

·艾滋病溯源调查与精准防控·

通过 HIV 溯源和分子网络分析推动艾滋病精准发现与防控

洪航¹ 潘晓红² 许国章¹

¹宁波市疾病预防控制中心 315010; ²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

通信作者:许国章,Email:xugz@nbcdc.org.cn

【摘要】当前我国新发现 HIV 感染者经性传播模式较为复杂。开展 HIV 溯源和分子网络分析,尽可能早期发现传染源并开展精准防控,对遏制艾滋病传播具有重大意义。本期重点号结合目前 HIV 溯源、分子网络分析、精准发现与精准防控进展,重点报告 2017~2020 年宁波市 HIV/AIDS 流行病学特征,通过 HIV 溯源调查分析 HIV/AIDS 与其性伴的 HIV 传播关系,将社会网络和分子网络相结合分析 HIV 传播模式,为我国艾滋病精准发现和精准防控的应用型研究提供科学依据,推动我国艾滋病的科学防控。

【关键词】艾滋病; 溯源; 分子网络; 精准医学

基金项目:浙江省自然科学基金(LQ20H260005);宁波市自然科学基金(2019A610380);浙江省医学重点学科(07-013);宁波市医疗卫生品牌学科(PPXK2018-10);国家科技重大专项(2017ZX10201101)

Conducting analysis on HIV tracing and molecular network for promoting precise detection, prevention and control of AIDS

Hong Hang¹, Pan Xiaohong², Xu Guozhang¹

¹Ningbo Municipal Center for Disease Control and Prevention, Ningbo 315010, China; ²Department of HIV/AIDS & STD Control and Prevention, Zhejiang Provincial Center for Disease Control and Prevention, Hangzhou 310051, China

Corresponding author: Xu Guozhang, Email: xugz@nbcdc.org.cn

【Abstract】The current sexual transmission of newly infected HIV cases is complicated in China. It is crucial for interrupting HIV transmission by HIV tracing and molecular network analysis, conducting early detection and precise prevention among HIV-positive individuals. The articles in this issue focused on the global situation of HIV tracing, and molecular network analysis in promoting accurate detection and prevention of AIDS started from analyzing the reported epidemiological characteristics of HIV/AIDS in Ningbo city from 2017 to 2020. Relations of HIV transmission between HIV positive individuals and sex partners by tracing investigation were also, analyzed. Data on HIV transmission mode by combining social and molecular networks were gathered to provide evidence for applied research on precise detection, prevention, and control of AIDS.

【Key words】AIDS; Tracing; Molecular network; Precision medicine

Fund programs:Natural Science Foundation of Zhejiang Province (LQ20H260005); Natural Science Foundation of Ningbo (2019A610380); Medical Key Discipline of Zhejiang Province (07-013); Medical and Health Brand Discipline of Ningbo (PPXK2018-10); National Science and Technology Major Project of China (2017ZX10201101)

DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20210811-00630

收稿日期 2021-08-11 本文编辑 斗智

引用本文: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.



多年来经过全社会共同努力,艾滋病经输血、注射吸毒和母婴传播基本得到有效控制,性传播成为主要传播途径^[1]。HIV 性传播模式较为复杂,重点人群发生危险性行为的比例较高,存在多重交叉感染的风险^[2]。传统的艾滋病流行病学研究主要分析个体的 HIV 感染风险,较少考虑个体之间的 HIV 传播关系。开展 HIV 溯源和分子网络分析,尽可能早期发现传染源并开展精准防控,对遏制 HIV 传播具有重大意义。

一、HIV 溯源和分子网络分析进展

溯源技术又称接触者追踪,是在病例发现的基础上,对病例开展流行病学调查,确定感染来源与传播模式^[3],被广泛应用于传染病防控研究领域,尤其是 STD^[4-6]。基本原理是由种子(指示病例)自愿提供第一代高危行为接触者进行 HIV 检测(一代溯源),再由第一代阳性病例提供第二代高危行为接触者(二代溯源),以此类推,形成一个传播链,直至线索中断。在艾滋病溯源过程中,首先,需要对 HIV/AIDS 深入开展流行病学调查,分析其流行病学特征。如蒋均等^[7]通过对 2015–2016 年义乌市新报告 HIV/AIDS 进行个案流行病学调查,发现义乌市新报告 HIV/AIDS 以既往感染和本地感染为主,外省户籍、男男性行为和临时性行为对义乌市本地传播 HIV 的影响较大。其次,需根据 HIV/AIDS 的流行病学特征追踪其高危行为接触者。我国 HIV 传播途径以性传播为主,HIV/AIDS 性伴驱动已经成为高危行为接触者追踪的主要方式^[8]。性伴驱动不但可以发现 HIV/AIDS,核实其传播途径,还能了解 HIV 的感染来源和二代传播等情况^[9-10]。有研究发现,HIV/AIDS 性伴 HIV 阳性率较高,开展性伴检测有助于发现更多的 HIV/AIDS 并控制艾滋病疫情^[11-12]。此外,通过性伴驱动调查能够更加深入了解高危人群的行为学特征^[8]。但是,在开展艾滋病流行病学调查和性伴驱动调查的过程中,由于牵涉很多敏感信息,往往存在大量的偏倚,分子网络可以有效补充传统流行病学以及社会网络数据结构,分析两序列间基因距离构建的 HIV 分子网络,迅速和准确地鉴定传播簇,进一步验证现场流行病学调查得到的社会网络的分析结果^[13-14]。Pasquale 等^[15]通过分子网络补充了社会网络分析方法无法识别的部分 MSM 的 HIV 传播关系。Fauci 等^[16]更是把该方法列为美国 2030 年终结艾滋病流行计划的 4 个关键举措之一。

二、艾滋病精准发现与精准防控研究进展

2014 年联合国艾滋病规划署提出 2020 年力争实现“三个 90%”的防治目标的策略,即 90% 的感染者知道自己的感染状况,90% 已经诊断的感染者接受抗病毒治疗,90% 接受抗病毒治疗的感染者病毒得到抑制^[17]。这也是《中国遏制与防治艾滋病“十三五”行动计划》和《遏制艾滋病传播实施方案(2019–2022 年)》的目标。为实现这些目标,我国落实了扩大检测、扩大治疗等防控策略。2019 年 1–10 月我国 HIV 检测量已经达到 2.3 亿人次^[18],但第一个 90% 较难实现。吕繁和陈方方^[19]估计 2018 年我国 HIV 检测发现率低于 70%。HIV 溯源调查和分子网络分析可快速识别 HIV 高危行为传播者,分析 HIV 传播来源和传播关系,有助于精准地绘制本地病例间的传播特征与网络,为 HIV/AIDS 的早期发现和及时开展干预提供“精准的打击方向”。通过分子网络发现的活跃传播簇、以不良结局为特征的网络(包括晚期诊断或病毒抑制失败)、以弱势或服务不足人群为代表的网络(包括孕妇、青少年、农村人口、吸毒者及其他人群),都能对网络指示病例开展接触者追踪的实际工作中提供指导,以早期发现潜在的 HIV/AIDS 或是改善健康结果和预防发生新感染,实现精准干预^[20]。HIV 传播网络较为复杂,较多研究采用分子序列分析和流行病学调查结果相结合,推断 HIV 传播网络,阐述其流行特征^[21]。何纳^[22]深入细致地分析各类型 MSM 艾滋病流行病学特征,精准地预测个体 HIV 感染风险,从而实施精准的预防干预,这是做好 MSM 艾滋病防控工作的必由之路。

本期重点号文章主要围绕 HIV 溯源与精准防控主题,不仅开展 HIV/AIDS 个案流行病学调查对个体 HIV 感染的流行病学特征进行分析,还根据 HIV 溯源调查和双阳病例 HIV 传播关系对区域内群体 HIV 传播模式进行分析,将社会网络和分子网络分析相结合,为艾滋病精准防控提供科学依据。姜海波等^[23]发现 2017–2020 年宁波市新确诊 HIV/AIDS 的本地新发感染占一定比例,通过男性社交软件在本地寻找同性非商业性伴是 HIV/AIDS 本地新发感染的危险因素,应加强男性社交软件寻找 MSM 性伴的溯源调查和互联网干预工作,以控制本地新发感染 HIV 的风险。洪航等^[24]发现 MSM 的 HIV/AIDS 中,性伴 HIV 感染率较高,在 HIV 新发感染者和主动检测发现的 HIV/AIDS 中,性伴的溯源效率较高。建议加强 MSM 的 HIV 溯源调查,重点关注自愿咨询检测(VCT)门诊新诊断的 HIV/

AIDS。丁晓贝等^[25]发现在MSM的HIV/AIDS中,通过性伴驱动检测HIV并结合分子传播网络分析技术,可提高HIV/AIDS精准溯源,同时根据HIV新发感染结果,可初步判定HIV传播方向,建议在HIV/AIDS确证后,应尽早进行MSM的性伴驱动检测HIV包括跨区域的性伴追踪检测HIV,有利于HIV/AIDS传染源追踪。葛锐等^[26]发现2017-2018年嘉兴市新确诊HIV/AIDS中,HIV亚型多样并以散发为主,存在地理聚集性和一定数量高传播风险的HIV/AIDS,呈快速传播HIV现象,需开展针对性的强化干预。

三、存在问题与展望未来

HIV溯源较为精准地早期发现传染源,明确传播途径,有助于切断传播链,阻断HIV传播^[27]。目前,开展HIV溯源与精准防控过程中仍有一系列问题有待研究和解决。而如何开展HIV溯源,挖掘HIV高危行为传播者和潜在HIV/AIDS并实施精准干预是阻断HIV传播的关键。由于涉及个人隐私等敏感原因,部分HIV/AIDS不愿意配合专业人员调查,或者高危行为时间跨度较长,溯源技术手段单一,溯源效率不高,随着溯源层数增加而发现的难度也随之增加;通过流行病学调查进行HIV溯源,只能提供一种感染可能性的线索来源,较难实现精准判断个体间感染HIV与当地不同人群HIV流行的相关性目的;通过分子网络分析尚不能确定传播簇之间是否有直接的传播关系,构建分子网络需要依赖大量的序列和时间变量^[28]。除了分子传播网络和溯源调查这两大手段,还可依靠大数据分析助力艾滋病精准防控。在我国新型冠状病毒肺炎疫情防控工作中,运用大数据技术分析了病例的溯源调查^[29]。美国有研究发现,基于2007-2015年波士顿电子健康档案数据使用机器学习算法,可识别HIV感染风险增加的患者^[30]。另外,赵琦等^[31]通过HIV溯源调查为故意传播HIV的部分案件提供技术支撑。今后的艾滋病精准防控工作,不仅要加强分子生物学分析和溯源调查能力,还要考虑在符合信息安全和知情同意的基础上,应用大数据技术在病例溯源工作中,做好艾滋病精准防控的传染源和传播途径的闭环管理。

展望未来,通过整合现场流行病学、分子生物学和大数据技术等方法,开展HIV溯源与精准干预研究,建立多源、多因素、时空结合、定性定量相结合的综合溯源和预测预警分析平台,能够突破传统溯源技术的局限,早期发现和探测到HIV传播和感

染状况,达到快速、及时、动态溯源的目的。根据HIV溯源调查和分子网络分析结果开展精准干预,可有效提高艾滋病防控的效率和效果,从而推动我国艾滋病科学防治和精准防治,助力《“健康中国2030”规划纲要》的实现。

利益冲突 所有作者均声明不存在利益冲突

参考文献

- [1] 吴尊友. 我国艾滋病经性传播新特征与防治面临的挑战[J]. 中华流行病学杂志, 2018, 39(6): 707-709. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2018.06.002.
Wu ZY. Characteristics of HIV sexually transmission and challenges for controlling the epidemic in China[J]. Chin J Epidemiol, 2018, 39(6): 707-709. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2018.06.002.
- [2] 刘玄华, 朱秋映, 唐振柱, 等. 2015-2016年广西HIV新近感染病例性行为特征分析[J]. 中国艾滋病性病, 2018, 24(10): 990-993. DOI: 10.13419/j.cnki.aids.2018.10.08.
Liu XH, Zhu QY, Tang ZZ, et al. Sex behavior epidemiological characteristics of the new HIV infections in Guangxi, 2015-2016[J]. Chin J AIDS STD, 2018, 24(10): 990-993. DOI: 10.13419/j.cnki.aids.2018.10.08.
- [3] Nogare FD, Di Lorenzo F, 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]. Recenti Prog Med, 2014, 105(9): 327-332. DOI: 10.1701/1606.17518.
- [4] Neely F, Maguire H, Le Brun F, et al. High rate of transmission among contacts in large London outbreak of isoniazid mono-resistant tuberculosis[J]. J Public Health (Oxf), 2010, 32(1): 44-51. DOI: 10.1093/pubmed/fdp056.
- [5] 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.
- [6] Fu XJ, Qi JL, Hu YF, et al. Partner notification in cooperation with community-based organizations among HIV-positive men who have sex with men in two Chinese cities[J]. Int J STD AIDS, 2016, 27(10): 821-831. DOI: 10.1177/0956462416648827.
- [7] 蒋均, 查琏琦, 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.
- [8] 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.
- [9] 张建梅, 李慎坚, 普爱华, 等. 建水县2008年新报告艾滋病感染者溯源调查分析[J]. 卫生软科学, 2010, 24(2): 176-178. DOI: 10.3969/j.issn.1003-2800.2010.02.028.
Zhang JM, Li SJ, Pu AH, et al. Contact tracing HIV cases reported in 2008 in Jianshui county[J]. Soft Sci Health, 2010, 24(2): 176-178. DOI: 10.3969/j.issn.1003-2800.2010.02.028.
- [10] 刘雪梅, 冯献湘, 梁佳佳. 柳州市新报告HIV感染者/病人溯源调查分析[J]. 应用预防医学, 2018, 24(5): 359-360. DOI: 10.3969/j.issn.1673-758X.2018.05.007.
Liu XM, Feng XX, Liang JJ. Analysis of the HTV infection

- [11] routes and origins in the new reported HV/AIDS cases in 2017 in Liuzhou[J]. Appl Prev Med, 2018, 24(5):359-360. DOI:10.3969/j.issn.1673-758X.2018.05.007.
- [12] 张永, 殷方兰, 钟培松, 等. 上海市 307 例 HIV 感染者和艾滋病患者性伴告知状况及其影响因素研究[J]. 中华预防医学杂志, 2015, 49(11): 956-961. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0253-9624.2015.11.006.
- Zhang Y, Yin FL, Zhong PS, et al. Practice and correlates of partner notification of HIV infection status among 307 HIV-infected individuals of Shanghai[J]. Chin J Prev Med, 2015, 49(11):956-961. DOI:10.3760/cma.j.issn.0253-9624. 2015.11.006.
- [13] 叶润华, 项丽芬, 杨跃诚, 等. 云南省德宏州新报告艾滋病病毒感染者溯源调查[J]. 中华流行病学杂志, 2010, 31(1): 39-42. DOI:10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2010.01.010.
- Ye RH, Xiang LF, Yang YC, et al. Tracing the sources of newly reported HIV infections in Dehong prefecture of Yunnan province[J]. Chin J Epidemiol, 2010, 31(1):39-42. DOI:10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2010.01.010.
- [14] 罗明宇, 潘晓红, 范钦, 等. 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[J]. 中华流行病学杂志, 2019, 40(2): 202-206. DOI:10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2019.02.015.
- Luo MY, Pan XH, Fan Q, et al. Epidemiological characteristics of molecular transmission cluster among reported HIV/AIDS cases in Jiaxing city, Zhejiang province, 2017[J]. Chin J Epidemiol, 2019, 40(2):202-206. DOI:10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2019.02.015.
- [15] Jiang J, Fan Q, Zhang JF, et al. A geographic hotspot and emerging transmission cluster of the HIV-1 epidemic among older adults in a Rural area of eastern China[J]. AIDS Res Hum Retroviruses, 2020, 36(9): 712-720. DOI: 10.1089/AID.2019.0293.
- Pasquale DK, Doherty IA, Sampson LA, et al. Leveraging phylogenetics to understand HIV transmission and partner notification networks[J]. J Acquir Immune Defic Syndr, 2018, 78(4): 367-375. DOI: 10.1097/QAI.0000000000001695.
- [16] Fauci AS, Redfield RR, Sigounas G, et al. Ending the HIV epidemic: a plan for the United States[J]. JAMA, 2019, 321(9):844-845. DOI:10.1001/jama.2019.1343.
- [17] UNAIDS. UNAIDS strategy 2016-2021[EB/OL]. (2015-08-10) [2021-09-06]. https://www.unaids.org/en/resources/documents/2015/UNAIDS_PCB37_15-18.
- [18] 国家卫生健康委员会疾病预防控制局. 2019 年我国艾滋病防治工作取得新进展[J]. 中国艾滋病性病, 2019, 25(12): 1205. DOI:10.13419/j.cnki.aids.2019.12.01.
- Bureau of Disease Control and Prevention of National Health Commission. AIDS prevention and control work has made new progress in China, 2019[J]. Chin J AIDS STD, 2019, 25(12): 1205. DOI: 10.13419/j. cnki. aids. 2019.12.01.
- [19] 吕繁, 陈方方. 艾滋病疫情估计及结果解读要点[J]. 中华流行病学杂志, 2019, 40(10):1191-1196. DOI:10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2019.10.004.
- Lyu F, Chen FF. National HIV/AIDS epidemic estimation and interpretation in China[J]. Chin J Epidemiol, 2019, 40(10): 1191-1196. DOI: 10.3760/cma.j.issn. 0254-6450.2019.10.004.
- [20] 甘梦泽, 冯毅, 邢辉. 基于分子网络方法研究 HIV 感染者传播特征的相关进展[J]. 中华流行病学杂志, 2019, 40(11): 1487-1491. DOI: 10.3760/cma. j. issn. 0254-6450.2019.11.026.
- Gan MZ, Feng Y, Xing H. Progress in research on the transmission characteristics of HIV-infected persons based on molecular network method[J]. Chin J Epidemiol, 2019, 40(11): 1487-1491. DOI:10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2019.11.026.
- [21] Pines HA, Wertheim JO, Liu L, et al. Concurrency and HIV transmission network characteristics among MSM with recent HIV infection[J]. AIDS, 2016, 30(18): 2875-2883. DOI:10.1097/QAD.0000000000001256.
- [22] 何纳. 男同性性行为人群艾滋病持续蔓延需要精准防控[J]. 上海预防医学, 2016, 28(12):837-838. DOI:10.19428/j. cnki.sjpm.2016.12.001.
- [23] He N. The continued spread of AIDS among men who have sex with men requires precise prevention and control[J]. Shanghai J Prev Med, 2016, 28(12): 837-838. DOI:10.19428/j.cnki.sjpm.2016.12.001.
- 姜海波, 张丹丹, 洪航, 等. 宁波市 2017-2020 年新确诊 HIV/AIDS 中新发感染病例特征及其影响因素分析[J]. 中华流行病学杂志, 2021, 42(12):2112-2117. DOI: 10.3760/ cma.j.cn112338-20210811-00633.
- Jiang HB, Zhang DD, Hong H, et al. Characteristics and influencing factors of newly HIV infection among newly confirmed HIV/AIDS cases in Ningbo city, 2017-2020[J]. Chin J Epidemiol, 2021, 42(12):2112-2117. DOI:10.3760/ cma.j.cn112338-20210811-00633.
- [24] 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 partner of HIV positive MSM[J]. Chin J Epidemiol, 2021, 42(12):2100-2105. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20210811-00632.
- [25] 丁晓贝, 罗明宇, 潘晓红, 等. 男男性行为人群 HIV/AIDS 及其性伴的分子传播关系分析[J]. 中华流行病学杂志, 2021, 42(12):2106-2111. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20210811-00634.
- Ding XB, Luo MY, Pan XH, et al. Analysis on the relationship of molecular transmission between HIV infected men who have sex with men and their sexual partners[J]. Chin J Epidemiol, 2021, 42(12): 2106-2111. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20210811-00634.
- [26] 葛锐, 朱国英, 潘晓红, 等. 嘉兴市 2017-2018 年新确诊 HIV/AIDS 的 HIV-1 分子传播特征分析[J]. 中华流行病学杂志, 2021, 42(12):2118-2124. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20210811-00631.
- Ge R, Zhu GY, Pan XH, et al. Analysis on the HIV-1 molecular transmission characteristics of newly confirmed HIV/AIDS in Jiaxing city, 2017-2018[J]. Chin J Epidemiol, 2021, 42(12):2118-2124. DOI:10.3760/cma.j. cn112338-20210811-00631.
- [27] 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.
- [28] Poon AFY, Gustafson R, Daly P, et al. Near real-time monitoring of HIV transmission hotspots from routine HIV genotyping: an implementation case study[J]. Lancet HIV, 2016, 3(5):e231-238. DOI:10.1016/S2352-3018(16)00046-1.
- 孙烨祥, 吕筠, 沈鹏, 等. 宁波市鄞州区健康大数据平台在新型冠状病毒肺炎疫情病例发现中的应用探索[J]. 中华流行病学杂志, 2020, 41(10):1611-1615. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20200608-00818.
- Sun YX, Lyu J, Shen P, et al. Application of healthcare big data in active case finding of COVID-19 in Yinzhou district of Ningbo[J]. Chin J Epidemiol, 2020, 41(10):1611-1615. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20200608-00818.
- [29] Krakower DS, Gruber S, Hsu K, et al. Development and validation of an automated HIV prediction algorithm to identify candidates for pre-exposure prophylaxis: a modelling study[J]. Lancet HIV, 2019, 6(10): e696-704. DOI:10.1016/S2352-3018(19)30139-0.
- 赵琦, 时丽丽, 蒋岩, 等. Miseq 高通量测序平台用于一起疑似经性传播 HIV 的溯源调查[J]. 中华预防医学杂志, 2014, 48(6):471-475. DOI:10.3760/cma.j.issn.0253-9624.2014.06.010.
- Zhao Q, Shi LL, Jiang Y, et al. Contact tracing of a possible case of HIV sexual transmission by using Miseq platform [J]. Chin J Prev Med, 2014, 48(6):471-475. DOI:10.3760/ cma.j.issn.0253-9624.2014.06.010.