



# 新冠病毒与艾滋病毒的进化模式比较

刘满清

武汉市疾病预防控制中心

新冠肺炎疫情仍在全球范围内肆虐，截至 2021 年 8 月底，已造成超过 2.2 亿人感染，450 多万人死亡。在疫情发生后，尽管多种原理的新冠肺炎疫苗被研发并投入使用，但人们仍对持续变异的新冠病毒表示担忧。目前，世界卫生组织将变异的新冠病毒分为 4 种类型：值得高度关注变异株 (Variant of high concern, VOHC)；值得关注变异株 (Variant of concern, VOC)，包括 Alpha (B.1.1.7)、Beta (B.1.351)、Gamma (P.1)、Delta (B.1.617.2)；待观察变异株 (Variant of interest, VOI)，包括 Eta (B.1.525)、Lota (B.1.526)、Kappa (B.1.617.1)、Lambda (C.37)；需要进一步观察株 (Variant under investigation, VUI)。这些变异株，尤其是最近备受关注的德尔塔变异株，呈现出传播力强、载毒量高、存在免疫逃逸的可能等特点，对现行的疫苗接种策略形成挑战。2021 年 6 月 2 日，*Cell Host & Microbe* 杂志在线发表了一篇题为“HIV-1 and SARS-CoV-2: Patterns in the Evolution of Two Pandemic Pathogens”的文章<sup>[1]</sup>，详细阐述了艾滋病毒 (HIV-1) 和新冠病毒 (SARS-CoV-2) 这两种病毒在进化模式上的相似之处和差异所在。

目前，HIV 主要包括 HIV-1 和 HIV-2 两种基因型，其中 HIV-1 广泛分布于世界各地，是引起全球艾滋病流行的主要毒株。HIV-1 型毒株又可以分为

M、O、N、P 四个组，其中 M 组为全球主要流行株，另外三种比较少见。在 M 组中，进一步细分为 9 种以上不同 HIV-1 亚型，包括 A、B、C、D、F、G、H、J、以及流行重组株 (Circulating Recombinant Forms, CRF) 等。比较 2000-2005 年和 2015-2020 年两个为期 6 年的观察周期内 HIV 亚型的全球分布 (图 1) 发现，C 亚型主要在南部非洲和印度流行，西半球主要是 B 亚型在流行，而 C 亚型在北美近年来才开始流行；A 亚型的 A6 子系仍然是俄罗斯和前苏联国家最常见的毒株；AG 重组的 CRF02 毒株仍然在西非和中非地区主要流行。

是不是发现新冠病毒的变异株和 HIV 的分类一样复杂？其实，新冠病毒在 2020 年疫情暴发之初就与 HIV 结下了渊源。首先是 1 月 31 日 bioRxiv 发表了印度的一篇预印本文章，声称新冠病毒部分片段与艾滋病毒有惊人的相似性，但因其不具有科学性被作者迅速撤回，并遭到众多遗传学家和生物学家的批判。其次，我国临床专家在 2020 年疫情暴发初期发现，部分艾滋病抗病毒药物在新冠肺炎临床救治上取得一定疗效，国家卫生健康委颁布的《新型冠状病毒感染的肺炎诊疗方案 (试行第三版)》中指出，用于艾滋病治疗的药物克立芝可试用于新型冠状病毒的抗病毒治疗<sup>[2]</sup>，但由于其较大的副作用，很快被其他药物代替。另外，科学家们在新冠肺炎患者的临床研究中发现，新冠病毒能像艾滋病毒一样造成感染者免疫缺陷，部分患者 T 细胞和 B 细胞处于不活跃状态。美国 Whitehead 生物研究所的

DOI: 10.14218/MRP.2021.132

通讯作者：刘满清 Email: liumq33@hotmail.com

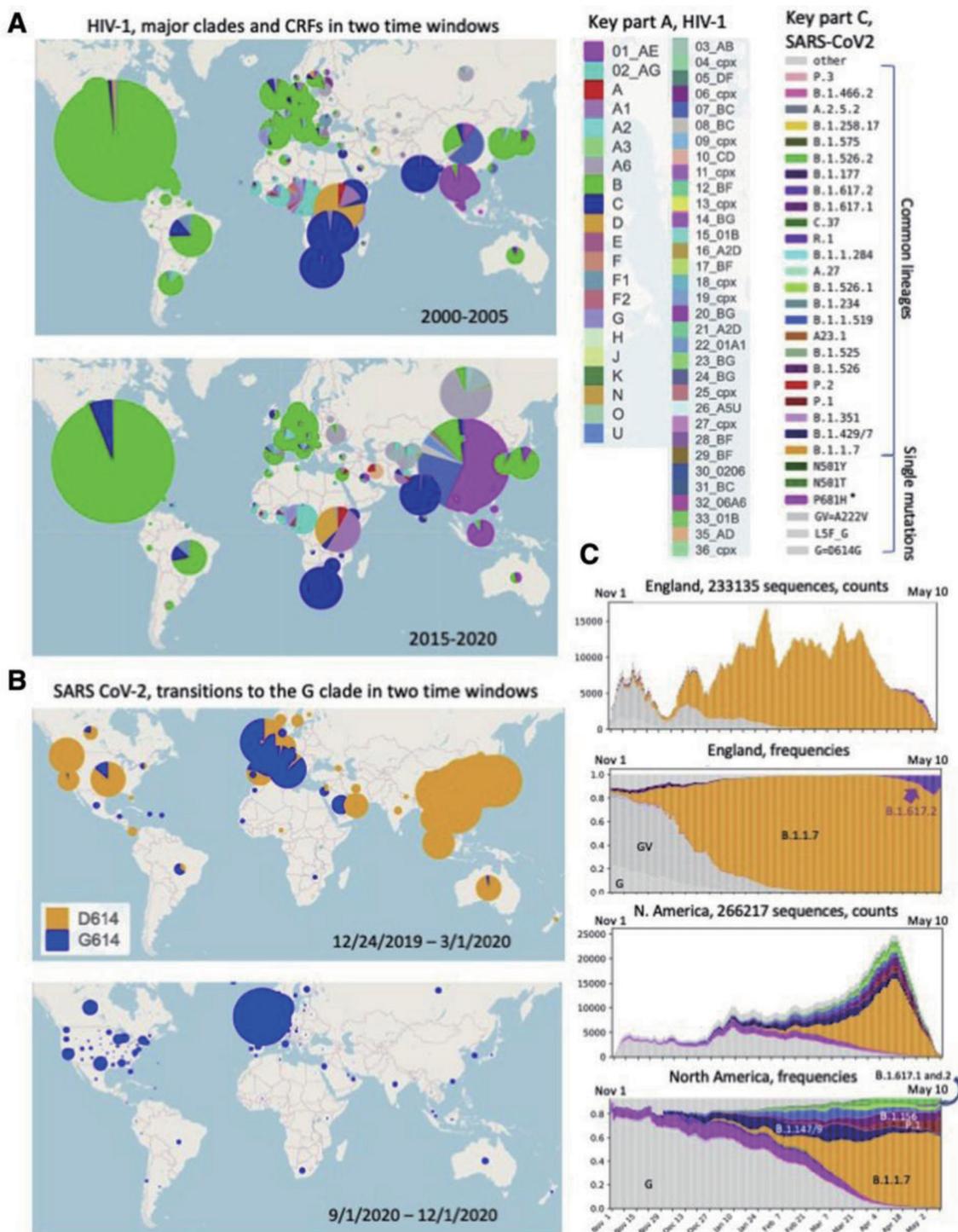


图1 艾滋病病毒与新冠病毒全球主要流行变化的比较（图片来源于：<https://els-jbs-prod-cdn.jbs.elsevierhealth.com/cms/attachment/53bd1355-2cff-428e-91b8-a730ebad080c/gr5.jpg>）。

科学家在 PNAS 杂志上发表论文证明<sup>[3]</sup>，新冠病毒 RNA 可以像艾滋病病毒一样被逆转录并整合到感染细胞的基因组中，但整合的新冠病毒亚基因组序列并不会产生具有传染性的新冠病毒。

因此，同为 RNA 病毒的新冠病毒和艾滋病病毒在进化模式和致病机理上具有相似之处。在进化模式上，他们都使用单核苷酸突变、多碱基插入、缺失、重组和表面聚糖等变异方式在免疫压力下进化

选择，并且形成具有在关键表位区域发生突变的循环变异株，这些变异株赋予对中和抗体的相对抗性。尤其是发生在刺突蛋白 Spike 上的突变，使新冠病毒与宿主细胞表面 ACE2 受体结合的能力明显增强，从而使病毒传播力更强。

总之，参考 HIV-1 在全球范围内的监测和进化分析成果，以及临床抗病毒治疗药物的使用，可以为新冠病毒的遗传变异研究、疫苗研发、临床治疗等研究提供帮助。

值得庆幸的是，目前的监测表明，新冠病毒的变异速度较慢。将来，我们也可以借助成熟的流感

病毒监测网络开展新冠病毒监测。

#### 参考文献

- [1] Fischer W, Giorgi EE, Chakraborty S, Nguyen K, Bhattacharya T, Theiler J, *et al.* HIV-1 and SARS-CoV-2: Patterns in the evolution of two pandemic pathogens. *Cell Host Microbe* 2021;29(7):1093–1110.
- [2] 上海公共卫生临床中心：抗艾滋药物对新冠肺炎治疗有效。 [https://www.guancha.cn/politics/2020\\_01\\_25\\_533031.shtml](https://www.guancha.cn/politics/2020_01_25_533031.shtml).
- [3] Zhang L, Richards A, Barrasa MI, Hughes SH, Young RA, Jaenisch R. Reverse-transcribed SARS-CoV-2 RNA can integrate into the genome of cultured human cells and can be expressed in patient-derived tissues. *Proc Natl Acad Sci U S A* 2021;118(21):e2105968118.

