

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

申万敏¹, 王大朋¹, 蒋家俊², 简洁², 林瑞², 刘杨晶², 张羽²,

余敏², 张槐², 袁乡石², 龙世安¹, 马璐²

1. 贵州医科大学公共卫生与健康学院, 贵州 贵阳 550025; 2. 贵阳市疾病预防控制中心

摘要:目的 分析贵阳市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及耐药情况, 为疫情流行趋势和防治措施提供依据。方法 收集 2021—2023 年贵阳市新报告未接受抗病毒治疗的 HIV - 1 感染者的血液样本及人口学信息。将获得的 pol 区基因序列上传到斯坦福大学 HIV 耐药数据库中进行基因型和耐药分析, 基于最适基因距离 ($d = 1.5\%$) 构建分子传播网络并分析入网影响因素。结果 共收集到 171 例样本, 成功扩增获得有效序列 123 例 (71.93%), 发现 6 种基因型, 以 CRF07_BC (54.5%, 67/123) 和 CRF01_AE (24.4%, 30/123) 为主, 共有 38 条序列入网, 入网率为 30.89%, 形成 13 个分子簇, 簇内病例数在 2~9 例之间。多因素 logistic 回归结果显示, 异性传播、CRF07_BC 和 CRF01_AE 的感染者更容易入网 ($P < 0.05$)。重庆、广西、云南的 CRF07_BC 与贵阳市存在跨地区传播。123 例样本的治疗前耐药率为 17.07% (21/123), 非核苷类逆转录酶抑制剂 (NNRTIs) 耐药率 7.32%, 核苷类逆转录酶抑制剂 (NRTIs) 耐药率 3.25%, 蛋白酶抑制剂 (PI) 耐药率 3.25%, 4 例样本存在双重耐药。结论 贵阳市新报告 HIV - 1 感染者基因型以 CRF07_BC 和 CRF01_AE 为主, CRF07_BC 与重庆、广西存在着紧密联系, HIV - 1 治疗前耐药率较高。今后应继续构建分子传播网络对该地区进行长期监测, 与周边省市合作采取有效的艾滋病防控措施, 进一步遏制病毒传播和蔓延。

关键词: 1 型艾滋病病毒; 分子传播网络; 基因型; 耐药

中图分类号: R512.91 文献标志码: A 文章编号: 1003 - 8507(2025)10 - 1902 - 07

DOI: 10.20043/j.cnki.MPM.202412496

Molecular transmission network characteristics and drug resistance analysis of 123 newly reported HIV - 1 cases, Guiyang City

SHEN Wan - min^{*}, WANG Da - peng, JIANG Jia - jun, JIAN jie, LIN Rui, LIU Yang - jing,

ZHANG Yu, SHE Min, ZHANG Li, YUAN Xiang - shi, LONG Shi - an, MA Lu

^{*} School of Public Health, Guizhou Medical University, Guiyang, Guizhou 550025, China

Abstract: **Objective** To analyze the molecular transmission network characteristics and drug resistance of newly reported human immunodeficiency virus type 1 (HIV - 1) infected individuals in Guiyang City, to provide a basis for epidemic trends and preventive and control measures. **Methods** Blood samples and demographic information of newly reported HIV - 1 infected individuals who did not receive antiviral therapy in Guiyang City from 2021 to 2023 were collected. The obtained pol region gene sequences were uploaded to the Stanford University HIV drug resistance database for genotype and drug resistance analysis, and molecular transmission network was constructed based on the optimal gene distance ($d = 1.5\%$) and analyzed for factors influencing entry into the network. **Results** A total of 171 samples were collected, and 123 (71.93%) were successfully amplified to obtain valid sequences. Six genotypes were found, mainly CRF07_BC (54.5%, 67/123) and CRF01_AE (24.4%, 30/123). A total of 38 sequences were integrated into the network, with an integration rate of 30.89%. 13 molecular clusters were formed, and the number of cases in the clusters ranged from 2 to 9. Multivariate Logistic regression results showed that heterosexual transmission, CRF07_BC and CRF01_AE were more likely to enter the network ($P < 0.05$). CRF07_BC in Chongqing, Guangxi, Yunnan and Guiyang had cross - regional transmission. The drug resistance rate of 123 samples before treatment was 17.07% (21/123), the drug resistance rates were 7.32% for non - nucleoside reverse

基金项目: 贵州省卫生健康委科学技术基金项目 [贵州省 2021 年度科学技术基金项目 (2021)] (gzwkj2021 - 435); 应用分子传播网络探讨贵阳市新发 HIV/AIDS 病例 HIV1 基因分型及传播特征 (gzwkj2021 - 435)

作者简介: 申万敏 (1998—), 女, 硕士在读, 研究方向: 疾病预防与控制

通信作者: 马璐, E - mail: 363199679@qq.com

transcriptase inhibitors (NNRTIs), 3.25% for nucleoside reverse transcriptase inhibitors (NRTIs), 3.25% for protease inhibitors (PIs), and four samples showed dual drug resistance. **Conclusion** The genotypes of newly reported HIV-1 infected individuals in Guiyang were mainly CRF07_BC and CRF01_AE. CRF07_BC is closely related to Chongqing and Guangxi. The drug resistance rate of HIV-1 before treatment was high. In the future, we should continue to build molecular transmission networks for long-term monitoring of the area, cooperate with neighboring provinces and cities to take effective AIDS prevention and control measures to further curb the transmission and spread of the virus.

Keywords: HIV-1; Molecular transmission network; Genotype; Drug resistance

近年来,随着分子流行病学的发展,利用 HIV-1 pol 区基因序列的遗传相似性构建分子网络,可揭示 HIV-1 感染者的传播关系,结合其流行病学信息分析分子网络特征,为艾滋病精准干预和防控提供了有效的手段^[1]。贵阳市是贵州省省会城市,是中国重要的生态休闲度假旅游城市,毗邻西部的云南省和华南的广西省,东部与华中湖南省相邻,北与四川、重庆接壤,都是艾滋病流行的重灾区,由于地理位置特殊且人口最为密集和流动最为频繁,为贵州省 HIV 流行和传播造成一定影响。目前针对贵州省 HIV 毒株有一定的研究与报道,但对 HIV 进行分子传播网络构建的较少,本研究构建分子传播网络是对贵阳市分子流行病学的一个进展,也是对贵阳市 HIV-1 传播关系的初步探索。因此本研究对象选取 2021-2023 年贵阳市新报告且未进行 ART 的 HIV-1 感染者,通过基因序列分析,了解该地区的流行毒株,构建分子传播网络并分析其特征和影响因素,识别重点区域和高危人群,为贵阳市乃至贵州省艾滋病疫情防控和多样性研究提供科学、全面的分子基线数据。

1 对象和方法

1.1 研究对象 选取贵阳市疾病预防控制中心实验室 2021 年 1 月至 2023 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。在研究对象签署知情同意后,共收集到血浆样本 171 例。通过“艾滋病综合防治信息填报系统”收集性别、年龄、户籍地、婚姻状况、民族、文化程度、现住址和感染途径人口学资料。本研究经贵阳市疾病预防控制中心伦理委员会批准(MR-52-25-012275)。

1.2 研究方法

1.2.1 病毒核酸提取、扩增和测序 将储存于 -80℃ 的 HIV-1 阳性血浆样本复溶,使用东北制药集团辽宁生物医药有限公司的人类免疫缺陷病毒核酸检测试剂盒,按照说明书标准操作规程从感染者血浆中提取出病毒 RNA。参考文献^[2],对 pol 基因序列(包括蛋白酶全长和反转录酶前 300 个氨基酸片段)进行 PCR 扩增。用 1% 琼脂糖凝胶电泳对 PCR 产物进行电泳,使用 Illumina Miseq 测序仪对扩增阳性产物进行基因测序^[3]。

1.2.2 基因亚型及其耐药性分析 根据中国疾病预防控制中心发布的《全国艾滋病检测技术规范(2020 年修订版)》^[3],采用北京微未来病原微生物信息分析系统对测序数据进行整理、拼接和校正。将测序数据提交至斯坦福大学 HIV 耐药数据库(<https://hivdb.stanford.edu/>)分析基因型、耐药突变位点和耐药情况,其中耐药程度分为敏感(S),潜在耐药(P),低度耐药(L),中度耐药(I)和高度耐药(H),其中将后面 3 个耐药水平判定为耐药株。从 HIV database 下载重庆(47 条)、云南(143 条)、四川(251 条)和广西(256 条)4 个邻省的参考序列,共 697 条序列,用 IQ Tree1.6.12 软件以最大似然法构建贵阳与 4 个邻省的系统进化树。

1.2.3 分子传播网络的构建 以 CentOS 7 平台配置 HIV-TRACE 程序所需的环境,采用 Tamura-Nei93 模型计算序列两两之间的基因距离,按照 1.5% 的基因阈值进行 HIV-1 分子传播网络的构建及可视化^[4]。度是指一个节点与其他节点连接的数量,值越高传播风险越大。

1.2.4 统计学分析 使用 SPSS 27.0 进行数据分析。计数资料采用频数及构成比描述。采用单因素 χ^2 检验和多因素 logistic 回归分析入网的影响因素。检验水准 $\alpha=0.05$ 。

2 结果

2.1 基本情况 本次研究共收集 171 例新报告 HIV-1 感染者,123 例(71.93%)样本成功扩增获得 pol 基因序列。123 名感染者以男性(93.5%,115/123)、 ≤ 25 岁(40.7%,50/123)、本市(55.3%,68/123)、未婚(71.5%,88/123)、汉族(81.3%,100/123)、大专及以上文化程度(50.4%,62/123)、同性传播(74.0%,91/123)为主。共检测出 6 种基因型,包括 CRF07_BC(54.5%,67/123)、CRF01_AE(24.4%,30/123)、URF(13.0%,16/123)、CRF55_01B(4.9%,6/123)、B(1.6%,2/123)和 C(1.6%,2/123)。URF 有 B+C(11.4%,14/123)和 B+CRF01_AE(1.6%,2/123)两种重组模式。见表 1。

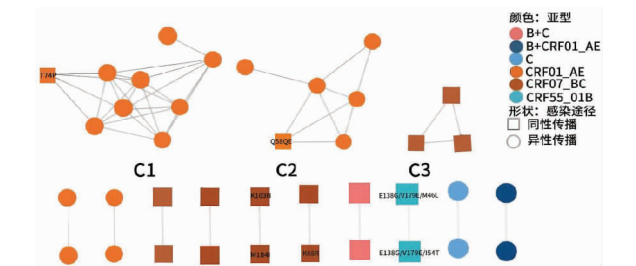
2.2 分子传播网络特征 基于 1.5% 基因距离阈值下,有 38 名感染者进入网络,入网率 30.9%,形成 13

表 1 2021—2023 年贵阳市新报告 HIV-1 感染者入网影响因素分析

Table 1 Analysis of molecular networks and influencing factors of newly reported HIV-1 infections in Guiyang City from 2021 to 2023

变量	总人数 (构成比/%)	入网数 (占比/%)	单因素分析		多因素分析	
			χ^2 值	P 值	aOR(95% CI)	P 值
性别			5.743	0.017	1.000	
男	115(93.5)	32(27.8)				
女	8(6.5)	6(75.0)			4.052(0.19~86.11)	0.370
年龄(岁)			21.234	<0.001	1.000	
≤25	50(40.7)	13(26.0)				
26~49	48(39.0)	8(16.7)			0.344(0.10~1.17)	0.087
≥50	25(20.3)	17(68.0)			4.598(0.18~119.57)	0.359
户籍地			8.226	0.016	1.000	
本市	68(55.3)	28(41.2)				
本省其他市	40(32.5)	6(15.0)			0.365(0.11~1.25)	0.109
外省	15(12.2)	4(26.7)			1.799(0.38~8.48)	0.458
婚姻状况			8.280	0.016	1.000	
未婚	88(71.5)	21(23.9)				
已婚有配偶	24(19.5)	13(54.2)			0.126(0.01~2.61)	0.181
离异或丧偶	11(9.0)	4(36.4)			0.034(0.00~2.59)	0.126
民族			0.306	0.580		
汉族	100(81.3)	32(32.0)				
少数民族	23(18.7)	6(26.1)				
文化程度			10.129	0.001	1.000	
高中及以下	61(49.6)	27(44.3)				
大专及以上	62(50.4)	11(17.7)			0.723(0.23~2.26)	0.577
感染途径			24.437	<0.001	1.000	
同性传播	91(74.0)	17(18.7)				
异性传播	32(26.0)	21(65.6)			19.978(1.98~201.44)	0.011
毒株亚型			22.012	<0.001	1.000	
URF	16(13.0)	4(25.0)				
CRF07_BC	67(54.5)	11(16.4)			10.991(1.06~114.54)	0.045
CRF01_AE	30(24.4)	19(63.3)			23.177(2.94~182.58)	0.003
其他亚型	10(8.1)	4(40.0)			30.976(2.19~437.62)	0.011

个分子簇和 47 条边,簇内节点数介于 2~9 个之间。5 种亚型进入分子网络,其中 CRF01_AE 入网数量最多(15.4%,19/123),其次是 CRF07_BC(8.9%,11/123)、URF(3.3%,4/123)、C(1.6%,2/123)和 CRF55_01B(1.6%,2/123)。分子网络发现 7 个耐药株,感染途径均是同性传播。见图 1。



注:C₁、C₂和C₃是分子传播网络中的分子簇,C₁为分子网络中节点数最多的,C₂是节点数第二多的分子簇,C₃是节点数第三多的分子簇。

图 1 贵阳市 123 例新报告 HIV-1 感染者分子网络特征图
Fig. 1 Molecular network characterization of 123 newly reported HIV-1 infections in Guiyang City

2.3 入网影响因素分析 以是否进入分子网络作为因变量, χ^2 检验发现,年龄、户籍地、婚姻状况、文化程度、感染途径和毒株亚型入网危险差异均有统计学意义($P<0.05$)。多因素 logistic 回归分析结果显示,与同性传播和 URF 相比,异性传播、CRF01_AE、CRF07_BC 和其他亚型感染者更容易入网。

2.4 分子簇分析 网络中有 3 个簇的节点数 ≥ 3 ,CRF01_AE 构成最大的分子簇 C1 和 C2。分子簇 C1 含 9 个节点,传播途径包含同性传播(11.1%,1/9)和异性传播(88.9%,8/9),异性传播里男性及 ≥ 50 岁均占 87.5%(7/8),文化程度均在初中及以下。分子簇 C2 发现 2 名 ≥ 50 岁经非婚非商业异性传播的女性感染者。分子簇 C1 和 C2 均发现男同感染者与异性传播的男性和女性感染者相连,还发现异性传播感染者以 ≥ 50 岁为主(92.3%,12/13)。分子簇 C3 由 3 名亚型为 CRF07_BC 的未婚 MSM 构成。见表 2。

2.5 跨地区分子传播网络 构建的分子传播网络形成一个有 91 条序列的 CRF07_BC 分子簇,包含贵阳(19 条)、重庆(8 条)、云南(12 条)和广西(52 条)4 个省份,来自重庆和广西序列与贵阳的关联度密切,

表 2 贵阳市 2 例以上病例的分子簇特征分布[例(%)]

Table 2 Distribution of molecular cluster characteristics in more than 2 cases in Guiyang [cases (%)]

变量	簇 1 (n = 9)	簇 2 (n = 6)	簇 3 (n = 3)
性别			
男	8(88.9)	3(50.0)	3(100.0)
女	1(11.1)	3(50.0)	0(0.0)
年龄(岁)			
≤25	1(11.1)	0(0.0)	1(33.3)
26 ~ 49	1(11.1)	1(16.7)	2(66.7)
≥50	7(77.8)	5(83.3)	0(0.0)
婚姻状况			
未婚	2(22.2)	1(16.7)	3(100.0)
已婚有配偶	6(66.7)	4(66.6)	0(0.0)
离异或丧偶	1(11.1)	1(16.7)	0(0.0)
文化程度			
初中及以下	8(88.9)	5(83.3)	0(0.0)
高中或中专	0(0.0)	1(16.7)	0(0.0)
大专及以上	1(11.1)	0(0.0)	3(100.0)
感染途径			
同性传播	1(11.1)	1(16.7)	3(100.0)
异性传播	8(88.9)	5(83.3)	0(0.0)
毒株亚型			
CRF07_BC	0(0.0)	0(0.0)	3(100.0)
CRF01_AE	9(100.0)	6(100.0)	0(0.0)
接触史			
非婚非商业异性性行为	2(22.2)	2(50.0)	0(0.0)
非婚商业异性性行为	4(44.5)	2(16.6)	0(0.0)
男男性行为	1(11.1)	1(16.7)	3(100.0)
配偶或固定性伴阳性	2(22.2)	1(16.7)	0(0.0)
现住址			
清镇市	9(100.0)	6(100.0)	0(0.0)
南明区	0(0.0)	0(0.0)	1(33.3)
乌当区	0(0.0)	0(0.0)	2(66.7)

其中重庆 1 条序列与贵阳序列连接的度达到了 12,广西 3 条序列与贵阳连接的度在 5 以上;来自云南的序列与贵阳的关联度较低,与贵阳连接的度在 3 以下。网络中发现 3 个耐药株,其中 SentosaBC - 22_068 对 NRTIs - NNRTIs 双重耐药,度为 5,与云南、重庆、广西均有相连;SentosaBC - 16_079 对 NRTIs 耐药,度为 1,与广西序列相连;SentosaBC - 10_110 对 NNRTIs 耐药,度为 1,与重庆序列相连。见图 2、图 3。

2.6 治疗前耐药分析 123 例样本中有 32 例检出耐药突变位点,其中 21 例样本判定为治疗前耐药,耐药率为 17.07% (21/123)。NNRTIs 为主要的突变类型,9 例样本对 NNRTIs 单纯耐药 (7.32% ,9/123),NRTIs 和 PI 单纯耐药各有 4 例样本 (3.25% ,4/123),NRTIs - NNRTIs 双重耐药和 PI - NNRTIs 双重耐药各有 2 例样本。NNRTIs 突变位点主要为 E138G、E138K 和 K103N,NRTIs 突变位点主要是 M184I,PI 突变位点以 M46L 较高。见表 3。

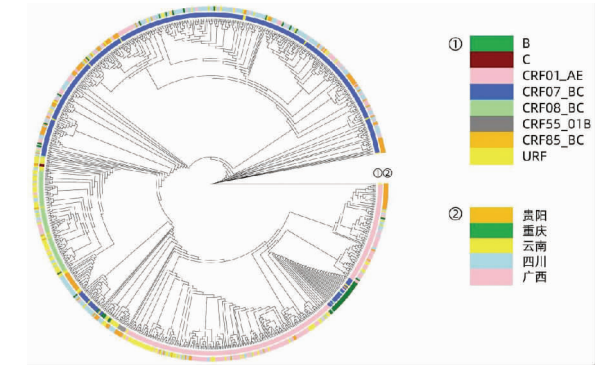


图 2 贵阳与重庆、云南、四川和广西 HIV - 1 pol 区系统进化树

Fig. 2 Phylogenetic tree of Guiyang and Chongqing, Yunnan, Sichuan and Guangxi HIV - 1 pol regions

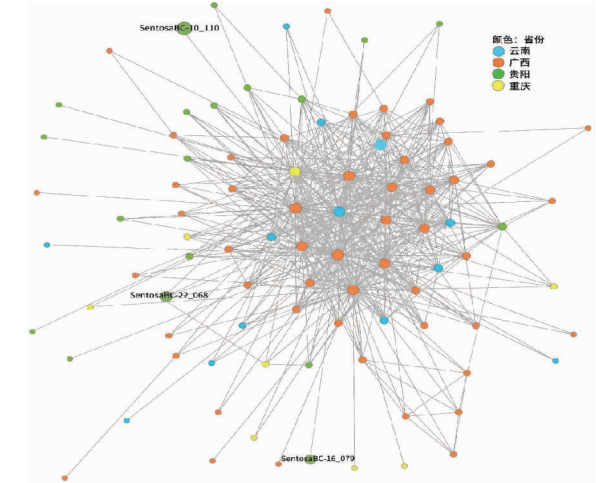


图 3 贵阳与重庆、云南、四川和广西的 HIV - 1 分子传播网络

Fig. 3 HIV - 1 molecular transmission network between Guiyang and Chongqing, Yunnan, Sichuan and Guangxi

表 3 贵阳市 HIV - 1 感染者耐药突变情况

Table 3 Drug - resistant mutations in HIV - 1 infections in Guiyang City

样本编号	突变位点		
	NRTIs	NNRTIs	PI
1226_001			T74P
029_S15_L001			Q58QE
SentosaBC - 12_050			L10FI
SentosaBC - 6_052		V108I	
SentosaBC - 10_056		E138G, V179E	I54T
SentosaBC - 15_061	M184I		
SentosaBC - 18_064	K65R		
SentosaBC - 22_068	M184I	E138K	
SentosaBC - 9_073		K238T	
SentosaBC - 15_078		K103N	
SentosaBC - 16_079	M184V		
SentosaBC - 19_082		E138G	
SentosaBC - 23_086		M230I	
SentosaBC - 12_095	M184I	F227L	

(续表)

样本编号	突变位点		
	NRTIs	NNRTIs	PI
SentosaBC - 13_096		E138G, V179E	M46L
SentosaBC - 16_098		K103N	
SentosaBC - 21_101			M46L, G73S
SentosaBC - 24_103		K103N	
SentosaBC - 4_104	D67N		
SentosaBC - 10_110		E138K	
SentosaBC - 22_121		E138K, V179T	

3 讨 论

通过对贵阳市 123 例新发 HIV - 1 感染者测序,发现 6 种 HIV - 1 亚型,以 CRF07_BC 和 CRF01_AE 为主,与贵阳及国内其他地区的亚型流行情况类似^[2,5-6]。本研究发现包含 B + C 和 B + CRF01_AE 两种重组模式的 URF 排第 3 位,其中 B + C 在 URF 占比最高,与孔令弘等人研究报告一致^[7],而 URF 可能会增加流行重组型的形成^[8],特别是近年来贵州省旅游业旺盛,交通便利及人口流动频繁,导致 HIV 毒株可能不断发生变异与重组,使基因型更加复杂,提示应加强对 URF 监测及对该亚型感染者进行更深的流行病学溯源调查。此外,研究还发现 CRF55_01B、B 和 C 的低流行毒株。

基于 1.5% 基因阈值下构建 HIV - 1 分子传播网络,入网率为 30.9%,形成 13 个分子簇。异性传播是影响研究对象入网的因素,可能与贵阳市及贵州省 HIV 以异性传播为主有关^[9-10]。近年来,贵阳市新报告中老年 HIV 感染者/AIDS 患者数呈逐年上升趋势,以异性传播为主^[11]。本研究入网的异性传播感染者集中在≥50 岁年龄段,以男性、低文化程度及非婚商业异性性行为为主,相关研究显示中老年人感染与低档性暗娼有关^[12-14],提示应加强与公安、社区等部门的协同联防联控工作力度,对茶室、低档浴室、街道洗脚店等重点场所加强宣传和干预,以及通过健康体检方式对中老年人进行艾滋病筛查,及时发现感染者并治疗。基因型是入网的影响因素之一,与四川彭州、重庆渝北、广西崇左、云南昆明研究结果相符^[12,15-17]。入网的 CRF01_AE 形成 4 个分子簇,入网率高于其他亚型,可能与 CRF01_AE 具有较高的复制适应性和传播能力及较高的致病性有关^[18]。入网的 CRF07_BC 主要见于年轻化的 MSM 人群,与既往研究类似^[2]。

有 3 个分子簇节点数≥3,分子簇 C1 和 C2 现住址主要分布在清镇市,入网率为 59.8% (15/38),以往研究报道该地区为贵阳市≥50 岁 HIV/AIDS 的高 - 高聚集区和热点区域,是大多数流动老年人选择居

住地之一^[11],而中老年感染者更有可能在本地区感染或传播 HIV^[19],本研究再次证明清镇市是贵阳市重点防控区域,需重点关注。同时,C1、C2 两个簇主要以异性传播为主,但发现有男同感染者,且可能存在双性性行为^[20],导致 HIV 传播链条更复杂。分子簇 C2 发现 2 名非婚非商业异性传播的女性感染者,而非婚非商业异性传播人群大多借助新媒体,隐匿性较强,干预难度大^[21]。贵阳市是贵州省 MSM 人群最为集中、活跃度最高的地区,长期哨点监测显示 MSM 人群的 HIV 感染率较高^[22],因此了解该人群 HIV - 1 的分子网络具有重要意义。分子簇 C3 由 3 名亚型为 CRF07_BC 的 MSM 人群构成,同性传播形成的分子簇规模较小,可能与该人群的隐匿性特征、互联网及交通的便捷性为其提供了便利,跨地区传播导致不能构建完整的分子网络有关^[23]。

从贵阳市与周围省份 HIV 序列的分子传播和进化关系来看,重庆、云南、广西 3 个地区的序列与贵阳序列形成了一个 CRF07_BC 分子簇。在跨地区分子网络中发现重庆、广西与贵阳连接的度最大,说明来自重庆、广西的 CRF07_BC 与贵阳市的 CRF07_BC 有着紧密的传播关系,输入风险较大;云南的 CRF07_BC 与贵阳之间也存在传播关系,相较重庆和广西,与贵阳的传播关系较小,输入风险较小。本研究 123 例样本的治疗前耐药率为 17.07%,高于既往研究^[10,24],也高于国内其他地区^[14,20],耐药率处于 WHO 耐药警戒线的中上度流行水平,说明贵阳市治疗前耐药情况较严重。跨地区分子网络中发现 3 个耐药株,与重庆、云南、广西序列相连,提示贵阳市耐药株与重庆、云南、广西可能存在关联,今后需加强耐药监测力度,减少外来耐药毒株在本地传播。同时,在进化树发现贵阳的部分序列与云南、广西、重庆有较近的分支汇聚,表明这些地区的部分 HIV 序列亲缘关系相对较近,证明这些地区在 HIV 传播和进化上存在一定关联。

综上所述,贵阳市 HIV - 1 感染者耐药率较高,异性传播、CRF07_BC 和 CRF01_AE 为贵阳市 HIV - 1 分子传播网络的入网影响因素。重庆、广西、云南和贵阳存在 CRF07_BC 较大的输入风险。提示今后贵阳市艾滋病防控工作应充分利用分子传播网络,加强贵阳市 HIV 患者抗病毒治疗前耐药监测,并在重点区域和重点人群加强开展健康教育的工作,提高人群艾滋病预防及检测意识,同时强化与周边省份的协同防控合作,推动各地区间防控信息及 HIV 病毒基因序列的共享,达到对艾滋病的精准防控。回顾本文研究,由于招募到的研究样本数量较少,研究人群类别太单一,分析结论存在不足,存在一定的局限性。

利益冲突声明 本研究不存在任何利益冲突

参考文献

[1] 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 contributes to the precise prevention and control of AIDS in China[J]. Chinese Journal of AIDS & STD, 2023, 29(1): 1-8. (In Chinese)

[2] Qin DW, Hong ZP, Wang Y, et al. Analysis of genotype resistance and HIV-1 transmission risk in HIV-1-infected men who have sex with men in Guiyang, China[J]. Immunity, Inflammation and Disease, 2024, 12(11): e70029.

[3] 中国疾病预防控制中心性病艾滋病预防控制中心. 全国艾滋病检测技术规范(2020 年修订版)[EB/OL]. [2025-04-13]. https://www.chinacdc.cn/jkyj/crb2/yl/azb/jswj_azb/20241027_302132.html.
National Center for AIDS Prevention and Control, Chinese Center for Disease Control and Prevention. National guideline for detection of HIV/AIDS (Revised version 2020)[EB/OL]. [2025-04-13]. https://www.chinacdc.cn/jkyj/crb2/yl/azb/jswj_azb/. (In Chinese)

[4] Kosakovsky pond SL, Weaver S, Leigh brown AJ, et al. HIV-TRACE (TRANsmiSSion cluster engine): a Tool for large scale molecular epidemiology of HIV-1 and other rapidly evolving pathogens[J]. Molecular Biology and Evolution, 2018, 35(7): 1812-1819.

[5] Tan TY, Bai CY, Lu RR, et al. HIV-1 molecular transmission network and drug resistance in Chongqing, China, among men who have sex with men (2018-2021)[J]. Virology Journal, 2023, 20(1): 147.

[6] 何婷婷,曹栋卿,林家锋,等. 绍兴市 MSM 人群 HIV-1 分子传播网络特征分析[J]. 预防医学,2024,36(7):571-574, 579.
He TT, Cao DQ, Lin JF, et al. HIV-1 molecular transmission network among men who have sex with men in Shaoxing City[J]. China Preventive Medicine Journal, 2024, 36(7): 571-574, 579. (In Chinese)

[7] 孔令弘,谢小馨,符燕华,等. 中国西南地区艾滋病病毒感染者治疗前和获得性抗逆转录病毒耐药性研究[J]. 中国全科医学, 2025,28(2):242-249.
Kong LH, Xie XX, Fu YH, et al. Pre-treatment and Acquired Antiretroviral Drug Resistance among People Living with HIV in Southwest China[J]. Chinese General Practice, 2025, 28(2): 242-249. (In Chinese)

[8] 张钰滢. 云南省保山市 2019—2020 年 HIV-1 分子网络特征分析[D]. 昆明:昆明医科大学,2022.
Zhang YY. Characterisation of HIV-1 molecular networks in Baoshan City, Yunnan province 2019 to 2020 [D]. Kunming: Kunming Medical University, 2022. (In Chinese)

[9] 金欣. 2017—2021 年贵阳市定点医院 AIDS 就诊人群流行特征及 300 例 AIDS 患者自杀意念影响因素研究[D]. 贵阳:贵州医科大学,2023.
Jin X. Study on the epidemic characteristics of AIDS patients in designated hospitals in Guiyang from 2017 to 2021 and the influencing factors of suicidal ideation in 300 AIDS patients[D]. Guiyang: Guizhou Medical University, 2023. (In Chinese)

[10] 方星,张信辉,邢辉,等. 2018 年贵州省南北部地区艾滋病感染者抗病毒治疗前 HIV-1 基因亚型和耐药情况研究[J]. 贵州医药,2021,45(9):1354-1356.
Fang X, Zhang XH, Xing H, et al. Study on HIV-1 gene subtypes and resistance of HIV patients before antiretroviral therapy in South and North regions of Guizhou Province in 2018 [J]. Guizhou Medical Journal, 2021, 45(9): 1354-1356. (In Chinese)

[11] 黄燕瑶. 贵阳市≥50 岁 HIV/AIDS 病例流行病学特征与流行趋势预测[D]. 贵阳:贵州医科大学,2023.
Huang YY. Epidemiological characteristics and epidemic trend prediction of HIV/AIDS cases aged 50 and above in Guiyang city [D]. Guiyang: Guizhou Medical University, 2023. (In Chinese)

[12] 何佳,袁丹,李玲,等. 彭州市 2019-2021 年新报告 HIV-1 感染者分子传播网络特征[J]. 中国艾滋病性病,2023,29(7):751-756.
He J, Yuan D, Li L, et al. Molecular transmission network characteristics of newly reported HIV-1 infected patients in Pengzhou City, Sichuan Province, from 2019 to 2021 [J]. Chinese Journal of AIDS & STD, 2023, 29(7): 751-756. (In Chinese)

[13] 覃彩,黄智冰,黄争魁,等. 龙州县 HIV-1 分子传播网络特征及影响因素分析[J]. 中国艾滋病性病,2023,29(2):136-141.
Qin C, Huang ZB, Huang ZK, et al. Characteristics and influencing factors of HIV-1 molecular transmission network in Longzhou County[J]. Chinese Journal of AIDS & STD, 2023, 29(2): 136-141. (In Chinese)

[14] 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)

[15] 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)

[16] 何锦锋,李牧,覃雪秋,等. 广西崇左市扶绥县 HIV-1 分子传播网络特征分析[J]. 广西医科大学学报,2024,41(6):918-925.
He JF, Li M, Qin XQ, et al. Analysis of HIV-1 molecular transmission network characteristics in Fusui County, Chong-zuo City, Guangxi [J]. Journal of Guangxi Medical University, 2024, 41(6): 918-925. (In Chinese)

[17] 程鹏,李健健,刘家法,等. 基于分子传播网络分析昆明市 HIV-1 流行特点[J]. 现代预防医学,2023,50(9):1555-1560.
Cheng P, Li JJ, Liu JF, et al. Analysis of the epidemic characteristics of HIV-1 in Kunming based on molecular transmission network [J]. Modern Preventive Medicine, 2023, 50(9): 1555-1560. (In Chinese)

[18] 李斯斯,李康,Rashid A,等. 艾滋病病毒流行重组毒株 CRF01_AE 及其影响[J]. 中国艾滋病性病,2024,30(1):79-83.
Li SS, Li K, Rashid A, et al. HIV-1 recombinant CRF01_AE and their impact on global AIDS pandemic [J]. Chinese Journal of AIDS & STD, 2024, 30(1): 79-83. (In Chinese)

[19] Shi HJ, Li X, Wang SN, et al. Molecular transmission network analysis of newly diagnosed HIV-1 infections in Nanjing from 2019 to 2021 [J]. BMC Infectious Diseases, 2024, 24(1): 583.

- [20] 宋潇,李婷,江云飞,等.黑龙江省 588 例新报告 HIV-1 感染者病毒基因特征及耐药分析[J]. 中国艾滋病性病,2022,28(7): 781-785.
Song X, Li T, Jiang YF, et al. Analysis of viral genetic characteristics and drug resistance among 588 newly reported HIV-1 patients in[J]. Chinese Journal of AIDS & STD, 2022, 28(7): 781-785. (In Chinese)
- [21] 周信娟,蓝光华.我国经非婚非商异性传播艾滋病流行特征的研究进展[J]. 预防医学论坛,2023,29(7):551-555.
Zhou XJ, Lan GH. Research progress on epidemiological characteristics of non-marital and non-commercial heterosexual transmission of HIV in China[J]. Preventive Medicine Tribune, 2023, 29(7): 551-555. (In Chinese)
- [22] 曹文杰,袁智,姚永明,等.2003—2018 年贵州省男男性行为人群艾滋病流行特征分析[J]. 中国皮肤性病学杂志,2020,34(6):665-669.
Cao WJ, Yuan Z, Yao YM, et al. Epidemiological characteristics of HIV/AIDS among men who have sex with men in Guizhou province from 2003to 2018 [J]. The Chinese Journal of Dermatovenereology, 2020, 34(6): 665-669. (In Chinese)
- [23] 江河,唐凯玲,黄精华,等.基于分子网络的广西壮族自治区 HIV 传播热点和跨地区传播特征分析[J]. 中华流行病学杂志, 2022,43(9):1423-1429.
Jiang H, Tang KL, Huang JH, et al. Analysis of HIV transmission hotspots and characteristics of cross-regional transmission in Guangxi Zhuang Autonomous Region based on molecular network [J]. Chinese Journal of Epidemiology, 2022, 43(9): 1423-1429. (In Chinese)
- [24] 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. (In Chinese)

收稿日期:2024-12-27

(上接第 1901 页)

- Zhang CY, Chen H, Fa LF, et al. Evaluation of the effects of tuberculosis infection control training courses in China, 2016-2019 [J]. Chinese Journal of Antituberculosis, 2022, 44(2): 174-180. (In Chinese)
- [13] 毛宁,钟威,丁红芳,等.2014—2019 年辽宁省医务人员肺结核特征分析[J]. 疾病监测,2022,37(2):202-205.
Mao N, Zhong W, Ding HF, et al. Characteristics of pulmonary tuberculosis in medical staff in Liaoning, 2014-2019[J]. Disease Surveillance, 2022, 37(2): 202-205. (In Chinese)
- [14] World Health Organization. Guidelines on the management of latent tuberculosis infection [EB/OL]. [2025-04-16]. <https://www.who.int/publications/i/item/9789241548908>.
- [15] World Health Organization. Latent tuberculosis infection: updated and consolidated guidelines for programmatic management [EB/OL]. [2025-04-16]. <https://www.who.int/publications/i/item/9789241550239>.
- [16] World Health Organization. WHO guidelines on tuberculosis prevention and control: 2019 update [EB/OL]. [2025-04-16]. <https://www.who.int/docs/default-source/documents/tuberculosis/annexes4-5-gradetables.pdf>.
- [17] 张辉,何欢蓉.2017—2022 年重庆市基层医疗卫生资源配置现状及公平性分析[J]. 预防医学情报杂志,2025,41(1):105-111.
Zhang H, He HR. Analysis on the current status and equity of health resource allocation in primary healthcare institutions in Chongqing from 2017 to 2022[J]. Journal of Preventive Medicine Information, 2025, 41(1): 105-111. (In Chinese)
- [18] 中华人民共和国卫生部. 卫生部关于印发《消毒技术规范》(2002 年版)的通知[EB/OL]. [2025-04-18]. <http://www.nhc.gov.cn/wjw/gfxwj/201304/3a0121cba422455b93307f070b099cf2.shtml>.
Ministry of Health of the People's Republic of China. Notice of the Ministry of Health on issuing the Technical Specifications for Disinfection (2002 edition) [EB/OL]. [2025-04-18]. <http://www.nhc.gov.cn/wjw/gfxwj/201304/3a0121cba422455b93307f070b099cf2.shtml>. (In Chinese)
- [19] 徐彩红,李涛,彭孝旺,等.2016 年北京市城区结核病诊疗机构结核病感染控制现状调查[J]. 疾病监测,2017,32(10):824-827.
Xu CH, Li T, Peng XW, et al. Cross-sectional study on infection control in tuberculosis hospitals in urban area of Beijing, 2016[J]. Disease Surveillance, 2017, 32(10): 824-827. (In Chinese)
- [20] 张婷,吴成果,汪清雅,等.2018 年重庆市结核病防治系统医务人员结核病感染控制知信行调查[J]. 寄生虫病与感染性疾病, 2021,19(3):156-162.
Zhang T, Wu CG, Wang QY, et al. Investigation on Knowledge-Attitude-Practice (KAP) of tuberculosis infection control by medical staff in Chongqing tuberculosis prevention and treatment system in 2018[J]. Parasitoses and Infectious Diseases, 2021, 19(3): 156-162. (In Chinese)
- [21] 张婷,汪清雅,吴成果,等.重庆市市级结核病管理机构医务人员结核感染控制的干预效果分析[J]. 现代预防医学,2021,48(6):1111-1114.
Zhang T, Wang QY, Wu CG, et al. Intervention effect of tuberculosis infection control among medical staff in Chongqing municipal tuberculosis administration [J]. Modern Preventive Medicine, 2021, 48(6): 1111-1114. (In Chinese)
- [22] 孟庆琳,李进岚,林定文,等.结核病防治从业人员对新的结核病标准相关知识知晓情况调查分析[J]. 中国防痨杂志,2020, 42(9):921-925.
Meng QL, Li JL, Lin DW, et al. Analysis of the awareness about knowledge on the updated TB diagnosis standard among the practitioners in TB control institutions [J]. Chinese Journal of Antituberculosis, 2020, 42(9): 921-925. (In Chinese)
- [23] 雷蓉蓉,刘英,张婷,等.重庆市结核病防治医务人员结核潜伏感染及预防性治疗的认知态度分析[J]. 现代预防医学,2020, 47(9):1647-1650, 1669.
Lei RR, Liu Y, Zhang T, et al. Cognitive attitude of latent infection of tuberculosis bacillus and preventive treatment among tuberculosis control medical staff, Chongqing [J]. Modern Preventive Medicine, 2020, 47(9): 1647-1650, 1669. (In Chinese)

收稿日期:2024-10-21