

· 论 著 ·

湖州市 HIV/AIDS 分子网络传播簇的影响因素研究

金玫华¹, 李婧¹, 刘小琦¹, 陈琳², 杨中荣¹

1. 湖州市疾病预防控制中心, 浙江 湖州 313000; 2. 浙江省疾病预防控制中心

摘要: **目的** 分析艾滋病病毒感染者/艾滋病患者 (HIV/AIDS) 分子网络传播簇的影响因素, 为艾滋病精准防控提供依据。**方法** 采用病例对照研究方法, 以2017年1月—2019年6月湖州市新报告且HIV分子网络传播簇聚集性强 (成簇) 的HIV/AIDS病例为病例组, 按照1:4匹配同期、同社区、性别相同、年龄相近 (± 3 岁) 且HIV抗体检测阴性的居民为对照组。采用自行设计的问卷调查人口学特征、艾滋病防治知识知晓情况和艾滋病相关行为等。采用Cox回归模型分析HIV/AIDS分子网络传播簇的影响因素。**结果** 病例组100例, 对照组400人, 两组的年龄、性别、婚姻状况、户籍地和文化程度差异均无统计学意义 ($P > 0.05$)。多因素Cox回归分析结果显示, 知晓艾滋病防治知识 ($HR=0.145$, $95\%CI: 0.059 \sim 0.352$) 是发生HIV/AIDS分子网络传播簇的保护因素; 男男性行为者 ($HR=9.614$, $95\%CI: 4.645 \sim 19.901$)、曾经通过网络认识同性性伴 ($HR=16.321$, $95\%CI: 7.016 \sim 32.968$) 和现患梅毒 ($HR=3.314$, $95\%CI: 1.073 \sim 10.232$) 是发生HIV/AIDS分子网络传播簇的危险因素。**结论** 艾滋病防治知识知晓水平、男男性行为者、通过网络认识同性性伴和现患梅毒是发生HIV/AIDS分子网络传播簇的影响因素。

关键词: 艾滋病; 分子网络传播簇; 男男性行为者; 病例对照研究

中图分类号: R512.91

文献标识码: A

文章编号: 2096-5087 (2020) 10-0992-04

Influencing factors of molecular network transmission clusters of HIV/AIDS in Huzhou

*JIN Meihua, LI Jing, LIU Xiaoqi, CHEN Lin, YANG Zhongrong

*Huzhou Center for Disease Control and Prevention, Huzhou, Zhejiang 313000, China

Abstract: Objective To analyze the influencing factors for the molecular network transmission clusters of HIV/AIDS, and to provide scientific evidence for the precise prevention and control of AIDS. **Methods** A case-control study was conducted. The HIV/AIDS cases reported from January 2017 to June 2019 in Huzhou with strong clustering of HIV molecular transmission were recruited as the case group, and the residents with same gender, similar age (\pm three years) and HIV negative in the same community and period were matched (1:4) as the control group. Demographic characteristics, AIDS related knowledge and sexual behaviors were collected by a questionnaire survey. The Cox regression model was used to analyze the influencing factors for HIV/AIDS molecular network transmission cluster. **Results** There was 100 people in the case group and 400 people in the control group, the differences between them in age, sex, marital status, place of residence and educational level were not statistically significant ($P > 0.05$). The results of multivariate Cox regression analysis showed that awareness of AIDS related knowledge ($HR=0.145$, $95\%CI: 0.059-0.352$) was a protective factor for molecular network transmission clusters of HIV/AIDS; men who have sex with men (MSM, $HR=9.614$, $95\%CI: 4.645-19.901$), seeking homosexual partners through the internet ($HR=16.321$, $95\%CI: 7.016-32.968$) and having syphilis ($HR=3.314$, $95\%CI: 1.073-10.232$) were risk factors for molecular network transmission clusters of HIV/AIDS. **Conclusion** The awareness of AIDS related knowledge, MSM, seeking homosexual partners through the internet and suffering from syphilis are the influencing factors for molecular network transmission clusters of HIV/AIDS.

DOI: 10.19485/j.cnki.issn2096-5087.2020.10.005

基金项目: 浙江省医药卫生科技计划项目 (2020KY943); 湖州市科技计划项目 (2019GZB04)

作者简介: 金玫华, 本科, 主任医师, 主要从事传染病预防控制工作

通信作者: 杨中荣, E-mail: yzhr91@126.com

Keywords: acquired immune deficiency syndrome; molecular network transmission cluster; men who have sex with men; case-control study

艾滋病病毒感染者/艾滋病患者(HIV/AIDS)分子网络传播簇是基于 HIV 序列的相似性建立分子水平网络, 尝试尽可能还原宏观的感染者社会网络。HIV/AIDS 分子网络传播簇可以有效识别网络中活跃的感染者^[1-2], 便于及时实施靶向干预, 控制传染源并提高干预效果^[3-5]。湖州市属于艾滋病低流行区, HIV/AIDS 病例主要经性传播途径感染^[6-7]。本研究基于前期湖州市 HIV/AIDS 分子网络传播簇研究^[8], 采用病例对照研究方法分析湖州市 HIV/AIDS 分子网络传播簇的影响因素, 为艾滋病精准防控提供依据。

1 对象与方法

1.1 对象 于 2017 年 1 月—2019 年 6 月选取湖州市新报告且 HIV 分子网络传播簇聚集性强(成簇)^[8]的 HIV/AIDS 为病例组, 排除现场调查时已经离开湖州市和拒绝参加研究者。按照 1:4 选取同期、同社区、性别相同、年龄相近(±3 岁)且 HIV 抗体检测阴性的居民为对照组, 排除标准同病例组。本研究通过湖州市疾病预防控制中心伦理委员会审查, 所有调查对象均签署知情同意书。

1.2 方法 采用病例对照研究方法。采用自行设计的问卷进行调查, 内容包括:(1)人口学基本情况, 年龄、性别、文化程度、婚姻状况、户籍、月收入 and 湖州市居住时间;(2)艾滋病防治知识知晓情况, 8 题^[9], 正确回答 6 题及以上定义为知晓;(3)艾滋病相关行为, 是否为男男性行为者(men who have sex with men, MSM)、最近一年是否与异性发生过性行为、是否曾经通过网络认识同性性伴、是否曾被诊断患过性病、是否既往检测过 HIV 抗体及最近一年是否接受过其他艾滋病预防服务(宣传资料和安全套发放、咨询服务、培训讲座等)。

采集调查对象静脉血 5 mL, 采用酶联免疫吸附试验(enzyme-linked immunosorbent assay, ELISA)进行 HIV 抗体初筛, 初筛阳性者进一步采用蛋白质印迹法复核及确证检测, 初筛及确证试验均阳性则判定 HIV 抗体阳性, 并进行 HIV/AIDS 分子网络传播簇分析^[8]。采用 ELISA 和甲苯胺红不加热血清试验(tolulized red unheated serum test, TRUST)检测梅毒抗体, 即 ELISA 和 TRUST 检测均阳性为现患梅毒。由浙江省疾病预防控制中心艾滋病确证中心实验室对血液样本进行 HIV 核酸提取, 目的片段扩增、测序、

序列整理和亚型分析。对现场问卷调查人员进行统一培训, 采样、分装血样及实验室检测均按照标准流程规范操作。

1.3 统计分析 采用 EpiData 3.1 软件建立数据库, 采用 SPSS 19.0 软件统计分析。定量资料服从正态分布的采用均数±标准差($\bar{x}\pm s$)描述, 组间比较采用 *t* 检验; 定性资料采用相对数描述, 组间比较采用 χ^2 检验。HIV/AIDS 分子网络传播簇的影响因素分析采用 Cox 回归模型。以 *P*<0.05 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 病例组和对照组人口学特征比较 病例组 100 例, 年龄 19~78 岁, 平均(39.75±15.37)岁。男性 89 例, 占 89.00%; 女性 11 例, 占 11.00%。MSM 67 例, 占 75.28%。对照组 400 人, 年龄 18~78 岁, 平均(40.15±15.52)岁。男性 356 人, 占 89.00%; 女性 44 人, 占 11.00%。MSM 55 人, 占 15.45%。病例组与对照组年龄、性别、婚姻状况、户籍地和文化程度差异均无统计学意义(*P*>0.05)。见表 1。

表 1 病例组和对照组人口学特征比较

项目	对照组 (n=400)	病例组 (n=100)	<i>t</i> / χ^2 值	<i>P</i> 值
年龄(岁) ^a	40.15±15.52	39.75±15.37	0.231	0.817
性别			<0.001	>0.999
男	356 (89.00)	89 (89.00)		
女	44 (11.00)	11 (11.00)		
婚姻状况			0.917	0.338
已婚	75 (18.75)	23 (23.00)		
未婚或离异	325 (81.25)	77 (77.00)		
户籍地			2.499	0.114
湖州市	221 (55.25)	64 (64.00)		
外地	179 (44.75)	36 (36.00)		
文化程度			0.513	0.474
高中及以下	196 (49.00)	45 (45.00)		
大专及以上	204 (51.00)	55 (55.00)		

注: a 采用 $\bar{x}\pm s$ 描述, 组间比较采用 *t* 检验; 其他项目采用 *n* (%) 描述, 组间比较采用 χ^2 检验。

2.2 HIV/AIDS 分子网络传播簇影响因素的单因素 Cox 回归分析 知晓艾滋病防治知识者发生 HIV/AIDS 分子网络传播簇的风险较不知晓艾滋病防治知识者降

低 76.3% ($P < 0.05$), MSM 发生 HIV/AIDS 分子网络传播簇的风险是非 MSM 的 11.992 倍 ($P < 0.05$), 曾经通过网络认识同性性伴者发生 HIV/AIDS 分子网络传播簇的风险是未曾通过网络认识同性性伴者的 16.923 倍 ($P < 0.05$), 现患梅毒者发生 HIV/AIDS 分子网络传播簇的风险是未患梅毒者的 2.511 倍 ($P < 0.05$)。见表 2。

2.3 HIV/AIDS 分子网络传播簇影响因素的多因素 Cox 回归分析 以 HIV/AIDS 分子网络传播簇为应变量 (0=对照组, 1=病例组), 以单因素分析 $P < 0.10$ 的月收入、知晓艾滋病防治知识、MSM、曾经通过网络认识同性性伴和现患梅毒为自变量, 进行多因素 Cox 回归分析。结果显示, 知晓艾滋病防治知识是发生 HIV/AIDS 分子网络传播簇的保护因素; MSM、曾经通过网络认识同性性伴和现患梅毒是发生 HIV/AIDS 分子网络传播簇的危险因素。见表 3。

3 讨论

研究结果显示, 知晓艾滋病防治知识者发生 HIV/AIDS 分子网络传播簇风险低于不知晓者, 提示公众知晓艾滋病防治相关知识有利于提升艾滋病感染风险意识^[10], 发生艾滋病相关高危性行为后也会主动寻求艾滋病相关咨询检测服务, 进而降低艾滋病感染风险。

MSM 发生 HIV/AIDS 分子网络传播簇风险高于非 MSM。MSM 是艾滋病感染的高风险人群, 也是艾滋病干预和防控的重点人群之一^[11]。MSM 发生性行为时如果一方是 HIV 阳性, 则另外一方感染 HIV 的风险较高^[12-13]。曾经通过网络认识同性性伴者发生 HIV/AIDS 分子网络传播簇风险较高。“HIV 污名和歧视”是一种有害的社会现象, 不利于 HIV/AIDS 病例的生活和工作^[14], 而互联网的便捷性和隐秘性为其提供了便利。因此, 在艾滋病高危行为干预过程

表 2 HIV/AIDS 分子网络传播簇影响因素的单因素 Cox 回归分析

项目	对照组 (n=400)	病例组 (n=100)	HR 值	95%CI
月收入 (元)				
< 5 000	360 (90.00)	84 (84.00)	1.000	
≥5 000	40 (10.00)	16 (16.00)	1.714	0.914 ~ 3.216
湖州市居住时间				
≤12个月	87 (21.75)	17 (17.00)	1.000	
>12个月	313 (78.25)	83 (83.00)	1.380	0.766 ~ 2.484
知晓艾滋病防治知识				
否	38 (9.50)	31 (31.00)	1.000	
是	362 (90.50)	69 (69.00)	0.237	0.136 ~ 0.411
MSM				
否	345 (86.25)	33 (33.00)	1.000	
是	55 (13.75)	67 (67.00)	11.992	6.970 ~ 20.632
最近一年与异性发生过性行为				
否	254 (63.50)	59 (59.00)	1.000	
是	146 (36.50)	41 (41.00)	1.244	0.769 ~ 2.011
曾经通过网络认识同性性伴				
否	332 (83.00)	25 (25.00)	1.000	
是	68 (17.00)	75 (75.00)	16.923	8.887 ~ 32.224
曾被诊断患过性病				
否	325 (81.25)	86 (86.00)	1.000	
是	75 (18.75)	14 (14.00)	0.698	0.373 ~ 1.307
既往检测过 HIV 抗体				
否	182 (45.50)	49 (49.00)	1.000	
是	218 (54.50)	51 (51.00)	0.858	0.543 ~ 1.356
最近一年接受过其他艾滋病预防服务				
否	195 (48.75)	55 (55.00)	1.000	
是	205 (51.25)	45 (45.00)	0.773	0.494 ~ 1.209
现患梅毒				
否	379 (94.75)	88 (88.00)	1.000	
是	21 (5.25)	12 (12.00)	2.511	1.172 ~ 5.379

表 3 HIV/AIDS 分子网络传播簇影响因素的多因素 Cox 回归分析

变量	参照组	β	$s_{\bar{x}}$	Wald χ^2 值	P 值	HR 值	95%CI
知晓艾滋病防治知识							
是	否	-1.934	0.454	18.121	< 0.001	0.145	0.059 ~ 0.352
MSM							
是	否	2.263	0.371	37.179	< 0.001	9.614	4.645 ~ 19.901
曾经通过网络认识同性性伴							
是	否	2.792	0.431	42.026	< 0.001	16.321	7.016 ~ 32.968
现患梅毒							
是	否	1.198	0.575	4.338	0.037	3.314	1.073 ~ 10.232

中,通过互联网宣传艾滋病相关防治知识,同时提供相应的咨询和检测途径,对艾滋病的防控工作会产生积极促进作用。

有研究表明性病和艾滋病的发生呈正相关^[15]。本研究结果表明,现患梅毒者发生 HIV/AIDS 分子网络传播簇风险高于未患梅毒者。医疗机构检测梅毒、尖锐湿疣和淋病等性病的同时需及时检测 HIV 抗体,并提供艾滋病相关防治知识咨询,降低性病就诊者感染 HIV 风险^[16]。

综上所述,知晓艾滋病防治知识、MSM、曾经通过网络认识同性性伴和现患梅毒是发生 HIV/AIDS 分子网络传播簇的影响因素。加强公众艾滋病防治知识健康教育,加强 MSM 人群坚持使用安全套宣传,同时使用互联网进行艾滋病高危行为干预以及针对性病患者提供艾滋病相关咨询和检测,会降低发生 HIV/AIDS 分子网络传播簇的风险,即降低 HIV 感染的风险。

参考文献

- [1] 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.
- [2] 黎裕雪云,冯毅,阮玉华,等.HIV 分子传播网络研究进展[J].中国艾滋病性病,2016,22(11):940-942.
- [3] KOSTAKI E G, NIKOLOPOULOS G K, 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.
- [4] KOSTAKI E G, FRAMPTON D, PARASKEVIS D, et al. Near full-length genomic sequencing and molecular analysis of HIV-infected individuals in a network-based intervention (TRIP) in Athens, Greece: evidence that transmissions occur more frequently from those with high HIV-RNA [J]. Curr HIV Res, 2018, 16 (5): 345-353.
- [5] WERTHEIM J O, OSTER A M, SWITZER W M, et al. Natural selection favoring more transmissible HIV detected in United States molecular transmission network [J/OL]. Nat Commun, 2019, 10 (1) [2020-06-28]. <https://doi.org/10.1038/s41467-019-13723-z>.
- [6] YANG Z, LI J, DONG Z, et al. Correlates of recent HIV infection among men who have sex with men recruited through the internet in Huzhou City, Eastern China [J]. J Int Med Res, 2018, 46 (12): 5052-5061.
- [7] 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.
- [8] 陈婉君,潘晓红,范钦,等.应用分子传播网络分析浙江省湖州市 2017 年新报告 HIV 感染者和艾滋病患者的传播特征[J].中华预防医学杂志,2019,53(12):1278-1283.
- [9] 金玫华,杨中荣,李婧,等.性病门诊男性就诊者梅毒感染及影响因素分析[J].预防医学,2018,30(8):809-811,815.
- [10] ZHANG T Q, MIAO Y, LI L G, et al. Awareness of HIV/AIDS and its routes of transmission as well as access to health knowledge among rural residents in Western China: a cross-sectional study [J/OL]. BMC Public Health, 2019, 19 (1) [2020-06-28]. <https://bmcpubhealth.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12889-019-7992-6>.
- [11] 李娜,施明明,陈俊,等.上城区 VCT 门诊求询者 HIV 感染状况分析[J].预防医学,2019,31(6):597-599.
- [12] 张兴亮,罗艳,丁建明,等.2017 年杭州市新确诊男男性行为人群 HIV/AIDS 病例特征分析[J].预防医学,2020,32(4):373-377.
- [13] 杨爱学,李森.奎屯市 244 例 MSM 人群艾滋病知识行为及感染状况分析[J].实用预防医学,2018,25(5):576-579.
- [14] TAKADA S, NYAKATO V, NISHI A, et al. The social network context of HIV stigma: population-based, sociocentric network study in rural Uganda [J]. Soc Sci Med, 2019, 233: 229-236.
- [15] KATZ D A, DOMBROWSKI J C, BARRY M, et al. STD partner services to monitor and promote HIV pre-exposure prophylaxis use among men who have sex with men [J]. J Acquir Immune Defic Syndr, 2019, 80 (5): 533-541.
- [16] TRAYNOR S M, ROSEN-METSCH L, FEASTER D J. Missed opportunities for HIV testing among STD clinic patients [J]. J Community Health, 2018, 43 (6): 1128-1136.

收稿日期:2020-05-08 修回日期:2020-06-28 本文编辑:田田

(上接第 991 页)

- [20] SUI H, GUI T, JIA L, et al. Different frequencies of drug resistance mutations among HIV-1 subtypes circulating in China: a comprehensive study [J]. PLoS One, 2014, 9 (3): e91803.
- [21] 邓雪媚,刘家法,张米,等.2011—2018 年临沧市抗 HIV-1 治疗失败患者基因突变位点分析[J].中华疾病控制杂志,2019,23(12):1429-1435,1465.
- [22] ARIFFIN T A, MOHAMAD S, YUSUF W N, et al. Antiretroviral drug resistance and HIV-1 subtypes among treatment-naïve prisoners in Kelantan, Malaysia [J]. J Infect Dev Ctries, 2014, 8 (8): 1063-1067.
- [23] 袁丹,叶黎,龚芳红,等.2014 年四川省部分地区 HIV/AIDS 患者抗病毒治疗效果和耐药性影响因素分析[J].现代预防医学,2016,43(13):2445-2452.

收稿日期:2020-05-08 修回日期:2020-07-01 本文编辑:徐文璐