,我国首次在云南省吸毒人群中发现HIV流行<sup>[20]</sup>,B'亚型和C亚型分别由泰国及印度传入我国云南省<sup>[21,22]</sup>,2种毒株的共存导致了重组毒株出现和流行,随后在我国IDU人群中发现2种重组毒株(CRF07\_BC,CRF08\_BC)流行<sup>[23,24]</sup>。最新的研究表明,其中CRF07\_BC分成2个(新疆和云南)进化支,经由不同的毒品转运途径,一支从新疆传播至辽宁、江苏、黑龙江、北京、广东等地,另一支从云南传播至台湾;而CRF08\_BC亚型自1994年左右从云南向东北传播到辽宁,于1995年左右向东传播到广西<sup>[7]</sup>。20世纪90年代初期,B'亚型从云南传播至我国中部既往有偿采供血人群,其后由该人群通过性传播扩散到其他地区<sup>[25]</sup>。1994年,在泰国返回我国云南的女性性工作者中发现了CRF01\_AE重组亚型<sup>[26]</sup>,其后在广西与越南边境的吸毒人群中发现了CRF01\_AE亚型<sup>[27]</sup>。我国CRF01\_AE病毒株存在7个主要流行簇,流行簇1、2、3主要在我国南方及西南地区的异性性传播人群及IDU人群中流行,流行簇4、5主要在我国北部地区的MSM人群中流行,流行簇6、7主要在我国东南及西南地区异性性传播人群中分布<sup>[6]</sup>。

我国华中地区以B'亚型流行为主,西北地区以CRF07\_BC亚型为主,且该2个地区HIV-1的流行较稳定,与中部地区HIV感染者主要为有偿献血人群,西北地区HIV感染者主要为吸毒人群相一致。东北

地区以CRF01\_AE重组亚型流行为主,B亚型次之,且时间趋势分析显示,东北地区HIV-1毒株流行较稳定,说明该地区传染源较单一。华北地区及华东地区HIV-1毒株流行类似,CRF01\_AE亚型所占比例逐年增高,2007年以来已成为两地区的主要优势毒株,这与我国自2007年,传播途径由以吸毒人群为主转为以性传播途径为主,且所占比例逐年增高相一致<sup>[28]</sup>。华南地区为我国经济发达地区,人口移动和迁移频繁,易于各种高危行为和多种传播途径并存,HIV-1流行较复杂<sup>[29-31]</sup>,主要以CRF01\_AE亚型流行为主,B亚型、CRF07\_BC以及CRF08\_BC亚型均占一定的比重。云南省由于其独特的地理环境,多种传播途径共存以及高危人群的不断迁入<sup>[32]</sup>,使得多种HIV-1亚型及重组亚型共存于IDU人群及异性性传播人群中,利于重组亚型的出现<sup>[10]</sup>,而独特的地理及人文特征,使得云南省成为我国HIV-1各主要流行亚型的起源地<sup>[33]</sup>。本研究结果显示,在西南地区,除与其他地区一致的变化(CRF01\_AE所占比重增加)之外,各种独特重组亚型所占比例逐渐增高<sup>[32-34]</sup>,主要有新的BC重组型,CRF01\_AE/C以及CRF01\_AE/B/C,且总类型逐年增多,提示今后HIV-1各独特重组亚型可能在我国广泛流行,因此需要加强在西南地区的艾滋病防治工作,防止重组亚型传播。

本文通过对我国HIV分子流行病学文献回顾,了解我国HIV-1主要的流行毒株有CRF01\_AE、CRF07\_BC重组型,以及B'亚型。CRF01\_AE重组株主要在性传播人群中流行,包括异性性传播人群和MSM人群,且所占比例逐渐增加,近年已成我国优势流行毒株。最新研究表明,CRF01\_AE毒株具有强致病特性,感染CRF01\_AE病毒与低CD4<sup>+</sup>T淋巴细胞计数水平和X4细胞嗜性相关<sup>[35,36]</sup>,加大了我国艾滋病防治的难度;在MSM人群中发现多种新的重组亚型,由于MSM人群易感染一种以上的病毒,新的重组亚型可能在MSM人群将不断的出现;在我国西南地区各种独特重组亚型所占比例逐渐增高,提示今后HIV-1各独特重组亚型在我国可能广泛流行。

#### 参 考 文 献

- [1] Wang LD. HIV/AIDS [M]. Beijing: Beijing Press, 2009. (in Chinese)
- [2] Geretti AM. HIV-1 subtypes: epidemiology and significance for HIV management[J]. Curr Opin Infect Dis. 2006, 19(1): 1-7.
- [3] Shao YM, Su L, Xing H, et al. HIV molecular epidemic research

- in China[J]. Bull Med Res, 2000, 29(11): 19. (in Chinese)  
邵一鸣, 苏玲, 邢辉, 等. 全国范围艾滋病病毒分子流行病学研究[J]. 医学研究, 2000, 29(11): 19.
- [4] Group for HIV Molecular Epidemiologic Survey. Project Summary for National HIV Molecular Epidemiology and Database Establishment[R]. 2004. (in Chinese)  
“全国艾滋病病毒分子流行病学调查及数据库的建立”项目组. “全国艾滋病病毒分子流行病学调查及数据库的建立”项目总结[R]. 2004
- [5] He X, Xing H, Ruan Y, et al. A comprehensive mapping of HIV-1 genotypes in various risk groups and regions across China based on a nationwide molecular epidemiologic survey[J]. PLoS One, 2012, 7(10): e47289.
- [6] Feng Y, He X, Hsi JH, et al. The rapidly expanding CRF01\_AE epidemic in China is driven by multiple lineages of HIV-1 viruses introduced in the 1990s[J]. AIDS, 2013, 27(11): 1793-1802.
- [7] Liu J, Zhang C. Phylogeographic analyses reveal a crucial role of Xinjiang in HIV-1 CRF07\_BC and HCV 3a transmissions in Asia [J]. PLoS One, 2011, 6(8): e23347.
- [8] Yu XF, Chen J, Shao Y, et al. Two subtypes of HIV-1 among injection-drug users in southern China [J]. Lancet, 1998, 351(9111): 1250.
- [9] Wang N, Wei H, Xiong R, et al. Near full-length genome characterization of a new CRF01\_AE/CRF08\_BC recombinant transmitted between a heterosexual couple in Guangxi, China[J]. AIDS Res Hum Retroviruses, 2014, 30(5): 484-488.
- [10] Yu XF, Wang X, Mao P, et al. Characterization of HIV type 1 heterosexual transmission in Yunnan, China [J]. AIDS Res Hum Retroviruses, 2003, 19(11): 1051-1055.
- [11] Li Y, Uenishi R, Hase S, et al. Explosive HIV-1 subtype B' epidemics in Asia driven by geographic and risk group founder events[J]. Virology, 2010, 402(2): 223-227.
- [12] Wang W, Xu J, Jiang S, et al. The dynamic face of HIV-1 subtypes among men who have sex with men in Beijing, China [J]. Curr HIV Res, 2011, 9(2): 136-139.
- [13] Wang W, Jiang S, Li S, et al. Identification of subtype B, multiple circulating recombinant forms and unique recombinants of HIV type 1 in an MSM cohort in China [J]. AIDS Res Hum Retroviruses, 2008, 24(10): 1245-1254.
- [14] Hu Y, Wang S, Wu X, et al. Chinese herbal medicine-derived compounds for cancer therapy: A focus on hepatocellular carcinoma[J]. J Ethnopharmacol, 2013, 149(3): 601-612.
- [15] Wang W, Meng Z, Zhou M, et al. Near full-length sequence analysis of two new HIV type 1 unique (CRF01\_AE/B) recombinant forms among men who have sex with men in China [J]. AIDS Res Hum Retroviruses, 2012, 28(4): 411-417.
- [16] Guo H, Hu H, Zhou Y, et al. A novel HIV-1 CRF01\_AE/B recombinant among men who have sex with men in Jiangsu province, China [J]. AIDS Res Hum Retroviruses, 2014, 30(7): 706-710.
- [17] Li X, Feng Y, Yang Y, et al. Near full-length genome sequence of a novel HIV-1 recombinant form (CRF01\_AE/B) detected among men who have sex with men in Jilin province, China [J]. AIDS Res Hum Retroviruses, 2014, 30(7): 701-705.
- [18] Li X, Ning C, He X, et al. Near full-length genome sequence of a novel HIV type 1 second-generation recombinant form (CRF01\_AE/CRF07\_BC) identified among men who have sex with men in Jilin, China [J]. AIDS Res Hum Retroviruses, 2013, 29(12): 1604-1608.
- [19] Li H, Bar KJ, Wang S, et al. High multiplicity infection by HIV-1 in men who have sex with men [J]. PLoS Pathogen, 2010, 6(5): e1000890.
- [20] Chu TX, Levy JA. Injection drug use and HIV/AIDS transmission in China [J]. Cell Res, 2005, 15(11/12): 865-869.
- [21] Luo CC, Tian C, Hu D, et al. HIV-1 subtype C in China [J]. The Lancet, 1995, 345(8956): 1051-1052.
- [22] Graf M, Shao Y, Zhao Q, et al. Cloning and characterization of a virtually full-length HIV type 1 genome from a subtype B'-Thai strain representing the most prevalent B-clade isolate in China [J]. AIDS Res Hum Retroviruses, 1998, 14(3): 285-288.
- [23] Su L, Graf M, Zhang Y, et al. Characterization of a virtually full-length human immunodeficiency virus type 1 genome of a prevalent intersubtype (C/B') recombinant strain in China [J]. J Virol, 2000, 74(23): 11367-11376.
- [24] Piyasirisilp S, McCutchan FE, Carr JK, et al. A recent outbreak of human immunodeficiency virus type 1 infection in southern China was initiated by two highly homogeneous, geographically separated strains, circulating recombinant form AE and a novel BC recombinant [J]. J Virol, 2000, 74(23): 11286-11295.
- [25] Li Z, He X, Wang Z, et al. Tracing the origin and history of HIV-1 subtype B' epidemic by near full-length genome analyses [J]. AIDS, 2012, 26(7): 877-884.
- [26] Cheng H, Zhang J, Capizzi J, et al. HIV-1 subtype E in Yunnan, China [J]. Lancet, 1994, 344(8927): 953-954.
- [27] Chen J, Young NL, Subbarao S, et al. HIV type 1 subtypes in Guangxi province, China, 1996 [J]. AIDS Res Hum Retroviruses, 1999, 15(1): 81-84.
- [28] Ministry of Health of People's Republic of China, Joint United Nations Programme on HIV and AIDS, WHO. 2011 Estimates for the HIV/AIDS Epidemic in China [J]. Chin J AIDS STD, 2012, 18(1): 1-5. (in Chinese)  
中华人民共和国卫生部, 联合国艾滋病规划署, 世界卫生组织. 2011年中国艾滋病疫情估计 [J]. 中国艾滋病性病, 2012, 18(1): 1-5.
- [29] Chen S, Cai W, He J, et al. Molecular epidemiology of human immunodeficiency virus type 1 in Guangdong province of southern China [J]. PLoS One, 2012, 7(11): e48747.
- [30] Chen JH, Wong KH, Chen Z, et al. Increased genetic diversity of HIV-1 circulating in Hong Kong [J]. PLoS One, 2010, 5(8): e12198.
- [31] Yao X, Wang H, Yan P, et al. Rising epidemic of HIV-1 infections among general populations in Fujian, China [J]. J Acquir Immune Defic Syndr, 2012, 60(3): 328-335.
- [32] Li L, Han N, Lu J, et al. Genetic characterization and transmitted drug resistance of the HIV type 1 epidemic in men who have sex with men in Beijing, China [J]. AIDS Res Hum Retroviruses, 2013, 29(3): 633-637.
- [33] Su YZ, Ma YL, Jia MH, et al. Update on diversity and distribution of HIV-1 subtypes in Yunnan province [J]. Epidemiol Infect, 2013, 141(11): 2418-2427.
- [34] Yuan Q, Liu C, Liang Z, et al. The comparison of genetic variation in the envelope protein between various immunodeficiency viruses and equine infectious anemia virus [J]. Virol Sin, 2012, 27(4): 241-247.
- [35] Li X, Xue Y, Zhou L, et al. Evidence that HIV-1 CRF01\_AE is associated with low CD4<sup>+</sup>T cell count and CXCR4 co-receptor usage in recently infected young men who have sex with men (MSM) in Shanghai, China [J]. PLoS One, 2014, 9(2): e89462.
- [36] Li Y, Han Y, Xie J, et al. CRF01\_AE subtype is associated with X4 tropism and fast HIV progression in Chinese patients infected through sexual transmission [J]. AIDS, 2014, 28(4): 521-530.

(收稿日期: 2014-04-09)

(本文编辑: 王岚)