

HIV 感染者的高危行为接触者追踪研究进展

刘欢 金怡晨 汤后林

中国疾病预防控制中心性病艾滋病预防控制中心流行病学室/传染病溯源预警与智能决策全国重点实验室,北京 102206

通信作者:汤后林,Email:tanghl@chinaaids.cn

【摘要】 对 HIV 感染者开展高危行为接触者追踪,能够促进 HIV 感染者的诊断发现,及时采取诊疗和干预措施,有助于减少二代传播,对控制艾滋病流行具有重要意义。随着 HIV 基因序列检测和分析技术的发展,将 HIV 分子传播网络应用于传统流行病学调查的高危行为接触者追踪,有助于准确揭示 HIV 传播模式、阐明 HIV 传播特征和识别高传播风险人群,为精准防控提供科学依据。本文对 HIV 感染者的高危行为接触者追踪研究进行综述,为开展相关工作提供科学参考。

【关键词】 艾滋病病毒; 高危行为; 追踪; 流行病学调查; 分子传播网络

基金项目:国家重点研发计划(2022YFC2305201);国家自然科学基金(71874168)

Progress in research of tracing contacts exposed to high risk behaviors of HIV-infected patients

Liu Huan, Jin Yichen, Tang Houlin

Division of Epidemiology, National Center for AIDS/STD Control and Prevention, Chinese Center for Disease Control and Prevention/National Key Laboratory of Intelligent Tracking and Forecasting for Infectious Diseases, Beijing 102206, China

Corresponding author: Tang Houlin, Email: tanghl@chinaaids.cn

【Abstract】 Tracing the contacts exposed to high risk behaviors of HIV-infected patients can facilitate the diagnosis and discovery of HIV positive individuals for timely treatment and intervention to reduce secondary transmission, which is of great importance for the control of AIDS epidemic. With the development of HIV gene sequence detection and analysis technology, the application of HIV molecular transmission network in traditional contact tracing based on epidemiological investigation can contribute to the accurate reveal of HIV transmission mode, clarification of HIV transmission characteristics and identification of the population at high risk for HIV infection to provide evidence-based insights for the accurate prevention and control of AIDS. This paper summarized the progress in the research of tracing the contacts exposed to high risk behaviors of HIV-infected patients to provide reference for the AIDS prevention and control in the future.

【Key words】 HIV; High risk behavior; Tracing; Epidemiological investigation; Molecular transmission network

Fund programs: National Key Research and Development Program of China (2022YFC2305201); National Natural Science Foundation of China (71874168)

截至 2022 年底,全球存活 HIV 感染者约为 3 900 万例,约有 86% 的 HIV 感染者得到诊断^[1];我国报告存活 HIV 感染者为 122.3 万例,约有 16% 的 HIV 感染者未被诊断。另

外,我国每年新诊断的 HIV 感染者超过 10 万例,且晚发现问题较为突出,近年来,晚发现的比例超过 38%^[2-3]。控制艾滋病流行,关键在于尽早发现并诊断 HIV 感染者,迫切需要

DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20231211-00346

收稿日期 2023-12-11 本文编辑 斗智

引用格式:刘欢,金怡晨,汤后林. HIV 感染者的高危行为接触者追踪研究进展[J]. 中华流行病学杂志, 2024, 45(5): 755-760. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20231211-00346.

Liu H, Jin YC, Tang HL. Progress in research of tracing contacts exposed to high risk behaviors of HIV-infected patients[J]. Chin J Epidemiol, 2024, 45(5):755-760. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20231211-00346.



采用更有针对性的策略和措施以提高 HIV 感染者的发现效率。

HIV 主要通过多性伴、无保护性行为 and 共用针具吸毒等高危行为传播,与 HIV 感染者发生高危行为的接触者称为高危行为接触者^[4]。追踪高危行为接触者,能够提升 HIV 检测针对性和发现效率,是发现 HIV 感染者、减少传播的有效策略和措施。随着测序成本的降低和检测技术的发展,基于病毒基因序列构建 HIV 分子传播网络在提高追踪效率和准确性、实施靶向干预方面具有显著优势,为识别 HIV 传播网络提供生物学证据,与流行病学调查方法互为补充,越来越受到艾滋病防治工作者的关注。本文综述了高危行为接触者追踪的方法、传统流行病学方法的应用和局限性以及传统流行病学方法结合分子传播网络的应用进展,为今后开展相关工作提供参考。

一、高危行为接触者追踪概念及方法

高危行为接触者追踪是将新诊断的 HIV 感染者作为首轮指示病例进行流行病学调查,确定 HIV 感染来源和传播模式,追踪其高危行为接触者并开展 HIV 咨询检测和转介服务^[4,5],在 高危行为接触者追踪过程中发现的 HIV 感染者(包括既往 HIV 感染者和新诊断的 HIV 感染者)将作为下一轮指示病例继续开展调查。基本原理是由指示病例自愿提供其高危行为接触者进行 HIV 检测(第一层),再由第一层的 HIV 感染者提供其高危行为接触者(第二层),以此类推,直至线索中断,即能找到并进行检测的高危行为接触者检测结果为阴性或无法继续找到其高危行为接触者^[6],追踪高危行为接触者主要通过电话、短信、互联网或社交媒体等方法^[7]。多项研究显示,随着追踪层数的增加,追踪难度提

高且 HIV 阳性率逐层下降,通常情况下,追踪至第三层后线索中断^[8,9]。高危行为接触者追踪调查主要步骤包括指示病例流行病学调查、高危行为接触者信息挖掘、高危行为接触者感染风险告知及动员检测、高危行为接触者后续服务。见图 1。

1. 指示病例流行病学调查和高危行为接触者信息挖掘:指示病例流行病学调查过程中需着重获取其 HIV 检测史和高危行为史,并挖掘高危行为接触者身份信息、暴露信息和联系信息等。研究发现,该过程实施的最大障碍是 HIV 感染的污名化和耻辱感^[10-11],部分指示病例不愿意沟通个人隐私等敏感问题。因此,需要工作人员在与指示病例建立信任和尊重关系基础上,遵循知情同意和保密等原则,不断提高其对艾滋病及防治进展的认知,以提升 HIV 感染者配合度和沟通意愿^[4]。实际工作中,工作人员的专业水平和高危行为接触者的配合程度将会影响追踪效率和后续结果分析。

2. 高危行为接触者感染风险告知及动员检测:研究表明,辅助同伴告知,包括指示病例和工作人员协同告知、指示病例授权工作人员匿名告知,在清除告知障碍、促进同伴接受 HIV 检测和治疗方面优于指示病例自行告知^[12-15],WHO 强烈建议提供自愿的辅助同伴告知服务^[16]。

3. 高危行为接触者后续服务:根据追踪到的高危行为接触者的 HIV 感染状态提供后续服务,若 HIV 检测阳性,应将其作为新的指示病例开展追踪调查,并提供宣传教育、转介治疗等干预服务;若 HIV 检测阴性,则应提供咨询及宣传教育等干预服务,并在窗口期内追踪 HIV 感染状况。

二、基于传统流行病学调查的高危行为接触者追踪

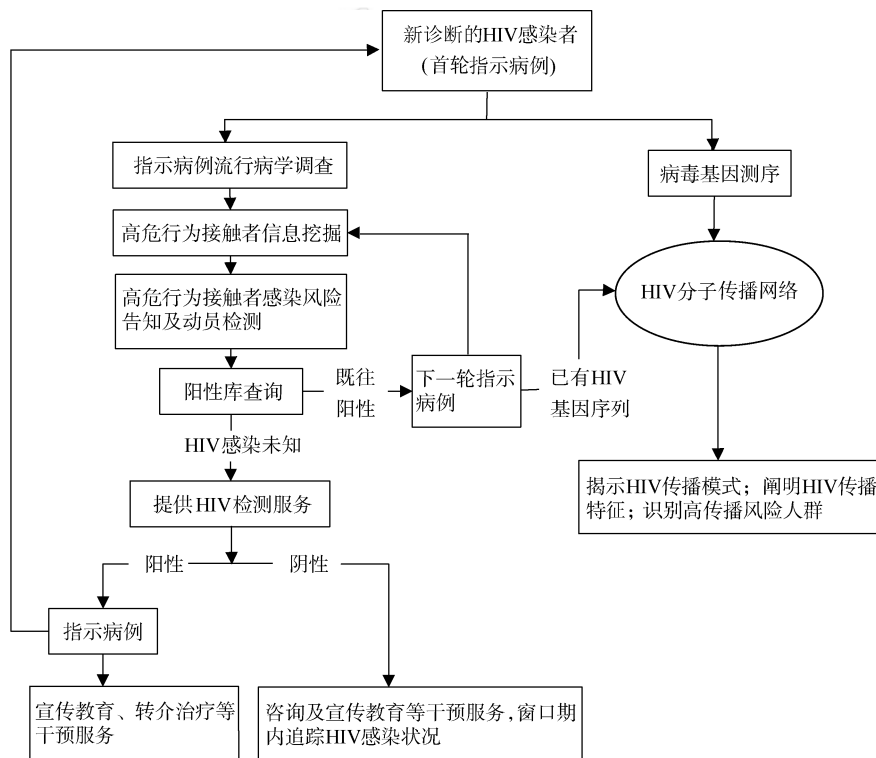


图1 高危行为接触者追踪流程及应用

应用

基于传统流行病学调查的高危行为接触者追踪得到广泛应用。通过追踪调查,能够提高检测发现效率,促进 HIV 感染者和 HIV 阴性高危行为接触者利用防治服务,有助于降低 HIV 感染率、艾滋病死亡率和疾病负担。

1. 提高检测发现效率:模型研究表明,相较于随机筛查等其他检测策略,对已知 HIV 感染者进行高危行为接触者追踪发现 HIV 感染者的成本更低,适合资源较少和 HIV 筛查不足的发展中国家^[17]。国内研究发现,高危行为接触者追踪调查 HIV 阳性率高于自愿咨询检测(VCT)、医务人员主动提供的艾滋病咨询检测(PITC)^[18-19],云南省 2018-2020 年高危行为接触者追踪调查平均 HIV 阳性率为 23.29%,而同期 VCT 和 PITC 的 HIV 阳性率分别仅为 3.69% 和 0.23%^[19]。社会组织针对 MSM 中 HIV 感染者开展高危行为接触者追踪, HIV 阳性率为 9.61%,高于 MSM 日常干预检测(1.35%)和哨点监测(6.63%)^[9]。多性伴、主动检测和新诊断的 HIV 感染者更愿意动员同伴参与 HIV 检测,追踪效率更高^[20-21]。国外相关研究也强调高危行为接触者追踪策略的有效性和重要性,可作为常规检测工作的补充,发现未诊断的 HIV 感染者。马拉维的一项高危行为接触者追踪研究报道,前往医疗卫生机构接受检测的同伴 HIV 阳性率为 64%,其中新诊断的 HIV 感染者占 81%^[22]。卢旺达的一项针对老年 HIV 感染者的高危行为接触者追踪研究发现,2018-2021 年新诊断的老年 HIV 感染者 3 156 例,改善了该地区老年人 HIV 诊断状况^[23]。

2. 促进高危人群服务利用:高危行为接触者追踪调查有助于其寻求医疗服务,并对其开展行为干预。一方面,高危行为接触者追踪有助于 HIV 感染者衔接就医和 HIV 阴性高危行为接触者获取预防服务。喀麦隆的一项大型同伴服务研究发现,通过高危行为接触者追踪检出的 HIV 感染者中获取艾滋病医疗保健服务的比例为 85.6%^[24]。基于医疗卫生服务提供者的定性研究指出,高危行为接触者追踪为开展暴露前预防(PrEP)服务工作提供一个切入点^[25],在同伴服务中嵌入 PrEP 干预,能够有效促进 MSM 尽早使用 PrEP 服务^[26]。另一方面,通过高危行为接触者追踪调查能够更加深入了解高危人群的行为学特征,促进开展有效的行为干预。研究发现,高危人群存在多性伴和安全套使用率低等特征,他们之间复杂的性网络会导致 HIV 迅速传播^[8,27]。中国安徽省针对高危行为接触者追踪招募的 MSM 开展行为干预,发现其艾滋病认知水平和安全套使用率均有明显提高,发生无保护性行为的比例明显减少^[28]。

3. 降低 HIV 感染率和艾滋病死亡率:基于高危行为接触者追踪开展干预能够降低 HIV 感染率和艾滋病死亡率,降低疾病负担。美国一项研究发现,相比于其他途径检测发现的 HIV 感染者,通过高危行为接触者追踪而发现的 HIV 感染者实现病毒抑制的比例超出 13.1%,提示高危行为接触者追踪可改善抗病毒治疗效果并减少后续传播^[29]。在博茨瓦纳普及 HIV 检测并开展高危行为接触者追踪工作,

有助于该地区在 HIV 诊断、抗病毒治疗和病毒抑制方面处于全球前列水平,并在 3 年内将全人群 HIV 新发感染率降低约三分之一^[30]。肯尼亚一项为期两年的同伴追踪服务研究结果表明,在接受此类服务的性伴中,艾滋病相关死亡的比例降低了 13.7%^[31]。

但是,传统高危行为接触者追踪存在应用的局限性。高危行为接触者追踪作为一种有效的发现 HIV 感染者方法,其效用发挥受多种因素限制,如潜伏期感染、HIV 感染的污名化、回忆偏倚和失访等,导致部分潜在的传播关联易被忽视。单纯使用传统流行病学方法只能获得一个传播线索,较难触及隐蔽的 HIV 高危人群,难以精准判断个体间感染以及当地不同人群内流行的相关性^[32]。

三、分子传播网络在高危行为接触者追踪中的应用

HIV 具有高度变异性,存在传播关系的 HIV 感染者序列则具有一定的相似性和进化关系,通过分析基因距离和(或)系统进化树,针对基因距离小于某一特定阈值或病毒基因在一定范围内稳定的单一进化簇 HIV 感染者序列构建分子传播网络^[33]。分子传播网络分析可以作为高危行为接触者追踪调查强有力的支持工具,在判断传播关联时能够提供可靠的生物学证据,通过确认或补充流行病学调查中可能的 HIV 传播关联事件,为揭示 HIV 传播模式、阐明 HIV 传播特征和识别高传播风险人群提供更广阔的视角,增加信息的广度和深度。见图 1。

1. 揭示 HIV 传播模式:对追踪获取的 HIV 感染者序列进行系统发育分析,可协助推测 HIV 感染时间,识别 HIV 在人群中的传播情况。Dennis 等^[34]对急性期和新近 HIV 感染者开展高危行为接触者追踪并构建分子传播网络,发现该地区艾滋病疫情是多个小型传播簇在同一时间的聚集性扩张,而不是在流行病学调查中发现的单一聚集性疫情。在浙江省一起艾滋病聚集性疫情中开展追踪调查及分子传播网络分析,发现某 HIV 感染者通过非婚非商业异性性行为传播 HIV,继而引起婚内和固定性伴间的传播^[35]。Tumpney 等^[36]通过高危行为接触者追踪而联系到 HIV 感染者或通过分子传播网络而联系到 HIV 感染者均确定为该地区艾滋病聚集性疫情的一部分人群,通过病毒基因序列分析,增加了传统追踪方法无法确定的 55% HIV 感染者,其中 29 例 HIV 感染者不在该地区 HIV 聚集性疫情范围内,扩大了疫情的地理范围。

2. 阐明 HIV 传播特征:分子传播网络与高危行为接触者追踪调查数据进行融合分析,可以识别潜在关联,阐明传统追踪调查难以识别的传播特征。Lin 等^[37]对 MSM 开展追踪调查并结合系统发育分析,确定了 7 个热点传播簇,其中,在 3 个传播簇中有 ≥ 2 例 MSM 感染了不同 HIV 亚型,提示具有不同的传染源。美国印第安纳州新诊断的 HIV 感染者有吸毒史的比例为 87.8%,其中 HIV 基因序列高度关联的比例为 98.7%,对这些 HIV 感染者开展高危行为接触者追踪,发现 HIV 阳性高危行为接触者与 HIV 感染者共用针具的频率显著高于 HIV 阴性高危行为接触者^[38]。Peters 等^[39]

对感染 HIV 的 MSM 开展高危行为接触者追踪,并结合系统发育学以推断 HIV 风险网络,发现既往诊断但病毒未抑制的 HIV 感染者和 HIV 阴性伴侣经常在同一网络,该网络中只有 2% 的同伴为新诊断的 HIV 感染者。

3. 识别高传播风险人群:利用 HIV 分子传播网络分析可以识别驱动 HIV 传播的隐匿高危人群,并通过延伸调查,找到与分子网络相关但未被诊断的 HIV 感染者。Alpren 等^[40]结合 HIV 基因序列信息调查注射吸毒人群,构建一个包含 HIV 感染者、HIV 阴性和未知 HIV 感染状态的风险网络,并揭示了无家可归者作为关键人群导致了在注射吸毒人群中出现 HIV 聚集性传播。Kostaki 等^[41]在雅典开展高危行为接触者追踪调查,使用接近全长的 HIV 序列进行系统发育分析,发现病毒载量值较高的 HIV 感染者更容易传播 HIV。研究者通过分子传播网络识别出未报告有男男性行为史的 MSM,发现该人群在 HIV 传播中更可能和其他 MSM 及异性性行为人群产生联系^[42]。Oster 等^[43]对一个快速扩张的 HIV 传播簇中 27 例高危行为接触者开展追踪,发现有 87 例感染 HIV 的同伴未参加治疗,其传播 HIV 的风险较高。

分子传播网络也存在应用的局限性。分子传播网络中的个体关联并不能完全代表真正的传播关系,可能会遗漏未观察到的中间感染源^[44];多数为回顾性分析,无法对高危行为接触者追踪调查开展实时指导,存在滞后性;受限于采样深度和采样技术及扩大抗病毒治疗后病毒被抑制的情况,无法获取所有 HIV 感染者的病毒基因序列。

四、高危行为接触者追踪的局限性、挑战和机遇

高危行为接触者追踪是艾滋病防控策略的重要组成部分,但在实践过程中,仍有一系列问题有待研究和解决。首先是调查过程方面,由于涉及个人隐私等敏感问题,部分 HIV 感染者不愿透露真实信息,影响追踪效率和追踪结果的真实性;高危行为接触者追踪是一个周而复始、循环往复的过程,工作人员追踪能力对追踪调查工作顺利开展至关重要;由于资源和人力的限制,追踪工作无法覆盖所有高危人群;当前人口流动性大,追踪调查涉及跨部门协同等问题,传播途径的多样性使得追踪策略需不断调整以适应疫情变化。其次是结果分析方面,由于生物因素(如 HIV 感染的无症状期)、社会因素(如 HIV 感染的污名化)和流病学问题(如难以追踪高危行为接触者)等,追踪调查只能提供一种感染可能性的线索,难以精准判断个体间感染 HIV 与当地不同人群 HIV 流行的相关性。随着科技的发展,大数据技术和分子生物学方法为提高追踪效率带来新的机遇,互联网、机器学习等大数据技术可以促进跨部门信息共享以及提供智能预警和决策支持;分子传播网络可以识别 HIV 感染者之间隐匿的传播关系,完善传播链,为艾滋病疫情估计提供有效信息。这些技术为推进高危行为接触者追踪研究进展,提高疫情防控的效率和准确性提供了有力支持。在今后的艾滋病防控工作中,应该加大高危行为接触者追踪工作的资金投入,充分整合流行病学调查、分子生物学分析及大数据技术等方法,建立多源、多因素和时空相结

合的综合追踪和预警分析平台,以期早期发现 HIV 传播。

五、小结

高危行为接触者追踪是一种重要的公共卫生策略,是艾滋病防治工作的重要环节,有助于识别未诊断的 HIV 感染者、既往诊断 HIV 感染但病毒未抑制者和 HIV 阴性高危行为接触者,扩大高危人群干预覆盖面,促使他们寻求 HIV 检测、治疗和预防服务,从而控制艾滋病疫情蔓延,减少新发和死亡。然而在实施过程中,仍面临亟待解决的问题。一是数据收集和整合层面上,高危行为接触者追踪调查有一套完整的流程体系,但开展工作时会涉及隐私保护、工作人员专业水平、资源限制等问题,影响追踪效果和后续分析。因此,有必要继续优化现有的高危行为接触者追踪调查方案,并加大经费投入,进一步提高其成效。二是数据分析和解读层面上,由于存在 HIV 潜伏感染、发生单次高危行为感染 HIV 的概率较低和获取隐私信息较困难等问题,基于传统流行病学调查的高危行为接触者追踪存在一定的信息偏倚,在精准识别高危人群、构建 HIV 传播网络方面仍存在局限性。结合病毒基因测序的 HIV 分子传播网络分析为推进高危行为接触者追踪研究进展带来新的动力,可以揭示 HIV 感染者直接或间接的传播关联,补充高危行为接触者追踪无法识别的传播关系,有助于精准识别高传播风险人群和阐明 HIV 流行特点。但因采样率和采样深度等因素,构建的 HIV 分子传播网络不包括未诊断和无病毒基因序列的 HIV 感染者,导致同伴网络入网率的不完整。因此,将传统流行病学调查和分子传播网络结合应用能相互补充和验证,更好地反映 HIV 传播水平。

综上所述,开展 HIV 感染者的高危行为接触者追踪调查具有可行性和高效性,通过引入 HIV 分子传播网络分析,为及时调整追踪调查提供科学的方法,有助于进一步精准地绘制 HIV 感染者间的传播网络以及包括 HIV 阴性高危行为接触者的风险网络,为艾滋病疫情流行趋势估计和实施精准干预提供科学依据。

利益冲突 所有作者声明无利益冲突

参 考 文 献

- [1] UNAIDS. The path that ends AIDS: UNAIDS Global AIDS Update 2023[EB/OL]. (2023-07-13) [2023-09-23]. <https://www.unaids.org/en/resources/documents/2023/global-aids-update-2023>.
- [2] 赵燕,甘秀敏,赵德才,等.我国艾滋病抗病毒治疗进展及推进高质量发展的思考[J].中国艾滋病性病,2023,29(6):619-622. DOI:10.13419/j.cnki.aids.2023.06.01. Zhao Y, Gan XM, Zhao DC, et al. The progress and consideration of promoting high-quality development for antiviral treatment of AIDS in China[J]. Chin J AIDS STD, 2023, 29(6): 619-622. DOI: 10.13419/j.cnki.aids.2023.06.01.
- [3] 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. DOI:10.13419/j.cnki.aids.2023.03.01.

- Han MJ. Analysis of HIV epidemic and prospects for prevention and control in China[J]. *Chin J AIDS STD*, 2023, 29(3):247-250. DOI:10.13419/j.cnki.aids.2023.03.01.
- [4] 贾曼红,施玉华. HIV接触者溯源及咨询检测工作手册[M]. 北京:人民卫生出版社, 2018.
- Jia MH, Shi YH. Workbook on contact tracing and counseling and testing of HIV-infected patients[M]. Beijing:People's Medical Publishing House, 2018.
- [5] Nogare FD, Lorenzo FD, Sanfilippo A, et al. Contact tracing and partner notification among a cohort of HIV-1 infected patients. A prospective study carried out in Palermo in 2012[J]. *Recent Prog Med*, 2014, 105(9): 327-332. DOI: 10.1701/1606.17518.
- [6] 洪航,潘晓红,许国章. 通过HIV溯源和分子网络分析推动艾滋病精准发现与防控[J]. *中华流行病学杂志*, 2021, 42(12): 2096-2099. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20210811-00630.
- Hong H, Pan XH, Xu GZ. Conducting analysis on HIV tracing and molecular network for promoting precise detection, prevention and control of AIDS[J]. *Chin J Epidemiol*, 2021, 42(12):2096-2099. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20210811-00630.
- [7] Hochberg CH, Berringer K, Schneider JA. Next-generation methods for HIV partner services:a systematic review[J]. *Sex Transm Dis*, 2015, 42(9): 533-539. DOI: 10.1097/olq.0000000000000335.
- [8] Lin HJ, He N, Ding YY, et al. Tracing sexual contacts of HIV-infected individuals in a rural prefecture, Eastern China[J]. *BMC Public Health*, 2012, 12:533. DOI:10.1186/1471-2458-12-533.
- [9] 霍俊丽,安晓静,韩瑜,等. 2020年云南省社会组织开展男男同性性行为人群HIV接触者溯源工作探索与实践[J]. *中国预防医学杂志*, 2023, 24(5):502-504. DOI: 10.16506/j.1009-6639.2023.05.021.
- Huo JL, An XJ, Han Y, et al. Exploration and practice on contact tracing of HIV-infected patients among men who have sex with men by social organizations in Yunnan Province in 2020[J]. *Chin Prev Med*, 2023, 24(5):502-504. DOI:10.16506/j.1009-6639.2023.05.021.
- [10] El-Sadr WM, Platt J, Bernitz M, et al. Contact tracing: barriers and facilitators[J]. *Am J Public Health*, 2022, 112(7):1025-1033. DOI:10.2105/ajph.2022.306842.
- [11] Yan XM, Xu YS, Tucker JD, et al. Facilitators and barriers of HIV partner notification services among men who have sex with men in China: a qualitative analysis using a socioecological framework[J]. *Sex Transm Dis*, 2022, 49(8):541-545. DOI:10.1097/olq.0000000000001644.
- [12] Dalal S, Johnson C, Fonner V, et al. Improving HIV test uptake and case finding with assisted partner notification services [J]. *AIDS*, 2017, 31(13):1867-1876. DOI:10.1097/qad.0000000000001555.
- [13] Culbert GJ, Levy JA, Steffen AD, et al. Impart:findings from a prison-based model of HIV assisted partner notification in Indonesia [J]. *J Int AIDS Soc*, 2023, 26(6):e26132. DOI: 10.1002/jia2.26132.
- [14] Hu QH, Qian HZ, Li JM, et al. Assisted partner notification and uptake of HIV testing among men who have sex with men:a randomized controlled trial in China[J]. *Lancet Reg Health West Pac*, 2021, 12: 100171. DOI: 10.1016/j.lanwpc.2021.100171.
- [15] Maierhofer CN, Powers KA, Matoga MM, et al. Characterizing network-based HIV testing interventions to guide HIV testing and contact tracing at STI clinics in Lilongwe, Malawi[J]. *J Acquir Immune Defic Syndr*, 2023, 94(2):151-159. DOI:10.1097/qai.0000000000003240.
- [16] World Health Organization. Guidelines on HIV self-testing and partner notification: supplement to consolidated guidelines on HIV testing services [M]. Geneva: World Health Organization, 2016.
- [17] Hsieh YH, Wang YS, de Arazoza H, et al. Modeling secondary level of HIV contact tracing:its impact on HIV intervention in Cuba [J]. *BMC Infect Dis*, 2010, 10: 194. DOI:10.1186/1471-2334-10-194.
- [18] 李燕,陈绮珊,梁颖茹,等. 广州市2008-2009年新报告HIV感染者/AIDS病人溯源调查分析[J]. *中国艾滋病性病*, 2011, 17(2): 131-134. DOI: 10.13419/j.cnki.aids.2011.02.015.
- Li Y, Chen QS, Liang YR, et al. A source tracing survey of newly reported HIV/AIDS cases in 2008-2009 in Guangzhou [J]. *Chin J AIDS STD*, 2011, 17(2): 131-134. DOI:10.13419/j.cnki.aids.2011.02.015.
- [19] 韩瑜,安晓静,马艳玲,等. 云南省HIV接触者溯源及咨询检测实践探索[J]. *中国艾滋病性病*, 2022, 28(7):852-854. DOI:10.13419/j.cnki.aids.2022.07.23.
- Han Y, An XJ, Ma YL, et al. Exploration and practice on contact tracing and counseling and testing of HIV-infected patients in Yunnan Province[J]. *Chin J AIDS STD*, 2022, 28(7):852-854. DOI:10.13419/j.cnki.aids.2022.07.23.
- [20] 洪航,张丹丹,姜海波,等. 男男性行为人群HIV/AIDS性伴感染状况和溯源效率相关因素研究[J]. *中华流行病学杂志*, 2021, 42(12): 2100-2105. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20210811-00632.
- Hong H, Zhang DD, Jiang HB, et al. HIV infection and related factors of traceability efficiency among sex partners of HIV positive men who have sex with men[J]. *Chin J Epidemiol*, 2021, 42(12):2100-2105. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20210811-00632.
- [21] 倪志侃,罗明宇,潘晓红,等. 浙江省男男性行为人群HIV感染者成功动员性伴检测情况及相关因素分析[J]. *中华流行病学杂志*, 2019, 40(12):1606-1611. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2019.12.019.
- Ni ZK, Luo MY, Pan XH, et al. Related factors on sexual partners regarding receipt of HIV test among HIV positive men who have sex with men in Zhejiang province[J]. *Chin J Epidemiol*, 2019, 40(12):1606-1611. DOI:10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2019.12.019.
- [22] Brown LB, Miller WC, Kamanga G, et al. HIV partner notification is effective and feasible in sub-Saharan Africa: opportunities for HIV treatment and prevention [J]. *J Acquir Immune Defic Syndr*, 2011, 56(5): 437-442. DOI: 10.1097/qai.0b013e318202bf7d.
- [23] Remera E, Rwibasira G, Mulindabigwi A, et al. Use of index testing to close the gap in HIV diagnosis among older people in Rwanda: analysis of data from a public health programme[J]. *Lancet HIV*, 2022, 9 Suppl 1:S6. DOI: 10.1016/s2352-3018(22)00071-6.
- [24] Henley C, Forgewei G, Welty T, et al. Scale-up and case-finding effectiveness of an HIV partner services program in Cameroon: an innovative HIV prevention intervention for developing countries [J]. *Sex Transm Dis*, 2013, 40(12): 909-914. DOI: 10.1097/olq.0000000000000032.

- [25] Odoyo JB, Morton JF, Ngure K, et al. Integrating PrEP into HIV care clinics could improve partner testing services and reinforce mutual support among couples: provider views from a PrEP implementation project in Kenya[J]. *J Int AIDS Soc*, 2019, 22 Suppl 3: e25303. DOI: 10.1002/jia2.25303.
- [26] Teixeira da Silva D, Bouris A, Ramachandran A, et al. Embedding a linkage to preexposure prophylaxis care intervention in social network strategy and partner notification services: results from a pilot randomized controlled trial[J]. *J Acquir Immune Defic Syndr*, 2021, 86(2):191-199. DOI:10.1097/qai.0000000000002548.
- [27] 陈琳, 马瞧勤, 周欣, 等. 浙江省 HIV 感染 MSM 人群的性伴网络特征分析[J]. *预防医学*, 2018, 30(6):545-548. DOI: 10.19485/j.cnki.issn2096-5087.2018.06.002.
- Chen L, Ma QQ, Zhou X, et al. Characteristics of sexual network of HIV positive MSM in Zhejiang Province[J]. *Prev Med*, 2018, 30(6): 545-548. DOI: 10.19485/j.cnki.issn2096-5087.2018.06.002.
- [28] 朱军礼, 张洪波, 吴尊友, 等. 男男性行为人群艾滋病危险行为同伴干预研究[J]. *中华预防医学杂志*, 2008, 42(12): 895-900. DOI:10.3321/j.issn:0253-9624.2008.12.010.
- Zhu JL, Zhang HB, Wu ZY, et al. HIV risk behavior based on intervention among men who have sex with men peer groups in Anhui province[J]. *Chin J Prev Med*, 2008, 42(12): 895-900. DOI: 10.3321/j.issn: 0253-9624.2008.12.010.
- [29] Billock RM, Samoff E, Lund JL, et al. HIV viral suppression and pre-exposure prophylaxis in HIV and syphilis contact tracing networks: an analysis of disease surveillance and prescription claims data[J]. *J Acquir Immune Defic Syndr*, 2021, 88(2): 157-164. DOI: 10.1097/qai.0000000000002739.
- [30] Lockman S, Holme MP, Makhema J, et al. Implementation of universal HIV testing and treatment to reduce HIV incidence in Botswana: the Ya Tsie study [J]. *Curr HIV/AIDS Rep*, 2020, 17(5): 478-486. DOI: 10.1007/s11904-020-00523-0.
- [31] Sharma M, Smith JA, Farquhar C, et al. Assisted partner notification services are cost-effective for decreasing HIV burden in western Kenya[J]. *AIDS*, 2018, 32(2): 233-241. DOI:10.1097/qad.0000000000001697.
- [32] 伍永勤, 邹潇白, 陈曦. 艾滋病溯源技术研究进展[J]. *实用预防医学*, 2017, 24(6): 762-765. DOI: 10.3969/j.issn.1006-3110.2017.06.036.
- Wu YQ, Zou XB, Chen X. Development of HIV/AIDS tracing approaches[J]. *Pract Prev Med*, 2017, 24(6):762-765. DOI: 10.3969/j.issn.1006-3110.2017.06.036.
- [33] 中国疾病预防控制中心性病艾滋病预防控制中心. HIV 传播网络监测和干预技术指南(试行)[EB/OL]. (2021-08-16) [2023-12-01]. https://m.chinacdc.cn/xwzx/zxdt/202108/t20210816_233952.html.
- [34] Dennis AM, Pasquale DK, Billock R, et al. Integration of contact tracing and phylogenetics in an investigation of acute HIV infection[J]. *Sex Transm Dis*, 2018, 45(4): 222-228. DOI:10.1097/olq.0000000000000726.
- [35] 唐慧玲, 蒋均, 虞妮娜, 等. 浙江省一起非婚非商业异性性传播 HIV 聚集性疫情调查[J]. *中华流行病学杂志*, 2023, 44(8):1270-1275. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20230203-00056.
- Tang HL, Jiang J, Yu WN, et al. A clustered epidemic investigation of non-marital non-commercial heterosexual contact of HIV in Zhejiang Province [J]. *Chin J Epidemiol*, 2023, 44(8):1270-1275. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20230203-00056.
- [36] Tumpney M, John B, Panneer N, et al. Human immunodeficiency virus (HIV) outbreak investigation among persons who inject drugs in Massachusetts enhanced by HIV sequence data[J]. *J Infect Dis*, 2020, 222 Suppl 5:S259-267. DOI:10.1093/infdis/jiaa053.
- [37] Lin HJ, He N, Zhou SJ, et al. Behavioral and molecular tracing of risky sexual contacts in a sample of Chinese HIV-infected men who have sex with men[J]. *Am J Epidemiol*, 2013, 177(4): 343-350. DOI: 10.1093/aje/kws256.
- [38] Peters PJ, Pontones P, Hoover KW, et al. HIV infection linked to injection use of oxymorphone in Indiana, 2014-2015[J]. *N Engl J Med*, 2016, 375(3):229-239. DOI: 10.1056/NEJMoa1515195.
- [39] Peters PJ, Gay C, Beagle S, et al. HIV infection among partners of HIV-infected black men who have sex with Men - North Carolina, 2011-2013[J]. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep*, 2014, 63(5):90-94.
- [40] Alpren C, Dawson EL, John B, et al. Opioid use fueling HIV transmission in an urban setting: an outbreak of HIV infection among people who inject drugs-Massachusetts, 2015-2018[J]. *Am J Public Health*, 2020, 110(1): 37-44. DOI:10.2105/ajph.2019.305366.
- [41] Kostaki EG, Frampton D, Paraskevis D, et al. Near full-length genomic sequencing and molecular analysis of HIV-infected individuals in a network-based intervention (TRIP) in Athens, Greece: evidence that transmissions occur more frequently from those with high HIV-RNA[J]. *Curr HIV Res*, 2018, 16(5): 345-353. DOI: 10.2174/1570162x17666190130120757.
- [42] Ragonnet-Cronin M, Hué S, Hodcroft EB, et al. Non-disclosed men who have sex with men in UK HIV transmission networks: phylogenetic analysis of surveillance data[J]. *Lancet HIV*, 2018, 5(6): e309-316. DOI:10.1016/s2352-3018(18)30062-6.
- [43] Oster AM, France AM, Mermin J. Molecular epidemiology and the transformation of HIV prevention [J]. *JAMA*, 2018, 319(16):1657-1658. DOI:10.1001/jama.2018.1513.
- [44] Resik S, Lemey P, Ping LH, et al. Limitations to contact tracing and phylogenetic analysis in establishing HIV type 1 transmission networks in Cuba[J]. *AIDS Res Hum Retroviruses*, 2007, 23(3): 347-356. DOI: 10.1089/aid.2006.0158.