

Hepatit C virus (HCV) sekvensering och typning

Bakgrund

Hepatit C-virus (HCV) är ett globalt folkhälsoproblem och en av de ledande orsakerna till kronisk leversjukdom, levercirros och hepatocellulär cancer. Enligt uppskattningar är cirka 58 miljoner människor världen över kroniskt infekterade med HCV, och årligen inträffar omkring 1,5 miljoner nya infektioner. Smittöverföring sker främst via blodkontakt, exempelvis genom bruk av intravenösa droger, osäkra medicinska procedurer eller blodtransfusioner i områden med otillräcklig screening.

Världshälsoorganisationen (WHO) lanserade år 2016 en global strategi för att eliminera hepatit C som ett folkhälsoproblem till år 2030. Målen inkluderar en 90 % minskning av nya infektioner och en 65 % minskning av hepatitrelaterad mortalitet. För att uppnå detta krävs förbättrad diagnostik, tillgång till effektiv behandling samt riktade preventiva insatser i riskgrupper.

Diagnostiken av hepatit C inleds med serologisk screening för anti-HCV-antikroppar. Ett positivt anti-HCV-test indikerar tidigare eller pågående infektion men kan inte skilja mellan dessa tillstånd. Därför rekommenderas reflextestning med HCV-RNA-analys för att bekräfta aktiv infektion. Kvantitativ HCV-RNA används både för diagnos och för uppföljning av behandlingseffekt.

Behandlingen av hepatit C har revolutionerats genom införandet av direktverkande antivirala läkemedel (DAA). Dessa terapier är väl tolererade, ges peroralt och har en mycket hög botfrekvens, med

sustained virologic response (SVR) hos över 95 % av patienterna. Behandlingstiden är vanligtvis 8–12 veckor. Prognosen för patienter som uppnår SVR är utmärkt, med avsevärt minskad risk för levercirros, hepatocellulär cancer och leverrelaterad mortalitet.

Hepatit C-infektionens naturliga förlopp varierar. Efter akut infektion eliminerar cirka 20–30 % av patienterna virus spontant, medan majoriteten utvecklar kronisk infektion. Kronisk hepatit C kan över årtionden leda till progressiv fibros, cirros och dess komplikationer. Faktorer som alkoholintag, samtidig leversjukdom och immunosuppression kan påskynda sjukdomsprogressionen.

Trots att många moderna DAA-regimer är pangenotypiska har HCV-genotypning fortfarande klinisk betydelse, särskilt i behandlingssvikt, vid resistensanalys och i vissa patientgrupper. Genotypinformation kan påverka val av behandlingsregim, behandlingstid och behov av tillägg av ribavirin. Dessutom är genotypning viktig för epidemiologisk övervakning och för att följa resistensutveckling.

Svar/Tolkning/Bedömning

- HCV NGS TYPNING: Genotyp XX
- HCV NGS TYPNING: Ej typbar. Följt av kommentar.
- HCV NGS TYPNING: Ej utförd. Följt av kommentar.

Metodik/mätprincip

Denna analys baseras på next-generation sequencing (NGS) av hepatit C-virusets (HCV) genom. Analysen utförs på viralt RNA extraherat från plasma eller serum. Efter omvänd transkription amplifieras HCV-genomet med överlappande primers, vilket täcker relevanta kodande regioner inklusive NS3, NS5A och NS5B.

Referenslitteratur

1. Săndulescu O, Dudman SG, Gmizic I, Garcia F, Harvala H, Hasanoglu I, Janjua NZ, Kowalska J, Mallet V, Maticic M, Mondelli MU, Op de Coul ELM, Perumalswami PV, Özkaya Şahin G, Said Z, Sánchez-Avila JF, Velikov P, Weis N, Zidovec-Lepej S, Torres HA; Study Group for Viral Hepatitis of the European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases (ESGVH) and the American Association for the Study of Liver Diseases (AASLD) Hepatitis C Special Interest Group. Global hepatitis C elimination: Updates, challenges, and opportunities from real-world experiences in Europe and North America. *Hepatology*. 2025 Sep 26. doi: 10.1097/HEP.0000000000001548.
2. Săndulescu O, Matičić M, Garcia F, Blomé MA, Mondelli MU, Irving W, Zidovec-Lepej S, Widell A, Özkaya Şahin G; ESCMID Study Group for Viral Hepatitis (ESGVH). Evolving insights into viral hepatitis: Advances, evidence, and expert perspectives from the ESCMID Study Group for Viral Hepatitis (ESGVH) - Part 2: hepatitis B, C, and delta. *Germs*. 2025 Sep 30;15(3):263-273.