·艾滋病溯源调查与精准防控·

嘉兴市2017-2018年新确证HIV/AIDS的HIV-1分子传播特征分析

葛锐[1]　朱国英[1]　潘晓红[2]　范钦[2]　陈中文[1]　张佳峰[2]　罗明宇[2]　张晓飞[1]

[1]嘉兴市疾病预防控制中心 314050；[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：潘晓红，Email：xhpan@cdc.zj.cn；陈中文，Email：czw2007@sohu.com

【摘要】 目的　分析嘉兴市HIV/AIDS的感染和传播关系，探索区域HIV-1分子传播网络特征，为制定针对性的防控措施提供依据。**方法**　以2017-2018年嘉兴市新确证HIV/AIDS为研究对象，收集社会人口学、感染和传播等相关信息。采集血样并提取RNA，运用RT-PCR和巢式PCR扩增HIV-1的*pol*区基因序列，采用Mega 6.0软件构建系统进化树进行HIV-1亚型分析。计算研究对象的HIV-1基因序列遗传距离，筛选构建分子传播网络的基因距离阈值，使用Cytoscape 3.6.0软件绘制分子传播网络。对基于分子传播网络的流行病学调查结果进行分析。**结果**　研究对象HIV/AIDS 517例中，HIV-1基因序列包括15种基因亚型，以CRF01_AE（37.1%）、CRF07_BC（36.2%）和CRF08_BC（11.8%）为主。在1.0%的基因距离阈值下构建HIV-1分子传播网络，形成87个分子簇，总体入网率为45.8%（237/517）。多因素logistic回归分析结果显示，60~81岁年龄组（与14~24岁年龄组相比，*OR*=2.690，95%*CI*：1.058~6.844）、已婚（与未婚相比，*OR*=1.698，95%*CI*：1.003~2.875）、CRF07_BC亚型（与CRF01_AE亚型相比，*OR*=2.203，95%*CI*：1.426~3.404）的HIV-1分子成簇风险较高。分子传播网络中最大的CRF07_BC-1分子簇包括50例（2017年入网21例，2018年新增入网29例）HIV/AIDS，未婚（与已婚相比，*OR*=2.482，95%*CI*：1.140~5.402）、同性性传播（与异性性传播相比，*OR*=3.163，95%*CI*：1.543~6.483）、疑似高传播风险HIV/AIDS（与其他HIV/AIDS相比，*OR*=7.631，95%*CI*：1.783~32.654）、确证地在南湖区和平湖市[与其他区（县）相比，*OR*=2.225，95%*CI*：1.074~4.608]是进入最大簇的主要危险因素。该分子簇包含7例疑似高传播风险HIV/AIDS，均为同性性传播；自我报告首次发生男男性行为的时间范围为2010-2018年，确证前2年内的同性性伴数为20（P_{25}，P_{75}：10，100）；其中6例自我报告有近期在南湖区某MSM交友活动场所寻找性伴活动史。**结论**　2017-2018年嘉兴市新确证HIV/AIDS的HIV-1亚型多样，以散发为主，存在地理聚集性和一定数量的疑似高传播风险HIV/AIDS，呈快速传播现象，需开展针对性的强化干预。

【关键词】　艾滋病；　分子流行病学；　分子传播网络；　传播特征

基金项目：浙江省医药卫生科技计划（2019RC292）；嘉兴市公益性研究计划（2020AY30022）；国家科技重大专项（2017ZX10201101）

Analysis on the HIV-1 molecular transmission characteristics of newly confirmed HIV/AIDS in Jiaxing city, 2017-2018

Ge Rui[1], Zhu Guoying[1], Pan Xiaohong[2], Fan Qin[2], Chen Zhongwen[1], Zhang Jiafeng[2], Luo Mingyu[2], Zhang Xiaofei[1]

[1] Jiaxing Center for Disease Control and Prevention, Jiaxing 314050, China; [2] Department of HIV/AIDS & STD Control and Prevention, Zhejiang Provincial Center for Disease Control and Prevention, Hangzhou

DOI：10.3760/cma.j.cn112338-20210811-00631

收稿日期　2021-08-11　　**本文编辑**　斗智

引用本文：葛锐, 朱国英, 潘晓红, 等. 嘉兴市2017-2018年新确证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.

310051, China
Corresponding authors: Pan Xiaohong, Email: xhpan@cdc.zj.cn; Chen Zhongwen, Email: czw2007@sohu.com

【**Abstract**】 **Objective** To analyze the relationship between infection and transmission of HIV/AIDS, explore the characteristics of the HIV-1 transmission network, and provide evidence for formulating targeted prevention and control measures. **Methods** The newly confirmed HIV/AIDS in Jiaxing from 2017 to 2018 were selected for the study. The sociodemographic and infection transmission-related information was gathered. The blood samples were collected and RNA was extracted, RT-PCR and nested PCR amplified the *pol* gene of HIV-1. The phylogenetic tree was constructed by Mega 6.0 software for subtype analysis. The genetic distance between strains was calculated, and the molecular transmission network was drawn by using Cytoscape 3.6.0 software. The results of the epidemiological study based on the molecular transmission network were analyzed. **Results** There were fifteen HIV-1 gene subtypes in 517 cases of HIV/AIDS. The main subtypes were CRF01_AE (37.1%)、CRF07_BC (36.2%) and CRF08_BC (11.8%). Under the 1.0% gene distance threshold, 87 molecular clusters were established, and the total clustering rate was 45.8% (237/517). The cluster risk factors were 60-81 age group (compared with 14-24 age group, *OR*=2.690, 95%*CI*: 1.058-6.844), married (compared with unmarried, *OR*=1.698, 95%*CI*: 1.003-2.875), CRF07_BC subtype (compared with CRF01_AE, *OR*=2.203, 95%*CI*: 1.426-3.404). The largest molecular cluster, CRF07_BC-1, consisted of 50 cases (including 21 cases confirmed in 2017 cases and 29 confirmed in 2018). Multivariate analysis showed that characteristics of unmarried (compared with married, *OR*=2.482, 95%*CI*: 1.140-5.402), gays (compared with heterosexual, *OR*=3.163, 95%*CI*: 1.543-6.483), cases with high-risk transmission (compared with other cases, *OR*=7.631, 95%*CI*: 1.783-32.654), confirmed in Nanhu and Pinghu districts of Jiaxing (compared with other districts, *OR*=2.225, 95%*CI*: 1.074-4.608) were risks for entering the largest molecular cluster. There were seven suspected high-risk transmission MSM in the largest molecular cluster. The first debut of homosexual behavior was from 2010 to 2018, and the median number of gay partners was 20 (P_{25}, P_{75}: 10, 100) within two years before being diagnosed. Six reported a recent history of looking for gay partners in an MSM dating place in Nanhu district. **Conclusions** The HIV-1 subtypes of newly confirmed HIV/AIDS were diverse, mainly sporadic in Jiaxing from 2017 to 2018. There were geographical aggregation characteristics and suspected some high-risk transmission cases, suggesting that rapid transmission and targeted intensive intervention are needed.

【**Key words**】 AIDS; Molecular epidemiology; Molecular transmission network; Transmission characteristics

Fund programs: Zhejiang Medical Health and Technology Discipline (2019RC292); Public Welfare Research Plan of Jiaxing (2020AY30022); National Science and Technology Major Project of China (2017ZX10201101)

嘉兴市自1998年发现首例HIV以来，一直保持低流行的艾滋病疫情[1]。近年来，嘉兴市确证HIV/AIDS例数出现快速增长。HIV传播依靠HIV/AIDS社交网络的接触，其网络的变动会影响HIV感染的流动方向[2]。分子传播网络分析为高风险人群的准确定位提供精准的生物学证据，但其揭示的传播关系需要结合现场流行病学调查进行验证[3]。本研究分析2017–2018年嘉兴市新确证HIV/AIDS的传播特征，筛选高传播风险HIV/AIDS和重点地区，为制定有效干预措施提供参考依据。

对象与方法

1. 研究对象：来源于艾滋病防治基本信息系统2017年1月1日至2018年12月31日新确证HIV/AIDS，现住址为嘉兴市，完成知情同意。排除精神或意识障碍者。本研究通过浙江省CDC伦理委员会的审查（批准文号：2018-033）。

2. 研究方法：

（1）HIV-1序列测定和分子网络构建：研究对象抗病毒治疗前首次CD4⁺T淋巴细胞计数（CD4）检测时留取全血6~8 ml，经离心分装–80 ℃保存。采用病毒RNA/DNA提取试剂盒（苏州天隆生物科技有限公司）提取RNA，采用RT-PCR和巢式PCR扩增HIV-1的*pol*区域基因蛋白酶和反转录酶区，扩增片段长度为1 316 bp。经电泳分析后，将含目的片段的产物交由杭州擎科梓熙生物技术有限公司进行纯化和测序。采用Sequencher 5.0软件对测

序获得的片段进行拼接整理，采用BioEdit 7.2.0软件将样本序列和国际参考序列（美国Los Alamos国家实验室HIV序列数据库）进行比对和校正。采用Mega 6.0软件构建Neighbor-Joining系统进化树（选择Kimura 2-jarameter模型，Boostrap=1 000），通过与国际参考株的聚类分析初步判定HIV-1基因亚型，判定标准为Boostrap值≥75%。采用HIV-1重组鉴定程序（recombinant identification program，RIP）分析重组类型，未能与已知HIV-1基因亚型和流行重组型（circulating recombinant form，CRF）聚类的序列考虑为独特重组型（unique recombinant form，URF）。使用Tamura-Nei93模型计算两两毒株序列间的基因遗传距离。根据不同基因距离与分子簇数量的关系曲线选择距离阈值，当分子簇数量达到峰值为最佳，再使用Cytoscape 3.6.0软件构建HIV-1分子传播网络图。网络中的节点连线的数量为度值，表示其在网络中的重要程度[4]，度值越大表示与越多人有推断的传播关系，传播风险可能越高。

（2）流行病学调查：在研究对象阳性告知时，开展流行病学专题调查，收集社会人口学特征、流动情况、HIV检测史、高危性行为发生情况、性伴情况等信息。根据分子网络初步分析结果，对疑似高传播风险HIV/AIDS及相关高危场所开展补充调查与现场核实。

（3）HIV感染特征的相关定义[5-6]：①新发感染：即最近1年内感染，在确证前1年的既往HIV检测阴性且HIV感染至确证时间的间隔<1年，或确证前1.5年的HIV检测阴性且最近1年发生高危性行为，或首次CD4≥500个/μl；②本地感染：本地发生高危性行为而感染HIV，或本地居住期间既往HIV检测结果阴性未在外地发生高危性行为，或在本地居住时间超过1年，本地发生高危性行为且判定为最近1年内感染；③疑似高传播风险HIV/AIDS：确证前2年内性伴数≥10的HIV/AIDS，其分子传播网络的度值≥4。

3. 统计学分析：采用EpiData 3.0软件录入数据和Excel 2016软件整理数据，采用SPSS 22.0软件进行统计学分析。符合正态分布的计量资料采用$\bar{x}\pm s$描述。计数资料单因素分析采用χ^2检验。HIV-1分子成簇的多因素分析采用logistic回归模型，逐步向前法筛选自变量，筛选标准为0.05。双侧检验，检验水准α=0.05。

结　　果

1. 基本特征：2017-2018年嘉兴市新确证749例HIV/AIDS，其中526例现住址为嘉兴市，获得517例的HIV-1序列（69.0%，517/749），现住址的分布为南湖区88例、秀洲区76例、嘉善县76例、海盐县54例、海宁市94例、平湖市47例和桐乡市82例。男性占81.6%（422/517），年龄25~59岁占75.2%（389/517），年龄范围为14~81岁，已婚占47.0%（243/517），初中及以下文化程度占72.1%（373/517），外地户籍占63.4%（328/517），异性性传播占57.6%（298/517），同性性传播占41.6%（215/517）。

新发感染占35.4%（183/517），本地感染的占45.6%（236/517），STD患病史占12.0%（62/517），确证前2年内性伴数≥4人的占32.9%（170/517），11例为疑似高传播风险HIV/AIDS，抗病毒治疗前首次CD4为200~500个/μl的占50.3%（260/517），病毒载量>50 000拷贝数/ml的占50.7%（262/517）。见表1。

2. 感染HIV/AIDS的HIV-1分子传播网络特征：

（1）HIV-1基因亚型：共检出15种HIV-1基因亚型，以CRF01_AE（37.1%，192例）、CRF07_BC（36.2%，187例）和CRF08_BC亚型（11.8%，61例）为主，其次为CRF85_BC（4.4%，23例）、B（3.1%，16例）、CRF55_01B（3.1%，16例）和CRF59_01B亚型（1.2%，6例），CRF67_01B亚型3例、C亚型2例、CRF65_cpx亚型2例、CRF62_BC亚型1例、CRF63_02A亚型1例、CRF68_01B亚型1例。另外还有CRF01_AE和CRF07_BC重组型5例、CRF01_AE和B重组型1例。见表1。

（2）分子簇：在基因距离阈值为1.0%时，分子簇总数达到峰值，构建分子传播网络共形成87个分子簇，总体入网率为45.8%（237/517）；根据簇内病例数确定分子簇的大小，其中最大分子簇包含50例HIV/AIDS，其他分子簇的病例数为2~17。成簇HIV/AIDS的HIV-1亚型主要为CRF07_BC（40.9%，97例）、CRF01_AE（31.2%，74例）和CRF08_BC（11.0%，26例），其他亚型包括CRF85_BC（8.4%，20例）、CRF55_01B（3.0%，7例）、B（2.5%，6例）、CRF59_01B（2.1%，5例）和CRF65_cpx（0.8%，2例）。见图1。单因素分析结果显示，成簇与非成簇HIV/AIDS在年龄分布、婚姻状况、文

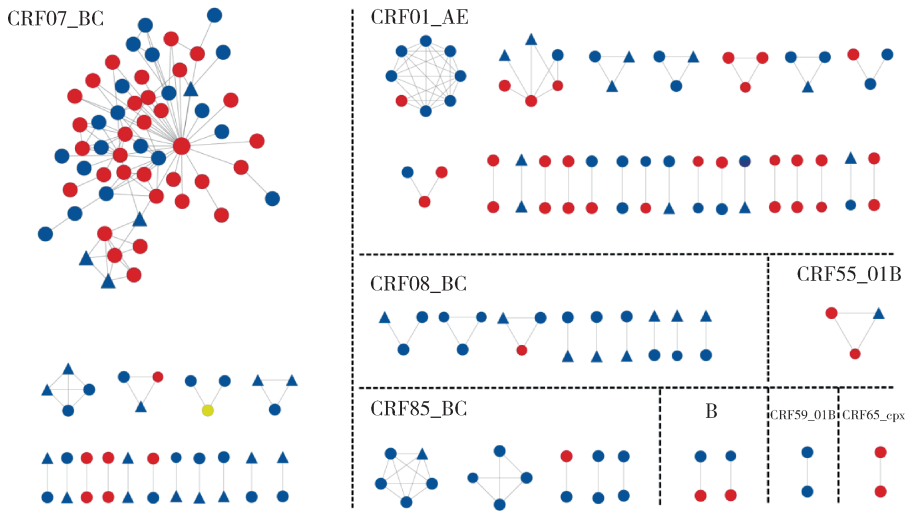
表1　2017-2018年嘉兴市新确证HIV/AIDS的HIV-1分子成簇特征

特　征	合计	分子成簇	无分子成簇	单因素分析		多因素分析	
				χ^2值	*P*值	*OR*值(95%*CI*)	*P*值
性别				0.109	0.741		
男	422(81.6)	192(81.0)	230(82.1)			-	-
女	95(18.4)	45(19.0)	50(17.9)			-	-
年龄组(岁)				16.062	0.001		
14~	76(14.7)	29(12.3)	47(16.8)			1.000	
25~	197(38.1)	84(35.4)	113(40.4)			0.941(0.504~1.984)	0.849
40~	192(37.1)	87(36.7)	105(37.5)			0.962(0.471~1.965)	0.916
60~81	52(10.1)	37(15.6)	15(5.3)			2.690(1.058~6.844)	0.038
婚姻状况				11.138	0.004		
未婚	162(31.3)	61(25.7)	101(36.1)			1.000	
已婚	243(47.0)	130(54.9)	113(40.3)			1.698(1.003~2.875)	0.049
离异/丧偶	112(21.7)	46(19.4)	66(23.6)			0.937(0.506~1.735)	0.836
文化程度				3.886	0.049		
初中及以下	373(72.1)	181(76.4)	192(68.6)			-	-
高中及以上	144(27.9)	56(23.6)	88(31.4)			-	-
户籍				16.794	<0.001		
外地	328(63.4)	128(54.0)	200(71.4)			-	-
嘉兴市	189(36.6)	109(46.0)	80(28.6)			-	-
感染途径				1.482	0.477		
异性性传播	298(57.6)	142(59.9)	156(55.7)			-	-
同性性传播	215(41.6)	94(39.7)	121(43.2)			-	-
其他	4(0.8)	1(0.4)	3(1.1)			-	-
新发感染				3.483	0.062		
是	183(35.4)	94 (39.7)	89(31.8)			-	-
否	334(64.6)	143(60.3)	191(68.2)			-	-
本地感染				13.604	<0.001		
是	236(45.6)	129(54.4)	107(38.2)			-	-
否	281(54.4)	108(45.6)	173(61.8)				
HIV-1亚型				8.271	0.041		
CRF01_AE	192(37.1)	74(31.2)	118(42.2)			1.000	
CRF07_BC	187(36.2)	97(40.9)	90(32.1)			2.203(1.426~3.404)	<0.001
CRF08_BC	61(11.8)	26(11.0)	35(12.5)			1.139(0.600~2.163)	0.691
其他	77(14.9)	40(16.9)	37(13.2)			2.018(1.146~3.552)	0.015
STD患病史				2.170	0.141		
是	62(12.0)	23(9.7)	39(13.9)			-	-
否	455(88.0)	214(90.3)	241(86.1)			-	-
确证前2年内性伴数(人)				5.025	0.025		
1~	347(67.1)	171(72.2)	176(62.9)			-	-
≥4	170(32.9)	66(27.8)	104(37.1)			-	-
抗病毒治疗前CD4值(个/μl)				2.073	0.355		
<200	92(17.8)	36(15.2)	56(20.0)			-	-
200~	260(50.3)	124(52.3)	136(48.6)			-	-
≥500	165(31.9)	77(32.5)	88(31.4)			-	-
抗病毒治疗前病毒载量值(拷贝数/ml)				0.234	0.890		
<10 000	99(19.1)	46(19.4)	53(18.9)			-	-
10 000~	156(30.2)	69(29.1)	87(31.1)			-	-
>50 000	262(50.7)	122(51.5)	140(50.0)			-	-

注:括号外数据为例数,括号内数据为构成比(%);-:未纳入多因素分析

化程度、户籍、感染地点、HIV-1亚型分布和确证前2年内性伴数等方面差异均有统计学意义($P<0.05$)。多因素logistic回归分析结果显示,60~81岁年龄组(与14~24岁年龄组比较,*OR*=2.690,95%*CI*:1.058~6.844),已婚(与未婚比较,*OR*=1.698,95%*CI*:1.003~2.875),CRF07_BC亚型(与CRF01_AE亚型比较,*OR*=2.203,95%*CI*:1.426~3.404)的HIV-1分子成簇风险较高。见表1。

3. 最大分子簇与其他簇比较:CRF07_BC-1分子簇由该亚型50例HIV/AIDS组成,占2017-2018年成簇病例数的21.1%(50/237)。该分子簇规模增长迅速,2018年新增29例,较2017年



注：▲女性的异性性传播；●男性的异性性传播；●同性性传播；●男性的静脉吸毒传播

图1　2017-2018年嘉兴市新确证HIV/AIDS的HIV-1分子传播网络图

的21例同比上升38.1%。与其他分子簇相比，CRF07_BC-1中经同性性传播感染的比例较高，为68.0%(34/50)，其他分子簇为32.1%(60/187)。

单因素分析结果显示，最大分子簇中，男性、青少年、未婚、性伴数≥4人、初中及以上文化程度、疑似高传播风险HIV/AIDS的比例均高于其他簇，差异有统计学意义(P<0.05)。多因素分析结果显示，HIV-1分子簇进入最大簇的危险因素包括未婚(与已婚相比，OR=2.482，95%CI：1.140~5.402)、同性性传播(与异性性传播比较，OR=3.163，95%CI：1.543~6.483)、疑似高传播风险HIV/AIDS(与其他HIV/AIDS比较，OR=7.631，95%CI：1.783~32.654)、确证地在南湖区/平湖市[与其他区(县)相比，OR=2.225，95%CI：1.074~4.608]。见表2。

流行病学调查结果显示，CRF07_BC-1分子簇中有7例为疑似高传播风险HIV/AIDS，均为同性性传播感染，年龄(44.1±11.0)岁，以嘉兴市户籍(4例)、无固定职业(6例)、初中及以下文化程度(7例)、未婚/离异/丧偶(5例)、居住在南湖区/平湖市(4例)为主；自我报告首次发生同性性行为时间范围为2010-2018年，确证前2年内同性性伴数M(P_{25}，P_{75})为20(10，100)人，抗病毒治疗前病毒载量值的均值为(341 269.6±567 738.8)拷贝数/ml。位于其他分子簇中的4例疑似高传播风险HIV/AIDS均为异性性传播，且确证前2年内同性性伴数M(P_{25}，P_{75})为2(2，4)人。CRF07_BC-1分子簇中，疑似高传播风险有6例报告最近曾经在南湖区某MSM交友场所寻找性伴，现场调查发现该场所的宣传教育和干预措施不足。

讨　论

基于分子传播网络分析和现场流行病学专题调查，根据研究对象入网情况、成簇特点、流行病学调查证据等，可在一定程度上反映社会网络间的真实传播关系。国外一些研究报道发现，利用HIV-1序列资源构建分子传播网络，实施有针对性的防控策略，有希望阻断艾滋病的流行[7-9]。国内基于分子簇的HIV-1传播网络研究尚处于初级阶段。嘉兴市自2017年开始在全国较早开展HIV分子诊断试点和HIV分子监测指导干预实践工作[10]。研究对象517例新确证HIV/AIDS，代表性较好(98.3%)，共发现15种HIV-1亚型，以CRF01_AE和CRF07_BC为优势流行株，与周边地区报告的毒株亚型构成相似[4,11-12]。既往在吸毒人群中流行的CFR07_BC和CRF01_AE已广泛扩散到性传播人群，已经成为我国HIV-1主要流行株[13-14]。

当基因距离阈值为1.0%时绘制HIV-1分子传播网络，嘉兴市HIV/AIDS的总体入网率为45.8%，共形成87个分子簇。分子簇内的HIV/AIDS以嘉兴市户籍为主，且新发感染和本地感染的比例较高。提示以本地新发感染为特征的活跃网络可能是造成嘉兴市艾滋病疫情近期快速上升的主要原因。近年来，我国新确证发现的老年HIV/AIDS逐年增多，且以男性为主[15]。本研究发现，60~81岁老年的HIV-1分子成簇风险较高，推测可能是老年人群艾滋病防治知识知晓率普遍不高，空闲时间增多，易在当地发生高危性行为，增加了HIV感染聚集的风险[16]。2017-2018年嘉兴市新确证HIV/

表 2　2017-2018 年嘉兴市新确证 HIV/AIDS 分子网络最大分子簇与其他分子簇特征及影响因素分析

特　征	合计	最大分子簇	其他分子簇	单因素分析		多因素分析	
				χ^2值	*P*值	*OR*值(95%*CI*)	*P*值
性别				4.973	0.026		
男	192(81.0)	46(92.0)	146(78.1)			-	-
女	45(19.0)	4(8.0)	41(21.9)			-	-
年龄组(岁)				9.703	0.021		
14~	29(12.2)	7(14.0)	22(11.8)			-	-
25~	84(35.4)	23(46.0)	61(32.6)			-	-
40~	87(36.7)	19(38.0)	68(36.4)			-	-
60~81	37(15.6)	1(2.0)	36(19.2)			-	-
婚姻状况				11.556	0.003		
已婚	130(54.9)	19(38.0)	111(59.3)			1.000	
离异/丧偶	46(19.4)	9(18.0)	37(19.8)			0.866(0.315~2.385)	0.781
未婚	61(25.7)	22(44.0)	39(20.9)			2.482(1.140~5.402)	0.022
性伴数(人)				10.380	0.001		
1~	167(70.5)	26(52.0)	141(75.4)			-	-
≥4	70(29.5)	24(48.0)	46(24.6)			-	-
感染途径				21.339	<0.001		
异性性传播	142(59.9)	16(32.0)	126(67.4)			1.000	
同性性传播	94(39.7)	34(68.0)	60(32.1)			3.163(1.543~6.483)	0.002
其他	1(0.4)	0(0.0)	1(0.5)			0.000	1.000
文化程度				5.375	0.020		
初中及以下	181(76.3)	32(64.0)	149(79.7)			-	-
高中及以上	56(23.6)	18(36.0)	38(20.3)			-	-
疑似高传播风险 HIV/AIDS				12.540	<0.001		
否	226(95.5)	43(86.0)	183(97.9)			1.000	
是	11(4.5)	7(14.0)	4(2.1)			7.631(1.783~32.654)	0.006
确证地				8.745	0.003		
其他区(县)	172(72.6)	28(56.0)	144(77.0)			1.000	
南湖区/平湖市	65(27.4)	22(44.0)	43(23.0)			2.225(1.074~4.608)	0.031

注:括号外数据为例数,括号内数据为构成比(%);-:未纳入多因素分析

AIDS 中,虽然 CRF01_AE 亚型多于 CFR07_BC 亚型,但其成簇风险低于 CFR07_BC 亚型,可能与成簇 HIV/AIDS 的传播模式有关,CRF07_BC 亚型中 MSM 比例较高(52.4%),且其为高度值(度值≥4)的风险是 CRF01_AE 亚型中 MSM 病例的 5.9 倍,推测同性性传播的感染特征可能导致 CRF07_BC 亚型的快速传播和聚集成簇[17-18]。

在组成传播网络的 87 个分子簇中,发现一个最大分子簇 CFR07_BC-1,且该分子簇的规模和增长速度均高于其他分子簇。CFR07_BC-1 分子簇的流行特征以 MSM 为主,年龄结构较年轻,未婚和初中及以上文化程度比例较高,呈局部区(县)的聚集性。CRF07_BC-1 分子簇中还有 7 例疑似高传播风险 MSM,多数无固定职业,且在本地活跃时间较长,性伴数较多,偏好线下交友,其中有 6 例通过南湖区某 MSM 交友活动场所寻找性伴。推测疑似高传播风险 HIV/AIDS 以该 MSM 交友场所为媒介传播 HIV,形成跨区(县)的流行。

本研究存在不足。研究对象为新确证 HIV/AIDS,时效性较传播簇的发展有一定的滞后;感染相关信息为可能存在信息偏倚;现有数据缺乏对潜在性伴和风险网络特征分析,部分 HIV/AIDS 之间关系尚待进一步确认。

综上所述,2017-2018 年嘉兴市新确证 HIV/AIDS 的 HIV-1 亚型多样,以散发为主,存在地理聚集性和一定数量的疑似高传播风险 HIV/AIDS,呈现快速传播现象,需开展针对性强化干预,一是加强 HIV/AIDS 聚集地区和 MSM 交友场所的重点干预,提高 HIV 检测率;二是进一步开展对分子簇内 HIV 溯源调查和分类管理,探索风险网络干预。

利益冲突　所有作者均声明不存在利益冲突

参 考 文 献

[1] 葛锐, 胡洁, 张倩倩, 等. 嘉兴市HIV/AIDS病人生存时间及影响因素分析[J]. 中国艾滋病性病, 2018, 24(10): 1001-1003. DOI:10.13419/j.cnki.aids.2018.10.11.
Ge R, Hu J, Zhang QQ, et al. Survival time of HIV/AIDS patients and influencing factors in Jiaxing[J]. Chin J AIDS STD, 2018, 24(10): 1001-1003. DOI: 10.13419/j. cnki. aids.2018.10.11.

[2] Adams J, Moody J, Morris M. Sex, drugs, and race: how behaviors differentially contribute to the sexually transmitted infection risk network structure[J]. Am J Public Health, 2013, 103(2): 322-329. DOI: 10.2105/AJPH.2012.300908.

[3] Kandathil AJ, Ramalingam S, Kannangai R, et al. Molecular epidemiology of HIV[J]. Indian J Med Res, 2005, 121(4): 333-344.

[4] 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.

[5] 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.

[6] Oster AM, Wertheim JO, Hernandez AL, et al. Using molecular HIV surveillance data to understand transmission between subpopulations in the United States [J]. J Acquir Immune Defic Syndr, 2015, 70(4): 444-451. DOI:10.1097/QAI.0000000000000809.

[7] 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.

[8] Kang RH, Li JJ, Chen HH, et al. Using longitudinal genetic-network study to understand HIV treatment-as-prevention[J]. AIDS, 2021, 35(6): 947-955. DOI: 10.1097/QAD.0000000000002812.

[9] Campbell EM, Jia H, Shankar A, et al. Detailed transmission network analysis of a large opiate-driven outbreak of HIV Infection in the United States[J]. J Infect Dis, 2017, 216(9):1053-1062. DOI:10.1093/infdis/jix307.

[10] 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.

[11] 吴晓芳, 金玫华, 查赟峰, 等. 湖州市HIV-1流行毒株*gag*基因序列测定和亚型分析[J]. 中华实验和临床病毒学杂志, 2014, 28(2):144. DOI:10.3760/cma.j.issn.1003-9279.2014.02.024.
Wu XF, Jin MH, Zha YF, et al. Subtype and sequence analysis of *gag* genes among HIV-1 strains circulating in Huzhou City[J]. Chin J Exp Clin Virol, 2014, 28(2): 144. DOI:10.3760/cma.j.issn.1003-9279.2014.02.024.

[12] Meng ZF, Xin RL, Zhong P, et al. A new migration map of HIV-1 CRF07_BC in China: analysis of sequences from 12 provinces over a decade[J]. PLoS One, 2012, 7(12): e52373. DOI:10.1371/journal.pone.0052373.

[13] He X, Xing H, Ruan YH, et al. A comprehensive mapping of HIV-1 genotypes in various risk groups and regions across China based on a nationwide molecular epidemiologic survey[J]. PLoS One, 2012, 7(10): e47289. DOI:10.1371/journal.pone.0047289.

[14] 汪宁, 钟平. 中国HIV分子流行病学30年[J]. 中华流行病学杂志, 2015, 36(6): 541-546. DOI: 10.3760/cma. j. issn. 0254-6450.2015.06.001.
Wang N, Zhong P. Molecular epidemiology of HIV in China: 1985-2015[J]. Chin J Epidemiol, 2015, 36(6): 541-546. DOI:10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2015.06.001.

[15] 王丽艳, 秦倩倩, 葛琳, 等. 我国50岁及以上艾滋病病毒感染者/艾滋病患者特征分析[J]. 中华流行病学杂志, 2016, 37(2):222-226. DOI:10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2016.02.015.
Wang LY, Qin QQ, Ge L, et al. Characteristics of HIV infections among over 50-year-olds population in China [J]. Chin J Epidemiol, 2016, 37(2):222-226. DOI:10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2016.02.015.

[16] 王飞, 张庆梅, 王富良, 等. 杭州市萧山区男性中老年人群HIV感染因素分析[J]. 国际流行病学传染病学杂志, 2021, 48(2):137-141. DOI:10.3760/cma.j.cn331340-20200730-00237.
Wang F, Zhang QM, Wang FL, et al. Factors associated with HIV infection among middle-aged and elderly men in Xiaoshan district, Haugzhou[J]. Int J Epidemiol Infect Dis, 2021, 48(2): 137-141. DOI: 10.3760/cma. j. cn331340-20200730-00237.

[17] 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.

[18] Fan Q, Zhang JF, Luo MY, et al. Analysis of the driving factors of active and rapid growth clusters among CRF07_BC-infected patients in a developed area in Eastern China[J]. Open Forum Infect Dis, 2021, 8(3): ofab051. DOI:10.1093/ofid/ofab051.