· 流行病与统计方法 ·

# 2019—2024 年成都市某区县艾滋病流行特征分析

师杨[1],李敏[1],赵文恒[1],赵祎凡[2],马丹[2],周鼎伦[2]
1. 成都市龙泉驿区疾病预防控制中心(卫生监督所),四川 成都 610100;
2. 四川大学华西公共卫生学院(华西第四医院)

**摘要:目的** 利用艾滋病扩大检测数据了解艾滋病流行情况,为科学研判疫情提供依据。**方法** 基于成都市某区县 2019—2024 年艾滋病扩大检测,采用 Excel 2019 和 R 4.5.0 清洗、整理和分析数据,采用构成比进行统计描述、卡方检验比较差异,描述该地区艾滋病扩大检测中 HIV 阳性患者和血清转阳感染者的特征,以及筛查阳性率、血清转阳率的趋势。**结果** 2019—2024 年,成都市某区县累计完成艾滋病扩大检测 1 901 438 人次,覆盖 1 025 356 人,人群覆盖率达 76.17%。共检出 HIV 阳性者 2 419 例(既往感染者 1 463 例),血清转阳感染者 221 例。阳性者与血清转阳感染者均以男性(75.86%,69.23%)和 50 岁以上人群(56.72%,65.16%)为主。HIV 筛查阳性率($\chi^2_{趋势}$ = 16.000,$P$ < 0.001)总体呈上升趋势,血清转阳率无显著趋势($\chi^2_{趋势}$ = 1.374,$P$ = 0.241)。60 ~ 69 岁年龄组的阳性率(376.92/10 万)为各年龄组最高,血清转阳率则在 50 ~ 59 岁年龄组最高(81.56/10 万)。男性血清转阳率约为女性的 3.5 倍。**结论** HIV 筛查阳性率呈上升趋势,血清转阳率波动,50 岁以上中老年男性是高危群体。

**关键词:**艾滋病;扩大检测;HIV 筛查阳性率;HIV 血清转阳率;流行特征
**中图分类号:**R181.3;R512.91 **文献标志码:**A **文章编号:**1003 - 8507(2026)06 - 1004 - 06
**DOI:**10.20043/j.cnki.MPM.202511178

## HIV/AID epidemic characteristics in a district of Chengdu, 2019 – 2024

SHI Yang*, LI Min, ZHAO Wen – heng, ZHAO Yi – fan, MA Dan, ZHOU Ding – lun
* *Chengdu Longquanyi District Center For Disease Control and Prevention (Health Inspection Institute), Chengdu, Sichuan* 610100, *China*

**Abstract: Objective** This study aimed to characterize the epidemiology of HIV/AIDS through expanded screening to provide evidence for epidemic assessment and response. **Methods** Data were obtained from an expanded HIV screening program conducted in a district of Chengdu between 2019 and 2024. After collection and cleaning, datasets were analyzed using Excel 2019 and R 4.5.0. Categorical variables were summarized using frequencies and composition ratios, with between – group differences assessed by chi – square tests. Analyses focused on HIV positivity rates and seroconversion rates. **Results** During the six – year period, the screening program reached 1 025 356 individuals, representing 76.17% of the target population, with a total of 1 901 438 tests performed. A total of 2 419 HIV – positive cases (1 463 cases were infected previously) and 221 seroconversion cases were identified. Most cases were male (75.86% and 69.23%, respectively) and aged 50 years or older (56.72% and 65.16%, respectively). The overall HIV positivity rate ($\chi^2_{trend}$ = 16.000, $P$ < 0.001) showed a significant increasing trend, whereas the seroconversion rate showed no significant trend ($\chi^2_{trend}$ = 1.374, $P$ = 0.241). The HIV positivity rate was highest in the 60 – 69 age group (376.92 per 100 000), while the seroconversion rate was highest in the 50 – 59 age group (81.56 per 100 000). The seroconversion rate among males was approximately 3.5 times that of females. **Conclusion** The epidemic is characterized by an increasing trend in the overall HIV positivity rate coupled with fluctuating seroconversion rates. Men over 50 years represent a key population at elevated risk, underscoring the need for targeted prevention and screening strategies in this demographic.

**Keywords:** HIV/AIDS; Expanded screening; Positivity rate; Seroconversion rate; Epidemiological characteristics

我国的艾滋病防治工作虽已取得显著成效,但疫情仍呈现低流行与局部聚集并存的特点,传播模式趋于隐匿[1]。大量未被发现的感染者是疫情持续扩散的主要原因之一[2-3],及时发现并有效管理传染源是艾滋病防控的关键。艾滋病扩大检测作为实现“发现即治疗”和“95 – 95 – 95”防治目标的核心策略,对控制疫情具有至关重要的意义[4-5]。为应对这一挑战,全国各地开始大力推行艾滋病扩大检测策略,在各级

作者简介:师杨(1984—),男,硕士,副主任医师,研究方向:疾病预防控制
通信作者:周鼎伦,E – mail:zhoudinglun@scu.edu.cn

医疗机构、自愿咨询检测门诊等多点位布局，检测覆盖面与检测量显著提升。本研究分析成都市某区县 2019—2024 年艾滋病扩大检测数据，旨在通过比较 HIV 阳性患者与血清转阳感染者的人群特征，分析阳性率与血清转阳率，描述该地区在扩大检测背景下的艾滋病流行特征，识别重点人群与关键传播环节。研究结果可为本地优化检测策略、制定针对性干预措施提供科学依据，对推进区域艾滋病精准防控具有现实意义。

## 1　对象与方法

**1.1**　*研究对象*　本研究以 2019—2024 年于四川省成都市某区县接受 HIV 检测的所有个体为研究对象。根据扩大检测方案要求，该地区对重点科室（包括妇产科、皮肤性病科、肛肠科、泌尿外科、感染科和计划生育门诊等）的就诊者、所有住院患者、参与全民预防保健体检及从业人员健康体检的人员进行 HIV 检测。收集的变量包括唯一性 ID、性别、年龄、检测日期及检测结果等。所有检测数据经整理汇总至扩大检测数据库。

**1.2**　*研究方法*　从扩大检测数据库中提取 2019—2024 年共六年的检测个案记录。系统为每位接受检测者分配了唯一性 ID，据此可准确区分检测人次数与检测人数，并对个体的多次检测记录进行追踪。对于存在多次检测记录的研究对象，按分析目的作如下处理：1）在分析年龄特征时，有多次检测记录的个体，以首次阳性检测结果对应的年龄作为其代表性年龄；2）描述阳性感染率时，同一个体多次检测以人数为准计算一次，多次 HIV 检测结果则优先选择阳性结果；3）在分析 HIV 血清转阳感染情况时，仅纳入在研究期间内至少拥有两次有效检测记录的研究对象。

HIV 阳性感染者经过初筛和确诊两个过程。初筛采用 HIV－1 抗体快速试验（英科新创（厦门）科技股份有限公司和雅培诊断（日本）医疗有限公司）和化学发光法（郑州安图生物工程股份有限公司）。确诊采用蛋白免疫印迹法检测 HIV－1 抗体阳性（试剂来自安倍生物医学亚太私人有限公司）。

阳性病例定义为扩大检测结果为确认检测阳性的对象。血清转阳感染者定义为在研究观察期内，血清阴性转为确诊血清阳性的病例，且首次阳性记录的日期晚于末次阴性记录日期。对于血清转阳感染者，取其末次阴性检测结果日期与首次阳性检测结果日期的中位时间点，作为其近似的感染时间，并据此计算感染时的年龄与感染年份。筛查阳性率 =（筛查阳性病例数/检测人数）×100。血清转阳率 =（血清转阳感染者病例数/检测人数）×100。

人口覆盖率计算以 2020 年第七次全国人口普查公布的某区县常住人口（1 346 210 人）[10] 为分母。年度人口覆盖率为当年检测人数与常住人口之比，累积覆盖率为 2019 年至 2024 年的纳入检测人数与常住人口之比。

**1.3**　*统计分析*　使用 Excel 2019 和 R 4.5.0 软件进行数据清理与统计分析。采用描述性统计方法呈现研究对象的基本特征、HIV 筛查阳性率及血清转阳率的分布。组间差异比较采用 $\chi^2$ 检验，趋势性检验采用线性趋势 $\chi^2$ 检验。所有统计检验均为双侧检验，检验水准设定为 $\alpha = 0.05$。

## 2　结　果

**2.1**　*HIV 扩大检测对象的基本人口学特征*　2019—2024 年成都市某区县累计完成艾滋病扩大检测 1 901 438 人次，共覆盖 1 025 356 人，以 2020 年第七次人口普查常住人口数为基数，总人群覆盖率为 76.17%。2019—2024 年每年的检测人数分别为 89 464 人、108 357 人、154 872 人、221 473 人、403 923 人和 539 468 人，扩大检测人数占常住人口覆盖率分别为 6.65%、8.05%、11.50%、16.45%、30.00% 和 40.07%，人群覆盖率呈上升趋势（$X^2_{趋势} = 713\,655.25$，$P < 0.001$）。检测对象中，男性 481 645 人（46.97%），女性 543 711 人（53.03%）；≥40 岁者 560 193 人（54.63%）；仅接受 1 次检测者 619 643 人（60.43%）。医院和社区卫生服务中心分别完成检测 993 889 人次（52.27%）和 874 470 人次（45.99%）。详见表 1。

**表 1**　2019—2024 年成都市某区县艾滋病扩大检测参与者的人口学特征

**Table 1**　Demographic characteristics of participants in HIV/AIDS expanded screening in a district of Chengdu, 2019－2024

| 特征 | 人次数（%） | 人数（%） |
|---|---|---|
| 性别 | | |
| 　男 | 806 005（42.39） | 481 645（46.97） |
| 　女 | 1 095 433（57.61） | 543 711（53.03） |
| 年龄（岁） | | |
| 　<40 | 763 549（40.16） | 465 163（45.37） |

（续表）

| 特征 | 人次数(%) | 人数(%) |
|---|---|---|
| 40 ~ 49 | 240 478 (12.65) | 129 225(12.60) |
| 50 ~ 59 | 363 607 (19.12) | 194 079(18.93) |
| 60 ~ 69 | 260 474 (13.70) | 113 292(11.05) |
| 70 ~ 79 | 199 435 (10.49) | 88 015(8.58) |
| ≥80 | 73 886 (3.89) | 35 573(3.47) |
| NA | 9(0.00) | 9(0.00) |
| 检测年份 | | |
| 2019 | 119 681(6.29) | 89 464(8.73) |
| 2020 | 135 060(7.10) | 108 357(10.57) |
| 2021 | 187 728(9.87) | 154 872(15.10) |
| 2022 | 266 446(14.01) | 221 473(21.60) |
| 2023 | 514 776(27.07) | 403 923(39.39) |
| 2024 | 677 747(35.64) | 539 468(52.61) |
| 检测次数(次) | | |
| 1 | 619 643(32.59) | 619 643(60.43) |
| 2 ~ 3 | 678 120(35.66) | 290 888(28.37) |
| ≥4 | 603 675(31.75) | 114 825(11.20) |
| 检测机构 | | |
| 社区卫生服务中心/卫生院 | 874 470(45.99) | 573 782(55.96) |
| 医院 | 993 889(52.27) | 597 322(58.26) |
| 其他 | 33 079(1.74) | 22 326(2.18) |
| 合计 | 1 901 438 | 1 025 356 |

注：-NA：检测年龄缺失。

**2.2** HIV 阳性患者与血清转阳感染者的人群特征 2019—2024 年艾滋病扩大检测共检出 HIV 阳性患者 2 419 人（其中 1 463 例为既往感染者，占比 60.48%），血清转阳感染者 221 人，二者均以男性为主，分别占 75.86%（1 835/2 419）和 69.23%（153/221）；年龄均以 50 岁以上为主，分别占 56.72%（1 372/2 419）和 65.16%（144/221）。HIV 阳性患者主要集中在 2024 年检出，占比 31.03%（1 074/2 419），血清转阳感染者则在 2023 年检出最多，占比 29.86%（66/221）。详见表 2。

**表 2** 2019—2024 年成都市某区县扩大检测 HIV 阳性患者及血清转阳感染者的人口学特征

**Table 2** Demographic characteristics of HIV - positive individuals and seroconverters identified through expanded screening in a district of Chengdu, 2019 - 2024

| 特征 | HIV 阳性患者人数（构成比,%） | 血清转阳感染者人数（构成比,%） | $\chi^2$值 | $P$值 |
|---|---|---|---|---|
| 性别 | | | 4.782 | 0.029 |
| 男 | 1 835(75.86) | 153(69.23) | | |
| 女 | 584(24.14) | 68(30.77) | | |
| 年龄 | | | 7.613 | 0.179 |
| <40 | 675(27.90) | 45(20.36) | | |
| 40 ~ 49 | 372(15.38) | 32(14.48) | | |
| 50 ~ 59 | 658(27.20) | 66(29.86) | | |
| 60 ~ 69 | 427(17.65) | 45(20.36) | | |
| 70 ~ 79 | 229(9.47) | 25(11.31) | | |
| ≥80 | 58(2.40) | 8(3.62) | | |
| 检测年份 | | | 35.443 | <0.001 |
| 2019 | 184(5.32) | 6(2.71) | | |
| 2020 | 289(8.35) | 29(13.12) | | |
| 2021 | 417(12.05) | 40(18.10) | | |
| 2022 | 532(15.37) | 46(20.81) | | |
| 2023 | 965(27.88) | 66(29.86) | | |
| 2024 | 1074(31.03) | 34(15.38) | | |

**2.3** HIV 筛查阳性率与血清转阳率的流行趋势及变化特征 2019—2024 年期间，成都市某区县 HIV 筛查阳性率为 235.92/10 万，其中男性（379.80/10 万）显著高于女性（109.62/10 万），$\chi^2 = 795.587$，$P < 0.001$。历年阳性率呈上升趋势（$\chi^2_{趋势} = 16.000$，$P < 0.001$），其中男性阳性率随时间显著上升（$\chi^2_{趋势} = 46.866$，$P < 0.001$），女性阳性率年度间不存在统计学差异（$\chi^2 = 8.289$，$P = 0.141$）。HIV 筛查阳性率随年龄呈上升趋势（$\chi^2 = 147.490$，$P < 0.001$）。详见表 3。

成都市某区县 HIV 血清转阳率为 54.54/10 万，其中男性（96.61 /10 万）约为女性（27.55/10 万）的 3.5 倍（$\chi^2 = 84.385$，$P < 0.001$）。历年血清转阳率未呈现显著趋势（$\chi^2_{趋势} = 1.374$，$P = 0.241$），其中男性（$\chi^2_{趋势} = 5.154$，$P = 0.023$）历年血清转阳率呈下降趋势，女性（$\chi^2_{趋势} = 0.372$，$P = 0.542$）无显著趋势。HIV 血清转阳率随年龄增长呈上升趋势（$\chi^2_{趋势} = 11.162$，$P$

<0.001)。男性血清转阳率峰值出现在 60 ~ 69 岁年龄组,女性峰值出现在 50 ~ 59 岁年龄组。详见表 4。

**表 3**　2019—2024 年成都市某区县扩大检测的 HIV 筛查阳性率

**Table 3**　HIV positivity rate in the expanded screening in a district of Chengdu, 2019 – 2024

| 特征 | HIV 阳性患者 | | $\chi^2_{趋势}$ 值 | *P* 值 | 男性阳性患者 | | $\chi^2_{趋势}$ 值 | *P* 值 | 女性阳性患者 | | $\chi^2_{趋势}$ 值 | *P* 值 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | 人数(人) | 阳性率(/10 万) | | | 人数(人) | 阳性率(/10 万) | | | 人数(人) | 阳性率(/10 万) | | |
| 年龄 | | | 147.490 | <0.001 | | | 71.403 | <0.001 | | | 69.236 | <0.001 |
| <40 | 675 | 145.11 | | | 565 | 267.12 | | | 114 | 44.82 | | |
| 40 ~ 49 | 372 | 287.86 | | | 281 | 448.52 | | | 95 | 141.19 | | |
| 50 ~ 59 | 658 | 339.01 | | | 455 | 474.10 | | | 208 | 208.41 | | |
| 60 ~ 69 | 427 | 376.92 | | | 297 | 528.19 | | | 138 | 232.75 | | |
| 70 ~ 79 | 229 | 260.24 | | | 192 | 459.39 | | | 41 | 85.46 | | |
| ≥80 | 58 | 163.05 | | | 54 | 311.22 | | | 4 | 21.50 | | |
| 检测年份 | | | 16.000 | <0.001 | | | 46.866 | <0.001 | | | 0.001 | 0.978 |
| 2019 | 184 | 205.67 | | | 144 | 401.04 | | | 40 | 74.67 | | |
| 2020 | 289 | 266.71 | | | 212 | 487.75 | | | 77 | 118.41 | | |
| 2021 | 417 | 269.25 | | | 312 | 499.3 | | | 106 | 114.70 | | |
| 2022 | 532 | 240.21 | | | 411 | 429.85 | | | 122 | 96.89 | | |
| 2023 | 965 | 238.91 | | | 740 | 404.14 | | | 238 | 106.54 | | |
| 2024 | 1 074 | 199.09 | | | 793 | 313.41 | | | 282 | 98.17 | | |
| 合计 | 2 419 | 235.92 | | | 1 844 | 379.80 | | | 600 | 109.62 | | |

**表 4**　2019—2024 年成都市某区县扩大检测 HIV 血清转阳率

**Table 4**　Seroconversion Rate among Individuals Screened in a District of Chengdu, 2019 – 2024

| 特征 | HIV 血清转阳感染者 | | $\chi^2_{趋势}$ 值 | *P* 值 | 男性血清转阳感染者 | | $\chi^2_{趋势}$ 值 | *P* 值 | 女性血清转阳感染者 | | $\chi^2_{趋势}$ 值 | *P* 值 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | 人数(人) | 阳性率(/10 万) | | | 人数(人) | 阳性率(/10 万) | | | 人数(人) | 阳性率(/10 万) | | |
| 年龄 | | | 11.162 | <0.001 | | | 1.782 | 0.182 | | | 2.723 | 0.099 |
| <40 | 45 | 30.71 | | | 33 | 78.34 | | | 12 | 11.50 | | |
| 40 ~ 49 | 32 | 58.46 | | | 19 | 84.66 | | | 13 | 40.25 | | |
| 50 ~ 59 | 66 | 81.56 | | | 39 | 106.45 | | | 27 | 60.96 | | |
| 60 ~ 69 | 45 | 74.03 | | | 33 | 117.40 | | | 12 | 36.72 | | |
| 70 ~ 79 | 25 | 53.70 | | | 22 | 103.00 | | | 3 | 11.91 | | |
| ≥80 | 8 | 50.95 | | | 7 | 90.87 | | | 1 | 12.50 | | |
| 检测年份 | | | 1.374 | 0.241 | | | 5.154 | 0.023 | | | 0.372 | 0.542 |
| 2019 | 6 | 8.47 | | | 6 | 23.87 | | | 0 | 0.00 | | |
| 2020 | 29 | 25.47 | | | 21 | 50.77 | | | 8 | 11.03 | | |
| 2021 | 40 | 23.17 | | | 27 | 42.60 | | | 13 | 11.90 | | |
| 2022 | 46 | 20.77 | | | 35 | 41.34 | | | 11 | 8.04 | | |
| 2023 | 66 | 21.49 | | | 42 | 34.27 | | | 24 | 13.00 | | |
| 2024 | 34 | 12.68 | | | 22 | 20.24 | | | 12 | 7.53 | | |
| 合计 | 221 | 54.54 | | | 153 | 96.61 | | | 68 | 27.55 | | |

## 3　讨　论

基于个体、大样本的 HIV 扩大检测,是艾滋病疫情趋势研判的有力补充。HIV 阳性患病率可以反映疫情的现状和界定重点人群,而血清转阳率在指示 HIV 近期感染状况更具优势[6-8]。本研究基于成都市某区县 2019—2024 年艾滋病扩大检测数据,分析了 HIV 阳性患者与血清转阳感染者的流行特征及其时间趋势。结果显示,该地艾滋病检测覆盖率逐年上升,扩大检测策略有效推进。艾滋病疫情在男性与中老年人群中更为突出,提示了当地的高危人群。

研究显示,历年 HIV 筛查阳性率呈现上升趋势。这一趋势可能与检测覆盖面的不断扩大,检测的重点人群定位准确,大量既往病例被纳入筛查有关,HIV 血清转阳率未呈现明显上升趋势可佐证。中老年人群,尤其是男性为血清转阳感染的重点人群,符合全国艾滋病“老龄化”的特征[9-12]。血清转阳感染者中,50 ~ 59 岁和 60 ~ 69 岁年龄组所占比例较高,提示中老年人群已成为血清转阳感染的重点人群,这与以往的研究结果相一致[13]。这一现象可能与老年人群安全性行为意识薄弱、检测意识不足、以及社会支持体系不完善有关[14]。此外,男性阳性率与血清转阳率均为女性的 3.5 倍,进一步说明男性,尤其是中老年男性,是当前某区县艾滋病传播的核心人群。值得

注意的是,在 <40 岁人群中,男性血清转阳率远高于女性,结合成都地区男男性行为人群(men who have sex with men,MSM)疫情突出的背景[15],推测该差异可能与 MSM 传播相关,有待进一步调查研究予以验证。

女性血清转阳率仍持续增长,说明女性感染风险亦不容忽视。50 ~ 59 岁女性血清转阳率最高,提示该年龄段女性可能存在特殊的行为或传播风险。既往研究显示,中老年男性感染多源于商业性行为,而女性多因配偶/固定性伴传播[16]。该区县男女高发年龄组相差 10 岁,这一差异符合中国传统婚姻中的年龄差模式,提示本地传播路径可能与该传播模式有关。

本研究的优势在于采用了覆盖区域内大多数人群的扩大检测数据,样本量充足,且纳入了近年的最新资料,具备较强的代表性与时效性。研究也存在一定局限性。首先,数据来源于扩大检测,尚未实现全覆盖,可能存在选择偏倚,如部分高危人群检测意愿低。其次,血清转阳感染的判定依赖于两次及以上检测记录,导致仅接受单次检测的 HIV 检测者被剔除,单次检测者和多次检测者的特征存在不一致。此外,缺乏行为学变量(如性行为方式、吸毒史等)限制了传播机制的深入探讨。

综上,2019—2024 年成都市某区县艾滋病扩大检测覆盖率显著提升,HIV 筛查阳性率呈上升趋势,血清转阳率呈现波动。感染模式存在明显的性别差异,中老年男性构成 HIV 血清转阳感染的重点人群。在今后的防控工作中,进一步加强对中老年人群,尤其是男性的精准干预与检测覆盖,优化检测策略,以实现对艾滋病传播的有效遏制。

**利益冲突声明** 本研究不存在任何利益冲突

**参考文献**

[1] 韩孟杰. 我国艾滋病流行形势分析和防治展望[J]. 中国艾滋病性病,2023,29(3):247 - 250.
Han MJ. Analysis of the epidemic situation and prevention prospects of AIDS in China[J]. Chinese Journal of AIDS & STD, 2023, 29(3): 247 - 250. (In Chinese)

[2] 侯思伟,李嘉和,杨前超,等. 艾滋病流行终结之路的困境与挑战[J]. 医学与哲学,2023,44(20):14 - 17.
Hou SW, Li JH, Yang QC, et al. Dilemmas and challenges on the road to ending the acquired immune deficiency syndrome epidemic [J]. Medicine & Philosophy, 2023, 44(20): 14 - 17. (In Chinese)

[3] 杨忠念,陈勇军,汤后林,等. 2013—2023 年我国不同特征 HIV/AIDS 患者晚发现趋势分析[J]. 中国艾滋病性病,2025,31(1):17 - 23.
Yang ZN, Chen YJ, Tang HL, et al. Trend analysis of late presentation of patients with HIV/AIDS with different characteristics in China between 2013 and 2023[J]. Chinese Journal of AIDS & STD, 2025, 31(1): 17 - 23. (In Chinese)

[4] 韩孟杰,金聪,李敬云,等. 扩大艾滋病检测促进早检测专家共识[J]. 中国艾滋病性病,2021,27(11):1202 - 1206.
Han MJ, Jin C, Li JY, et al. Expert consensus on expanding HIV testing to promote early detection[J]. Chinese Journal of AIDS & STD, 2021, 27(11): 1202 - 1206. (In Chinese)

[5] Lundgren E, Locke M, Romero - Severson E, et al. Sweden surpasses the UNAIDS 95 - 95 - 95 target: estimating HIV - 1 incidence, 2003 to 2022 [J]. Euro Surveillance: Bulletin Europeen sur les Maladies Transmissibles = European Communicable Disease Bulletin, 2024, 29(42): 2400058.

[6] Martin CE, Ramatsoma H, Chidumwa G, et al. Characterizing HIV seroconversions among a cohort of oral PrEP users in South Africa[J]. Journal of the International AIDS Society, 2025, 28(2): e26421.

[7] Jones HS, Hensen B, Musemburi S, et al. Temporal trends in, and risk factors for, HIV seroconversion among female sex workers accessing Zimbabwe's National sex worker programme, 2009 - 19: a retrospective cohort analysis of routinely collected HIV testing data [J]. LANCET HIV, 2023, 10(7): e442 - e452.

[8] Bantigen K, Kitaw L, Negeri H, et al. Rate of HIV seroconversion among seronegative male partners living with HIV positive women in Addis Ababa, Ethiopia, 2019: a retrospective cohort study[J]. HIV/AIDS (Auckland, N. Z.), 2021, 13: 125 - 134.

[9] 王珊,杜新鑫. 2014—2023 年朝阳区 60 岁及以上人群法定传染病流行特征及趋势分析[J]. 现代预防医学,2025,52(4):725 - 730.
Wang S, Du XX. Analysis of the epidemiological characteristics and trends of notifiable infectious diseases among People aged 60 and above in Chaoyang District, 2014 - 2023 [J]. Modern Preventive Medicine, 2025, 52(4): 725 - 730. (In Chinese)

[10] 陈秀林,袁智,姚永明,等. 贵州省农民 HIV/AIDS 病例的流行病学特征分析[J]. 现代预防医学,2025,52(5):769 - 773,785.
Chen XL, Yuan Z, Yao YM, et al. Epidemiological characteristics of HIV/AIDS cases among farmers in Guizhou Province [J]. Modern Preventive Medicine, 2025, 52(5): 769 - 773, 785. (In Chinese)

[11] Wang YY, Yang Y, Chen C, et al. Older adults at high risk of HIV infection in China: a systematic review and meta - analysis of observational studies[J]. PeerJ, 2020, 8: e9731.

[12] Gao DS, Zou ZY, Dong B, et al. Secular trends in HIV/AIDS mortality in China from 1990 to 2016: Gender disparities [J]. PLOS One, 2019, 14(7): e0219689.

[13] Yuan FS, Liu L, Liu LH, et al. Epidemiological and spatiotemporal analyses of HIV/AIDS prevalence among older adults in Sichuan, China between 2008 and 2019: A population - based study[J]. International Journal of Infectious Diseases, 2021, 105: 769 - 775.

[14] 彭瑾,袁将,叶志华,等. 四川省农村地区中老年男性 HIV 检测意愿影响相关因素预测分析:基于 XGBoost 和 SHAP 模型[J]. 中国公共卫生,2025,41(12):1473 - 1480.

(下转第 1036 页)

[7] Lv YQ, Chen XM, Jia ZX, et al. Prenatal exposure to Arsenic, umbilical cord blood DNA methylation, and child neurodevelopment: A prospective birth cohort study [J]. Environmental Research, 2025, 280: 121914.

[8] 房瑞玲,白文琳,崔跃华,等. DNA 甲基化在孕妇砷暴露与新生儿出生体重间的中介作用分析[J]. 中华疾病控制杂志,2024, 28(9):1090 - 1095.
Fang RL, Bai WL, Cui YH, et al. The mediation analysis of DNA methylation in the relationship between maternal Arsenic exposure and neonatal birth weight[J]. Chinese Journal of Disease Control & Prevention, 2024, 28(9): 1090 - 1095. (In Chinese)

[9] Teschendorff AE, Breeze CE, Zheng SC, et al. A comparison of reference - based algorithms for correcting cell - type heterogeneity in Epigenome - Wide Association Studies [J]. BMC Bioinformatics, 2017, 18(1): 105.

[10] Ma XJ, Zhang JX. Robust model - free feature screening via quantile correlation[J]. Journal of Multivariate Analysis, 2016, 143: 472 - 480.

[11] Li DJ, Kong YF, Zerom D. Nonparametric screening for additive quantile regression in ultra - high dimension [J]. Journal of Nonparametric Statistics, 2025, 37(1): 148 - 168.

[12] Tingley D, Yamamoto T, Hirose K, et al. Mediation: R package for causal mediation analysis[J]. Journal of Statistical Software, 2014, 59: 1 - 38.

[13] El - Ghiaty MA, El - Kadi AOS. The duality of Arsenic metabolism: impact on human health [J]. Annual Review of Pharmacology and Toxicology, 2023, 63(1): 341 - 358.

[14] Chen S, Jiang JY, Liang WX, et al. Comprehensive annotation and expression profiling of C2H2 Zinc finger transcription factors across chicken tissues [J]. International Journal of Molecular Sciences, 2024, 25(19): 10525.

[15] Dong SS, Yao S, Chen YX, et al. Detecting epistasis within chromatin regulatory circuitry reveals CAND2 as a novel susceptibility gene for obesity[J]. International Journal of Obesity (2005), 2019, 43(3): 450 - 456.

[16] Lumour - Mensah T, Lemos B. Defining high confidence targets of differential CpG methylation in response to in utero Arsenic exposure and implications for cancer risk [J]. Toxicology and Applied Pharmacology, 2024, 482: 116768.

[17] Bakhtiari M, Jordan SC, Mumme HL, et al. ARMH1 is a novel marker associated with poor pediatric AML outcomes that affect the fatty acid synthesis and cell cycle pathways [J]. Frontiers in Oncology, 2024, 14: 1445173.

[18] Sun ML, Zhao QY, Yang BY, et al. Molecular mechanism, diagnosis, and treatment of VACTERL association [J]. Front Pediatr, 2025, 13: 1609624.

[19] Hassani BHM, Ghasemi N, Malekzadeh K. Neuron - derived neurotrophic factor and its biological functions: a review study[J]. Molecular Biology Reports, 2025, 52(1): 524.

[20] Liu SW, Park T, Krüger DM, et al. Plasma miRNAs across the Alzheimer's disease continuum: Relationship to central biomarkers [J]. Alzheimer's & Dementia: the Journal of the Alzheimer's Association, 2024, 20(11): 7698 - 7714.

[21] Falcone N, Ranieri A, Vitale A, et al. Identification of a De Novo deletion by using A - CGH involving PLNAX2: an interesting candidate gene in psychomotor developmental delay[J]. Medicina (Kaunas, Lithuania), 2022, 58(4): 524.

[22] Jonsdottir AB, Sveinbjornsson G, Thorolfsdottir RB, et al. Missense variants in FRS3 affect body mass index in populations of diverse ancestries [J]. Nature Communications, 2025, 16(1): 2694.

[23] Zhang Y, Song YP, Wu HY, et al. Prenatal Arsenic exposure disrupts placental angiogenesis by altering Pdgfb promoter epigenetic modification[J]. Journal of Hazardous Materials, 2025, 494: 138736.

[24] Diallo LH, Mariette J, Laugero N, et al. Specific circular RNA signature of endothelial cells: potential implications in vascular pathophysiology[J]. International Journal of Molecular Sciences, 2024, 25(1): 680.

[25] Razzaq A, ElKahlout R, Nasrallah GK, et al. Exploring differentially methylated genes among preterm birth and Full - Term birth[J]. Lifestyle Genom, 2025, 18(1): 76 - 89.

[26] Zheng SM, Matthews AJ, Rahman N, et al. The uncharacterized SANT and BTB domain - containing protein SANBR inhibits class Switch recombination[J]. Journal of Biological Chemistry, 2021, 296: 100625.

[27] Aprea I, Wilken A, Krallmann C, et al. Pathogenic gene variants in CCDC39, CCDC40, RSPH1, RSPH9, HYDIN, and SPEF2 cause defects of sperm flagella composition and male infertility[J]. Frontiers in Genetics, 2023, 14: 1117821.

[28] Dang D, Zhang LA, Gao LT, et al. Genome - Wide analysis of copy number variations in three populations of nanyang cattle using Whole - Genome resequencing[J]. Genes, 2025, 16(5): 568.

[29] Fan XY, Brunetti TM, Jackson K, et al. Single - Cell profiling reveals global immune responses during the progression of murine epidermal neoplasms[J]. Cancers, 2025, 17(8): 1379.

收稿日期:2025-08-21

(上接第 1008 页)

Peng J, Yuan J, Ye ZH, et al. Prediction of factors associated with HIV testing willingness among middle - aged and elderly men in rural Sichuan province based on XGBoost and SHAP models[J]. Chinese Journal of Public Health, 2025, 41(12): 1473 - 1480. (In Chinese)

[15] Feng YJ, Wu ZY, Detels R, et al. HIV/STD prevalence among men who have sex with men in Chengdu, China and associated risk factors for HIV infection [J]. Journal of Acquired Immune Deficiency Syndromes (1999), 2010, 53 Suppl 1(Suppl 1): S74 - S80.

[16] Sun XW, Feng CB, Feng L, et al. An exploratory transmission mode of HIV/AIDS among older People based on data from multiple sources in China[J]. Scientific Reports, 2022, 12(1): 16077.

收稿日期:2025-11-12