

全球及我国艾滋病疫情估计工作回顾

陈方方 汤后林 李东民 吕繁

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,北京 102206

通信作者:吕繁,Email: fanlv@chinaaids.cn

【摘要】 由于艾滋病的隐匿性、艾滋病高危人群的特殊性、社会歧视的客观存在和艾滋病防控意识的淡薄等,使 HIV 感染者不易被及时检测和诊断。目前尚无法通过常规监测方法快速、准确地掌握艾滋病流行的整体情况,因此,需要通过估计和预测模型进行测量。在全球艾滋病监测领域,疫情估计始终是不可或缺的重要组成。几乎与最早发现艾滋病的时间同步,科学家们便开始了对艾滋病疫情估计和预测模型的研究。本文回顾和梳理全球和我国艾滋病疫情估计工作的发展历程,进一步理解疫情估计工作和方法变迁,为未来工作提供参考依据。

【关键词】 艾滋病病毒/艾滋病; 疫情估计; 回顾

A review of global and domestic HIV epidemic estimation

Chen Fangfang, Tang Houlin, Li Dongmin, Lyu Fan

Division of Epidemiology, National Center for AIDS/STD Control and Prevention, Chinese Center for Disease Control and Prevention, Beijing 102206, China

Corresponding author: Lyu Fan, Email: fanlv@chinaaids.cn

【Abstract】 Due to the latent characteristics of HIV infection, exceptionality of HIV high-risk population, social discrimination and insufficient awareness of AIDS prevention, timely testing and diagnosis of HIV infection is still a challenge worldwide. Until recently, it is difficult to exactly understand the overall HIV epidemic only using routine surveillance data. Therefore, epidemiological and statistical modeling is widely used to address this issue. Almost at the same time when AIDS was firstly discovered firstly, scientists also began to study the methods for the estimation and prediction of HIV infection epidemic. This article summarizes the development of global and domestic HIV epidemic estimation for the further understanding of its current performance and methods applied to provide reference for the future work.

【Key words】 HIV/AIDS; Epidemic estimation; Review

自 20 世纪 80 年代发现首例病例以来,艾滋病一直是国际社会关注的焦点。作为一项重大公共卫生问题,未来的艾滋病流行趋势存在着诸多不确定性,这种不确定性在一定程度上归因于艾滋病的隐匿性,即当人体感染 HIV 后,通常不会立即发病,需要经过较长潜伏期,这就使得相当数量的 HIV 感染者在短期内不易被发现。实验室检测目前仍是诊断或确证 HIV 感染的唯一方法。注射吸毒人群、

男男性行为人群(MSM)、暗娼和嫖客等艾滋病高危人群的特殊性、社会歧视的客观存在以及艾滋病防控意识的淡薄,使得高危人群的 HIV 主动检测意识较低,而不能及时检测和诊断。目前尚无法通过常规监测方法快速、准确掌握艾滋病流行整体情况,需要借助估计和预测模型进行测量。本文回顾和梳理全球和我国艾滋病疫情估计工作发展历程,进一步理解疫情估计工作和方法变迁,为未来工作提

DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20210827-00687

收稿日期 2021-08-27 本文编辑 斗智

引用格式:陈方方,汤后林,李东民,等.全球及我国艾滋病疫情估计工作回顾[J].中华流行病学杂志,2022,43(1):118-122. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20210827-00687.

Chen FF, Tang HL, Li DM, et al. A review of global and domestic HIV epidemic estimation[J]. Chin J Epidemiol, 2022, 43(1):118-122. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20210827-00687.



供参考依据。

一、艾滋病疫情估计的含义

艾滋病疫情估计是通过广泛收集和综合利用艾滋病监测及其相关方面的多种来源数据(如病例报告、哨点监测、专题流行病学调查等),对目标区域的艾滋病流行现状和未来趋势进行全面、系统地评估和研判,从而了解当地艾滋病疾病负担,分析传染源管理、抗病毒治疗、行为干预等卫生服务需求,为评价防治效果、制定防治策略及规划提供重要依据^[1-2]。在全球艾滋病监测领域,疫情估计始终是不可或缺的重要组成,常用于衡量艾滋病流行的疫情估计指标有存活 HIV/AIDS 人数、HIV 新发感染人数和艾滋病死亡人数。

二、全球艾滋病疫情估计工作过程和方法变迁

与艾滋病的发现时间几乎同步,科学家们便开始了艾滋病疫情估计和预测模型的研究。40 年来,这项工作得到很大发展,从最初以病例报告数为基础、附以延迟报告信息调整的简易模型,发展为考虑流行水平的地域差异和传播风险的人群差异,以及 HIV 生物学和流行病学特征的复杂模型^[3]。本文仅对联合国艾滋病规划署(UNAIDS)和 WHO 开展的全球艾滋病疫情估计工作过程和方法进行梳理^[4]。

1. 全球疫情估计工作过程发展:20 世纪 90 年代,WHO 全球艾滋病项目开发了最早的估计方法和工具(Epimodel)^[5],并发布首个以国家为基本估计单位的全球艾滋病疫情估计报告^[6]。90 年代后期,联合国艾滋病规划署(UNAIDS)在日内瓦成立工作小组,根据现有流行病学资料对艾滋病流行态势进行估计。因资料主要来自小范围调查,地域和人群代表性不足,限制了估计结果的外推。一些资料相对缺乏地区的疫情只能借用其他地区数据估计。尽管如此,这一估计结果仍被广泛用于全球艾滋病行动实践,以更好了解艾滋病在全球疾病负担和公共卫生中的重要性^[7]。1999 年 UNAIDS 筹备成立专家顾问组(UNAIDS Reference Group),作为全球艾滋病疫情估计的核心专家团队,汇集相关领域专家(数学建模专家、国家项目管理者、监测评估专家、人口统计学家和大型队列调查研究人员)的智慧和建议,围绕模型框架、统计假设、参数设置等定期研讨,通过回顾整理最新科学证据,更新专业认识,多次进行模型修订^[8]。

随着各国对疫情估计工作本土化需求的增加,2003 年 UNAIDS 在 8 个国家(津巴布韦、贝宁、泰

国、危地马拉、牙买加、克罗地亚、突尼斯和埃及)分区域举办了全球艾滋病疫情估计能力建设培训暨研讨会,学员覆盖全球 131 个国家。随后,各国艾滋病疫情估计工作组逐步采用 UNAIDS 推荐的、符合当地流行特点的估计方法,对本国疫情进行估计。此后,区域能力建设研讨会每两年举办 1 次。期间,根据部分国家的自身实际需要,如在省级及以下地区开展疫情估计,针对性增设培训和技术支持活动。

鉴于艾滋病防治过程中对实时信息的需求日益提高,2013 年起 UNAIDS 全球疫情估计工作频率由每两年 1 次增加为每年 1 次,便于快速了解各国的母婴阻断和抗病毒治疗等项目扩大化对全球艾滋病流行的影响。

2. 全球艾滋病疫情估计方法:在全球疫情估计工作过程中,专家顾问组通过识别和研判影响拟合结果质量的关键问题,对估计工具和软件不断优化。1997 年 UNAIDS 首次全球疫情估计时采用由全球艾滋病项目开发的 Epimodel 软件,该软件通过手动调整模型参数,使估计结果与当地常规监测观察到的艾滋病流行趋势相吻合。为简便操作,1999 年 UNAIDS 以 Epimodel 的伽马函数为基础开发出自动拟合软件包,用于当年全球疫情估计。实际应用中逐渐发现,拟合曲线的感染率达到峰值后快速下降,难以维持在较高水平^[9]。

2001 年早期,专家顾问组召集举办模型专题研讨会,通过综合不同模型的优点,开发了以流行病学特征为主导的 UNAIDS 专家顾问组模型(UNAIDS Reference Group Model)^[8]。随后,专家顾问组模型被整合到 EPP 软件(Epidemic Projection Package)中,成为 EPP 软件的模型之一,即经典 EPP 模型(EPP Classic)^[10]。

最初的 EPP 软件分城乡录入数据,最终拟合为整体流行曲线,因此,在 2001 年全球疫情估计中主要用于艾滋病广泛流行地区(generalized epidemics);同期,低流行地区和聚集性流行地区(low-level and concentrated epidemics)则使用基于 Excel 软件的 Workbook 工作簿法。后者较为简易,基础数据为艾滋病高危人群规模及其 HIV 感染率,并可根据简单双 logistic 曲线预测流行趋势。2002 年,在城乡划分的基础上,EPP 软件在流行框架设置中又添加了分地区、人群的功能,使软件应用范围进一步扩大到低流行和聚集性流行地区。EPP 软件 2002 版本和 Workbook 工作簿法共同用于

2003 年全球估计^[11]。

目前 UNAIDS 广泛用于全球估计的 Spectrum 软件,是一个以人口预测为核心的组合政策软件,包括人口预测(DemProj)基础模块,以及用于艾滋病、妇幼保健、其他疾病(疟疾、慢性非传染性疾病、结核病、性传播疾病)趋势变化估计、预测和政策影响的功能模块。在艾滋病疫情估计和预测时,使用的是人口预测基础模块和艾滋病影响(AIDS impact model, AIM)模块。人口预测模块及功能开发始于 19 世纪 80 年代,90 年代加入 AIM 模块后开始应用于艾滋病疫情估计领域^[12]。人口预测模块的背景人口数据来自 2003 年以来的联合国世界人口展望报告。AIM 模块整合了多种 HIV 发病率拟合方法(如, EPP、AIDS Epidemic Model、Case Surveillance and Vital Registration、Fit to Mortality、ECDC 等),最主要的是 EPP 软件。2001 年 EPP 软件开始被纳入 AIM 模块,最初直接将 EPP 感染率拟合结果输出到 Spectrum 软件中,2009 年后改为输出 EPP 发病率拟合结果。待 AIM 模块将 EPP 发病率拟合结果输出到 Spectrum 软件后,上述发病率结果进一步在 Spectrum 软件中按性别、年龄分层,同时结合人口学和流行病学信息(疾病进展、死亡、二代传播等)、考虑抗病毒治疗和母婴阻断项目的影响,最终获得一系列结果指标(如,存活 HIV/AIDS 人数、HIV 新发感染人数、艾滋病死亡人数、母婴阻断和抗病毒治疗需求数以及艾滋病受累孤儿数)。这些结果指标在全球艾滋病领域中被用于估计、预测资源和基本设施需求,并审视政策实施效果。Spectrum 软件在使用中持续完善,其中的疾病进展参数最初为 HIV 感染到艾滋病阶段,2003 年改为 HIV 感染到艾滋病死亡^[12],2012 年根据 HIV 感染后的年均 CD4⁺T 淋巴细胞(CD4)变化和不同 CD4 计数水平死亡率,构建 HIV 疾病进展的仓室模型,用于成年 HIV 感染者估计^[10];2015 年该思路被用于儿童感染者估计;为扩大模型的地区适用范围,满足 HIV 感染率数据缺乏地区开展疫情估计工作的需要, Spectrum 软件的 AIM 模块还增加了病例报告数、死亡登记数拟合发病率趋势的方法,如 Case Surveillance and Vital Registration、Fit to Mortality 法^[13];录入数据的监测人群年龄范围从 15~49 岁扩大到 >15 岁^[14]。

除 UNAIDS、WHO 推荐的主流方法外,一些国家在不同时期还尝试使用专家咨询法、反向计算法(Back-calculation)、艾滋病流行模型(AIDS

Epidemic Model, AEM)、南非 Thembisa 模型等方法^[15]。其中,较常见的有反向计算法和 AEM 法。反向计算法主要应用在病例报告系统较完备、潜伏期信息可及的发达国家应用,最初用于 HIV 流行早期,以自然感染状态下 HIV 感染到艾滋病期的时间作为潜伏期,使用每年报告艾滋病病例数回顾性推算既往每年的 HIV 新发感染人数。随着抗病毒治疗的广泛应用,上述潜伏期估算方式已不再适用^[16]。从 21 世纪初开始,研究者尝试通过补充生物学检测等信息衍生出反向计算法的多种改良版本^[17-18]。AEM 法最初是基于亚洲地区艾滋病高危人群为主要驱动因素的艾滋病传播流行模式而研发,适用于艾滋病聚集性流行地区^[19]。因其所需基础数据涉及较多的行为学指标,不易收集,使用范围受限。2018 年全球疫情估计中,有 11 个国家提交了基于 AEM 模型的估计结果^[20]。

疫情估计方法的发展是一个持续完善的过程。根据基础数据类型,上述方法大体归为以 HIV 感染率数据为基础和以病例报告数据为基础的两类,前一类方法关注收集的感染率数据是否与所估计的目标人群 HIV 感染风险相匹配;后一类方法关注所估计的目标地区艾滋病病例报告系统是否健全、HIV 检测覆盖人群是否全面。

三、我国艾滋病疫情估计工作实践

我国的艾滋病疫情估计工作最早开始于 1993 年,在估计方法和工作过程上基本同步于 UNAIDS 和 WHO 倡导的国际通用方法和工作频率,同时在应用过程中对方法改进做出了贡献。

1998 年以前我国主要采用专家咨询法、Epimodel 法和按比例增加法,根据病例报告资料对疫情进行估计。1998 年起改用组分法和专家咨询法^[21],根据哨点监测、病例报告等监测信息和专题调查数据,分省研判,将分省估计结果汇总为全国估计结果。当时的工作成果主要作为政府评估艾滋病流行风险、社会动员及制定防治规划的内部参考。

2003 年是我国第一次较全面、系统地使用当时 UNAIDS 和 WHO 推荐的 Workbook 工作簿法开展全国范围艾滋病疫情估计。根据中国艾滋病聚集性流行的特点,我国在艾滋病疫情估计工作中开创性提出并使用了“高危人群性伴法”来估计一般人群中感染 HIV 的人数^[22],该方法对估计全球艾滋病高危人群中 HIV 感染者人数产生了重要影响。这一思路也被沿用到后来的艾滋病疫情估计中。随

着监测数据的日益丰富、监测质量的日渐提高,我国的艾滋病疫情估计工作从 2003 年以省级为基本估计单位,2005 年开始以地(市)级为基本估计单位(艾滋病流行相对严重省份以区/县级为基本估计单位)^[23]。2009 年和 2011 年全国疫情估计工作中,除继续以 Workbook 工作簿法作为基本估计方法外,还尝试使用 4 种方法(EPP/Spectrum 法、死因构成推算法、病例报告漏报比例推算法和病例报告死亡存活比例推算法)在全国水平对 HIV 新发感染人数和艾滋病死亡人数进行估计、验证。与此同时,我国在部分地区也开始了 EPP 和 AEM 等模型的试点工作。2005 年全国艾滋病疫情估计结果,经过国内外艾滋病监测领域专家的共同协作和科学论证,基本澄清了当时外界对我国艾滋病疫情的错误认识^[24]。

2013–2017 年, EPP/Spectrum 方法在我国的测试和推广范围不断扩大,与 Workbook 工作簿法共同用于全国和各地存活 HIV/AIDS 人数、HIV 新发感染人数及艾滋病死亡数的估计。此时,国家疫情估计工作组还探索性开展了该方法部分参数的本土化改造工作,初步形成了各省份使用 EPP/Spectrum 开展估计的工作思路以及参数测算的准备工作。2018 年,我国正式启用 EPP/Spectrum 方法作为主要估计方法,以省级为基本估计单位,估计频次也由原来的每两年 1 次改为每年 1 次。每年估计以前期工作为基础,同时配套发布当年疫情估计工作方案、数据收集指南和方法使用指南,根据我国艾滋病流行特征、病程发展、治疗质量等具体情况,进行模型本土化改造,包括设定各省流行框架,利用中国本土化数据代替模型设定参数,如在流行框架中增加既往采供血人群,模型默认的年龄范围 15~49 岁改为 ≥ 15 岁;使用我国调查数据计算 CD4 进展参数和死亡参数,使模型更符合我国艾滋病流行特点^[1]。这一本土化方案是对 Spectrum 模型在实践应用方面的发展和完善,更赢得了全球范围和亚洲地区同行的肯定和赞扬。2018 年艾滋病疫情估计我国存活 HIV/AIDS 人数约 125 万(110 万~140 万)^[1],这一结果得到国际专家和国内同行广泛认同,国家卫生健康委员会组织新闻发布会向全球发布该结果^[25]。2019–2020 年我国在以省级为基本估计单位开展疫情估计的同时,还根据疫情流行特征增加了分片区的估计模式,对估计结果平行验证,进一步提高估计结果的可靠性。

此外,国内一些高校和科研机构也利用传染病

动力学模型、基于 CD4 的反向推算法等统计模型对局部地区艾滋病疫情进行估计和预测^[26–28]。

四、总结

艾滋病疫情估计工作是伴随全球艾滋病监测工作发展的,随着数据、监测系统的不断完善和需求增加而推进的。在全球范围和我国艾滋病流行和防治效果评估中,疫情估计一直是重要的数据来源,如 UNAIDS 的全球“三个 90%”目标、我国艾滋病“十三五行动计划”评估等。相关工作产出主要用于艾滋病流行形势研判、防治效果评价及资源优化配置,为制定艾滋病防治策略、实施配套措施提供科学参考。尽管很多方法应用于疫情估计研究、实践领域,但至今尚未有一种“金标准”方法,不同方法各有优缺点和模型假设,且一些假设在现实中又往往难以直接观察和验证^[17]。因此,开展艾滋病疫情估计工作,根据病例报告、哨点监测、项目数据、人口死亡登记数据和 HIV 检测信息等多种数据来源而采用多种方法,有助于减少估计结果的不确定性,从而实现对艾滋病流行和防治效果的客观评价。

我国艾滋病疫情估计工作,一直立足于艾滋病防治具体实践,在学习和借鉴国际经验的基础上,不断进行本土化改造。开展 HIV 感染率、人群规模等常规监测和流行病学专题调查,使用的数据更加全面,估计过程逐步规范,估计结果为科学研判我国艾滋病流行形势、制定防治策略提供了重要依据,估计过程和方法为全球艾滋病疫情估计提供了中国经验。在国家进一步解放思想和实事求是的大背景下,我国的艾滋病疫情估计经历了从经验估计到循证估计、从引进学习经验到贡献中国智慧、从内部参考到面向国际的不断发展和完善的过程。随着我国信息化发展和艾滋病流行形势与特征的变化,未来的疫情估计工作将在大数据应用、新模型开发方面有更多创新。随着艾滋病病原学、血清学、行为学和社会学等相关研究的发展和学科融合、各类研究和监测资料的日益丰富,艾滋病疫情估计方法将进一步得到发展和完善。

利益冲突 所有作者声明无利益冲突

致谢 向参与、支持和帮助全国艾滋病疫情估计工作的国内外机构、科研院所、各级领导和专家表示诚挚感谢!感谢联合国艾滋病规划署驻华代表处郭巍博士、中国疾病预防控制中心性病艾滋病预防控制中心曲书泉研究员提出的宝贵建议

作者贡献声明 陈方方:研究构思、文献检索、文章撰写和修改;汤后林、李东民:文章撰写和修改;吕繁:研究指导、文章撰写和修改

参 考 文 献

- [1] 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.
- [2] 查干花, 吕繁. HIV/AIDS 疫情估计与预测方法[J]. 华南预防医学, 2006, 32(3):23-27. DOI:10.3969/j.issn.1671-5039.2006.03.007.
Zha GH, Lyu F. Methods of estimating and projecting the HIV/AIDS epidemic[J]. South China J Prev Med, 2006, 32(3):23-27. DOI:10.3969/j.issn.1671-5039.2006.03.007.
- [3] Chin J, Lwanga SK. Estimation and projection of adult AIDS cases:a simple epidemiological model[J]. Bull World Health Organ, 1991, 69(4):399-406.
- [4] Mahy M, Brown T, Stover J, et al. Producing HIV estimates: from global advocacy to country planning and impact measurement[J]. Glob Health Action, 2017, 10 Suppl 1: 1291169. DOI:10.1080/16549716.2017.1291169.
- [5] Chin J. Global estimates of HIV infections and AIDS cases: 1991[J]. AIDS, 1991, 5 Suppl 2: S57-61. DOI: 10.1097/00002030-199101001-00009.
- [6] Burton AH, Mertens TE. Provisional country estimates of prevalent adult human immunodeficiency virus infections as of end 1994:a description of the methods[J]. Int J Epidemiol, 1998, 27(1):101-107. DOI:10.1093/ije/27.1.101.
- [7] McNeil DG. The nation:no limit, writing the bill for global AIDS[EB/OL]. (2000-07-02) [2021-08-20]. <http://www.nytimes.com/2000/07/02/weekinreview/the-nation-no-limit-writing-the-bill-for-global-aids.html>.
- [8] UNAIDS Reference Group on Estimates, Modelling and Projection. Improved methods and assumptions for estimation of the HIV/AIDS epidemic and its impact: recommendations of the UNAIDS Reference Group on Estimates, Modelling and Projections[J]. AIDS, 2002, 16(9):W1-14. DOI:10.1097/00002030-200206140-00024.
- [9] Salomon JA, Murray CJ. Modelling HIV/AIDS epidemics in sub-Saharan Africa using seroprevalence data from antenatal clinics[J]. Bull World Health Organ, 2001, 79(7): 596-607.
- [10] Stover J, Brown T, Marston M. Updates to the Spectrum/Estimation and Projection Package (EPP) model to estimate HIV trends for adults and children[J]. Sex Transm Infect, 2012, 88 Suppl 2: i11-16. DOI: 10.1136/sextrans-2012-050640.
- [11] Ghys PD, Brown T, Grassly NC, et al. The UNAIDS Estimation and Projection Package:a software package to estimate and project national HIV epidemics[J]. Sex Transm Infect, 2004, 80 Suppl 1: i5-9. DOI: 10.1136/sti.2004.010199.
- [12] Stover J. Projecting the demographic consequences of adult HIV prevalence trends: the Spectrum Projection Package[J]. Sex Transm Infect, 2004, 80 Suppl 1: i14-18. DOI:10.1136/sti.2004.010157.
- [13] Mahiane SG, Marsh K, Grantham K, et al. Improvements in Spectrum's fit to program data tool[J]. AIDS, 2017, 31 Suppl 1:S23-30. DOI:10.1097/QAD.0000000000001359.
- [14] Stover J, Brown T, Puckett R, et al. Updates to the Spectrum/Estimations and Projections Package model for estimating trends and current values for key HIV indicators[J]. AIDS, 2017, 31 Suppl 1:S5-11. DOI:10.1097/QAD.0000000000001322.
- [15] Johnson LF, Chiu C, Myer L, et al. Prospects for HIV control in South Africa: a model-based analysis[J]. Glob Health Action, 2016, 9(1): 30314. DOI: 10.3402/gha.v9.30314. eCollection2016.
- [16] The Antiretroviral Therapy Cohort Collaboration. Life expectancy of individuals on combination antiretroviral therapy in high-income countries:a collaborative analysis of 14 cohort studies[J]. Lancet, 2008, 372(9635):293-299. DOI:10.1016/S0140-6736(08)61113-7.
- [17] Working Group on Estimation of HIV Prevalence in Europe. HIV in hiding:methods and data requirements for the estimation of the number of people living with undiagnosed HIV[J]. AIDS, 2011, 25(8): 1017-1023. DOI: 10.1097/QAD.0b013e3283467087.
- [18] Fellows IE, Morris M, Birnbaum JK, et al. A new method for estimating the number of undiagnosed HIV infected based on HIV testing history, with an application to men who have sex with men in Seattle/King County, WA[J]. PLoS One, 2015, 10(7): e0129551. DOI:10.1371/journal.pone.0129551.
- [19] Brown T, Peerapatanapokin W. The Asian Epidemic Model: a process model for exploring HIV policy and programme alternatives in Asia[J]. Sex Transm Infect, 2004, 80 Suppl 1:i19-24. DOI:10.1136/sti.2004.010165.
- [20] Brown T, Peerapatanapokin W. Evolving HIV epidemics: the urgent need to refocus on populations with risk[J]. Curr Opin HIV AIDS, 2019, 14(5):337-353. DOI:10.1097/COH.0000000000000571.
- [21] 郑锡文. 我国艾滋病流行病学监测现状[J]. 中华医学信息导报, 2001, 16(19):7-9.
Zheng XW. Situation of China HIV/AIDS epidemiological surveillance[J]. Chin Med News, 2001, 16(19):7-9.
- [22] 王陇德. 艾滋病学[M]. 北京:北京出版社, 2009:731.
Wang LD. AIDS[M]. Beijing: Beijing Publishing House, 2009:731.
- [23] 王丽艳, 汪宁, 王璐. 估计艾滋病感染状况的工作簿法(Workbook方法)—适用于艾滋病处于低流行和聚集流行的地区[J]. 中国艾滋病性病, 2009, 15(2):180-182.
Wang LY, Wang N, Wang L. Workbook method for HIV estimates in low-level or concentrated epidemics[J]. Chin J AIDS STD, 2009, 15(2):180-182.
- [24] Lu F, Wang N, Wu Z, et al. Estimating the number of people at risk for and living with HIV in China in 2005: methods and results[J]. Sex Transm Infect, 2006, 82 Suppl 3:iii87-91. DOI:10.1136/sti.2006.020404.
- [25] 中国疾病预防控制中心. 我国艾滋病疫情处于低流行状态[EB/OL]. (2018-11-23) [2021-08-20]. <https://baijiahao.baidu.com/s?id=1617936392900118578&wfr=spider&for=pc>.
Chinese Center for Disease Control and Prevention. The AIDS epidemic in China is at a low level [EB/OL]. (2018-11-23) [2021-08-20]. <https://baijiahao.baidu.com/s?id=1617936392900118578&wfr=spider&for=pc>.
- [26] 徐勇, 张磊, 凌莉. 应用传染病动力学模型估计我国吸毒人群 HIV 年发病率[J]. 中华疾病控制杂志, 2016, 20(3): 215-219. DOI:10.16462/j.cnki.zhjbkz.2016.03.001.
Xu Y, Zhang L, Ling L. Using a transmission dynamic model to estimate annual HIV incidence rate among drug users in China[J]. Chin J Dis Control Prev, 2016, 20(3): 215-219. DOI:10.16462/j.cnki.zhjbkz.2016.03.001.
- [27] 唐林, 孙坤, 陈方方, 等. 艾滋病疫情估计与预测方法研究进展[J]. 中华流行病学杂志, 2019, 40(6):731-738. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2019.06.024.
Tang L, Sun K, Chen FF, et al. Progress on estimation and projection of HIV epidemics[J]. Chin J Epidemiol, 2019, 40(6):731-738. DOI:10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2019.06.024.
- [28] 李爱华, 江震, 段松, 等. 基于 CD4⁺T 淋巴细胞水平反推法估计云南省德宏傣族景颇族自治州 HIV 诊断发现率[J]. 中华预防医学杂志, 2018, 52(8):833-836. DOI:10.3760/cma.j.issn.0253-9624.2018.08.011.
Li AH, Jiang Z, Duan S, et al. Estimation of HIV diagnosis rate with CD4⁺ T-lymphocyte level and infected-time model in Dehong Prefecture, Yunnan province[J]. Chin J Prev Med, 2018, 52(8): 833-836. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0253-9624.2018.08.011.