

浙江省嘉兴市 2017 年较大 HIV 分子传播簇病例流行病学特征分析

罗明宇¹ 潘晓红¹ 范钦¹ 张佳峰¹ 葛锐² 蒋均¹ 陈婉君¹

¹浙江省疾病预防控制中心艾滋病性病防治所, 杭州 310051; ²嘉兴市疾病预防控制中心艾滋病结核病防治科 314001

通信作者: 陈婉君, Email: wjchen@cdc.zj.cn

【摘要】 目的 分析 2017 年浙江省嘉兴市新发现的较大 HIV 分子传播簇和流行病学特征, 筛选疑似高危传播者, 为传染源管理及干预提供参考依据。方法 对 2017 年嘉兴市较大 HIV 分子传播簇所有 HIV/AIDS 病例采集血样, 通过核酸提取、RT-PCR 和巢式 PCR 法扩增 *pol* 基因, 构建 HIV 分子传播网络, 包括采用 Sequencher 5.0 软件拼接整理测序结果、BioEdit 7.2.0 软件进行序列比对、Mega 6.0 软件构建 Neighbor-joining 系统进化树、Cytoscape 3.6.0 软件构建 HIV 分子传播网络图, 形成若干个分子传播簇。对研究对象进行流行病学个案调查。采用 EpiData 3.0 和 SPSS 20.0 软件进行统计学分析。结果 2017 年 1—12 月嘉兴市新报告 HIV/AIDS 病例 210 例, 较大 HIV 分子传播簇为 CRF07_BC 亚型, 传播簇共 30 例病例, 个案调查 26 例, 80.8% (21/26) 为最近 2 年感染, 30.8% (8/26) 为最近 1 年感染。84.6% (22/26) 为本市感染。5 例疑似高危传播者均为同性性传播感染且 ≥45 岁, 其中 3 例有危险性行为时间较长、确诊前临时性伴数较多、MSM 活动场所有危险性行为等高危行为特征。结论 2017 年浙江省嘉兴市新发现的较大 HIV 分子传播簇最近 2 年在本市传播较快, 传播和扩散风险较高。3 例疑似高危传播者对该 HIV 分子传播簇的形成起到重要作用。

【关键词】 艾滋病病毒; 分子传播簇; 高危传播者

基金项目: 浙江省医药卫生科研项目 (2015PYA004); 国家科技重大专项 (2017ZX10201101)

DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2019.02.015

Epidemiological characteristics of molecular transmission cluster among reported HIV/AIDS cases in Jiaxing city, Zhejiang province, 2017

Luo Mingyu¹, Pan Xiaohong¹, Fan Qin¹, Zhang Jiafeng¹, Ge Rui², Jiang Jun¹, Chen Wanjun¹

¹Department of AIDS/STD Prevention and Control, Zhejiang Provincial Center for Disease Control and Prevention, Hangzhou 310051, China; ²Division of AIDS/TB Prevention and Control, Jiaxing Prefectural Center for Disease Control and Prevention, Jiaxing 314001, China

Corresponding author: Chen Wanjun, Email: wjchen@cdc.zj.cn

【Abstract】 **Objective** To understand the epidemiological characteristics of one large HIV molecular transmission cluster in Jiaxing city, Zhejiang province, 2017 in order to select those people under high-risk and providing basis for programs on prevention. **Methods** During 2017, newly diagnosed HIV/AIDS cases in this city were recruited. Plasma samples were collected from subjects, followed by RNA extraction, RT-PCR and nest-PCR for *pol* gene amplification, before being sequenced and aligned. Mega 6.0 software was used to construct phylogenetic tree, and Cytoscape 3.6.0 software was used to identify HIV molecular transmission clusters. Cases within the large transmission clusters were investigated, using a field-epidemiology-questionnaire. Data related to socio-demographics and previous sexual behaviors were collected and EpiData 3.0 and SPSS 20.0 software were used. **Results** In the large transmission cluster with subtype identified as CRF07_BC, in Jiaxing, 2017, 26 cases of the total 30 cases were investigated. A total of 80.8% (21/26) could be identified as newly infected within the last two years and 30.8% (8/26) could be identified as newly infected within the last one year, including 22 cases infected locally. Among several infected cases who were at age 45 years or older, they admitted that they had experienced unprotected sexual contacts in local city for long time and having had more than 10 disclosed sexual contacts within the last two years at the local venues. **Conclusions** This molecular cluster had been formed and scaled up quickly in recent two years, it has played an important role in promoting and scaling up the HIV transmission. Three cases identified as

high risk played an important role in scaling up this cluster.

【Key words】 HIV; Molecular transmission clusters; High risk transmitter

Fund programs: Zhejiang Provincial Medicine Science and Technology Plan (2015PYA004); National Science and Technology Major Project of China (2017ZX10201101)

DOI:10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2019.02.015

HIV传播网络代表了人群中已存在和潜在的疾病传播关系,对其流行病学特征进行分析,使干预措施能被精准的应用到传播风险较高的感染者,对于传染源的干预具有重要意义。通过HIV分子传播簇分析可发现HIV感染者之间可能经由某些传播事件产生的关联,还能反映每个个体的连接程度,从而筛选出传播风险较高者^[1]。由于HIV分子传播簇病例为新报告而非新发病例、高危人群性伴网络复杂等原因,HIV分子传播网络的真实特征还需借助现场流行病学调查进一步分析^[2-3]。浙江省嘉兴市在2017年新报告HIV感染者和AIDS患者(HIV/AIDS)中,发现一个较大的HIV分子传播簇CRF07_BC亚型,包含30例病例^[4],本研究对这些病例开展流行病学调查和HIV感染相关特征分析,从而筛选出疑似高危传播者,为传染源管理及干预提供参考依据。

对象与方法

1. 研究对象:

(1)分子传播网络构建:研究对象纳入标准为年龄 ≥ 16 岁、2017年1月1日至12月31日在嘉兴市首次被诊断为HIV/AIDS。研究对象知情同意后自愿参加。排除标准为精神或认知障碍、意识不清等无法完成调查者。

(2)分子传播簇流行病学调查:研究对象为较大HIV分子传播簇的所有病例,进行流行病学个案调查。

2. 研究方法:

(1)构建分子传播网络:对210例病例的血浆样本提取RNA核酸,并进行RT-PCR和巢式PCR[Veriti PCR仪,美国应用生物系统公司;PrimeScript One Step RT-PCR Kit Ver.2,宝生物工程(大连)有限公司]扩增HIV部分 pol 基因(包括蛋白酶全长和反转录酶前300个氨基酸位点),扩增片段长度为1316 bp^[3]。扩增产物用1%琼脂糖凝胶电泳分析,将含目的片段的产物送往杭州擎科梓熙生物科技有限公司进行纯化和测序。使用Sequencher 5.0软件对测序结果进行拼接整理,用BioEdit 7.2.0软件对样本序列和国际参考序列进行比对。利用Mega 6.0软件构建Neighbor-joining系统进化树(选择Kimura

2-parameter模型,Bootstrap=1000),计算毒株两两间遗传距离^[5]。选择两两间遗传距离 ≤ 0.015 ,纳入序列并利用Cytoscape 3.6.0软件构建HIV分子传播网络图。最终形成若干个分子传播簇^[3]。

(2)病毒载量检测:新报告病例确诊后尚未进行抗病毒治疗,首次随访时采集血浆样本,应用罗氏公司COBAS AmpliPrep/COBAS TaqMan病毒载量检测系统检测^[6]。

(3)流行病学个案调查:对较大的HIV分子传播簇为CRF07_BC亚型的30例病例,进行流行病学个案调查。采用自行编制问卷,一对一面访调查,收集研究对象社会人口学特征、人口流动信息、确诊阳性前各类型性行为(异性/同性、商业/非商业/配偶间)发生时间、地点、场所、性伴特征及寻找性伴方式等信息。

3. 相关指标:

(1)度值:在HIV分子传播簇中,筛选HIV基因序列相似的个体(病例),每个节点就是1个个体,个体间相连的边的数目,即度值^[7],一定程度上反映传播簇中每个节点的连接程度和其对簇结构的重要性。

(2)感染时间:①最近1年感染:HIV感染和确诊时间的间隔 < 1 年^[8]。②最近2年感染:确诊前2年有HIV检测阴性史,或确诊前2.5年有HIV检测阴性史且最近2年有危险性行为。

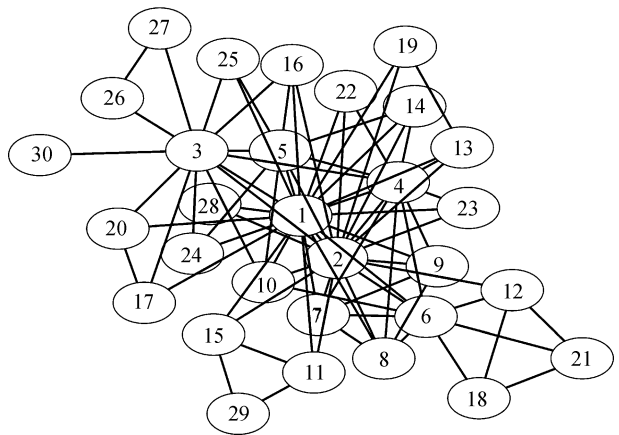
(3)感染地点:本市感染指在嘉兴市当地发生性行为而感染HIV,满足3个条件之一:①本市居住期间有HIV检测阴性史,之后未在外地发生危险性行为;②本市连续居住时间 > 1 年,判定为最近1年感染;③危险性行为历次均发生在本市^[8]。

4. 统计学分析:采用EpiData 3.0软件进行建立和录入数据库。采用SPSS 20.0软件整理和分析数据。使用频数和构成比(%)描述、分析不同传播途径感染的研究对象人口学信息、既往性行为史、病毒载量值等相关特征。

结 果

1. 较大HIV分子传播簇基本情况:2017年1—12月嘉兴市新报告210例HIV/AIDS,扩增成功获得201例的序列。经过HIV基因亚型检测和分子传播簇分析,较大HIV传播簇为CRF07_BC亚型,包含

30 例病例,其余传播簇均为散在成簇(≤5 例)。较大 HIV 传播簇的平均簇内遗传距离为 0.010,平均度值为 5.5,度值最大为 22,最小为 1,度值≥4 者最多(53.3%,16/30)。见图 1。



注:1~30 为病例编号;度值为节点的连接数目(平均簇内遗传距离为 0.010,平均度值为 5.5);节点编号根据度值范围(1~22)从大到小排列

图 1 2017 年浙江省嘉兴市 CRF_07BC 亚型传播簇网络图

2. HIV 感染相关特征:调查 26 例病例,4 例未调查(3 例转外地治疗,1 例拒绝)。26 例病例以男性(88.5%)、25~44 岁(57.7%)、未婚和已婚(分别为 38.5%)、汉族(96.2%)、初中(50.0%)、本市户籍(61.5%)为主。17 例为同性性传播,7 例为异性性传播,2 例感染途径不详。80.8%(21/26)为最近 2 年感染,30.8%(8/26)为最近 1 年感染。84.6%(22/26)为本市感染。10 例确诊前 2 年内非婚性伴数≥5 人。10 例确诊前在本市发生危险性行为时间≥5 年。5 例在当地 MSM 活动场所发生过危险性行为。见表 1。

3. 病毒载量检测:19 例确诊时检测病毒载量,其中 16 例确诊时病毒载量值≥10 000 拷贝数/ml;16 例中有 6 例确诊时病毒载量值≥50 000 拷贝数/ml。见表 1。

4. 疑似高危传播者相关特征:17 例病例为同性性传播感染,5 例≥45 岁,8 例本市居住时间≥30 年。6 例确诊前 2 年内非婚性伴数≥10 人,5 例曾在当地 MSM 活动场所发生过危险性行为。

编号 1 病例,度值为 22,57 岁,在本市发生不安全同性性行为时间较长,判定感染时间较长,在 MSM 活动场所发生过同性临时性行为多次,确诊前 2 年内非婚性伴数≥10 人,同性临时性伴为主。编号 2 病例,度值为 19,46 岁,在本市发生不安全同性性行为时间较长,确诊前 2 年内非婚性伴数≥10 人,同性临时性伴为主,确诊时病毒载量值为 670 000 拷

表 1 2017 年浙江省嘉兴市较大 HIV 分子传播簇病例感染途径与相关特征

相关特征	例数 (n=26)	感染途径		
		同性传播	异性传播	不详
性别				
男	23(88.5)	17	5	1
女	3(11.5)	—	2	1
年龄组(岁)				
19~	3(11.5)	1	1	1
25~	10(38.5)	8	2	0
35~	5(19.2)	3	2	0
45~	6(23.1)	3	2	1
55~70	2(7.7)	2	0	0
婚姻状况				
未婚	9(34.6)	7	2	0
已婚	11(42.3)	4	5	2
离异/丧偶	6(23.1)	6	0	0
民族				
汉	25(96.2)	16	7	2
其他	1(3.8)	1	0	0
文化程度				
小学	2(7.7)	2	0	0
初中	13(50.0)	7	5	1
高中/中专	8(30.8)	7	1	0
大专及以上	3(11.5)	1	1	1
户籍				
本市	16(61.5)	9	5	2
本省外市	0(0.0)	0	0	0
外省	10(38.5)	8	2	0
本市居住时间(年)				
<3	6(23.1)	3	3	0
3~	2(7.7)	1	1	0
10~	7(26.9)	5	1	1
30~	6(23.1)	5	1	0
50~	5(19.2)	3	1	1
感染时间				
最近 1 年	8(30.8)	7	1	0
最近 2 年	13(50.0)	6	5	2
不详	5(19.2)	4	1	0
感染地点				
本市	22(84.6)	14	6	2
不详	4(15.4)	3	1	0
确诊前 2 年内非婚性伴数 ^a				
0~	14(58.3)	7	7	—
5~	4(16.7)	4	0	—
10~	6(25.0)	6	0	—
确诊前在本市发生危险性行为时间(年) ^a				
1~	7(29.2)	5	2	—
3~	7(29.2)	3	4	—
5~	10(41.6)	9	1	—
在当地 MSM 活动场所发生危险性行为 ^a				
否	12	12	—	—
是	5	5	—	—
确诊时病毒载量值(拷贝数/ml) ^a				
88.9~	3	0	3	—
10 000~	10	6	3	1
50 000~670 000	6	5	1	—

注:括号外数据为例数,括号内数据为构成比(%);^a数据有缺失;—无结果

贝数/ml。编号18病例,度值为3,54岁,在本市发生不安全同性性行为时间较长,确诊时病毒载量值为40 000拷贝数/ml。编号23病例,度值为3,49岁,在本市发生不安全同性性行为时间较长,在MSM活动场所发生过同性临时性行为,确诊前2年内非婚性伴数 ≥ 10 人,同性临时性伴为主,确诊时病毒载量值为13 500拷贝数/ml。编号26病例,度值为2,70岁,在本市发生不安全同性性行为时间较长,在MSM活动场所发生过同性临时性行为,确诊前2年内性伴数 ≥ 10 人,同性临时性伴为主,确诊时病毒载量值为600 000拷贝数/ml。

讨 论

HIV分子传播簇网络是由存在直接或间接流行病学关联的HIV/AIDS所构成的一个集合^[1,9]。HIV高危人群存在地域流动性较强、性伴网络复杂、安全性行为隐蔽性较强等特点,其传播网络背后还潜伏着更大范围的高风险传播网络^[1,10-11]。度值还原出可能存在的HIV传播关系网络,但纳入分析的HIV分子传播簇病例往往是部分新报告HIV/AIDS,因高危人群性伴网络复杂,传播的作用不同,故分子传播簇关系并不意味着真正的流行病学关联^[3]。需要进行流行病学个案调查加以核实,识别其中的高危传播者,能够使干预措施精准应用到传播风险较高的HIV感染者,提高干预效果,具有重要的公共卫生意义^[12-13]。

本研究多数病例(80.8%,21/26)是近期感染(确诊前1~2年),有8例在确诊前1年内感染,22例在本市内感染,其中2对病例互为配偶/性伴;度值 ≥ 4 的病例占多数,度值反映了HIV分子传播簇病例间的连接程度,度值最高的病例,性行为特征也相对复杂,说明高传播风险者较多^[6],提示该分子传播簇最近2年在本市传播较快,传播和扩散风险较高。另外,大多数确诊时未治疗病例的病毒载量较高,这也是传播簇存在扩散风险的重要证据^[1]。但因大多数病例未获得性伴关系的流行病学证据,也存在既往性行为特征复杂而度值较低者,所以仅凭横断面调查基础上的HIV分子传播簇分析尚难直接证明HIV基因亚型序列相似的个体间存在真正的传播关系^[14]。处于同一传播簇内的2例病例间极有可能存在尚未发现的中间传播者^[4]。而且,度值和病例的实际性行为复杂程度不能完全对应^[15]。

HIV分子传播簇病例的同性性传播所占比例(57.7%)高于异性性传播(30.8%),同性性传播病例

有非婚性伴数较多、MSM活动场所发生过危险性行为、病毒载量值 $\geq 10\ 000$ 拷贝数/ml,有异性性行为史,存在双性性行为造成同性和异性性传播病例出现在同一传播簇中^[16]。这些都说明嘉兴市MSM人群性伴网络复杂,对HIV分子传播簇的形成起到重要作用。

同性性传播病例中,5例病例 ≥ 45 岁,其中3例存在持续发生危险性行为时间较长、MSM活动场所持续发生危险性行为、非婚性伴数较多、有同性临时性伴、确诊时病毒载量值较高的情况,作为高危传染源可能一直在当地存在,对较大HIV分子传播簇形成和扩大可能起到重要作用,应考虑作为干预的重点目标,采取有区分度的强化管理、干预措施,控制传播簇进一步发展。而且,其性伴网络特征比 <45 岁者复杂,这与其他研究发现的低龄MSM性伴网络更为复杂的结论不一致^[17-18]。由于抗病毒治疗措施能有效提高HIV感染者的生存质量,再传播的可能性长期存在^[19-20]。对传播风险不同的病例实施分类干预和强化干预,控制传播簇规模扩展,以期达到较好的防治效果^[13]。

本研究存在不足。横断面研究纳入分析和个案调查的病例,均为当年新报告病例而非新发病例,无法纳入HIV传播网络所有病例,存在一定滞后性。目前数据尚不能完整分析该HIV分子传播簇的网络关系,缺乏对其潜在性伴网络特征及其随时间变化的深入研究,对同性传播和异性传播的桥梁病例也有待进一步研究。

综上所述,2017年浙江省嘉兴市新发现的较大HIV分子传播簇,最近2年在本市传播较快,传播和扩散风险较高。3例疑似高危传播者对该HIV分子传播簇的形成起到重要作用。 ≥ 45 岁同性性传播的病例应作为干预重点目标。

利益冲突 所有作者均声明不存在利益冲突

参 考 文 献

- [1] Centers for Disease Control and Prevention. Detecting and responding to HIV transmission clusters—a guide for health departments [EB/OL]. (2018-06-01) [2018-08-01]. <https://www.cdc.gov/hiv/pdf/funding/announcements/ps18-1802/CDC-HIV-PS18-1802-AttachmentE-Detecting-Investigating-and-Responding-to-HIV-Transmission-Clusters.pdf>.
- [2] Wertheim JO, Brown AJL, Hepler NL, et al. The global transmission network of HIV-1 [J]. J Infect Dis, 2014, 209(2): 304-313. DOI: 10.1093/infdis/jit524.
- [3] 张佳峰,姚佳明,范钦,等.浙江省义乌市2016年新报告HIV/AIDS的HIV-1亚型和传播簇分析[J].中华流行病学杂志,

- 2017, 38 (12): 1688–1693. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254–6450.2017.12.021.
- Zhang JF, Yao JM, Fan Q, et al. Analysis on HIV-1 subtypes and transmission clusters in newly reported HIV/AIDS cases in Yiwu, Zhejiang province, 2016 [J]. Chin J Epidemiol, 2017, 38 (12): 1688–1693. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254–6450.2017.12.021.
- [4] Cohen J. HIV family trees reveal viral spread [J]. Science, 2015, 348(6240): 1188–1189. DOI: 10.1126/science.348.6240.1188.
- [5] Tamura K, Stecher G, Peterson D, et al. MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0 [J]. Mol Biol Evol, 2013, 30(12): 2725–2729. DOI: 10.1093/molbev/mst197.
- [6] 张姝, 张佳峰, 高红, 等. HIV 感染者和艾滋病患者抗病毒疗效及耐药分析 [J]. 中国公共卫生, 2011, 27 (12): 1523–1524. DOI: 10.11847/zgggws2011–27–12–08.
- Zhang S, Zhang JF, Gao H, et al. Effect of anti-HIV treatment and drug-resistance HIV among infected persons and AIDS [J]. Chin J Public Health, 2011, 27(12): 1523–1524. DOI: 10.11847/zgggws2011–27–12–08.
- [7] Helleringer S, Kohler HP. Sexual network structure and the spread of HIV in Africa: evidence from Likoma Island, Malawi [J]. AIDS, 2007, 21(17): 2323–2332. DOI: 10.1097/QAD.0b013e328285df98.
- [8] 蒋均, 查琰琦, 阮建军, 等. 浙江省义乌市 2015–2016 年新报告艾滋病病毒感染者和艾滋病患者感染来源及特征分析 [J]. 中华流行病学杂志, 2018, 39(1): 21–26. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254–6450.2018.01.004.
- Jiang J, Zha LQ, Ruan JJ, et al. Sources and characteristics of newly reported HIV/AIDS cases in Yiwu, Zhejiang province, 2015–2016 [J]. Chin J Epidemiol, 2018, 39(1): 21–26. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254–6450.2018.01.004.
- [9] 马知恩. 传染动力学的数学建模与研究 [M]. 北京: 科学出版社, 2004.
- Ma ZE. Modeling and dynamics of infectious diseases [M]. Beijing: Science Press, 2004.
- [10] 徐金玲. 朝阳市 2012 年男男性行为人群 HIV 感染现状分析 [J]. 中国公共卫生, 2015, 31(1): 118–119. DOI: 10.11847/zgggws2015–31–01–36.
- Xu JL. Prevalence of HIV infection among MSM in Chaoyang city in 2012 [J]. Chin J Public Health, 2015, 31(1): 118–119. DOI: 10.11847/zgggws2015–31–01–36.
- [11] 金莹莹, 徐杰, 江震, 等. 应用交友软件调查大学生男男性行为者 HIV 检测现状及相关因素 [J]. 中华流行病学杂志, 2017, 38 (5): 629–633. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254–6450.2017.05.014.
- Jin YY, Xu J, Jiang Z, et al. Mobile internet based survey of current status of HIV test and related factors in men who have sex with men in college students in China [J]. Chin J Epidemiol, 2017, 38(5): 629–633. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254–6450.2017.05.014.
- [12] Mossong J, Hens N, Jit M, et al. Social contacts and mixing patterns relevant to the spread of infectious diseases [J]. PLoS Med, 2008, 5(3): e74. DOI: 10.1371/journal.pmed.0050074.
- [13] Fichtenberg CM, Muth SQ, Brown B, et al. Sexual network position and risk of sexually transmitted infections [J]. Sexually Transmitt Infect, 2009, 85 (7): 493. DOI: 10.1136/sti.2009.036681.
- [14] Wertheim JO, Pond SLK, Forgiione LA, et al. Social and genetic networks of HIV-1 transmission in New York City [J]. PLoS Pathog, 2017, 13 (1): e1006000. DOI: 10.1371/journal.ppat.1006000.
- [15] Robinson K, Fyson N, Cohen T, et al. How the dynamics and structure of sexual contact networks shape pathogen phylogenies [J]. PLoS Comput Biol, 2013, 9 (6): e1003105. DOI: 10.1371/journal.pcbi.1003105.
- [16] Yun K, Xu JJ, Reilly KH, et al. Prevalence of bisexual behaviour among bridge population of men who have sex with men in China: a Meta-analysis of observational studies [J]. Sexually Transmitt Infect, 2011, 87(7): 563–570. DOI: 10.1136/sextrans-2011–050079.
- [17] Bauermeister JA, Leslie-Santana M, Johns MM, et al. Mr. Right and Mr. Right Now: romantic and casual partner-seeking online among young men who have sex with men [J]. AIDS Behavior, 2011, 15(2): 261–272. DOI: 10.1007/s10461–010–9834–5.
- [18] 赵英男, 闫红梅. 黑龙江省男男性行为人群多性伴行为相关情况 [J]. 中国艾滋病性病, 2010, 16(4): 379–381.
- Zhao YN, Yan HM. An analysis of multi-sex partner behaviors among MSM in Heilongjiang province [J]. Chin J AIDS STD, 2010, 16(4): 379–381.
- [19] 李健健, 杨绍敏, 张米, 等. 云南省 2007–2012 年 HIV/AIDS 高效联合抗病毒治疗效果及药物不良反应分析 [J]. 中华流行病学杂志, 2013, 34(10): 1045–1046. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254–6450.2013.10.02.
- Li JJ, Yang SM, Zhang M, et al. Analysis on the efficacy in antiretroviral therapy and drug adverse reactions to HIV/AIDS between 2007 and 2012 in Yunnan province [J]. Chin J Epidemiol, 2013, 34 (10): 1045–1046. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254–6450.2013.10.02.
- [20] 冯孟贤, 刘民, 刘珏, 等. 抗病毒治疗阻断 HIV 单阳家庭内传播效果的 Meta 分析 [J]. 中国艾滋病性病, 2015, 21(8): 668–672. DOI: 10.13419/j.cnki.aids.2015.08.06.
- Feng MX, Liu M, Liu Y, et al. Antiretroviral therapy to block transmission in HIV discordant couples: a Meta-analysis [J]. Chin J AIDS STD, 2015, 21(8): 668–672. DOI: 10.13419/j.cnki.aids.2015.08.06.

(收稿日期: 2018–09–19)

(本文编辑: 斗智)