

## HEPATIT C VIRUS (HCV) SEKVENSERING OCH TYPNING

### MEDICINSK BAKGRUND

Det finns ca 150 miljoner kroniskt infekterade med hepatit C i världen. I Sverige är hepatit C den vanligaste formen av virushepatit, med ca 2000 nya fall per år. Endast hos ett fåtal, ~15-20%, uppstår kliniska symptom i det tidiga skedet och dessa liknar då dem som förekommer vid andra former av hepatit.

Smittöverföring sker framför allt via blodkontakt, ex via orena kanyler och hepatit C är starkt associerat med intravenöst missbruk. Nosokomial smitta förekommer också. Sexuell smitta och smitta mor till barn är ovanligt. Ca 60-85% av de smittade läker inte ut sin infektion utan förblir kroniskt infekterade. Dessa löper risk att på sikt utveckla levercirros eller i enstaka fall levercancer.

Den diagnostiska screeningtesten för HCV-infektion är i första hand anti-hepatit C virus (anti-HCV) screeningtest. Vid positivt anti-HCV hos en icke tidigare känd patient analyseras provet vidare med HCV RNA metod för att konfirmera fyndet. Förekomst av hepatit C virus (HCV) RNA i blod indikerar viremi och därmed pågående hepatit C infektion. HCV RNA-metoden fungerar då som en kvalitativ analys. Om HCV RNA inte kan påvisas utför man ytterligare ett konfirmationstest; HCV Geenius.

Analys av HCV RNA används också vid misstanke på hepatit C men där antikroppar kan saknas. Detta gäller tidigt i infektionsfasen, för dialys- och immunsupprimerade patienter där serokonversion kan dröja mycket länge eller helt utebli, samt ibland hos barn med maternella antikroppar där man vill avgöra om smitta skett till barnet.

När väl hepatit C har konstaterats hos en patient är analys av anti-HCV oftast inte längre indicerat. Hos patient med känd hepatit C följs istället HCV RNA. HCV RNA kvantifiering används för att följa infektionsförloppet och för att följa behandling med prov före, under och efter behandling enligt gällande behandlingsrekommendationer. Utvecklingen av läkemedel mot kronisk hepatit C går för närvarande mycket snabbt.

Flera nya läkemedel har under de senaste åren godkänts och möjligheterna att bota kronisk hepatit C har ökat. Behandlingen sköts på specialistkliniker. Inför behandlingsstart ska bestämning av HCV-genotyp utföras eftersom genotyp påverkar valet av preparat och behandlingstid.

## **METOD/ANALYSPRINCIP**

*HCV RNA typning:* Efter extraktion av virus RNA utförs nestad PCR. Därefter renas och sekvenseras produkten. Med hjälp av mjukvara redigeras och analyseras gensekvenserna varvid genotyp fås.

## **SVAR/TOLKNING**

DNA sekvensering, fylogenetisk analys: HCV genotyp/subtyp XX

DNA sekvensering, fylogenetisk analys: Ej amplifierbar. Följt av kommentar

DNA sekvensering, fylogenetisk analys: Ej bedömbär. Följt av kommentar

## **REFERENSER**

Uppdaterad rekommendation för läkemedelsbehandling av hepatit C –  
behandlingsrekommendation och bakgrundsdokumentation 2015,

<https://lakemedelsverket.se/malgrupp/Halso---sjukvard/Behandlings--rekommendationer/Behandlingsrekommendation---listan/Hepatit-C/>

(sidan hämtad september 2016)

Abdel-Hamid M et al., J Gen Virol. 200; 88:1526-31

Widell A et al., J Med Virol 1994;44:272-279

Jacka B et al., PLOS ONE. 2013;8(6):1-6

Lee J-H et al., J Hepatology. 1997;26:1001-1009

Simmonds P et al., J Gen Virol. 1993;74:2391-2399

Simmonds P et al., Hepatology 2005;42:962-973

Smith DB et al., Hepatology. 2014;59:318-327