

福岡地域における HIV 感染者および AIDS 患者から分離された HIV の遺伝子解析

保健科学課 川本大輔・樋脇弘

九州医療センター 高橋真梨子・南留美・山本政弘

第 23 回 日本エイズ学会

HIV の遺伝子型を決定し、HIV の伝播や流行の様相を把握することは、HIV/AIDS の流行対策に有用な情報が得られる。このため、福岡地域における HIV 感染者および AIDS 患者から分離された HIV について、遺伝子解析を行った。

解析ウイルス株は、2005 年以降に九州医療センターを受診した HIV 感染者および AIDS 患者計 109 名から検出した HIV-1 を用いた。*env* および *gag* 領域の系統樹を作製し、サブタイプを決定した。

109 名の感染経路は、男性同性間性的接触 (MSM) によるものが 84 例、異性間性的接触によるものが 21 例、血液製剤によるものが 1 例、不明が 3 例であった。解析した 109 株は、*env* 領域の解析では 103 株がサブタイプ B、5 株が CRF01_AE、1 株がサブタイプ C に分類されたが、*gag* 領域の解析では 102 株がサブタイプ B、6 株が CRF01_AE、1 株がサブタイプ C であった。*env* と *gag* 領域による分類が一致しなかったのは 3 株であり、いずれも慢性期の感染者であった。海外感染者は 3 名であったが、2 株は CRF01_AE (*env*, *gag* 領域とも) およびサブタイプ B (*env* 領域) / CRF01_AE (*gag* 領域) であり、残りの 1 株はサブタイプ B (*env*, *gag* 領域とも) であった。サブタイプ C は異性間性的接触で感染した男性 1 名から検出された。