

# 昆明市2016—2018年男男性行为人群HIV-1分子网络特征分析

李诗韵<sup>1</sup> 戴洁<sup>2</sup> 孙鹏艳<sup>2</sup> 李佑芳<sup>2</sup> 董莉娟<sup>2</sup> 陈会超<sup>2</sup> 金晓媚<sup>2</sup> 杨敏<sup>2</sup>  
马艳玲<sup>2</sup> 陈敏<sup>2</sup>

<sup>1</sup>昆明医科大学公共卫生学院 650500; <sup>2</sup>云南省疾病预防控制中心性病艾滋病防制所, 昆明 650022

李诗韵和戴洁对本文有同等贡献

通信作者: 陈敏, Email: chenminyx@126.com

**【摘要】 目的** 分析云南省昆明市2016—2018年MSM中HIV-1分子网络的特征, 探讨HIV-1传播网络的危险因素, 为干预的有效实施提供依据。**方法** 2016—2018年在昆明市连续收集新报告的感染HIV-1的MSM的样品540份, 通过巢式PCR扩增HIV-1的pol区基因, 按照最大似然进化树中bootstrap值>95%和基因距离<3%构建分子网络, 对研究对象进入网络和网络增长的相关因素进行分析。**结果** 459份样品获得pol序列, 检测到7种HIV-1基因型, 其中以CRF07\_BC(49.2%, 226/459)和CRF01\_AE(40.3%, 185/459)为主, 其他基因型包括URFs(4.8%, 22/459)、CRF08\_BC(3.1%, 14/459)、CRF55\_01B(1.7%, 8/459)、B亚型(0.7%, 3/459)和CRF68\_01B(0.2%, 1/459)。共163条序列进入网络, 入网率为35.5%(163/459), 形成56个簇, 簇内个体数在2~13个之间。对研究对象进入网络的影响因素分析, 发现已婚和多性伴者在网络中检测到的比例较大; 多因素logistic回归分析结果显示, 性伴数是MSM感染者分子网络增长的影响因素; 按照每年出现≥3个新增感染者的网络为活跃传播簇的标准, 有6个传播簇可判定为活跃传播簇, 外地、有STD史、离异和学生的MSM是活跃传播簇干预的关键对象。**结论** 昆明市MSM中HIV-1基因型日趋复杂, 进入分子网络的相关因素包括已婚和多性伴, 活跃传播簇中外地、有STD史、离异和学生MSM需要加强干预, 本研究为分子网络运用于该人群的干预提供了基础。

**【关键词】** 艾滋病病毒; 男男性行为者; 分子网络

**基金项目:** 云南省科技人才和平台计划(2019HB053)

DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20190916-00676

## Analysis on characteristics of HIV-1 molecular networks in men who have sex with men in Kunming, 2016–2018

Li Shiyun<sup>1</sup>, Dai Jie<sup>2</sup>, Sun Pengyan<sup>2</sup>, Li Youfang<sup>2</sup>, Dong Lijuan<sup>2</sup>, Chen Huichao<sup>2</sup>, Jin Xiaomei<sup>2</sup>, Yang Min<sup>2</sup>, Ma Yanling<sup>2</sup>, Chen Min<sup>2</sup>

<sup>1</sup>School of Public Health, Kunming Medical University, Kunming 650500, China; <sup>2</sup>Institute for AIDS/STDs Prevention and Control, Yunnan Provincial Center for Disease Control and Prevention, Kunming 650022, China

Li Shiyun and Dai Jie contributed equally to the article

Corresponding author: Chen Min, Email: chenminyx@126.com

**【Abstract】 Objective** To analyze the characteristics of HIV-1 molecular network in men who have sex with men (MSM) from 2016 to 2018 in Kunming, Yunnan province, explore the risk factors associated with HIV-1 transmission network and provide evidence for the effective implementation of intervention. **Methods** A total of 540 samples of newly reported HIV-1 positive MSM were consecutively collected in Kunming from 2016 to 2018, the pol gene fragments were amplified by nested polymerase chain reaction (PCR). HIV-1 molecular networks were constructed according to the bootstrap value of the maximum likelihood evolutionary tree over 95% and the genetic distance less than 3%. The factors associated with the subjects entering network and network growth were further analyzed. **Results** Among 459 successfully sequenced samples, seven genotypes were found, in which CRF07\_BC (49.2%, 226/459) and CRF01\_AE (40.3%, 185/459) were predominant. Other genotypes included URFs (4.8%, 22/459), CRF08\_BC (3.1%, 14/459), CRF55\_01B (1.7%, 8/459), B

(0.7%, 3/459) and CRF68\_01B (0.2%, 1/459). A total of 163 sequences entered the network, with an entry rate of 35.5% (163/459), forming 56 clusters with the number of individuals in the cluster was between 2 and 13. The analysis of the factors associated with entering network showed that the MSM who married and had multiple homosexual partners were more likely to be found in HIV-1 molecular networks. Multivariate logistic regression analysis showed that the number of sexual partners was the factor for the growth of HIV-1 molecular network. According to the criteria for the emergence of three or more newly reported cases in every year, six transmission clusters were judged as active transmission clusters, in which MSM who were not Kunming natives, had sexually transmitted diseases (STD), were divorced and students were the key targets of intervention. **Conclusions** HIV-1 genotypes in MSM in Kunming were becoming complex, the risk factors associated with transmission networks in MSM in Kunming included being married and having multiple partners, the intervention targets in active transmission clusters included MSM who were not Kunming natives, had STD, were divorced and students. This study provided the basis for applying HIV-1 molecular networks to real-time intervention in this population.

**【Key words】** HIV-1; Men who have sex with men; Molecular network

**Fund program:** Science and Technology Talent and Platform Program of Yunnan Province (2019HB053)

DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20190916-00676

近年来, HIV-1 分子网络在艾滋病防治中的运用逐渐受到关注<sup>[1]</sup>, 其基本思路是通过确证的 HIV-1 感染者基因的关联性构建分子网络, 以此作为传播网络的框架, 挖掘传播的危险因素。西南地区 MSM 的 HIV-1 感染率 (11.4%) 高于其他地区 (3.5% ~ 4.8%)<sup>[2]</sup>。哨点监测结果显示 2012—2015 年云南省 MSM 的 HIV 感染率分别为 4.61%、7.10%、5.60% 和 5.74%<sup>[3]</sup>, 针对该人群的艾滋病预防和控制工作具有较大的挑战性。本研究分析了 2016—2018 年昆明市 MSM 的 HIV-1 分子网络特征, 为该人群的艾滋病防控提供指导。

## 对象与方法

1. 研究对象: 通过 MSM 社会组织的动员检测, 连续收集 2016—2018 年昆明市新报告 HIV-1 感染的 MSM 血浆样品 540 份, 同时收集研究对象的相关信息。

### 2. 方法:

(1) HIV-1 RNA 的提取: 使用德国 Qiagen 公司的 QIAamp Viral RNA 试剂盒从 140  $\mu$ l 血浆中提取 HIV-1 的病毒核糖核酸 (RNA)。

(2) *pol* 基因区扩增: 通过巢式聚合酶链反应 (polymerase chain reaction, PCR) 扩增 *pol* 基因区 1.2 kb 的片段 (蛋白酶区 1 ~ 99 个密码子和反转录酶区 1 ~ 250 个密码子)。扩增引物序列和反应条件按以前的文献报道<sup>[4]</sup>。

(3) PCR 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, 阳性样品送北京诺赛基因组研究中心有限公司纯化和测序。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, 测序引物序列见以前的文献报道<sup>[4]</sup>。

(4) 序列整理和判定: 用 Sequencher 5.1 软件对测序获得的片段进行拼接, 用 BioEdit 7.1 软件进行多重序列比对和编辑。比对好的序列用 MEGA 6.0 软件中的 neighbor-joining 方法构建系统进化树, 并确定基因亚型。

(5) 分子传播网络构建: 构建分子网络的 *pol* 序列中的耐药位点未进行预处理, 将比对好的序列通过 fasttree 软件在 GTR 模型下构建最大似然 (maximum likelihood, ML) 系统进化树, 计算进化树节点的 bootstrap 值。将生成的 ML 进化树和对应的序列导入 ClusterPicker, 按照 bootstrap 值 > 95% 和基因距离 < 3%<sup>[5-7]</sup>, 提取传播簇。使用 HyPhy 2.2.4 软件在 TN93 模型下计算成簇的序列间的基因距离, 按照最小基因距离法确定簇内序列的两两关系, 通过 Cytoscape 3.7.1 软件实现传播网络的可视化。

3. 统计学分析: 采用 Excel 2013 软件录入研究对象信息, 使用 SPSS 19.0 软件进行统计学分析。采用  $\chi^2$  检验单因素分析研究对象进入分子网络的相关因素, 采用多因素 logistic 回归分析影响传播网络增长的相关因素, 以  $P < 0.05$  为差异有统计学意义。

## 结 果

1. 基本特征: 2016—2018 年昆明市报告的感染途径为男男性行为接触的病例分别为 339、378 和 326 例。纳入本研究的 MSM 为 540 例, 获得序列的研究对象为 459 例, 其中 2016—2018 年的研究对象分别为 106、181 和 172 例, 分年度的抽样比例为 31.3% (106/339)、47.9% (181/378) 和 52.8% (172/326), 总

的抽样比例为44.0%(459/1 043)。

具有序列的459例研究对象中,年龄(28.69±7.97)岁;以昆明市户籍为主,占69.7%(320/459);婚姻状况以未婚为主,占86.3%(396/459);汉族占76.0%(349/459);大专及以上占57.7%(265/459);商业服务占30.5%(140/459);有STD史的占9.8%(54/459)。按*pol*区基因分型,CRF07\_BC占49.2%(226/459)、CRF01\_AE占40.3%(185/459)、URFs占4.8%(22/459)、CRF08\_BC占3.1%(14/459)、CRF55\_01B占1.7%(8/459)、B亚型占0.7%(3/459)和CRF68\_01B占0.2%(1/459)。

2. 分子网络特征:共163条序列进入网络,入网率为35.5%,形成56个簇,簇内个体数为2~13个,网络中以CRF07\_BC(49.7%, 81/163)和CRF01\_AE(36.8%, 60/163)为主。对研究对象进入网络的影响因素分析(表1),发现婚姻状况和性伴数差异有统计学意义( $\chi^2=6.212, P=0.045; \chi^2=6.861, P=0.032$ )。已婚和多性伴者在网络中检测到的比例更大。

3. 2018年分子网络增长情况:随着年份的增加,分子网络呈现增长的情况(图1)。在2016—2018年总的分子网络中,有36个簇包括了2018年新报告的感染者,其中含15个新出现的传播簇和21个在原有基础上有新进入个体的传播簇,在本研究中称为有变化的传播簇;另外20个簇在2018年没有发生变化,称为静止簇。

进一步分析了2018年有变化的传播簇的影响因素(表1),变量包括年龄、地区、职业、民族、婚姻状况、文化程度、是否有STD史、性伴数和*pol*区分型,多因素logistic回归分析结果显示,性伴数越多者,进入增长网络的比例越大,提示性伴数是MSM感染者传播网络增长的影响因素。

4. 活跃传播簇分析:按照比上一年新增≥3个感染者为活跃传播簇的标准,2018年有6个活跃传播簇(图2),分别是Cluster10、11、15、19、31和48。

在Cluster10、11和48中,处于核心或关键位置的18KMM149、18KMM191和18KMM124为云南省

表1 2016—2018年昆明市男男性行为人群HIV-1感染者进入网络和网络增长的影响因素分析

变 量	MSM感染者进入网络的影响因素				网络增长的影响因素		
	例数	入网率(%)	$\chi^2$ 值	P值	网络增长中的例数(%)	OR值(95%CI)	P值
年龄组(岁)			0.968	0.325			
≤30	309	105(34.0)			72(23.3)	1.000	
>30	150	58(38.7)			43(28.7)	0.749(0.282~1.989)	0.561
地区			1.864	0.394			
昆明市	320	120(37.5)			91(28.4)	1.000	
云南省其他城市	79	25(31.6)			14(17.7)	0.427(0.142~1.287)	0.131
外省	60	18(30.0)			10(16.7)	0.264(0.076~0.919)	0.036
职业			3.312	0.346			
商业服务	140	55(39.3)			38(27.1)	1.000	
干部职工	75	24(32.0)			19(25.3)	1.324(0.315~5.574)	0.702
家政、家务及待业	87	25(28.7)			17(19.5)	0.848(0.250~2.882)	0.792
其他	157	59(37.6)			41(26.1)	0.866(0.333~2.250)	0.767
民族			1.919	0.166			
汉	349	130(37.2)			96(27.5)	1.000	
其他	110	33(30.0)			19(17.3)	0.389(0.146~1.040)	0.060
婚姻情况			6.212	0.045			
未婚	396	136(34.3)			96(24.2)	1.000	
已婚	28	16(57.1)			11(39.3)	1.330(0.225~7.859)	0.753
离婚/丧偶	35	11(31.4)			8(22.9)	1.263(0.160~9.988)	0.825
文化程度			2.429	0.119			
大专以下	194	61(31.4)			40(20.6)	1.000	
大专及以上	265	102(38.5)			75(28.3)	1.009(0.414~2.459)	0.985
有STD史			0.993	0.609			
否	377	130(34.5)			88(23.3)	1.000	
是	54	22(40.7)			19(35.2)	0.131(0.066~1.478)	0.142
不详	28	11(39.3)			8(28.6)	0.710(0.085~5.960)	0.753
性伴数(个)			6.861	0.032			
≤5	277	90(32.4)			54(19.5)	1.000	
6~	113	39(34.5)			23(29.2)	3.133(1.086~9.040)	0.035
≥16	69	34(49.3)			28(40.6)	31.077(3.543~272.564)	0.002
<i>pol</i> 分型			5.723	0.124			
CRF01_AE	185	60(32.4)			41(23.2)	1.000	
CRF07_BC	226	81(35.8)			57(25.2)	1.777(0.720~4.383)	0.212
CRF08_BC	14	9(64.3)			9(64.3)	-	0.999
其他	34	13(38.2)			8(23.5)	0.573(0.128~2.555)	0.465

注:-无统计结果

其他城市或外省的MSM,提示外地的MSM在昆明市更为活跃,是促进网络扩增的动力;在Cluster11中的17KMM025、Cluster31中的18KMM129和18KMM145以及Cluster48中处于核心位置的16KMM025均有STD史,提示具有STD史的MSM也是干预的重点。在Cluster10中的18KMM170、18KMM031和Cluster48中另一个处于核心位置的17KMM216均为离异的MSM,这些MSM可能同时存在同性和异性性行为,是潜在的桥梁人群。活跃传播簇中还存在着学生感染者,如Cluster11中的18KMM200、Cluster19中的18KMM068和Cluster48中的16KMM066。

现7种基因型,表明MSM中HIV-1基因型日趋复杂,其中以CRF07\_BC和CRF01\_AE为主,与国内大部分研究结果一致<sup>[5,8-9]</sup>,但与昆明市2009—2015年的调查相比<sup>[4]</sup>,CRF07\_BC所占比例上升,并超过了CRF01\_AE,这一趋势与国内其他地区不同<sup>[10]</sup>,提示可能存在新的HIV-1疫情变化。另外B亚型共3例,B亚型在MSM感染者中的比例逐渐下降,与国内大部分研究结果一致<sup>[11]</sup>。

本研究通过构建分子网络,发现MSM中已婚和多性伴者更容易进入网络。MSM属于社会边缘人群,迫于社会和家庭压力,选择与异性结婚来掩盖身份,提示在有身份掩盖的情况下其高危性行为更加活跃,也加大了作为桥梁人群向配偶传播的风险<sup>[12-14]</sup>;MSM拥有多个性伴意味着有多个“连接点”,更容易形成“HIV-1多重传播网络”,加速HIV-1的流行<sup>[15]</sup>。

### 讨 论

2016—2018年昆明市HIV-1感染的MSM中发

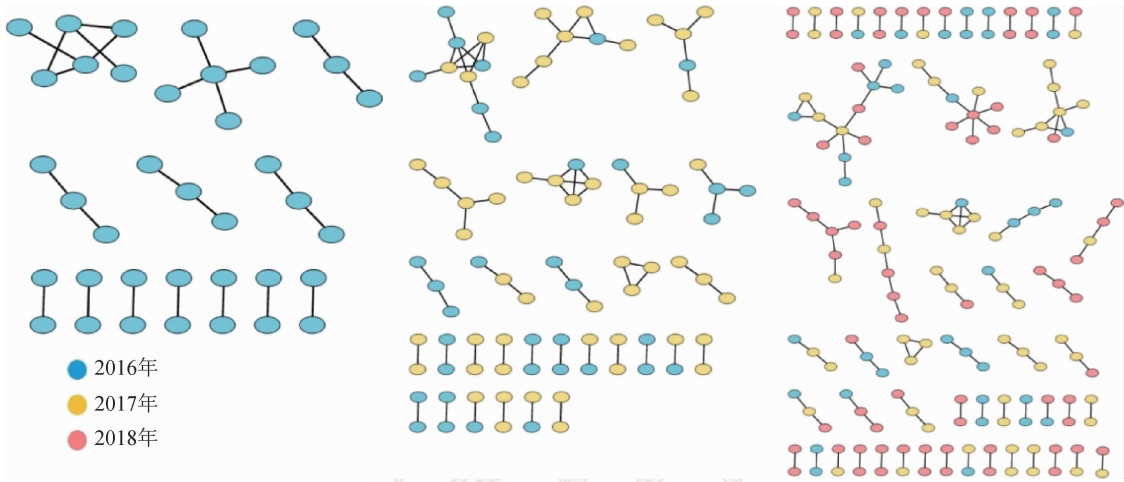


图1 2016—2018年昆明市男男性行为人群HIV-1分子传播网络的变迁情况

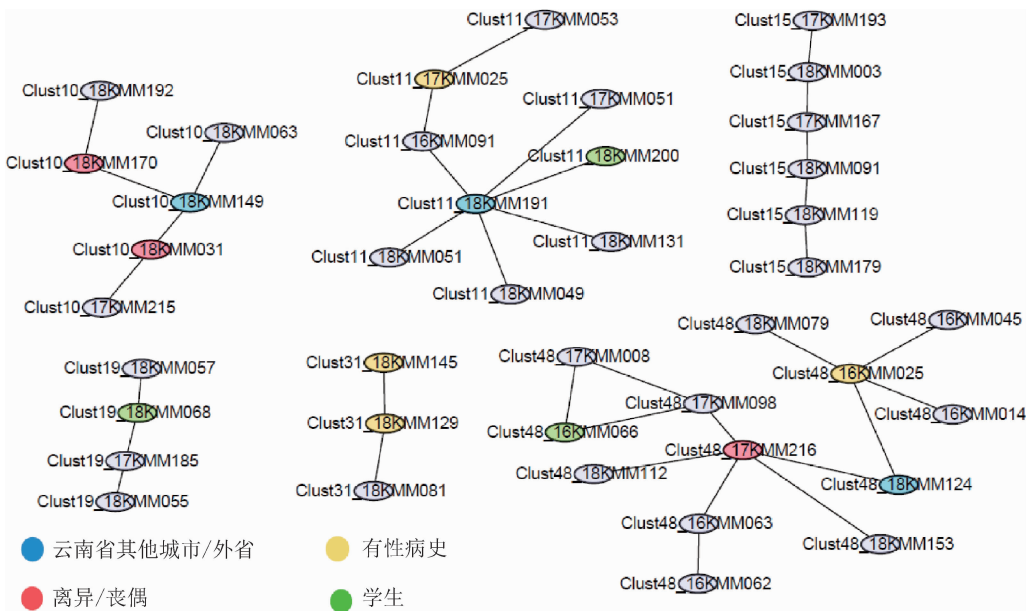


图2 2016—2018年昆明市男男性行为人群HIV-1分子网络活跃传播簇

2018年昆明市MSM传播网络增长的多因素logistic回归分析结果进一步显示,性伴数>5个是MSM传播网络增长的影响因素,这与国内多数研究结果一致<sup>[16-17]</sup>。多性伴是该人群的一个显著特征,也是该人群干预的难点问题。

分子网络分析的目的在于通过分子网络推断出相关的传播危险因素,从而采取对应的干预措施。针对本研究发现进入网络的相关因素,在干预中应更关注已婚和多性伴的MSM,除常规的干预措施外,需要考虑提供暴露前预防用药的服务,推动暴露前预防的使用并坚持使用安全套,目前云南省已开展了该项工作的试点和评估,以期通过实施层面的研究,取得进一步扩大运用的措施。

分子网络的运用还需要进一步开展个案调查分析,深入了解活跃传播簇的传播风险,采取针对性的措施以有效控制网络的进一步扩大。对发现的6个活跃传播簇的分析,发现外地、有STD史、离异和学生的MSM在网络中起到了关键作用。因此,需要加强对外来高危人群的干预覆盖,为其提供必要的咨询和检测服务;加强对MSM的STD检查和转介治疗服务;对于有同性和异性性行为的MSM应加强性健康的教育,防止其作为桥梁人群传播艾滋病;学校的艾滋病防治应关注男男性行为的问题,进一步加强学校艾滋病预防工作的探索,建立全方位的性教育模式。

综上所述,昆明市MSM中HIV-1基因型日趋复杂,通过基线的分子网络分析,发现已婚和多性伴是进入分子网络的相关因素,而性伴数>5个是MSM感染者传播网络增长的影响因素,活跃传播簇的个案分析进一步提示外地、有STD史、离异和学生MSM是干预的重点,本研究为加强昆明市MSM的干预提供了有针对性的信息。

利益冲突 所有作者均声明不存在利益冲突

## 参 考 文 献

- [1] Little SJ, Pond SLK, Anderson CM, et al. Using HIV networks to inform real time prevention interventions[J]. PLoS One, 2014, 9(6): e98443. DOI: 10.1371/journal.pone.0098443.
- [2] Chow EPF, Wilson DP, Zhang J, et al. Human immunodeficiency virus prevalence is increasing among men who have sex with men in China: findings from a review and Meta-analysis[J]. Sex Transm Dis, 2011, 38(9): 845-857. DOI: 10.1097/OLQ.0b013e31821a4f43.
- [3] 宋丽军, 陈会超, 梅静远, 等. 云南省2012-2015年男男性行为者HIV感染率及新近感染率分析[J]. 中国艾滋病性病, 2018, 24(10): 1020-1023. DOI: 10.13419/j.cnki.aids.2018.10.16.
- [4] Song LJ, Chen HC, Mei JY, et al. HIV prevalence and incidence among men who have sex with men in Yunnan from 2012 to 2015[J]. Chin J AIDS STD, 2018, 24(10): 1020-1023. DOI: 10.13419/j.cnki.aids.2018.10.16.
- [5] Chen M, Ma YL, Su YZ, et al. HIV-1 genetic characteristics and transmitted drug resistance among men who have sex with men in Kunming, China[J]. PLoS One, 2014, 9(1): e87033. DOI: 10.1371/journal.pone.0087033.
- [5] Su L, Liang S, Hou XQ, et al. Impact of worker emigration on

- HIV epidemics in labour export areas: a molecular epidemiology investigation in Guangyuan, China[J]. Sci Rep, 2018, 8: 16046. DOI: 10.1038/s41598-018-33996-6.
- [6] Li XS, Gao R, Zhu KX, et al. Genetic transmission networks reveal the transmission patterns of HIV-1 CRF01\_AE in China[J]. Sex Transm Infect, 2018, 94(2): 111-116. DOI: 10.1136/sextrans-2016-053085.
- [7] Li XS, Xue YL, Lin Y, et al. Evolutionary dynamics and complicated genetic transmission network patterns of HIV-1 CRF01\_AE among MSM in Shanghai, China[J]. Sci Rep, 2016, 6: 34729. DOI: 10.1038/srep34729.
- [8] Jia DJ, Zhao J, Liu YJ, et al. Two-year cross-sectional studies reveal that single, young MSMs in Shenzhen, China are at high risk for HIV infection[J]. Virol J, 2019, 16: 83. DOI: 10.1186/s12985-019-1189-6.
- [9] 董敖渤, 肖琳, 梁姝, 等. 凉山彝族自治州HIV/AIDS抗病毒治疗前HIV-1耐药情况及其影响因素分析[J]. 中华流行病学杂志, 2019, 40(6): 648-653. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2019.06.009.
- [10] Dong AB, Xiao L, Liang S, et al. HIV-1 drug resistance and influencing factors among people living with HIV/AIDS before antiretroviral therapy in Liangshan Yi Autonomous Prefecture[J]. Chin J Epidemiol, 2019, 40(6): 648-653. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2019.06.009.
- [10] 王险峰, 李峰, 刘晓松, 等. 石家庄市2015年新确诊HIV-1感染者流行毒株的亚型分布及原发性耐药分析[J]. 中国艾滋病性病, 2018, 24(2): 120-124. DOI: 10.13419/j.cnki.aids.2018.02.04.
- [11] Wang XF, Li F, Liu XS, et al. Genetic characteristics and primary drug resistance of HIV-1 among newly-diagnosed HIV-infected individuals in Shijiazhuang City of Hebei province in 2015[J]. Chin J AIDS STD, 2018, 24(2): 120-124. DOI: 10.13419/j.cnki.aids.2018.02.04.
- [11] 廖政珍, 刘冬莹, 朱晓艳, 等. 山东省男男性行为人群单性性行为者与双性性行为者特征及HIV感染相关因素[J]. 中华流行病学杂志, 2019, 40(8): 941-946. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2019.08.013.
- [12] Liao MZ, Liu DY, Zhu XY, et al. Behavior and influencing factors of HIV infection among men who have sex with men only and men who have sex with both men and women in Shandong province[J]. Chin J Epidemiol, 2019, 40(8): 941-946. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2019.08.013.
- [12] 李西婷, 罗艳, 张兴亮, 等. 杭州市男男性行为人群HIV新发感染及影响因素研究[J]. 预防医学, 2018, 30(10): 982-986, 991. DOI: 10.19485/j.cnki.issn2096-5087.2018.10.003.
- [13] Li XT, Luo Y, Zhang XL, et al. Incidence and influencing factors for HIV infection among men who have sex with men in Hangzhou[J]. Prev Med, 2018, 30(10): 982-986, 991. DOI: 10.19485/j.cnki.issn2096-5087.2018.10.003.
- [13] 欧阳琳, 吴国辉, 周超, 等. 重庆市有婚史的男男性行为者的HIV感染状况及行为心理特征分析[J]. 中国艾滋病性病, 2018, 24(4): 357-360, 372. DOI: 10.13419/j.cnki.aids.2018.04.11.
- [14] Ouyang L, Wu GH, Zhou C, et al. Prevalence of HIV and its associated behavior and psychological characteristics among married men who have sex with men in Chongqing[J]. Chin J AIDS STD, 2018, 24(4): 357-360, 372. DOI: 10.13419/j.cnki.aids.2018.04.11.
- [14] 杨莉, 陈会超, 陈敏, 等. 云南省2012-2014年某男男性行为人群检测平台HIV-1新发感染状况分析[J]. 中国皮肤性病学杂志, 2017, 31(11): 1229-1231. DOI: 10.13735/j.cjdv.1001-7089.201705010.
- [15] Yang L, Chen HC, Chen M, et al. The analysis of HIV-1 resent infection among men who have sex with men from one detection site in Yunnan from 2012-2014[J]. Chin J Dermatovenereol, 2017, 31(11): 1229-1231. DOI: 10.13735/j.cjdv.1001-7089.201705010.
- [15] 张月, 陈芳, 丁凡, 等. 3城市感染HIV MSM的多性伴状况及其影响因素分析[J]. 中国艾滋病性病, 2017, 23(8): 734-737, 748. DOI: 10.13419/j.cnki.aids.2017.08.16.
- [16] Zhang Y, Chen F, Ding F, et al. Status of multiple sexual partners and its correlates among HIV-positive men who have sex with men[J]. Chin J AIDS STD, 2017, 23(8): 734-737, 748. DOI: 10.13419/j.cnki.aids.2017.08.16.
- [16] Pines HA, Karris MY, Little SJ. Sexual partner concurrency among partners reported by MSM with recent HIV infection[J]. AIDS Behav, 2017, 21(10): 3026-3034. DOI: 10.1007/s10461-017-1855-x.
- [17] 王毅, 周万明, 樊静, 等. 四川省绵阳市男男性行为人群婚后同性性行为现状及其相关因素分析[J]. 中华流行病学杂志, 2019, 40(4): 461-465. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2019.04.017.
- [17] Wang Y, Zhou WM, Fan J, et al. Homosexual behavior and related factors among married men who have sex with men in Mianyang city, Sichuan province[J]. Chin J Epidemiol, 2019, 40(4): 461-465. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2019.04.017.

(收稿日期: 2019-09-16)  
(本文编辑: 斗智)