

青春健康加油站

“我不是笨小孩”！被公众误解的阅读障碍

——访华中科技大学同济医学院公共卫生学院教授宋然然

●本报记者 张思玮

“昨天刚刚讲完，怎么今天就忘了？”

“你就不能多看看书，多写几遍单词吗？”

……

这是国内很多家庭在辅导孩子作业中的场景。

“或许，这些孩子并非学习态度不端，也不是教育机会匮乏、智力障碍或存在视听觉损伤，而是受困于一种名为阅读障碍的神经发育性疾病。”近日，华中科技大学同济医学院公共卫生学院教授宋然然在接受《医学科学报》采访时表示，许多在识字、拼写和阅读上持续面临困难的孩子，常被贴上“笨”或“懒”的标签。

调查数据显示，受筛查诊断标准和语言文字体系差异的影响，全球约有3%~7%的学龄期儿童患有阅读障碍，我国儿童汉语阅读障碍的患病率约为3.45%。

然而，在我国，阅读障碍的概念尚未被公众广泛认知，社会与家庭的误解往往会给阅读障碍儿童带来沉重的心理负担。

“这些儿童不仅会面临学业受挫和社交困难，还会衍生出焦虑、抑郁、幸福感降低等一系列心理健康问题，且这些问题往往会延续至成年，进而影响其未来成就与发展。”宋然然表示，面对这一严峻的公共卫生挑战，探寻致病机制、构建早期筛查与干预体系，已成为关乎“全生命周期健康”的关键课题。

打破“无尺可量”的局面

若要破解汉语阅读障碍的病因，首先要解决“如何精准识别”的难题。但窘迫的现实是，国内缺乏标准化筛查工具。

为此，宋然然团队依托覆盖全国1.3万余名儿童的大样本数据，科学构建了儿童汉语阅读障碍筛查量表分性别、分年级的标准分与百分比常模，并自主开发了配套的儿童汉语阅读能力测评及阅读障碍筛查软件，形成了国内首份《儿童汉语阅读障碍筛查量表》。

此外，团队还根据《精神障碍诊断与统计手册(第5版)》(DSM-5)和《国际疾病分类(第11版)》(ICD-11)标准，针



宋然然

对临床门诊编制了涵盖字词、阅读、书写、书面表达、数学五个维度的《学习障碍症状评估量表》。

“这不仅为国内相关研究提供了一套完整的应用工具及评价体系，更为全国性早筛工作奠定了坚实基础。”宋然然表示。

有了筛查工具，宋然然教授牵头建立了“同济阅读障碍与阅读环境研究·READ”项目。该项目覆盖全国百余所学校，累计发放问卷超10万份，筛查出汉语阅读障碍儿童3000余人。这也是目前国内规模最大的汉语阅读障碍样本库。

“我们通过系统收集家庭环境信息与无创生物样本，从多维度的环境暴露、遗传特征以及二者交互作用中，全面阐释汉语阅读障碍相关危险因素，为开展全环境与多组学的深度病因学研究提供了不可替代的平台。”宋然然说。

解译“环境与基因”的交互致病密码

依托READ项目庞大的病例-对照数据库，研究团队系统揭示了汉语阅读障碍从宏观到微观的致病网络。

在环境暴露维度，团队首先聚焦于儿童早期的家庭微生态，证实母亲孕产期情况(如孕期感染、难产等)、家庭经济地位，以及家庭读写环境(如阅读氛围、电子设备使用等)，均是影响儿童阅读能力发展的关键因素。

在化学环境暴露方面，团队系统评估了儿童尿液中多种日常环境污染物的内暴露水平，首次揭示重金属、挥发性有机污染物(如多环芳烃、环氧乙烷等)及环境内分泌干扰物(如有机磷农药、邻苯

二甲酯类、双酚类等)暴露水平与阅读障碍患病风险显著正相关。

以有机磷农药为例，尿液中二乙基硫代磷酸酯和二乙基磷酸酯浓度处于最高四分位数的儿童，其阅读障碍的发生风险分别是处于最低四分位数儿童的1.82倍和1.85倍，且在男孩中尤为显著。这为环境化学物暴露的神经发育毒性提供了重要的人群流行病学证据。

在探索环境风险的同时，团队深入开展了汉语阅读障碍遗传机制研究。研究发现KIAA0319 rs9461045的T等位基因对亚洲人群具有保护作用。此外，CNTNAP2基因的rs3779031和rs987456位点与女孩患阅读障碍的风险降低显著相关，但在男孩中未观察到此关联，提示了病因学上的性别异质性。

“遗传与环境因素并非孤立起效。”宋然然说。

研究发现，BDNF与SLC6A3基因变异分别与高浓度的铜、锰暴露交互作用，增加患病风险；而GRIN2B基因多态性与锌暴露的交互则产生保护效应。在最新的多组学分析中，研究发现了多基因风险评分与双酚A存在联合致病效应，高双酚A暴露叠加高遗传风险的儿童患病风险进一步增加。

此外，团队还揭示了DRD2基因与环境环氧乙烷暴露的交互机制。

“这一系列从宏观环境到微观基因的硬核机制突破，不仅解开了汉语阅读障碍的病因之谜，也为后续构建精准的临床风险预警与干预模型提供了最关键的科学靶点。”宋然然说。

构建早期识别与干预的“中国模型”

但事实上，阅读障碍的发现往往滞后于早期窗口期，许多孩子直到学业严重受挫、产生厌学情绪后才察觉，这种“滞后性”是困扰临床与教育界的长期痛点。

“因此，建立一套科学、敏感且适合中国文化背景的早期预警体系是破局的关键。”宋然然带领团队通过整合特定的遗传易感位点、神经生理指标以及家庭读写环境等外部因素，创新性地构建了

阅读障碍的多维度风险预测模型。

这一模型如同在疾病发生前安置的“探头”，能够帮助家长和教育工作者在儿童正式进入小学阶段前，精准识别出具有高风险倾向的个体，从而为干预争取宝贵的黄金时间。

比如，针对携带高遗传风险但家庭语言刺激不足的儿童，团队建议通过针对性的家庭读写环境改善方案，如增加亲子共读频率、优化视觉读写空间等，有效对冲遗传风险。

同时，参考儿童慢病防控中“同因共管”的成功经验，团队积极推动建立“学校-家庭-社区-医疗机构”四位一体的联动机制。通过在学校开展科普教育、为家长提供专业指导、在医疗机构设立精准诊断哨点，打破了传统干预中资源难协同、场景割裂的局面，为中国儿童营造出一个包容且专业的支持性语言环境。

守护“读写”自由

“我们的研究不应该仅仅局限于实验室里的数据，而是始终关乎每一个鲜活个体的命运。”宋然然表示，实现阅读障碍的精准防控，不仅能显著减轻儿童及其家庭的学业负担与心理压力，更能从全生命周期健康的角度出发，提升未来社会劳动力的人文素养与生产力水平。

而这种从“病因机制”到“社会福祉”的跨越，标志着我国在儿童发育障碍研究领域正逐步迈向国际前沿。

面对未来，宋然然表示，团队将进一步深化医学、语言学、神经科学与教育学的交叉融合，开发更加标准化的汉字阅读障碍辅助诊断工具，并利用人工智能技术实现风险的动态监测与精准分层。

“同时，我们也积极呼吁在政策层面发力，推动将儿童阅读障碍的早期筛查纳入学生心理健康体检体系，确保每一个处于困境中的孩子都能得到公平的健康评估与教育资源。”宋然然表示，阅读不应成为孩子成长路上的羁绊，而应是他们探索世界的翅膀。通过构建儿童健康友好环境，我国儿童青少年多病共防体系有望持续完善，让每个孩子都能看到文字背后的世界。