P183

Virologia

VALUTAZIONE DEL SISTEMA NGS VELA DX PER LA DETERMINAZIONE DEL GENOTIPO HCV

M.R. Lipsi [3], T. Rollo [3], G. Faleo [2], R. Antonetti [1]

[1] *Dipartimento Patologia Clinica, UOC Laboratorio Centrale AOU OO.RR Foggia*

[2]*Dipartimento di Medicina Clinica e Sperimentale, Università degli Studi Foggia*

[3]*Dipartimento Patologia Clinica, UOC Laboratorio Centrale AOU OO.RR Foggia*

INTRODUZIONE

La corretta genotipizzazione di HCV nell'era dei farmaci ad attivita' antivirale diretta (DAA) è fondamentale nella cura dell'epatite C. Il loro uso combinato induce una rapida clearence virale che impatta positivamente sulla qualità della vita di questi pazienti, tollerabilità e tempi più brevi di terapia, sulle risorse economiche in quanto, ai costi del trattamento si contrappone il risparmio dovuto all'ospedalizzazione e alle terapie aggiuntive dovute alle comorbidità HCV-relate. Scopo del nostro lavoro è stato quello di valutare, le prestazioni diagnostiche, di un sistema di sequenziamento genico NGS, Sentosa SQ HCV Genotyping Assay, per la genotipizzazione di HCV

METODI

La nostra sperimentazione è stata condotta sul plasma di 150 pazienti HCV-positivi. L'estrazione dell'RNA virale, la preparazione della library e del templato, il sequenziamento delle regioni NS3/NS5A/NS5B mediante ION Torrent, sono stati eseguiti seguendo le indicazioni del produttore su strumentazione dedicata e utilizzando il kit Sentosa SQ HCV Genotyping Assay (Vela Diagnostics). L'utilizzo finale di un software dedicato (SQ Reporter) ha permesso infine l'assegnazione dei genotipi da 1 a 6. I risultati sono stati confrontati con quelli ottenuti con metodica convenzionale LIPA, Versant HCV Genotype 2.0 Assay (Siemens)

RISULTATI

33/150 campioni sono stati genotipizzati G1a in NGS come in LIPA stessa concordanza nei 54/150 campioni G1b e nei 29/150 con G3a. Concordanti sono stati anche i risultati ottenuti nei due pazienti, tossicodipendenti, in cui è presente una co-infezione G1a/G3a e G1b/G3a rispettivamente. In 14 campioni è stato identificato con NGS il solo genotipo 4c lì dove il sistema LIPA risultava essere non discriminante 4a/4c/4d così come nei 18 isolati in cui NGS identifica il solo G2c mentre il LIPA non discrimina G2a/G2c. Infine il sistema NGS è stato utile nella determinazione del genotipo tutte le volte che in LIPA abbiamo ottenuto dei risultati ripetutamente inconclusivi. In 3/33 pazienti G1a, la mancata reattività con la regione del CORE, non permetteva di distinguere G1a da G1b.

CONCLUSIONI

Il sistema NGS Vela DX si è confermato un valido strumento diagnostico in grado di fornire un utile supporto alla gestione clinica dei pazienti HCV non solo in termini di corretta identificazione genotipica ma anche di messa in evidenza di RAVs (Resistence Associated Variants) la cui presenza condiziona sfavorevolmente la clearence virale.