

浙江省 2013—2015 年学生男男性行为人群 HIV-1 亚型与分子传播簇特征分析

丁晓贝¹ 潘晓红¹ 张佳峰¹ 何林¹ 蒋均¹ 范钦¹ 陈婉君¹ 郑琳² 罗艳³
刘建宁² 郭志宏¹ 姚佳明¹

¹浙江省疾病预防控制中心艾滋病与性病预防控制所, 杭州 310051; ²杭州市西湖区疾病预防控制中心 310030; ³杭州市疾病预防控制中心艾滋病性病防治所 310021

通信作者: 潘晓红, Email: xhpan@cdc.zj.cn; 郑琳, Email: zhenglin919@126.com

【摘要】 目的 了解浙江省 12~30 岁学生 MSM HIV-1 亚型及传播簇的特征。方法 以 2013—2015 年浙江省新确诊 290 例经男男性行为感染的学生 HIV 感染者(学生 MSM 感染者)为研究对象, 开展 HIV 分子流行病学研究。收集流行病学相关信息, 从采集的血浆中提取 RNA, 运用 RT-PCR 和巢式 PCR 扩增 HIV-1 的 *pol* 区基因, 进行系统进化和分子传播簇分析。结果 290 例学生 MSM 感染者中, 杭州市确诊的占 50.3%, 大专及以上文化程度占 81.0%。成功获取 178 例序列, 有 10 种亚型, 以 CRF01_AE (49.4%, 88/178) 和 CRF07_BC (39.3%, 70/178) 亚型为主。共形成 18 个分子传播簇(簇大小: 2~4 例/簇), 成簇比例为 23.6% (42/178), 簇内学生 MSM 感染者所在学校为同一县(区、市)的占 61.9% (26/42), 其性伴类型为学生和非学生并存。中学生 MSM 感染者的成簇比例为 38.2% (13/34), 高于大学生 MSM 感染者的成簇比例 20.1% (29/144) ($\chi^2=4.996, P<0.05$)。结论 2013—2015 年浙江省学生 MSM 感染者的 HIV-1 亚型多样, 提示 HIV-1 感染来源的多样化, HIV-1 分子传播簇内的毒株呈现地理的相对聚集性, 应加强性伴追踪和针对性干预, 有效遏制艾滋病的传播。

【关键词】 艾滋病病毒 1 型; 男男性行为人群; 学生; 分子传播簇

基金项目: 国家科技重大专项(2017ZX10201101)

DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20190809-00586

Characteristics of subtypes and transmission of HIV-1 infected persons among student MSM in Zhejiang province, 2013–2015

Ding Xiaobei¹, Pan Xiaohong¹, Zhang Jiafeng¹, He Lin¹, Jiang Jun¹, Fan Qin¹, Chen Wanjun¹, Zheng Lin², Luo Yan³, Liu Jianning², Guo Zhihong¹, Yao Jiaming¹

¹Department of AIDS/STD Control and Prevention, Zhejiang Provincial Center for Disease Control and Prevention, Hangzhou 310051, China; ²Hangzhou Xihu District Center for Disease Control and Prevention, Hangzhou 310030, China; ³Department of AIDS/STD Control and Prevention, Hangzhou Prefectural Center for Disease Control and Prevention, Hangzhou 310021, China

Corresponding authors: Pan Xiaohong, Email: xhpan@cdc.zj.cn; Zheng Lin, Email: zhenglin919@126.com

【Abstract】 **Objective** To investigate the characteristics of subtype diversity and transmission on HIV-1 among 12 to 30 years old student MSM in Zhejiang province. **Methods** A total of 290 newly diagnosed HIV infected student MSM were selected as the research objects for molecular studies on HIV, in Zhejiang province during 2013 to 2015. Data on epidemiology and plasma samples of these people were collected. HIV-1 nucleotide sequences of *pol* gene regions were amplified using the RT-PCR/nested PCR method and sequenced. Phylogenetic analysis was performed to determine the HIV-1 genotypes. Characteristics of transmission mode among these cases were also analyzed. **Results** A total of 290 cases, 50.3% were diagnosed in Hangzhou and 81.0% had college or above degrees. 178 sequences including 10 subtypes, were obtained, with the main subtypes as CRF01_AE (49.4%, 88/178) and CRF07_BC (39.3%, 70/178). A total of 18 molecular transmission clusters were formed (42 cases, cluster size from 2 to 4), with the proportions of clusters as 23.6% (42/178). 61.9% (26/42) of student MSM with their schools located in the same district within the transmission clusters. Their sexual partners would include both student MSM and non-student MSM. The proportion of clusters among middle school students was 38.2% (13/34), higher than that of college students (20.1%,

29/144) ($\chi^2=4.996, P<0.05$). **Conclusions** The HIV-1 subtypes of student MSM in Zhejiang province appeared diversity, which indicated with the diversity of sources of infection. The geographical distribution of cluster cases is relatively centralized. In order to effectively control the spread of AIDS, more attention should be paid to the sexual partners involved and to specific programs on intervention.

【Key words】 HIV-1; Men who have sex with men; Students; Molecular transmission clusters

Fund program: National Science and Technology Major Project of China (2017ZX10201101)

DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20190809-00586

2009—2013年浙江省MSM 18~25岁HIV感染者中,学生占15.9%^[1]。2013—2015年学生检测发现分别为69、136和170例,以男男性行为感染的学生HIV感染者(学生MSM感染者)为主。目前国内外相关研究主要侧重学生MSM感染者的危险性行为分析^[2-5],关于感染来源和HIV-1传播特征的分子流行病学研究较少。本研究分析2013—2015年浙江省新确诊的学生MSM感染者的HIV-1亚型和传播簇特征,为制定针对性防控措施提供参考依据。

对象与方法

1. 研究对象:来源于艾滋病综合防治信息系统浙江省HIV/AIDS数据库,纳入标准:2013年1月1日至2015年12月31日确诊的HIV感染者,12~30岁学生,感染途径为男男性行为传播。筛选出290例学生MSM HIV感染者。

2. 研究方法:

(1)信息收集:包括年龄、户籍地、学生类型、婚姻状况、传播途径、确诊前的性行为发生地、性伴类型、检测发现地区(市、区)、学校所在地区(市、区)等。

(2)实验室检测:经当地CDC采集抗病毒治疗前的5 ml的EDTA抗凝血样,共获得196份样本,送至浙江省CDC, -80℃保存。用RNA/DNA提取试剂盒(苏州天隆公司)提取血浆中核酸,采用RT-PCR和巢式PCR扩增HIV-1 *pol*基因蛋白酶(全长)和反转录酶区(前300个氨基酸位点),扩增产物大小为1 316 bp^[6]。将产物送至杭州擎科梓熙生物科技有限公司进行纯化和测序。

(3)序列分析:使用Sequencher 5.0软件对测序后序列进行编辑、拼接和校正,BioEdit 7.2.0软件对序列和国际参考序列(美国Los Alamos国家实验室HIV序列数据库)进行比对和校正。用Mega 6.0软件构建Neighbor-Joining系统进化树,与国际参考株聚类的判定为相应的HIV亚型,未能与已知的亚型和流行重组型(CRFs)聚类的序列考虑为独特重组型(URFs)。

(4)分子传播簇分析:系统进化树中分支节点的

Bootstrap值 $\geq 90\%$,簇内样本数 ≥ 2 个,且簇内平均基因距离(genetic distance, GD) \leq 设定阈值,定义为分子传播簇^[7]。分别以GD ≤ 0.015 、GD ≤ 0.030 、GD ≤ 0.045 筛选最适基因阈值,分析传播簇内感染者特征。

3. 统计学分析:采用SPSS 19.0软件进行统计学分析,对定量资料采用 $\bar{x}\pm s$ 描述,定性资料采用例数和构成比(%)描述,进行不同组的比较采用 χ^2 检验,以 $P<0.05$ 为差异有统计学意义。

结果

1. 研究对象基本情况:学生MSM感染者290例,2015年确诊占45.5%,杭州市确诊占50.3%,大专及以上学历占81.0%。获得196例血浆样本,扩增成功*pol*区序列178例,占61.4%(178/290),其中2015年新确诊感染者占52.2%,确诊年龄以19~22岁为主(63.5%, 113/178),大学生占80.9%,浙江省户籍占71.9%,外省户籍占28.1%,包括湖南省、四川省、安徽省等。见表1。

2. HIV-1亚型分布:178例学生MSM感染者中HIV-1有10种亚型,依次为:CRF01_AE有88例(49.4%),CRF07_BC有70例(39.3%),CRF55_01B有5例(2.8%),B亚型有3例(1.7%),C亚型有5例(2.8%),URF(CRF01_AE/CRF07_BC)有2例(1.1%),URF(CRF01_AE/B)有2例(1.1%),CRF59_01B、CRF67_01B、CRF68_01B各1例(0.6%),见图1。

以感染CRF01_AE和CRF07_BC亚型为主,合计占88.7%,在系统进化树上形成明显的分簇现象。CRF01_AE亚型间平均遗传距离为 0.047 ± 0.012 ,CRF07_BC亚型间平均遗传距离为 0.028 ± 0.010 ,CRF55_01B亚型间平均遗传距离为 0.029 ± 0.006 ,C亚型间平均遗传距离为 0.048 ± 0.006 。

3. 基因遗传距离阈值:以Bootstrap值 $\geq 90\%$,分别以GD ≤ 0.015 、GD ≤ 0.030 、GD ≤ 0.045 为阈值进行分子传播簇分析。以GD ≤ 0.015 为阈值形成18个簇,包含42例感染者,成簇比例为23.6%,簇大小为2~4例。以GD ≤ 0.030 和GD ≤ 0.045 为阈值时分析结果相同,形成22个簇,包含56例,成簇比例为

表 1 2013—2015 年浙江省学生 MSM 的 HIV-1 分子传播簇分组比较

变量	学生 MSM 感染者数	成簇人数	不成簇人数	χ^2 值	P 值
确诊年份				0.603	0.739
2013	26	6	20		
2014	59	12	47		
2015	93	24	69		
确诊时年龄组(岁)				4.056	0.132
≤ 18	43	15	28		
19~	113	23	90		
≥ 23	22	4	18		
学生类型				4.996	0.025
中学生	34	13	21		
大学生	144	29	115		
婚姻状况				-	-
未婚	177	41	136		
离异或丧偶	1	1	0		
民族				0.768	0.381
汉	173	40	133		
其他	5	2	3		
户籍				0.624	0.732
杭州市	31	9	22		
本省其他市	97	22	75		
外省	50	11	39		
确诊地区				0.692	0.405
杭州市	96	25	71		
本省其他市	82	17	65		
学校所在地				0.538	0.764
杭州市	91	22	69		
本省其他市	69	17	52		
外省	18	3	15		
HIV-1 亚型				10.793	0.005
CRF01_AE	88	30	58		
CRF07_BC	70	10	60		
其他	20	2	18		

注: - 无统计学结果

所在地一致的占 16.7%(7/42); 确诊地一致的占 59.5%(25/42), 来自同一学校或相邻学校的占 19.0%(8/42)。

获得簇内 30 例感染者的性行为信息, 其中 93.3%(28/30) 的感染者自述确诊前在学校所在地有过男男性行为, 47.8%(11/23) 自述在户籍地有过男男性行为, 33.3%(9/30) 自述在学校所在地和户籍地均发生男男性行为。有 33 例感染者的性伴类型信息, 81.7%(27/33) 确诊前曾与非学生 MSM 发生男男性行为, 57.6%(19/33) 曾与学生 MSM 发生男男性行为, 39.4%(13/33) 与学生 MSM 和非学生 MSM 均有过男男性行为。

(3) 部分簇内感染者特征: 分子传播簇簇内感染者就读学校所在地以及户籍地是簇内感染者成簇的因素。簇 1(图 2) 中 3 例感染者基因距离为 0.013 ± 0.003 , 2 例的就读学校在杭州市同一区县(均为外省户籍), 1 例在外省就学(杭州市户籍), 其户籍地与前 2 例就读学校为相同街道, 提示学校可能是簇内感染者重要的活动区域。同时部分簇内感染者无流行病学相关性, 例如簇 18(图 2), 2 例感染者的确诊地、学校所在地以及户籍地之间均无交集, 但基因距离为 0.006, 提示可能存在传播关联, 需进行流行病学现场调查予以核实。

中学生 MSM 感染者的成簇比例为 38.2%(13/34), 形成 9 个簇, 2 簇为中学生之间成簇(5 例), 另 7 个簇为中学生与大学生 MSM 感染者成簇。其中 6 个簇为中学生(4 例在杭州市就读, 2 例非杭州市) 与在杭州市就读的大学生 MSM 感染者成簇。中学生 MSM 感染者成簇比例高于大学生 MSM 感染者 20.1%(29/144) ($\chi^2 = 4.996, P < 0.05$)。获得 8 例中学生 MSM 感染者的性伴类型信息, 7 例自述仅与非学生 MSM 有过男男性行为, 1 例自述与学生和非学生均有过男男性行为, 推测成簇的中学生感染者可能存在相同传染源。簇 4 包含 3 例感染者(图 2), 学校所在地分别为金华市、绍兴市和丽水市, 流行病学地理信息无明显交集, 三者基因遗传距离为 0.006 ± 0.004 ; 有 2 例高中生, 均为 2013 年 8 月诊断, 男性性伴数分别为 1 和 2 人, 均自述在学校所在地发生过男男性行为, 两者基因遗传距离为 0.001, 提示感染的毒株具有高度同源性, 另 1 例为云南省户籍的初中生, 局部序列相似性查询显示与浙江省毒株同源性较高, 与云南省流行毒株遗传距离较远, 提示该初中生可能在浙江省就读期间感染。

5. 学生 MSM 中 HIV-1 亚型分布: 发现有 20 例学生 MSM 感染者感染 HIV-1 亚型, 其中户籍地为外

31.5%, 簇大小为 2~5 例, 但部分参考株与研究对象成簇。因参考株与研究对象并无流行病学关联, 提示 $GD \leq 0.030$ 和 $GD \leq 0.045$ 阈值偏大导致传播簇分析的特异性下降。较低的 GD 值更能反映短期的传播事件, 本研究对象是大学生和中学生, 感染时间相对较短, 选择 $GD \leq 0.015$ 为阈值分析。

4. 分子传播簇成簇情况:

(1) 分子传播簇的基本情况: 共 18 个簇, 人数为 (2.3 ± 0.5) 例/簇, 在杭州市确诊的感染者占 59.5%(25/42)。CRF01_AE 亚型形成 12 个簇, 包含 30 例, 成簇比例为 34.1%(30/88); CRF07_BC 亚型形成 5 个簇, 包含 10 例, 成簇比例为 14.3%(10/70); C 亚型形成 1 个簇, 包含 2 例。

(2) 分子传播簇内感染者流行病学特征: 簇内感染者就读学校为同一主城区的占 61.9%(26/42); 户籍

省的比例占 45.0%(9/20)。见表 2。

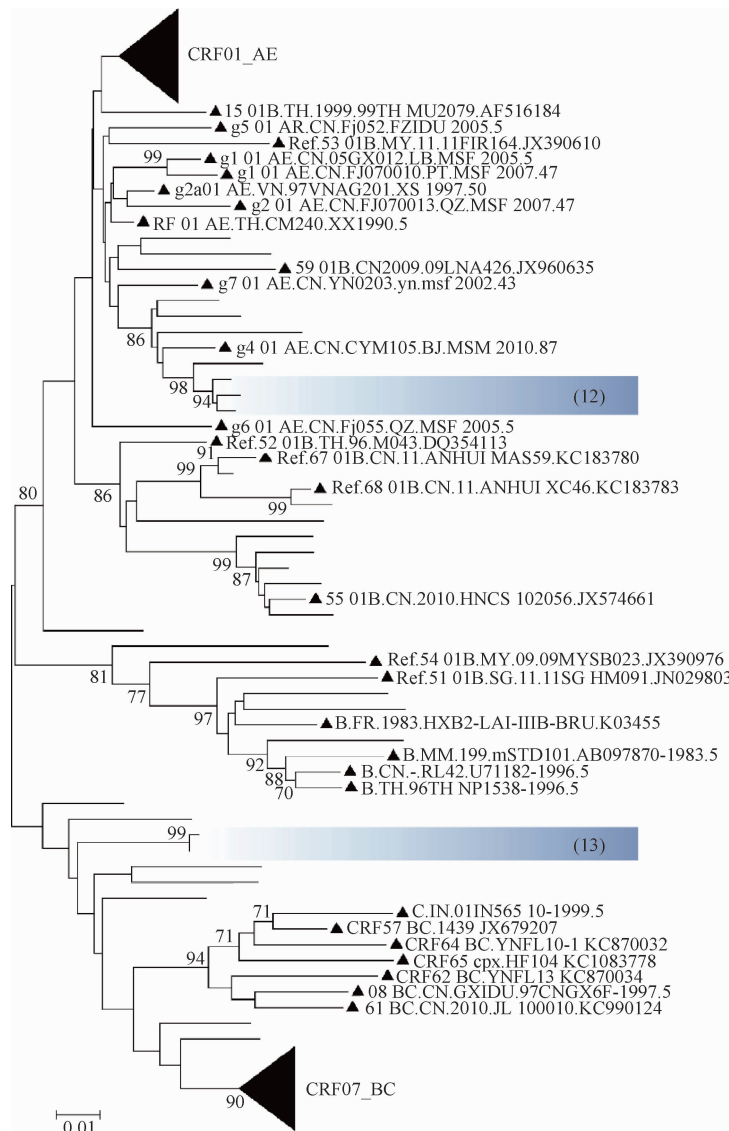
讨 论

本研究样本占 2013—2015 年浙江省新确诊学生 MSM 感染者的 60.7%，分析其亚型和传播特征，为制定有效干预措施提供参考。学生 MSM 感染者的分子传播簇内，学校所在地相同是学生 MSM 中艾滋病传播的重要因素；另外，中学生 MSM 感染者的成簇构成比高于大学生 MSM，且易与在杭州市就读的大学生 MSM 感染者关联紧密。亚型多样化，以 CRF01_AE 和 CRF07_BC 亚型为主，其中 CRF01_AE 成簇比例高于其他亚型。

分子传播簇簇内感染者所在学校位于同一县(市、区)的占多数，与个案流行病学调查获得的簇内感染者多数自述有过学校或户籍所在区(县)的男男

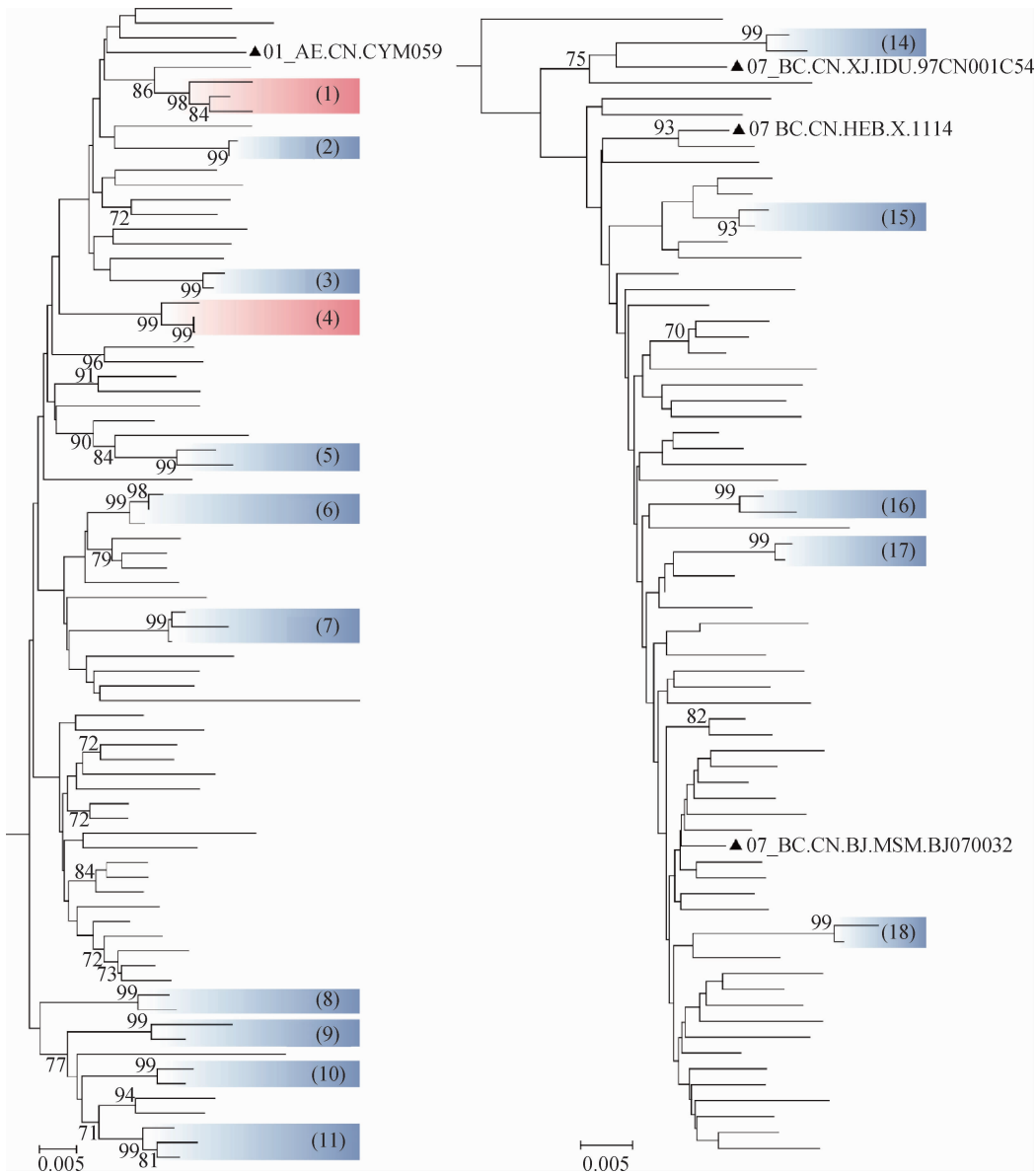
性行为的特征一致。绝大多数学生 MSM 感染者自述有过与非学生 MSM 发生男男性行为，与北京市、重庆市等地报道学生 MSM 性行为网络特征一致^[4]，倾向于通过互联网、朋友介绍、同学等结识学生 MSM 性伴^[8]。此外，学生 MSM 在与熟人发生性行为时，安全套使用率较低^[4]。需加强学生艾滋病疫情的警示性教育，提高感染风险意识，坚持使用安全套^[9-10]。

中学生 MSM 感染者成簇的比例高于大学生 MSM，结合簇内感染者的男性性伴信息，发现多数自述仅与非学生 MSM 发生男男性行为，推测中学生 MSM 成簇的簇内感染者传染源可能来自非学生 MSM 感染者。与四川省和重庆地区报道的中学生 MSM 的 HIV 阳性检测率高于大学生 MSM 一致，可能因为中学生 MSM 心理尚不成熟，易受人引诱，更容易发生 HIV 的高危行为^[11]。同时中学生经济条件



注：▲为参考株；其他为学生 MSM 毒株；(12)和(13)为传播簇 12 和 13

图 1 2013—2015 年浙江省学生 MSM 感染者 HIV-1 系统进化树



注: ▲为参考株;其他为学生 MSM 毒株;(1)~(11),(14)~(18)为传播簇 1~11,14~18

图 2 2013—2015 年浙江省学生 MSM 感染者 HIV-1 CRF01_AE 和 CRF07_BC 亚型系统进化树

表 2 2013—2015 年浙江省 20 例学生 MSM 感染者 HIV-1 亚型情况分布

HIV-1 亚型	例数	簇内基因遗传距离 (碱基替换值/ 核苷酸位点, $\bar{x} \pm s$)	户籍所在地(例数)	学校所在地(例数)
C	5	0.048 ± 0.006	杭州市(1)、温州市(1)、湖州市(1)、丽水市(1)、甘肃省(1)	杭州市(4)、湖州市(1)
CRF55_01B	5	0.029 ± 0.006	温州市(1)、天津市(1)、四川省(1)、贵州省(1)、湖南省(1)	杭州市(4)、宁波市(1)
B	3	0.076 ± 0.008	绍兴市(1)、温州市(1)、安徽省(1)	绍兴市(1)、安徽省(1)、江西省(1)
URF(CRF01_AE/B)	2	0.129 ± 0.011	安徽省(1)、台州市(1)	安徽省(1)、杭州市(1)
URF(CRF01_AE/CRF07_BC)	2	0.049 ± 0.007	温州市(1)、台州市(1)	温州市(1)、台州市(1)
CRF59_01B	1	/	湖州市(1)	杭州市(1)
CRF67_01B	1	/	金华市(1)	金华市(1)
CRF68_01B	1	/	安徽省(1)	杭州市(1)

注:/未统计

有限,受学校管理较多,活动场所和时间受限,更倾向就近发生性行为。

学生 MSM 感染者亚型多样,以 CRF01_AE 为

主,其次为 CRF07_BC 亚型。与 2009 和 2011 年浙江省报道的 MSM 亚型概况相似^[12-13],同时与 2009—2013 年浙江省 18~25 岁青年中 CRF07_BC 亚型呈

上升趋势一致^[1],与国内多数报道的MSM亚型变化相似^[14-15]。CRF55_01B在2012年国内首次报道后,在MSM人群中不断增长,浙江省首次报道1例2011年确诊的CRF55_01B的非学生MSM感染者^[6],本研究首次发现5例感染该亚型的学生MSM(2014年和2015年确诊),提示需关注该亚型在学生中的流行特征。浙江省C亚型首次报道见于2011年确诊感染者^[13],此次发现5例感染该亚型的学生感染者(3例为2014年确诊,2例为2015年确诊)。CRF67_01B和CRF68_01B最先发现于安徽省^[16],本研究1例感染CRF68_01B亚型的感染者户籍地为安徽省,推测该感染者可能在其户籍地感染。

学生MSM感染者成簇的大小为2~3例,符合网络节点中度值的分布,大多数节点的度值比较小,提示学生MSM感染者之间可能是散在传播关系,连接潜在传播伙伴数较少,个体传播病毒的风险相对较低^[17-19]。但流行病学追踪调查显示学生MSM与非学生MSM之间男男性行为的比例较高,本研究仅纳入学生MSM,可能导致传播簇的成簇比例和数量降低,进一步的研究应纳入非学生MSM感染者。

本研究存在不足,部分研究对象存在失访和回顾性偏倚,对簇内感染者的补充调查信息有限,无法验证传播簇内感染者的直接或间接传播关系。以后应对学生MSM的簇内感染者开展流行病学调查,深入分析其危险因素。

综上所述,2013—2015年浙江省学生MSM感染者的HIV-1亚型呈现多样,提示HIV-1感染来源的多样化,分子传播簇内的感染者呈现地理的相对聚集性,应加强性伴追踪和针对性干预,有效遏制艾滋病传播。

利益冲突 所有作者均声明不存在利益冲突

参 考 文 献

- [1] Zhang WJ, Chen JF, Pan XH, et al. Trends of HIV-1 subtypes among young people in Hangzhou, China [J]. *AIDS Res Human Retrov*, 2017, 33(3): 219-227. DOI: 10.1089/AID.2016.0117.
- [2] 郑建东, 庞琳, 徐杰, 等. 北京市大学在籍生男男性行为者HIV感染状况及其相关危险性行为调查[J]. *中华流行病学杂志*, 2011, 32(4): 337-340. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2011.04.004.
- [3] Zheng JD, Pang L, Xu J, et al. Study on the prevalence of HIV and AIDS-related risky sexual behaviors among male university students who have sex with men in Beijing, China [J]. *Chin J Epidemiol*, 2011, 32(4): 337-340. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2011.04.004.
- [4] 张德川, 陈子煌, 马跃, 等. 北京市学生男男性行为人群无保护性行为相关因素的定性研究[J]. *中华预防医学杂志*, 2018, 52(12): 1234-1238. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0253-9624.2018.12.008.
- [5] Zhang DC, Chen ZH, Ma Y, et al. Qualitative study on unprotected sexual behaviors among male students who have sex with men in Beijing [J]. *Chin J Prev Med*, 2018, 52(12): 1234-1238. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0253-9624.2018.12.008.
- [6] Yang ZR, Huang ZH, Dong ZQ, et al. Prevalence of high-risky behaviors in transmission of HIV among high school and college student MSM in China: a Meta-analysis [J]. *BMC Public Health*, 2015, 15: 1272. DOI: 10.1186/s12889-015-2614-4.
- [7] 陈梦清, 程伟彬, 徐慧芳, 等. 广东省825名学生男男性行为人群rush poppers使用情况及其影响因素[J]. *中华预防医学杂志*, 2016, 50(11): 949-953. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0253-9624.2016.11.006.
- [8] Chen MQ, Cheng WB, Xu HF, et al. Predictors of rush popper use among 825 men who have sex with men in education in Guangdong Province [J]. *Chin J Prev Med*, 2016, 50(11): 949-953. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0253-9624.2016.11.006.
- [9] Zhang JF, Guo ZH, Yang JZ, et al. Genetic diversity of HIV-1 and transmitted drug resistance among newly diagnosed individuals with HIV infection in Hangzhou, China [J]. *J Med Virol*, 2015, 87(10): 1668-1676. DOI: 10.1002/jmv.24223.
- [10] Ragonnet-Cronin M, Hodcroft E, Hué S, et al. Automated analysis of phylogenetic clusters [J]. *BMC Bioinformatics*, 2013, 14: 317. DOI: 10.1186/1471-2105-14-317.
- [11] 郑建东, 庞琳, 徐杰, 等. 北京市大学生男男性行为者同性性行为特征分析[J]. *疾病监测*, 2011, 26(6): 450-453, 457. DOI: 10.3784/j.issn.1003-9961.2011.06.010.
- [12] Zheng JD, Pang L, Xu J, et al. Study on the characteristics of male-to-male sexual behaviors among male university students who have sex with men in Beijing, China [J]. *Dis Surveill*, 2011, 26(6): 450-453, 457. DOI: 10.3784/j.issn.1003-9961.2011.06.010.
- [13] Abiodun O, Sotunsa J, Ani F, et al. Knowledge of HIV/AIDS and predictors of uptake of HIV counseling and testing among undergraduate students of a privately owned university in Nigeria [J]. *BMC Res Notes*, 2014, 7: 639. DOI: 10.1186/1756-0500-7-639.
- [14] 潘晓红, 从黎明, 马晓勤, 等. 浙江省2785名有性行为大学生艾滋病感染危险感知及安全套使用情况的调查[J]. *中华流行病学杂志*, 2006, 27(6): 499-502. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2006.06.009.
- [15] Pan XH, Cong LM, Ma QQ, et al. Perception on AIDS infection risk and condom use among 2785 college students having had sexual experience in Zhejiang province [J]. *Chin J Epidemiol*, 2006, 27(6): 499-502. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2006.06.009.
- [16] 谭明天, 钟晓妮, 彭斌, 等. 四川和重庆地区大学生男男性接触者HIV感染状况及其相关危险性行为调查[J]. *重庆医科大学学报*, 2018, 43(7): 975-979. DOI: 10.13406/j.cnki.cyx.001370.
- [17] Tan MT, Zhong XN, Peng B, et al. A cross-sectional study of HIV infections and HIV-related risky sexual behaviour among male students who have sex with men (MSM) in Chongqing and Sichuan [J]. *J Chongqing Med Univ*, 2018, 43(7): 975-979. DOI: 10.13406/j.cnki.cyx.001370.
- [18] 潘晓红, 张佳峰, 丁晓贝, 等. 2009年浙江省HIV-1型CRF01_AE流行株分布特征[J]. *中华预防医学杂志*, 2012, 46(11): 987-991. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0253-9624.2012.11.006.
- [19] Pan XH, Zhang JF, Ding XB, et al. Molecular characteristics of HIV-1 CRF01_AE strains in Zhejiang province in 2009 [J]. *Chin J Prev Med*, 2012, 46(11): 989-991. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0253-9624.2012.11.006.
- [20] 张佳峰, 杨介者, 潘晓红, 等. 浙江省男男性行为人群HIV-1新近感染者的毒株亚型和传播簇研究[J]. *中华流行病学杂志*, 2015, 36(1): 61-66. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2015.01.015.
- [21] Zhang JF, Yang JZ, Pan XH, et al. HIV-1 subtype diversity and transmission clusters among men having sex with men who recently got HIV-1 infection, in Zhejiang province [J]. *Chin J Epidemiol*, 2015, 36(1): 61-66. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2015.01.015.
- [22] Yan HM, Ding YY, Wong FY, et al. Epidemiological and molecular characteristics of HIV infection among money boys and general men who have sex with men in Shanghai, China [J]. *Infect Genet Evol*, 2015, 31: 135-141. DOI: 10.1016/j.meegid.2015.01.022.
- [23] Zhao J, Chen L, Chaillon A, et al. The dynamics of the HIV epidemic among men who have sex with men (MSM) from 2005 to 2012 in Shenzhen, China [J]. *Sci Rep*, 2016, 6: 28703. DOI: 10.1038/srep28703.
- [24] Wu JJ, Meng ZF, Xu JQ, et al. New emerging recombinant HIV-1 strains and close transmission linkage of HIV-1 strains in the Chinese MSM population indicate a new epidemic risk [J]. *PLoS One*, 2013, 8(1): 54322. DOI: 10.1371/journal.pone.0054322.
- [25] Brenner BG, Roger M, Routy JP, et al. High rates of forward transmission events after acute/early HIV-1 infection [J]. *J Infect Dis*, 2007, 195(7): 951-959. DOI: 10.1086/512088.
- [26] Brown AJL, Lycett SJ, Weinert L, et al. Transmission network parameters estimated from HIV sequences for a nationwide epidemic [J]. *J Infect Dis*, 2011, 204(9): 1463-1469. DOI: 10.1093/infdis/jir550.
- [27] Oster AM, Wertheim JO, Hernandez AL, et al. Using molecular HIV surveillance data to understand transmission between subpopulations in the United States [J]. *J Acquir Immune Defic Syndr*, 2015, 70(4): 444-451. DOI: 10.1097/QAI.0000000000000809.

(收稿日期: 2019-08-09)
(本文编辑: 斗智)