

中文題目：台灣愛滋病毒感染者合併 C 型肝炎病毒盛行率及基因特性

英文題目：Prevalence and Genetic Characterization of HCV among HIV-infected Individuals in Taiwan

作者：林錫勳、劉永慶、李欣蓉、洪健清、柯文謙、賴重旭、黃俊凱、陳堉生、施宜利、王甯祺、鍾幸君、梁修豪、林俊農

服務單位：義大醫院/義守大學感染科、高雄榮總感染科、台大醫院內科部、成大醫院內科部、三軍總醫院內科部

前言：台灣最近三年在注射藥癮者間爆發愛滋病毒感染，注射藥癮成為愛滋病毒感染最主要的危險因子。注射藥癮者也是 C 型肝炎病毒的好發族群，因此本研究在於探討台灣愛滋病毒感染者合併 C 型肝炎病毒盛行率及基因特性。

材料及方法：本實驗為多中研究自 1993 至 2006 年共 3063 位愛滋病毒感染者，分析其 C 型肝炎合併感染之分子流行病學。

結果：台灣愛滋病毒感染者整體 C 型肝炎病毒合併感染之盛行率為 36.6% (95%CI: 34.8, 38.5)。在過去十年，每年的盛行率由 9.2% (95%CI: 5.4, 14.3) 急遽增加至 75.3% (95%CI: 71.1, 79.1)。注射藥癮者佔 86.5%，同性戀佔 7.4%，及異性戀佔 7.4%。不同危險因子的盛行率分別為：注射藥癮者 96.2%，同性戀 9.3%，及異性戀 6.3%。主要的 C 型肝炎病毒基因型包括：1a (25.1%)，1b (22.7%)，6a (18.0%)，3a (12.2%)，及 2b (10.2%)。但是在注射藥癮者與非注射藥癮者的分佈是截然不同的。在前者主要是基因型 1a (26.3%)，6a (23.7%)，及 3a (16.1%)；而後者主要是 1b (50.7%) 及 1a (21.1%)。基因樹圖及流病學的分析顯示基因型 1a、6、及 3 可能由中國大陸經由藥物運轉途徑傳播至台灣。

結論：台灣愛滋病毒感染者 C 型肝炎病毒合併感染之分子流行病學因為注射藥癮者及其藥物運轉途徑的衝擊下起了急劇的改變，有極高的盛行率及多樣性的基因型。有關當局除了思索如何降低其盛行率外，也應該針對這個族群制定相關的治療準則。