

# 济南市 2022—2023 年新报告男男性行为人群 HIV - 1 感染者分子传播网络特征分析

黄玉洁<sup>1</sup>, 林玉玺<sup>2</sup>, 李欣<sup>1</sup>, 潘晶<sup>1</sup>, 韩秀云<sup>1</sup>, 焦海涛<sup>1</sup>, 刘岚铮<sup>1</sup>

1. 济南市疾病预防控制中心, 山东 济南 250021; 2. 山东大学齐鲁医学院公共卫生学院

**摘要:**目的 通过构建济南市新报告男男性行为人群(men who have sex with men, MSM)人类免疫缺陷病毒-1型(human immunodeficiency virus type 1, HIV-1)感染者的分子传播网络,分析传播网络特征,以提高干预效果,减少新发感染。方法 收集2022—2023年济南市新报告HIV-1 MSM感染者的治疗前样本,采用巢氏PCR方法扩增HIV-1 *pol*区基因并测序,所得序列构建系统进化树确定亚型,构建分子传播网络并分析入网危险因素,通过美国斯坦福耐药数据库识别并分析耐药突变位点。结果 本次研究共获得有效序列207条,共发现15种HIV亚型,以CRF07\_BC(76例,36.7%)和CRF01\_AE(74例,35.7%)为主,其次为B亚型(21例,10.1%),CRF114\_0155(9例,4.3%)和CRF55\_01B(8例,3.9%)等。选择1.5%为基因距离阈值时,共42条序列入网,入网率为20.3%,形成15个分子簇。Logistic回归分析显示感染者的年龄、文化程度和CD4细胞数与入网相关。多因素分析结果显示,文化程度为大专及以上、CD4计数>500个/ $\mu$ l更容易入网。207例患者样本中有11例存在耐药突变,治疗前耐药率为5.3%,蛋白酶抑制剂(protease inhibitor, PI)耐药突变2例,核苷类逆转录酶抑制剂(nucleotide reverse transcriptase inhibitor, NRTI)耐药突变6例,非核苷类逆转录酶抑制剂(non-nucleoside reverse transcriptase inhibitor, NNRTI)耐药突变2例,整合酶抑制剂(integrase strand transfer inhibitor, INSTI)耐药突变2例,其中有1例患者同时存在NRTI和NNRTI耐药突变。结论 济南市HIV-1 MSM感染者中基因亚型多样,主要为CRF07\_BC和CRF01\_AE,年轻且文化程度较高的感染者是传播网络中的活跃人群。HIV分子传播网络监测是一项长期持续性工作,应加强对网络中重点人群的溯源,采取更有效的干预措施减少HIV的传播。

**关键词:**人类免疫缺陷病毒;男男性行为人群;基因亚型;分子网络;耐药突变

中图分类号:R512.91 文献标志码:A 文章编号:1003-8507(2024)24-4573-07

DOI:10.20043/j.cnki.MPM.202408384

## Characteristics of HIV molecular transmission network of men who have sex with men among newly reported HIV cases, Jinan, 2022 - 2023

HUANG Yu-jie\*, LIN Yu-xi, LI Xin, PAN Jing, HAN Xiu-yun, JIAO Hai-tao, LIU Lan-zheng

\* Jinan Center for Disease Control and Prevention, Jinan, Shandong 250021, China

**Abstract: Objective** To explore the characteristics of HIV molecular transmission network of men who have sex with men (MSM) among newly reported HIV cases in Jinan, China. **Methods** The plasma samples of newly reported HIV-1 MSM in Jinan from 2022 to 2023 were collected. The *pol* region gene was amplified using nested PCR followed by sequencing. The obtained sequences were used to construct phylogenetic tree and molecular transmission network. The related factors for participants entering a cluster were analyzed. Drug resistance mutations were identified and analyzed using the online software of HIV drug resistance database of Stanford University. **Results** This study obtained 207 sequences and identified 15 HIV-1 subtypes. The dominant subtypes were CRF07\_BC (76/207, 36.7%) and CRF01\_AE (74/207, 35.7%), followed by B subtypes (21/207, 10.1%), CRF114\_0155 (9/207, 4.3%), and CRF55\_01B (8/207, 3.9%). Setting 1.5% as the gene distance threshold, a total of 15 molecular clusters were formed by 42 sequences, with a transmission network entry rate of 20.3%. Multivariate Logistic Analysis results showed that MSM with college or above education level and CD4 count > 500 cells/ $\mu$ l were more likely to enter the molecular transmission network. Among the 207 participants, 11 (5.3%) were detected

基金项目:2022年济南市卫生健康委员会公共卫生计划专项项目(2022-公-03);2023年济南市卫生健康委员会公共卫生计划专项项目(2023-公-22)

作者简介:黄玉洁(1995—),女,硕士,主管技师,研究方向:艾滋病病毒检测

通信作者:刘岚铮,E-mail:jinanliu2005@126.com;焦海涛:E-mail:jhthaitao@126.com

with drug resistance mutations, including 2 with PI resistance mutations, 6 with NRTI resistance mutations, 2 with NNRTI resistance mutations, and 2 with INSTI resistance mutations. One participant was detected with both NRTI and NNRTI resistance mutations. **Conclusion** The gene subtypes of newly reported HIV cases are diverse, mainly were CRF07\_BC and CRF01\_AE. MSM with younger age and higher education level are active populations in the HIV transmission network. HIV transmission network monitoring is a long-term and continuous work, and it is necessary to strengthen the traceability of key populations in the network and provide more effective intervention strategies to reduce the HIV transmission.

**Keywords:** Human immunodeficiency virus; Men who have sex with men; Gene subtypes; Molecular network; Drug resistant mutations

HIV 感染途径以性传播为主,其中男男性行为人群为 HIV 感染的高危人群之一,其发病率呈逐年上升趋势<sup>[1]</sup>。MSM 人群多性伴,且多采用无保护性肛交性行为,是 HIV 感染的重要危险因素<sup>[2]</sup>。由于 HIV 感染呈潜伏性,运用传统流行病学方法获取隐私性信息存在困难,使防控难度逐年增大。近年来,利用 HIV 基因序列进行基于分子网络的传播网络分析在一些发达国家已被列为指导艾滋病防控的新策略,成为揭示 HIV 传播特征和流行规律的新途径<sup>[3]</sup>。通过构建分子传播网络,可以发现其中的高风险传播者,及时采取干预措施,对遏制 HIV 传播和降低新发感染具有重要意义。济南市 HIV 传播以男男同性性传播为主,本研究选取济南市 2022—2023 年间新报告 HIV-1 感染者中的男男性行为人群为研究对象,通过分析该人群的人口学特征、病毒流行株、分子传播网络特征及耐药突变,了解济南市艾滋病疫情的流行特点,为指导济南市的疫情防控提供科学依据。

## 1 研究对象与方法

**1.1 研究对象** 选取 2022—2023 年济南市新报告且未经抗病毒治疗的 HIV 感染者中的 MSM 人群为研究对象,纳入标准:2022—2023 年济南市新报告且未治疗的 HIV-1 男性感染者,感染途径为同性性传播,签署知情同意书并自愿参与本研究。本研究经山东大学公共卫生伦理委员会批准(编号:伦研批第 LL20220906 号)。

## 1.2 方法

**1.2.1 病毒核酸提取、扩增及测序** 使用 EDTA 抗凝管采集感染者静脉血,及时离心分离血浆,放置 -80℃ 超低温冰箱冷冻保存。使用天隆科技全自动核酸提取仪及配套试剂盒提取病毒核酸。采用反转录-聚合酶链式反应(Reverse Transcription-Polymerase Chain Reaction, RT-PCR)和巢氏聚合酶链式反应(Nested Polymerase Chain Reaction, nest-PCR)对 HIV-1 *pol* 区基因序列进行扩增,扩增的基因片段主要为 *pol* 区全部蛋白酶(Protease, PR)基因和部分逆转录酶(Reverse transcriptase, RT)基因(参考毒株 HXB2: 位置 2253-3550nt),试剂盒来自德国

QIAGEN 公司(OneStep RT-PCR Kit, Taq PCR Master Mix Kit)。扩增产物经 1% 琼脂糖凝胶电泳鉴定,阳性产物送往北京德弘昌远生物科技有限公司进行后续纯化和测序反应。

**1.2.2 确定基因型/重组株** 使用 BioEdit 7.2.5 软件对样本序列和参考序列进行比对,参考序列从国际 HIV Database 数据库下载。参考《HIV 传播网络监测和干预技术指南(试行)》,用于分析的序列需满足以下条件:长度  $\geq 1000$  个碱基的 *pol* 基因序列(PR/RT 区),剔除重复序列、污染序列以及混合碱基  $\geq 5\%$  的序列。使用 FastTree 构建系统进化树并确定基因亚型。

**1.2.3 构建分子传播网络** 将比对好的样本序列导入 HyPhy 2.2.4 软件,选择 TN93 模型计算成对基因距离。选取 1.5% 为基因距离阈值生成传播网络关系,利用 Gephi V 0.9.2 软件生成可视化分子网络。

**1.2.4 耐药性分析** 将序列上传至美国斯坦福大学 HIV 耐药数据库在线软件(<https://hivdb.stanford.edu/hivdb/by-sequences/>)进行治疗前耐药突变分析。

**1.2.5 统计分析** 采用 SPSS 26.0 统计学软件,分类变量用频数和百分比表示,单因素分析采用二元 logistic 回归分析,将  $P < 0.1$  的变量纳入多因素分析,采用多因素 logistic 回归进行多因素分析,检验水准  $\alpha = 0.05$ ,分析研究对象进入分子传播网络的影响因素。

## 2 结果

**2.1 研究对象基本情况** 本次研究成功扩增 207 例 MSM 感染者的 HIV *pol* 区基因序列,其中 2022 年 93 例,2023 年 114 例,感染途径均为男男同性性传播。感染者年龄最小 17 岁,最大 75 岁,以 25~44 岁为主(122 例,58.9%)。207 例感染者以未婚(118 例,57%),高中及以上(163 例,78.7%),专业技术人员(54 例,26.1%)为主。首次 CD4<sup>+</sup>T 细胞计数主要集中在 500 个/ $\mu\text{l}$  以下(165 例,79.8%),详见表 1。共发现 HIV-1 基因亚型 15 种,以 CRF01\_AE 和 CRF07\_BC 为主,分别为 74 例(35.7%)和 76 例

(36.7%),其次为 B 亚型(21 例,10.1%),其他亚型包括 CRF114\_0155,CRF55\_01B,CRF67\_01B 等流行重组型和独特重组型,具体亚型分布见图 1。

表 1 2022—2023 年济南市新报告 HIV-1 MSM 感染者基本信息[n(%)]

Table 1 Basic characteristics of newly reported HIV-1 infected MSM in Jinan from 2022 to 2023[n(%)]

变量	例数	2022 年	2023 年
病例数	207(100)	93(44.9)	114(55.1)
民族			
汉族	203(98.1)	92(44.4)	111(53.7)
其他	4(1.9)	1(0.5)	3(1.4)
确诊年龄(岁)			
15~24	44(21.3)	18(8.7)	26(12.6)
25~34	74(35.7)	31(15.0)	43(20.7)
35~44	48(23.2)	20(9.7)	28(13.5)
45~54	32(15.5)	17(8.2)	15(7.3)
≥55	9(4.3)	7(3.4)	2(0.9)
婚姻状况			
未婚	118(57.0)	45(21.7)	73(35.3)
已婚或有配偶	58(28.0)	34(16.4)	24(11.6)
离异或丧偶	31(15.0)	14(6.8)	17(8.2)
文化程度			
初中及以下	43(20.8)	20(9.7)	23(11.1)
高中及以上	163(78.7)	72(34.8)	91(43.9)
不详	1(0.5)	1(0.5)	0(0.0)
职业			
专业技术人员	54(26.1)	27(13.0)	27(13.0)
农民/工人	33(15.9)	14(6.8)	19(9.2)
商业服务	52(25.1)	24(11.6)	28(13.5)
学生	21(10.2)	6(2.9)	15(7.3)
家务及待业	29(14.0)	19(9.2)	10(4.8)
其他	18(8.7)	3(1.4)	15(7.3)
CD4 细胞计数(个/μl)			
≤200	62(30.0)	25(12.1)	37(17.9)
201~350	66(31.9)	28(13.5)	38(18.4)
351~500	37(17.9)	20(9.6)	17(8.2)
>500	32(15.5)	15(7.3)	17(8.2)
不详	10(4.8)	5(2.4)	5(2.4)
亚型			
CRF07_BC	76(36.7)	36(17.4)	40(19.3)
CRF01_AE	74(35.7)	37(17.9)	37(17.9)
CRF114_0155	9(4.3)	3(1.4)	6(2.9)
CRF55_01B	8(3.9)	4(1.9)	4(1.9)
B	21(10.1)	8(3.9)	13(6.3)
其他	28(13.5)	8(3.9)	20(9.6)

2.2 分子传播网络分析 本次研究选取 1.5% 为基因距离阈值生成传播网络关系,共 42 条序列入网,入网率为 20.3%,共形成 15 个分子簇和 43 条边,最大度数为 6,最小度数为 1。入网序列的亚型以 CRF01\_AE 和 CRF07\_BC 为主,分别为 16 例(38.1%)和 18 例(42.9%),具体亚型分布见图 2。所有分子簇中,节点数 ≥3 的传播簇共有 4 个(C1 - C4),详见表 2,最大的传播簇 C1 有 9 个节点,其中 C1 和 C4 为

CRF07\_BC 亚型,C2 为 CRF104\_0107 亚型,C3 为 CRF01\_AE 亚型。分子簇 C1 - C4 以 ≤34 岁、未婚、学历大专及以上者为主,CD4 细胞数主要集中在 201~350 个/μl 之间。

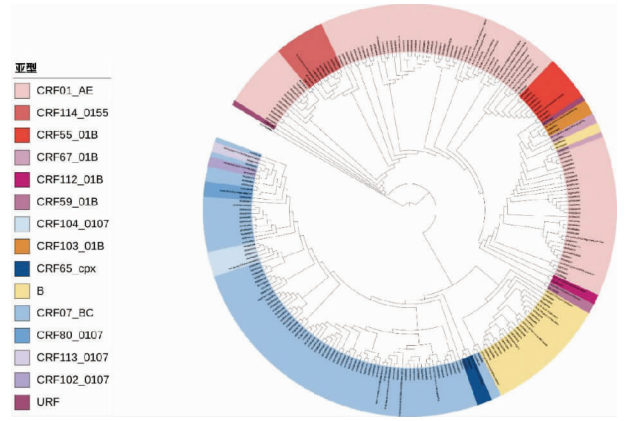


图 1 2022—2023 年济南市新报告 HIV-1 MSM 感染者系统进化树

Fig. 1 Phylogenetic tree of newly reported HIV-1 infected MSM in Jinan from 2022 to 2023

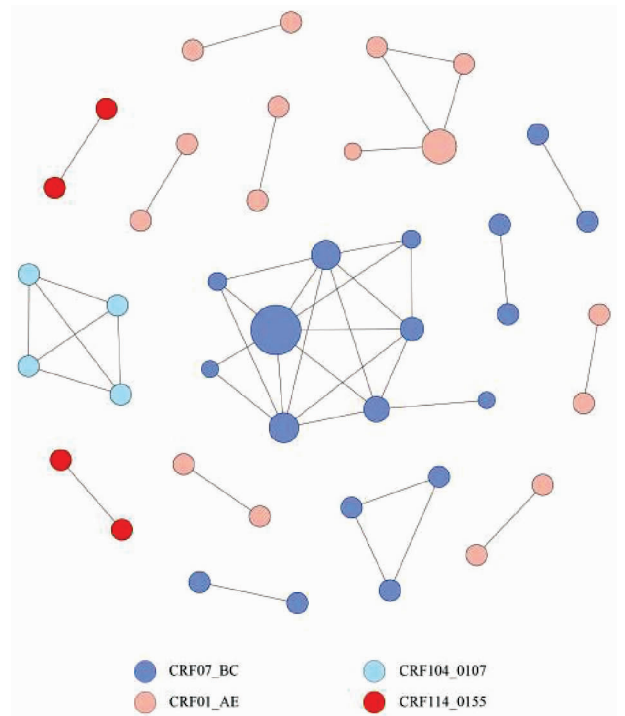


图 2 2022—2023 年济南市新报告 HIV-1 MSM 感染者亚型分布分子传播网络

Fig. 2 Molecular transmission network of newly reported HIV-1 infected MSM in Jinan from 2022 to 2023

对入网危险因素进行 logistic 回归分析,单因素分析结果显示,与 15~24 岁相比,35~44 岁(OR = 0.195,95% CI:0.058~0.650;P=0.008)和 45~54

表 2 2022—2023 年济南市新报告 HIV-1 MSM 感染者重点分子簇分布[n(%)]

Table 2 Main clusters of newly reported HIV-1 infected MSM in Jinan from 2022 to 2023[n(%)]

变量	C1	C2	C3	C4
节点数	9	4	4	3
确诊时间				
2022	3(33.3)	0(0.0)	1(75.0)	2(66.7)
2023	6(66.7)	4(100.0)	3(75.0)	1(33.3)
确诊年龄(岁)				
15~24	2(22.2)	2(50.0)	1(25.0)	1(33.3)
25~34	7(77.8)	2(50.0)	2(50.0)	2(66.7)
35~44	0(0.0)	0(0.0)	1(25.0)	0(0.0)
婚姻状况				
未婚	7(77.8)	3(75.0)	3(75.0)	2(66.7)
已婚或有配偶	2(22.2)	1(25.0)	0(0.0)	1(33.3)
离异或丧偶	0(0.0)	0(0.0)	1(25.0)	0(0.0)
文化程度				
中专及以下	2(22.2)	1(75.0)	0(0.0)	0(0.0)
大专及以上	7(77.8)	3(75.0)	4(100.0)	3(100.0)
CD4 细胞计数(个/ $\mu$ l)				
$\leq 200$	2(22.2)	0(0.0)	0(0.0)	0(0.0)
201~350	4(44.4)	2(50.0)	1(25.0)	2(66.7)
351~500	0(0.0)	0(0.0)	1(25.0)	1(33.3)
$> 500$	1(11.1)	2(50.0)	2(50.0)	0(0.0)
不详	2(22.2)	0(0.0)	0(0.0)	0(0.0)

岁( $OR = 0.069, 95\% CI: 0.009 \sim 0.559; P = 0.012$ )入网率较低,与中专及以下相比,大专及以上者( $OR = 4.011, 95\% CI: 1.684 \sim 9.554; P = 0.002$ )更容易入网,CD4 细胞计数 $> 200$ 个/ $\mu$ L者比 $\leq 200$ 个/ $\mu$ L入网率高,差异有统计学意义( $P < 0.05$ )。多因素分析结果显示,文化程度为大专及以上( $aOR = 3.457, 95\% CI: 1.174 \sim 10.181; P = 0.024$ )、CD4 计数 $> 500$

个/ $\mu$ L( $aOR = 4.275, 95\% CI: 1.128 \sim 16.197; P = 0.033$ )入网率高,年龄为35~54岁( $aOR = 0.123, 95\% CI: 0.021 \sim 0.724; P = 0.021$ )和45~54岁者( $aOR = 0.075, 95\% CI: 0.006 \sim 0.983; P = 0.048$ )入网率低,差异有统计学意义( $P < 0.05$ ),分析结果显示婚姻状况和基因亚型与入网率无明显关联,详见表3。

表 3 2022—2023 年济南市新报告 HIV-1 MSM 感染者入网危险因素分析

Table 3 Factors related to entering the Molecular transmission network of newly reported HIV-1 infected MSM in Jinan from 2022 to 2023

变量	总人数 [n(%)]	入网数 [n(%)]	单因素分析		多因素分析 <sup>c</sup>	
			OR 值(95% CI)	P	aOR 值(95% CI)	P
确诊时间						
2022	93(44.9)	22(23.7)	1.000		-	-
2023	114(55.1)	20(17.5)	0.687(0.348~1.355)	0.278	-	-
民族						
汉族	203(98.1)	41(20.2)	1.000		-	-
其他	4(1.9)	1(25.0)	1.317(0.134~12.993)	0.814	-	-
确诊年龄						
15~24	44(21.3)	14(31.8)	1.000		1.000	
25~34	74(35.7)	21(28.4)	0.849(0.377~1.911)	0.693	0.824(0.314~2.160)	0.694
35~44	48(23.2)	4(8.3)	0.195(0.058~0.650)	0.008	0.123(0.021~0.724)	0.021
45~54	32(15.5)	1(3.1)	0.069(0.009~0.559)	0.012	0.075(0.006~0.983)	0.048
$\geq 55$	9(4.3)	2(22.2)	0.612(0.112~3.334)	0.570	0.557(0.057~5.429)	0.615
婚姻状况						
未婚	118(57.0)	30(25.4)	1.000		1.000	
已婚或有配偶	58(28.0)	9(15.5)	0.539(0.237~1.227)	0.141	3.224(0.827~12.566)	0.092
离异或丧偶	31(15.0)	3(9.7)	0.314(0.089~1.109)	0.072	3.212(0.461~22.374)	0.239
文化程度						
中专及以下	80(38.8)	7(8.8)	1.000 a		1.000	

(续表)

变量	总人数 [n(%)]	入网数 [n(%)]	单因素分析		多因素分析 <sup>c</sup>	
			OR 值(95% CI)	P	aOR 值(95% CI)	P
大专及以上	126(61.2)	35(27.8)	4.011(1.684~9.554)	0.002	3.457(1.174~10.181)	0.024
基线 CD4 细胞计数						
≤200	62(31.5)	5(8.1)	1.000 b		1.000	
201~350	66(33.5)	17(25.8)	3.955(1.360~11.504)	0.012	3.095(0.952~10.062)	0.060
351~500	37(18.8)	9(24.3)	3.664(1.122~11.962)	0.031	2.591(0.698~9.611)	0.155
>500	32(16.2)	9(28.1)	4.461(1.349~14.746)	0.014	4.275(1.128~16.197)	0.033
亚型						
CRF01_AE	74(35.7)	16(21.6)	1.000		1.000	
CRF07_BC	76(36.7)	18(23.7)	1.125(0.523~2.419)	0.763	0.739(0.300~1.820)	0.511
CRF55_01B	8(3.9)	0(0.0)	-	-	-	-
B	21(10.1)	0(0.0)	-	-	-	-
其他	28(13.5)	8(28.6)	1.450(0.539~3.899)	0.462	1.561(0.491~4.970)	0.451

注:a 剔除文化程度不详的研究对象;b 剔除 CD4 细胞计数不详的研究对象;c 剔除文化程度和 CD4 细胞计数不详的研究对象。

**2.3 耐药突变分析** 207 例患者样本中有 11 例存在低度耐药及以上程度的耐药突变,2022 年有 6 例(6.5%,6/93),2023 年有 5 例(4.39%,5/114),总体耐药率为 5.3%(11/207),亚型以 CRF07\_BC 和 CRF01\_AE 为主,该 11 例感染者均未入分子传播网络。耐药突变位点见表 4,PI 耐药突变 2 例,突变位

点均为 M46L;NRTI 耐药突变 6 例,突变位点为 K65R、M41L、L74V、M184I、M184IV;NNRTI 耐药突变 2 例,突变位点分别为 G190A、V106A;INSTI 耐药突变 2 例,突变位点分别为 E138A 和 E138K。其中有 1 例同时存在 NRTI 和 NNRTI 双重耐药,突变位点为 K65R 和 V106A。

表 4 研究对象中检出的治疗前耐药突变位点

Table 4 Pre-treatment drug resistance mutation sites detected from participants

序列	PI 类耐药突变	NRTI 类耐药突变	NNRTI 类耐药突变	INSTI 类耐药突变	亚型
2022-1			G190A		CRF07_BC
2022-2		K65R	V106A		CRF01_AE
2022-3		M41L			CRF113_0107
2022-4	M46L				CRF01_AE
2022-5		L74V			CRF01_AE
2022-6				E138A	CRF07_BC
2023-1		M184IV			CRF07_BC
2023-2		M184I			CRF01_AE
2023-3		M184IV			CRF07_BC
2023-4	M46L				CRF67_01B
2023-5				E138K	CRF07_BC

### 3 讨论

我国 HIV 传播途径以性传播为主,每年报告病例经性传播比例均在 95% 以上<sup>[4]</sup>。MSM 作为 HIV 传播的高危人群之一,是艾滋病防控工作中的重点。2011 年以来,山东省同性性传播感染 HIV 病例超过异性传播,成为山东省 HIV 的主要传播途径<sup>[5]</sup>。有数据显示,济南市 2010—2021 年 HIV 感染者/AIDS 患者男性占 95.17%,感染途径为同性传播者占 81.99%<sup>[6]</sup>。因此,构建济南市 MSM 感染者的分子传播网络对济南市艾滋病疫情防控具有重要意义。本次研究显示,济南市 MSM 感染者呈现出年轻化、未婚、高文化程度的特点。此外,MSM 感染者中存在部分已婚或有配偶的人群,此人群同时伴有异性性行

为,从而造成 HIV 的异性传播<sup>[7]</sup>。因此针对此类人群,应做好流调工作,必要时扩大筛检范围。本研究中 MSM 感染者亚型复杂多样,共有 15 种,与 2021 年相比种类增多<sup>[8]</sup>,以 CRF07\_BC 和 CRF01\_AE 流行株为主,与我国其他地区流行株一致<sup>[9-11]</sup>。

当基因距离阈值为 1.5% 时,2022—2023 年 MSM 感染者共纳入 42 个病例,入网率为 20.3%,入网率较低,考虑济南市 MSM 感染者可能为多点多源传播。所有分子簇中,亚型以 CRF01\_AE 和 CRF07\_BC 为主,有 4 个传播簇节点数 ≥3,其中 C2 簇所有感染者为 2023 年新报告病例,亚型为 CRF104\_0107,可作为新发现的分子网络重点关注。所有入网感染者年龄集中在 15~34 岁,学历为大专及以上。济南高学历青年男性的传播风险高于其他 MSM 感染者,因此应

加强对这类人群的宣传教育,安全套推广和行为规范,同时使感染者尽早纳入抗病毒治疗。

参考世界卫生组织提出的耐药传播的规定,耐药率 < 5% 为低度流行,5% - 15% 为中度流行<sup>[12]</sup>,本次研究共发现 11 例患者存在治疗前耐药突变,耐药率为 5.3%,与北京市、湖北省、福建省等地区接近<sup>[13-15]</sup>。PI 类,NRTI 类,NNRTI 类和 INSTI 类耐药均存在,耐药突变位点主要有 M46L, M184I/V, E138A/K 等,是常见的突变位点<sup>[16-17]</sup>。研究对象存在不同的耐药突变位点,进而导致对治疗药物产生不同程度的耐药,提示临床医生应该基于耐药突变位点检测结果为感染者推荐科学的治疗方案。

本次研究通过对济南市近两年 HIV MSM 感染者的基本情况、亚型分布、分子传播网络特征和耐药突变进行分析,说明在济南市 MSM 感染者中 HIV 传播来源复杂多样,应定期将新诊断的感染者样本进行病毒基因测序,动态监测 HIV 分子传播网络的变化趋势,对高风险传播者进行流调和干预,提升精准防控的效果。

**利益冲突声明** 本研究不存在任何利益冲突

## 参考文献

- [1] Jin X, Cheng JJ, Lou J. Infer HIV transmission dynamics from gene sequences among young men who have sex with men in China [J]. Infectious Disease Modelling, 2021, 6: 832 - 838.
- [2] 金屺华,唐慧玲,张子根,等. 2016—2021 年浙江省金华市男男性行为人群人类免疫缺陷病毒感染状况及相关因素分析[J]. 上海预防医学, 2024, 36(6): 523 - 527.  
Jin LH, Tang HL, Zhang ZG, et al. Human immunodeficiency virus infection status and related factors among men who have sex with men in Jinhua City, Zhejiang Province from 2016 to 2021 [J]. Shanghai Journal of Preventive Medicine, 2024, 36(6): 523 - 527.
- [3] 李伟,钟平,吴波,等. HIV - 1 分子传播网络分析及应用[J]. 中国艾滋病性病, 2018, 24(12): 1258 - 1261.  
Li W, Zhong P, Wu B, et al. Analysis and application of HIV - 1 genetic transmission network [J]. Chinese Journal of AIDS & STD, 2018, 24(12): 1258 - 1261.
- [4] 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 AIDS epidemic situation and prevention and treatment prospect in China [J]. Chinese Journal of AIDS & STD, 2023, 29(3): 247 - 250.
- [5] 杨兴光,钱跃升,张娜,等. 山东省艾滋病流行特征分析[J]. 中国病原生物学杂志, 2018, 13(1): 68 - 71.  
Yang XG, Qian YS, Zhang N, et al. Analysis of the epidemiological characteristics of HIV/AIDS in Shandong Province [J]. Journal of Pathogen Biology, 2018, 13(1): 68 - 71.
- [6] 王莉娜. 济南市 2010—2021 年 HIV 感染者/艾滋病患者流行病学特征及晚发现相关因素分析[D]. 济南: 山东大学, 2023.  
Wang LN. Epidemiological characteristics and factors related to late

- detection of HIV infected / AIDS patients in Jinan, 2010 - 2021 [D]. Jinan: Shandong University, 2023.
- [7] 段星,梁欣悦,王继宝,等. 2010—2019 年云南省德宏州新报告男男性行为 HIV 感染者病毒基因亚型分子传播网络分析[J]. 上海预防医学, 2023, 35(12): 1168 - 1174.  
Duan X, Liang XY, Wang JB, et al. HIV genotypes and molecular transmission networks among MSM with newly reported HIV infections in Dehong Prefecture, Yunnan Province from 2010 to 2019 [J]. Shanghai Journal of Preventive Medicine, 2023, 35(12): 1168 - 1174.
  - [8] 韩莹,潘晶,赵帅,等. 济南市新确诊 HIV - 1 型感染者的分子传播网络特征分析[J]. 现代预防医学, 2024, 51(1): 143 - 148.  
Han Y, Pan J, Zhao S, et al. Analysis of molecular transmission network characteristics of newly confirmed HIV - 1 infection in Jinan [J]. Modern Preventive Medicine, 2024, 51(1): 143 - 148.
  - [9] 何婷婷,曹栋卿,蒋卓婧,等. 绍兴市新确诊 HIV - 1 感染者分子传播网络及耐药基因分析[J]. 中国艾滋病性病, 2023, 29(7): 757 - 760.  
He TT, Cao DQ, Jiang ZJ, et al. Molecular transmission network and drug resistance in newly reported HIV - 1 cases in Shaoxing City, Zhejiang Province [J]. Chinese Journal of AIDS & STD, 2023, 29(7): 757 - 760.
  - [10] 燕清丽,周莹,杨鹏飞,等. 淮安市新报告 HIV - 1 感染者的分子传播网络特征研究[J]. 中国病原生物学杂志, 2023, 18(11): 1264 - 1268.  
Yan QL, Zhou Y, Yang PF, et al. Characteristic genetic transmission networks among newly reported HIV - 1 infected cases in Huai'an [J]. Journal of Pathogen Biology, 2023, 18(11): 1264 - 1268.
  - [11] 黄元妹,袁苑,郑陈丽,等. 深圳市男男性行为人群艾滋病病毒主要流行亚型的分子网络特征分析[J]. 实用医学杂志, 2022, 38(21): 2745 - 2750.  
Huang YM, Yuan Y, Zheng CL, et al. Molecular network characteristics of three main subtypes of HIV among MSM in Shenzhen [J]. The Journal of Practical Medicine, 2022, 38(21): 2745 - 2750.
  - [12] 陈宏利,李丹,冯毅,等. 我国治疗前 HIV 耐药毒株流行进展[J]. 安徽预防医学杂志, 2024, 30(1): 34 - 38.  
Chen HL, Li D, Feng Y, et al. Progress in the prevalence of pretreatment HIV resistant strains in China [J]. Anhui Journal of Preventive Medicine, 2024, 30(1): 34 - 38.
  - [13] 孙卓群,于凤婷,陈美玲,等. 2019 - 2020 年地坛医院 HIV - 1 感染者治疗前耐药及影响因素[J]. 中国艾滋病性病, 2021, 27(11): 1212 - 1217.  
Sun ZQ, Yu FT, Chen ML, et al. Analysis on the prevalence and influencing factors of pretreatment HIV drug resistance among adults at Ditan Hospital in Beijing (2019 - 2020) [J]. Chinese Journal of AIDS & STD, 2021, 27(11): 1212 - 1217.
  - [14] 郭萌,梅芳华,刘聪,等. 2020—2022 年湖北省 HIV - 1 感染者治疗前耐药状况分析[J]. 公共卫生与预防医学, 2024, 35(1): 49 - 52.  
Guo M, Mei FH, Liu C, et al. Primary drug resistance among HIV - 1 patients in Hubei Province in 2020 - 2022 [J]. Journal of Public Health and Preventive Medicine, 2024, 35(1): 49 - 52.

- [15] 谢美榕,林丽颖,王征桦,等. 2020 年福建省新报告 HIV-1 感染者分子流行特征[J]. 中国血吸虫病防治杂志, 2023, 35(6): 583-589.  
Xie MR, Lin LY, Wang ZH, et al. Molecular epidemiological characteristics of newly diagnosed HIV-1 cases in Fujian Province in 2020[J]. Chinese Journal of Schistosomiasis Control, 2023, 35(6): 583-589.
- [16] 段星,王妙辰,王译葵,等. 德宏傣族景颇族自治州 2017—2019 年新报告 HIV 感染者治疗前 HIV pol 基因耐药突变位点及耐药相关因素分析[J]. 中国病毒病杂志, 2022, 12(5): 343-348.  
Duan X, Wang MC, Wang YK, et al. Pre-treatment drug resistance mutations of pol gene and related factors in newly reported HIV/AIDS in Dehong Dai and Jingpo Autonomous Prefecture from 2017 to 2019 [J]. Chinese Journal of Viral Diseases, 2022, 12(5): 343-348.
- [17] 龙海,甘霖,杨小燕,等. 贵阳市 266 例新发现 HIV/AIDS 患者抗病毒治疗前 HIV-1 耐药及亚型特征[J]. 中国艾滋病性病, 2022, 28(12): 1350-1354.  
Long H, Gan L, Yang XY, et al. HIV-1 drug resistance and subtype epidemic characteristics of 266 newly confirmed HIV/AIDS patients before antiviral treatment in Guiyang [J]. Chinese Journal of AIDS & STD, 2022, 28(12): 1350-1354.

收稿日期:2024-08-26

## (上接第 4528 页)

- [12] 冯振宁,黄琦瑜,魏翻,等. 我国残疾人康复机构与人力资源现状及配置公平性研究[J]. 中国社会医学杂志, 2022, 39(2): 222-225.  
Feng ZN, Huang QY, Wei F, et al. Research on the current situation and allocation equity of rehabilitation institutions and human resources for the disabled in china [J]. Chinese Journal of Social Medicine, 2022, 39(2): 222-225. (In Chinese)
- [13] Jing Q, Tang Q, Sun M, et al. Regional disparities of rehabilitation resources for persons with disabilities in china: data from 2014 to 2019 [J]. International Journal of Environmental Research and Public Health, 2020, 17(19): 7319.
- [14] 王光程,段明雪,郭桐桐,等. 康复治疗师职业发展及其转型影响因素分析[J]. 中国康复理论与实践, 2023, 29(5): 565-569.  
Wang GC, Duan MX, Guo TT, et al. Factors related to career development and transformation of rehabilitation therapists [J]. Chinese Journal of Rehabilitation Theory and Practice, 2023, 29(5): 565-569. (In Chinese)
- [15] Colquhoun HL, Lamontagne ME, Duncan EA, et al. A systematic review of interventions to increase the use of standardized outcome measures by rehabilitation professionals [J]. Clinical Rehabilitation, 2017, 31(3): 299-309.
- [16] 范韞仪,郑晓瑛. 我国残疾人精准康复服务行动实施效果评估[J]. 中国康复理论与实践, 2022, 28(10): 1117-1125.  
Fan YY, Zheng XY. Evaluation of precision rehabilitation services for people with disabilities in China [J]. Chinese Journal of Rehabilitation Theory and Practice, 2022, 28(10): 1117-1125. (In Chinese)

收稿日期:2024-09-04

## (上接第 4560 页)

- Liang XY, Lin M, Liang DB, et al. Drug resistance and genotypic characteristics of multidrug-resistant Mycobacterium tuberculosis in Guangxi Zhuang Autonomous Region [J]. Chinese Journal of Antituberculosis, 2020, 42(6): 578-582. (In Chinese)
- [21] 王晓平,逢宇,赵晓,等. 宁夏回族自治区结核分枝杆菌基因分型及与耐药性关系的研究[J]. 中国防痨杂志, 2013, 35(9): 655-659.  
Wang XP, Pang Y, Zhao X, et al. Genotyping and drug resistance analysis of Mycobacterium tuberculosis in Ningxia [J]. Chinese Journal of Antituberculosis, 2013, 35(9): 655-659. (In Chinese)
- [22] 韩志英,李静,孙果梅,等. 上海市静安区 2010-2014 年结核杆菌耐药状况及传播特征研究[J]. 中国预防医学杂志, 2017, 18(9): 680-684.  
Han ZY, Li J, Sun GM, et al. Study on the drug resistance and transmission characteristics of mycobacterium tuberculosis in Jing'an district of Shanghai [J]. China Preventive Medicine, 2017, 18(9): 680-684. (In Chinese)
- [23] 李同心,黄正谷,王易伟,等. 重庆地区耐多药结核分枝杆菌基因分型特征分析[J]. 第三军医大学学报, 2017, 39(12): 1298-1303.  
Li TX, Huang ZG, Wang YW, et al. Genotypic characteristics of multidrug-resistant Mycobacterium tuberculosis in Chongqing [J]. Journal of Army Medical University, 2017, 39(12): 1298-1303. (In Chinese)
- [24] 孙荣,毕雅坤,欧维正,等. 贵州省结核分枝杆菌临床分离株 MIRU-VNTR 位点基因分型研究[J]. 中国病原生物学杂志, 2017, 12(1): 29-33.  
Sun R, Bi YK, Ou WZ, et al. Genotyping of mycobacterium tuberculosis clinical isolates in Guizhou province with variable number tandem repeats [J]. Journal of Pathogen Biology, 2017, 12(1): 29-33. (In Chinese)
- [25] 唐静,王斌,龙莹,等. 2018-2020 年四川省自贡市耐药结核分枝杆菌分子流行病学分析[J]. 现代预防医学, 2024, 51(8): 1493-1498.  
Tang J, Wang B, Long Y, et al. Molecular epidemiological analyses of drug-resistant Mycobacterium tuberculosis in Zigong City, 2018-2020 [J]. Modern Preventive Medicine, 2024, 51(8): 1493-1498. (In Chinese)

收稿日期:2024-08-29