

· 艾滋病溯源调查与精准防控 ·

男男性行为人群 HIV/AIDS 及其性伴的分子传播关系分析

丁晓贝 罗明宇 潘晓红 张佳峰 范钦 蒋均 夏燕 郭志宏
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: 潘晓红, Email: xhpan@cdc.zj.cn

【摘要】目的 了解浙江省 MSM HIV/AIDS 与性伴之间分子传播关系和相关危险因素。**方法** 采用横断面调查的方法, 对浙江省 2015–2017 年新确诊的 MSM HIV/AIDS 及参与性伴驱动检测的阳性性伴开展分子流行病学研究。收集血浆并提取 RNA, 运用 RT-PCR 和巢式 PCR 扩增并获得 HIV-1 的 *pol* 区基因序列, 构建系统进化树, 分析分子传播簇, 判定性伴间的传播关系。**结果** 共 937 例 MSM HIV/AIDS 参与性伴驱动检测, 检出 173 名阳性性伴。有 61 例性伴间 (31 对) 形成传播簇, 成簇比例为 50.8% (61/120), 其中 7 对性伴结合新发感染结果初步判定传播方向。在性伴分子传播网络的相关因素分析中, 性伴之间确诊年份为相同年份 (与不同年份相比, $OR=12.190$, $95\%CI: 1.563\sim 95.054$), 现住址所在地为不同区 (县) [与相同区 (县) 相比, $OR=17.054$, $95\%CI: 1.742\sim 166.982$] 更可能存在分子传播关系。**结论** MSM HIV/AIDS 的性伴驱动检测, 结合分子传播网络分析技术, 可以提高 HIV/AIDS 精准溯源, 同时根据新发感染结果, 初步判定传播方向。建议对 MSM HIV/AIDS 确诊后, 应尽早进行性伴驱动检测, 包括跨区域的性伴追踪检测, 有利于传染源追踪。

【关键词】 艾滋病; 男男性行为人群; 性伴检测; 分子传播簇; 溯源

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

Analysis on the relationship of molecular transmission between HIV infected men who have sex with men and their sexual partners

Ding Xiaobei, Luo Mingyu, Pan Xiaohong, Zhang Jiafeng, Fan Qin, Jiang Jun, Xia Yan, Guo Zhihong
Department of HIV/AIDS & STD Control and Prevention, Zhejiang Provincial Center for Disease Control and Prevention, Hangzhou 310051, China
Corresponding author: Pan Xiaohong, Email: xhpan@cdc.zj.cn

【Abstract】Objective To investigate the relationship between HIV-infected men who have sex with men and their sexual partners in Zhejiang province. **Methods** A cross-sectional survey was conducted to recruit newly confirmed HIV/AIDS among MSM from 2015 to 2017, including sexual partner identification and molecular epidemiological study. Plasma was collected to extract RNA, and the *pol* gene of HIV-1 was amplified by RT-PCR/nested PCR. Phylogenetic tree and molecular transmission cluster were analyzed to identify the transmission relationship between sexual partners. **Results** A total of 937 HIV/AIDS among MSM were recruited to promote HIV testing for their sexual partners, and 173 positive sexual partners were identified. 50.8% (61/120) of the gene sequences were clustered among the positive sex partners. Seven pairs of clustered sex partners combined with the results of recent infection preliminarily determined the transmission direction. In the clusters, there were statistical differences between the partners who were diagnosed in the same year ($OR=12.190$, $95\%CI: 1.563\sim 95.054$) or with current residence in the

DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20210811-00634

收稿日期 2021-08-11 本文编辑 斗智

引用本文: 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.



different districts ($OR=17.054$, $95\%CI: 1.742-166.982$). **Conclusions** Combined with a molecular transmission network, HIV test for the sexual partners of HIV/AIDS among MSM can improve the accurate tracking of cases and preliminarily determine the direction of transmission, according to the results of recent infection. It is suggested that after HIV is confirmed for HIV/AIDS among MSM, HIV tests should be carried out as soon as possible for their sexual partners, including a cross-regional sexual partner tracking test, which is helpful to improve the tracing procedure.

【Key words】 AIDS; Men who have sex with men; Sex partner testing; Molecular transmission clusters; Tracing

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

通过对 HIV-1 基因序列进行系统进化分析,有助于判定 HIV/AIDS 之间的传播关系^[1-2]。MSM HIV/AIDS 性伴网络复杂且性伴间传播效率高^[3-4],对其传播关系特征进行研究有利于制定有效干预措施^[5]。目前主要通过行为网络或分子传播网络分析群体特征^[6-9],缺乏对 MSM HIV/AIDS 与其阳性性伴间传播关系及传播方向的深入研究。本研究分析 MSM 中 HIV-1 传播关系及其特征,为制定针对性防治措施提供科学依据。

对象与方法

1. 研究对象:①2015-2017 年浙江省新确证 MSM HIV/AIDS,年龄 ≥ 18 岁;②MSM 中 HIV/AIDS 性伴:自我报告与其曾经发生性行为者(包括同性固定性伴或临时性伴、配偶/离异/非婚异性性伴)。所有研究对象均完成知情同意,本研究通过浙江省 CDC 伦理委员会审批(批准文号:2018-033)。

2. 调查方法及内容:采用横断面调查方法,各区(县)CDC 开展流行病学调查,调查员均经过专题培训。在确证后 1 个月内完成调查,3 个月内采集抗病毒治疗前血浆样本 5 ml。调查内容包括社会人口学、性行为、性伴数和性伴特征等信息。首先将符合标准的 MSM HIV/AIDS 作为第一轮指示病例,开展调查并动员其检测。如果性伴检测为 HIV-1 抗体阳性,则作为第二轮指示病例开展性伴动员检测,以此类推,直至未检出阳性性伴。

3. 实验室检测方法:

(1)HIV-1 新发感染检测:对于新确证的 MSM HIV/AIDS 确证阳性血清,排除既往阳性,按照 HIV-1 新发感染 ELISA 试剂盒(美国 SEDIA 公司)说明书检测,判定新发感染或长期感染^[10]。

(2)核酸提取:用 RNA/DNA 提取试剂盒(苏州天隆科技公司)提取血浆中病毒核酸,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),扩增产物长度为 1 316 bp。将目的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)序列整理:使用 Sequencher 5.0 软件对序列进行编辑、拼接和校正,通过 BioEdit v7.2.0 软件对序列和国际参考株序列(美国 Los Alamos 国家实验室 HIV 序列数据库)进行比对并校正。用 Mega 6.0 软件构建 Neighbor-Joining 系统进化树(Kimura 2-parameter 模型,Bootstrap 值为 1 000 次),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)基因序列分析:当基于基因序列构建的系统进化树中,分支内病例数 ≥ 2 个,分支节点的 Bootstrap 值 ≥ 90 ,且平均基因遗传距离 ≤ 0.005 ,判定分支内病例的基因序列形成传播簇(成簇)。病例间传播关系判定:经流行病学调查存在性行为关系,且基因序列成簇的 HIV/AIDS 间存在传播关系。传播方向初步判定:有传播关系的病例间,如果新发感染检测结果不一致,初步判定成簇病例中长期感染者传播给新发感染的性伴。

4. 相关定义:①指示病例:最早发现和确证的 HIV/AIDS 病例;②溯源效率:通过指示病例成功追踪到其他阳性病例的概率,计算公式为性伴为 HIV 阳性的指示病例数 \div 指示病例数 $\times 100\%$;③HIV 主动检测:主动前往艾滋病自愿咨询检测(VCT)门诊接受 HIV 检测。除此之外的其他检测发现途径均定义为被动检测。

5. 统计学分析:采用 EpiData 3.1 软件建立数据库,使用 SPSS 20.0 软件进行统计学分析,单因素分析采用 χ^2 检验,对溯源效率及基因序列成簇的相关因素分析采用多因素 logistic 回归分析。双侧检验,检验水准 $\alpha=0.05$ 。

结 果

1. 基本情况：2015–2017 年新确证的 MSM HIV/AIDS 参与性伴驱动，第一轮有 909 例作为指示病例参与性伴驱动，共驱动 998 例性伴参与检测，其中 166 例指示病例共检出 172 例 HIV-1 阳性性伴，性伴阳性率为 17.2% (172/998)，95%CI 为 14.9%~19.5%；其中第二轮有 28 例 MSM HIV/AIDS 参与，共驱动 32 例性伴检测，检出 1 例 HIV-1 阳性性伴，阳性率为 3.1%(1/32)，见图 1。

共 937 例 MSM HIV/AIDS 参与性伴驱动，多因素 logistic 分析结果显示，已婚(与未婚相比， $OR=3.933$ ，95%CI: 1.607~9.629)、离异/丧偶(与未婚相比， $OR=2.411$ ，95%CI: 1.373~4.236)，既往性伴数为 1 个(与多性伴相比， $OR=1.851$ ，95%CI: 1.121~3.057)、主动检测(与非主动检测相比， $OR=1.625$ ，95%CI: 1.145~2.306)的溯源效率更高，见表 1。

2. HIV-1 基因序列分析：共 59 组(61 对)性伴获得毒株序列，其中 2 组为 3 例阳性性伴组，共 120 例 HIV/AIDS，包括 40 对同性固定性伴，12 对配偶性伴，9 对同性临时性伴。61 对性伴中，48 对亚型一致，一致率为 78.7%(48/61)。经过系统进化树分析，有 61 例性伴间(31 对)基因序列形成传播簇，比例为 50.8%(61/120)，见图 2。其中 1 名 MSM HIV/AIDS 分别与其配偶和 1 名同性固定性伴形成传播簇。双阳性伴间形成传播簇比例分别为：配偶阳性对 58.3%(14/24)，同性固定性伴双阳对 47.5%(38/80)，同性临时性伴双阳对 55.5%(10/18)，相互间差异无统计学意义。

31 对成簇性伴中亚型分布为 CRF01_AE 12 对，CRF07_BC 15 对，CRF55_01B 2 对，CRF65_cpx 1 对，URF(CRF01_AE/CRF07_BC)重组型 1 对。性伴对病例间的基因距离 $0.001\ 8\pm 0.001\ 8$ ，其中 CRF01_AE、CRF07_BC、CRF55_01B、CRF65_cpx 和 URF(CRF01_AE/CRF07_BC)重组型分别为 $0.001\ 7\pm 0.002\ 4$ 、 $0.001\ 6\pm 0.001\ 4$ 、 $0.002\ 2\pm 0.000\ 6$ 、 $0.001\ 7$ 和 $0.001\ 0$ 。

3. 传播簇内性伴对的流行病学特征：通过多因素 logistics 回归分析比较基因序列成簇与不成簇的性伴对，发现性伴之间确证年份为相同年份(与不同年份相比， $OR=12.190$ ，95%CI: 1.563~

95.054)，现住址所在地为不同区(县)[与相同区(县)相比， $OR=17.054$ ，95%CI: 1.742~166.982]差异有统计学意义，见表 2。

在 31 对成簇性伴对中，确证年份相同占 93.5% (29/31)；有 7 对(14 例)性伴新发感染检测结果不一致，其中 5 对为未婚 MSM HIV/AIDS 之间传播，1 对为已婚传播给未婚 MSM HIV/AIDS，1 对为未婚传播给丧偶的 MSM HIV/AIDS；2 对为浙江省户籍 MSM HIV/AIDS 间传播，4 对为外省户籍 MSM 间传播，1 对为外省户籍传播给浙江省户籍 HIV/AIDS。

讨 论

对 MSM HIV/AIDS 开展溯源分析和传播特征研究，有利于促进检测发现。通过主动检测发现的 MSM HIV/AIDS 在性伴动员中更容易发现其阳性性伴。其次，性伴驱动检测获得的阳性性伴对之间存在传播关系比例较高，结合新发感染结果可初步判定传播方向，显示性伴驱动检测结合分子传播网络分析技术能更精准地判定 MSM 等多性伴群体的传播关系，为艾滋病的精准溯源提供科学依据。此外发现确证年份相同和现住址不在一个区县的阳性性伴对成簇比例更高。

本研究的 MSM 性伴对的成簇比例与美国 MSM 性伴对研究中的基因成簇比例接近^[1]。以往研究认为配偶间 HIV-1 传播的模式往往较为单一，由男性 HIV/AIDS 传染给配偶的可能性较高^[11]，但本研究发现，浙江省 MSM HIV/AIDS 与配偶性伴对成簇比例低于浙江省男性与配偶间异性性行为(80.5%)^[12]，这可能跟 MSM 与配偶之间的性关系较

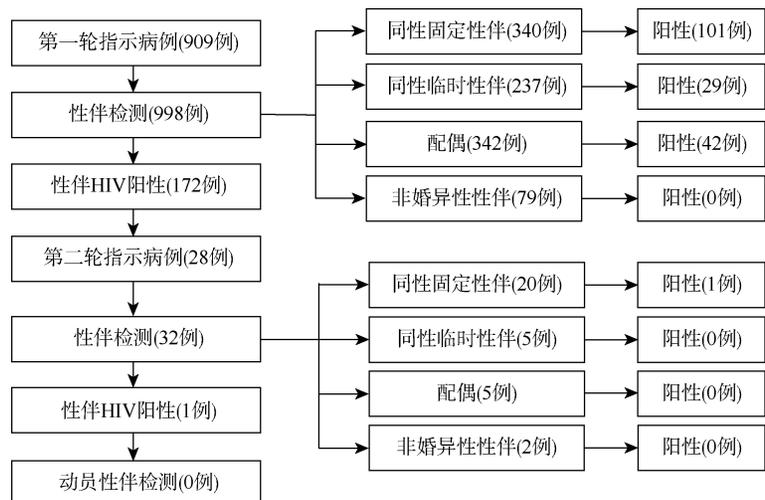


图 1 男男性行为人群 HIV/AIDS 及其性伴驱动检测流程图

表 1 男男性行为人群 HIV/AIDS 及其性伴溯源效率的影响因素分析

特征	参加性伴驱动的 病例(n=937)	性伴阳性的指示 病例(n=167) ^a	单因素分析		多因素分析	
			χ^2 值	P值	OR值(95%CI)	P值
调查年份			18.087	<0.001		
2015	150(16.0)	45(30.0)			1.000	
2016	422(45.0)	65(15.4)			0.321(0.200~0.516)	<0.001
2017	365(39.0)	57(15.6)			0.351(0.217~0.568)	<0.001
年龄组(岁)			6.997	0.072		
18~	202(21.6)	43(21.3)			1.000	
26~	309(33.0)	60(19.4)			0.940(0.573~1.541)	0.806
36~	254(27.1)	32(12.6)			0.739(0.374~1.459)	0.383
≥46	172(18.3)	32(18.6)			1.339(0.653~2.746)	0.425
婚姻状况			13.812	0.001		
未婚	447(47.7)	58(13.0)			1.000	
已婚	387(41.3)	85(22.0)			3.933(1.607~9.629)	0.003
离异/丧偶	103(11.0)	24(23.3)			2.411(1.373~4.236)	0.002
文化程度			0.480	0.787		
初中及以下	461(49.2)	83(18.0)			1.000	
高中或中专	222(23.7)	42(18.9)			0.943(0.601~1.482)	0.801
大专及以上	254(27.1)	42(16.5)			0.730(0.455~1.173)	0.194
户籍地			0.675	0.411		
浙江省	515(55.0)	87(16.9)			1.000	
其他省	422(45.0)	80(19.0)			1.130(0.786~1.623)	0.509
既往性伴数			5.803	0.055		
1	108(11.5)	28(25.9)			1.851(1.121~3.057)	0.016
2~	323(34.5)	51(15.8)			0.902(0.614~1.324)	0.598
≥4	506(54.0)	88(17.4)			1.000	
高危性行为史			4.260	0.039		
仅有同性性接触	355(37.9)	75(21.1)			1.000	
同性或异性均有	582(62.1)	92(15.8)			0.786(0.478~1.294)	0.344
STD患病史			0.159	0.924		
有	662(70.7)	116(17.5)			1.000	
无	207(22.1)	38(18.4)			0.814(0.536~1.237)	0.335
不详	68(7.3)	13(19.1)			0.849(0.411~1.750)	0.656
HIV主动检测						
否	591(63.1)	89(15.1)	8.346	0.004	1.000	
是	346(36.9)	78(22.5)			1.625(1.145~2.306)	0.007
新发感染结果			0.776	0.379		
长期感染	763(81.4)	140(18.4)			1.000	
新发感染	174(18.6)	27(15.5)			0.746(0.470~1.186)	0.216

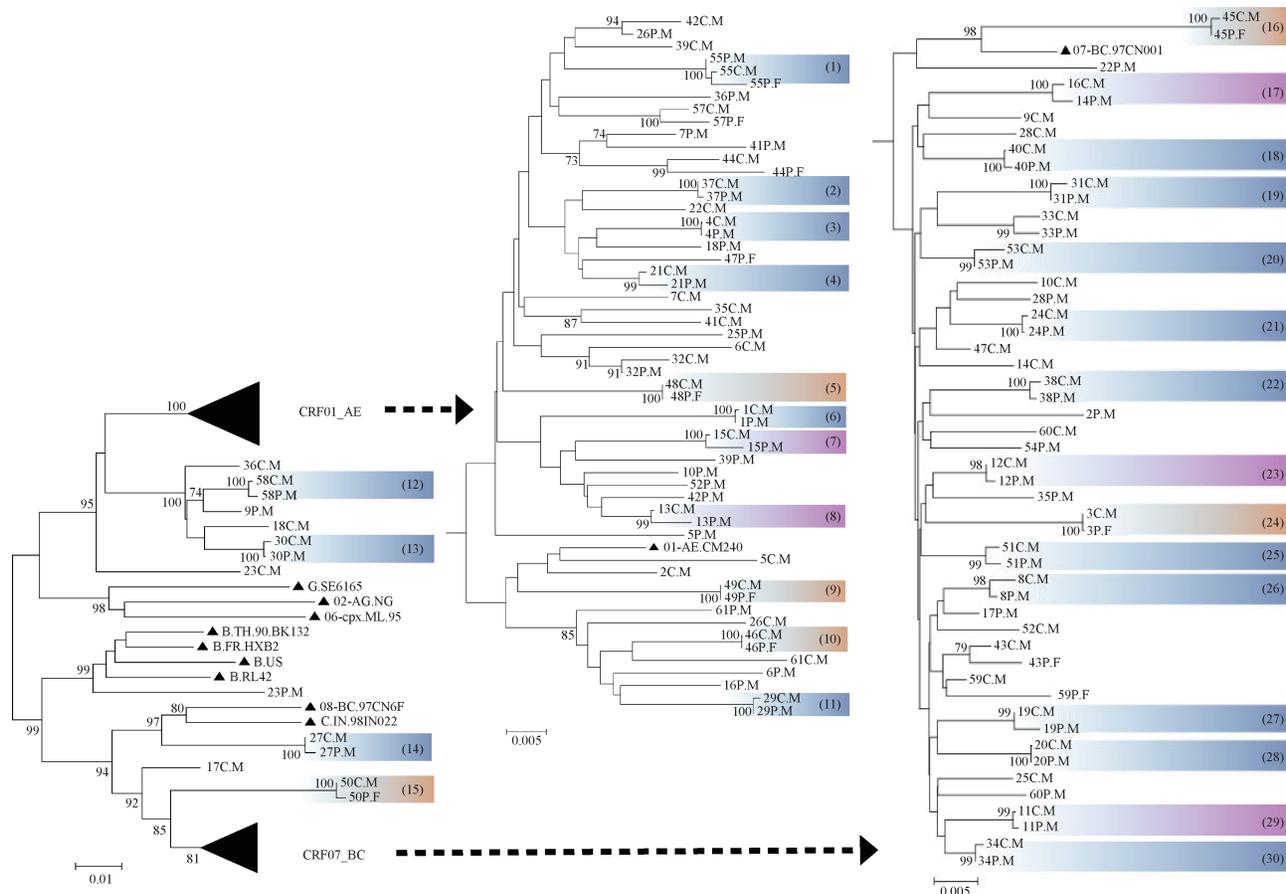
注:^a括号内数据为溯源效率(%)

为疏远有关,因而间接导致了配偶的婚外性行为感染^[13-14]。MSM分子传播网络的研究表明性伴驱动检测的成簇比例高于非性伴驱动检测^[15-16],提示性伴驱动检测可提高MSM HIV/AIDS的溯源效率。

MSM流动性较大、网络交友方式难追踪^[17],同时感染时间长,容易产生回顾性偏倚。MSM HIV/AIDS确证后及时开展性伴驱动检测,可促进检测发现有遗传关联的病例。本研究发现,MSM HIV/AIDS与性伴的现住址不在一个区(县)的成簇比例高,这与德国MSM性伴分子传播网络分析中,成簇的性伴之间来自不同邮政编码区的比例更高的结果类似^[18],提示部分MSM的性行为活动范围较广,跨区(县)的流动性较大。

本研究的不足。一是MSM性伴驱动检测的参与率不高,性伴追踪不完全,多性伴网络中入网率不够高,影响性伴检测阳性率;二是由于受样本采集率的限制,部分研究对象因样本缺失没能获得基因序列,影响阳性性伴对遗传关系分析的完整性;三是纳入的研究对象性伴网络信息有限,后续需要对研究对象的性伴网络特征进行更深入的溯源调查。

综上所述,MSM HIV/AIDS通过性伴驱动检测并结合分子传播网络分析技术可以提高检测发现率和精准溯源性,通过流行病学调查和新发感染检测可初步判定性伴对之间传播方向。建议对MSM HIV/AIDS尽快进行性伴驱动检测(包括跨地区),



注: ▲代表国际参考株,序列名后缀 F 为女性, M 为男性, 蓝色为同性固定性伴, 粉红色为同性临时性伴, 橙色为配偶

图 2 男男性行为人群 HIV/AIDS 中 61 对阳性性伴 HIV-1 基因序列系统进化树

表 2 男男性行为人群 HIV/AIDS 及其性伴基因序列成簇的相关因素分析

变量	成簇的性伴对 (n=31)	不成簇的性伴对 (n=30)	单因素分析		多因素分析	
			χ^2 值	P 值	OR 值(95%CI)	P 值
确证年份			5.720	0.017		
不同年份	2(6.5)	9(30.0)			1.000	
相同年份	29(93.5)	21(70.0)			12.190(1.563~95.054)	0.017
年龄差(岁)			0.143	0.703		
<5	14(45.2)	15(50.0)			1.000	
≥5	17(54.8)	15(50.0)			1.193(0.257~5.536)	0.821
流动人口			0.132	0.936		
都是	11(35.4)	12(40.0)			1.000	
都不是	10(32.3)	9(30.0)			1.467(0.185~11.615)	0.717
一方是	10(32.3)	9(30.0)			1.412(0.228~8.746)	0.711
现住址所在地			5.074	0.024		
相同区(县)	19(61.3)	26(86.7)			1.000	
不同区(县)	12(38.7)	4(13.3)			17.054(1.742~166.982)	0.015
性伴关系			0.528	0.768		
同性临时性伴	5(16.1)	4(13.3)			1.000	
同性固定性伴	19(61.3)	21(70.0)			0.834(0.105~6.628)	0.864
配偶关系	7(22.6)	5(16.7)			2.971(0.243~36.370)	0.394
指示病例性病史			2.130	0.345		
有	9(29.0)	14(46.7)			1.000	
无	20(64.5)	14(46.7)			2.776(0.584~13.197)	0.199
不详	2(6.5)	2(6.6)			3.833(0.131~112.590)	0.436
主动检测			1.313	0.252		
否	19(61.3)	16(53.3)			1.000	
是	12(38.7)	14(46.7)			0.208(0.042~1.037)	0.055
新发感染结果一致			0.005	0.943		
否	7(22.6)	7(23.3)			1.000	
是	24(77.4)	23(76.7)			0.247(0.004~16.924)	0.517

有效促进病例的传播溯源。

利益冲突 所有作者均声明不存在利益冲突

参 考 文 献

- [1] Kostaki EG, Nikolopoulos GK, Pavlitina E, et al. Molecular analysis of human immunodeficiency virus Type 1 (HIV-1) -infected individuals in a network-based intervention (Transmission Reduction Intervention Project):Phylogenetics identify HIV-1-infected individuals with social links[J]. *J Infect Dis*, 2018, 218(5): 707-715. DOI:10.1093/infdis/jiy239.
- [2] Paraskevis D, Nikolopoulos GK, Magiorkinis G, et al. The application of HIV molecular epidemiology to public health[J]. *Infect Genet Evol*, 2016, 46: 159-168. DOI: 10.1016/j.meegid.2016.06.021.
- [3] Li RH, Wang H, Pan XH, et al. Prevalence of condomless anal intercourse and recent HIV testing and their associated factors among men who have sex with men in Hangzhou, China: A respondent-driven sampling survey [J]. *PLoS One*, 2017, 12(3): e0167730. DOI: 10.1371/journal.pone.0167730 s.
- [4] 赵帅, 冯毅, 辛若雷, 等. 应用分子传播网络研究北京男男性行为者 HIV-1 毒株的传播特征 [J]. *中国艾滋病性病*, 2018, 24(3): 241-245, 306. DOI: 10.13419/j.cnki.aids.2018.03.08.
Zhao S, Feng Y, Xin RL, et al. Using molecular transmission network to explore the transmission characteristics of HIV-1 among men who have sex with men in Beijing[J]. *Chin J AIDS STD*, 2018, 24(3): 241-245, 306. DOI: 10.13419/j.cnki.aids.2018.03.08.
- [5] 汤后林, 吕繁, 张大鹏, 等. 不同招募场所的男男性行为者性网络特征研究 [J]. *中华预防医学杂志*, 2009, 43(11): 965-969. DOI:10.3760/cma.j.issn.0253-9624.2009.11.006.
Tang HL, Lü F, Zhang DP, et al. Study on the characteristics of sexual networks for men who have sex with men recruited at different sites in Harbin[J]. *Chin J Prev Med*, 2009, 43(11): 965-969. DOI: 10.3760/cma. j. issn. 0253-9624.2009.11.006.
- [6] 周宁, 郑敏娜, 李环环, 等. 天津市男男性行为人群随访干预的效果评价 [J]. *中华流行病学杂志*, 2018, 39(9):1228-1233. DOI:10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2018.09.016.
Zhou N, Zheng MN, Li HH, et al. Evaluation on follow-up intervention program in men who have sex with men in Tianjin[J]. *Chin J Epidemiol*, 2018, 39(9):1228-1233. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2018.09.016.
- [7] 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.
- [8] 陶桃, 雷永良, 邱理杨, 等. 丽水市 2008-2015 年 MSM 艾滋病疫情分析 [J]. *中国公共卫生管理*, 2016, 32(6):887-889. DOI:10.19568/j.cnki.23-1318.2016.06.038.
Tao T, Lei YL, Qiu LY, et al. Analysis of epidemic of AIDS among men who have sex with men in Lishui city, 2008-2015[J]. *Chin J Public Heal Manag*, 2016, 32(6): 887-889. DOI:10.19568/j.cnki.23-1318.2016.06.038.
- [9] Zhang JF, Guo ZH, Pan XH, et al. Highlighting the crucial role of Hangzhou in HIV-1 transmission among men who have sex with men in Zhejiang, China[J]. *Sci Rep*, 2017, 7(1):13892. DOI:10.1038/s41598-017-14108-2.
- [10] 中国疾病预防控制中心. 全国艾滋病检测技术规范 (2020 年修订版)[R]. 北京:中国疾病预防控制中心, 2020. Chinese Center for Disease Control and Prevention. National guideline for detection of HIV/AIDS[R]. Beijing: Chinese Center for Disease Control and Prevention, 2020
- [11] Green N, Hoenigl M, Chaillon A, et al. Partner services in adults with acute and early HIV infection[J]. *AIDS*, 2017, 31(2):287-293. DOI:10.1097/QAD.0000000000001308.
- [12] 潘晓红, 张佳峰, 姚亚萍, 等. 浙江省 46 对夫妻双方感染艾滋病病毒者中病毒株亚型及传播关系的研究 [J]. *中华流行病学杂志*, 2010, 31(6): 638-641. DOI: 10.3760/cma. j. issn. 0254-6450.2010.06.008.
Pan XH, Zhang JF, Yao YP, et al. Subtype and transmission of HIV strain in both HIV infected spouses in Zhejiang province[J]. *Chin J Epidemiol*, 2010, 31(6):638-641. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2010.06.008.
- [13] 曹越, 李十月, 路亮, 等. 已婚与未婚 MSM 特征及与同伴交往状况比较 [J]. *中国公共卫生*, 2014, 30(10):1333-1336. DOI:10.11847/zgggws2014-30-10-32.
Cao Y, Li SY, Lu L, et al. Comparison of characteristics of communication with peers in married and unmarried MSM [J]. *Chin J Public Health*, 2014, 30(10): 1333-1336. DOI:10.11847/zgggws2014-30-10-32.
- [14] 凌倩, 李培龙, 唐林, 等. 男男性行为人群的异性性伴 HIV 易感性研究进展 [J]. *中华流行病学杂志*, 2020, 41(10):1731-1734. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20191204-00854.
Ling Q, Li PL, Tang L, et al. Progress of research on the susceptibility of HIV infection among heterosexual partners of men who have sex with men[J]. *Chin J Epidemiol*, 2020, 41(10):1731-1734. DOI:10.3760/cma.j. cn112338-20191204-00854.
- [15] 李诗韵, 戴洁, 孙鹏艳, 等. 昆明市 2016-2018 年男男性行为人群 HIV-1 分子网络特征分析 [J]. *中华流行病学杂志*, 2020, 41(7): 1121-1125. DOI: 10.3760/cma. j. cn112338-20190916-00676.
Li SY, Dai J, Sun PY, et al. Analysis on characteristics of HIV-1 molecular networks in men who have sex with men in Kunming, 2016-2018[J]. *Chin J Epidemiol*, 2020, 41(7): 1121-1125. DOI: 10.3760/cma. j. cn112338-20190916-00676.
- [16] 丁晓贝, 潘晓红, 张佳峰, 等. 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 [J]. *中华流行病学杂志*, 2020, 41(6):940-945. DOI:10.3760/cma.j. cn112338-20190809-00586.
Ding XB, Pan XH, Zhang JF, et al. Characteristics of subtypes and transmission of HIV-1 infected persons among student MSM in Zhejiang province, 2013-2015[J]. *Chin J Epidemiol*, 2020, 41(6):940-945. DOI:10.3760/cma. j.cn112338-20190809-00586.
- [17] 秦倩倩, 郭巍, 王丽艳, 等. 2008-2015 年中国经男男性行为感染 HIV 者流动情况及其影响因素 [J]. *中华预防医学杂志*, 2016, 50(11): 938-942. DOI: 10.3760/cma. j. issn. 0253-9624.2016.11.004.
Qin QQ, Guo W, Wang LY, et al. The characteristics of HIV-positive men who have sex with men in China and predictors of their migration, 2008-2015[J]. *Chin J Prev Med*, 2016, 50(11): 938-942. DOI: 10.3760/cma. j. issn. 0253-9624.2016.11.004.
- [18] Stecher M, Hoenigl M, Eis-Hübinger AM, et al. Hotspots of transmission driving the local human immunodeficiency virus epidemic in the cologne-Bonn Region, Germany[J]. *Clin Infect Dis*, 2019, 68(9):1539-1546. DOI:10.1093/cid/ciy744.