·疾病预防控制·

成都市青白江区新报告 HIV-1 感染者分子传播网络特征分析

刘展志[1],周思敏[1],陈文涛[1],李姗珊[2]
1.成都市青白江区疾病预防控制中心,四川 成都 610300;2.成都市疾病预防控制中心

摘要:目的 研究成都市青白江区 2022—2024 年新报告人类免疫缺陷病毒 1 型(human immunodeficiency virus type 1,HIV-1)感染者分子传播网络特征,为本地区艾滋病防控提供指导。**方法** 收集青白江区 2022—2024 年 283 份新报告 HIV-1 感染者抗凝血样及人口学信息,通过反转录聚合酶链式反应(polymerase chain reaction,PCR)和巢氏 PCR 扩增 HIV-1 *pol* 基因区序列并测序,基于 1.5%基因距离阈值构建分子网络,分析该地区的分子传播网络形态,使用二项 logistic 回归进行入网影响因素分析。**结果** 共获取 277 条有效序列,发现 9 种基因亚型,以 *CRF07_BC* 197 例(71.11%)和 *CRF01_AE* 63 例(22.74%)为主。基因距离阈值在 1.5%时,入网率为 50.18%,形成 33 个分子簇,簇内病例数在 2~16 之间。多因素 logistic 回归显示,≥50 岁(*OR*=44.138,95%*CI*:4.474~435.459)、*CRF01_AE*(*OR*=10.434,95%*CI*:1.981~54.966)和 *CRF07_BC*(*OR*=10.371,95%*CI*:2.078~51.760)亚型的感染者更容易入网($P<0.05$)。高风险感染者(度数≥4)在不同职业、文化程度、基因亚型和现住址具有显著性差异($P<0.05$),现住址在 FH 镇(*OR*=44.138,95%*CI*:4.474~435.459)的感染者风险更高。**结论** 青白江区新报告 HIV-1 感染者基因亚型以 *CRF07_BC* 和 *CRF01_AE* 为主,年龄≥50 岁且亚型为 *CRF01_AE* 或 *CRF07_BC* 的感染者更容易进入分子传播网络,部分乡镇的感染者有较大传播风险。应构建分子传播网络对该地区进行长期监测,针对重点镇街和高风险人群,采取精准的干预措施遏制艾滋病疫情传播。

关键词:分子传播网络;HIV-1;分子簇
中图分类号:R512.91 **文献标志码**:A **文章编号**:1003-8507(2026)11-2074-07
DOI:10.20043/j.cnki.MPM.202601190

Molecular transmission network analysis of newly reported HIV-1 cases in Qingbaijiang District, Chengdu

LIU Zhan-zhi*, ZHOU Si-min, CHEN Wen-tao, LI Shan-shan
Qingbaijiang District Center for Disease Control and Prevention, Chengdu, Sichuan 610300, China

Abstract: Objective To investigate the characteristics of the molecular transmission network among newly reported human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) cases in Qingbaijiang District of Chengdu from 2022 to 2024, and to provide guidance for local HIV/AIDS prevention and control. **Methods** A total of 283 anticoagulated blood samples and demographic information from newly reported HIV-1 cases in Qingbaijiang District from 2022 to 2024 were collected. The HIV-1 *pol* region gene sequences were amplified by reverse transcription polymerase chain reaction (PCR) and nested PCR, followed by sequencing. A molecular network was constructed based on a genetic distance threshold of 1.5%. The patterns of the molecular transmission network were analyzed, and binary logistic regression was used to analyze factors influencing entry into the network. **Results** A total of 277 valid sequences were obtained. Nine genetic subtypes were identified, with *CRF07_BC* (197 cases, 71.11%) and *CRF01_AE* (63 cases, 22.74%) being predominant. Under a genetic distance threshold of 1.5%, the network entry rate was 50.18% (139/277), forming 33 molecular clusters, with the number of cases in each cluster ranging from 2 to 16. Multivariable logistic regression analysis indicated that individuals aged ≥50 years (*OR*=44.138, 95% *CI*: 4.474-435.459), and those infected with *CRF01_AE* (*OR*=10.434, 95% *CI*: 1.981-54.966) or *CRF07_BC* (*OR*=10.371, 95% *CI*: 2.078-51.760) subtypes were more likely to be included in the network ($P<0.05$). High-risk infected individuals (degree ≥4) exhibited significant differences across various occupations, education levels, genetic subtypes, and current residences ($P<0.05$), and those residing in FH Town (*OR*=44.138, 95% *CI*: 4.474-435.459) had a significantly higher risk. **Conclusion** Among newly reported HIV-1 infections in Qingbaijiang District, the predominant genetic subtypes were

基金项目:成都市科技局技术创新研发项目;成渝地区 MSM 艾滋病病毒基因亚型多态性及关联性研究(2024-YF05-00828-SN)
作者简介:刘展志(1995—),男,本科,主管技师,研究方向:疾病预防控制工作
通信作者:刘展志,E-mail:764031073@qq.com

CRF07_BC and *CRF01_AE*. Individuals infected with *CRF01_AE* or *CRF07_BC* subtypes and aged ≥50 years were more likely to enter the molecular transmission network. Certain townships showed a higher transmission risk among infected individuals. Therefore, it is recommended to establish a molecular transmission network for long-term surveillance in the region and implement targeted interventions in key towns/streets and among high-risk populations to curb the spread of the HIV/AIDS epidemic.

Keywords: Molecular transmission network; HIV-1; Molecular cluster

目前，分子生物学技术在我国的发展和应用逐渐成熟，人类免疫缺陷病毒（human immunodeficiency virus，HIV）分子流行病学研究成为了解疫情特征、追踪传播路径和实施精准防控策略的关键技术手段。通过将 HIV 病毒基因测序数据与现场流行病学调查结果联合分析，可从分子水平构造病毒传播拓扑结构，揭示传播规律，显著提升识别高风险人群的能力，同时克服了社会歧视和伦理限制带来的溯源难题[1]。青白江区位于成都市东北部，与成都市金堂县、德阳市广汉市等四个区县接壤，以现代物流和工业制造为主导产业，人口流动频繁，导致该地区近年来获得性免疫缺陷综合征（简称艾滋病，acquired immunodeficiency syndrome，AIDS）感染者报告数逐年上升，给 AIDS 防控带来巨大挑战[2]。HIV 分子传播网络研究已经广泛应用于全国各地区艾滋防治领域[3-5]，但目前尚未有对青白江区 HIV 分子传播网络的构建相关研究。本研究选取青白江区 2022—2024 年新报告且未开展抗病毒治疗的 HIV-1 感染者，通过基因序列分析，了解该地区流行毒株和分子网络传播结构特征，识别重点区域和高危人群，为支撑该地区 AIDS 防控策略的科学决策与精准实施提供依据。

1　对象与方法

1.1　研究对象　选取成都市青白江区疾病预防控制中心 HIV 确证实验室 2022 年 1 月—2024 年 12 月新报告且未接受抗病毒治疗的 HIV-1 感染者为研究对象。纳入标准：HIV 补充试验为阳性者，未接受抗病毒治疗，获得研究对象知情同意。剔除既往感染者、不愿意配合相关调查病例，筛选出 HIV-1 感染者 283 例。人口学信息及感染相关数据均来自 AIDS 防治基本信息系统，包括社会人口学特征（性别、年龄、职业、婚姻状况、现住址、文化程度）及流行病学相关信息（感染途径、接触方式）。本研究获得成都市青白江区疾病预防控制中心伦理委员会批准（批准号：青疾控伦理 202601 号）。

1.2　研究方法

1.2.1　样本采集与保存　抗凝血样本来源于2022—2024 年本机构 HIV 确证实验室首次开展补充试验留样，样品采集由青白江区各 AIDS检测点、筛查实验室完成，严格按照《全国艾滋病检测技术规范（2020年修订版）》，采集 5 ml EDTA 抗凝全血，1 500～3 000 r/min 离心 15 min，将血浆置于聚丙烯冻存管中备用，分离后的血浆放置 -80℃冰箱保存，定期送四川省疾病预防控制中心或成都市疾病预防控制中心开展测序。

1.2.2　核酸提取、目的片段扩增与测序　采用 Roche 公司生产的全自动病毒核酸提取仪及其配套试剂盒提取病毒核酸。采用反转录聚合酶链式反应（polymerase chain reaction，PCR）和巢氏 PCR 扩增方法，对 HIV-1 病毒 *pol* 区域基因序列进行扩增，核酸提取及扩增由四川省疾病预防控制中心或成都市疾病预防控制中心完成。将目的处出现条带的扩增产物送至北京博迈德基因有限公司、北京诺赛基因组研究中心有限公司和北京安普生化科技有限公司开展核酸纯化及基因测序。

1.2.3　序列整理和亚型确定　使用 Sequencher 4.9 软件对测序结果进行编辑、清理和拼接序列，使用 Bioedit 软件对样本序列进行校正与 HIV sequence database of the Los Alamos National Laboratories（LANL）参考序列进行比对分析，利用 FastTree 软件构建系统进化树，确定毒株具体基因亚型。

1.2.4　分子传播网络构建和分析　使用中国艾滋病病毒基因序列数据平台（https://nmdc.cn/hiv）：工具-HIV 传播预测预警工具（HIV Trace 法）（https://nmdc.cn/hiv/tool/earlywarning）TN93 模型计算两条序列间基因距离阈值，在基因距离 0.005～0.020 内进行阈值敏感性分析，以成簇最高分辨率（最多分子网络数量）的基因距离阈值。根据《HIV 传播网络监测和干预技术指南（2025 修订版）》，分子簇是根据 HIV 基因序列遗传相似性将具有传播关系的 HIV 感染者进行关联所形成的网络拓扑学结构，分子传播网络中的每个节点代表一例感染者，节点数≥10 的分子簇为具有高度传播风险的大分子簇，度数（degrees）表示每个节点所连接的边的数目，也称链接数，通常度数越高，表明节点潜在连接关系越多，传播风险越高，度数≥4 的应予以重点关注[6]。

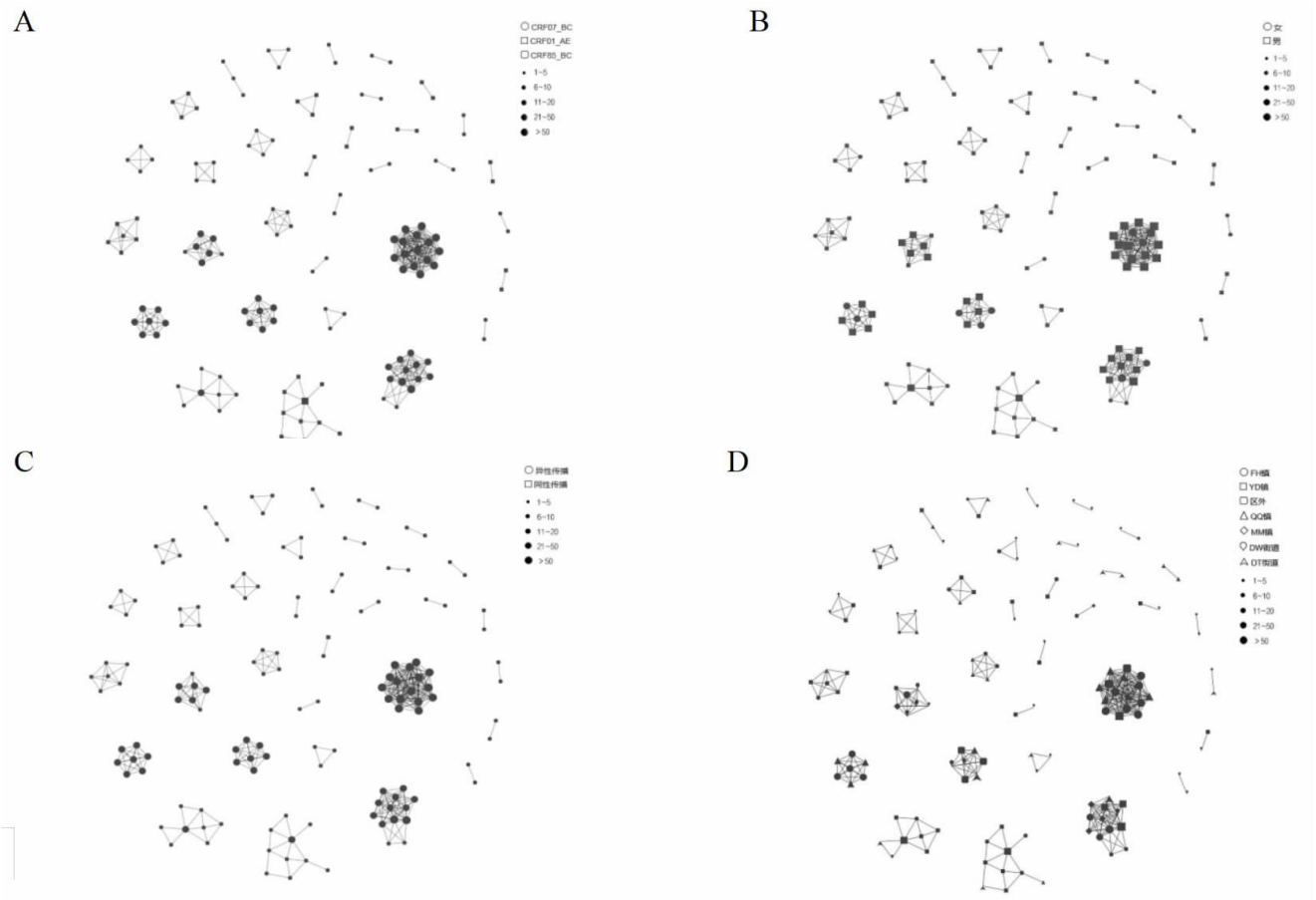
1.3　统计分析　采用 WPS 2019 进行数据预处理，并以 SPSS 27.0 为平台对整理后的数据进行统计分析。计数资料采用例数和构成比描述，单因素分析采用 χ^2 检验，单因素分析中 $P<0.05$ 的变量纳入二项 logistic 回归模型分析，检验水准 $\alpha=0.05$。

2　结　果

2.1　基本特征　成功获取目标人群序列 277 条，共检出 9 种基因亚型，其中 *CRF07_BC* 197 例（71.12%）、*CRF01_AE* 63 例（22.74%）、*CRF08_BC* 8 例（2.90%）、*CRF55_01B* 2 例（0.72%）、*CRF85_BC* 2 例（0.72%）、*CRF109_0107* 1 例（0.36%）、*CRF59_01B* 1 例（0.36%）、*CRF64_BC* 1 例（0.36%）、*B* 1 例（0.36%）、独特重组型（unique recombinant form, URF）1 例（0.36%）。277 例感染者以男性、≥50 岁、汉族、农民、已婚、小学及以下文化程度、异性性传播为主，分别占 77.98%、70.40%、98.92%、51.26%、49.10%、59.21%、97.11%；现住址以 DW 街道为主，占 25.99%。

2.2　分子传播网络特征　在 1.5%的基因距离阈值下，分子簇总数达到峰值，此时共有 139 条序列进入分子传播网络中，入网率为 50.18%，形成 33 个分子簇，包含 139 个节点和 340 条边，簇内病例数介于 2～16 之间。其中分子簇 C1、C2 和 C3 分别包含 16、13 和 10 个节点，是网络中最大的三个分子簇。3 种基因亚型进入分子网络，*CRF07_BC* 亚型形成簇最多，共形成 23 个簇，入网率为 53.33%；其次是 *CRF01_AE* 亚型，共形成 9 个簇，入网率为 52.38%；而 *CRF85_BC* 亚型共形成 1 个簇，入网率为 100%。见图 1A。入网感染者以男性、≥50 岁异性性传播、小学及以下文化程度、农民、已婚为主，分别占 78.42%、79.14%、99.28%、68.35%、57.55%、51.80%。见图 1B、C 和表 1。各簇主要分布于 DW 街道，占 66.67%；其中分子簇 C1 以 FH 镇和 QQ 镇为主，分别占 43.75%、37.5%，C2 以 FH 镇为主，占 38.46%，C3 以 YD 镇为主，占 50%。见图 1D。

2.3　入网危险因素分析　单因素分析显示，感染者的入网率在不同年龄、文化程度、职业、基因亚型、感染途径及现住址间存在显著差异（$P<0.05$）；而性别、民族及婚姻状况的影响无统计学意义（$P<0.05$）。采用二项 logistic 回归模型分析显示：年龄、基因亚型和现住址对感染者入网有影响，相比于＜50 岁，≥50 岁（*OR*=1.997,95%*CI*：1.047～3.810）的感染者更容易进入网络；相比其他亚型，*CRF01_AE*（*OR*=10.434, 95% *CI*:1.981～54.966）和 *CRF07_BC*（*OR*=10.371,95%*CI*:2.078～51.760）亚型的感染者更容易进入网络；相比 DW 街道，青白江区外（*OR*=0.399,95%*CI*:0.178～0.896）的感染者更不容易进入网络。见表 1。



注：A 为不同基因亚型分子网络；B 为不同性别分子网络；C 为不同接触方式分子网络；D 为不同地区分子网络；圆点大小代表链接边数量。

图 1　2022—2024 年青白江区 139 例入网新报告 HIV-1 感染者分子网络图

Figure 1　Molecular network of 139 newly reported HIV-1 cases included in the network in Qingbaijiang District, 2022—2024

表 1　青白江区 2022—2024 年新报告 HIV-1 感染者分子传播网络入网影响因素分析

Tabel 1　Analysis of the molecular networks and risk factors for newly reported HIV-1 cases in Qingbaijiang District from 2022 to 2024

变量	总人数	入网人数	单因素分析		多因素分析	
	（构成比 /%）	（占比 /%）	χ^2 值	*P* 值	*aOR*(95%*CI*)	*P* 值
性别			0.031	0.860		
男	216(77.98)	109(50.46)				
女	61(22.02)	30(49.18)				
年龄（岁）			10.226	0.001		
＜50	82(29.60)	29(35.37)			1.000	
≥50	195(70.40)	110(56.41)			1.997(1.047 ~ 3.810)	0.036
民族			3.055	0.080		
汉族	274(98.92)	139(50.73)				
少数民族	3(1.08)	0(0.00)				
职业			4.419	0.036		
农民	142(51.26)	80(56.34)			1.000	
其他	135(48.74)	59(43.70)			1.199(0.639 ~ 2.251)	0.571
婚姻状况			1.424	0.491		
未婚	38(13.72)	16(42.10)				
已婚	136(49.10)	72(52.94)				
离异或丧偶	103(37.18)	51(49.51)				
文化程度			11.415	0.003		
中专 / 高中及以上	34(12.27)	10(29.41)			1.000	
初中	79(28.52)	34(43.04)			1.524(0.572 ~ 4.062)	0.399
小学及以下	164(59.21)	95(57.93)			1.810(0.658 ~ 4.977)	0.250
感染途径			4.679	0.031		
异性性传播	269(97.11)	138(51.30)			1.000	
同性性传播	8(2.89)	1(12.50)			0.267(0.029 ~ 2.502)	0.248
基因亚型			10.695	0.005		
CRF01_AE	63(22.74)	33(52.38)			10.434(1.981 ~ 54.966)	0.006
CRF07_BC	197(71.12)	104(52.79)			10.371(2.078 ~ 51.760)	0.004
其他亚型	17(6.14)	2(11.76)			1.000	
现住址			22.694	0.002		
DW 街道	72(25.99)	34(47.22)			1.000	
DT 街道	22(7.94)	12(54.55)			1.709(0.592 ~ 4.930)	0.321
CX 镇	19(6.86)	9(47.37)			0.795(0.275 ~ 2.295)	0.672
MM 镇	12(4.33)	8(66.67)			1.855(0.483 ~ 7.118)	0.368
YD 镇	32(11.56)	22(68.75)			2.652(0.889 ~ 7.908)	0.080
QQ 镇	33(11.91)	20(60.61)			1.633(0.596 ~ 4.476)	0.340
FH 镇	30(10.83)	19(63.33)			1.612(0.586 ~ 4.433)	0.355
区外	57(20.58)	15(26.32)			0.399(0.178 ~ 0.896)	0.026

2.4　重点分子簇分析　网络中大分子簇（节点≥10）有 3 个，包括 C1、C2 和 C3 分子簇，分别包含 16、13 和 10 例感染者，占全部入网病例数的 28.06%。分子簇 C1 和 C2 由 *CRF07_BC* 亚型构成，C3 由 *CRF01_AE* 亚型构成。分子簇 C1、C2 和 C3 包含的 39 例感染者均为异性性传播，文化程度全部为初中及以下。分子簇 C1 中男性和≥50 岁病例均占 87.5%，农民占 62.50%，现住址主要是 FH 镇（43.75%）和 QQ 镇（37.50%）。还有 2 例感染者现住址为区外，来自与 FH 镇和 QQ 镇接壤的 JT 县，女性占比 50%，有商业性行为服务史。分子簇 C2 中男性、≥50 岁、农民均占 69.23%，现住址均为本区内，包含 FH 镇（38.46%）、YD 镇（23.08%）和 MM 镇（23.08%）在内的 5 个街道 / 乡镇。分子簇 C3 中男性占 90%，农民占 80%，均为本区内的男性病例，包含 YD 镇（50.00%）、FH 镇（20.00%）在内的 5 个街道 / 乡镇。见表 2。同时还发现分子簇 21 存在男男性行为感染者与异性性传播的男性感染者相连情况。见图 1C。

2.5　传播风险分析　入网的感染者中共有 67 例度数≥4，占比 48.2%，全部为异性性传播，主要分布于 FH 镇（26.87%）、QQ 镇（19.40%）和 YD 镇（16.42%），67 例病例中男性占 77.61%，非婚商业性行为占

67.16%，包括 44 例男性和 1 例女性，男性传播途径为非婚商业性行为占 84.62%；女性 15 例，44.67%的女性为配偶或固定性伴阳性。单因素分析结果显示：不同职业、文化程度、基因亚型和现住址的感染者度数≥4 差异具有统计学意义（$P<0.05$）；采用二项 logistic 回归模型分析，现住址对度数≥4 风险有影响；相比 DW 街道，FH 镇（*OR*=44.138，95%*CI*:4.474～435.459）的感染者度数≥4 风险更高。见表 3。

表 2　青白江区 10 例及以上病例的分子簇特征分布[*n*(%)]

Table 2　Characteristics of molecular clusters (≥10 cases) in Qingbaijiang District [*n*(%)]

变量	总计(*n*=39)	C1(*n*=16)	C2(*n*=13)	C3(*n*=10)
性别				
男	32(82.05)	14(87.50)	9(69.23)	9(90.00)
女	7(17.95)	2(12.50)	4(30.77)	1(10.00)
年龄(岁)				
<50	6(15.38)	2(12.50)	4(30.77)	0(0.00)
≥50	33(84.62)	14(87.50)	9(69.23)	10(100.00)
职业				
农民	27(69.23)	10(62.50)	9(69.23)	8(80.00)
其他	12(30.77)	6(37.50)	4(30.77)	2(20.00)
婚姻状况				
未婚	8(20.51)	1(6.25)	2(15.38)	5(50.00)
已婚	22(56.41)	13(81.25)	6(46.16)	3(30.00)
离异或丧偶	9(23.08)	2(12.50)	5(38.46)	2(20.00)
文化程度				
初中	6(15.38)	1(6.25)	4(30.77)	1(10.00)
小学及以下	33(84.62)	15(93.75)	9(69.23)	9(90.00)
感染途径				
异性性传播	39(100.00)	16(100.00)	13(100.00)	10(100.00)
基因亚型				
CRF01_AE	10(25.64)	0(0.00)	0(0.00)	10(100.00)
CRF07_BC	29(74.36)	16(100.00)	13(100.00)	0(0.00)
现住址				
DW 街道	1(2.56)	0(0.00)	1(7.69)	0(0.00)
DT 街道	2(5.13)	0(0.00)	1(7.69)	1(10.00)
CX 镇	1(2.56)	0(0.00)	0(0.00)	1(10.00)
MM 镇	3(7.69)	0(0.00)	3(23.08)	0(0.00)
YD 镇	9(23.08)	1(6.25)	3(23.08)	5(50.00)
QQ 镇	7(17.95)	6(37.50)	0(0.00)	1(10.00)
FH 镇	14(35.90)	7(43.75)	5(38.46)	2(20.00)
区外	2(5.13)	2(12.50)	0(0.00)	0(0.00)

表 3　2022—2024 年青白江区新报告 HIV-1 感染者节点度数≥4 的病例分布

Table 3　Distribution of newly reported HIV-1 cases with a network degree ≥4 in Qingbaijiang District, 2022—2024

变量	入网人数	度数≥4 人数	单因素分析		多因素分析	
	(*n*=139)	占比(%)	χ^2 值	*P* 值	*aOR*(95%*CI*)	*P* 值
性别			0.050	0.824		
男	109	52(47.71)				
女	30	15(50.00)				
年龄(岁)			2.762	0.097		
<50	29	10(34.48)				
≥50	110	57(51.82)				
职业			6.527	0.011		
农民	80	46(57.50)			1.000	
其他	59	21(35.59)			0.738(0.262～2.076)	0.565
婚姻状况			5.446	0.066		
未婚	16	11(68.75)				
已婚	72	37(51.38)				
离异或丧偶	51	19(37.25)				
文化程度			9.447	0.009		

（续表）

变量	入网人数	度数≥4 人数	单因素分析		多因素分析	
	(*n*=139)	占比(%)	χ^2 值	*P* 值	*aOR*(95%*CI*)	*P* 值
中专 / 高中及以上	10	2(20.00)			1.000	
初中	34	11(32.35)			1.007(0.151 ~ 6.714)	0.994
小学及以下	95	54(56.84)			2.110(0.358 ~ 12.439)	0.409
感染途径			0.937	0.333		
异性性传播	138	67(48.55)				
同性性传播	1	0(0.00)				
接触方式						
配偶或固定性伴阳性	13	8(61.54)	4.253	0.235		
男男性行为	1	0(0.00)				
非婚商业异性性行为	87	45(51.72)				
非婚非商业异性性行为	38	14(36.84)				
基因亚型			10.036	0.007		
CRF01_AE	33	9(27.27)				
CRF07_BC	104	58(55.77)				
其他亚型	2	0(0.00)				
现住址			31.814	<0.001		
DW 街道	34	7(20.59)			1.000	
DT 街道	12	3(25.00)			1.514(0.272 ~ 8.432)	0.636
CX 镇	9	4(44.44)			3.559(0.622 ~ 20.350)	0.154
MM 镇	8	4(50.00)			2.818(0.459 ~ 17.309)	0.263
YD 镇	22	11(50.00)			3.498(0.782 ~ 15.641)	0.101
QQ 镇	20	13(65.00)			3.794(0.870 ~ 16.545)	0.076
FH 镇	19	18(94.74)			44.138(4.474 ~ 435.459)	0.001
区外	15	7(46.67)			2.560(0.635 ~ 10.330)	0.187

3　讨　论

本研究主要分析了成都市青白江区 2022—2024 年 277 例新报告 HIV-1 感染者的分子网络传播流行情况，共发现 9 种基因亚型，以 *CRF07_BC* 和 *CRF01_AE* 亚型为主，与国内部分地区[7-8]的 HIV-1 基因亚型流行情况相似。有研究表明，*CRF07_BC* 亚型毒株具有较强的传播能力，已经超越 *CRF01_AE* 亚型成为我国感染人数最多的毒株[9]，且在跨地区传播中占比很高，分子网络中节点连接复杂[10]。

研究发现年龄、基因亚型和现住址是入网的影响因素，≥50 岁感染者更容易入网，这与四川省既往其他研究相同[11]。入网的感染者主要是文化程度低、年龄≥50 的男性病例，以异性性传播为主。提示在年龄≥50 的人群中，部分人可能仍处于性活跃度高阶段，且存在非婚商业异性性行为，同时由于文化程度较低，缺乏对 AIDS 的正确认识，性行为自我保护的意识不强，不愿意或很少使用安全套，从而导致 AIDS 感染风险增加。

分子传播网络显示，青白江区整体入网率为 50.18%。该区两个乡镇与周边一县构成最大分子簇（C1），该分子簇包含一名来自该县的女性商业性行为从业者。提示部分男性在面临性需求无法被满足的情况下，可能会在寻求商业性行为服务时为规避风险，通常会采取地理规避策略来选择性交易地点，从而导致了 HIV 跨区域或跨区县传播。针对该类人群应进一步加强筛查检测、行为干预和溯源分析等精准干预措施，以有效遏制艾滋病传播。研究还发现分子簇 21 存在男男性行为感染者与异性性传播的男性感染者相连情况，这可能是感染者在调查时未准确告知其接触方式，双性性行为男性更具有隐瞒性从而导致传播链条更为复杂[12]，提示在日常防控工作中应重视双性性行为感染者在传播链中的重要角色。

传播风险分析显示，现住址是度数≥4 风险的影响因素，FH 镇的病例可能存在较高传播风险。还发现女性病例接触方式以配偶或固定性别阳性为主，与重庆渝北[13]研究结果相似，此发现指向配偶阳性是处于“固定关系”中的女性感染的重要因素之一，提示要做好单阳家庭宣传教育，推广“配偶阳性检测”服务和完善阳性告知支持体系，以保护固定性伴关系中的女性免受艾滋病侵害。

综上所述，2022—2024 年青白江区新报告 HIV-1 感染者基因型以 *CRF07_BC* 和 *CRF01_AE* 亚型为主，不同的年龄、基因亚型和现住址是入网的影响因素，青白江区内部分乡镇的感染者有较大传播风

险,且存在跨区县传播,提示下一步应利用分子传播网络的结果,针对流行的重点区域和重点人群提出精准的干预措施,以遏制疫情的蔓延。

利益冲突声明 本研究不存在任何利益冲突

参考文献

[1] 王栋,邢辉. 我国 HIV 分子流行病学研究:从传播特征到溯源防控[J]. 中国艾滋病性病,2025,31(11):1179-1185.
Wang D, Xing H. Molecular epidemiological study of HIV in China: from transmission characteristics to source tracing and control [J]. Chinese Journal of AIDS & STD, 2025, 31 (11): 1179-1185. (In Chinese)

[2] 周思敏,刘展志,徐仙,等. 2021-2023 年成都市青白江区 HIV 抗体筛查结果分析[J]. 中国国境卫生检疫杂志,2025,48(1):56-59.
Zhou SM, Liu ZZ, Xu X, et al. Analysis of HIV antibody screening in Qingbaijiang District,Chengdu from 2021 to 2023 [J]. Chinese Journal of Frontier Health and Quarantine, 2025, 48 (1): 56-59.(In Chinese)

[3] 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)

[4] 盛楠,蒋君,杨丹,等. 南充市新报告 HIV-1 感染者分子网络传播特征[J]. 预防医学情报杂志,2025,41(9):1184-1190.
Sheng N, Jiang J, Yang D, et al. Molecular network transmission characteristics of newly reported HIV-1 infected individuals in Nanchong City[J]. Journal of Preventive Medicine Information, 2025, 41(9): 1184-1190.(In Chinese)

[5] 曾德军,赵茂岑,王茂芹,等. 德阳市 2022-2024 年新报告 HIV 感染者分子传播网络分析[J]. 中国艾滋病性病,2025,31(11):1193-1198.
Zeng DJ, Zhao MC, Wang MQ, et al. Molecular transmission network of newly reported cases with those infected with HIV in Deyang City from 2022 to 2024 [J]. Chinese Journal of AIDS & STD, 2025, 31 (11): 1193-1198.(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 (2025 版)[EB/OL]. [2026-04-15]. https://mp.weixin.qq.com/s/Ao5AoD926637Ged5pHKwuw.
National Center for STD Control, China CDC. Technical guide for HIV transmission networks monitoring and intervention (2025) [EB/OL]. [2026-04-15]. https://mp.weixin.qq.com/s/Ao5AoD926637Ged5pHKwuw.(In Chinese)

[7] 申万敏,王大朋,蒋家俊,等. 贵阳市 123 例新报告 HIV-1 感染者分子传播网络特征及耐药分析 [J]. 现代预防医学,2025,52(10):1902-1908.
Shen WM, Wang DP, Jiang JJ, et al. Molecular transmission network characteristics and drug resistance analysis of 123 newly reported HIV-1 cases,Guiyang City [J]. Modern Preventive Medicine, 2025, 52(10): 1902-1908.(In Chinese)

[8] 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)

[9] 梁焱铃, 冯毅, 邵一鸣. HIV-1 C 亚型、CRF07_BC 和 CRF08_BC 重组毒株的起源和分子流行病学研究进展[J]. 中国艾滋病性病,2021,27(5):549-552.
Liang YL, Feng Y, Shao YM. The origin and molecular epidemiology of HIV-1 subtype C,CRF07 BC and CRF08 BC [J]. Chinese Journal of AIDS & STD, 2021, 27(5): 549-552.(In Chinese)

[10] 王栋,冯毅,郝静静,等. 基于 HIV-1 的 pol 基因区序列分析我国 CRF07_BC 毒株的跨地区传播特征 [J]. 中国艾滋病性病,2024,30(3):232-239.
Wang D, Feng Y, Hao JJ, et al. Characterization of cross-regional transmission on the predominantly endemic CRF07_BC strain in China through the sequence of the pol gene region of HIV-1 [J]. Chinese Journal of AIDS & STD, 2024, 30(3): 232-239.(In Chinese)

[11] 何佳,袁丹,段振华,等. 四川省彭州市 HIV-1 CRF01_AE 毒株分子网络特征分析 [J]. 中国艾滋病性病,2024,30(11):1111-1116.
He J, Yuan D, Duan ZH, et al. Molecular network characteristics of HIV-1 CRF01_AE strain in Pengzhou, Sichuan Province[J]. Chinese Journal of AIDS & STD, 2024, 30(11): 1111-1116.(In Chinese)

[12] 唐虎, 杨梓杰, 郑陈丽, 等. 深圳市 2022-2023 年新报告 HIV/AIDS 患者 HIV-1 分子传播网络特征 [J]. 中国艾滋病性病,2025,31(3):254-260.
Tang H, Yang ZJ, Zheng CL, et al. Molecular transmission network characteristics of newly reported HIV-1 infected patients in Shenzhen City, Guangdong Province, from 2022 to 2023 [J]. Chinese Journal of AIDS & STD, 2025, 31(3): 254-260.(In Chinese)

[13] 刘惠,李荻菲,黄歆,等. 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[J]. 现代预防医学,2024,51(24):4567-4572, 4596.
Liu H, Li DF, Huang X, et al. Analysis of HIV-1 genotypes and molecular transmission network among newly reported HIV/AIDS cases aged 50 and above in Yubei District of Chongqing [J]. Modern Preventive Medicine, 2024, 51(24): 4567-4572, 4596.(In Chinese)

收稿日期:2026-01-13