

临床慢性丙型肝炎患者流行病学、 病毒变异、临床表型及个体化治疗 疗效关系的研究

第三军医大学西南医院
感染病专科分院
全军感染病研究所
国家感染病学重点学科

范可 王宇明 陈文 陈嵩 范懿 毛青 王小红

前言

- **感染率**：全国初步调查为**3.2%**，但各家实际报道病例数偏少（常不到**HBV**感染者的**1/10**）
- **诊断问题**：国内基因型检测不普遍，方法不精确，分类不统一（本世纪后才统一采用**Simmonds**法）
- **研究较为缺乏的领域**
 - 不同基因型的**CHC**患者**流行病学资料**
 - 治疗后的**病毒准种漂移**
 - 国内病人的**转归（重症化）及自身免疫性肝炎（AIH）合并症发生率**
 - **个体化治疗疗效**（过去常关注疗程而非**剂量**）

一般资料

- 2004年至今共305例在我院诊治的CHC病人
- 男171例，女134例，年龄9~88岁
- 基因分型：
 - 重庆地区病人123例
 - 非重庆地区病人182例

注：1994年~2003年共22例（不完全统计），因资料不够完整，仅统计病例数

接受IFN治疗病人（有记载者共285例）

- PEG IFN α -2a+RBV: 139例
- PEG IFN α -2b+RBV: 96例
- IFN- α + RBV: 50例#
- 小剂量PEG IFN α -2a+RBV: 41例

: IFN- α + RBV治疗的情况较差，不少病人在使用后换成PEG IFN进行治疗，因此未作疗效统计

表1 PEG IFN α -2a治疗前三组病人的基本情况

| 分组 | 180 μ g | 135 μ g | 90 μ g |
|---------|-------------|-------------|------------|
| 男/女 | 11/9 | 7/3 | 8/3 |
| 平均年龄（岁） | 36.3 | 32.2 | 41.0 |
| 基因型分布 | | | |
| 1b型 | 5 | 2 | 5 |
| 2a型 | 1 | 2 | 3 |
| 3a型 | 2 | 3 | 0 |
| 3b型 | 6 | 0 | 0 |
| 6a型 | 3 | 2 | 2 |
| 未分型 | 3 | 1 | 0 |
| 分型失败 | 0 | 0 | 1 |

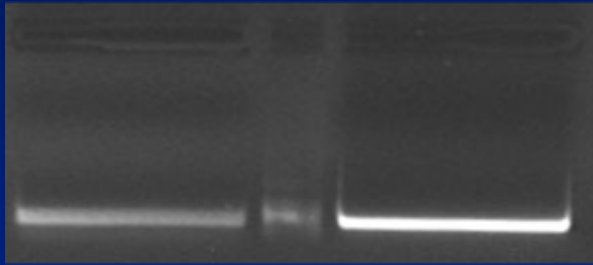
检测/研究方法

- **生化检测**：HITACHI 7020自动生化分析仪
（HITACHI，日本）
- **HCV RNA定量**：荧光定量逆转录套式PCR
（Lightcycler，美国）
- **RT套式PCR扩增**：标本提取采用QIAamp viral RNA mini kit(Qiagen公司，美国)，PCR扩增采用PE9700 PCR扩增仪（PE公司，美国）
- **HCV RNA基因分型**：PCR扩增产物送上海生工生物工程有限公司直接测序
- **自身抗体谱（ANA、AMA、SMA、LKM1）**：欧蒙试剂（德国）

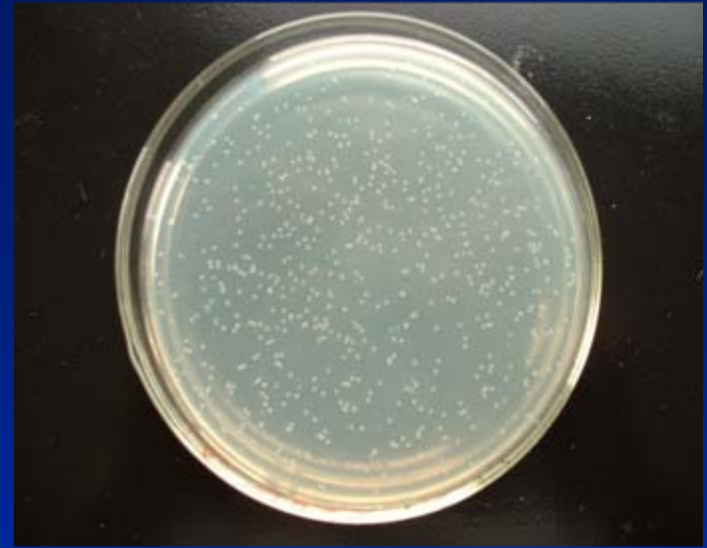
准种研究方法

- HCV RNA 提取
- HCV NS5A 片段扩增
- PCR 产物的克隆（TA克隆）：Qiagen公司试剂盒（美国）
- 同一凝胶上用单链构象多态/异源性双体（SSCP/HD）分析（BioRad公司电泳仪，美国）
对NS5A区进行克隆型筛选
- 克隆型的确定和组成分析

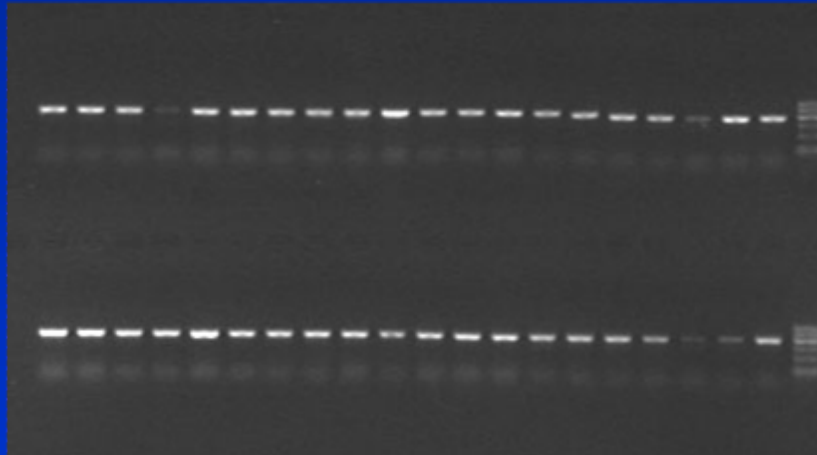
材料与amp;方法



Agarose gel electrophoresis of PCR products



TA cloning



PCR verification of white colonies



图1 PCR 产物的克隆（TA克隆）策略

材料与amp;方法

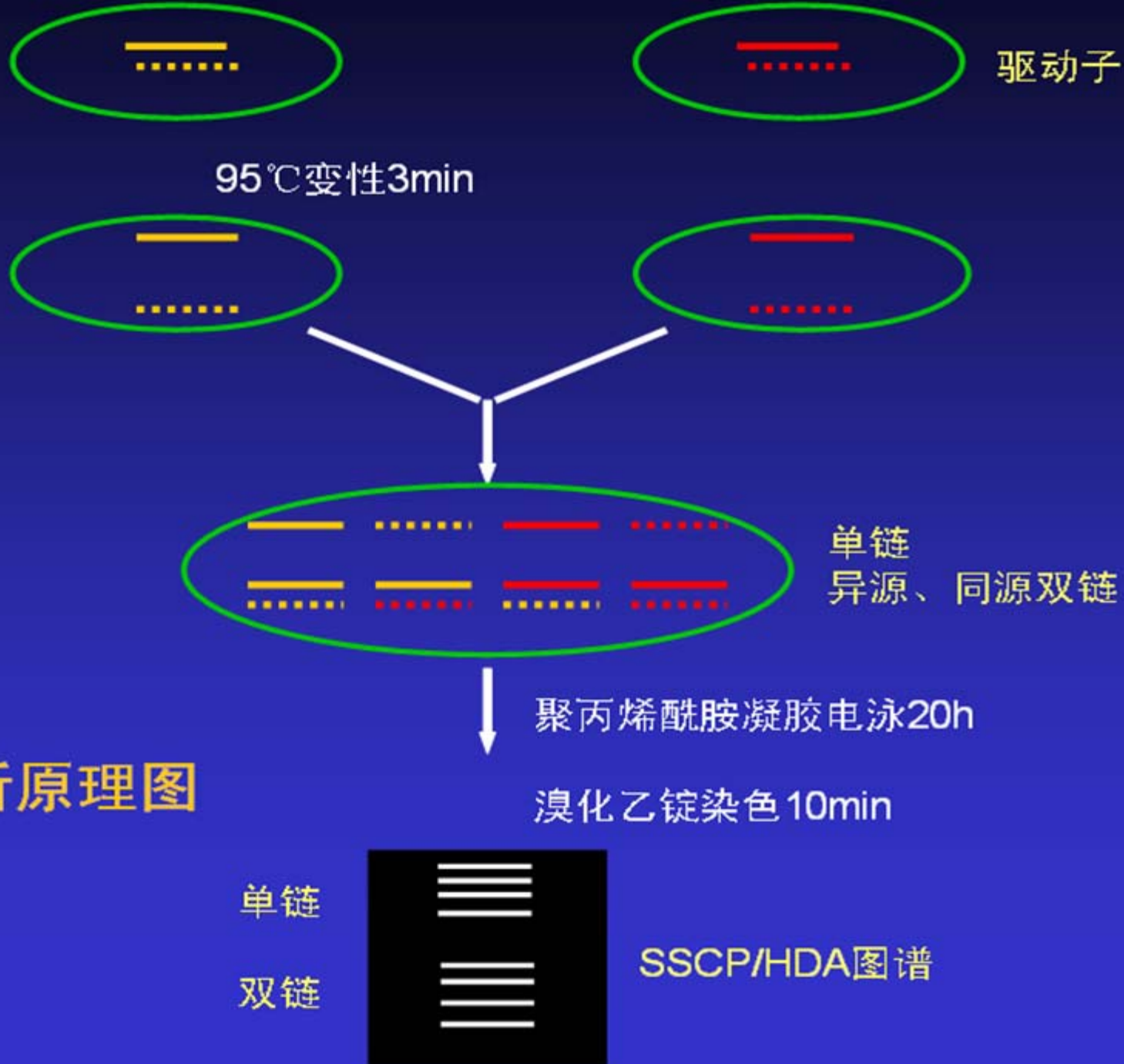


图2 我们创立的SSCP/HD准种筛选策略

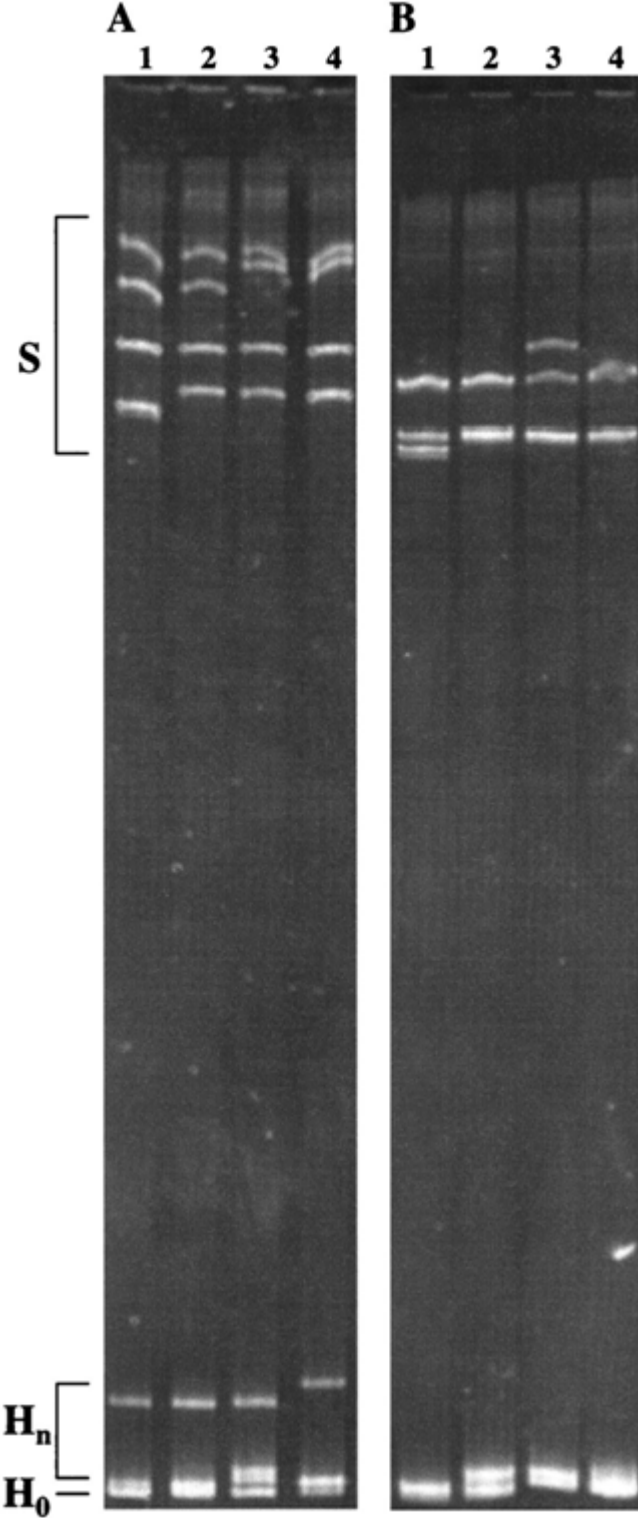


图3 异源性双体 (HD) /单链构象多态 (SSCP) 联合分析

A、B分别显示不同驱动子的效果

结 果

总 体

重庆地区

非重庆地区

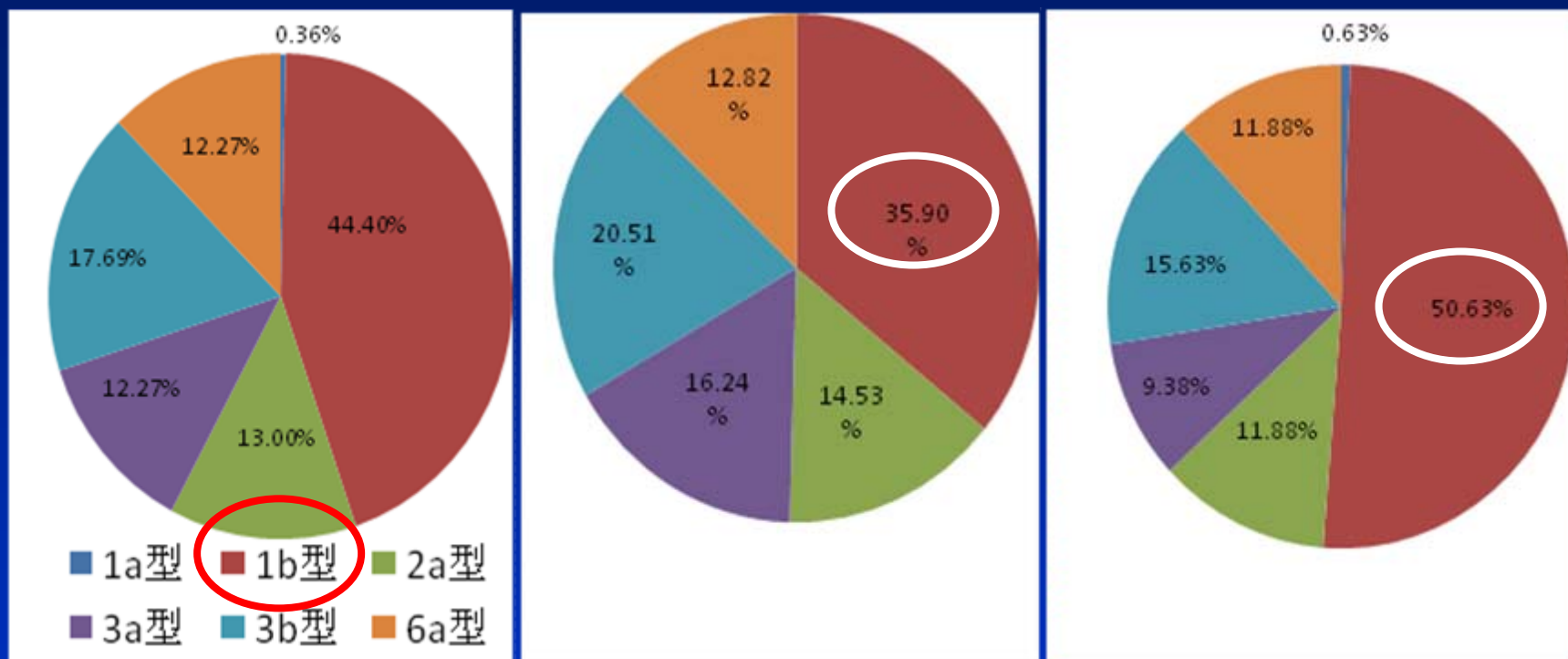


图4 HCV感染在总体、重庆地区、非重庆地区的基因型分布情况

注：各组间HCV基因型分布无显著差异 ($P > 0.05$)

未见不同基因型的现症混合感染

CHB患者发生HCV混合感染共24例

结 果

总 体

重庆地区

非重庆地区

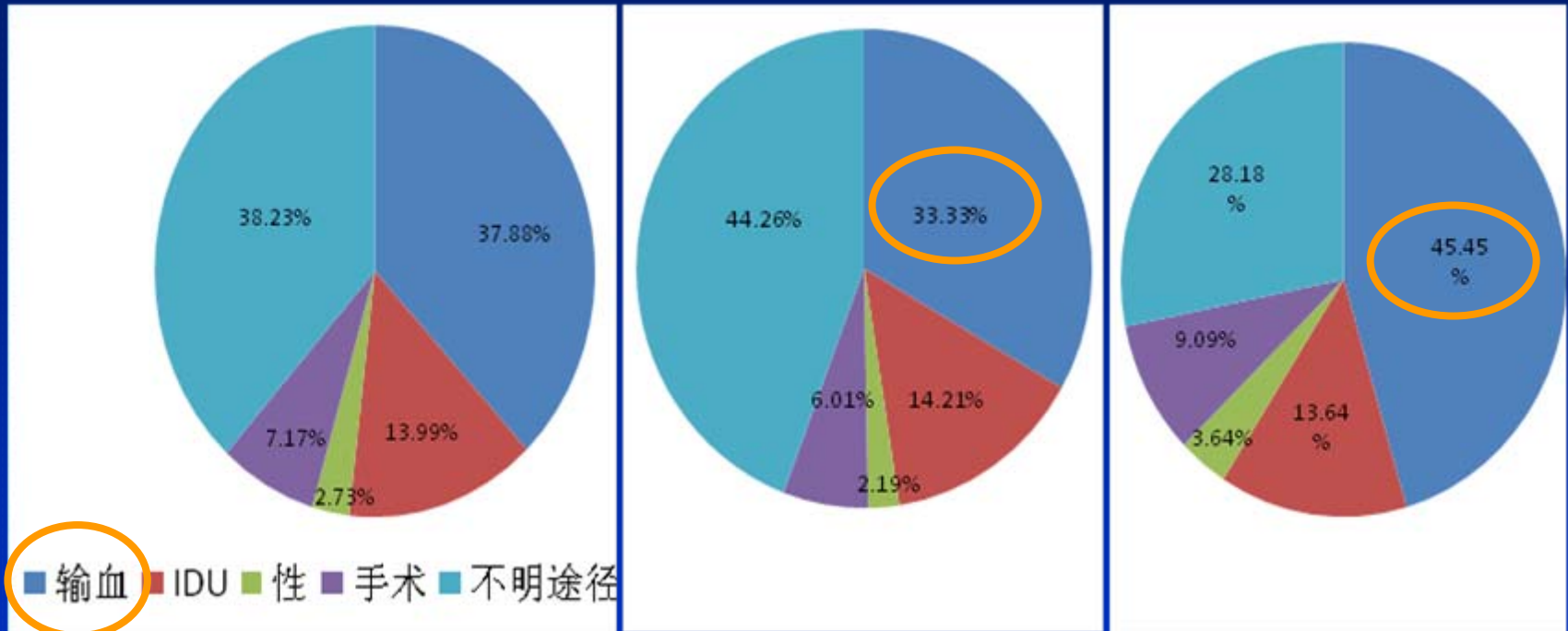


图5 传播途径：总体、重庆地区、非重庆地区情况

注：各组间HCV传播途径无显著差异 ($P>0.05$)

结 果

表2 不同传播途径的基因型分布情况 (%)

| 基因型 | 例数 | 输血及血制品 | 静脉药瘾者 (包括吸毒) | 性接触 | 手术 (包括侵入式) | 不明途径 |
|-----|-----|-----------|-----------------|---------|---------------|-----------|
| 1b | 76 | 48 (63.2) | 2 (2.6) | 0 | 5 (6.6) | 21 (27.6) |
| 2a | 27 | 16 (59.3) | 0 | 2 (7.4) | 2 (7.4) | 7 (25.9) |
| 3a | 25 | 3 (12.0) | 8 (32.0) | 0 | 2 (8.0) | 12 (48.0) |
| 3b | 33 | 3 (9.1) | 8 (24.2) | 1 (3.0) | 3 (9.1) | 18 (54.5) |
| 6a | 23 | 1 (4.3) | 4 (17.4) | 0 | 1 (4.3) | 17 (73.9) |
| 总数 | 184 | 71 | 22 | 3 | 13 | 75 |

注：经输血及血制品使用感染的病人HCV基因型大多集中在1b型，其次为2a型

结 果

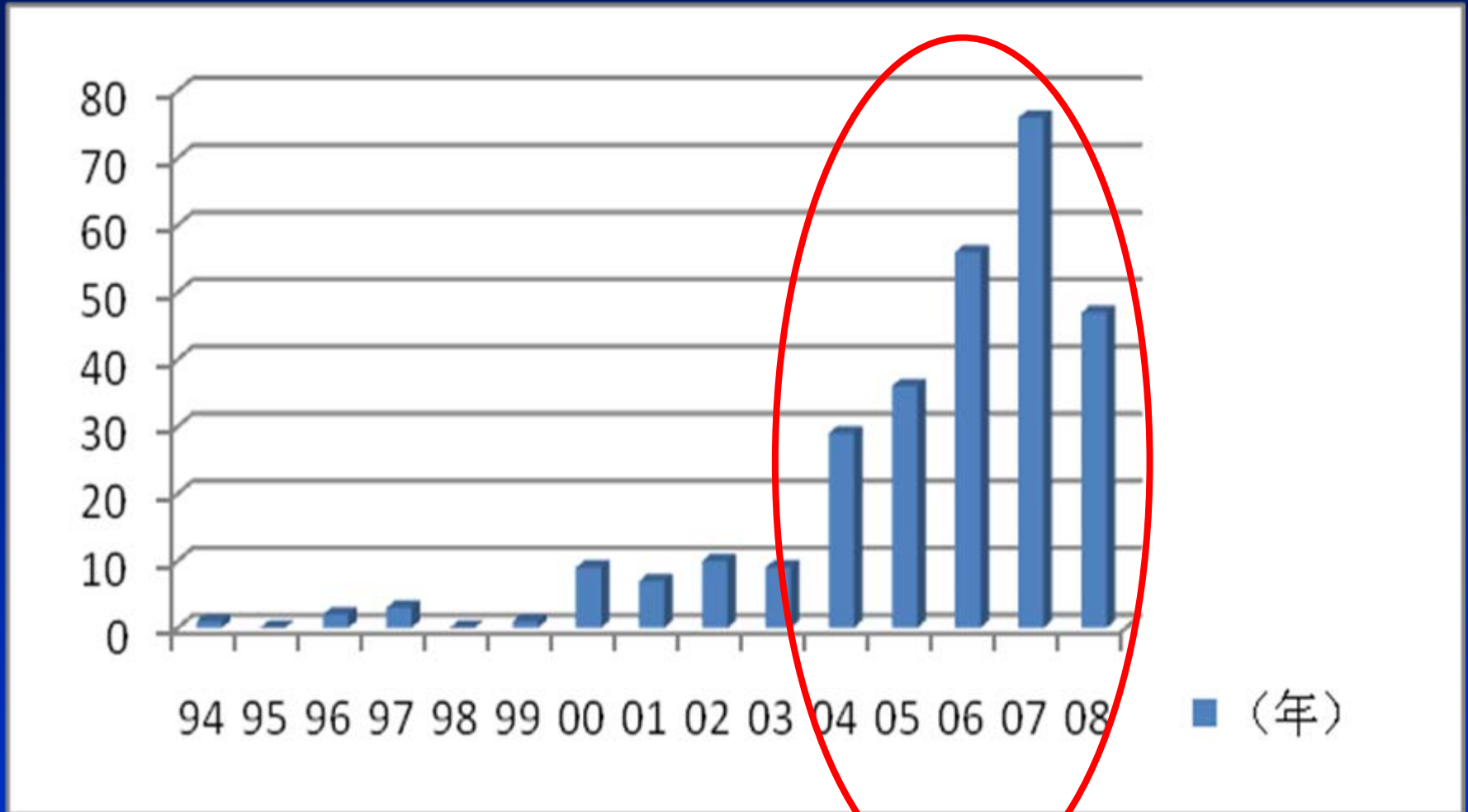


图6 病人发现患丙型肝炎的时间分布

注：病人从有感染HCV的行为（输血或IDU等）到发现感染HCV的平均时间为12年

临床表现（重症化）及AIH合并症

- **重症化**：未见急性肝衰竭（ALF），未见肝细胞肝癌（HCC），仅见**4例**失代偿性肝硬化，且病情偏轻
- **AIH合并症**：**174例**经**欧蒙四项**自身抗体谱检查均为**阴性**

表3 不同基因型疗效比较

| 基因型 | RVR | EVR | ETVR | 治疗中突破 |
|-----|--------------|-------------|--------------|---------------|
| 1b | 8/17 (47.1%) | 20/23(87%) | 7/7 (100%) | 6/37 (16.2%) |
| 2a | 5/5 (100%) | 7/7 (100%) | 6/6 (100%) | 1/10 (10%) |
| 3a | 7/7 (100%) | 10/11(91%) | 3/3 (100%) | 1/13 (7.7%) |
| 3b | 6/7 (85.7%) | 12/12(100%) | 3/3 (100%) | 1/14 (7.1%) |
| 6a | 6/6 (100%) | 7/7 (100%) | 2/2 (100%) | 2/13 (15.4%) |
| 总体 | 32/42 (76%) | 56/60 (93%) | 21/21 (100%) | 11/87 (12.6%) |

注：1b型的RVR低于其他各基因型，但无统计学差异 ($P>0.05$)

1b型治疗中突破发生较多，但与其他各型之间无统计学差异 ($P>0.05$)

1b型的复发率大于2a型，分别为37.5%及16.7%，两者之间的差异有统计学意义 ($P<0.05$)

结 果

表4 HCV NS5A区克隆型数量及分布情况

| 组 别 | 病例号 | 克隆型分布 | 克隆型数量 (种) |
|-------|-----|---|-----------------|
| 完全应答组 | 1 | 16, 5, 4, 4, 1, 1, 1, 1 | 8 |
| | 2 | 21, 3, 3, 2, 1 | 5 |
| | 3 | 19, 5, 3, 1, 1, 1 | 6 |
| | | | 6.3 (平均) |
| 部分应答组 | 4 | 14, 6, 3, 3, 2, 2 | 6 |
| | 5 | 9, 5, 5, 4, 3, 1, 1, 1, 1 | 9 |
| | 6 | 12, 3, 3, 3, 3, 1, 1, 1, 1, 1, 1 | 11 |
| | 7 | 19, 6, 1, 1, 1, 1, 1 | 7 |
| | 8 | 11, 5, 5, 2, 2, 1, 1, 1, 1, 1 | 10 |
| | | | |
| 无应答组 | 9 | 6, 4, 2, 2, 2, 2, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1 | 18 |
| | 10 | 12, 3, 3, 2, 2, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1 | 13 |
| | 11 | 10, 5, 2, 2, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1 | 15 |
| | 12 | 6, 3, 2, 2, 2, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1 | 20 |
| | 13 | 16, 2, 2, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1 | 13 |
| | | | |

注：与完全应答组或无应答组比较 * $P < 0.01$ ；与完全应答组或部分应答组比较 ** $P < 0.01$

结 果

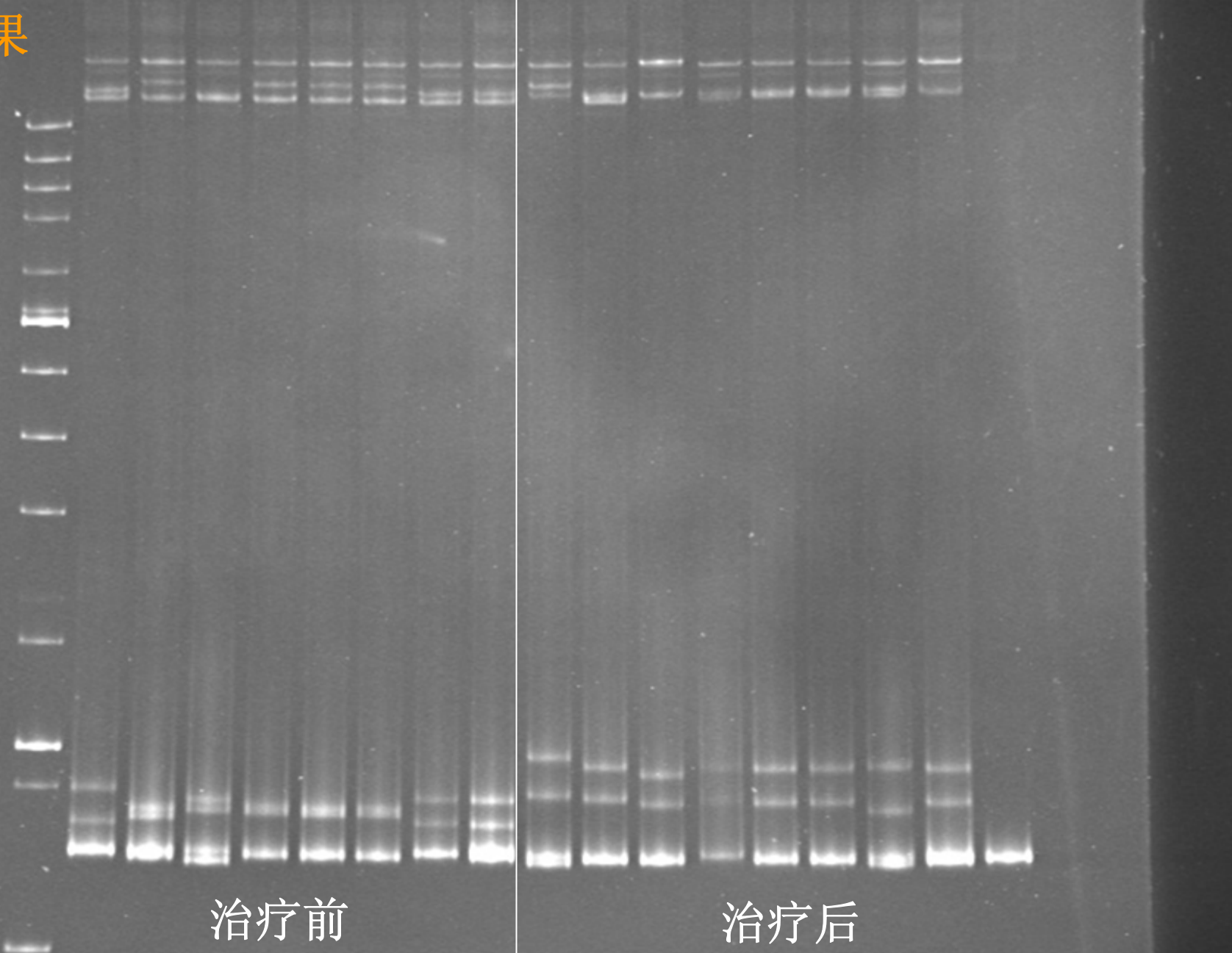


图7 PEG IFN治疗前后HCV准种组成的改变 (SSCP/HD)

结 果

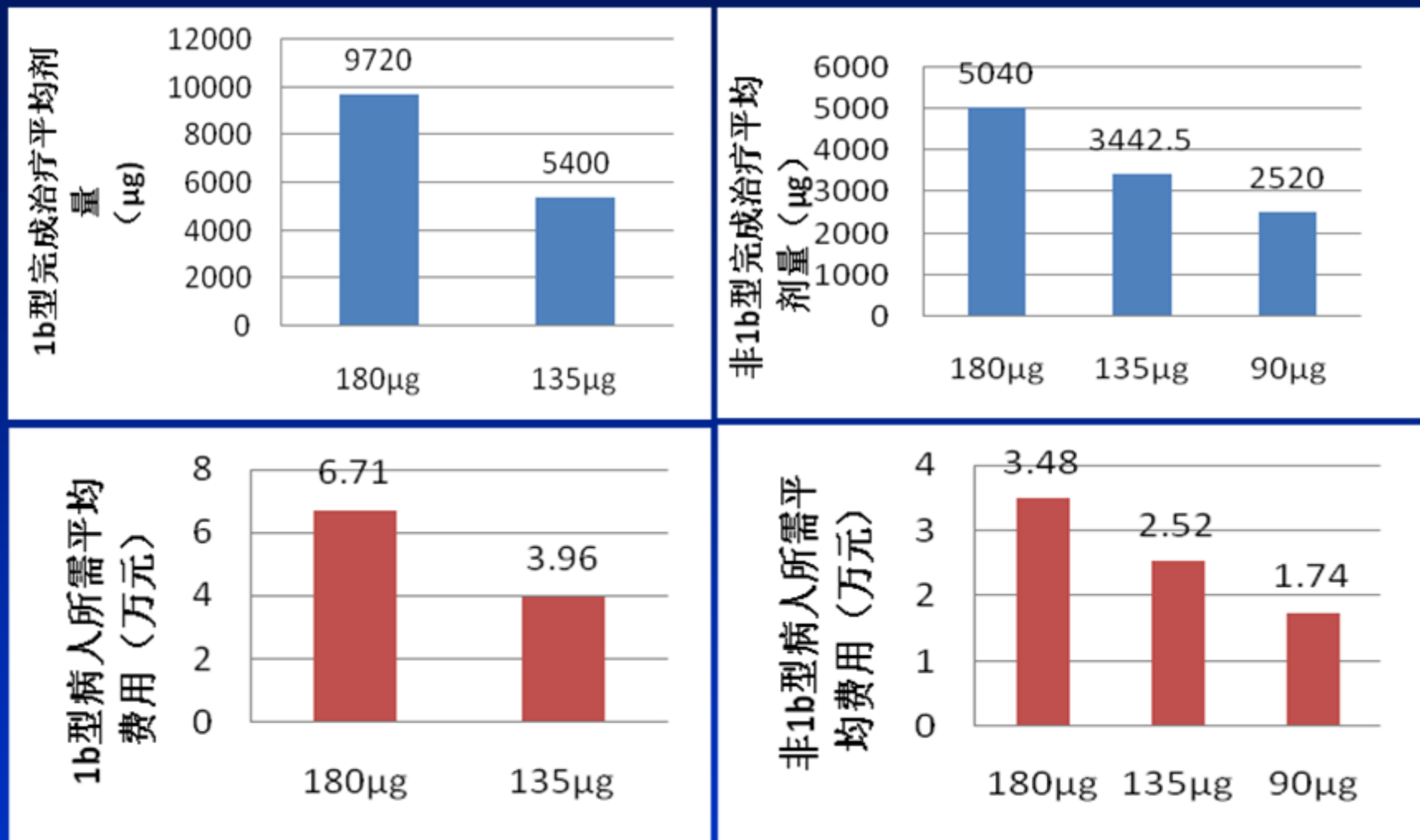


图4 三种PEG IFN α -2a剂量组不同基因型病人完成治疗所需的平均剂量(上)及费用 (下)

注：1b型180 μ g和135 μ g两组治疗平均周数分别为60周和40周
非1b型病人三组结束治疗平均周数为30周、25.5周、28周

本院HCV感染者呈大幅攀升趋势的原因

- 慕名而来病人增多（近2/3患者来自本市外）
- 临床各科逐渐认识，重视并实施抗-HCV筛查
 - 我院体检中心已将抗-HCV列为常规体检项目
 - 少数CHB患者可发生混合感染（24例）
 - 假阴性：3例是初测HCV RNA阴性后经重复后测出
- 医患对CHC治疗重要性认识提高，使就诊率上升
- 适应证不再要求ALT增高，且病毒载量放宽至 $>10^3$ ，常有以ALT不高和HCV RNA $<10^5$ 为由建议不治疗者，本组中有7例属过去认为不须治疗者
- 改变了过去CHC不可治愈的观念

HCV基因型分布以多样化发展

- 基因型随着传播途径及感染源的变迁而变化
- 过去以输血（血制品）为主，其来源仅为少数欧美公司，故基因型较集中（1b、2a）
- 目前献血者群体增大，来源增多，从职业献血发展到全民献血
- IDU及性传播等形式呈上升趋势
- 有较多（近四成）的不明传播途径，可能系因病人有意隐瞒性乱史、静脉药瘾者史或同性恋史等

未见不同基因型的现症混合感染

- CHB常见不同基因型的混合感染
- CHC传播途径更为复杂多样且可重复发生，理应出现不同基因型的混合感染
- 本组未见不同基因型的现症混合感染，提示基因型间可能存在竞争和抑制关系

重症化少见，且病情偏轻

- 未见急性肝衰竭（ALF）
- 未见肝细胞肝癌（HCC）
- 偶见失代偿性肝硬化（4例），且病情偏轻，有的先经支持治疗再经有效抗病毒治疗后明显好转
- 体会
 - CHC病情危重者少见
 - 部分失代偿性肝硬化者仍有治疗机会

AIH不是CHC病人的常见合并症

- 174例经欧蒙四项自身抗体谱检查均为阴性，提示AIH不是本地区CHC病人的常见合并症
- 过去曾报道AIH是CHC的常见合并症
- 近年有关报道明显减少
- 可能原因：过去因HCVM检测方法缺如或假阳性率高，误将部分AIH归入CHC（NANBH）

影响抗病毒疗效的因素

- **基因型**：主要影响持续应答和复发率。本组**1b**和**2a**型以输血传播多见，治疗中突破和治疗后复发较多（**16.7%**和**37.5%**），但对突破者经过个体化调整后获满意疗效
- **准种（NS5A）**：本组显示在IFN完全应答组、部分应答组和无应答组之间，HCV NS5A基因克隆型呈递增趋势，提示NS5A基因复杂性与IFN的疗效呈负相关
- **治疗方法比较**：**PEG IFN+RBV > IFN+RBV > IFN**单用
- **治疗剂量**：以往报道的减量情况常为肝移植、合并HIV感染或药物耐受性较差等病人，而本研究发现对部分普通病人可采用小剂量治疗，并获满意疗效

小剂量PEG IFN+RBV治疗初步经验

- 基线：符合CHC适应证，且病毒载量偏低者
- 体重偏低（ $<65\sim70\text{kg}$ ）者
- 经济条件不佳，不能承担全量PEG IFN者
- 不良反应大，难以坚持全量者

小剂量PEG IFN α 治疗经验的发展： 应答指导的治疗（RGT）

- PEG IFN α 药物耐受性差但早期应答良好——因难以耐受减量
- 体重偏低且应答良好——减量后能维持原有应答且可减轻不良反应（最适剂量）
- 早期应答良好但经费不足——因普通IFN α 疗效不佳改药并因经费不足减量
- 减量后应答稍差，但可通过增加RBV剂量维持良好应答——起补偿作用（开支仍低）

“一针二用”的初步体会

- “一针二用”既不降低疗效，又未见安全问题
 - 一针同时用**2人**最安全，但不方便
 - 一针先后用**1人**较方便，但有潜在安全问题，关键在于分装操作和保存
- 疗效与标准剂量相当，且不良反应减轻，并大大节约成本，从而使依从性提高
- 国内尚未见**PEG IFN α -2b**预充水针剂，今后有待进一步改进剂型

小结：流行病学

- 我院近4年HCV感染就诊病人呈大幅攀升趋势
- 基因型随着传播途径及感染源的变化向多样化发展
 - 过去：输血为感染的主要途径
 - 现在：静脉药瘾者及性传播等形式呈上升趋势
- 从有感染HCV的行为（输血或IDU等）到发现感染HCV的平均时间较长（12年），提示其诊断延迟及漏诊过长
- 未见不同基因型的现症混合感染，提示基因型间可能存在竞争和抑制关系

小结：临床表现和治疗

- 重症化少见，未见ALF，偶见失代偿性肝硬化，且病情偏轻
- 自身抗体谱检查均为阴性，提示AIH不是本地区CHC病人的常见合并症
- 1b和2a型以输血传播多见，治疗中突破和治疗后复发较多，但前者经过个体化调整仍获满意疗效
- NS5A准种复杂性与抗病毒疗效呈负相关
- 对部分病人采用小剂量个体化治疗，疗效满意

致 谢

- 病例资料收集整理：

向丽、胡亚君、李怡娜

- HCV基因分型及相关检查研究：

刘斌、刘霖、熊瑜琳、兰林

- HCV准种研究：

刘斌、刘霖、刘志、兰林

- 临床及统计学分析：

刘陈、刘霖、邓国宏、马巧玉、张绪清

- 论文写作指导：

David Thomas (JHU)、Stuart Ray (JHU)、刘志 (UM)、
刘霖、邓国宏、马巧玉、张绪清、陈耀凯、向德栋、李玲

