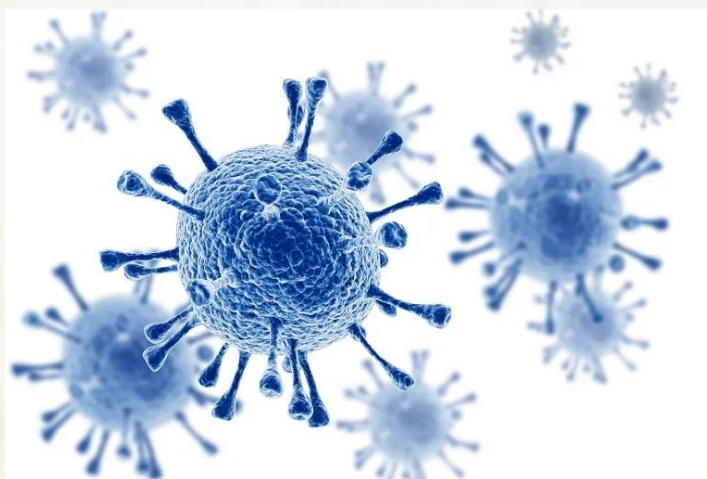


次世代定序進行HIV抗 藥性基因分析

愛滋病是由HIV人類免疫缺乏病毒 (Human Immunodeficiency Virus, HIV) 引起，HIV為一種反轉錄病毒，會破壞人體的免疫系統。HIV病毒侵犯CD4⁺ T cell，後天性的細胞免疫缺陷，導致病人容易伺機性感染不同的疾病，最後嚴重則導致死亡。



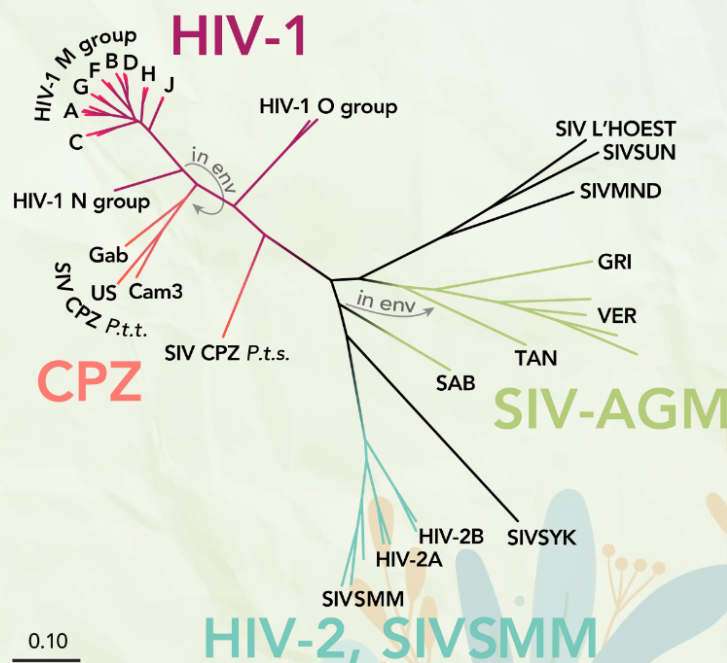
HIV 又分為 HIV-1 與 HIV-2，人類大部分感染的是 HIV-1，最早由靈長類動物傳染給人類，而且 HIV-1 突變率很高。HIV-1 病毒還可以分成不同的亞型，感染者體內可存在不同亞型的病毒株，且可能已有多重感染，不同的亞型還能夠進行重組。由於病毒不斷突變產生抗藥性，患者需不斷換藥，使現今更難預防與治療此疾病。

基因型的突變會影響藥物治療的效果，因此需要高靈敏度的檢測方法分析基因突變。



由於次世代定序 (Next Generation Sequencing, NGS) 的高靈敏度、高效率和識別低豐富度變異的優點，越來越多的 HIV 研究機構採用 NGS 技術進行抗藥性基因分型。

HIV-1 可以依照基因序列分為 M 組、N 組、O 組等，其中 M 組演化了至少 8 種的亞型，每個亞型以一個英文字母表示，不同的亞型重組後以流行重組形式 (Circulating Recombinant Form, CRF) 稱之。在台灣，以 M 組的 B 亞型最多、E 亞型次之。我們已經得知某些亞型的 HIV 更具毒性，對不同藥物也具抗藥性，因此可以從這些基因變異進行 NGS 分析。



在NGS的應用中，我們需要確認檢測多位點基因變異的正確性，因此需使用生物材料參考標準樣品 (Biological reference materials)。SeraSeq® 有販售 HIV-1 多種基因型的生物材料參考標準樣品，多為臨床相關的突變。基因突變導致抗藥性病毒株的產生，這些突變也已被持續追蹤，在史丹福 HIV 抗藥性資料庫和國際愛滋病協會的網站上亦會公布相關重要突變。醫療與科學技術的進步，讓我們更能監控病程，對人類社會盡一臂之力。



References:

1. Robertson DL, Hahn BH, Sharp PM; Hahn; Sharp. [Recombination in AIDS viruses](#). J. Mol. Evol. March 1995, 40 (3): 249–59. PMID 7723052. doi:10.1007/BF00163230.
2. Dhar, D. V., Amit, P., & Kumar, M. S. In-Silico Identification of New Genes in HIV-1 by ORF Prediction Method. I. Res. J. Biological Sci., 1(7), 52–54
3. Nyamweya S, Hegedus A, Jaye A, Rowland-Jones S, Flanagan KL, Macallan DC. Comparing HIV-1 and HIV-2 infection: Lessons for viral immunopathogenesis. Rev Med Virol. 2013 Jul;23(4):221-40. doi: 10.1002/rmv.1739. Epub 2013 Feb 26. PMID: 23444290.
4. Guglielmi, Giorgia (2022-02-03). "[Highly virulent HIV variant found circulating in Europe](#)". Nature. doi:10.1038/d41586-022-00317-x. PMID 35115695. S2CID 246530234.
5. [HIV 亞型](#) - wiki百科