

重庆市渝北区新报告 50 岁及以上人群 HIV-1 基因型及分子传播网络特征分析

刘惠, 李荻菲, 黄歆, 叶茂, 孙松松
重庆市渝北区疾病预防控制中心, 重庆 401120

摘要:目的 分析重庆市渝北区新报告 50 岁及以上人群 HIV-1 基因型及分子传播网络特征, 为该地区有效干预 HIV 传播提供科学参考依据。方法 收集 2022—2023 年新报告的 50 岁及以上 HIV/AIDS 血液样本用于基因分析, 通过计算 *Pol* 区基因距离构建分子网络, 对研究对象进入网络的相关因素及成簇病例特征进行分析。结果 获得 351 条 *Pol* 区基因序列, 共检测出 9 种 HIV-1 基因型, CRF07_BC 是最主要的传播亚型, 占 57.0% (200/351), 其次为 CRF08_BC 占 19.4% (68/351), 共有 201 条序列进入网络, 入网率为 57.3%, 形成 44 个簇, 簇内的节点数介于 2~25 个之间。60 岁及以上 (60~69 岁: $aOR = 2.25$, 95% $CI: 1.34 \sim 3.80$; 70~79 岁: $aOR = 2.93$, 95% $CI: 1.52 \sim 5.65$)、渝北本地户籍 ($aOR = 3.10$, 95% $CI: 1.74 \sim 5.52$)、基因型为 CRF07_BC ($aOR = 2.57$, 95% $CI: 1.47 \sim 4.50$) 更容易入网。高风险传播者在男性中的比例高于女性。结论 渝北区新报告 50 岁及以上 HIV/AIDS 的 HIV-1 基因型以 CRF07_BC、CRF08_BC 为主, 传播风险较高的重点传播簇基因型为 CRF07_BC, 应针对老年人高风险者加强干预, 动态监测分子网络, 指导精准干预。

关键词: 50 岁及以上人群; 艾滋病病毒; 基因型; 分子传播网络

中图分类号: R512.91 文献标志码: A 文章编号: 1003-8507(2024)24-4567-07

DOI: 10.20043/j.cnki.MPM.202405435

Analysis of HIV-1 genotypes and molecular transmission network among newly reported HIV/AIDS cases aged 50 and above in Yubei District of Chongqing

LIU Hui, LI Di-fei, HUANG Xin, YE Mao, SUN Song-song

Chongqing Yubei District Center for Disease Control and Prevention, Chongqing 401120, China

Abstract: Objective To analyze the genotypes and characteristics of HIV-1 transmission network of newly reported HIV/AIDS cases aged 50 and above in Yubei District of Chongqing and provide evidence for effective HIV-1 transmission prevention in Yubei District. **Methods** Blood sample of newly reported cases aged 50 and above in 2020-2023 were collected for genetic analysis, partial *Pol* gene sequences were obtained to construct molecular transmission network. The factors associated with the subjects entering network and characteristics of cluster were further analyzed. **Results** A total of 351 *Pol* gene sequences were obtained and 9 HIV-1 genotypes were detected. CRF07_BC (57.0%, 200/351) was the major subtypes, followed by CRF08_BC (19.4%, 68/351), the rate of network entry was 57.3%, and 44 clusters were formed. The number of nodes in clusters was between 2-25. People aged 60 and above (60-69 years old; $aOR = 2.25$, 95% $CI: 1.34 - 3.80$; 70-79 years old; $aOR = 2.93$, 95% $CI: 1.52 - 5.65$), with local household registration in Yubei ($aOR = 3.10$, 95% $CI: 1.74 - 5.52$) and genotype CRF07_BC ($aOR = 2.57$, 95% $CI: 1.47 - 4.50$) were more likely to have internet access. The proportion of high-risk spreaders was higher among males than among females. **Conclusion** CRF07_BC and CRF08_BC are the major genotypes of HIV/AIDS in people aged 50 years and above in Yubei District, and CRF07_BC is the genotype of key transmission cluster with high transmission risk. We should strengthen the intervention for the high-risk elderly, and monitor the molecular network dynamically to guide the precise intervention.

Keywords: Aged 50 and above; HIV-1; Genotype; Molecular transmission network

基金项目: 2023 年重庆市公共卫生重点专科(学科)建设项目, 重庆市渝北区科卫联合项目(2023YBKW13)

作者简介: 刘惠(1983—), 女, 硕士, 副主任医师, 研究方向: 艾滋病防治工作

通信作者: 刘惠, E-mail: 43351895@qq.com

近年来, 我国艾滋病老年感染者和病人(HIV/AIDS)明显增高^[1], 病例报告数逐年增加^[2], 50 岁及以上人群病例占比从 2011 年的 22.0% 上升到 2020 年的 44.0%, 中老年人 HIV 感染问题日益突出, 成为

艾滋病疫情的新特点^[3]。渝北区 50 岁及以上人群病例数占新报告病例数的比例逐年上升。近年来, HIV-1 分子传播网络分析已被广泛应用于国内外艾滋病防治中^[4-5], 对指导遏制艾滋病蔓延具有较大的公共卫生学意义。本研究选取重庆市渝北区新报告 50 岁及以上 HIV/AIDS 病例作为研究对象, 通过现场流行病学结合分子流行病学特点, 分析该人群流行毒株和 HIV 分子传播特征, 为该地区针对 50 岁及以上人群制定有效减少 HIV 传播的防控措施提供参考依据。

1 对象和方法

1.1 研究对象 选择 2022 年 1 月至 2023 年 12 月重庆市渝北区新报告 50 岁及以上 HIV/AIDS 人群作为研究对象。纳入标准包括: 年龄 ≥ 50 岁、未开展抗病毒治疗、签署知情同意书; 排除标准包括: 既往报告过的重复病例; 不愿配合相关调查。收集的基本信息包括: 性别、年龄、户籍地、现住址、职业、婚姻状况、文化程度、感染途径和基线 CD4⁺ T 淋巴细胞水平 (CD4⁺ T 淋巴细胞水平为开展抗病毒治疗前的最后一次检测结果) 等。

1.2 研究方法

1.2.1 样本采集与保存 使用 10 mL EDTA 抗凝管采集研究对象全血, 分离出 1 mL 用于 CD4⁺ T 淋巴细胞水平检测, 其余部分 6 小时内离心, 分离出的血浆于 -80 °C 冰箱保存, 用于提取 HIV RNA。

1.2.2 RNA 提取、扩增和测序 使用德国 Qiagen 公司生产的 QIAamp Viral RNA Mini Kit 提取 HIV-1 RNA。使用宝日医生物技术 (北京) 有限公司生产的 TaKaRa One Step RNA PCR Kit (AMV) 对 Pol 基因区的部分片段 (HXB2: 2147-3462) 进行逆转录和第一轮聚合酶链式反应 (Polymerase chain reaction, PCR), 使用北京天根公司生产的 2 × Taq PCR Mix 进行第二轮 PCR。扩增成功的样本由北京博迈德基因技术有限公司进行纯化和测序。

1.2.3 序列整理与分析 使用 Sequencher 5.4.6 对获得的测序片段进行拼接, 拼接完成的序列通过 Bioedit 7.0 进行比对和编辑。使用在线软件 REGA

HIV-1 SubtyPing Tool 3.0 (http://dbPartners.stanford.edu:8080/Rega_Subty_Ping/stanford-hiv/tyPingtool/) 和 Comet HIV-1 (<http://comet.retrovirology.lu>) 进行基因型判定, 对于不确定的样本使用 Basic Local Alignment Search Tool (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov>) 比对后判定。

1.2.4 分子网络构建及传播风险分析 使用 HyPhy 2.2.4 软件在 Tamura-Nei 93 (TN93) 模型下计算序列间的基因距离。在 0.1% ~ 2% 之间选择成簇最多的基因距离作为阈值^[6]。使用 Cytoscape 3.7.1 实现分子网络的可视化。

1.3 统计分析 使用 Excel 2016 对资料进行整理, 使用 SPSS 22.0 软件进行统计分析。采用单因素及多因素 logistic 回归模型分析入网率的影响因素, 分类资料采用 χ^2 检验。采用双侧检验, 检验水准为 $\alpha = 0.05$ 。

2 结果

2.1 基本特征 共有 390 例 HIV/AIDS 纳入本次研究, 获取到其中 351 例的 HIV Pol 基因区序列。获取到序列的 351 例研究对象以男性 (225, 64.1%)、50-59 岁 (146, 76.9%)、家务及待业 (149, 42.5%)、已婚有配偶 (217, 61.8%)、汉族 (345, 98.3%)、小学及以下文化程度 (245, 69.8%)、异性性传播 (341, 97.2%)、户籍地为渝北区 (258, 73.5%) 的人群为主, CD4⁺ T 淋巴细胞计数以 200 个/ μ l (182, 51.9%) 为主。

2.2 基因型分布 在获得序列的 351 例研究对象中, 共检出 9 种基因型。其中 CRF07_BC 占 57.0% (200/351), CRF08_BC 占 19.4% (68/351), CRF01_AE 占 10.5% (37/351), CRF85_BC 占 8.0% (28/351), C 亚型占 2.0% (7/351), CRF55_01B 占 0.3% (1/351), URF 占 2.8% (10/351)。3 种 URF 中, CRF01_AE/07_BC、BC、CRF01_AE/C 分别为 6 例、3 例和 1 例。各基因型在不同性别、年龄组、职业、文化程度、户籍地、婚姻状况、感染途径和首次 CD4⁺ T 淋巴细胞水平的分布上没有统计学差异。见表 1。

表 1 2022—2023 年渝北区新报告 50 岁及以上人群 HIV/AIDS 的基本特征和基因型分布

Table 1 Basic characteristics and genotype distribution of HIV/AIDS in the newly reported population aged 50 and above in Yubei District from 2022 to 2023

基本特征	研究对象 (n = 351)	CRF07_BC [n (%)]	CRF08_BC [n (%)]	其他 [n (%)]	χ^2	P 值
性别					0.075	0.963
男	225	127 (56.4)	44 (19.6)	54 (24.0)		
女	126	73 (57.9)	24 (19.0)	29 (23.0)		
年龄组 (岁)					7.756	0.257
50 ~ 59	146	87 (59.6)	29 (19.9)	30 (20.5)		

(续表)

基本特征	研究对象 (n = 351)	CRF07_BC [n(%)]	CRF08_BC [n(%)]	其他 [n(%)]	χ^2	P 值
60 ~ 69	124	75 (60.5)	21 (16.9)	28 (22.6)		
70 ~ 79	68	33 (48.5)	13 (19.1)	22 (32.4)		
≥ 80	13	5 (38.5)	5 (38.5)	3 (23.1)		
户籍地					1.709	0.789
渝北区	258	143 (55.4)	45 (62.5)	12 (57.1)		
其他区县	72	50 (19.4)	14 (19.4)	4 (19.0)		
市外	21	65 (25.2)	13 (18.1)	5 (23.8)		
职业					6.333	0.176
家务及待业	149	78 (52.3)	36 (24.2)	35 (23.5)		
农民	121	76 (62.8)	15 (12.4)	30 (24.8)		
其他	81	46 (56.8)	17 (21.0)	18 (22.2)		
婚姻状况					8.991	0.061
已婚	217	130 (59.9)	46 (21.2)	41 (18.9)		
离异或丧偶	103	52 (50.5)	16 (15.5)	35 (34.0)		
未婚	31	18 (58.1)	6 (19.4)	7 (22.6)		
文化程度					1.467	0.480
小学及以下	245	135 (55.1)	48 (19.6)	62 (25.3)		
初中及以上	106	65 (61.3)	20 (18.9)	21 (19.8)		
感染途径					2.400	0.328 ^a
异性传播	341	193 (56.6)	68 (19.9)	80 (23.5)		
同性传播	10	7 (70.0)	0	3 (30.0)		
首次 CD4 (个/ μ l)					7.354	0.289
< 200	169	91 (53.8)	30 (17.8)	48 (28.4)		
200 ~ 349	119	70 (58.8)	24 (20.2)	25 (21.0)		
350 ~ 499	40	22 (55.0)	11 (27.5)	7 (17.5)		
≥ 500	23	17 (73.9)	3 (13.0)	3 (13.0)		

注: a Fisher 确切概率。

2.3 分子网络特征 当基因距离为 1.2% 时,形成的传播簇最多,共有 201 条序列进入网络,入网率为 57.3%,累计形成 44 个簇,每个簇的个体数介于 2 ~ 25 之间。进入网络的基因型以 CRF07_BC、CRF08_BC 和 CRF85_BC 为主,分别占 62.2% (125/201)、18.9% (38/201) 和 12.4% (25/201),见图 1。将单因素分析有统计学意义的入网相关因素纳入多因素 logistic 回归分析,结果显示年龄、户籍地和基因

型为进入网络的相关因素。相较于 50 ~ 59 岁年龄组,60 ~ 69 岁及 70 ~ 79 岁年龄组的 HIV/AIDS 更容易进入网络 (60 ~ : $aOR = 2.25$, 95% $CI: 1.34 \sim 3.80$; 70 ~ : $aOR = 2.93$, 95% $CI: 1.52 \sim 5.65$);相较于其他区县,户籍地为渝北的 HIV/AIDS 更容易进入网络 ($aOR = 3.10$, 95% $CI: 1.74 \sim 5.52$);相较于其他基因型,CRF07_BC 更容易进入网络 ($aOR = 2.57$, 95% $CI: 1.47 \sim 4.50$)。见表 2-4。

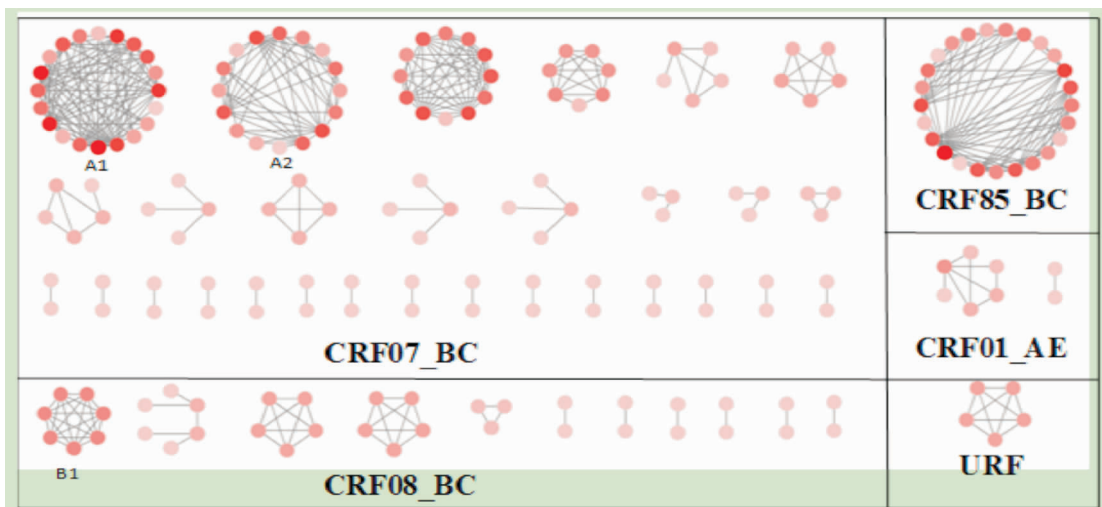


图 1 渝北区 2022 - 2023 年新报告 50 岁及以上人群 HIV - 1 分子传播网络图

Fig. 1 Hiv - 1 molecular transmission network map in the newly reported population aged 50 and above in Yubei District from 2022 to 2023

表 2 渝北区 2022—2023 年新报告 50 岁及以上人群 HIV-1 入网影响单因素分析

Table 2 Single factor analysis of influencing HIV-1 network access among newly reported population aged 50 and above in Yubei District from 2022 to 2023

基本特征	纳入研究对象 (n = 370)	进入网络 [n (%)]	单因素 logistic OR 值	P 值
性别				
男	225	131 (58.2)	1.12 (0.72 ~ 1.73)	0.628
女	126	70 (55.6)	1	
年龄组				
50 ~ 59	146	66 (45.2)	1	0.001
60 ~ 69	124	78 (62.9)	2.06 (1.26 ~ 3.35)	0.004
70 ~ 79	68	48 (70.6)	2.91 (1.57 ~ 5.38)	0.001
≥ 80	13	9 (69.2)	2.73 (0.80 ~ 9.26)	0.108
户籍地				
渝北区	258	163 (63.2)	2.86 (1.67 ~ 4.91)	<0.001
其他区县	72	27 (37.5)	1	0.001
市外	21	11 (52.4)	1.83 (0.69 ~ 4.89)	0.226
职业				
家务及待业	149	85 (57.0)	1.36 (0.79 ~ 2.34)	0.266
农民	121	76 (62.8)	1.73 (0.98 ~ 3.06)	0.059
其他	81	40 (49.4)	1	0.169
婚姻状况				
未婚	31	19 (61.3)	1.49 (0.66 ~ 3.39)	0.337
已婚	217	129 (59.4)	1.38 (0.86 ~ 2.22)	0.178
离异或丧偶	103	53 (51.5)	1	0.361
文化程度				
小学及以下	245	148 (60.4)	1.53 (0.96 ~ 2.41)	0.071
初中及以上	106	53 (50.0)	1	
感染途径				
异性传播	341	201 (58.9)	-	-
同性传播	10	0	-	-
首次 CD4 (个/μl)				
< 200	169	93 (55.0)	1	0.787
200 ~ 349	119	72 (60.5)	1.25 (0.78 ~ 2.02)	0.355
350 ~ 499	40	22 (55.0)	1.00 (0.50 ~ 2.00)	0.997
≥ 500	23	14 (60.9)	1.27 (0.52 ~ 3.10)	0.597
基因型				
CRF07_BC	200	125 (62.5)	1.97 (1.18 ~ 3.31)	0.010
CRF08_BC	68	38 (55.9)	1.50 (0.79 ~ 2.86)	0.218
其他	83	38 (45.8)	1	0.036

注：- 未开展单因素分析。

表 3 渝北区 2022—2023 年新报告 50 岁及以上人群 HIV-1 入网影响多因素分析变量及赋值情况

Table 3 Multi factor analysis of variables and assignment of influencing HIV-1 network access among newly reported population aged 50 and over in Yubei District from 2022 to 2023

变量	赋值情况
年龄 (岁)	50 ~ 59 岁赋值为 1, 60 ~ 69 岁赋值为 2, 70 ~ 79 岁赋值为 3, 80 ~ 89 岁赋值为 4
户籍地	其他区县户籍赋值为 1, 渝北区户籍赋值为 2, 市外户籍赋值为 3
基因型	其他基因型赋值为 1, CRF07_BC 基因型赋值为 2, CRF08_BC 基因型赋值为 3

表 4 渝北区 2022—2023 年新报告 50 岁及以上人群 HIV-1 入网影响多因素分析

Table 4 Multi factor analysis of influencing HIV-1 network access among newly reported population aged 50 and over in Yubei District from 2022 to 2023

基本特征	纳入研究对象 (n = 370)	进入网络 [n (%)]	多因素 logistic (aOR 值)	P 值
年龄组				
50 ~ 59	146	66 (45.2)	1	0.002
60 ~ 69	124	78 (62.9)	2.25 (1.34 ~ 3.80)	0.002
70 ~ 80	68	48 (70.6)	2.93 (1.52 ~ 5.65)	0.001

(续表)

基本特征	纳入研究对象 (n = 370)	进入网络 [n(%)]	多因素 logistic (aOR 值)	P 值
≥80	13	9 (69.2)	3.01 (0.82 - 11.02)	0.097
户籍地				
渝北区	258	163 (63.2)	3.10 (1.74 - 5.52)	<0.001
其他区县	72	27 (37.5)	1	0.001
市外	21	11 (52.4)	2.30 (0.83 - 6.39)	0.109
基因型				
CRF07_BC	200	125 (62.5)	2.57 (1.47 - 4.50)	0.001
CRF08_BC	68	38 (55.9)	1.82 (0.91 - 3.61)	0.089
其他	83	38 (45.8)	1	0.004

2.4 传播风险及重点传播簇分析 《HIV 传播网络监测和干预技术指南(2021 试行版)》要求重点关注连接边值 3 以上的网络,本研究共有 92 例连接边 ≥ 4,占比为 45.8%,全部为异性传播,84.78% (78/92) 为本区病例,主要分布于双龙湖街道、龙兴、古路、石船、统景、大盛镇等 6 个镇街,占本区内病例的 55.13% (43/78)。市外连接边 ≥ 4 的病例主要来自于与我区相邻的四川省达州市和广安市。78 例本地病例中男性 62 例,96.77% (60/62) 的男性传播途径为商业性行为,女性 16 例,50% (8/16) 的女性为配偶阳性,男性中的比例高于女性 (P < 0.05),见表 5。本研究发现重点传播簇存在地区聚集性,CRF07_BC 有两个重点传播簇,A1 簇共 20 例,主要聚集在古路、统景、大盛这三个相邻的乡镇共 13 例,A2 簇共 16 例,其中 11 例聚集在龙兴镇,其中 1 名女性有商业性行为服务史;CRF07_BC 中 B1 簇有 7 例,全部来自于洛碛镇。见图 1。

表 5 渝北区 2022—2023 年新报告 50 岁及以上人群 HIV - 1 连接边 ≥ 4 病例分布

Table 5 Distribution of newly reported HIV - 1 cases with a connecting edge ≥ 4 among individuals aged 50 and above in Yubei District from 2022 to 2023

基本特征	入网研究对象 (n = 201)	连接边 ≥ 4 病例 [n(%)]	χ ²	P 值
性别			4.376	0.036
男	131	67 (51.1)		
女	70	25 (35.7)		
年龄组			1.016	0.797
50 ~ 59	66	29 (43.9)		
60 ~ 69	78	34 (43.6)		
70 ~ 79	48	25 (52.1)		
≥ 80	9	4 (44.4)		
户籍地			1.219	0.544
渝北区	163	78 (47.9)		
其他区县	27	10 (37.0)		
市外	11	4 (36.4)		
职业			2.152	0.341
家务及待业	85	41 (48.2)		
农民	76	30 (39.5)		

(续表)

基本特征	入网研究对象 (n = 201)	连接边 ≥ 4 病例 [n(%)]	χ ²	P 值
其他	40	21 (52.5)		
婚姻状况			0.681	0.712
已婚	129	60 (46.5)		
离异或丧偶	53	25 (47.2)		
未婚	19	7 (36.8)		
文化程度			0.164	0.686
小学及以下	148	69 (46.6)		
初中及以上	53	23 (43.4)		
首次 CD4 (个/μl)			2.083	0.555
< 200	93	45 (48.4)		
200 ~ 349	72	33 (45.8)		
350 ~ 499	22	7 (31.8)		
≥ 500	14	7 (50.0)		
基因型			0.057	0.972
CRF07_BC	125	57 (45.6)		
CRF08_BC	38	18 (47.4)		
其他	38	17 (44.7)		

3 讨论

本次研究发现,渝北区新报告 50 岁及以上人群 HIV - 1 基因型以 CRF07_BC、CRF08_BC 和 CRF01_AE 为主,这与国内部分地区的 HIV - 1 基因型分布情况类似^[7-8],也与渝北区全人群 HIV - 1 基因型一致^[9],CRF07_BC 占比高于其他基因型,与重庆市之前开展的调查结果相同^[10-11],但 50 岁及以上年龄组 CRF08_BC 比例要高于全人群比例。研究显示,CRF07_BC 和 CRF08_BC 具有共同的重组祖先毒株,最初均是从静脉吸毒人群 (IDU) 中被发现,随着社会的变迁已通过性传播途径在普通人群中流行^[12],与本次纳入病例全部为性传播途径感染相印证。

分子传播网络中,入网率越高,表明聚集性越强,传播风险也越高^[13],本次研究入网率为 57.3%,高于浙江省绍兴市 50 岁以上人群入网率^[14],影响研究对象入网的因素是年龄在 60 岁以上,渝北区本地户籍,可能与我区近年来实施扩大检测策略有关,2023 年我区结合基本公共卫生服务项目为 65 岁以上老年人

提供 HIV 检测 20 余万人次,发现较多的老年本地户籍病例。入网率较高的基因型为 CRF07_BC,与安徽阜阳的研究基本一致^[15],提示老年人经性传播感染并传播的风险较大。本地区老年人群文化程度以小学为主,普遍偏低,接受艾滋病知识匮乏^[16-17],极易发生高危性行为,亟需针对该人群开展干预,强化宣传教育,提高中老年人防病意识。

在分子传播簇中,节点的度值可以反映出个体的传播风险,度值越高,传播风险越大。本研究中连接边 ≥ 4 者的本区域老年病例占比为 84.78%,以男性为主(79.49%),主要分布在龙兴等 6 个镇街(55.13%),96%以上的老年男性都有商业性行为史,龙兴镇还发现 1 名女性从事商业性行为服务,说明本地区老年病例可能存在较高的传播风险,这与宁波市、泸州市的情况相似^[14,18],研究表明老年男性在性需求无法得到满足的情况下会寻求高危的商业性行为,由于其消费地点通常为低档的性交易场所,从而导致了 HIV 聚集性传播,这可能是重点传播簇中老年男性比例较高的原因。提示我们要针对老年男性常出入的低档性交易场所,尤其是针对龙兴、洛碛、古路等老年病例聚集的重点镇街联合公安部门开展卖淫嫖娼打击,强化宣传尤其是安全套使用推广杜绝不安全性行为。50%老年女性为配偶阳性,亟需针对老年女性配偶阳性问题加强单阳家庭管理^[19],做好配偶/固定性伴告知与检测工作^[18],强化艾滋病感染者/病人的告知义务,进而遏制中老年人经性传播^[20]。另外我们也发现部分病例来自于临近的四川省,可能与病例流动性有关,也提示川渝地区强化流动艾滋病病毒感染者协同管理服务的必要性。

为本研究不足之处,纳入的病例为新报告而非新感染病例,同时研究对象也纳入一定比例首次 CD4 小于 200 的病例,对传播簇的分析有一定的影响。

综上所述,2022 至 2023 年重庆市渝北区新报告 50 岁以上人群的 HIV/AIDS 基因型以 CRF07_BC、CRF08_BC 和 CRF01_AE 为主,传播风险较高重点传播簇基因型为 CRF07_BC,在今后的防控工作中,应针对重点镇街重点人群加强干预,在此基础上动态开展分子网络监测,并指导精准干预。

利益冲突声明 本研究不存在任何利益冲突

参考文献

[1] 揣任然,张云辉,赵雅琳,等.全球及中国 AIDS 最新疫情概况[J]. 传染病信息杂志,2020,33(6):501-503.
Chuai ZR, Zhang YH, Zhao YL, et al. Latest AIDS epidemic in global and China[J]. Infectious Disease Information, 2020, 33(6): 501-503. (In Chinese)

[2] 韦辉,李博,蓝光华.中国老年人群艾滋病流行特征研究进展

[J]. 应用预防医学,2021,27(2):189-193.
Wei H, Li B, Lan GH. Progress on AIDS epidemic characteristics among elderly people in China[J]. Journal of Applied Preventive Medicine, 2021, 27(2): 189-193. (In Chinese)

[3] 何惊春,陶然,陈豪,等.重庆市某区老年艾滋病病例感染特征与影响因素调查[J]. 海峡预防医学杂志,2023,29(4):50-52.
He JC, Tao R, Chen H, et al. Investigation on the infection characteristics and influencing factors of elderly AIDS cases in a district of Chongqing[J]. Strait Journal of Preventive Medicine, 2023, 29(4): 50-52. (In Chinese)

[4] 冯毅,王栋,邢辉. HIV 分子传播网络助力我国艾滋病精准防控[J]. 中国艾滋病性病,2023,29(1):1-8.
Feng Y, Wang D, Xing H. The HIV molecular transmission network has helped to precision AIDS prevention and control in China[J]. Chinese Journal of AIDS & STD, 2023, 29(1): 1-8. (In Chinese)

[5] 洪航,潘晓红,许国章.通过 HIV 溯源和分子网络分析推动艾滋病精准发现与防控[J]. 中华流行病学杂志,2021,42(12):2096-2099.
Hong H, Pan XH, Xu GZ. Conducting analysis on HIV tracing and molecular network for promoting precise detection, prevention and control of AIDS[J]. Chinese Journal of Epidemiology, 2021, 42(12): 2096-2099. (In Chinese)

[6] 中国疾病预防控制中心性病艾滋病预防控制中心. HIV 传播网络监测和干预技术指南(2021 试行版)[EB/OL]. [2024-11-10]. <https://mp.weixin.qq.com/s/0kLvLoJMuAJLjpE-yAuTTg>.
National Center for AIDS Prevention and Control, Chinese Center for Disease Control and Prevention. Technical Guidelines for Monitoring and Intervening in HIV Networks (Trial Version 2021) [EB/OL]. [2024-11-10]. <https://mp.weixin.qq.com/s/0kLvLoJMuAJLjpE-yAuTTg>. (In Chinese)

[7] Li DF, Chen HC, Li HL, et al. HIV-1 pretreatment drug resistance and genetic transmission network in the southwest border region of China[J]. BMC Infectious Diseases, 2022, 22(1): 741.

[8] Hao JJ, Zheng S, Gan MZ, et al. Changing proportions of HIV-1 subtypes and transmitted drug resistance among newly diagnosed HIV/AIDS individuals - China, 2015 and 2018[J]. China CDC Weekly, 2021, 3(53): 1133-1138.

[9] 刘惠,李荻菲,黄歆,等.重庆市渝北区新报告 HIV-1 基因型及分子传播网络特征分析[J]. 国际病毒学杂志,2023,30(6):447-452.
Liu H, Li DF, Huang X, et al. Genotype and molecular transmission network characteristics of newly reported HIV-1 in Yubei district of Chongqing [J]. International Journal of Virology, 2023, 30(6): 447-452. (In Chinese)

[10] Liu M, He XQ, Deng RN, et al. Pretreatment drug resistance in people living with HIV: A large retrospective cohort study in Chongqing, China[J]. HIV Medicine, 2022, 23(Suppl 1): 95-105.

[11] 周全华,何惊春,王越,等.重庆市 472 名 MSM 中新发现 HIV-1 感染者分子传播网络特征[J]. 中国艾滋病性病,2022,28(12):1370-1374.

- Ge XH, Hu JY, Bai YR, et al. Association between triglyceride – glucose index and its derivatives index and the development of type 2 diabetes; a nested case – control study [J]. Chinese General Practice, 2023, 26(12): 1456 – 1462. (In Chinese)
- [11] 赵琦, 刘星, 姜永根, 等. 上海郊区自然人群队列和生物样本库建设[J]. 中华流行病学杂志, 2023, 44(1): 28 – 33.
- Zhao Q, Liu X, Jiang YG, et al. Establishment of Shanghai suburban adult cohort and biobank [J]. Chinese Journal of Epidemiology, 2023, 44(1): 28 – 33. (In Chinese)
- [12] Harreiter J, Roden M. [Diabetes mellitus: definition, classification, diagnosis, screening and prevention (Update 2023)] [J]. Wiener Klinische Wochenschrift, 2023, 135(Suppl 1): 7 – 17.
- [13] Roden M, Shulman GI. The integrative biology of type 2 diabetes [J]. Nature, 2019, 576(7785): 51 – 60.
- [14] O'malley G, Santoro N, Northrup V, et al. High normal fasting glucose level in obese youth: a marker for insulin resistance and beta cell dysregulation [J]. Diabetologia, 2010, 53(6): 1199 – 1209.
- [15] Ma ML, Liu HB, Yu J, et al. Triglyceride is independently correlated with insulin resistance and islet beta cell function: a study in population with different glucose and lipid metabolism states [J]. Lipids in Health and Disease, 2020, 19(1): 121.
- [16] Da silva rosa SC, Nayak N, Caymo AM, et al. Mechanisms of muscle insulin resistance and the cross – talk with liver and adipose tissue [J]. Physiological Reports, 2020, 8(19): e14607.
- [17] Jayedi A, Soltani S, Motlagh SZT, et al. Anthropometric and adiposity indicators and risk of type 2 diabetes: systematic review and dose – response meta – analysis of cohort studies [J]. BMJ (Clinical Research ed.), 2022, 376: e067516.
- [18] Rohm TV, Meier DT, Olefsky JM, et al. Inflammation in obesity, diabetes, and related disorders [J]. Immunity, 2022, 55(1): 31 – 55.
- [19] Jiang CY, Yang RJ, Kuang MB, et al. Triglyceride glucose – body mass index in identifying high – risk groups of pre – diabetes [J]. Lipids in Health and Disease, 2021, 20(1): 161.
- [20] Jiang Y, Lai X. Clinical features of early – onset type 2 diabetes and its association with triglyceride glucose – body mass index: a cross – sectional study [J]. Frontiers in Endocrinology, 2024, 15: 1356942.
- [21] GBD 2021 Demographics Collaborators. Global age – sex – specific mortality, life expectancy, and population estimates in 204 countries and territories and 811 subnational locations, 1950 – 2021, and the impact of the COVID – 19 pandemic: a comprehensive demographic analysis for the Global Burden of Disease Study 2021 [J]. Lancet, 2024, 403(10440): 1989 – 2056.
- [22] Alonzo R, Hussain J, Stranges S, et al. Interplay between social media use, sleep quality, and mental health in youth: A systematic review [J]. Sleep Medicine Reviews, 2021, 56: 101414.
- [23] Niebuur J, Vonk JM, Du YH, et al. Lifestyle factors related to prevalent chronic disease multimorbidity: A population – based cross – sectional study [J]. PLOS One, 2023, 18(7): e0287263.

收稿日期: 2024-08-22

(上接第 4572 页)

- Zhou QH, He JC, Wang Y, et al. Molecular transmission network characteristics among 472 newly HIV – 1 infected individuals from the MSM in Chongqing, 2019 – 2021 [J]. Chinese Journal of AIDS & STD, 2022, 28(12): 1370 – 1374. (In Chinese)
- [12] Feng Y, Takebe Y, Wei HM, et al. Geographic origin and evolutionary history of China's two predominant HIV – 1 circulating recombinant forms, CRF07_BC and CRF08_BC [J]. Scientific Reports, 2016, 6: 19279.
- [13] Ma N, Chen XH, Zhao Y, et al. HIV – 1 molecular transmission network among sexually transmitted populations in Liaoning Province, China [J]. Medicine, 2021, 100(28): e26640.
- [14] 杨作凯, 卢巧玲, 单杏仁, 等. 浙江省绍兴市 50 岁及以上人群 HIV – 1 分子网络和传播簇特征分析 [J]. 疾病监测, 2022, 37(3): 367 – 372.
- Yang ZK, Lu QL, Shan XR, et al. Characteristics of HIV – 1 molecular transmission network and cluster in population aged 50 and above in Shaoxing, Zhejiang [J]. Disease Surveillance, 2022, 37(3): 367 – 372. (In Chinese)
- [15] 潘婷婷. 安徽阜阳 HIV – 1 感染人群分子传播网络及耐药毒株流行特征研究 [D]. 合肥: 安徽医科大学, 2023.
- Pan TT. Molecular transmission network and epidemic characteristics of drug – resistant strains in HIV – 1 infected population in Fuyang, Anhui [D]. Hefei: Anhui Medical University, 2023. (In Chinese)
- [16] 刘丹丹, 曹晓斌. 我国 ≥ 50 岁男性艾滋病感染危险因素研究进展 [J]. 中国艾滋病性病, 2020, 26(3): 325 – 326, 330.
- Liu DD, Cao XB. Research progress on risk factors of HIV/AIDS infection in men aged 50 years and over in China [J]. Chinese Journal of AIDS & STD, 2020, 26(3): 325 – 326, 330. (In Chinese)
- [17] 李宇, 李卉, 马彦民, 等. 河南省部分地区 60 岁及以上 HIV/AIDS 病例高危行为与相关因素的定性研究 [J]. 中华流行病学杂志, 2017, 38(9): 1161 – 1164.
- Li N, Li H, Ma YM, et al. A qualitative study on high risk behaviors and related factors of reported HIV/AIDS cases aged 60 years and above in some areas of Henan province [J]. Chinese Journal of Epidemiology, 2017, 38(9): 1161 – 1164. (In Chinese)
- [18] 苟钊, 艾雨, 许文平, 等. 泸州市新报告 HIV – 1 感染者基因亚型及分子传播特征研究 [J]. 现代预防医学, 2024, 51(7): 1302 – 1307, 1319.
- Gou Z, Ai Y, Xu WP, et al. Study on gene subtypes and molecular transmission characteristics of newly reported HIV – 1 infection in Luzhou city [J]. Modern Preventive Medicine, 2024, 51(7): 1302 – 1307, 1319. (In Chinese)
- [19] 陈方方, 马凯芳, 张晓婷, 等. 2015—2019 年我国新报告 50 岁及以上异性传播艾滋病感染者/患者性别比分析 [J]. 疾病监测, 2022, 37(5): 618 – 622.
- Chen FF, Ma KF, Zhang XT, et al. Analysis of sex ratio of newly reported people living with HIV/AIDS aged ≥ 50 years and infected through heterosexual contact in China, 2015 – 2019 [J]. Disease Surveillance, 2022, 37(5): 618 – 622. (In Chinese)
- [20] 林焕年. 我国西部地区中老年 HIV/AIDS 病例流行特点、危险因素与防控策略的研究进展 [J]. 预防医学论坛, 2023, 29(6): 477 – 480.
- Lin HN. Research progress on the epidemiological characteristics, risk factors and prevention and control strategies of middle – aged and elderly HIV/AIDS cases in the western region of China [J]. Preventive Medicine Tribune, 2023, 29(6): 477 – 480. (In Chinese)

收稿日期: 2024-05-28