

凉山州农村未婚青少年偶遇性行为 与HIV感染的监测分析

南磊 王启兴 许瀛月 龚煜汉 尹碧波 阿力拉曲 曾虹
李阿沙 张燕斌 苦约哈 栾荣生

【关键词】 HIV感染; 偶遇性行为; 未婚青少年; 农村
Surveillance on effect of casual sexual behavior to HIV infection among unmarried adolescents and young people from rural areas in Liangshan prefecture NAN Lei¹, WANG Qi-xing¹, XU Bin-yue², GONG Yu-han¹, YIN Bi-bo¹, ALI La-qu¹, ZENG Hong⁴, LI A-sha⁵, ZHANG Yan-bin⁶, KU Yue-ha⁷, LUAN Rong-sheng². 1 Liangshan Prefecture Center for Disease Control and Prevention, Xichang 615000, China; 2 West China School of Public Health, Sichuan University; 3 Butuo Center for Disease Control and Prevention; 4 Jinyang Center for Disease Control and Prevention; 5 Ganluo Center for Disease Control and Prevention; 6 Yuexi Center for Disease Control and Prevention; 7 Zhaojue Center for Disease Control and Prevention
Corresponding author: LUAN Rong-sheng, Email: luan_rs@scu.edu.cn

This work was supported by a grant from the China-MSD HIV/AIDS Partnership.

【Key words】 HIV infection; Casual sexual behavior; Unmarried adolescents and young people; Rural areas

凉山州少数民族地区商业性行为较少,未采取安全措施的偶遇性行为更为常见^[1],且存在多性伴现象^[2]。为探讨凉山州偶遇性行为对HIV传播的影响,2011年凉山州新增设农村未婚青少年人群综合监测哨点,现将结果分析如下。

1. 对象与方法:按照户籍登记,选择监测点所在县农村辖区内1872名15~25岁常住农村未婚青少年。按距离县城“较远”和“较近”将调查村分为2个层次,采用分层整群抽样方法各抽取5个村,获得知情同意后,对每县10个村共计400名符合入选条件的调查对象进行问卷调查,并采集5 ml静脉血。使用酶免试剂(ELISA-1)进行HIV抗体初筛检测,初筛阳性者使用另一种酶免试剂(ELISA-2)复检,两次检测结果均呈阳性则判定HIV抗体哨点监测阳性。采用EpiData 3.1软件建立数据库并录入数据,SPSS 18.0软件进行数据的描述和分析。

2. 结果:

(1)一般情况:调查人群年龄14~26岁,男性占59.8%,未订婚者占71.8%。大多数受访者(82.1%)为彝族,文盲或

小学文化程度占65.5%,73.6%的调查对象没有外出务工史。

(2)高危行为与HIV检测结果:有595人(31.8%)发生过性行为,其中296人(49.7%)发生过偶遇性行为。最近1年,发生性行为时,安全套坚持使用率为3.6%,从未使用安全套者占70.1%。201人(10.8%)承认有吸毒行为,其中56人(27.9%)有注射吸毒行为,并且47人曾与别人共用针具,共用针具率高达83.9%。本次共检测HIV抗体阳性者89人,阳性率为4.8%。

(3)HIV传播危险因素分析:单因素分析显示男性、彝族、年龄≥18岁、文化程度较低(文盲或小学)、有外出务工史、艾滋病相关知识不合格、发生过偶遇性行为、有注射吸毒行为的调查对象更容易感染HIV($P<0.05$)。以 $P\leq 0.20$ 为界限筛选单因素变量,进行多因素非条件logistic回归分析,显示发生过偶遇性行为($P=0.005$, $OR=2.233$)、具有注射吸毒行为($P=0.000$, $OR=9.943$)的调查对象更容易感染HIV。

为进一步明确偶遇性行为对该人群HIV感染状况的独立影响,将调查对象中有注射吸毒行为以及拒答者剔除,对无注射吸毒行为者HIV传播的影响因素做单因素分析,显示彝族、年龄≥18岁、文化程度较低(文盲或小学)、有外出务工史、发生过性行为和偶遇性行为的调查对象更容易感染HIV($P<0.05$)。以 $P\leq 0.20$ 为界限筛选单因素变量,进行多因素非条件logistic回归分析,显示在不具有注射吸毒行为的调查对象中,偶遇性行为仍是影响其HIV感染的重要因素($P=0.043$, $OR=1.880$)。

3. 讨论:少数民族地区农村未婚青少年HIV感染监测哨点为国内首次设立,具有重要意义。2010年凉山州15岁以上成年人群HIV感染率为1.04%^[3],而本次监测发现该人群HIV检出率达4.8%,提示凉山州农村未婚青少年人群HIV感染形势严峻,需加强该人群的艾滋病干预工作的力度。凉山州彝族聚居区村民内部普遍存在无安全措施的偶遇性行为^[2]。偶遇性行为虽然较少发生在陌生人之间,但也不会仅局限在本乡镇范围,一般会发生在本县范围内^[4]。本研究发现,除注射吸毒行为外,偶遇性行为是该人群HIV感染的重要影响因素;在无注射吸毒行为的调查对象中,偶遇性行为也是HIV感染的重要影响因素。因此,除继续针对农村未婚青少年人群的吸毒行为进行干预外,还应加强偶遇性行为的干预,以减少HIV的传播。

参 考 文 献

[1] Wang S, Keats D. Developing an innovative cross-cultural strategy

DOI:10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2012.11.024

基金项目:中国-默沙东艾滋病合作项目

作者单位:615000 西昌,凉山州疾病预防控制中心(南磊、王启兴、龚煜汉、尹碧波);四川大学华西公共卫生学院流行病学教研室(许瀛月、栾荣生);布拖县疾病预防控制中心(阿力拉曲);金阳县疾病预防控制中心(曾虹);甘洛县疾病预防控制中心(李阿沙);越西县疾病预防控制中心(张燕斌);昭觉县疾病预防控制中心(苦约哈)

通信作者:栾荣生, Email:luan_rs@scu.edu.cn

to promote HIV/AIDS prevention in different ethnic cultural groups of China. *AIDS Care*, 2005, 17(7): 874-891.

[2] Yang Y, Wu CL, Liu P, et al. Situation of casual sexual behaviors and geographic sexual networks among Yi ethnic villagers in one county of Liangshan prefecture. *Prev Med Inform*, 2012, 28(3): 184-186. (in Chinese)

杨义, 吴春霖, 刘鹏, 等. 凉山州某县彝族村民偶遇性行为现状及其地理网络分析. *预防医学情报杂志*, 2012, 28(3): 184-186.

[3] West China School of Public Health, Sichuan University. Comprehensive assessment report of the AIDS prevention work in Sichuan Province. Chengdu: West China School of Public Health, Sichuan

University, 2010. (in Chinese)

四川大学华西公共卫生学院. 四川省艾滋病防治工作综合评估报告. 成都: 四川大学华西公共卫生学院, 2010.

[4] Yang Y, Wu CL, Liu P, et al. Analysis of an investigation of casual sexual behaviors among Yi ethnic villagers in one county in Liangshan of Sichuan province. *Med Soc*, 2011, 24(1): 41-44. (in Chinese)

杨义, 吴春霖, 刘鹏, 等. 四川省凉山州某县彝族村民偶遇性行为调查. *医学与社会*, 2011, 24(1): 41-44.

(收稿日期: 2012-05-19)
(本文编辑: 卢亮平)

1 株柯萨奇病毒A6型河南分离株全基因序列特征分析

许玉玲 黄学勇 卫海燕 王卫华 许汴利

【关键词】 柯萨奇病毒A6型; 全基因序列

Analysis on genomic characteristics of coxsackie virus A6 strains isolated from Henan province XU Yu-ling¹, HUANG Xue-yong¹, WEI Hai-yan¹, WANG Wei-hua², XU Bian-li¹. 1 *Institute for Communicable Disease Control and Prevention, Henan Provincial Center for Disease Control and Prevention, Zhengzhou 450016, China;* 2 *Jiaozuo Center for Disease Control and Prevention*

Corresponding author: XU Bian-li, Email: xubl@hncdc.com.cn
This work was supported by a grant from the Henan Medical Science and Technique Foundation (No. 2011020175).

【Key words】 Coxsackievirus A6; Complete genome sequence

柯萨奇病毒A6(CVA6)属于肠道病毒A组成员, 主要引起疱疹性咽峡炎, 也可引起手足口病。2011年河南地区从手足口病患者粪便标本中分离到1株CVA6, 为了解其基因特征, 本研究对分离的CVA6毒株进行全基因序列测定。

1. 材料与amp;方法: 待测毒株为2011年河南省疾病预防控制中心传染病预防控制所实验室分离并鉴定的毒株, 命名HN421。引物设计: 根据原型株Gdula (AY421764) 和日本毒株Shizuoka 18 (AB678778) 序列, 设计10对首尾相互重叠、覆盖全基因的引物(表1)。RNA提取及反转录: 将毒株接种于RD细胞, 待病变达到75%时收获毒株, 用美国Qiagen公司的Rneasy mini试剂盒提取RNA, 用大连宝生物公司的PrimeScript 1-Strand cDNA Synthesis试剂盒反转录cDNA, 所有操作均按说明书进行。PCR扩增及测序: PCR反应体系50 μl, 10 × buffer 5 μl, dNTP混合物4 μl, 0.4 μl Taq酶,

DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2012.11.025

基金项目: 河南省医学科技攻关项目(2011020175)

作者单位: 450016 郑州, 河南省疾病预防控制中心传染病预防控制所(许玉玲、黄学勇、卫海燕、许汴利); 焦作市疾病预防控制中心(王卫华)

通信作者: 许汴利, Email: xubl@hncdc.com.cn

表1 CVA6全基因扩增引物

引物名称	序列(5' ~ 3')	位置	产物长度(bp)
CVA6-1F	TTAAAA CAG CCT GTG GGT T	1 ~ 19	
CVA6-1R	GAAACA CGG ACACCC AAA GTA GT	549 ~ 571	571
CVA6-2F	GGT GCG AAG AGT CTA TTG AGC	421 ~ 441	
CVA6-2R	GCT GTA GCG TCC GTA GAA GG	1081 ~ 1100	680
CVA6-3F	ACC ATC ACC ACC CAA GAG G	1018 ~ 1036	
CVA6-3R	AAG TTC TTT TGT GCT GCT CCA	2367 ~ 2387	1370
CVA6-4F	TGG TAC CAG ACC AAC TTC GTA GTA CC	2305 ~ 2330	
CVA6-4R	TAG GGT AAC CAT CATAAA ACC A	3034 ~ 3055	750
CVA6-5F	ATG TAT GTA CCA CCA GGA GCC CC	2887 ~ 2909	
CVA6-5R	AGC CCC GGA TTG TTG GCC	3367 ~ 3384	497
CVA6-6F	CAA GCA TAA CCA CCA CGG AT	3299 ~ 3318	
CVA6-6R	GGT TCA ATA CGG TGT TTG CTC T	4448 ~ 4469	1170
CVA6-7F	TGG GAA CGT GTC GTA CCT C	4335 ~ 4353	
CVA6-7R	CTT TGG ACT TCC TGT CTC TCA	4979 ~ 4999	664
CVA6-8F	CTC GGT AGA TTG GAC GCT G	4876 ~ 4894	
CVA6-8R	TGC TCC ACC CAA ATT GTC TTT CC	5545 ~ 5567	690
CVA6-9F	CTC AAG AAG CCT ATC CTC CG	5380 ~ 5399	
CVA6-9R	CCG AAA GTC ATC CTG AGA TAG ACT G	6515 ~ 6539	1100
CVA6-10F	GCA AGC CCT GTT CTC TAA GTA	6129 ~ 6149	
CVA6-10R	GCT ATT CTG GTT ATA CAA AT T	7413 ~ 7434	1300

cDNA 2 μl, 上下游引物(25 μmol/L)各1 μl。反应条件: 95 °C 3 min; 94 °C 45 s, 50 °C 35 s, 72 °C, 80 s, 35个循环; 72 °C 10 min。PCR产物经1.5%琼脂糖凝胶电泳鉴定, 纯化后送南京金斯瑞测序。生物信息学分析: 使用DNASar软件中的Seqman对所有测序结果进行拼接, 得到HN421。从GenBank选取同源性较高的肠道病毒A组原型株基因序列, 用DNASar中的Megaline进行同源性比较, 用Clustal X 1.83软件对各型病毒的5' UTR、P1、P2和P3区域进行比对, Mega 4.0软件构建进化树。

2. 结果: HN421是1条单股正链RNA, 全长7434 bp, 全