

Klinische virologie 2.0

Jutte de Vries, gastredacteur

Virologie in transitie - Na de COVID-pandemie maakt de klinische virologie zich op voor een nieuwe fase, waarin de aandacht verschuift naar de opkomst van tot 2025 grotendeels onbekende virussen en ongekennde epidemiologische verheffingen van bekende pathogenen. Dit betreft niet alleen onverwachte verspreiding van virussen en nieuwe ziektebeelden, maar ook baanbrekende vormen van diagnostiek, gedreven door technologische innovatie.

Dit jaar heeft de *New York Times* aandacht voor de outperformance van AI-modellen zoals ChatGPT en Claude ten opzichte van gepromoveerde virologen voor probleemoplossing in het klinisch virologisch laboratorium. Deze ultraslimme modellen ondersteunen onderzoekers effectief bij de preventie van verspreiding van infectieziekten, terwijl tegelijkertijd de risico's van misbruik, waaronder bioterrorisme, kritisch worden geëvalueerd. In deze uitgave van het *Nederlands Tijdschrift voor Medische Microbiologie (NTMM)* wordt de toepassing van AI aangekaart bij de behandeling van long COVID, met name gericht op het identificeren van patiëntengroepen die het meeste profijt hebben van gerichte interventies. Dit illustreert hoe technologische innovaties, waaronder AI, de klinische virologie transformeren met directe impact op gepersonaliseerde patiëntenzorg.

Een andere actuele ontwikkeling is de indrukwekkend snelle verspreiding van het oropouchavirus, dat zich vanuit zijn oorspronkelijke habitat in het Amazonebekken verspreid heeft naar het Caribisch gebied en grote delen van Zuid- en Centraal-Amerika. Klimaatverandering is een belangrijke onderliggende factor die de uitbreiding van het verspreidingsgebied van de vector - de knut, steekvlieg - bevordert. Met meer dan 12.000 gerapporteerde gevallen tot augustus 2025 veroorzaakt het oropouchavirus niet alleen een acuut koortsend ziektebeeld, maar ook ernstige neurologische complicaties zoals meningo-encefalitis, met soms fatale afloop. Het CDC waarschuwt reizigers, al komt de vector in Europa niet voor. Dit voorbeeld onderstreept de noodzaak van continue mondiale monitoring van virale infecties.

Verder wordt in deze editie aandacht besteed aan congenitale infecties, die door ontregelingen in immuniteit na de pandemie bijzondere aandacht vragen. Zo werd in 2024 een ongekennde tienvoudige toename van parvovirus B19-infecties onder zwangere vrouwen geregistreerd, vermoedelijk door verminderde viruscirculatie tijdens COVID-periode, met directe gevolgen voor prenatale diagnostiek en zorg. Daarnaast worden nieuwe inzichten gepresenteerd over de behandeling van congenitale cytomegalovirus (CMV)-infecties, inclusief herziening van richtlijnen met gevolgen voor de klinische praktijk.

In het laatste artikel in deze uitgave reflecteren de auteurs op een transitie die de virologie overstijgt: de implementatie van de Europese IVDR-regelgeving (In Vitro Diagnostic Regulation). Ten slotte volgen nog de aankondiging van het NVIC/NVMM-najaarscongres 'Mens, microbe & maatschappij' en de promoties.

In de volgende uitgave van het *NTMM* wordt het thema 'klinische virologie' afgerond met aandacht voor de adoptie van (pan)virale genomische next-generation sequencing (NGS). De toenemende toepassing van virus-specifieke genomische sequentieanalyse opent de deur naar metagenomische sequentieanalyse in klinische virologie en infectiesurveillance. Door voortdurende technologische doorontwikkeling, krachtig gestimuleerd door Europese subsidies gericht op het versnellen van de ontwikkeling, met als expliciet doel verkorting van doorlooptijden en kostenreductie van virale metagenomische sequencing, zal deze geavanceerde techniek de komende jaren breder beschikbaar en toepasbaar worden. Daarmee zal metagenomische sequencing de diagnostiek, monitoring en preventie van virale infecties fundamenteel herdefiniëren en de klinische virologie onmiskenbaar transformeren.

Dr. J.J.C. de Vries, associate professor,
Leids Universitair Medisch Centrum, Leiden.
Correspondentieadres: J.J.C.de_Vries@lumc.nl