

云南省德宏州 2013 年 HIV-1 耐药毒株传播警戒线调查结果分析

马艳玲 王继宝 邢辉 陈敏 姚仕堂 陈会超 杨锦 李艳玲 段松 贾曼红

【摘要】 目的 调查 2013 年云南省德宏州未经抗病毒治疗的 HIV-1 感染者的基因型分布和耐药毒株传播水平。方法 根据 HIV 耐药警戒线调查实施方案,对 2013 年 1—8 月德宏州符合要求的 54 份年龄在 16~25 岁,新发现的 HIV-1 感染者的血浆样本进行 HIV-1 基因型检测和耐药毒株传播水平分析。结果 48 份样本完成了基因型及耐药鉴定,中国籍占 45.8%,缅甸籍占 54.2%。通过进化分析对 *pol* 区进行分型,主要的基因型包括:C 亚型(41.7%)、URF(31.3%)、CRF01_AE(12.5%)、CRF07_BC(10.4%)、CRF08_BC(2.1%)和 B 亚型(2.1%)。中国籍感染者中首位的基因型是 C 亚型,而外籍感染者中首位的基因型是 URF。在 1 份缅甸籍样本序列中检测到 1 个针对非核苷类反转录酶抑制剂类药物的耐药突变位点(K103N),按照耐药警戒线的统计方法估算耐药毒株流行率为 <5%。结论 本次调查提示德宏州新报告的 HIV-1 感染者中存在复杂的基因型,HIV-1 耐药毒株处于低度流行水平。为控制耐药传播水平的上升,应进一步规范本地艾滋病抗病毒治疗及管理,并针对跨境传播开展包括耐药传播在内的相关监测。

【关键词】 艾滋病病毒; 基因型; 耐药警戒线; 抗病毒治疗; 德宏州

Analysis on HIV-1 genetics and threshold of drug resistance in Dehong prefecture of Yunnan province in 2013 Ma Yanling¹, Wang Jibao², Xing Hui³, Chen Min¹, Yao Shitang², Chen Huichao¹, Yang Jin², Li Yanling², Duan Song², Jia Manhong¹. 1 Yunnan Provincial Center for Disease Control and Prevention, Kunming 650022, China; 2 Dehong Center for Disease Control and Prevention; 3 National Center for AIDS/STD Control and Prevention, Chinese Center for Disease Control and Prevention
Corresponding authors: Jia Manhong, Email: jiamanhong@hotmail.com; Duan Song, dhduansong@sina.com

This work was supported by a grant from the National Science and Technology Major Project of China (No. 2012ZX10001-002).

【Abstract】 Objective To study the HIV-1 genotypes and transmitted drug resistance (TDR) in Dehong prefecture of Yunnan province in 2013. **Methods** Referring to the guidelines for HIV drug resistance threshold survey (HIVDR-TS), 54 plasma samples of recently reported HIV-infected individuals, aged between 16 and 25 years, were collected in Dehong prefecture from January to August 2013. Genotyping of partial *pol* gene was performed by using reverse transcriptional PCR. HIV-1 genotype. Prevalent levels of HIV-1 drug resistance transmission were analyzed. **Results** Forty-eight plasma samples were successfully sequenced and analyzed. Among them, 45.8% were Chinese and the rest 54.2% were all Burmese. Based on *pol* sequences, identified HIV genotypes included subtype C(41.7%), URF(31.3%), CRF01_AE(12.5%), CRF07_BC(10.4%), CRF08_BC(2.1%) and subtype B(2.1%), C subtype appeared dominated in Chinese while URF was dominated in Burmese. One drug resistant mutation to non-nucleoside reverse transcriptase inhibitors (NNRTIs) was detected in one sequence from Burmese. Based on the statistical method of HIVDR-TS, the prevalence of transmitted HIV-1 drug resistance was adjusted as <5%. **Conclusion** Diverse HIV-1 genotypes were found in this study, and the current HIV-1 drug resistant strains transmission was catalogued as at low prevalence level, in Dehong. To prevent the increase of the prevalence of transmitted HIV-1 drug resistance, standard treatment and scientific management for people living

DOI:10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2015.06.010

基金项目: 国家科技重大专项(2012ZX10001-002)

作者单位: 650022 昆明, 云南省疾病预防控制中心性病艾滋病预防所(马艳玲、陈敏、陈会超、贾曼红); 德宏州疾病预防控制中心(王继宝、姚仕堂、杨锦、李艳玲、段松); 中国疾病预防控制中心性病艾滋病预防控制中心(邢辉)

马艳玲、王继宝同为第一作者

通信作者: 贾曼红, Email: jiamanhong@hotmail.com; 段松, Email: dhduansong@sina.com

with HIV/AIDS should be strictly followed. Meanwhile, relevant surveillance, including drug resistance surveillance should also be performed among cross-border migrant population.

【Key words】 HIV; Genotype; Drug resistance threshold survey; Antiretroviral therapy; Dehong prefecture

HIV耐药株产生后,会传播到新感染人群^[1],感染者携带HIV耐药株,导致以后的抗病毒治疗困难。耐药警戒线调查是通过未接受抗病毒治疗的HIV感染者进行HIV耐药检测,判断耐药株的传播水平,为采取相应的防治措施提供科学依据^[2]。德宏州为云南省艾滋病高流行地区之一,截至2012年底,累计报告HIV感染者及AIDS患者(HIV/AIDS)超过15 000人,占云南省的16.0%,累计抗病毒治疗6 614人,占云南省的16.9%。为评价德宏州HIV-1基因型及耐药株的流行情况,保证抗病毒治疗的可持续性和科学性,开展了德宏州HIV-1基因型及耐药警戒线调查。

对象与方法

1. 研究对象及样本来源:按照《全国艾滋病病毒耐药性监测指南》中耐药警戒线调查的要求,2013年1—8月,在云南省德宏州连续收集16~25岁HIV新报告感染者血浆样品,排除不满足要求的样本后获得54份血浆样品。调查对象均签署知情同意书。排除标准:①以前有HIV阳性检测记录;②以前接受过抗病毒治疗;③有WHO规定的Ⅲ期或Ⅳ期临床症状;④CD₄⁺T淋巴细胞计数<200 cells/ μ l。

2. 实验室检测:①HIV-1 RNA的提取:使用Qiagen公司QIAamp Viral RNA试剂盒,根据标准操作程序从140 μ l样品中提取HIV-1病毒RNA。②巢式PCR扩增pol基因区:使用TaKaRa公司One Step RNA PCR Kit(AMV)试剂盒,进行反转录及第1轮PCR扩增,反应总体积25 μ l,引物为MAW26和RT21(表1)。使用Tiangen公司2 \times Taq PCR MasterMix试剂盒,进行第2轮PCR扩增反应,反应体系50 μ l,引物为PRO-1和RT20(表1)。扩增产物长度为1.3 kb,包括蛋白酶(protease, PR)基因全长(1~99密码子)和反转录酶(reverse transcriptase, RT)基因1~300密码子。③PCR扩增产物电泳鉴定和测序:使用1%琼脂糖凝胶电泳观察PCR产物条带,阳性样本送北京梓熙生物科技公司纯化和测序。测序采用3个正向测序引物PROS3、RTAS、RTB和2个反向测序引物PROC1S、RT20S3(表1)。

3. 序列分析:使用Gene Codes公司的Sequencher 5.0软件进行序列拼接,Bioedit软件进行

表1 扩增及测序引物

引物名称	序列(5'~3')
MAW26	TTGGAATGTGGAAAGGAAGGAC
RT21	CTGTATTTCTGCTATTAAGTCTTTTGATGGG
PRO-1	CAGAGCCAACAGCCCCACCA
RT20	CTGCCAGTCTAGCTCTGCTTC
PROS3	GCCAACAGCCCCACCA
RTAS	CTCAGATTGGTTGCAC
RTB	CCTAGTATAAACAAATGAGACAC
PROC1S	GCTGGGTGTGGTATTCC
RT20S3	GTTCTAGCTCTGCTTC

多序列比对和序列整理。用Mega 5.1软件构建Neighbor-joining(NJ)系统进化树,重复运算1 000次进行分型验证。所得序列利用HIV耐药数据库(hivdb.stanford.edu)的校正群体耐药分析工具[the calibrated population resistance (CPR) tool]在线贴网分析^[3],监测耐药突变(Surveillance Drug Resistance Mutations, SDRM)列表^[4],确定耐药突变位点和对各种抗病毒药物的耐受程度。

4. 耐药株传播水平分析:根据WHO的HIV耐药警戒线调查方案,采用截断顺序抽样法(truncated sequential sampling, TSS)进行抽样^[2],并结合“耐药警戒线监测抽样表”进行耐药株传播水平分析。传播水平分为低传播水平(<5%)、中度传播水平(5%~15%)和高度传播水平(>15%)。

5. 统计学分析:应用SPSS 19.0软件进行统计学分析,率的比较采用 χ^2 检验。出现理论频数<5时,采用Fisher精确 χ^2 检验。

结 果

1. PCR扩增及测序:2013年1—8月,在德宏州收集16~25岁HIV-1感染者血浆样品70份,排除继往阳性后,新报告的HIV-1感染者的样品有64份,其中6份样品无CD₄⁺T淋巴细胞检测结果,4份样品CD₄⁺T淋巴细胞计数<200 cells/ μ l。最终符合耐药警戒线调查标准的样品为54份。经扩增和测序,48份样品获得可分析的pol区序列,满足耐药警戒线统计分析的要求。

48例感染者中,男女比例为1:1.29,年龄为16~24岁, $M=22$ 岁。传播途径以异性传播为主,占77.1%(37/48),注射吸毒传播占16.7%(8/48),同性

传播占 6.3%(3/48)。在异性传播中,83.8%(31/37)有非婚异性性接触史,16.2%(6/37)是婚内阳性配偶/固定性伴感染。民族分布:景颇族 35.4%(17/48)、汉族 33.3%(16/48)、傣族 25.0%(12/48)和德昂族 6.3%(3/48)。职业以农民为主,占 72.9%(35/48),其他职业占 27.1%。研究对象中国籍者占 45.8%(22/48),缅甸籍者占 54.2%(26/48)。不同国籍感染者的传播途径构成上存在差异(表 2)。

表 2 不同国籍 HIV-1 感染者感染途径的分布

国籍	例数	感染途径			χ^2 值	P 值
		异性传播	注射吸毒	同性传播		
中国	22	13(59.1)	6(27.3)	3(13.6)	7.423	0.015
缅甸	26	24(92.3)	2(7.7)	0		
合计	48	37(77.1)	8(16.7)	3(6.3)		

注:采用 Fisher 精确 χ^2 检验;括号外数据为例数,括号内数据为构成比(%)

2. 基因型分布:利用 *pol* 区序列进行分型,C 亚型占 41.7%(20/48),URF 占 31.3%(15/48),CRF01_AE 占 12.5%(6/48),CRF07_BC 占 10.4%(5/48),CRF08_BC 占 2.1%(1/48)和 B 亚型占 2.1%(1/48)。检测到的 URF 中 BC 重组占 86.7%(13/15)、CRF01_AE/C 重组占 6.7%(1/15)和 CRF01_AE/B/C 重组占 6.7%(1/15)。研究对象的基因型在异性传播和注射吸毒传播间差异无统计学意义,但在中国籍和缅甸籍感染者间差异有统计学意义,中国籍感染者中首位的基因型是 C 亚型,缅甸籍感染者中首位的基因型是 URF(表 3)。

3. 耐药相关突变和耐药株的流行率:48 例样品中,有 1 例缅甸籍感染者样本检测到携带针对非核苷类反转录酶抑制剂(NNRTI)耐药传播相关的突变位点(SDRM),为 K103N。其传播途径为注射吸毒,基因型为 BC,耐药情况为 H:DLV EFV NVP(根据 WHO 2009 版 SDRM 耐药突变位点分析,H 为高度耐药)。

根据耐药警戒线调查的统计方法,将获得的序列按采样时间排序,第 14 个序列携带 SDRM,计算累计耐药样品数并填入《耐药警戒线监测抽样表》(表 4),当样本量达到 44 时,耐药样品累计数小于下限,停止抽样,可判断为 HIV-1 耐药株的低度流行水平(<5%)。

讨 论

抗病毒治疗人群的耐药监测能够揭示 HIV 耐药发生、发展趋势以及影响因素,新近感染人群的耐药监测,可提供 HIV 耐药株分布和流行状况,为制定减少 HIV 耐药株传播的措施提供科学依据,指导制定一线抗病毒治疗方案。德宏州是云南省艾滋病流行时间较长的地区,也是云南省艾滋病防治的重点地区。依据 WHO 耐药警戒线调查的方法^[2],德宏州从 2009 年起开展了耐药传播的调查工作^[5-8],一方面可评价当地的抗病毒治疗工作,另一方面可为其他地区提供借鉴,以便科学地开展艾滋病治疗工作。

近年来德宏州的艾滋病防治工作初见成效。德宏州总人口数为 121.1 万,在 HIV 筛查人数大幅增加的前提下,报告的感染者人数出现下降。其中,中国籍的感染者人数下降显著,缅甸籍的感染者人数则在增加:2010 年德宏州筛查 20.2 万人次,新报告感染者 1 282 人,其中缅甸籍 366 人,占 28.5%;2011 年筛查 48.3 万人次,新报告感染者 1 525 人,其中缅甸籍 595 人,占 39.0%;2012 年筛查 71.1 万人次,新报告感染者 1 341 人,其中缅甸籍 661 人,占 49.3%。本次调查的样本中,缅甸籍的感染者占 54.2%,呈增高趋势,提示当地艾滋病防治工作呈现了新的方向。本次调查发现男女比率为 1:1.29,主要是因为缅甸籍感染者中女性比例较高,中国籍感染者中男女比例为 1:0.69,而缅甸籍感染者中男女比例为 1:2.25。18 名缅甸籍女性感染者中,77.8%有非婚异性性接触史,22.2%的配偶/固定性伴 HIV 阳性。由于涉外婚姻和

表 3 不同传播途径和地区类别的研究对象基因型分布

特征	例数	基 因 型					χ^2 值	P 值
		B	C	CRF01_AE	CRF07_BC	CRF08_BC		
感染途径							3.823	0.658 ^a
异性传播	37	1(2.7)	16(43.2)	6(16.2)	1(2.7)	1(2.7)	12(32.4)	
注射毒品	8	0	4(50.0)	0	1(12.5)	0	3(37.5)	
同性传播	3	0	0	0	3(100.0)	0	0	
国籍							12.150	0.012
中国	22	1(4.5)	10(45.5)	1(4.5)	5(22.7)	1(4.5)	4(18.2)	
缅甸	26	0	10(38.5)	5(19.2)	0	0	11(42.3)	
合计	48	1(2.1)	20(41.7)	6(12.5)	5(10.4)	1(2.1)	15(31.3)	

注:^a 仅比较不同基因型在异性传播和注射毒品传播间分布差异,其余同表 1

表4 耐药传播警戒线调查的抽样方法和传播水平划分方法

成功检测的样本数 (n)	下限 (LL)	检出耐药的标本数	上限 (UL)	成功检测的样本数 (n)	下限 (LL)	检出耐药的标本数	上限 (UL)
1	ND	0	ND	25	ND	1	6
2	ND	0	ND	26	ND	1	6
3	ND	0	ND	27	ND	1	6
4	ND	0	ND	28	ND	1	6
5	ND	0	ND	29	ND	1	6
6	ND	0	ND	30	ND	1	6
7	ND	0	ND	31	ND	1	6
8	ND	0	ND	32	ND	1	6
9	ND	0	ND	33	ND	1	6
10	ND	0	ND	34	1	1	7
11	ND	0	ND	35	1	1	7
12	ND	0	ND	36	1	1	7
13	ND	0	ND	37	1	1	7
14	ND	1	5	38	1	1	7
15	ND	1	5	39	1	1	7
16	ND	1	5	40	1	1	7
17	ND	1	5	41	1	1	7
18	ND	1	5	42	1	1	7
19	ND	1	5	43	1	1	7
20	ND	1	5	44	2	1	7
21	ND	1	5	45	2	1	7
22	ND	1	5	46	2	1	8
23	ND	1	5	47	2	1	8
24	ND	1	5	-	-	-	-

注: ND为未检出; -表示停止

跨境买淫的存在,使得缅甸女性成为需要关注的重点人群。

本次调查结果提示C亚型和URF为德宏地区的主要HIV-1基因型,和以往调查结果类似^[7-8]。但中国籍和缅甸籍感染者的HIV-1基因型分布有差异,缅甸籍感染者中URF的比例高于中国籍感染者,耐药株也是在缅甸籍感染者中发现的,提示缅甸感染者中存在着复杂的传播关系,需要加强外籍人员的艾滋病综合防治工作。

在本次调查中,检测到了1个针对NNTRI的耐药突变位点:K103N。根据往年的调查,在2011年和2012年新报告的HIV-1感染者中都检测到了携带该位点耐药毒株^[6,8],并且在德宏州抗病毒治疗1年以上病毒载量超过1 000 copies/ml的患者中,K103N的检出率达39%(27/69),是首位的NNRTIs耐药突变位点^[9-10]。提示携带该耐药位点的毒株可能来源于治疗人群,并在当地形成了传播。德宏州累计治疗缅甸籍615人,在治456人,其中跨境婚姻232人,目前暂未针对接受抗病毒治疗的缅甸人员

开展耐药专项调查,今后需开展此方面的调查。

根据警戒线的判别方法,本次调查提示德宏州耐药株的流行率尚属于低度水平,与既往调查结果类似^[5-6,8](自2009年开展调查以来,德宏的耐药株流行率处于中度或低度流行水平),与云南省其他艾滋病流行重点地区(昆明、红河、文山、临沧)耐药株处于低流行水平一致^[11-15],说明云南省HIV耐药株尚处于中低度流行水平,但随着抗病毒治疗覆盖率的不断提高,需持续开展耐药株警戒线调查。

从治疗患者耐药发生的情况来看,HIV病毒载量在1 000 copies/ml以上的艾滋病患者中HIV耐药株检出率较高^[10]。因此控制耐药株传播的关键,是进一步加强抗病毒治疗人群的规范治疗及科学管理,同时有效干预以降低危险行为,减少新发感染。为全面了解耐药传播的情况,需连续开展耐药监测。德宏州与缅甸接壤,无天然屏障,边民来往频繁,通婚现象普遍,1989年云南省首次发现HIV感染者为德宏当地吸毒者与缅籍人员共用针具而感染。20多年来,HIV一直在中国籍与缅甸籍人员间相互传播,除了耐药警戒线的调查外,还需要考虑在缅甸籍感染者中开展专项调查,以评估耐药株流入对当地大规模公共卫生模式抗病毒治疗工作的影响。

参 考 文 献

- [1] Little SJ, Holte S, Routy JP, et al. Antiretroviral-drug resistance among patients recently infected with HIV [J]. *N Engl J Med*, 2002, 347(6):385-394.
- [2] Bennett DE, Myatt M, Bertagnolio S, et al. Recommendations for surveillance of transmitted HIV drug resistance in countries scaling up antiretroviral treatment [J]. *Antivir Ther*, 2008, 13 Suppl 2:S25-36.
- [3] Gifford RJ, Liu TF, Rhee SY, et al. The calibrated population resistance tool: standardized genotypic estimation of transmitted HIV-1 drug resistance [J]. *Bioinformatics*, 2009, 25 (9): 1197-1198.
- [4] Bennett DE, Camacho RJ, Otelea D, et al. Drug resistance mutations for surveillance of transmitted HIV-1 drug-resistance: 2009 update [J]. *PLoS One*, 2009, 4(3):e4724.
- [5] Ma YL, Duan S, Chen M, et al. Survey on HIV drug resistance transmission in Dehong of Yunnan province in 2009 [J]. *Chin J Epidemiol*, 2011, 32(4):424-425. (in Chinese)
马艳玲,段松,陈敏,等.云南省德宏州2009年HIV-1耐药株传播水平调查[J]. *中华流行病学杂志*, 2011, 32(4):424-425.
- [6] Chen M, Wang JB, Xing H, et al. Threshold survey on HIV-1 drug resistance in Dehong of Yunnan province in 2011 [J]. *Chin J Epidemiol*, 2012, 33(10):1096-1097. (in Chinese)
陈敏,王继宝,邢辉,等.云南省德宏州2011年HIV-1耐药传播警戒线调查[J]. *中华流行病学杂志*, 2012, 33(10):1096-1097.

[7] Chen M, Yao ST, Ma YL, et al. Distribution of HIV-1 subtypes among different populations in Dehong prefecture, Yunnan province, in 2011 [J]. Chin J Epidemiol, 2012, 33(9): 883-887. (in Chinese)
陈敏, 姚仕堂, 马艳玲, 等. 云南省德宏州 2011 年 HIV-1 不同亚型人群分布特征分析 [J]. 中华流行病学杂志, 2012, 33(9): 883-887.

[8] Chen M, Wang JB, Xing H, et al. Study on HIV-1 related genetics and threshold on drug resistance in Dehong prefecture of Yunnan province in 2012 [J]. Chin J Epidemiol, 2014, 35(8): 909-912. (in Chinese)
陈敏, 王继宝, 邢辉, 等. 云南省德宏州 2012 年 HIV-1 耐药传播警戒线调查 [J]. 中华流行病学杂志, 2014, 35(8): 909-912.

[9] Yang SM, Fan YS, Li HQ, et al. Investigation of pol gene variation of HIV-1 epidemic strains after treatment with HARRT at Dehong prefecture and Kunming in Yunnan province [J]. Chin J Lab Med, 2011, 34(4): 315-320. (in Chinese)
杨绍敏, 樊移山, 李惠琴, 等. 云南省德宏和昆明地区高效抗反转录病毒治疗后 HIV-1 流行毒株 pol 区基因变异分析 [J]. 中华检验医学杂志, 2011, 34(4): 315-320.

[10] Yao ST, Ma YL, Xu YW, et al. Mutation rate and risk factors of HIV resistance among AIDS patients receiving antiretroviral treatment in Dehong prefecture, Yunnan province [J]. Chin J Dis Control Prev, 2012, 16(12): 1019-1023. (in Chinese)
姚仕堂, 马艳玲, 许元武, 等. 云南省德宏州艾滋病患者抗病毒治疗后 HIV 耐药突变率及其影响因素研究 [J]. 中华疾病控制杂志, 2012, 16(12): 1019-1023.

[11] Chen M, Ma YL, Chu CX, et al. Survey on the transmission of HIV drug resistance in Kunming, Yunnan province in 2010 [J]. Chin J Epidemiol, 2012, 33(1): 75-77. (in Chinese)
陈敏, 马艳玲, 楚承霞, 等. 昆明市 2010 年 HIV-1 耐药传播警戒线调查 [J]. 中华流行病学杂志, 2012, 33(1): 75-77.

[12] Su YZ, Jia MH, Yang Y, et al. Survey on HIV-1 drug resistance threshold in Kuming Yunnan in 2011 [J]. Modern Prev Med, 2014, 41(6): 1120-1122. (in Chinese)
苏莹珍, 贾曼红, 杨颖, 等. 云南省昆明市 2011 年 HIV-1 耐药警戒线调查 [J]. 现代预防医学, 2014, 41(6): 1120-1122.

[13] Chen M, Yang CJ, Dong LJ, et al. Survey on HIV-1 drug resistance threshold in Honghe prefecture of Yunnan province in 2011 [J]. Modern Prev Med, 2013, 40(17): 3246-3249. (in Chinese)
陈敏, 杨朝军, 董莉娟, 等. 云南省红河州 2011 年 HIV-1 耐药传播警戒线调查 [J]. 现代预防医学, 2013, 40(17): 3246-3249.

[14] Chen M, Jia MH, Su YZ, et al. Investigation on HIV-1 genotypes and drug resistance threshold in Wenshan prefecture of Yunnan province in 2012 [J]. Chin J Dis Control Prev, 2013, 17(12): 1041-1045. (in Chinese)
陈敏, 贾曼红, 苏莹珍, 等. 云南省文山州 2012 年 HIV-1 基因型和耐药传播警戒线调查 [J]. 中华疾病预防控制中心杂志, 2013, 17(12): 1041-1045.

[15] Chen M, Su YZ, Yang CJ, et al. HIV-1 genetics and drug resistance threshold survey in Lincang city of Yunnan province in 2012 [J]. Chin J AIDS STD, 2013, 19(10): 722-725. (in Chinese)
陈敏, 苏莹珍, 杨朝军, 等. 云南省临沧市 2012 年 HIV-1 基因型和耐药传播警戒线调查 [J]. 中国艾滋病性病, 2013, 19(10): 722-725.

(收稿日期: 2014-11-16)

(本文编辑: 王岚)

读者·作者·编者

本刊常用医学词汇缩略语

本刊对以下较为熟悉的一些常用医学词汇将允许直接用缩写,即在文章中第一次出现时,可以不标注中文和英文全称。

A 值	吸光度值	HBcAg	乙型肝炎核心抗原	PBS	磷酸盐缓冲液
AIDS	艾滋病	HBsAg	乙型肝炎 e 抗原	PCR	聚合酶链式反应
ALT	丙氨酸氨基转移酶	HBsAg	乙型肝炎表面抗原	RR	相对危险度
AST	天冬氨酸氨基转移酶	Hb	血红蛋白	RT-PCR	反转录聚合酶链式反应
BMI	体重指数	HC	臀围	SARS	严重急性呼吸综合征
CHD	冠心病	HDL-C	高密度脂蛋白胆固醇	SBP	收缩压
CI	可信区间	HFRS	肾综合征出血热	SCr	血清肌酐
COPD	慢性阻塞性肺疾病	HI	血凝抑制试验	T2DM	2 型糖尿病
CT	计算机断层扫描技术	HIV	人类免疫缺陷病毒	TC	总胆固醇
DBP	舒张压	HPV	人乳头瘤病毒	TG	甘油三酯
DNA	脱氧核糖核酸	ICU	重症监护病房	UA	尿酸
ELISA	酶联免疫吸附试验	IDD	碘缺乏病	WBC	白细胞
FPG	空腹血糖	IFG	空腹血糖受损	WC	腰围
GMT	几何平均滴度	LDL-C	低密度脂蛋白胆固醇	WHR	腰臀围比值
HAV	甲型肝炎病毒	M 值	中位数	WHtR	腰围身高比
HBV	乙型肝炎病毒	MRI	磁共振成像	WHO	世界卫生组织
HCV	丙型肝炎病毒	MS	代谢综合征	抗-HBs	乙型肝炎表面抗体
HDV	丁型肝炎病毒	MSM	男男性行为者	抗-HBc	乙型肝炎核心抗体
HEV	戊型肝炎病毒	OR	比值比	抗-HBe	乙型肝炎 e 抗体