計畫編號：DOH93-DC-1043

行政院衛生署疾病管制局委託研究計畫

愛滋病病毒分子實驗室計畫

研 究 報 告

執行機構：國立陽明大學 愛滋病防治及研究中心

計畫主持人：陳宜民

研究人員：陳宜民、楊志元、王永衛、林育惠、陳國東、呂學重、蔡季君、鄭舒倖、陳冠璇、藍郁青

執行期間： 93 年 8 月 3 日 至 93 年 12 月 31 日

＊本研究報告僅供參考，不代表衛生署疾病管制局意見＊

目錄

目錄

中文摘要

英文摘要

第一章 前言 1

第一節 HIV/AIDS 流行現況 1
第二節 HIV 亞型之分子流行病學 1
第三節 靜脈毒癮者感染 HIV 之流行情況 5

第二章 材料與方法 7

第一節 資料與檢體收集 7
第二節 研究方法及步驟 8
第三節 資料分析 12

第三章 結果 13

第一節 HIV-1 陽性病人之人口學特徵 13
第二節 台灣地區 HIV-1 基因型分析 14
第三節 台灣地區 HIV-1 基因型年代趨勢分析 15

第四章 討論 16

第五章 結論與建議 18

英文參考文獻 19

中文參考文獻 24

附錄一 32

附錄二 34

表次

表一、民國 93 年 8 月至 12 月台灣地區 HIV-1 陽性個案之人口學特徵 25

表二、民國 93 年 8 月至 12 月灣地區 HIV-1 陽性個案之基因亞型及危險因子分析 26

表三、民國 93 年 8 月至 12 月灣地區男性 HIV-1 陽性個案之基因亞型及危險因子分析 27

表四、民國 93 年 8 月至 12 月灣地區女性 HIV-1 陽性個案之基因亞型及危險因子分析 28

圖次

圖一、民國 93 年 8 月至 12 月台灣地區 HIV-1 基因亞型分佈.....29

圖二、1988 年至 2004 年台灣地區 HIV-1 基因亞型年代趨勢分佈 30

中文摘要

研究目的：本計畫目的為建立國內愛滋病病毒分子實驗室。利用全國愛滋病指定醫院及疾病管制局各分局收集我國愛滋病病毒檢體，以分子流行病學方法，監測 HIV-1 各亞型之流行趨勢及在各危險族群的分佈狀況，達成監控疫情目的。

研究方法：本計畫收集 2004 年 383 位 HIV-1 陽性個案之血液檢體，進行 HIV-1 *pol env* 基因的亞型分析。同時收集這些個案之危險因子調查問卷，綜合基因型以及流行病學調查所得到的分子流行病學之資料，以建立台灣本土愛滋病病毒株之基因資料庫，作為未來疫苗政策及抗藥性研究之參考依據。而 HIV-1 亞型之分析是利用聚合酶連鎖反應（PCR）以 DNA 定序來分析。

主要發現：在我們作基因型分析的 376 人中，有 44.7% (168/376)是 B 亞型而 10.6%(40/376)為 CRF07_BC 亞型，0.8%(3/376)為 CRF01_AE 以及 0.3%(1/376)的 C 亞型。 在觀察不同危險族群之 HIV-1 亞型分佈情形中，異性戀族群有 42.4%為 B 亞型，有 6.1%為 CRF01_AE 亞型；同性戀族群有 53.7%為 B 亞型，有 0.4%為 CRF01_AE 亞型；在雙性戀族群中，53.6%為 B 亞型；靜脈毒癮族群中，有 40 位為 CRF07_BC 亞型，7 位為 B 亞型。

結論：分析 HIV-1 *pol env* 基因亞型在不同危險族群中的盛行情形，我們可以看到靜脈毒癮族群間正爆發源自中國大陸的 CRF07_BC 病毒株的流行。

建議事項：本研究，對於疫苗的發展、抗藥性的診斷、危險因子的分析等三方面有很大的助益，且進一步建立本土性的 HIV-1 基因庫，並同時

配合流行病學的資料，讓我們有機會探究罕見亞型 CRF07_BC 的起源，從而擬訂防治的策略，供有關單位參考。

關鍵字：愛滋病病毒、亞型分析、基因序列分析

英文摘要

Background: The main purpose of this study was to setup a AIDS Molecular Virology Laboratory and investigate the distribution and trends of the HIV-1 subtypes in different high-risk groups in Taiwan and to identify and characterize rare or unique subtypes.

Methods: Blood samples and questionnaires were collected from 383 HIV-1/AIDS patients attending CDC, different AIDS treatment centers and jails in Taiwan during 2004. HIV-1 subtybes were determined using PCR and DNA sequencing of HIV-1 *env* and *pol* genes.

Results: Of 376 HIV-1-infected men, 44.7% were infected with HIV-1 B, 10.6% with CRF07_BC, 0.8% with CRF01_AE and 0.3% with subtype C. Heterosexual men were primary infected with HIV-1 B (42.4%) and CRF01_AE (6.1%), whereas homosexual men were primarily infected with HIV-1 B (53.7%) and CRF01_AE (0.4%). There were 40 IVDU patients with HIV-1 CRF07_BC isolates. The other 7 IVDU patients infeted with subtype B.

Conclusion: There was an outbreak of HIV-1 CRF07_BC isolate among IVDU group in 2004. And the source of HIV-1 CRF07_BC might had a relationship with South China. This molecular surviallance of HIV-1 can provide promising insight toward AIDS prevention and control in Taiwan

Key words: HIV, genotyping, phylogenetic analysis.

第一章 前言

第一節 HIV/AIDS 流行現況

自 1980 年美國發現全球首例後天免疫缺乏症候群（愛滋病，Acquired Immunodeficiency Syndrome，簡稱 AIDS）後，1983 年人類免疫不全病毒（Human Immunodeficiency Viruses，HIV）被培養分離，經過了二十年已經在世界各國大肆蔓延開來。根據 UNAIDS 的估計，在 2004 年 12 月全球存活的 HIV 帶原/AIDS 病患人數約為三千九百四十萬人。而在 2004 年的新感染人數就達到四百九十萬，而當年死於愛滋病患也有三百一十萬人（http://www.unaids.org），成為全球最嚴重的公衛議題。

台灣自 1985 年一月第一位有文獻記載的 HIV 感染個案(Yao et al., 1996)後，根據政院衛生署疾病管制局的統計，截至 2004 年 11 月底止，HIV 感染者人數為 7,044，其中本國籍為 6,552 人，男性 6,108 人（93.22%）女性 444 人(6.78%)，年齡的分佈以 20-29 歲 2,486 人（37.94%）為最多，其次為 30-39 歲 2,216 人（33.82%）。若將危險因子區分為異性戀、同性戀及雙性戀則以因異性戀性行為造成 HIV 感染的人數為最多 2,341 人（35.73%），其次為同性戀性行為 2,282 人（34.83%），而雙性戀感染者有 682（10.41%）（http://www.doh.gov.tw）。

第二節 HIV 亞型之分子流行病學

人類免疫不全病毒為一種反轉錄病毒(Retrovirus)，其病毒顆粒是一種直徑約為 100nm 的球狀病毒，外面包著由雙層脂質構成的外套膜(envelope)，一個有感染力的 HIV-1 病毒顆粒包含了兩條約 9.7Kb 的單股 RNA 基因體(genome)，病毒藉由外套膜上的醣蛋白 gp120 和人體內表面含有 CD4 受體的細胞結合(Schnittman et al., 1989)，在病毒外套膜上的醣蛋白 gp41 協助之下，進行病毒與細胞的融合，使病毒核心蛋白及兩條 RNA 基因體進入細胞內(Freed et al ., 1990)。因其為反轉錄病毒，且為了躲過宿主體內之免疫系統，HIV 病毒基因的突變率很高，使得人類對於愛滋病的預防與治療更加的困難。

愛滋病病毒主要可分為 HIV-1 及 HIV-2 兩型（Clavel et al., 1986）。HIV-1 依其蛋白質外套膜（env）與核心蛋白（gag）的基因序列亦可區分為主要群（Major group）、局外群（Outlier group, O 群）及新群（New group）三大群，而在主要群中又分為 A、B、C、D、F、G、H、J 等亞型，以及 circulating recombinant forms (CRFs) AECM240、AGIbNG、AGICY032、ABKal153。(Heyndrickx. Et al., 2000)。局外群尚未分出亞型；屬於新群的病毒非常罕見，主要分布在西非喀麥隆（Cameroon）地區（Simon F et al., 1998）。

HIV-1 的基因序列的變異（演化）是建立在基因突變、重組、病毒的複製以及宿主的免疫系統或服用的藥物的篩選(Dougherty et al., 1988; Hu et al., 1990; Pathak et al.,1990a; Pathak et al.,1990b; Regoes et al., 1998; Temin et al., 1993.)。在不同病程進展(progressor)之病人其各自體內之 HIV-1 的 env 基因 C2-V5 區域之變異程度就不同，且 V3、V4、V5 之演化率亦各自不同(Bagnarelli et al., 1999)。相同亞型間的變異性通常小於 15 %，不同亞型則有

20~30%的變異性，此外，基因重組病毒株的出現(Robertson. Et al., 1997)，更增加 HIV 基因組成的複雜性以及實驗室基因學診斷的困難度（Li. Et. al., 1988; Hu et al., 1990）。

愛滋病病毒亞型（基因序列）的分析，對於下列各方面有重要的貢獻。1. 疫苗的發展，2. 抗藥性的診斷，3. 危險因子的分析。

在疫苗的研發方面，HIV-1 env 及 gag 基因序列的分析將提供重要的訊息（Gaschen et al., 2002）。在抗藥性的診斷方面，HIV-1 的 pol 的前半段基因序列與抗藥性的產生有密切的關係。由於之前有關 HIV 的抗藥性研究主要以 B 亞型為主，在其他亞型其 pol 基因序列與抗藥性的相關性的資料非常有限，目前已知道 O 群病毒常會對 NNRTIs (Non-nucleotide reverse transcriptase inhibitors) 類的藥物產生抗藥性(Descamps et al., 1997; Quinones-Mateu et al., 1997.)。此外， HIV-1 G 亞型 (台灣也有此種亞型) 對蛋白酵素抑制劑(Protease inhibitors)的感受性(Susceptibility)也較低，而 F 亞型 HIV-1 也被發現對 NNRTI 的感受性降低(Apetrei et al., 1998.)。因此在臨床上 HIV-1 亞型的重要性也逐漸被大家所重視。

本中心已利用 ViroSeqTM HIV-1Genotyping System 分析 136 位尚未服用抗病毒藥物之病人(treatment naïve)的 pol 基因序列中，發現有 1.5%的序列中含有主要突變(primary mutation)，其中，3.2%的男同性戀者擁有抗反轉錄抑制劑(reverse transcriptase inhibitors)的病毒株；而 86.8%的序列中含有次級突變(secondary mutation)(Chen et al., 2003)，此結果亦可供臨床醫師用藥之重要參考。

由於 HIV-1 亞型可能與感染的途徑、傳播的方式有關，同時 HIV-1 的蛋白質外套膜是產生中和性抗體的主要部位，對於疾病的治療以及疫苗的

發展也有重要的影響，因此在流行病學的調查上便顯得相當重要，如果我們對 HIV-1 的異質性瞭解越多，就越能預測因外套膜氨基酸改變而產生新的亞型，這項工作有助於疫苗的開發。

在危險因子的分析方面，不同的 HIV-1 高危險群所流行的主要的病毒亞型常常並不相同（Chen et al., 1998, 2001，Ou et al. 1993），所以，基因序列的分析有助於我們了解 HIV 亞型在不同的高危險群中流行的動態。同時經由基因演化樹的分析，我們更能進一步的了解本國各個亞型與國外各地區亞型的關係，配合流行病學的資料，讓我們有機會探究罕見亞型的起源，從而擬訂防治的策略，供有關單位參考。

全球 HIV-1 亞型的分佈，在 1990 年代的中期，除了非洲含有全部的亞型以外，在北美洲及西歐地區幾乎都是 B 亞型；在南美洲（巴西）主要是 B 亞型，有部份是 F 亞型；東歐地區一半是 B 亞型，另一半則包括了 A、C、D、F 和 G 亞型；A 和 D 亞型主要在非洲，其中中非包含了 A~H 亞型；南非主要為 C 亞型；而在亞洲，主要是以 B、C、E 等亞型為主(Brown et al.1996)。但在最近幾年，各地區 HIV-1 亞型的分布日趨複雜，以亞洲各國為例，泰國及馬來西亞有 B、C、E 亞型還有特殊的 B’亞型；菲律賓主要為 B、C、E、F 亞型（Mario et al.1998）；南越則以 E 亞型為主(Menu,1996)；印度主要流行 A、B、C 亞型(Dietrich et al.1995)；中國大陸的雲南有 B’以及 C 亞型的報告(Luo,1995)。而臺灣地區已出現 A、B、B’、C、E、F、G 亞型的 HIV（Chen et al., 1998, 2001）。雖然 HIV-1 B 亞型在全球分佈比率的排名並非第一，但由於歐美先進國家多流行 B 亞型，因此 HIV-1 的研究無論是病毒學、治療藥物甚至抗藥性研究多以 B 亞型病毒株為主，而對於非 B 亞型 HIV-1 病毒的了解甚少。

目前台灣流行的 HIV-1 病毒株主要以 B 亞型為主，根據本中心分析 1988-1998 年台灣地區的 879 位 HIV-1 感染者的亞型的資料顯示，其男性 HIV-1 陽性患者主要感染 HIV-1 B 亞型(68.2%)及 E 亞型(29.5%)；女性則以非 B 亞型為主（2.8% A、13.9% B、5.6% C、72.2% E、2.8% G）；在靜脈毒癮患者中，有 68.2%為 B 亞型、31.8%）為 E 亞型，除了共用針頭感染外，性接觸感染應是靜脈毒癮者感染 HIV-1 重要的危險因子。流行趨勢方面，臺灣地區 HIV-1 感染的年齡層逐漸年輕化，男異性戀感染者現階段已呈現 B 亞型成長較為緩慢，而來自泰國的 E 亞型逐漸增加的趨勢（Chen et al., 2001）。而本中心更進一步在 1999-2000 年的亞型分析中，觀察到 B 亞型在男性 HIV-1 陽性患者中有回升的趨勢(96.8%)，同時在監獄中的靜脈毒癮者的族群亦發現一株 BC 重組病毒株(Chen et al., 2002)。由於有兩株特殊 BC 重組病毒株(CRF07_BC 及 CRF08_BC)盛行於中國大陸南部地區，且與毒品運輸有很大的相關性(Yang et al., 2003)，由於台灣和中國大陸的往來頻繁，台灣地區出現中國大陸特有的病毒株是一種很重要的指標，代表中國大陸的病毒株已經穿越地理屏障而傳播到台灣。

在鄰近地區紛紛出現新品種的病毒株之際，我們必須更加小心監控這些新種病毒株，因此建立本土的 HIV-1 病毒株庫以及監測系統是非常重要的。本計畫收集國內各愛滋病指定醫院之 HIV-1 病人的檢體及問卷，分析病人的亞型，以探討臺灣地區 HIV-1 亞型，抗藥性病毒株，各高危險群間的分佈、流行趨勢及相關危險因子，提供疫苗研發及愛滋病防治政策擬定的參考。

第三節 靜脈毒癮者感染 HIV 之流行情況

根據中華民國九十三年十月份法務部統計月報顯示，近年來台灣地區因違反毒品危害防治條例中第一級毒品人數，由民國九十年至九十三年十月，人數依序為 1,805、2,842、3,867、6,446 人 ；因違反毒品危害防治條例中第二級毒品人數，由民國九十年至九十三年十月，人數依序為 3,434、2,965、2,080、2,764 人。由此數據顯示國內施打毒品人數有急遽增加的趨勢（法務部統計處,2004）。

在靜脈毒癮者感染愛滋病病毒的流行病學部分，根據聯合國世界衛生組織的亞洲及太平洋地區 2003 年 HIV/AIDS 的資料顯示，1981 年，緬甸的首都—仰光，其靜脈毒癮者的 HIV/AISD 之感染率高達 73%； 1994 年至 1997 年間印度 Manipur 的靜脈注射藥物使用者的愛滋盛行率為 25%~61%，之後，靜脈毒癮者之愛滋病盛行率皆介於 50%-85%之間，近年來，雖有逐漸下降的趨勢，由 2000 年的盛行率 62.7%降至 2001 年的 40.9%，2002 年更降至 24.1%，但仍有 50%的靜脈毒癮者有共用針頭的行為；泰國靜脈毒癮者盛行率非常的高，至 2002 年之愛滋病盛行率仍高達 41.7%；馬來西亞感染愛滋病的高危險族群主要以靜脈毒癮者為主（佔總感染人數 76%），在 1998 年全國約有 81%的靜脈毒癮者有共用針頭的行為，其中 21%的人每天會與超過 1 人發生共用針頭的行為；越南的靜脈毒癮者在 1996 年愛滋病盛行率約為 9.6%，至 2002 年攀升至 29.25%；1996-1997 年中國廣西省之注射毒品者愛滋病毒盛行率約為 40%（WHO,2003）。因此，國內必須謹慎面對靜脈毒癮族群的增加而可能造成的一波 HIV-1 甚至 HBV 及 HCV 感染流行爆發。所以，本中心除了收集各指定醫院之 HIV-1 陽性個案之外，並且把監獄看守所內之 HIV-1 感染者納入病毒亞型監控範圍。

本計畫之研究主旨為： 1. 建立國內愛滋病病毒分子實驗室。 2. 利

用全國愛滋病指定醫院及疾病管制局各分局收集我國愛滋病病毒檢體，以分子流行病學方法，監測 HIV-1 各亞型之流行趨勢及在各危險族群的分佈狀況，達成監控疫情目的。 3. 協助針對不明顯原因感染的愛滋病病例，以分子流行病學方法進行分析。 4. 協助疾病管制局收集本土病毒株，建立我國病毒株庫。

第二章 材料與方法

第一節 資料與檢體收集

陽明大學 愛滋病防治及研究中心自 1993 年起，即與國內各愛滋病指定醫院合作，進行愛滋病的分子流行病學研究。目前與本中心合作，提供檢體及問卷資料的醫院計有台北市立性病防治所、台北榮民總醫院、省立桃園醫院、林口長庚醫院、台中榮民總醫院、高雄醫學大學附設醫院及花蓮慈濟醫院以及北中南之看守所等單位。自本委託計畫開始，除上述幾間合作單位外，亦從國內疾病管制局各分局收集各愛滋病指定醫院之檢體，檢體經由實驗室人員分裝並進行亞型之鑑定與分析後，儲存於疾病管制局生物材料庫及本中心-80℃檢體庫。

第二節 研究方法及步驟

研究問卷調查

研究對象的性行為模式及愛滋病毒及梅毒感染之相關危險因子之探討是以問卷方式進行，研究問卷內容如下：

人口學資料：

內容包括：年齡（出生年）、教育程度（國小、國中、高中/職/專科、大學、研究所）、婚姻狀況（未婚、已婚、離婚、分居、喪偶）、居住地（台北縣/市、非台北縣/市）、自述性取向（同性戀、雙性戀、異性戀）、陽性日期。

實驗室方法

（一）HIV-1 亞型分析

陽性個案之 HIV 亞型分析是以巢狀式聚合酵素鏈鎖反應（Nested PCR）的方法，序列分析 *gag*、 *env*、 *pol* 等基因亞型的分佈情形。實驗步驟如下：

（1）DNA 萃取：

利用含有抗凝劑（EDTA）的血漿管抽取個案的周邊血液檢體，抽取其淋巴球。利用酚（Phenol）及氯仿（Chloroform）萃取淋巴球去氧核醣核酸（Lymphocyte DNA），經由酒精沉澱後存放於-20℃冰箱，待進行聚合酵素鏈鎖反應分析其基因型時再取出使用。

（2）Nested PCR：

利用原病毒 DNA 當模板(template)，以 env 基因及 gag 基因之引子，

大量複製 env，gag DNA 片段。進行第一次 PCR 反應時，最終反應濃度如下：0.2μg DNA、1X PCR buffer、0.2μM dNTP、0.2μM sense 與 antisense 引子、2.5U AmpliTaq polymerase 以及去離子水至最後總體積為 30 μl。混合均勻後，放入 DNA Thermal Cycler (Model 9600，Perkin-Elmer Cetus)。

第二次 PCR 反應是利用一次 PCR 的產物為模板進行複製，最終反應濃度為：0.2μg DNA、1X PCR buffer、0.2μM dNTP、0.2μM sense 與 antisense 引子、2.5U AmpliTaq polymerase 以及去離子水至最後總體積為 50 μl。混合均勻後，放入 DNA Thermal Cycler (Model 9600，Perkin-Elmer Cetus)。最後取 5 μl PCR 產物進行 1.2% 洋菜膠體電泳分析，以確定複製後產物大小同預期的 DNA 片段。

Nested PCR 的引子及 DNA Thermal Cycler (Model 9600，Perkin-Elmer Cetus)反應溫度如下：

- *env* 基因：

  一次 PCR 所用的引子序列：

  ED3：（5956-5985）

  5’-TTAGGCATCTCCTATGGCAGGAAGAAGCGG-3’

  ED14：（7960-7931）

  5’-TCTTGCCTGGAGGTGTTTGATGCCCCAGAC-3’

  二次 PCR 所用的引子：

  ED5：（6556-6581）

  5’-ATGGGATCAAAGCCTAAAGCCATGTG-3’

  ED12：（7822-7792）

  5’-AGTGCTTCCTGCTGCTCCCAAGAACCCAAG-3’

- *pol* 基因

  第一次 PCR 所使用之引子：

F-1849：5’-GATGACAGCATGTCAGGGAG-3’

R-3500：5’-CTATTAAGTCTTTTGATGGGTCATAA-3’

第二次 PCR 所使用之引子

F-1849：5’-GATGACAGCATGTCAGGGAG-3’

P2：5’-TTCTTCTGTCAATGGCCATTGTTT-3’

- *gag* 基因：

一次 PCR 所用的引子：

GAG1：（793-819）

5’-CATGCGAGAGCGTCAGTATTAAGCGG-3’

GAG4：（1279-1253）

5’-CATTCTGATAATGCTGAAAACATGGG-3’

二次 PCR 所用的引子：

GAG2：（1235-1201）

5’-CATAAGCTTGGGAAAAAATTCGGTTAAGGCC-3’

GAG3：（839-870）

5’-CATGAATTCCTTCTACTACTTTTACCCATGC-3’

- 一次 PCR 反應溫度為 94℃共 5 分鐘；接著再以 94℃1 分鐘、55℃1 分鐘、72℃1 分鐘，共三次循環；再來是以 94℃15 秒、55℃45 秒、72℃1 分鐘，共 32 次循環；最後是 72℃10 分鐘之後維持在 4℃。二次 PCR 溫度及循環如一次 PCR 溫度。

（3）基因序列系統發生學的分析（Phylogenetic Analysis）

將 PCR 得到的片段作基因序列分析後，將所得到的基因序列以軟體 BioEdit 排序 (alignment) 後再利用軟體 MEGA 2.0 進行基因序列系統發生學的分析。經過 1000 次 bootstrapping 的重覆取樣後，使用 Kimura’s

2-parameter model 計算距離，利用 Neighbor-joining method 來建立 consensus 基因序列系統發生演化樹 (Phylogenetic Tree) 。所使用來互相比較之各亞型病毒株取自 Los Alamos 基因庫。

（4）基因重組病毒株分析

首先若前述病毒序列分析中,所得到的 pol 基因 1849-2653 序列在作完基因演化樹亞型分析後發現為非 B 亞型，則取此序列作基因重組分析。我們利用 Simplot 軟體的 bootscanning 來找出 pol 基因片段可能存在的 HIV-1 重組病毒株特有的馬賽克結構（mosaic structure） (Piyasirisilp et al., 2000)。分析用的參考病毒株為 HXB2，u455（subtypeA），RL42【中國的泰國 B 亞型（B’)】，eth2220（subtype C），z2d2（subtype D），與 93th2（subtype A/E）。採用之演算法為 maximum parsimony，分析視窗大小(window size)為 100 個核苷酸，重覆距離(overlapping step)為 10 個核苷酸，transition-transversion ratio 為 2.0。當找出 pol 基因片段有可能發生基因重組的切點時，切點位置對照 HXB2 之位置，切成不同的片段後，再依不同片段作基因演化樹分析，以確認基因重組切點的可靠性。

第三節 資料分析

研究對象填具完問卷後，由研究者檢視其完整性，進而編碼並依譯碼簿將資料鍵入，建檔之後採用 SAS 8.2 版套裝軟體進行資料分析。

描述性統計：

類別變項：以次數分配及百分比來描述。

等距變項：以平均值、標準差加以描述。

推論性統計：

1. t 檢定（t test）：兩組等距變項平均數之差異檢定（雙尾）。
2. 卡方檢定（X^2 test）：類別變項間分佈是否具有關聯性，若在 2×2 列聯表檢定中，若期望次數低於 5 或樣本總數低於 20 時則採用費雪精確檢定（Fisher’s exact probability test）。

第三章 結果

第一節 HIV-1 陽性病人之人口學特徵

自民國 93 年 8 月至 12 月共收 383 個 HIV-1 陽性個案(表一)，其中包括男性 371 位以及女性 12 位，平均年齡 30.90±7.245 歲。其中以 20~29 歲居多（46.2%），其次為 30~39 歲（42.3%），研究對象年齡最低為 19 歲，最高為 60 歲。男性個案平均年齡為 30.95±7.298 歲較女性個案年齡 29.25±5.311 歲。不同性別個案的年齡變項在分佈上並無統計顯著之差別。

在教育程度方面，研究對象大多數為大學（32.2%），其次為高中/職（28.5%）。男性在教育程度上的分佈上，以大學為主（32.7%），其次為高中/職(28.4%)，女性則以高中/職以及國中程度為主皆為 33.3%，再來是專科以及大學程度皆為 16.7%。不同性別個案的教育程度這個變項在分佈上並無統計顯著之差別。

在婚姻狀態方面，研究對象大多數為未婚者（86.6%），已婚者佔 7.1%，離婚、分居及喪偶者佔 1.3%。不同性別個案在婚姻狀態的分佈上並無差異。

研究對象在自述性取向方面，有 66.3%的人自認為是同性戀者，7.4%為雙性戀者，而自述為異性戀者有 26.3%。男性自述同性戀取向較女性比例高（67.9%與 16.7%），而在此項分佈有統計上之差異($p<0.01$)。(表一)。

第二節 台灣地區 HIV-1 基因型分析

在基因亞型分析部分，針對民國 93 年 8 月至 12 月共收 383 個 HIV-1 陽性個案依 *env*、*pol* 基因序列作演化分析。其結果顯示有四種亞型，一為 B 亞型有 168 位，佔 44.7%；一為 C 亞型有 1 位，佔 0.3%；一為基因重組亞型 CRF07_BC 有 40 位，佔 10.6%；一為基因重組亞型 CRF01_AE 有 3 位，佔 0.8%（圖一）。

在觀察不同危險族群之 HIV-1 亞型分佈情形中，異性戀族群有 14 位為 B 亞型，佔此族群之 42.4%，有 1 位為 C 亞型，佔此族群的 3.0%，有 2 位為 CRF01_AE 亞型，佔此族群之 6.1%；同性戀族群有 132 位為 B 亞型，佔此族群之 53.7%，有 1 位為 CRF01_AE 亞型，佔此族群之 0.4%；在雙性戀族群中，有 15 位為 B 亞型，佔此族群之 53.6%；靜脈毒癮族群中，有 7 位為 B 亞型，佔此族群之 10.1%，有 40 位為 CRF07_BC 亞型，佔此族群之 58.0% (表二)。

再進一步看男性於不同危險族群之 HIV-1 亞型分佈情形中，異性戀族群有 14 位為 B 亞型，佔此族群之 46.7%，有 1 位為 C 亞型，佔此族群的 3.3%，有 2 位為 CRF01_AE 亞型，佔此族群之 6.7%；同性戀族群有 132 位為 B 亞型，佔此族群之 54.1%；在雙性戀族群中，有 15 位為 B 亞型，佔此族群之 53.6%；靜脈毒癮族群中，有 7 位為 B 亞型，佔此族群之 11.3%，有 36 位為 CRF07_BC 亞型，佔此族群之 58.1% (表三)。而 12 位女性於不同危險族群之 HIV-1 亞型分佈情形，同性戀族群有 1 位為 CRF01_AE 亞型; 靜脈毒癮族群中，有 4 位為 CRF07_BC 亞型(表四)。

第三節　台灣地區 HIV-1 基因型年代趨勢分析

綜合本中心由1988年所開始收集之HIV-1感染者之資料作年代趨勢分析。我們發現，1988 年至 1998 年 B 亞型病毒株所佔之比率有下降的趨勢，而 CRF01_AE 有上升的趨勢，但到了 1999-2000 年 B 亞型有回升的情形，此外亞型分佈於 2004 年呈現多元化的局面，CRF01_AE 不再是第二多的亞型，而 CRF07_BC 自 1999 年於靜脈毒癮病人身上出現後於 2004 年在台灣的 HIV-1 亞型分佈中取代 CRF01_AE 而僅次於 B 亞型居第二位（圖二）。

第四章 討論

本研究中原本所收集來自各家指定醫院的個案中，靜脈毒癮者所佔的比例並無法反應出國內於這兩年 HIV-1 陽性靜脈毒癮者人數上升的趨勢。台灣疾病管制局近十年的愛滋病監測通報顯示，民國 83 年到民國 90 年台灣 HIV/AIDS 經由共用針頭的感染者的數目約為 3-7 人左右（約 3-4%），民國 91 年增加至 13 人，92 年急劇增加至 90 人（10.5%，當年總人數為 859），至民國 93 年 11 月截止，此危險族群更暴增至 345 人（26.5%，當年總人數為 1303 人）（www.cdc.gov.tw）。因此，再加入 18% (65/383)來自監獄看守所之 HIV-1 陽性個案，由於這些個案多為煙毒犯且有共用針頭之經驗，根據 93 年 11 月止法務部資料顯示（資料來源為法務部矯正司），目前各監所愛滋病收容人數為 333 人，其中感染途徑為共用針頭者佔 92.2%（307/333）。而疾病管制局之資料顯示本年度(93)的感染者其危險因子為毒癮之人數達 345 人，疾病管制局官方資料顯示靜脈毒癮者的資料大多為監所收容的受刑人。因此我們進一步監控此族群--靜脈毒癮者之 HIV-1 亞型的流行情況。也因此本研究所收集個案無論是在人口學變項以及危險因子分佈(表一、表二)上都與疾管局所統計之全國資料相似，因此本研究之結果應是可以作為推估國內亞型流行之參考。

本中心於 1999 年及 2000 年各發現一株 CRF07_BC 以及 CRF08_BC 之病毒株，分別來自一位靜脈毒癮者以及一位異性戀者，在作完回溯調查發現帶有 CRF07_BC 的靜脈毒癮者是來自滇緬地區。而今年所收集到的 HIV-1 的 40 株 CRF07_BC 病毒株彼此之間演化距離非常相近（圖三），代表其可能是近日才傳染開來，而非已傳染一段時間的病毒株。因此代表了 CRF07_BC 現在正在台灣傳播開來，至於傳播最早的時間點以及如何傳播

則必須再作進一步的調查。由於 CRF07_BC 甚至還與 CRF08_BC 有重組之現象，為了更明確了解在靜脈毒癮者之間流行的病毒株是否為變異株，應進一步作 HIV-1 全長基因序列分析。

第五章 結論與建議

一、本研究之結果發現一株源自中國大陸之 B/C 基因重組型病毒 CRF07_BC 已在台灣靜脈毒癮族群中爆發流行，應立即採取有效的防治方法，避免疫情之擴大。

二、亞型分析之結果發現台灣地區 HIV-1 亞型種類趨向多元化，但男性同性戀者之 B 亞型比例呈一面倒的情勢，其可能是因為男同性戀者之間的流行無法有效遏止。如此有可能代表此高危險族群中的防疫出現問題，必須審視是否要落實推行保險套的全面使用，以達防疫之效果。

三、綜合過去亞型分析之結果，發現感染者之年齡有下降趨勢，20 歲之年齡層之感染者比率有升高的情形產生，是一種潛在的危險，不容勿視。近年來年輕族群出入於 pub 等場所，加上搖頭丸以及靜脈注射等毒品之影響，危險性行為之發生更加頻繁，可能會成為 HIV 防疫上的死角，必須重新檢視對年輕世代的防治教育。

四、為了新爆發流行的 CRF07_BC 的傳播時間點以及傳染途徑，以採取防治措施，我們必須對其演化速率再作進一步的探究。

英文參考文獻

Apetrei C, Descamps D, Collin G, Loussert-Ajaka I, Damond F, Duca M, Simon F, Brun-Vezinet F. Human immunodeficiency virus type 1 subtype F reverse transcriptase sequence and drug susceptibility. J Virol. 1998 May;72(5):3534-8.

Bagnarelli P, Mazzola F, Menzo S, Montroni M, Butini L, Clementi M. Host-specific modulation of the selective constraints driving human immunodeficiency virus type 1 env gene evolution. J Virol. 1999 May;73(5):3764-77.

Brown TM, Robbins KE, Sinniah M, Saraswathy TS, Lee V, Hooi LS, Vijayamalar B, Luo C-C, Ou C-Y, Rapier J, Schochetman G and Kalish ML: HIV type 1 subtypes in Malaysia include B, C, and E. AIDS Res Hum Retroviruses 1996, 12: 1655-1657.

Chen YM, Huang KL, Jen I, Chen SC, Liu YC, Chuang YC, Wong JC, Tsai JJ, Lan YC. Temporal trends and molecular epidemiology of HIV-1 infection in Taiwan from 1988 to 1998. J Acquir Immune Defic Syndr. 2001 Mar 1;26(3):274-82.

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 Dec 1;19(4):393-402.

Chen YM, Elbeik T, Lan YC. Molecular Epidemiology of HIV-1 Subtypes and Drug-Resistant Strains in Taiwan. Third HIV DRP Symposium. 2002 Dec 8. POSTER 41 - ABSTRACT 79.

Clavel F, Guctard D, Brun-Vezinet F, Chamaret S, Rey M A, SantosFerreira M O, Laurent A G, Dauguet C, Katlama C and Rouzioux C. (1986) Isolation of a new human retrovirus from West African patients with AIDS. Science 233: 343-346.

Descamps D, Collin G, Letourneur F, Apetrei C, Damond F, Loussert-Ajaka I, Simon F, Saragosti S, Brun-Vezinet F. Susceptibility of human immunodeficiency virus type 1 group O isolates to antiretroviral agents: in vitro phenotypic and genotypic analyses. J Virol. 1997 Nov;71(11):8893-8.

Dougherty JP, Temin HM. Determination of the rate of base-pair substitution and insertion mutations in retrovirus replication. J Virol. 1988 Aug;62(8):2817-22.

Dietrich U, Maniar JK, Rubsamen-Waigmann: The epidemiology of HIV in India. Trends Microbiol 1995, 3: 17-21.

Freed E O, Myers D J and Risser R. (1990) Characterization of the fusion domain of the human immunodeficiency virus type 1 envelope glycoprotein gp41. Proc Natl Acad Sci USA 87: 4650-4654.

Gaschen B, Taylor J, Yusim K, Foley B, Gao F, Lang D, Novitsky V, Haynes B, Hahn BH, Bhattacharya T, Korber B. Diversity considerations in HIV-1 vaccine selection. Science. 2002 Jun 28;296(5577):2354-60.

Heyndrickx. Leo, Wouter Janssens., Leopold Zekeng, et al. Simplified Strategy for Detection of Recombinant Human Immunodeficiency Virus Type 1 Group M Isolates by gag/env Heteroduplex Mobility Assay.J.Viology.2000;Vol.74 No. 1 ;363-370.

Hu WS, Temin HM. Retroviral recombination and reverse transcription. Science. 1990 Nov 30;250(4985):1227-33.

Lee CN, Chen MY, Lin HS, Lee MC, Luo CC, Twu SJ, Lin RY, Chuang CY. HIV type 1 env subtype A variants in Taiwan. AIDS Res Hum Retroviruses. 1998 Jun 10;14(9):807-9.

Lee CN, Wang WK, Fan WS, Twu SJ, Chen SC, Sheng MC, Chen MY. Determination of human immunodeficiency virus type 1 subtypes in Taiwan by vpu gene analysis. J Clin Microbiol. 2000 Jul;38(7):2468-74.

Li WH, Tanimura M, and Sharp PM: Rates and dates of divergence between AIDS virus nucleotide sequences. Mol Biol Evol 1988; 5:313-330.

Luo CC, Tian C, Hu DJ, et al: HIV-1 subtype C in China (letter). Lancet 1995, 345:1051-1052.

Mario Luis Santiago, Edna G. Santiago, Hulius Clemence R. Hafalla, Minda A. Manalo, Leopoldo Orantia, et al., Molecular Epidemiology of HIV-1 Infection in the Philippines, 1985 to 1997: Transmission of Subtypes B and E and Potential Emergence of Subtypes C and F. Journal of Acquired Immune Deficiency Syndromes and Human Retrovirology 1998; 18:260-269

Menu E, Lien TTX, Lafon M-E, et al: HIV type 1 Thai subtype E is predominant in south Vietnam. AIDS Res Hum Retroviruses 1996, 12: 629-633.

Ou CY, Takebe Y, Weniger BG, Luo CC, Kalish ML, Auwanit W, Yamazaki S, Gayle HD, Young NL, Schochetman G. Independent introduction of two major HIV-1 genotypes into distinct high-risk populations in Thailand. Lancet. 1993 May 8;341(8854):1171-4.

Pathak VK, Temin HM. Broad spectrum of in vivo forward mutations, hypermutations, and mutational hotspots in a retroviral shuttle vector after a single replication cycle: substitutions, frameshifts, and hypermutations. Proc Natl Acad Sci U S A. 1990 Aug;87(16):6019-23.

Pathak VK, Temin HM. Broad spectrum of in vivo forward mutations, hypermutations, and mutational hotspots in a retroviral shuttle vector after a single replication cycle: deletions and deletions with insertions. Proc Natl Acad Sci U S A. 1990 Aug;87(16):6024-8.

Piyasirisilp,S., McCutchan,F.E., Carr,J.K., Sanders-Buell,E., Liu,W., Chen,J., Wagner,R., Wolf,H., Shao,Y., Lai,S., Beyrer,C., and Yu,X.F. A Recent Outbreak of Human Immunodeficiency Virus Type 1 Infection in Southern China Was Initiated by Two Highly Homogeneous, Geographically Separated Strains,

Circulating Recombinant Form AE and a Novel BC Recombinant. J. Virol. 2000 Dec; 74, 11286-11295.

Quinones-Mateu ME, Soriano V, Domingo E, Menendez-Arias L. Characterization of the reverse transcriptase of a human immunodeficiency virus type 1 group O isolate. Virology. 1997 Sep 29;236(2):364-73.

Regoes RR, Wodarz D, Nowak MA. Virus dynamics: the effect of target cell limitation and immune responses on virus evolution. J Theor Biol. 1998 Apr 21;191(4):451-62.

Robertson DL, Gao F, Hahn BH, and Sharp PM: Intersubtype recombinant HIV-1 sequences. Human Retroviruses and AIDS 1997: A Compilation and Analysis of Nucleic Acid and Amino Acid Sequences. Theoretical Biology and Biophysics Group, Los Alamos National Laboratory, Los Alamos, New Mexico, 1997.

Schnittman S M, Psallidopoulos M C, Lane H C, Thompson L, Baseler M, Massari F, Fox C H, Salzman N P and Fauci A S. (1989) The reservoir for HIV-1 in human peripheral blood is a T-cell that maintains expression of CD4. Science 245: 305-308.

Simon F. Mauclere P. Roques P. Loussert-Ajaka I, et al., Identification of a new human immunodeficiency virus type 1 distinct from group M and group O. Nature Medicine 1998;4(9):1032-7.

Temin HM. Retrovirus variation and reverse transcription: abnormal strand transfers result in retrovirus genetic variation. Proc Natl Acad Sci U S A. 1993 Aug 1; 90(15):6900-3.

Yao C, Wang WW, Chung YM, Su YL, Liu CY, Chen YM. Transfusion-acquired AIDS in Taiwan. J Formos Med Assoc. 1996 Jan; 95(1):51-5.

Yang,R., Kusagawa,S., Zhang,C., Xia,X., Ben,K., and Takebe,Y.. Identification and Characterization of a New Class of Human Immunodeficiency Virus Type 1 Recombinants Comprised of Two Circulating Recombinant Forms, CRF07_BC and CRF08_BC, in China. J. Virol. 2003; 77, 685-695.

http://www.unaids.org

http://www.doh.gov.tw

http://www.cdc.gov.tw

中文參考文獻

行政院衛生署九十五年度中程綱要科技計畫第一次決策會議，民國 93 年 9 月。

法務統計月報，法務部統計處編印，民國 93 年 10 月。

表一、民國 93 年 8 月至 12 月台灣地區 HIV-1 陽性個案之人口學特徵

變項名稱	男	女	Total	P value
	N=371 （%）	N=12 （%）	N=383 （%）	
年齡				0.897
10-19 歲	4/371（1.1）	0/12（0）	4/383（1.0）	
20~29 歲	171/371（46.1）	6/12（50）	177/383（46.2）	
30~39 歲	156/371（42）	6/12（50）	162/383（42.3）	
40~49 歲	29/371（7.8）	0/12（0）	29/383（7.6）	
50-59 歲	10/371（2.7）	0/12（0）	10/383（2.6）	
60-69 歲	1/371（0.3）	0/12（0）	1/383（0.3）	
平均±標準差	30.95±7.298	29.25±5.311	30.90±7.245	0.423
教育程度				0.414
未正式/ 國小	7/370（1.9）	0/12（0）	7/382（1.9）	
國中	40/370（10.8）	4/12（33.3）	44/382（11.5）	
高中/職	105/370（28.4）	4/12（33.3）	109/382（28.5）	
專科	76/370（20.5）	2/12（16.7）	78/382（20.4）	
大學	121/370（32.7）	2/12（16.7）	123/382（32.2）	
研究所	20/370（5.4）	0/12（0）	20/382（5.2）	
婚姻狀態				0.225
未婚	322/369（87.3）	8/12（66.7）	330/381（86.6）	
已婚	24/369（6.5）	3/12（25.0）	27/381（7.1）	
離婚	15/369（4.1）	1/12（8.3）	16/381（4.2）	
分居	5/369（1.4）	0/12（0）	5/381（1.3）	
同居	2/369（0.5）	0/12（0）	2/381（0.5）	
自述性取向				<0.01
同性戀	250/368（67.9）	2/12（16.7）	252/380（66.3）	
雙性戀	28/368（7.6）	0/12（0）	28/380（7.4）	
異性戀	90/368（24.5）	10/12（83.3）	100/380（26.3）	

表二、民國 93 年 8 月至 12 月灣地區 HIV-1 陽性個案之基因亞型及危險因子分析

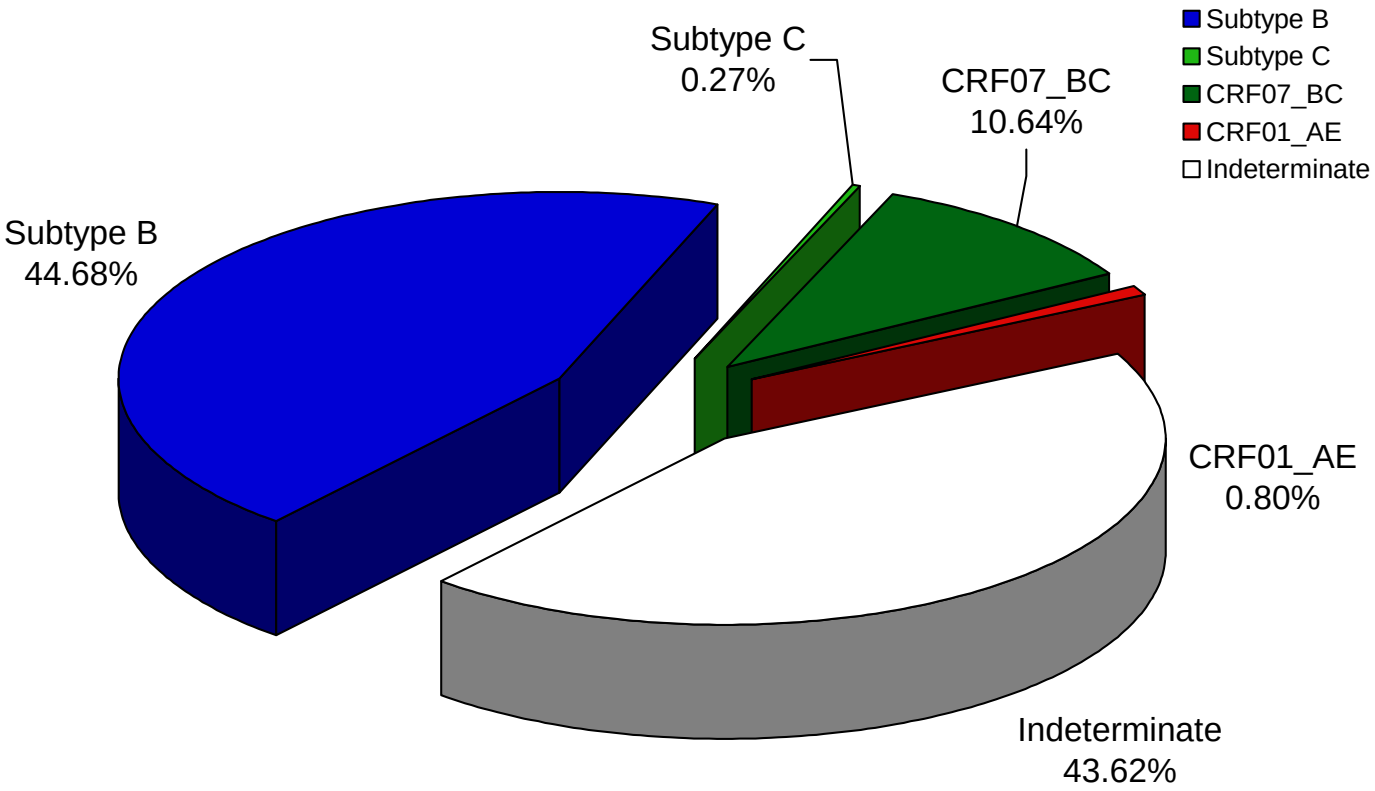
	HIV-AIDS Patients									
	Total		Heterosexual		Homosexual		Bisexual		IVDU	
HIV-1 Subtype	N=376		N=33		N=246		N=28		N=69	
Subtype B	168	44.7%	14	42.4%	132	53.7%	15	53.6%	7	10.1%
Subtype C	1	0.3%	1	3.0%	0	0.0%	0	0.0%	0	0.0%
CRF07_BC	40	10.6%	0	0.0%	0	0.0%	0	0.0%	40	58.0%
CRF01_AE	3	0.8%	2	6.1%	1	0.4%	0	0.0%	0	0.0%
Indeterminate	164	43.6%	16	48.5%	113	45.9%	13	46.4%	22	31.9%

表三、民國 93 年 8 月至 12 月灣地區男性 HIV-1 陽性個案之基因亞型及危險因子分析

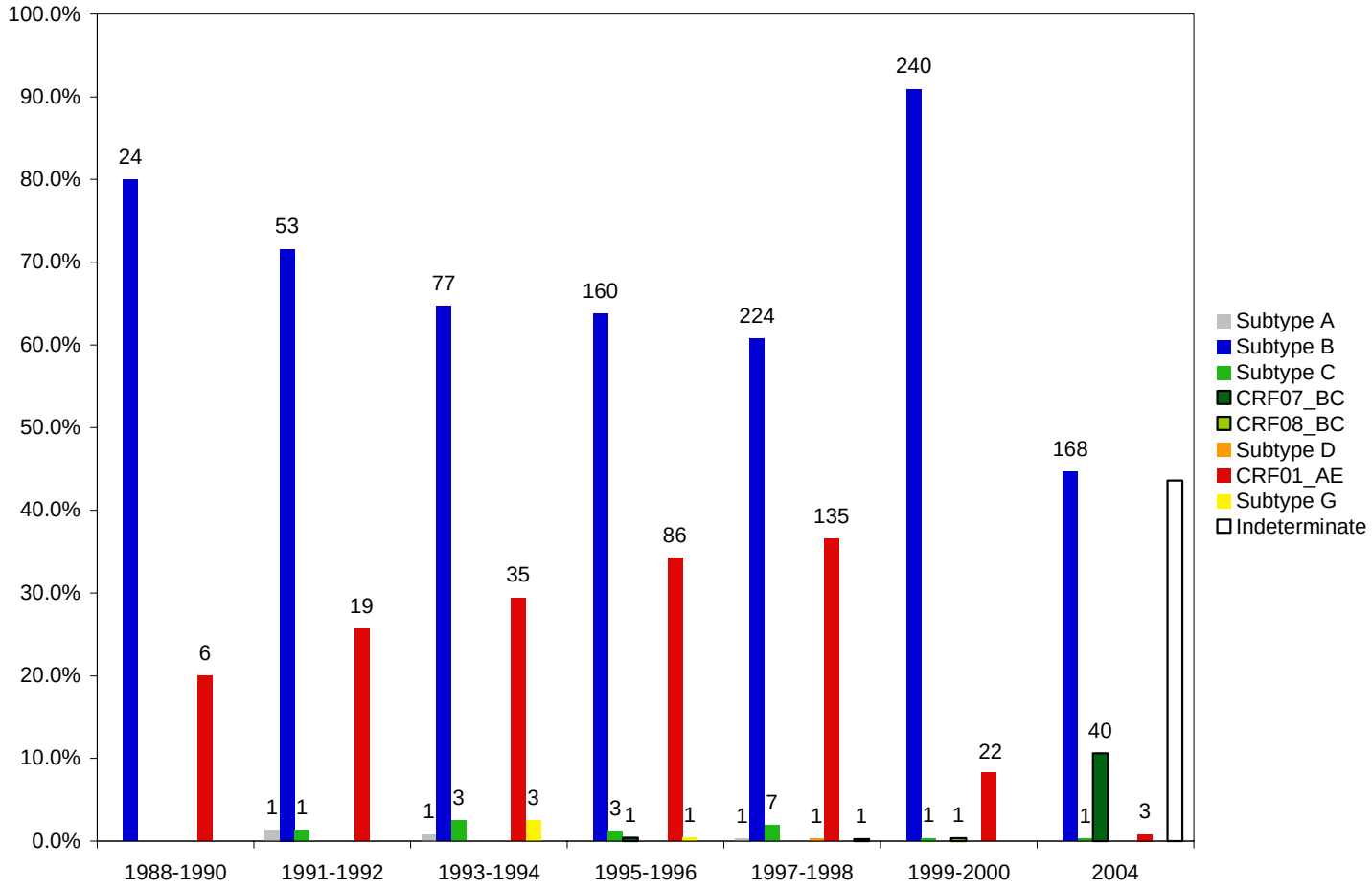
HIV-1 Subtype	Male HIV-AIDS Patients									
	Total		Heterosexual		Homosexual		Bisexual		IVDU	
	N=364		N=30		N=244		N=28		N=62	
Subtype B	168	46.2%	14	46.7%	132	54.1%	15	53.6%	7	11.3%
Subtype C	1	0.3%	1	3.3%	0	0.0%	0	0.0%	0	0.0%
CRF07_BC	36	9.9%	0	0.0%	0	0.0%	0	0.0%	36	58.1%
CRF01_AE	2	0.5%	2	6.7%	0	0.0%	0	0.0%	0	0.0%
Indeterminate	157	43.1%	13	43.3%	112	45.9%	13	46.4%	19	30.6%

表四、民國 93 年 8 月至 12 月灣地區女性 HIV-1 陽性個案之基因亞型及危險因子分析

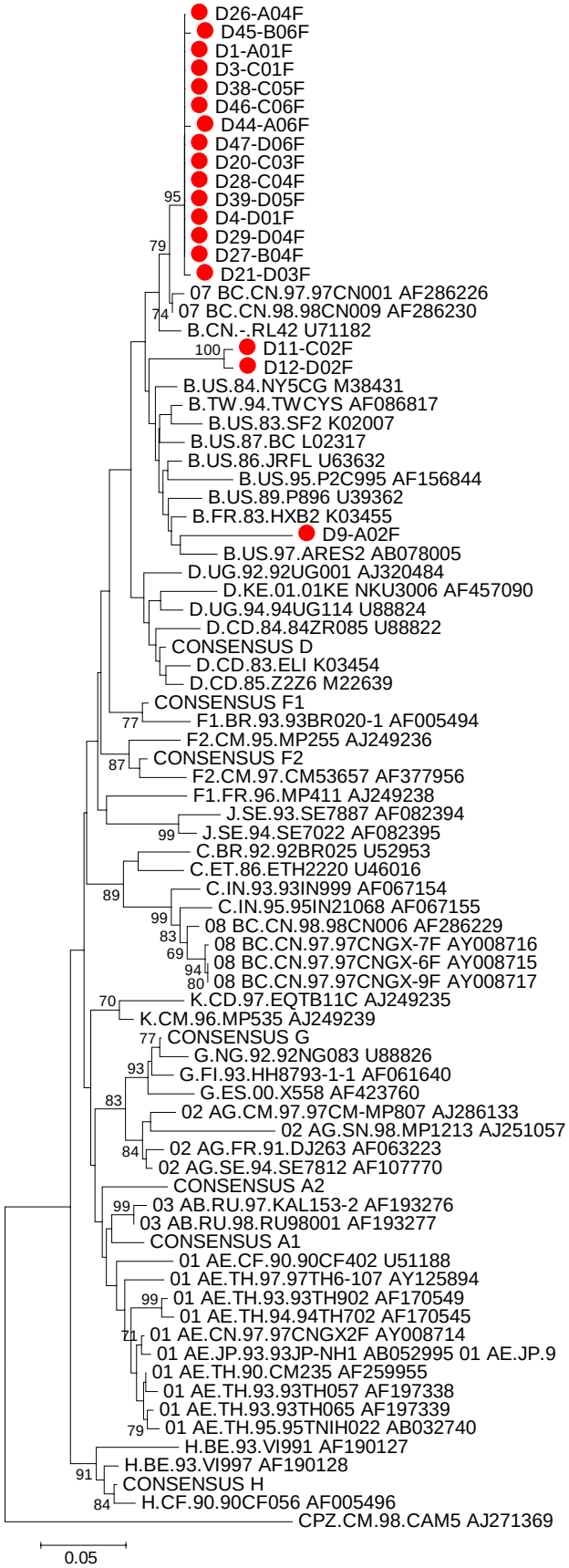
HIV-1 Subtype	Female HIV-AIDS Patients							
	Total		Heterosexual		Homosexual		IVDU	
	N=12		N=3		N=2		N=7	
Subtype B	0	0.0%	0	0.0%	0	0.0%	0	0.0%
Subtype C	0	0.0%	0	0.0%	0	0.0%	0	0.0%
CRF07_BC	4	33.3%	0	0.0%	0	0.0%	4	57.1%
CRF01_AE	1	8.3%	0	0.0%	1	50.0%	0	0.0%
Indeterminate	7	58.3%	3	100.0%	1	50.0%	3	42.9%



圖一、民國 93 年 8 月至 12 月台灣地區 HIV-1 基因亞型分佈



圖二、1988 年至 2004 年台灣地區 HIV-1 基因亞型年代趨勢分佈



圖三 HIV-1 *pol* 基因系統演化樹

附錄一

研究參加同意書

1. 計畫名稱：愛滋病病毒分子實驗室計畫
2. 衛生署疾病管制局計畫編號：DOH93-DC-1043
3. 台北榮民總醫院臨床試驗編號：93-07-10A
4. 執行期限：2204.8.3-2006.12.31
5. 計畫主持人：陽明大學公共衛生研究所 陳宜民教授，電話：28267193；
   傳真：28270576；e-mail：arthur@ym.edu.tw
6. 研究目的：本計畫目的為建立國內愛滋病病毒分子實驗室。利用全國愛滋病指定醫院及疾病管制局各分局收集我國愛滋病病毒檢體，以分子流行病學方法，監測 HIV-1 各亞型之流行趨勢及在各危險族群的分佈狀況，達成監控疫情目的。
7. 需提供的檢體：參加此研究只需提供 5-ml 血液檢體。
8. 需負擔的費用：不需負擔任何費用。
9. 可能發生的副作用：抽血可能會產生短時間的不適、瘀青、流血、腫脹…等，如在抽血時有任何不適，我們會負責處理；而資料訊息之外洩，可能會導致保險、工作權、歧視等問題，所以我們必定不會將資料外流，我們會以匿名的方式處理檢體，絕對保障參加者的隱私權。
10. 檢體的處理：我們會將血液檢體內的 DNA 及 RNA 抽出，以便進行 HIV-1 病毒株之序列分析，所得的資料將做為本研究分析之用。
11. 檢體貯存方式：檢體將會儲存在 國立陽明大學公共衛生研究所 陳宜民教授實驗室。
12. 使用檢體單位：國立陽明大學公共衛生研究所 陳宜民教授。
13. 參加研究可獲得的訊息：因尚屬研究階段，擬不主動提供，若經要求則不排除。
14. 退出研究或研究結束後檢體的處理方式：（可依參加者的意願，選擇以下方式）
    - ☐ 願提供研究單位作為其他基因方面的研究
    - ☐ 銷毀
    - ☐ 歸還
15. 在瞭解您有保留實質效益應有之分配比例的權益的情形下，同意如本計畫研究獲得學術文獻發表、智慧財產及實質效益時，贈與本單位作為從事疾病診斷、預防、治療等醫學用途。
16. 在研究計畫的執行過程中您可以隨時退出本研究。而您的檢體處理方式，我們亦會尊重您的決定。
17. 您決定是否參加此項計畫是完全自願的，您有不參加的權利，並不會因為不參予本研究，其醫療照顧遭受到損害。若您對參與研究的相關權益有疑問，您可和陽明大學公共衛生研究所 陳宜民教授聯絡。

    聯絡的方式如下：電話：（02）28267193；e-mail：arthur@ym.edu.tw

經由研究人員或醫護人員的說明，您已完全了解以上所有內容，並同意參加本研究，如您需要您將持有本同意書的副本，您也完全了解：

1. 此研究需提供 5-ml 的血液檢體，不需負擔任何費用。
2. 研究過程我們會以匿名的方式處理檢體，絕對保障參加者的隱私。
3. 您有權利隨時退出本研究計畫，檢體則依您的意願處理。

……

茲證明研究人員或醫護人員已完整地向參加研究者解釋本研究內容

參加者（或法定代理人）姓名：_____

簽名（或法定代理人）：_____

見證人（醫護人員）：_____

說明受試者同意書者簽名（研究人員或醫護人員）：_____

日期：中華民國_____年_____月_____日

註 1：對於不識字之參加者，可由醫護人員口述同意書，再請當事人簽字即可。

註 2：二十歲以下未成年及禁治產宣告者，須由法定代理人簽名使生效。

附錄二

國立陽明大學公共衛生研究所／愛滋病研究中心

HIV-1 分子流行病學研究之病人基本資料記錄(第一次請填此表)

一、基本資料

醫院名稱：_____，送檢醫師姓名：_____，聯絡電話：_____。
抽血日期：____年____月____日
病人姓名：_____，病歷號碼：_____，身份証字號：_____。
性別： □男□女
年齡：____歲，出生日期：____年____月____日
籍貫：____省(市)____縣(市)，外籍：____
居住地：□台北市 □高雄市 □台灣省(____縣，市)
教育： □未正式 □小學 □國中 □高中 □專科 □大學 □研究所
婚姻： □已婚 □未婚 □離婚 □鰥寡 □分居 □同居
職業： □軍 □公□教□商□工□農□漁□礦□學生
□家管 □服務業□自由業□運輸業□無□其他 (_____)

二、行為資料

性行為： □異性戀 □同性戀□雙性戀
性對象： □朋友 □同居人□夫妻 □無□其他
□特種營業者： ○國內 ○國外 (「 」歐美,「 」東南亞,「 」其他 (_____))
妻子姓名：_____ ，已結婚幾年：_____
是否曾接受 AIDS 篩檢：○無 ○有，於____年____月____日接受檢查，結果為：_____
靜脈注射習慣： □無
□有： ＊時間：○維持____年，____年前已戒 ○已持續____年
＊共用針頭：○有 ○無
輸血： □無 □有：____年前，原因：_____
出國： □無 □有：○歐美○東南亞○其他(_____) ○大陸

三、診斷記錄

診斷陽性時間：_____年_____月_____日
T4／T8 細胞數： (1)_____（___年___月___日）(3)_____（___年___月___日）
(2)_____（___年___月___日）(4)_____（___年___月___日）
病毒負荷(viral load)： (1)_____（___年___月___日）(請填上一次結果，若未測過，則填 NT)
(2)_____（___年___月___日）(由檢驗單位填寫本次結果)
目前治療： □無 □有：____年____月____日開始
使用藥物： □AZT □3TC □Combivir □ddI □ddC
□Indinavir □Ritonavir □Saquinavir □Fortovase
□Nevirapine □Stocrit □其他_____
性病：□無 □有：○梅毒 ○淋病 ○其他(_____)

如果同意檢體由陽明大學公衛所使用、研究，請簽名_____

若有任何問題，請聯絡陽明大學公衛所 (02)2826-7241 或 (02)2826-7193