

# Vraag uit de praktijk

## Hepatitis A laten typeren?

Een GGD belt het RIVM over een melding van een student met geelzucht die in een studentenhuis met andere studenten woont. Na diagnostiek via de huisarts bleek het om hepatitis A te gaan. De GGD ging nu hepatitis A-vaccinatie aanbieden aan de huisgenoten omdat er twijfels zijn over de hygiënische omstandigheden in huis. Daarover had de GGD geen vragen. Bijzonder was dat er meerdere aanwijzingen waren voor de bron. De student was recent op de Kaap Verdische eilanden, in Berlijn en in Budapest op een muziekfestival geweest. De GGD vraagt zich af of het meerwaarde heeft voor de bronopsporing om het virus te laten typeren.

### Hepatitis A-virus

Hepatitis A is meldingsplichtig in het kader van de Wet publieke gezondheid. Bij klinische verdenking op hepatitis A wordt de primaire diagnostiek in medisch microbiologische of klinisch chemische laboratoria uitgevoerd door middel van serologie waarbij gebruik gemaakt wordt van verschillende, op ELISA gebaseerde methoden. Deze methoden tonen antistoffen tegen het hepatitis A-virus (HAV) aan. Positieve bevindingen worden gemeld bij de GGD die vervolgens bron- en contactopsporing inzet om verdere verspreiding te voorkomen. Transmissieroutes worden met de bron- en contactopsporing op basis van epidemiologische gegevens niet altijd gevonden vanwege de lange incubatietijd van het virus en de lage klinische attack rate bij jonge kinderen.

### Hoe helpt de kiemsurveillance bij preventie en bestrijding?

Surveillance door middel van typering door sequentie-analyse van het virus helpt in veel gevallen bij het opsporen van de bron, bijvoorbeeld bij teruggekeerde reizigers uit landen waar hepatitis A endemisch is. Virussen uit verschillende endemische regio's zijn namelijk duidelijk van elkaar te onderscheiden. Met moleculaire typering kunnen soms ook HAV-infecties aan elkaar gekoppeld worden die epidemiologisch niet aan elkaar gerelateerd lijken, zoals bijvoorbeeld bij HAV-infecties via houdbare producten zoals zongedroogde tomaatjes.

Om transmissieroutes van in Nederland circulerende HAV- stammen te kunnen vaststellen, en daarmee mogelijke interventies te sturen (naast vaccineren bijvoorbeeld bepaalde voedselproducten van de markt halen) is een gedetailleerd niveau van typering nodig. Daarom verricht het RIVM genotypering door middel van sequentieanalyse.

### Typeren?

Ja, het RIVM ontvangt graag materiaal zoals feces en mogelijk restserum. Niet alleen omdat het de GGD behulpzaam kan zijn bij bron- en contactonderzoek maar ook in het kader van het project Wereldkaarten met de Nederlands Voedsel en Warenautoriteit (NVWA). Binnen dit project wordt beoogd om door typering van vooral aan reis gerelateerd HAV-infecties bepaalde HAV-sequenties te koppelen aan bepaalde geografische gebieden. Met deze typerings/sequentie-informatie wordt een database gebouwd (HAVNET). Als later een vergelijkbare sequentie wordt gevonden kan met deze database bepaald worden wat de waarschijnlijke oorsprong van de HAV-stam was. Als deze infectie niet reisgerelateerd is kan de NVWA in een database kijken welke voedselproducten uit de betreffende regio zijn of worden geïmporteerd om zo de bron- opsporing te kunnen sturen/focussen.

Het virus uit het bovenstaande voorbeeld is inmiddels getypeerd en blijkt nauw verwant aan stammen die eerder gevonden zijn bij patiënten die naar de Kaap-Verdische eilanden waren geweest. Daarmee is de vraag beantwoord waar de patiënt waarschijnlijk de infectie heeft opgelopen en is de meerwaarde van typering aangetoond.

### Auteur

T. Oomen, E. Duizer, H. Vennema, Centrum Infectieziektebestrijding, RIVM, Bilthoven

### Correspondentie

ton.oomen@rivm.nl