

92 名男同志轟趴(Home Party)事件之愛滋檢驗與分析

摘 要

今年 2004 年 1 月 17 日台北市中山分局於私人住所查獲 92 名男同志集體搖頭性愛派對，抽取血液檢體經性病防治所與本局病毒實驗室檢驗與再次確認，其中愛滋病毒檢驗呈陽性共計 28 名，高達 30%；而梅毒檢驗陽性共計 23 名，高達 25%，本次檢驗之愛滋病陽性個案中有 14 名為已列管的舊個案，另外有 14 名為新感染個案。在愛滋病毒亞型(subtype)分析方面有 89.2% 為 B 亞型，10.7% 為 E 亞型。本實驗室更進一步作 B 型肝炎表面抗原與 C 型肝炎的抗體分析，結果發現有 27 名(30.6%) 為 B 型肝炎帶原者，有 5 名 (5.4%) 為 C 型肝炎 IgG 抗體陽性 (anti-HCV IgG)。

簡 介

人類免疫缺乏病毒 (Human immunodeficiency virus, 簡稱 HIV, 俗稱愛滋病毒) 是造成後天免疫缺乏症候群 (acquired immunodeficiency syndrome; AIDS) 的主要病毒，自從西元 1983 年人類首度分離出愛滋病毒後 [1, 9], 愛滋病即以驚人的速度襲捲全球，據世界衛生組織統計，目前全球約有 3.4~4.6 千萬人感染 HIV，因 AIDS 而死亡之人數約達 2 千萬人。愛

滋病毒在分類上屬於反轉錄病毒科 (retroviridae) 中的緩慢病毒 (lentivirus) 之一，在電子顯微鏡下觀察到愛滋病毒為 110nm 的球型病毒，具有醣化蛋白外套膜的病毒顆粒，其內殼含有雙套單股 RNA 及病毒複製時所需要的酵素，例如反轉錄酶 (reverse transcriptase)，嵌入酵素 (integrase)，蛋白酶 (viral protease)，及一些調節蛋白。愛滋病毒之單股 RNA 全長約為 9.2kb，共有 9 個基因[2]，愛滋病毒分為第一型 (HIV-1) 及第二型 (HIV-2)，分別源自於非洲東部及非洲西部，兩者在血清學反應上差異極大，HIV-2 和猴子的免疫缺乏病毒 (simian immuno deficiency virus, SIV) 較相似，而 HIV-1 又分成三大群：主群 M (Major group)、局外群 O (outlier) 及新群 N (New)。主群 M 根據 env 基因的差異又分為十個亞型 A 至 J，其彼此差異約在 20% 以上；局外群 O 與新群 N 尚未分亞型。愛滋病主要的傳染途徑以血液與體液傳染為主。梅毒是梅毒螺旋菌感染所引起的慢性傳染病，其病原體是德國的霍夫曼 (E. Hoffman) 和謝文定 (F. Schaudinn) 在 1905 年首先發現，其感染大都是因為和帶菌者有直接的接觸，例如性交、接吻等，輸血時也有可能感染；懷孕中的媽媽，也會經由胎盤把病原體傳染給胎兒，造成嬰兒先天性的梅毒。然而 B 型肝炎與 C 型肝炎為台灣地區造成肝炎與肝病的頭兩號殺手，分別由 B 型肝炎病毒 (HBV) 與 C 型肝炎病毒 (HCV) 所感染，主要的傳染途徑以血液與體液傳染為主，而台灣自 1986 年起全面對新生兒開始接種 B 肝疫苗，使得國小一年級之帶原率從接種前 10.5% 下降至 1.7% (2000 年)。

材料與方法

一、亞型分析

反轉錄及聚合酵素鏈鎖反應 (Reverse Transcription -Polymerase Chain Reaction ; RT-PCR) [3]

Primer 44F : ACAGTRCARTGYACACATGG

35R : CACTTCTCCAATTGTCCITCA

33F : CTGTTIAATGGCAGICTAGC

48R : RATGGGAGGRGYATACA

(一)、反轉錄反應 (Reverse Transcription)

取病毒RNA 10ul 加入 75mM KCl、50 mM Tris-HCl、3 mM MgCl₂、10 mM DTT、dNTP mixture 0.5 mM、RNasin 38U/ul 及antisense primer 35R 50 pmole的混合物中，70°C 10 分鐘，再加入 100 units MMLV-reverse transcriptase (Promega, Cat.# M1701)，於 37°C作用 90 分鐘。

(二)、聚合酶鏈反應 PCR

1、第一次 PCR (first round PCR)

以反轉錄反應中所得cDNA進行PCR，cDNA加入 50 mM KCl、10 mM Tris-HCl、1.5 mM MgCl₂、0.1% Triton-X 100、dNTP mixture 1 mM及 44F/35R各 50 pmole的混合物中，加入 5 units Taq polymerase (Invitrogen)，於 94°C作用 3 分鐘後，以 94°C 1 分鐘、48 °C 1 分鐘、72°C 2 分鐘，進行 35 次反應，最後在 72°C作用 15 分鐘。

2、巢氏 PCR (nest-PCR)

將第一次PCR產物取 5ul加入 50 mM KCl、10 mM Tris-HCl、1.5 mM MgCl₂、0.1% Triton-X 100、dNTP mixture 1 mM及 33F/48R各 50 pmole的混合物中，加入 5 units Taq polymerase (Invitrogen)，於 94°C 作用 3 分鐘後，以 94°C 1 分鐘、52°C 1 分鐘、72°C 2 分鐘，進行 35 次反應，最後在 72°C作用 15 分鐘。

二、定序分析(Sequencing)

使用商用螢光核酸定序試劑組 ABI PRISM^(TM) BigDye^(TM) Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit (Applied Biosystems) 來標記欲分析之核酸產物。由於核酸的純度會影響定序反應之好壞，取用高純度

($OD_{260/280} > 1.8$) 之核酸產物來做為定序之模板。所需之核酸量於雙股DNA (例如:質體)使用 200~500 ng、單股DNA 50~100 ng, PCR反應產物 30~90 ng即可。將適量核酸模板、3 μ l premix (包括Tris-HCl buffer, pH 9.0, $MgCl_2$, dNTP mix, labeled A-dye terminator, C-dye terminator, G-dye terminator, T-dye terminator, AmpliTag DNA polymerase FS with thermally stable pyrophosphatase)、3.2~5.0 pmole的核酸引子(本實驗使用的引子為: 2-Rabies-F/2-Rabies-R), 與適量的水混合均勻, 使反應總體積為 10 μ l。然後再覆上一層石臘油, 並將裝有反應物之微量離心管移置預熱在 94 $^{\circ}C$ 之聚合酶連鎖反應器中, 以 94 $^{\circ}C$ 30 秒、55 $^{\circ}C$ 15 秒、60 $^{\circ}C$ 4 分鐘之條件, 進行 25 次之循環反應, 最後將反應停止在 4 $^{\circ}C$ 。

三、演化樹分析

將本次 RT-PCR 的序列與亞型參考病毒株序列包括: TW20, TW71, TW115, TW8637, W112, TW8623, HIVMN, HIVSF2, TW78, THAI-B, TW8602, TW8610, TW31, HIVJY1, IVNDK, W61, TW8616, THAI-E, TW8604, TW8604, TW8629, TW98, TW8621, IVD747, HIVNOF, BV217, I525A, HIVKENY, HIVZ321, HIVB7944, VI557, HIVMP51, HIVAN70C[3]。演化電腦軟體 Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) version 2.1 操作。本分析一率採用“Neighbor-joining”方法分析。

四、愛滋病毒抗體檢驗法

(一) 粒子凝集法 (Particle agglutinations ; PA) (FUJIREBIO INC)

使用連續分注器於微量測定盤之第一孔滴入血清稀釋液 75 μ l, 第二孔至第四孔各 25 μ l, 陽性對照血清則於第二至第八孔均滴入 25 μ l 作為血清稀釋之用。以微量吸管分別吸取 25 μ l 血清檢體加入第一孔中, 並在液面下吸放混合均勻後, 吸 25 μ l 移入第二孔, 同樣混勻後, 再取 25 μ l 移入第三孔, 同樣混勻後, 於第四孔吸 25 μ l 連同微量吸管丟棄於可高壓滅菌之廢棄物容器內 (陽性對照血清則須稀釋至第八孔後再丟棄)。加 25 μ l 未敏感化

粒子於第二孔，當作陰性血清對照；加 25 μ l 第一型敏感化粒子於第三孔，加 25 μ l 第二型敏感化粒子於第四孔。陽性對照血清則第一型敏感化粒子須加自三至八孔；第二型敏感化粒子須加自三至八孔。將微量滴定盤振盪混勻後，加封膜靜置於平面上，於室溫下靜置二小時（要避免移位與震動），使血清中有特異性抗體者得與抗原結合形成凝集，觀察粒子凝集現象。

(二) 西方墨點法 (Western blotting) (NEW LAV BLOT I ; BIO RAD)

以鑷子依序夾取出含有硝酸試紙條之末端置於反應槽中，除檢體數外需再加二條（陽性、陰性）進行對照組之平行測試。於各凹槽內加入 2 ml 洗滌液後開啓震盪板搖 5 分鐘，使試紙條充分濕潤。分別加入各 20 μ l 血清檢體、陰性及陽性對照液於相對應之反應槽中，於室溫下加蓋搖擺作用 2 個小時。以負壓抽吸器吸乾各反應槽內之液體。各注入 2 ml 洗滌液，搖擺 5 分鐘後吸乾，重複此清洗步驟三次。各注入 2 ml 的結合液，加蓋後在室溫中搖擺作用一小時，洗滌三次。各注入 2 ml 之呈色液，搖擺作用約 5 分鐘使之呈色。以負壓抽吸器吸乾反應槽內液體並以二次蒸餾水清洗三次，以停止反應。比對呈色反應線判讀結果。

五、 B型肝炎表面抗原檢驗 (ELISA) (ABBOTT Murex)

取出 B 型肝炎表面抗原檢驗試劑之微量反應盤，每孔加入 180 μ l Sample diluent，取 20 μ l 待測檢體及 20 μ l（陰性、陽性）對照組於各測試孔，均勻混合後放置 37°C 培育 1 小時，每孔再加入 50 μ l conjugate，混合後放置 37°C 培育 30 分鐘，以 Wash buffer 清洗 4 次，每孔各加入 100 μ l Substrate solution 加蓋避光，37°C 培育 30 分鐘，每孔各加入 50 μ l Stop solution，須於 15 分鐘內以微量反應盤分光儀測出 450 nm 之吸光值。

六、 C型肝炎抗體檢驗 (ELISA) (ABBOTT Murex)

取出 C 型肝炎抗體檢驗試劑之微量反應盤，每孔加入 25 μ l Sample diluent，取 75 μ l 待測檢體及 75 μ l（陰性、陽性）對照組於各測試孔，均

与混合後放置 37°C 培育 1 小時，以 Wash buffer 清洗 4 次，加入 100 ul conjugate 於每個測試孔，放置 37°C 培育 30 分鐘，以 Wash buffer 清洗 4 次，每孔加入 100 ul Substrate solution 加蓋避光，37°C 培育 30 分鐘，每孔加入 50 ul Stop solution，須於 15 分鐘內以微量反應盤分光儀測出 450 nm 之吸光值。

結 果

將送來本實驗室的 92 支檢體，首先以粒子凝集法作初步篩檢，結果發現有 28 支檢體檢驗呈陽性，根據愛滋病檢驗流程將粒子凝集法初步篩檢性的個案，以西方墨點法作再確認，依照世界衛生組織的判斷標準 (2ENV±GAG±POL，即可判定為陽性)(圖三)，此 28 支檢體均為 HIV-1 陽性，其陽性率達高達 30.4 % (28/92)。由於愛滋病的傳染途徑是以血液與體液傳染為主，因此本實驗室亦將此 92 支檢體作 B 型肝炎 (HBV) 抗原與 C 型肝炎 (HCV) 病毒抗體檢查，因此兩種病毒為台灣常見且普遍經血液、體液傳染的肝炎。由於有幾支檢體量不足，B 型肝炎只作了 88 支而 C 型肝炎只作了 91 支。檢驗結果發現 B 型肝炎表面抗原陽性的有 27 支 (30.6% ; 27/88)，C 型肝炎抗體陽性的有 5 支 (5.4 % ; 5/91) (表一)。根據台北市性病防治所提供的資料，92 名男同志中有 23 位感染梅毒 (25%) (見表一)。若進一步以本次轟趴事件 HIV-1 陽性個案為分析的母群體，可以發現其中 B 型肝炎表面抗原陽性的有 9 位 (36%)，C 型肝炎抗體陽性則為零 (0%)，梅毒感染為 11 位 (39.2%) (表二)。

愛滋病毒亞型分析採用分子生物技術，首先利用引子對 44F/35R 以 RT-PCR 的方法作愛滋病毒 C2-V5 片段初步增幅[3]，接著，以 RT-PCR 的產物為模股以 33F/48R 引子對作 Nest PCR 增幅，再以洋菜膠電泳分析經 EtBr 染色可以見到 525 bps 的愛滋病毒 C2-V3 基因片段(圖一)。將此 Nest PCR 產物經定序分析再將基因序列上網利用 NCBI 基因資料庫作愛滋病毒

亞型分析，結果發現 B 亞型有 25 人 (89.2%)，E 亞型有 3 人 (10.7%) (表二)。演化樹分析首先將基因片段比對整理，最後取 345 bp 片段長，使用 MEGA 2.1 分析軟體率採用 “Neighbor-joining” 方法，並重複計算 (Bootstrap) 1,000 次。結果發現本次分析序列多數在 B 亞型的聚集中，只有 3 個在 E 亞型的聚集中，而其它的聚集則為參考亞型序列 (A, D, C, F, H, O) (圖二)。

討 論

在本次事件中 92 名男同志的血液檢體經粒子凝集法與西方墨點法的檢驗確認有 28 名為愛滋病感染者，以目前愛滋病的檢驗包括：酵素免疫分析法 (ELISA)，粒子凝集法 (PA)，愛滋病毒抗原 P24 檢驗、西方墨點法 (Western blot)、病毒培養與核酸檢驗 (Nucleic Acid Testing ; NAT) [4] 包括：反轉錄聚合酶鏈鎖反應 (RT-PCR)、分支 DNA (bDNA) 與即時定量 RT-PCR (real-time RT-PCR) 等，在一般的醫院與檢驗診所多採用血清測試法以酵素免疫分析法或粒子凝集法為初步篩檢，再利用西方墨點法來做最後的確認，而此檢驗流程與步驟是經過世界衛生組織與美國疾病管制局建議採行的標準。至於核酸檢驗由於其敏感度及特異性高須由經驗豐富的專業人員操作，因此目前多為中央單位與研究單位使用，未來也有可能推廣到各醫療院所使用，因為核酸檢驗可以縮短抗體空窗期所造成的檢驗漏洞，將 3 個月縮短到 2 個禮拜，目前日本及歐洲許多國家的捐血中心都開始使用 NAT 的方法作血袋與血漿製劑的篩選，可提高檢驗的品質與效率[5]。

每種傳染疾病有其固定的傳染途徑，因此只要了解這些途徑自然知道如何預防，不會產生過度的恐慌。以愛滋病而言主要的傳染途徑有三種，一、性行為傳染：與愛滋病毒感染者發生口腔、肛門、陰道等方式之性交行為，或其他體液之交換。二、血液感染。三、母子垂直感染：嬰兒會由其已感染病毒的母親在妊娠期、生產期或授乳而得到愛滋病毒。簡單而言就是透過血液及其他體液傳染，而透過此種方式傳染常見的亦包括：梅毒、B 型肝炎與 C

型肝炎[6]，因此本實驗室也將此 92 名男同志的血液檢體作 B 型肝炎表面抗原與 C 型肝炎抗體檢測，結果顯示本次的檢驗中有 30.6% 為 B 型肝炎帶原者，5.4% 為 C 型肝炎 IgG 抗體陽性，這表示這些人可能曾經感染或正在感 C 型肝炎，而梅毒的檢測結果由北市性病防治所提供有將近 25% 感染梅毒。在台灣地區 B 型肝炎帶原者在成人的比率約為 15%~20%，而 C 型肝炎帶原者的比率約為 2%~4%，本次事件中 B 型肝炎與 C 型肝炎帶原比例稍微偏高，而這些帶有梅毒、B 型肝炎、C 型肝炎的人就有很大的機會在不安全的性行為中透過血液或其他體液將梅毒或病毒傳播給其他人，其中 C 型肝炎的傳播也可能與注射有關。

從本次轟趴事件檢驗結果顯示男同志在 HIV、HBV、HCV 等經由體液傳染之病毒感染率比一般人高，若其沒有採取安全的性行為或有共用毒品針頭之習慣，很容易成為具有高危險性的病毒傳播者。然而，在同志族群中除了一般常被注意的愛滋病的防治與檢驗之外，對於其他經由體液傳染之病原體的檢查與防治也要格外重視，這也是政府衛生部門訂定傳染病防疫計劃及相關單位、團體在推動愛滋病防治時要注意的地方。

在愛滋病毒亞型分析的結果顯示在這次事件的愛滋病感染者有 89.2% 為 B 亞型、10.7% 為 E 亞型，而根據文獻台灣地區愛滋病毒 B 亞型約佔 68%~72%，E 亞型約佔 23%~29%[3,7]，本次事件的愛滋病毒亞型分析可以發現 B 亞型偏高，可能是因為分析的母群體均為男同志所導致，而在過去的研究也發現不同亞型盛行於不同的族群，而且跟性別及性行為的模式有關係，例如：在泰國 B 亞型在靜脈毒癮者間傳播，而 E 亞型在異性戀者間傳播；在台灣感染人數中以 B 亞型最多[7]且有次相聚落（subcluster）之現象，可能有些人經常在一起玩彼此傳染，在男異性戀者與男同性戀者佔較大之比例，而 E 亞型以異性戀者居多。根據國內外的研究若以性行為的模式來分析感染的亞型可發現，B 亞型的愛滋病毒可能藉由肛交的方式傳播，而 E 亞型的愛滋病毒可能藉由陰道性交的方式傳播，因此在多數的異性戀的愛滋感染者多

為 E 亞型[8]。

愛滋病的感染每年以驚人的速度不斷攀升，而且感染的年齡層也有下降的趨勢，截至目前為止台灣地區已經有 5839 人感染愛滋病，而且國內感染人數每年都不斷在增加，目前台灣已經被世界愛滋病協會劃分為愛滋病高成長地區，愛滋病的治療防疫實在刻不容緩。在本次男同志轟趴事件中有將近 1/3 的人為愛滋病感染者，感染者當中又有一半為衛生署列管個案。由此可發現有少數的列管感染者仍然與陌生人發生性行為，此事件恐怕只是冰山一角大家要極力做好愛滋病的宣導工作與教導民眾安全的性行為，也能深入同志族群與感染者給予正確及最新的衛教資訊，使其能夠保護自己以及保護其所愛的人！

致 謝 感謝台北市立性病防治所提供所有個案之資料與檢體

撰稿者：王聖帆¹、劉素真¹、林思鳳¹、林翠莉¹、王素華²、黃彥芳²、賴安琪²、蔡淑芬²、歐乃銘²、陳國東³、張安隆³、楊志元¹、陳豪勇¹、林鼎翔¹。

1. 行政院衛生署疾病管制局研究檢驗組
2. 疾病管制局愛滋病及其它特殊傳染病防治組
3. 台北市立性病防治所

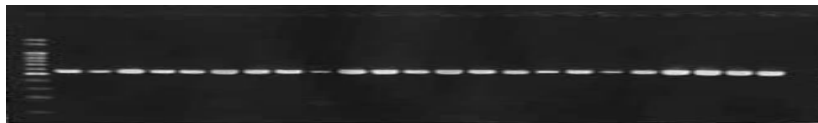
參考文獻

1. Kaposi's sarcoma and Pneumocystis pneumonia among homosexual men--New York City and California. MMWR Morb Mortal Wkly Rep 1981,30:305-308.
2. Beale KK, Robinson WE, Jr. Combinations of reverse transcriptase, protease, and integrase inhibitors can be synergistic in vitro against drug-sensitive and RT inhibitor-resistant molecular clones of HIV-1. Antiviral Res 2000,46:223-232.
3. Yang JY, Lin TL, Luo CC, Chen HY, Twu SJ. Subtyping HIV-1 infections in Taiwan using peptide-enzyme immunoassay, reverse transcription- polymerase chain reaction, and sequencing. J Formos Med Assoc 2001,100:89-100.
4. Ohnuma H, Tanaka T, Yoshikawa A, et al. The first large-scale nucleic acid

- amplification testing (NAT) of donated blood using multiplex reagent for simultaneous detection of HBV, HCV, and HIV-1 and significance of NAT for HBV. *Microbiol Immunol* 2001,45:667-672.
5. Mine H, Emura H, Miyamoto M, et al. High throughput screening of 16 million serologically negative blood donors for hepatitis B virus, hepatitis C virus and human immunodeficiency virus type-1 by nucleic acid amplification testing with specific and sensitive multiplex reagent in Japan. *J Virol Methods* 2003,112:145-151.
 6. Meng Q, Wong C, Rangachari A, et al. Automated multiplex assay system for simultaneous detection of hepatitis B virus DNA, hepatitis C virus RNA, and human immunodeficiency virus type 1 RNA. *J Clin Microbiol* 2001,39:2937-2945.
 7. Chen YM, Lee CM, Lin RY, Chang HJ. Molecular epidemiology and trends of HIV-1 subtypes in Taiwan. *J Acquir Immune Defic Syndr Hum Retrovirol* 1998,19:393-402.
 8. Dillner L. HIV subtype may explain sexual transmission. *Bmj* 1996,312:530-531.
 9. Barre-Sinoussi F, Chermann JC, Rey F, et al. Isolation of a T-lymphotropic retrovirus from a patient at risk for acquired immune deficiency syndrome (AIDS). *Science* 1983 , 220:868-871.

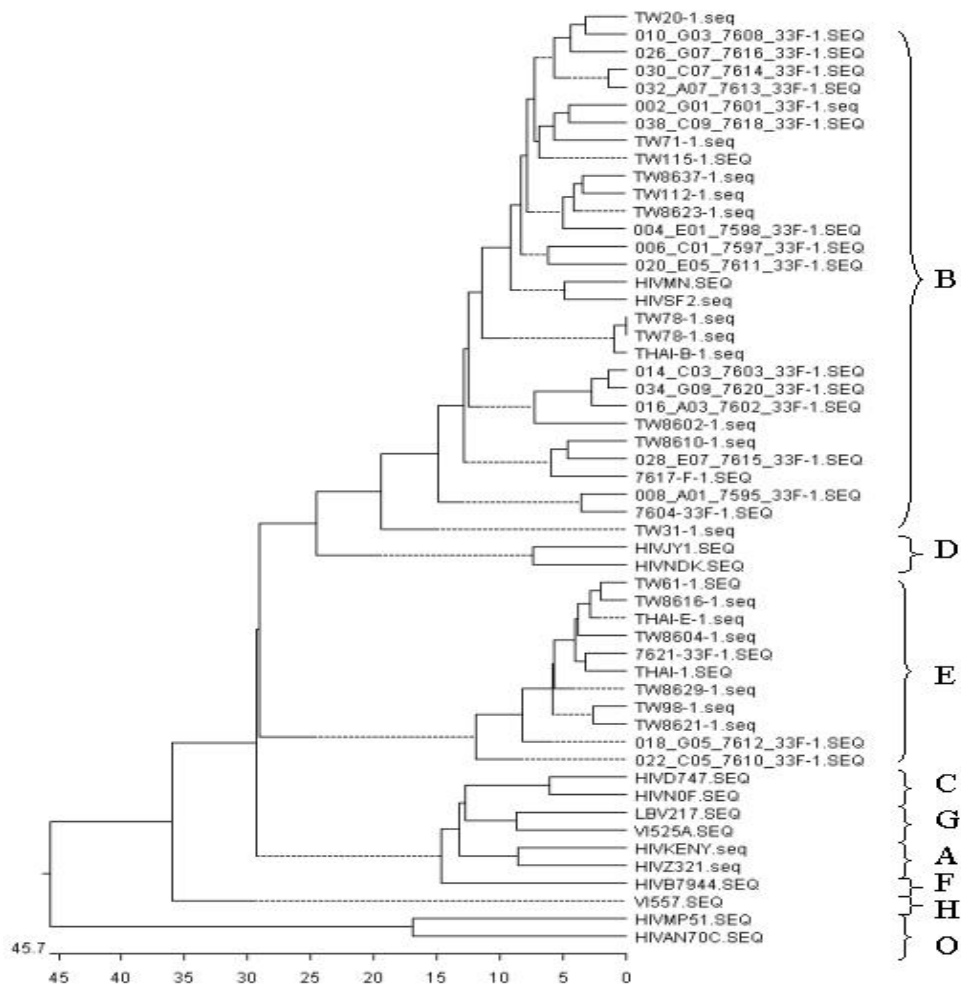
圖一、Nest PCR 電泳分析圖

M.1.2.3.4.5.6.7.8.9.10.11.12.13.14.15.16.17.18.19.20.21.22.23.N



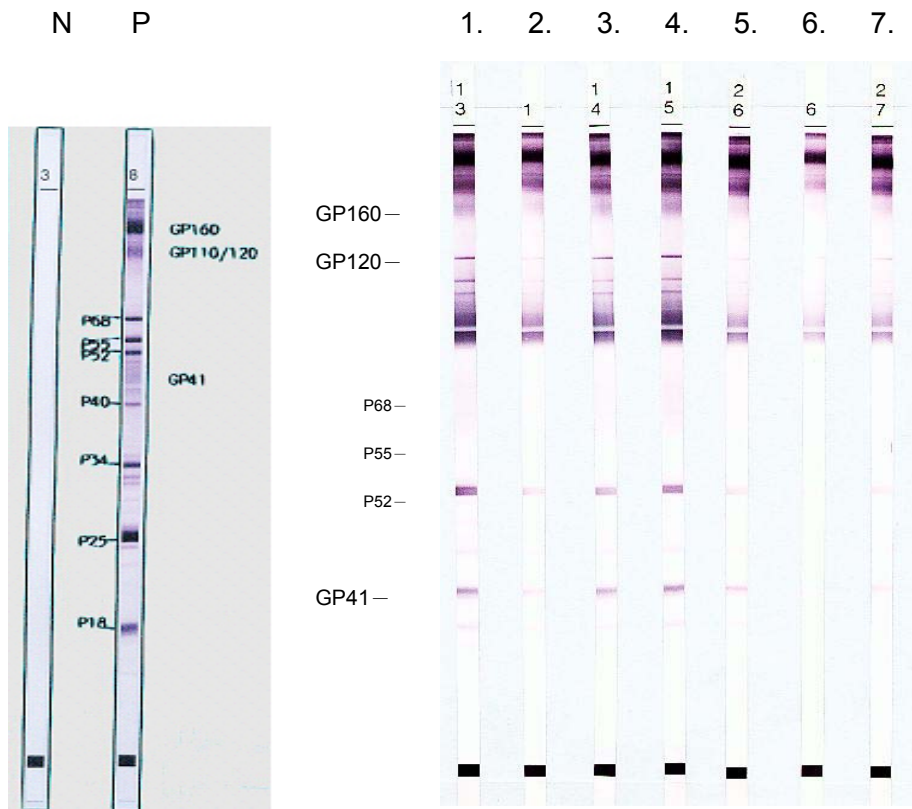
以 33F/48R 的引子對作 Nest PCR 的增幅可得到 525bps 的愛滋病毒 C2V3 的基因片段，其中 M 為 Marker 100 bp ladder，1~23 為本次愛滋病檢驗確認的陽性個案，N 為陰性對照組。

圖二、演化樹分析



此圖為愛滋病毒亞型的演化樹分析，採用 MEGA 2.1 的分析軟體，採用“Neighbor-joining”方法，將愛滋病毒參考病毒株序列與本次定序的結果作分析與比較。

圖三、西方墨點法的分析結果



此圖為西方墨點法的檢驗結果，其判定標準為 2 ENV ±GAG±POL，至少有三條抗體的反應線即可判為陽性，其中 N 為陰性對照組，P 為陽性對照組，lane 1~7 為本次檢驗之陽性個案。

表 一、92 位男同志的 HIV-1、梅毒、HBV 及 HCV 檢驗結果

編號	陽性	陰性	總計
HIV-1(PA,WB)	28 (30.4%)	64 (69.5%)	92
梅毒血清 (RPR,VDRL)	23 (25.0%)	69 (75.0%)	92
HBV 抗原檢測	27(30.6%)	61(69.3%)	88
HCV 抗體檢測	5(5.4%)	86(94.5%)	91

註：在 HBV 抗原檢驗時有 4 支檢體量不足；HCV 檢驗時有 1 支檢體量不足

表二、28 名愛滋感染者其體內愛滋病毒的亞型與其在梅毒、HBV 與 HCV 感染情形

HIV-1 陽性個案	HIV-1 亞型	梅毒血清檢測		肝炎病毒檢測	
編號	Subtype	RPR	VDRL	HBV	HCV
1	B	Pos	1:1	Neg	Neg
2	B	Pos	1:1	Pos	Neg
3	B	Neg	Neg	Neg	Neg
4	B	Neg	Neg	Neg	Neg
5	B	Neg	Neg	Neg	Neg
6	B	Pos	1:4	Neg	Neg
7	B	Pos	1:2	Neg	Neg
8	B	Pos	1:4	Pos	ND
9	B	Pos	1:1	Pos	Neg
10	B	Neg	Neg	Pos	Neg
11	B	Neg	Neg	Neg	Neg
12	B	Pos	1:2	ND	Neg
13	B	Pos	1:8	ND	Neg
14	B	Neg	Neg	Pos	Neg
15	B	Pos	>1:64	Neg	Neg
16	E	Neg	Neg	Pos	Neg
17	B	Neg	Neg	Neg	Neg
18	E	Pos	1:1	Neg	Neg
19	B	Neg	Neg	Neg	Neg
20	B	Neg	Neg	Neg	Neg
21	B	Neg	Neg	Neg	Neg
22	B	Neg	Neg	Pos	Neg
23	B	Neg	Neg	Neg	Neg
24	B	Neg	Neg	Neg	Neg
25	B	Neg	Neg	W+	Neg
26	B	Neg	Neg	Pos	Neg
27	E	Neg	Neg	Neg	Neg
28	B	Pos	1:1	ND	Neg

※其中 Neg 為陰性，Pos 為陽性，W+ 為弱陽性，ND 為未檢驗。

