



[DOI]10.3969/j.issn.1001-9057.2025.11.008

<http://www.lcnkzz.com/CN/10.3969/j.issn.1001-9057.2025.11.008>

· 论著 ·

# 湖北省 2022 年新发人类免疫缺陷病毒感染者传播性耐药监测分析

宋世会 赵丁源 吴松杰 邹诗 汤恒 梁科

**[摘要]** **目的** 了解湖北省 2022 年新发人类免疫缺陷病毒(HIV)感染者抗逆转录病毒治疗(ART)前传播性耐药(TDR)情况,为临床 ART 提供参考。**方法** 将 362 例新发 HIV 感染者根据耐药情况分为耐药组(29 例)与非耐药组(333 例)。收集患者一般资料、基因亚型分布并分组比较。统计患者的耐药情况。采用单因素和多因素 *logistic* 回归分析评估耐药相关的影响因素。**结果** 多因素 *logistic* 回归分析结果显示,性别、年龄、民族、文化程度、婚姻状况、职业、感染途径、治疗前 CD4 细胞计数和基因亚型对新发 HIV 感染者的耐药均无显著影响( $P > 0.05$ )。对非核苷类反转录酶抑制剂(NNRTIs)耐药 25 例(6.9%),其中 19 例(5.2%)对依非韦伦(EFV)和奈韦拉平(NVP)均耐药,14 例(3.9%)对利匹韦林(RPV)耐药,8 例(2.2%)对依曲韦林(ETR)耐药,2 例(0.6%)对多拉韦林耐药。NNRTIs 耐药主要突变位点为 K103N(8 例),其次为 E138G 与 V179E(4 例)、E138A(2 例)。对整合酶抑制剂(INSTIs)耐药 3 例(0.8%),且对比克替拉韦、卡替拉韦、多替拉韦、艾维雷韦和拉替拉韦均存在不同程度耐药。INSTIs 耐药突变位点为 Q148R(1 例)、R263K(1 例)、S147G 和 Q148K(1 例)。对核苷类反转录酶抑制剂(NRTIs)耐药 1 例(0.3%),且对阿巴卡韦(ABC)、恩曲他滨(FTC)和拉米夫定(3TC)均耐药,耐药突变位点为 M184V。对蛋白酶抑制剂(Pis)耐药 0 例。未发现对 NNRTIs、INSTIs、NRTIs 及 Pis 中两类及两类以上多重耐药病例。**结论** 湖北省新发 HIV 感染者传播性耐药率处于较高水平,且存在对新一代 INSTIs 耐药,需加强治疗前耐药监测。

**[关键词]** 人类免疫缺陷病毒; 抗逆转录病毒治疗; 耐药; 监测

**[中图分类号]** R512.91;R181.3

**[文献标识码]** A

**Surveillance and analysis of transmissible drug resistance among newly diagnosed human immunodeficiency virus infected individuals therapy across Hubei Province in 2022** Song Shihui\*, Zhao Dingyuan, Wu Songjie, Zou Shi, Tang Heng, Liang Ke. \* Department of Infectious Diseases, Zhongnan Hospital of Wuhan University, Wuhan 430071, China

**[Abstract]** **Objective** To understand the situation of transmissible drug resistance(TDR) before antiretroviral therapy(ART) among the newly diagnosed human immunodeficiency virus(HIV) infected population across Hubei Province in 2022, and to provide a reference for clinical ART. **Methods** A total of 362 newly diagnosed HIV infected individuals were divided into drug-resistant group(29 cases) and non-drug-resistant group(333 cases) based on their drug resistance. The general information of patients and distribution of genetic subtypes were collected and compare in groups. Statistically analyzed the drug resistance of patients. Univariate and multivariate *logistic* regression analyses were used to evaluate the influencing factors related to drug resistance. **Results** Multivariate *logistic* regression analysis showed results that gender, age, ethnicity, educational level, marital status, occupation, route of infection, pre-treatment CD4 cell count and genetic subtype of newly diagnosed HIV-infected individuals had no significant effect on their drug resistance in newly diagnosed HIV infected individuals( $P > 0.05$ ). There were 25 cases(6.9%) resistant to non-nucleoside reverse transcriptase inhibitors(NNRTIs), among which 19 cases(5.2%) were resistant to both efavirenz(EFV) and nevirapine(NVP), 14 cases(3.9%) resistant to raltegravir(RPV), and 8 cases(2.2%) resistant to ETR. Two cases(0.6%) were resistant to dolutegravir. The main mutation sites of NNRTIs resistance were K103N(8 cases), followed by E138G and V179E(4 cases), E138A(2 cases). There were 3 cases(0.8%) resistant to integrase inhibitors

作者单位:430071 武汉,武汉大学中南医院感染科(宋世会、邹诗、梁科),医院感染管理办公室(吴松杰);湖北省疾病预防控制中心艾滋病防治所(赵丁源、汤恒)

通讯作者:梁科, E-mail:keliang@whu.edu.cn;汤恒, E-mail:867555881@qq.com

(INSTIs), and there were varying degrees of resistance to bibrutavir, catebrutavir, dobrutavir, iverrelvir and laticavir. The INSTIs resistance mutation sites were *Q148R* (1 case), *R263K* (1 case), *S147G* and *Q148K* (1 case). There were 1 case (0.3%) resistant to nucleoside reverse transcriptase inhibitors (NRTIs), and was resistant to abacavir (ABC), entacavir (FTC), and lamivudine (3TC). The mutation point of resistance was *M184V*. There were no cases of resistance to protease inhibitors (PIs). No cases of multidrug resistance to two or more types of NNRTIs, INSTIs, NRTIs and PIs were found. **Conclusion** Transmissible drug resistance rate of newly diagnosed HIV-infected individuals in Hubei Province is at a relatively high level and there is resistance to the new generation of INSTIs. It is necessary to strengthen the monitoring of drug resistance before treatment.

**[Key words]** human immunodeficiency virus; antiretroviral therapy; drug resistance; monitoring

随着抗逆转录病毒治疗 (ART) 的广泛开展, 人类免疫缺陷病毒 (HIV) 耐药病毒株亦不断出现。我国不同地区 HIV 感染者对非核苷类反转录酶抑制剂 (NNRTIs)、核苷类反转录酶抑制剂 (NRTIs) 及蛋白酶抑制剂 (PIs) 均存在不同程度的耐药, 且有增加趋势<sup>[1-4]</sup>, 耐药导致的治疗失败及传播性耐药 (TDR) 为艾滋病防治工作带来新的挑战。近年来整合酶抑制剂 (INSTIs) 在临床广泛使用, 但对 HIV 感染者 ART 前 INSTIs 耐药研究较少。目前在湖北省对 HIV 感染者 ART 前耐药研究主要集中在聚合酶区, 尚未见对包含整合酶区基因耐药的研究。本研究采用门诊点选择系统抽样方法, 对湖北省 2022 年新发 HIV 感染者 ART 前聚合酶区和整合酶区基因进行耐药调查与分析, 以了解该地区 ART 前 TDR 的突变情况、流行特征及影响因素, 为制定有效的 ART 方案提供科学参考。

### 对象与方法

1. 对象: 来自湖北省 10 个地级市 (自治州/地区) 共计 17 个门诊点, 完成调查采样且序列扩增成功的新发 HIV 感染者 362 例 [完成调查采样者 418 例, 序列扩增成功率为 86.6% (362/418)]。其中男 317 例、女 45 例, 年龄 18 ~ 86 岁, 平均年龄 (43.4 ± 16.9) 岁。纳入标准: (1) 年龄 ≥ 18 岁; (2) HIV 抗体初筛及确证实验阳性的新发感染者, 符合 HIV 感染诊断标准<sup>[5]</sup>。本研究经湖北省疾病预防控制中心伦理学委员会批准, 所有受试者均签署知情同意书。

#### 2. 方法

(1) 门诊点抽样方法: 通过门诊点选择系统抽样方法, 首先按地级市行政区排名, 然后在每个地级市按其县 (市、区) 所有抗病毒治疗门诊点 2022 年预期启动治疗人数多少排名, 根据门诊点预期治疗人数与门诊点个数确定抽样间隔, 最后使用随机数加抽样间隔的方式确定门诊点。

(2) 采样与检测: 收集患者的基本信息, 包括性别、年龄、民族、文化程度、婚姻状况、职业、感染途径与治疗前 CD4 细胞计数。用含有抗凝剂 (EDTA) 的真空

采血管采血, 每份样本采集静脉血 8 ~ 10 ml。血标本送中国疾控中心实验室进行耐药检测。

(3) 基因亚型及耐药分析: 将获得的序列提交至斯坦福大学 HIV 耐药数据库 (<https://hivdb.stanford.edu/>) 进行基因亚型和耐药在线分析。本研究仅对低度及以上耐药进行分析。总耐药率 = 对至少任意一个药物低度及以上耐药样本例数 / 测序成功样本例数 × 100%, 药物耐药率 = 对该类药物中至少一个药物低度及以上耐药的样本例数 / 测序成功样本例数 × 100%。根据患者耐药情况将其分为耐药组 (29 例) 与非耐药组 (333 例)。

3. 统计学处理: 应用 SPSS 25.0 统计学软件进行统计分析。计数资料以例数和百分比表示, 组间比较采用  $\chi^2$  检验。采用单因素分析和多因素 logistic 回归分析评估耐药相关的影响因素。以  $P < 0.05$  为差异有统计学意义。

### 结 果

1. 影响新发 HIV 感染者耐药的单因素分析: 单因素分析结果显示, 两组患者性别、年龄、民族、文化程度、婚姻状况、职业、感染途径、治疗前 CD4 细胞数比较差异均无统计学意义 ( $P > 0.05$ )。见表 1。

2. 两组新发 HIV 感染者基因亚型比较: 获得的 362 例基因序列中, 主要亚型由高到低依次为 *CRF07\_BC* (169 例, 46.7%)、*CRF01\_AE* (108 例, 29.8%)、*CRF55\_01B* (33 例, 9.1%)、*B* (20 例, 5.5%), 其他亚型 32 例, 分别为 *CRF08\_BC* 13 例、*CRF59\_01B* 12 例、*C* 4 例、*CRF68\_01B* 2 例、*CRF58\_01B* 1 例。单因素分析结果显示, 两组各基因亚型占比比较差异均无统计学意义 ( $\chi^2 = 1.358, P = 0.851$ )。见表 2。

表 2 两组新发 HIV 感染者基因亚型比较结果 [例, (%) ]

组别	例数	<i>CRF07_BC</i>	<i>CRF01_AE</i>	<i>CRF55_01B</i>	B	其他
耐药组	29	14(48.3)	7(24.1)	4(13.8)	2(6.9)	2(6.9)
无耐药组	333	155(46.5)	101(30.3)	29(8.7)	18(5.4)	30(9.0)

表 1 影响新发 HIV 感染者耐药的单因素分析结果[例, (%) ]

组别	例数	性别		年龄			民族		文化程度		
		男	女	18~29	30~49	≥50	汉族	其他	文盲及小学	中学	大学及以上
耐药组	29	26(89.7)	3(10.3)	7(24.1)	13(44.8)	9(31.0)	28(96.9)	1(3.4)	12(41.4)	6(20.7)	11(37.9)
无耐药组	333	291(87.4)	42(12.6)	97(29.1)	101(30.3)	135(40.5)	323(97.0)	10(3.0)	118(35.4)	63(18.9)	152(45.6)
$\chi^2$ 值		0.004		2.618			0.000		0.659		
P 值		0.951		0.270			1.000		0.719		

  

组别	例数	婚姻状况			职业		感染途径		治疗前 CD4 细胞计数(个/ $\mu$ l)			
		已婚或同居	未婚	离婚或丧偶	务农	其他	异性性传播	同性性传播	0~199	200~349	350~499	≥500
耐药组	29	5(17.2)	16(55.2)	8(27.6)	5(17.2)	24(82.8)	18(62.1)	11(37.9)	10(34.5)	6(20.7)	9(31.0)	4(13.8)
无耐药组	333	111(33.3)	154(46.2)	68(20.4)	74(22.2)	259(77.8)	168(50.5)	165(49.5)	138(41.4)	105(31.5)	62(18.6)	28(8.4)
$\chi^2$ 值		3.261			0.388		1.442		4.310			
P 值		0.196			0.533		0.230		0.230			

3. 影响新发 HIV 感染者耐药的多元因素分析:多元因素 logistic 回归分析结果显示,性别、年龄、民族、文化程度、婚姻状况、职业、感染途径、治疗前 CD4 细胞计数和基因亚型对新发 HIV 感染者耐药均无显著影响 ( $P > 0.05$ )。见表 3。

表 3 影响新发 HIV 感染者耐药的多元因素 logistic 回归分析结果

因素	$\beta$ 值	S. E.	Wald $\chi^2$ 值	P 值	OR 值	95% CI
女性	-0.102	0.750	0.019	0.892	0.903	0.208~3.924
年龄(岁)						
30~49	-	-	-	-	1.000	-
18~29	-0.973	0.583	2.789	0.095	0.378	0.121~1.184
≥50	-0.343	0.600	0.326	0.568	0.710	0.219~2.302
其他民族	0.228	1.151	0.039	0.843	1.257	0.132~11.983
文化程度						
大学及以上	-	-	-	-	1.000	-
中学	-0.167	0.550	0.092	0.761	0.846	0.288~2.485
文盲及小学	0.527	0.798	0.436	0.509	1.694	0.354~8.102
婚姻状况						
已婚或同居	-	-	-	-	1.000	-
未婚	0.899	0.664	1.835	0.176	2.457	0.669~9.024
离婚或丧偶	0.914	0.608	2.258	0.133	2.494	0.757~8.217
其他职业	0.228	0.634	0.129	0.719	1.256	0.362~4.355
异性性传播	-0.253	0.553	0.209	0.648	0.777	0.263~2.296
治疗前 CD4 细胞计数(个/ $\mu$ l)						
≥500	-	-	-	-	1.000	-
350~499	0.029	0.668	0.002	0.966	1.029	0.278~3.813
200~349	-0.871	0.709	1.509	0.219	0.419	0.104~1.679
0~199	-0.796	0.668	1.418	0.234	0.451	0.122~1.672
基因亚型						
B	-	-	-	-	1.000	-
CRF01_AE	-0.447	0.888	0.253	0.615	0.640	0.112~3.647
CRF07_BC	-0.204	0.844	0.059	0.809	0.815	0.156~4.260
CRF55_01B	0.209	0.967	0.047	0.829	1.232	0.185~8.205
其他	-0.586	1.098	0.285	0.594	0.557	0.065~4.787

4. 耐药分布情况:362 例新发 HIV 感染者中,耐药 29 例(8.0%)。对 NNRTIs 耐药 25 例(6.9%)。其中 19 例(5.2%)均对依非韦伦(EFV)和奈韦拉平(NVP)

均耐药,14 例(3.9%)对利匹韦林(RPV)耐药,8 例(2.2%)对依曲韦林(ETR)耐药,2 例(0.6%)对多拉韦林(DOR)耐药。K103N 突变 8 例(对 EFV 及 NVP 高度耐药),E138G 与 V179E 突变 4 例(对 EFV、NVP、RVP 和 ETR 低度耐药),E138A 突变 2 例(对 RPV 低度耐药),其他耐药突变各 1 例,共 11 例。对 INSTIs 耐药 3 例(0.8%),且对比克替拉韦(BIC)、卡替拉韦(CAB)、多替拉韦(DTG)、艾维雷韦(EVG)和拉替拉韦(RAL)均存在不同程度耐药。Q148R 突变 1 例(对 EVG 及 RAL 高度耐药,对 CAB 中度耐药,对 BIC 和 DTG 低度耐药),R263K 突变 1 例(对 BIC、DTG、CAB 和 EVG 中度耐药,对 RAL 低度耐药),S147SG 和 Q148K 突变 1 例(对 CAB、EVG 和 RAL 高度耐药,对 BIC 和 DTG 中度耐药)。对 NRTIs 耐药 1 例(0.3%),且对恩曲他滨(FTC)和拉米夫定(3TC)高度耐药,对阿巴卡韦(ABC)低度耐药,耐药突变为 M184V。未发现针对 PIs 的耐药突变及对 NNRTIs、INSTIs、NRTIs 及 PIs 中两类及以上多重耐药病例。见表 4。

### 讨 论

了解 HIV 亚型及耐药情况对流行病学及临床诊疗意义重大。本研究显示湖北省 2022 年新发 HIV 感染者基因亚型较为复杂,主要基因亚型为 CRF07\_BC,与郭萌等<sup>[6]</sup>报道的湖北省 HIV 感染者抗病毒治疗前主要基因亚型一致。值得注意的是 CRF55\_01B 亚型,其由 CRF01\_AE 和 B 亚型重组而来,2013 年于深圳男男性行为(MSM)感染者人群中首次发现<sup>[7]</sup>,本研究中该基因亚型占比第 3。复杂的 HIV 亚型与传播途径多样化及人口流动扩大化等因素有关,给湖北省艾滋病的防控工作带来新的挑战。且不同的 HIV 亚型耐药情况可能存在差异,郭萌等<sup>[6]</sup>研究提示 CRF55\_01B 亚型耐药率较高,周兰兰等<sup>[8]</sup>研究提示 CRF07\_BC 和 CRF01\_AE 亚型耐药风险较低,而 Li 等<sup>[9]</sup>研究提示 CRF01\_AE 亚型耐药风险较高。单因素及多因素

**表 4** 湖北省 2022 年新发 HIV 感染者 TDR 突变位点及耐药药物

ART 药物类型	耐药突变位点	耐药例数 (耐药率)	耐药水平	耐药药物
NNRTIs	A98G	1(0.3%)	低度	DOR, EFV, RPV
	E138A	2(0.6%)	低度	NVP
	E138A, V179E	1(0.3%)	低度	RPV
	E138G	2(0.3%)	低度	ETR, RPV
	E138G, V179E	4(1.1%)	低度	RPV
	K101E, Y181C	1(0.3%)	低度	EFV, ETR
	K103N	8(2.2%)	中度	NVP, RPV
	K103S	1(0.3%)	高度	EFV, NVP
	V106I, E138A	1(0.3%)	中度	EFV
	V106I, G190A	1(0.3%)	低度	ETR, RPV
	V108I, V179E	1(0.3%)	低度	RPV, ETR
	V179D	1(0.3%)	低度	EFV
	Y188C	1(0.3%)	高度	NVP
	NRTIs	M184V	1(0.3%)	低度
Q148R		1(0.3%)	高度	FTC, 3TC
INSTIs	R263K	1(0.3%)	低度	BIC, DTG
	S147G, Q148K	1(0.3%)	中度	CAB
			高度	EVG, RAL
			低度	RAL

logistic 回归分析结果显示,各基因亚型与新发 HIV 感染者耐药均无显著影响。但仍需要对其继续关注,警惕新的耐药毒株的产生。

中国不同地区的新发 HIV 感染者 TDR 率不同,本研究耐药监测显示 2022 年湖北省新发 HIV 感染者 TDR 率(包含 INSTIs)为 8.0%,高于郭萌等<sup>[6]</sup>报道的同时期湖北省 HIV 感染者 ART 前 6.2% 的耐药率(该研究未包含 INSTIs 耐药)。本研究提示 4 类 ART 药物中,对 NNRTIs 耐药率最高(6.9%),且其耐药突变位点以 K103N 占比最高,该突变是最常见的传播性耐药突变,容易导致对 EFV 和 NVP 高度耐药,中国不同地区 NNRTIs 耐药率不同,有的地区在 5% 以下<sup>[10-13]</sup>,有的地区达 10% 及以上<sup>[3,14-15]</sup>。WHO 建议对于 NNRTIs 耐药率高于 10% 的地区,不选用以 NNRTIs 为基础的 ART 方案<sup>[16]</sup>。而目前以 NNRTIs(主要为 EFV)为基础的方案仍是我国主要的免费方案,尽管本研究提示,在湖北省 NNRTIs 耐药率尚未超过 10%,但已经达到了 WHO 定义的中等耐药水平(5% ~ 15%),故尽量在

ART 前对患者进行耐药检测。本研究发现 NRTIs 耐药突变 1 例,耐药突变位点为 M184V,对 FTC 和 3TC 高度耐药,对 ABC 低度耐药,耐药率为 0.3%,低于郭萌等<sup>[6]</sup>研究中的 NRTIs 耐药率(1.65%),但仍需警惕 M184 位点突变率的增加。

特别值得注意的是,INSTIs 是近年来抗 HIV 治疗的新一类药物,使用越来越广泛,其耐药发生多见于经治人群<sup>[17]</sup>。近期研究显示,HIV 感染者 ART 前亦存在针对 INSTIs 的耐药突变,中国疾病预防控制中心(CDC)最新发布耐药监测显示 HIV 感染者 ART 前对 INSTIs 的耐药率为 0.95%,以 G163R/K 和 E138K/A 多见<sup>[18]</sup>。本研究发现 3 例患者对 INSTIs 耐药,耐药率为 0.8%,与中国 CDC 的结果相近。但耐药突变位点为 Q148R、R263K、S147G 和 Q148K,耐药位点分布有所不同,本研究中,3 例 INSTIs 耐药患者对 BIC、CAB、DTG、EVG 和 RAL 均存在不同程度耐药,提示需重视新发 HIV 感染者的 INSTIs 耐药。本研究亦表明一旦出现针对 INSTIs 耐药突变,可能对目前临床使用的 INSTIs 均可出现不同程度耐药,从而限制同类药物的使用。

本研究未发现针对 PIs 的耐药,与郭萌等<sup>[6]</sup>的研究结果一致,低于中国其他地区<sup>[13,19]</sup>,提示本地区对 PIs 耐药水平极低,若出现治疗失败(包括含 INSTIs 方案),若无条件及时进行 HIV 耐药检测时,可考虑选用以 PIs 为基础的 ART 方案。

综上所述,湖北省新发 HIV 感染者 ART 前主要基因亚型为 CRF07\_BC, TDR 率(包括 INSTIs)较高,以对 NNRTIs 耐药为主,亦存在对 INSTIs 耐药,提示在选择初始治疗方案尤其是快速启动 ART 时应考虑耐药流行情况。同时有条件时对所有启动 ART 治疗的 HIV 感染者进行耐药检测,建议根据耐药结果选择或调整 ART 方案,以提高 ART 效果,减少耐药株传播。

### 参 考 文 献

- [1] Zhao S, Feng Y, Hu J, et al. Prevalence of transmitted HIV drug resistance in antiretroviral treatment naive newly diagnosed individuals in China[J]. Sci Rep, 2018, 8(1):12273.
- [2] Liu L, Dong A, Liao L, et al. Survey of pretreatment HIV drug resistance and genetic transmission network analysis among HIV patients in a high drug-use area of Southwest China[J]. Curr HIV Res, 2019, 17(6):441-451.
- [3] Wang Z, Zhang M, Zhang R, et al. Diversity of HIV-1 genotypes and high prevalence of pretreatment drug resistance in newly diagnosed HIV-infected patients in Shanghai, China[J]. BMC Infect Dis, 2019, 19(1):313.
- [4] Kang RH, Liang SJ, Ma YL, et al. Pretreatment HIV drug resistance in adults initiating antiretroviral therapy in China, 2017[J]. Infect Dis Poverty, 2020, 9(1):54.
- [5] 中华医学会感染病学分会艾滋病学组, 中国疾病预防控制中心. 中国艾滋病诊疗指南(2024 版)[J]. 中华传染病杂志, 2024, 42(5):257-284.



[DOI]10.3969/j.issn.1001-9057.2025.11.009

<http://www.lcnkz.com/CN/10.3969/j.issn.1001-9057.2025.11.009>

· 论著 ·

# 偏头痛患者脑白质核磁高信号列线图模型的构建与验证

孙利 苏彦果 苏小明

**[摘要]** **目的** 构建偏头痛患者脑白质核磁高信号的列线图模型并验证。**方法** 前瞻性纳入偏头痛患者 246 例作为建模集,68 例作为验证集。根据是否出现脑白质核磁高信号将建模集患者分为阳性组(60 例)和阴性组(186 例),验证集患者同样根据上述方法分为阳性组(16 例)与阴性组(52 例)。收集建模集患者一般资料及实验室检查结果并进行组间比较。采用多因素 logistic 回归分析评估偏头痛患者发生脑白质核磁高信号的影响因素。构建列线图预测模型,采用受试者工作特征(ROC)曲线、校准曲线、决策曲线分析(DCA)及外部验证评价该模型的预测效能及临床获益。**结果** 阳性组头痛发作频率、抑郁自评量表(SDS)评分、右向左分流(RLS)分级 3~4 级患者比例及血清 S100 钙结合蛋白 B(S100B)、神经元特异性烯醇化酶(NSE)、同型半胱氨酸(Hcy)水平均高于阴性组( $P < 0.05$ )。多因素 logistic 回归分析结果显示,头痛发作频率、SDS 评分、RLS 3~4 级、S100B、NSE、Hcy 均是偏头痛患者脑白质核磁高信号影响因素( $P < 0.05$ )。ROC 曲线、校准曲线、DCA 及外部验证分析结果显示,该列线图模型诊断偏头痛患者脑白质核磁信号具有较高的敏感性、准确性、特异性及良好的预测效能、临床实用性。**结论** 头痛发作频率、SDS 评分、RLS 分级、S100B、NSE、Hcy 均是偏头痛患者脑白质核磁高信号的影响因素,基于此所构建的预测模型敏感度、准确度、特异度较高,具有较强的预测能力及良好的临床效用,可为临床防治决策提供参考依据。

**[关键词]** 偏头痛; 脑白质核磁高信号; 列线图模型; 外部验证; 影响因素

**[中图分类号]** R747.2;R445.2 **[文献标识码]** A

基金项目:张家口市科技计划资助项目(2421064D)

作者单位:075000 河北省张家口市第一医院神经内科

通讯作者:苏彦果,E-mail:syg60070@163.com

- [6] 郭萌,梅芳华,刘聪,等. 2020-2022 年湖北省 HIV-1 感染者治疗前耐药状况分析[J]. 公共卫生与预防医学,2024,35(1):49-52.
- [7] Han X, An M, Zhang W, et al. Genome sequences of a novel HIV-1 circulating recombinant form, CRF55\_01B, identified in China[J]. Genome Announc, 2013, 1(1):e00050-12.
- [8] 周兰兰,洪仲思,赵燕,等. 珠海市 HIV-1 感染者抗病毒治疗前耐药情况和影响因素分析[J]. 中国艾滋病性病,2021,27(11):1224-1228.
- [9] Li D, Chen H, Li H, et al. HIV-1 pretreatment drug resistance and genetic transmission network in the southwest border region of China[J]. BMC Infect Dis, 2022, 22(1):741.
- [10] Xu X, Luo L, Song C, et al. Survey of pretreatment HIV drug resistance and the genetic transmission networks among HIV-positive individuals in southwestern China, 2014-2020[J]. BMC Infect Dis, 2021, 21(1):1153.
- [11] Zhou C, Liang S, Li Y, et al. Characterization of HIV-1 molecular epidemiology and transmitted drug-resistance in newly diagnosed HIV-infected patients in Sichuan, China[J]. BMC Infect Dis, 2022, 22(1):602.
- [12] Zhang M, Ma Y, Wang Z, et al. Prevalence and transmission of pretreatment drug resistance in people living with HIV-1 in Shanghai China, 2017-2021[J]. Virulence, 2024, 15(1):2373105.
- [13] Lv S, Lan Y, He Y, et al. Pretreatment drug resistance among people living with HIV from 2018 to 2022 in Guangzhou, China[J]. J Med Virol, 2024, 96(10):e29937.
- [14] Liu M, He XQ, Deng RN, et al. Pretreatment drug resistance in people living with HIV: a large retrospective cohort study in Chongqing, China[J]. HIV Med, 2022, 23(Suppl 1):95-105.
- [15] Cao D, Xing H, Feng Y, et al. Molecular transmission network analysis reveals the challenge of HIV-1 in ageing patients in China: elderly people play a crucial role in the transmission of subtypes and high pretreatment drug resistance in developed Eastern China, 2019-2023[J]. Virol J, 2024, 21(1):199.
- [16] World Health Organization. Guidelines on the public health response to pretreatment HIV drug resistance[EB/OL]. (2017-07-11)[2025-03-05]. <https://www.who.int/publications/i/item/9789241550055>, 2017.
- [17] Liu J, Li C, Sun Y, et al. Characteristics of drug resistance mutations in ART-experienced HIV-1 patients with low-level viremia in Zhengzhou City, China, China[J]. Sci Rep, 2024, 14(1):10620.
- [18] Hu H, Hao J, Wang D, et al. Pretreatment HIV drug resistance to integrase strand transfer inhibitors among newly diagnosed HIV individuals - China, 2018-2023[J]. China CDC Wkly, 2025, 7(2):31-39.
- [19] Zhang J, Sun B, Sheng Z, et al. Full-spectrum surveillance of pre-treatment HIV drug resistance in Southeastern China[J]. Pharmaceuticals (Basel), 2024, 17(7):900.

(收稿日期:2025-03-05)

(本文编辑:李昊阳)