



- 首页
- 学校要闻
- 领导讲话
- 专题报道
- 综合新闻
- 院系动态
- 国际事务
- 校友动态
- 招生就业
- 复旦人物
- 专家视点
- 复旦讲堂
- 校园生活
- 校史通讯
- 复旦书屋
- 相辉笔会
- 通知公告
- 媒体视角

复旦大学学者发现“男男性行为人群”艾滋病病毒传播新机制

作者：孙国根 朱元楨发布时间：2013-02-26 中字体

推荐 收藏 打印 关闭

本周新闻排行

相关链接

新闻中心讯 卫生部疾病预防控制专家委员会专家、复旦大学公共卫生学院何纳教授领衔的艾滋病研究课题组，首次综合运用流行病学、分子生物学及行为网络理论等多学科方法，并深入现场，历经3年多艰辛，对100名已感染艾滋病病毒的男男性行为者和与之发生性接触的1534名男男性行为者进行溯源追踪调查，最终发现男男性行为人群艾滋病病毒的行为和分子传播新机制。该机制揭示，同一对男男性行为者，由于“多性伴”会导致感染不同基因亚型的艾滋病病毒，并由于艾滋病病毒具有快速复制和基因重组的能力而存在“诞生”新的艾滋病病毒品种的风险。该成果对我国男男性行为人群艾滋病的有效防控提供了重要的科学依据，并已发表在国际流行病学界的顶级期刊《美国流行病学杂志》上，引起国内外研究者关注。何纳教授的博士研究生林海江因此受到第19届世界艾滋病大会特邀和全额资助，赴美国参加世界艾滋病大会并做专题发言。

男男性行为人群是指男男同性之间发生性行为的群体，其中除少数双性恋者和异性恋者外，绝大多数为我们通常所称的男同性恋者。据相关权威组织估计，我国男同性恋人群数量约为300万至1800万。据相关调查表明，男男性行为人群普遍存在婚外性行为、多性伴、无保护肛交、酒后性行为、商业性行为等，加上他们较独特的性行为方式，易导致自身感染艾滋病、梅毒等性传播疾病，更易造成相关疾病在人群中的传播。1981年发现的世界第一例艾滋病病例就是男同性恋者，该群体一直被全球公认为是艾滋病病毒感染的高危人群。

当前我国艾滋病疫情特征呈现的新动向表明，经性接触传播已成为我国艾滋病病毒传播的主要途径，且男男同性性接触传播比例上升明显。2008年3月，由卫生部牵头在全国61个城市开展男男性行为人群艾滋病病毒感染率调查，结果显示，该人群艾滋病病毒感染率平均高达4.9%，其中有5个城市感染率已超过10%，个别城市甚至接近20%。2012年，针对男男性行为人群的艾滋病哨点监测发现该人群艾滋病病毒感染率达6.7%，在个别大城市，男男性接触传播占新报告发现的艾滋病病例甚至高达50%以上。因此，男男性接触传播已经成为推动我国艾滋病疫情增长的主要原因之一。能否有效预防和控制艾滋病病毒在男男性行为人群中的传播蔓延，关系到我国艾滋病预防和控制工作的成败，关系到包括男男性行为人群在内的全人群的生命健康和公共卫生安全。

正因为如此，近年来，我国医学工作者越来越高度重视男男性行为人群的艾滋病防治研究，但既往研究主要集中在对该人群艾滋病相关高危行为、艾滋病病毒感染率和新发感染率的调查，虽然也有少量研究报道了该人群中主要传播流行的艾滋病病毒基因亚型，但未能将艾滋病相关行为流行病学与艾滋病病毒基因亚型或分子流行病学研究结合起来，因而缺乏对男男性行为人群艾滋病病毒传播机制的深入了解，进而影响到如何准确、有效、科学地制定并实施针对男男性行为人群的艾滋病综合防治策略。

何纳教授领衔的艾滋病研究课题组，首先对常规监测工作中新发现的感染艾滋病病毒的男男性行为者进行调查，追踪与其有性接触的男男性行为者，并对其进行艾滋病病毒检测；如发现其已感染艾滋病病毒，他们就对其作进一步的调查，再追踪与之有性接触的男男性行为者，并对其进行艾滋病病毒检测。如此逐级溯源追踪，直至没有新的艾滋病病毒感染者被发现为止。这一过程历时3年

多，课题组研究人员共对100名感染艾滋病病毒的男男性行为者及与其有性接触史的1534名同性性接触者进行了溯源追踪。通过这项艰辛工作，何纳课题组得以成功地绘制出以艾滋病病毒感染者为核心的“男男性行为人群性行为网络图”和“艾滋病传播链图”，结合基因亚型分析，清晰地阐明了男男性行为人群中艾滋病传播的行为和分子机制。

艾滋病病毒有多个基因亚型，同一感染来源的艾滋病病毒不仅基因亚型相同，在病毒基因的“系统进化树”上表现的遗传距离也接近，如果两个艾滋病病毒感染者所感染的艾滋病病毒基因亚型不同，则表明两者的感染来源不同。更为严重的是，如果两个感染有不同基因亚型的艾滋病病毒感染者相互之间发生包括性行为在内的艾滋病相关高危行为，则有可能导致同一个体内同时混合感染有两种不同基因亚型的艾滋病病毒，并进而由于艾滋病病毒具有快速复制和基因重组的能力，而导致新的艾滋病病毒基因亚型或重组体的产生，并籍由该个体的高危行为而进一步向其他群体传播和扩散。何纳课题组的研究发现，男男性行为人群中不仅存在聚集性艾滋病传播和感染，还发现多个性行为网络群体中混杂着不同基因亚型的艾滋病病毒感染者，他们不仅相互之间发生高危性行为，从而带来产生新的艾滋病病毒基因亚型的潜在风险，他们同时也与其他尚未感染艾滋病病毒的男男性行为者发生高危性行为，进而导致艾滋病在这一群体中广泛扩散和蔓延。

何纳认为，为防控艾滋病进一步蔓延，国家相关部门在加大力度宣传“男男性行为者应进一步减少性伙伴和推广使用安全套”的基础上，采取更加切实可行的干预措施，如进一步扩大男男性行为人群的艾滋病病毒检测，尽早发现传染源，尽早启动抗艾滋病病毒治疗措施，以降低感染者体内艾滋病病毒数，从而达到降低传染性的目的。

据悉，何纳课题组目前在“十二五”国家“艾滋病、病毒性肝炎等重大传染病科技重大专项”资助下，已在男男性行为人群中开展“未感染前”药物预防艾滋病病毒新发感染研究。

相关文章

已有0位网友发表了看法

[查看评论](#)

验证码: [发表评论](#)