· 综 述 ·

丙型肝炎病毒基因型流行特征和分型技术进展

宋芳，白雪，李翔，王培生 综述；廖秀峰 审校

乌鲁木齐市疾病预防控制中心（乌鲁木齐市卫生监督所），新疆 乌鲁木齐 830026

摘要：丙型病毒性肝炎是由丙型肝炎病毒（HCV）感染引起的传染病，也是全球重大公共卫生问题之一。HCV具有高度遗传异质性，其基因型/亚型多态性是决定病毒传播演化、致病机制及临床诊疗决策的生物学基础。本文系统检索PubMed、Web of Science、中国知网和万方数据知识服务平台等数据库，纳入并分析近30年内发表的关于HCV基因型/亚型分子流行病学和分型技术进展的相关文献。全球HCV流行呈地域聚集性，以GT1、GT3和GT4基因型为主，我国HCV亚型分布由1b、2a向3a、3b和6a亚型转变。高通量测序及多靶区联合验证技术逐步取代传统PCR/线性探针技术，未来需依托基因型数据构建筛查—确证—治疗—随访的全流程闭环管理体系，为我国达成2030年消除病毒性肝炎战略目标提供依据。

关键词：丙型肝炎病毒；基因型；基因型分型；亚型

中图分类号：R512.6+3 **文献标识码：**A **文章编号：**2096-5087（2026）09-0907-05

Epidemiological characteristics and evolution of genotyping technologies for hepatitis C virus genotypes

SONG Fang, BAI Xue, LI Xiang, WANG Peisheng, LIAO Xiufeng

Urumqi Center for Disease Control and Prevention (Urumqi Institute of Public Health Supervision), Urumqi, Xinjiang 830026, China

Abstract: Hepatitis C is an infectious disease caused by infection with the hepatitis C virus (HCV) and is one of the major global public health issues. HCV exhibits high genetic heterogeneity, and the polymorphism of its genotypes and subtypes forms the biological basis for viral transmission and evolution, pathogenic mechanisms, and clinical diagnosis and treatment decisions. In this review, relevant literature published in the past 30 years on the molecular epidemiology of HCV genotypes / subtypes and advances in genotyping techniques was systematically retrieved and analyzed from PubMed, Web of Science, CNKI and Wanfang Data Knowledge Service Platform. The global HCV epidemic exhibits spatial-temporal clustering, with genotypes 1 (GT1), 3 (GT3) and 4 (GT4) predominating, whereas the HCV subtype distribution in China has shifted from subtypes 1b and 2a to subtypes 3a, 3b and 6a. High-throughput sequencing and multi-target combined verification techniques are gradually replacing conventional PCR/line probe assays. In the future, genotype data should be utilized to construct a closed-loop management system covering the entire process of screening, confirmation, treatment and follow-up, so as to provide the evidence for achieving China's strategic goal of eliminating viral hepatitis by 2030.

Keywords: hepatitis C virus; genotype; genotyping; subtype

丙型病毒性肝炎是由丙型肝炎病毒（hepatitis C virus，HCV）感染引起的全球重大公共卫生问题之一。HCV为黄病毒科HCV属的有包膜单股正链RNA病毒[1]，其基因组全长9.6 kb，两端分别为高度保守的5'非翻译区（5'UTR）和3'非翻译区（3'UTR），中间为单一开放读码框，编码包含核心蛋白（Core）、包膜蛋白E1/E2和NS5B等非结构蛋白的多聚蛋白[2]。由于HCV编码的RNA依赖的RNA聚合酶缺乏3'→5'外切酶的校正功能，E1/E2高变区易发生突变，使HCV在全球形成8个主要基因型和百余种亚型的变异格局，不同基因型间全基因组核苷

DOI：10.19485/j.cnki.issn2096-5087.2026.09.010

基金项目：“红山英才”培养计划医疗卫生高层次人才项目（HSYC2025WJB10）

作者简介：宋芳，硕士，副主任医师，主要从事疾病控制工作

通信作者：廖秀峰，E-mail：30434829@qq.com

酸差异为33%~34%，同一基因型下不同亚型核苷酸差异达到20%~23%[3]。上述特征不仅是研发高分辨率基因分型技术的核心靶点，也是开展分子流行病学溯源、制定个体化直接抗病毒药物（direct-acting antivirals，DAA）治疗方案的关键分子生物学依据。本文系统检索了PubMed、Web of Science、中国知网和万方数据知识服务平台数据库，纳入近30年内发表的关于HCV基因型/亚型相关文献，系统综述HCV基因型/亚型流行特征和分型技术进展，为我国实现2030年消除病毒性肝炎战略目标提供依据。

1 HCV基因型流行特征

全球范围内最常见的HCV基因型包括GT1、GT2、GT3、GT4、GT5、GT6、GT7和GT8，其中GT1、GT3和GT4比例较高，分别为44%、25%和15%[4]。GT1约起源于20世纪初至20世纪40年代[5]，最早通过吸毒人群在美国和加拿大传播，于20世纪40—50年代传至日本和中国香港[6]。GT2起源于16世纪30年代的非洲西部地区，17—18世纪在西非与中非广泛传播，后受人口迁移影响传入亚洲并快速传播，但其流行比例仍以西非地区最高[7-8]。GT3约在20世纪20—30年代起源于巴基斯坦，后经跨境传播传入欧洲和中国西南地区，当前GT3主要分布在亚洲南部和大洋洲，且流行比例呈上升趋势[9-10]。GT4约在16世纪40年代起源于中非地区，1935—1965年广泛传播，可能与使用不洁针具治疗锥虫病造成的医源性传播有关[11]。GT5主要分布在在非洲南部和中部地区，其中5a亚型起源于非洲，并于19世纪中期随贸易活动、人员往来、输血和血制品传入欧洲部分地区[12]。GT6的亚型数量最多，约在12世纪初—14世纪中期起源于东南亚地区，现流行于东亚地区[13]。GT7最早发现于刚果（金）移民中，GT8则首次在印度旁遮普邦移民中被检出[14]。

20世纪90年代以前，我国最常见的HCV亚型为1b，其次为2a，亦可见1b与2a混合感染，此后GT3和GT6开始在国内出现[15]。21世纪初，3a、3b和6a亚型在我国西南和华南地区流行比例明显增加，并逐步向全国传播；除西北和中部地区外，其他地区1b亚型的流行比例均下降。与2000年前相比，2010年后1b亚型流行比例由72%降至54%[16-17]。同时，3b和3a亚型流行比例呈上升趋势，2b、4a、5a、6b和6n等少见亚型也陆续被检出，HCV亚型谱逐渐丰富[18]。Meta分析结果显示，2012—2014年我国6a亚型流行比例超过2a亚型，成为第二大亚型[19]。2016—2020年，GT1是我国主要流行基因型，但3a亚型、3b亚型、GT6和未确定基因型流行比例均有所升高，3b亚型成为第三大基因型[20]。近年来，3b亚型流行比例在我国北部地区呈下降趋势，在其他地区则表现为上升趋势[21]。过去30年间，我国HCV基因型分布格局发生显著改变，1b亚型流行比例快速回落，3a、3b和6a亚型流行比例大幅升高，GT3和GT6流行比例持续增长[16]。

2 分型技术进展

2.1 HCV基因型/亚型分型技术方法

HCV基因型分型主要依赖对病毒基因组特定区域的系统进化分析，目前常用靶区包括5'UTR、Core区、E1/E2高变区和NS5B区。5'UTR高度保守，是商业试剂盒和临床筛查的首选靶区，确保了较高的扩增效率与灵敏度[22]。然而，其进化速率较慢、信息位点有限，难以精确区分亲缘关系极近的亚型，在识别重组株及特殊基因型时易出现误判或扩增失败。Core区和E1/E2高变区多态性相对较高，常作为5'UTR的补充以提高亚型分辨力；但E1/E2高变区因编码包膜蛋白直接暴露于宿主免疫系统，序列变异模式不规则，单独使用易产生系统发育偏差[23]。NS5B区因具备适中的进化速率与丰富的多态性位点，被视为界定亚型的参考区域[24]。尽管NS5B区对低载量样本的扩增成功率不如5'UTR，引物设计难度较高，但在科学研究和复杂病例中，多靶区联合验证仍是确保准确性的关键方法。

当前HCV分型面临的核心难点在于分型与分亚型的精确度不足。临床常规分型仅区分主要基因型，5'UTR单靶区即可满足要求；而精准分亚型需在更小的遗传尺度上进行精细划分，单一靶区往往难以满足。早期线性探针技术（line probe assay，LiPA）、限制性片段长度多态性技术（restriction fragment length polymorphism，RFLP）和PCR技术在基因型分型中与测序结果一致性高，而在亚型分型中常出现不确定结果或误判[25]。现代分型策略更倾向于多靶区联合验证，以兼顾灵敏度与分辨率，对于指导个体化治疗具有重要意义。

2.2 HCV基因型分型技术进展

2.2.1 测序技术

HCV基因型分型中基于序列读长的技术路线，核心任务已从早期读取优势株序列、辨别基因型/亚型，转变为深度读取内部变异结构，提取流行病学与临床决策信息。这一转变主要由高通量测序技术

驱动，并正在向三代长读长测序与标准化生物信息学流程延伸。

Sanger 法凭借其单碱基高准确性，长期以来被视为 HCV 基因型分型的“金标准”。其能够提供高置信度的一致性序列，是复核二代测序（next-generation sequencing，NGS）结果、确证新亚型及重组断点的基准参照。然而，受限于 15%~20% 的检测灵敏度[25-26]，当样本中存在混合感染或多样性极高时，Sanger 法极易漏检低丰度次要变异株，限制了其在复杂感染场景中的应用。对于需解析准种内部结构或明确混合感染构成的场景，通常需借助深度测序技术予以补充。

高通量短读长测序是 NGS 的核心技术，是当前深度分型的主手段。目前成熟的进展体现在 5'UTR/Core/NS3/NS5A/NS5B 靶向区扩增深度测序，可将次要变异株检出下限降低至 2%~5% 甚至更低[26-27]，从而量化混合感染。相比传统 LiPA，靶向 NGS 显著降低了基因型/亚型误判风险。但因 5'UTR 高度保守，在精细亚型鉴定与重组排查中常需补测 NS5B 区和 E1/E2 高变区。

单分子长读长测序（long-read sequencing，LRS）是近年来发展迅速的新型测序技术，能够在单分子水平获得长片段序列信息。随着测序技术从读碱基向读单分子单倍型与重组断点演进，第三代（third-generation sequencing，TGS）长读长测序为 HCV 准种结构与复杂变异解析提供了新的可能。牛津纳米孔科技测序通过逆转录-PCR 条形码近全长扩增子策略，可实现约 9.6 kb 的读长[28]。该技术能在单分子水平直接观测不同基因组区段的自然组合关系，从而更直观地定位重组断点，并解析单分子单倍型结构。PacBio 单分子实时测序通过环形一致性测序，可在约 10~20 kb 的读长下达到≥99.9% 的单分子碱基精度[29]，在区分哪些变异株真实共存于同一基因组的问题上，较传统短读长拼接更具说服力。然而，在 HCV 研究中应用 LRS 仍面临现实问题，HCV 为低拷贝正链 RNA 病毒，近全长扩增需经历逆转录和长片段 PCR，步骤越多越易引入体外重组与扩增偏倚。因此，目前 LRS 更多应用于方法学验证、耐药株溯源和重组株鉴定等高价值但样本量相对受限的场景，尚无法替代 NGS 成为大规模分子流行病学监测的主要方法。

2.2.2 探针杂交技术

基于探针杂交的靶向检测路线，聚焦于 5'UTR 和 Core 等保守靶区的特异性识别。以特异性探针荧光 PCR 法与基因芯片法为代表的 2 种技术，虽原理各异，却均能满足靶向检测技术低成本、易普及和快分流的核心要求。特异性探针荧光 PCR 法：尽管测序技术不断向长读长与高深度演进，基于 5'UTR 和 Core 区的特异性探针荧光 PCR 法凭借其闭管操作、低成本及与病毒载量检测平台兼容的特性，仍是临床首选技术[30]。该路线近年并无颠覆性技术更替，其发展主要表现为工程化改良，靶点冗余设计防漏检、病毒样颗粒/装甲 RNA 内标系统全程质控升级和引入 Core 辅助锚点改善亚型拆分。这些改良的目的不是追求测序级分辨率，而在于不漏诊、快分流的公共卫生职能[31-32]。基因芯片法：与特异性探针荧光 PCR 法侧重单样本快速闭管检测不同，基因芯片法的优势在于 1 次并行筛查多种基因型，曾在流行病学调查中发挥重要作用。在 HCV 基因型分型中的典型代表是反向杂交 LiPA，将 5'UTR 和 Core 区的基因型/亚型特异性寡核苷酸探针固化于膜条或芯片表面，与标记 PCR 产物杂交，凭杂交图谱判读基因型。然而，受限于 5'UTR 靶区的高度保守性，该方法存在对重组株及非典型株甄别、开管操作繁琐和低载量灵敏度不足等短板，正逐步被闭管实时荧光 PCR 法和高通量测序 NGS 法取代[33-34]。

2.2.3 酶切或引物特异性技术

该类技术依托已知序列特征建立，是 HCV 基因分型从血清学迈向核酸水平的早期标志。其分型逻辑均依赖对预设序列的绝对匹配，虽具创新性，但难以应对病毒的高度变异性。限制性片段长度多态性分析法：通过通用引物扩增靶序列（多为 5'UTR），利用不同基因型在特定位点的酶切位点差异，经限制性内切酶消化后产生特征性长度片段，通过电泳条带图谱判型。该方法曾是早期重要的分型手段，但因操作流程繁琐、通量低，且 5'UTR 的高度保守性限制了近缘亚型的分辨率，目前已逐步退出临床主流应用[35]。特异性引物 PCR 法：依赖预设的引物序列，仅能与完全匹配的靶序列结合扩增。对预设型别库以外的病毒，存在漏检盲区，是被特异性探针荧光 PCR 法与测序技术逐步取代的主要原因之一[36]。

2.3 分型测序策略的应用

随着 DAA 的普及，HCV 基因型分型的临床需求不仅包括常规用药指导，也涵盖耐药监测、传播溯源和复杂感染鉴别诊断，推动分型技术向更高分辨率和更精细化方向演进[37]。基于特异性探针荧光 PCR 法凭借其高通量与自动化优势，仍是目前临床一线的主流初筛技术，可高效完成常见基因型的快速分流。

对于特异性探针荧光 PCR 法无法识别的罕见亚型及重组株，Sanger 法因其单碱基高分辨率和结果可追溯性，仍是解决“未定型”争议及确证经典耐药位点的“金标准”。当面对 DAA 治疗失败、静脉吸毒等高危人群的复杂混合感染时，NGS 通过超深度覆盖，能够捕获 Sanger 法难以检出的低频耐药相关替代及隐匿性亚型，为剖析治疗失败机制提供依据[28]。而在重组株的断点定位及准种单倍型连锁分析等复杂场景中，则必须依赖 LRS 提供全长基因组视野[38]。分析流程的标准化是确保原始测序数据转化为可靠临床证据的基石。建立可重复、可对比的方法学标准才能明确区分真实的流行病学变迁与技术分辨率提升所致的检测偏倚，为防控策略的制定提供可靠依据。

3　局限性与展望

HCV 基因型分型技术历经了从早期基于 5'UTR 的 PCR-RFLP 与 LiPA 探针杂交，到以 Core/E1/E2/NS5b 为靶区的 Sanger 法，再到基于高通量测序 NGS 的全长或近全长基因组解析的发展。受限于早期基于 5'UTR 或 LiPA 的分型策略对亲缘关系较近的亚型分辨率不足，常将遗传复杂性简化为混合型或未分型，掩盖了 HCV 基因型的真实多样性。本文在分析基因型/亚型流行特征时，部分历史数据仅能在基因型层面进行比较分析，不可避免地降低了针对亚型分析的精确度。此外，文献中报道某些亚型流行比例的变化趋势不同，可能在一定程度是由于分型技术灵敏度提升与分类标准变化，而非完全真实的流行病学改变。

未来研究重点需从单一技术迭代向多维度防控转变。建议构建涵盖全基因组的高分辨率系统发育树，深度融合人群行为学数据，以实现对 HCV 传播网络的精准阻断。在此基础上，通过构建筛查—确证—治疗—随访的闭环式全流程管理体系，推动相关公共卫生策略的落地，实现 2030 年消除病毒性肝炎的战略目标。

参考文献

[1] Simmonds P, Becher P, Bukh J, et al.ICTV virus taxonomy profile: flaviviridae [J].J Gen Virol, 2017, 98 (1): 2-3.

[2] 张翠，邱茂锋 .HCV 抗病毒药物耐药突变检测方法的研究进展 [J]. 分子诊断与治疗杂志，2026，18 (3)：445-448，452.

[3] 陈嵩 . 丙型肝炎的病理生理学及抗病毒治疗 [J]. 中华临床医师杂志，2012，6 (20)：21-23.

[4] Spearman C W, Dusheiko G M, Hellard M, et al. Hepatitis C [J].Lancet, 2019, 394 (10207): 1451-1466.

[5] Magiorkinis G, Magiorkinis E, Paraskevis D, et al. The global spread of hepatitis C virus 1a and 1b: a phylodynamic and phylogeographic analysis [J/OL].PLoS Med, 2009, 6 (12) [2026-09-07].http://doi.org/10.1371/journal.pmed.1000198.

[6] Blach S, Zeuzem S, Manns M, et al.Global prevalence and genotype distribution of hepatitis C virus infection in 2015: a modelling study [J]. Lancet Gastroenterol Hepatol, 2017, 2 (3): 161-176.

[7] Markov P V, Pepin J, Frost E, et al.Phylogeography and molecular epidemiology of hepatitis C virus genotype 2 in Africa [J].J Gen Virol, 2009, 90 (9): 2086-2096.

[8] Postigo-Hidalgo I, Magassouba N, Soropogui B, et al.Association of hepatitis C virus genotype 2 spread with historic slave trade and commerce routes in Western Africa [J/OL]. Virus Evolution, 2022, 8 (2) [2026-09-07].http://doi.org/10.1093/ve/veac066.

[9] Khan A, Tanaka Y, Azam Z, et al.Epidemic spread of hepatitis C virus genotype 3a and relation to high incidence of hepatocellular carcinoma in Pakistan [J]. J Med Virol, 2009, 81 (7): 1189-1197.

[10] Chan A, Patel K, Naggie S.Genotype 3 infection: the last stand of hepatitis C virus [J].Drugs, 2017, 77 (2): 131-144.

[11] Njouom R, Frost E, Deslandes S, et al.Predominance of hepatitis C virus genotype 4 infection and rapid transmission between 1935 and 1965 in the Central African Republic [J]. J Gen Virol, 2009, 90 (10): 2452-2456.

[12] Henquell C, Guglielmini J, Verbeeck J, et al.Evolutionary history of hepatitis C virus genotype 5a in France, a multicenter ANRS study [J].Infect Genet Evol, 2011, 11 (2): 496-503.

[13] Petruzziello A, Marigliano S, Loquercio G, et al.Global epidemiology of hepatitis C virus infection: an up-date of the distribution and circulation of hepatitis C virus genotypes [J].World J Gastroenterol, 2016, 22 (34): 7824-7840.

[14] Borgia S M, Hedskog C, Parhy B, et al.Identification of a novel hepatitis C virus genotype from punjab, India: expanding classification of hepatitis C virus into 8 genotypes [J]. J Infect Dis, 2018, 218 (11): 1722-1729.

[15] Wang Y, Okamoto H, Tsuda F, et al. Prevalence, genotypes, and an isolate (HC-C2) of hepatitis C virus in Chinese patients with liver disease [J].J Med Virol, 1993, 40 (3): 254-260.

[16] Du G P, Li X S, Musa T H, et al.The nationwide distribution and trends of hepatitis C virus genotypes in mainland China [J].J Med Virol, 2019, 91 (3): 401-410.

[17] 张海莹，饶慧瑛，陈红松 . 中国丙型肝炎病毒感染的现状及清除进程 [J]. 临床肝胆病杂志，2024，40 (4)：649-653.

[18] 苏迎盈，刘慧鑫，汪宁 . 中国丙型肝炎病毒基因型分布 [J]. 中华流行病学杂志，2013，34 (1)：80-84.

[19] 聂滨，张开炯，刘靳波，等 . 中国丙型肝炎病毒基因型分布回顾及 Meta 分析 [J]. 检验医学与临床，2016，13 (20)：2876-2881.

[20] 黄睿，饶慧瑛 .“消除”背景下的丙型肝炎病毒感染现状及筛查、诊断对策 [J]. 诊断学理论与实践，2024，23 (1)：1-8.

[21] World Health Organization.Guidance for country validation of viral

hepatitis elimination and path to elimination: technical document [EB/OL]. [2026-09-07].https://www.who.int/publications/i/item/9789240078635.

[22] Pawlotsky J M.Hepatitis C virus genetic variability: pathogenic and clinical implications [J].Clin Liver Dis, 2003, 7 (1): 45-66.

[23] Hraber P T, Fischer W, Bruno W J, et al.Comparative analysis of hepatitis C virus phylogenies from coding and non-coding regions: the 5' untranslated region (UTR) fails to classify subtypes [J/OL].Virol J, 2006, 3 [2026-09-07].http://doi.org/10.58837/chula.the.2003.727.

[24] Smith D B, Bukh J, Kuiken C, et al.Expanded classification of hepatitis C virus into 7 genotypes and 67 subtypes: updated criteria and genotype assignment web resource [J].Hepatology, 2014, 59 (1): 318-327.

[25] Caputo V, Diotti R A, Boeri E, et al.Detection of low-level HCV variants in DAA treated patients: comparison amongst three different NGS data analysis protocols [J/OL].Virol J, 2020, 17 (1) [2026-09-07].http://doi.org/10.1186/s12985-020-01381-3.

[26] Manso C F, Bibby D F, Lythgow K, et al.Technical validation of a hepatitis C virus whole genome sequencing assay for detection of genotype and antiviral resistance in the clinical pathway [J/OL]. Front Microbiol, 2020, 11 [2026-09-07].http://doi.org/10.3389/fmicb.2020.576572.

[27] Lapointe H R, Dong W Y, Dong W W Y, et al.Validation of a genotype-independent hepatitis C virus near-whole genome sequencing assay [J/OL].Viruses, 2021, 13 (9) [2026-09-07]. http://doi.org/10.3390/v13091721.

[28] Riaz N, Leung P, Barton K, et al.A daptation of oxford nanopore technology for hepatitis C whole genome sequencing and identification of within-host viral variants [J/OL].BMC Genom, 2021, 22 (1) [2026-09-07].http://doi.org/10.1186/s12864-021-07460-1.

[29] Baid G, Cook D E, Shafin K, et al.Deep consensus improves the accuracy of sequences with a gap-aware sequence transformer [J].Nat Biotechnol, 2023, 41 (2): 232-238.

[30] Nieto-Aponte L, Quer J, Ruiz-Ripa A, et al.Assessment of a novel automatic real-time PCR assay on the Cobas 4 800 analyzer as a screening platform for hepatitis C virus genotyping in clinical practice: comparison with massive sequencing [J].J Clin Microbiol, 2017, 55 (2): 504-509.

[31] Meng S, Li J M.A novel duplex real-time reverse transcriptase-polymerase chain reaction assay for the detection of hepatitis C viral RNA with armored RNA as internal control [J/OL].Virol J, 2010, 7 [2026-09-07].http://doi.org/10.1186/1743-422X-7-117.

[32] Stelzl E, Appel H M, Mehta R, et al.Evaluation of the new cobas® HCV genotyping test based on real-time PCRs of three different HCV genome regions [J].Clin Chem Lab Med, 2017, 55 (4): 517-521.

[33] Yusrina F, Chua C W, Lee C K, et al.Comparison of cobas® HCV GT against Versant HCV genotype 2.0 (LiPA) with confirmation by Sanger sequencing [J].J Virol Methods, 2018, 255: 8-13.

[34] Yang R F, Cong X, Du S C, et al.Performance comparison of the versant HCV genotype 2.0 assay (LiPA) and the abbott realti*me* HCV genotype II assay for detecting hepatitis C virus genotype 6 [J].J Clin Microbiol, 2014, 52 (10): 3685-3692.

[35] Daniel H D, David J, Raghuraman S, et al.Comparison of three different hepatitis C virus genotyping methods: 5'NCR PCR-RFLP, core type-specific PCR, and NS5b sequencing in a tertiary care hospital in South India [J/OL].J Clin Lab Anal, 2017, 31 (3) [2026-09-07].http://doi.org/10.1002/jcla.22045/.

[36] Warkad S D, Nimse S B, Song K S, et al.HCV detection, discrimination, and genotyping technologies [J/OL].Sensors, 2018, 18 (10) [2026-09-07].http://doi.org/10.3390/s18103423.

[37] Bhattacharya D, Aronsohn A, Price J, et al.Hepatitis C guidance 2023 update: American association for the study of liver diseases-infectious diseases society of America recommendations for testing, managing, and treating hepatitis C virus infection [J/OL].Clin Infect Dis, 2023, 319 [2026-09-07].http://doi.org/10.1093/cid/ciad319.

[38] Stelzl E, Haas B, Bauer B, et al.First identification of a recombinant form of hepatitis C virus in Austrian patients by full-genome next generation sequencing [J/OL].PLoS One, 2017, 12 (7) [2026-09-07].http://doi.org/10.1371/journal.pone.0181273.

收稿日期：2026-03-04 **修回日期**：2026-09-07 **本文编辑**：刘颖颖