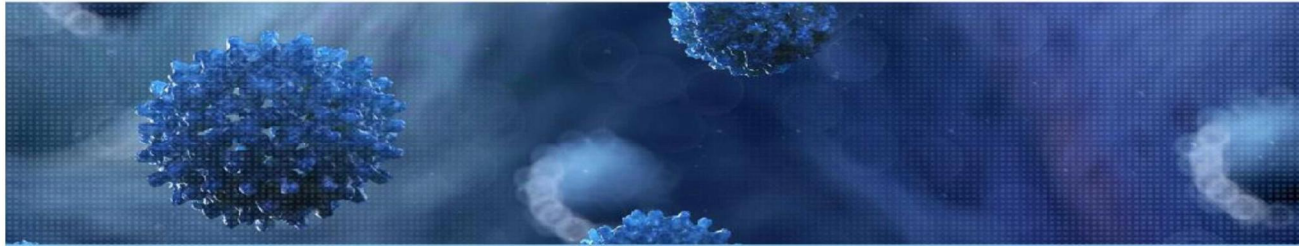




Viroscience lab
WHERE SKILLS MEET TO STUDY & PROTECT



24-5-2020 Overzicht WGS ten behoeve van COVID-19 bestrijding

(10)(2e), David Nieuwenhuijse, (10)(2e), (10)(2e) ((10)(2e)

@MarionKoopmans; (10)(2e) @erasmusmc.nl

SARS-COV2 Sequences in the Netherlands
(Range:1-22 sequences)



1. Workflow: realtime sequencing (als nodig)
2. Metadata verzameling LCI/GGD/zkh
3. Phylogenie en cluster analyses
4. Rapportages voor LCI, OMT, GGD, instellingen
5. Sequence delen met GISAID en nextstrain

Rapportage sequencing ErasmusMC
v.a. 23-03-2020

Samenvatting
Op 20 december 2019 werden in een zaalruimte in Middelburg (provincie Zeeland, China) vier patiënten met pneumonie opgenomen die afkeer op de Human Severe Acute Respiratory Syndrome (SARS-CoV-2) vertoonden. De patiënten werden behandeld met antibiotica en ondersteunende therapieën. Inmiddels zijn de patiënten hersteld en zijn de patiënten naar huis teruggekeerd.

Op 27 februari werd een eerste Nederlandse patiënt positief getest, na een vakantie naar Lombardia, Italië (nummer 127-8-228) zijn nu 2700 mensen positief besmet met SARS-CoV-2. Van de tot nu toe 8 miljoen mensen (100 miljoen mensen) in Nederland zijn ongeveer 10% tot 15% besmet.

Deze met name positieve resultaten zijn gebaseerd op patiënten die in Nederland zijn opgenomen. Het is belangrijk om ook andere vormen van sequentie analyse te gebruiken om de schaal van het probleem te bepalen. Het is belangrijk om ook andere vormen van sequentie analyse te gebruiken om de schaal van het probleem te bepalen. Het is belangrijk om ook andere vormen van sequentie analyse te gebruiken om de schaal van het probleem te bepalen.

Methoden
Alle complete genoom sequenties zijn bepaald door middel van een SARS-CoV-2 specifieke, amplicon gebaseerde, sequentie methode gebaseerd op Nanopore sequencing.

De sequentie van de sequenties is gebaseerd op de sequentie van een referentie sequentie tree (SARS-CoV-2) met behulp van de software MAFFT. De sequenties van de sequenties zijn gebaseerd op de sequentie van een referentie sequentie tree (SARS-CoV-2) met behulp van de software MAFFT.

Het is belangrijk om te realiseren dat deze analyse niet afdoende is om het aantal sequenties die worden verzameld te bepalen. Het is belangrijk om te realiseren dat deze analyse niet afdoende is om het aantal sequenties die worden verzameld te bepalen.

Samenvatting
Op 20 december 2019 werden in een zaalruimte in Middelburg (provincie Zeeland, China) vier patiënten met pneumonie opgenomen die afkeer op de Human Severe Acute Respiratory Syndrome (SARS-CoV-2) vertoonden. De patiënten werden behandeld met antibiotica en ondersteunende therapieën. Inmiddels zijn de patiënten hersteld en zijn de patiënten naar huis teruggekeerd.

Op 27 februari werd een eerste Nederlandse patiënt positief getest, na een vakantie naar Lombardia, Italië (nummer 127-8-228) zijn nu 2700 mensen positief besmet met SARS-CoV-2. Van de tot nu toe 8 miljoen mensen (100 miljoen mensen) in Nederland zijn ongeveer 10% tot 15% besmet.

Deze met name positieve resultaten zijn gebaseerd op patiënten die in Nederland zijn opgenomen. Het is belangrijk om ook andere vormen van sequentie analyse te gebruiken om de schaal van het probleem te bepalen. Het is belangrijk om ook andere vormen van sequentie analyse te gebruiken om de schaal van het probleem te bepalen.

Methoden
Alle complete genoom sequenties zijn bepaald door middel van een SARS-CoV-2 specifieke, amplicon gebaseerde, sequentie methode gebaseerd op Nanopore sequencing.

De sequentie van de sequenties is gebaseerd op de sequentie van een referentie sequentie tree (SARS-CoV-2) met behulp van de software MAFFT. De sequenties van de sequenties zijn gebaseerd op de sequentie van een referentie sequentie tree (SARS-CoV-2) met behulp van de software MAFFT.

Het is belangrijk om te realiseren dat deze analyse niet afdoende is om het aantal sequenties die worden verzameld te bepalen. Het is belangrijk om te realiseren dat deze analyse niet afdoende is om het aantal sequenties die worden verzameld te bepalen.

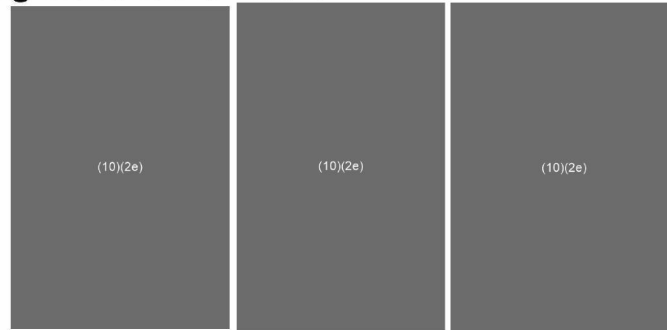
Conclusie
De sequentie van de sequenties is gebaseerd op de sequentie van een referentie sequentie tree (SARS-CoV-2) met behulp van de software MAFFT. De sequenties van de sequenties zijn gebaseerd op de sequentie van een referentie sequentie tree (SARS-CoV-2) met behulp van de software MAFFT.

Het is belangrijk om te realiseren dat deze analyse niet afdoende is om het aantal sequenties die worden verzameld te bepalen. Het is belangrijk om te realiseren dat deze analyse niet afdoende is om het aantal sequenties die worden verzameld te bepalen.



Stand van zaken

- Steekproef van alle nieuwe casus van 28-2-2020 tot nu
- Regionale afspiegeling ivm representativiteit sequentie diversiteit
- Verdiepende studie HCW peiling Brabant 5-8 Maart
- Analyse van clusters
 - VPH
 - Ziekenhuizen
 - Dieren
 - Bijzondere uitbraken BCO

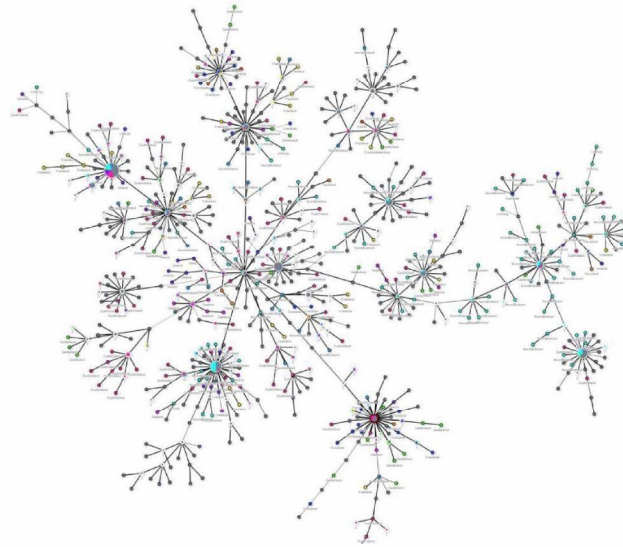


En velen bij LCI , GGD, labs!

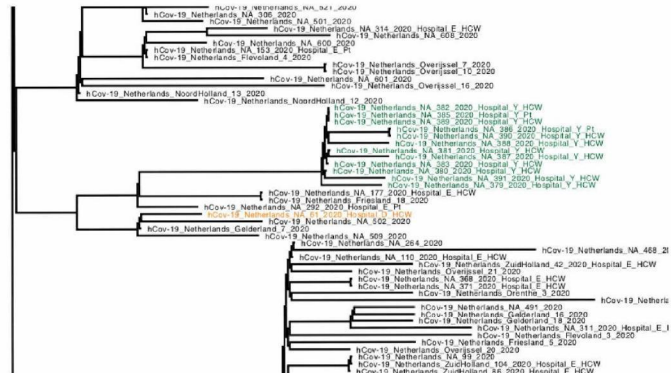
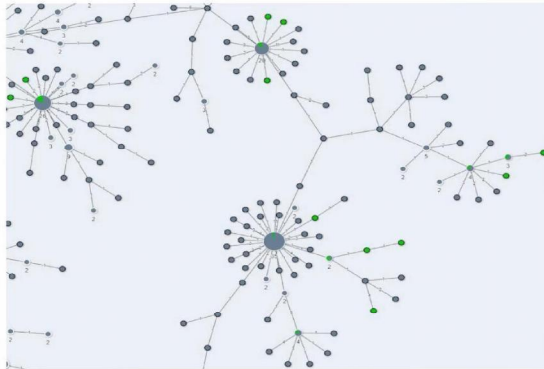
Regionale sampling over de tijd los van vraagstellingen

Eerste indicaties regionaal beeld

Drente	4	NoordHolland	34
Flevoland	15	Overijssel	33
Friesland	46	Utrecht	46
Gelderland	47	Zeeland	28
Limburg	15	ZuidHolland	188
NoordBrabant	156	Groningen	0



Beoordelen van sequenties tegen achtergrond, maximum likelihood en minimum spanningtree, voor identificatie van clusters



Verpleegtehuisclusters

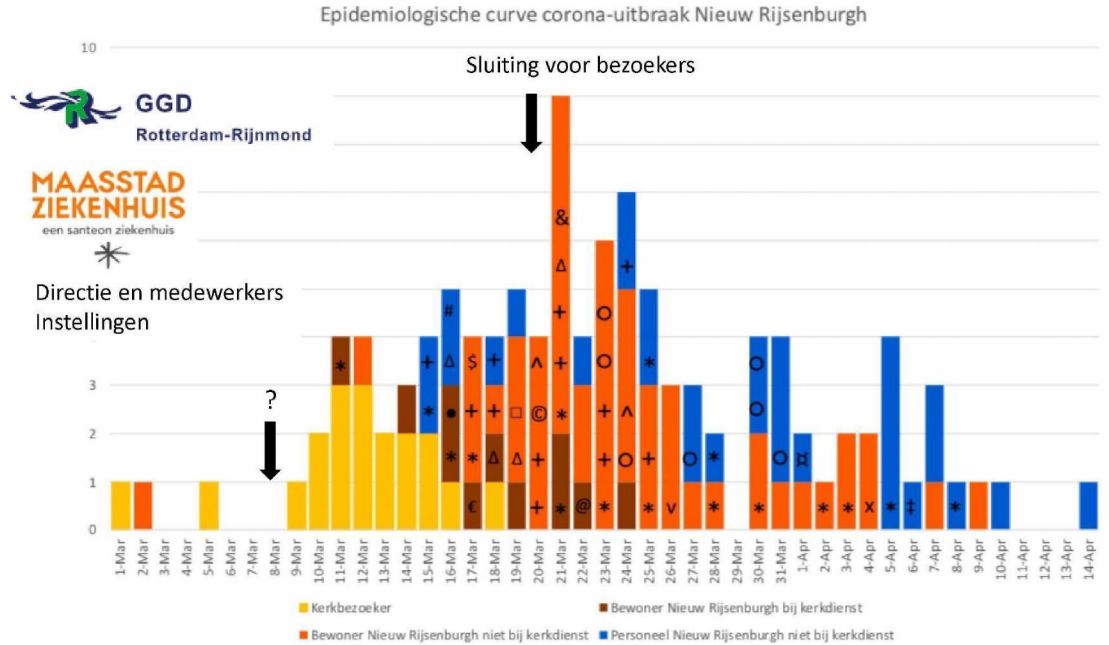
(NB kwaliteit sampling, Ct waarden)

Verpleegtehuis	Plaatsnaam	inzender	afname	HCW	Pt	% sequenties in mogelijk transmissiecluster (geen gedefinieerde cutoff)
Akropolis	Rotterdam	STAR	31 mrt tm 7 april		5	4 56% (5/9)
Leeuwenhoek	Rotterdam	STAR	26 mrt tm 3 april		5	5 90% (9/10)
Oranjestad	Bergschenhoek	STAR	27-mrt			10 40% (4/10)
Nieuw Rijssenburg	Sommelsdijk	Maasstad	17 mrt tm 8 april		25	40 <i>Zie volgende slides</i>
						VPH1&2 onvoldoende sequenties VPH3: 2 mogelijke clusters van 53% (9/17) en 41% (7/17)
GGD Amsterdam VPH1tm 4	Amsterdam	GGD Amsterdam	onbekend		6	29 VPH4: 29% (4/14)
De Kasteelhof	Druuten	CWZ	1 april- 9 april		7	6 92% (12/13)
De Mookerhof	Mook	CWZ	31 mrt -7 april		7	2 100% (9/9)
Swinhove	Zwijndrecht	GGD ZHZ	19-23 april		4	2 83% (5/6)
Instelling verstandelijk gehandicapten	Ede	VGGM	6-22 april			7 100% (7/7)
Hoogstaete	Sittard	GGD ZL/Zuyderland	03-mrt			1 <i>(1 zit wel in zelfde cluster, maar scheidt ¼ nucleotides met de rest)</i>
Verpleeghuis	Goes		22 mrt tm 16 april		3	8
Totaal					62	114

13 instellingen

5x eenduidige clustering; 4 x meerdere clusters of gemengd beeld

1 x te weinig samples; 1x te weinig achtergrond; 2 in onderzoek



Nieuw Rijssenburgh (Goerree Overvlakkee)

Verband met kerkdienst?

7 sequenties MW en cliënten die de kerkdienst van 8 maart hebben bezocht.

alle zeven verschillend (>3 nucleotiden verschil)

3/7 deel groter cluster regio

→ community spread voorafgaand aan kerkdienst en verpleeghuisuitbraak?



Nieuw Rijssenburgh (3)

- Eén mogelijk transmissiecluster: 11 medewerkers en cliënten (maximaal 1nt verschil) gelinkt aan afdeling B1/B2
- Eindconclusie
- Er zijn verschillende introducties van SARS-CoV-2 virussen te zien, met en zonder waarschijnlijke vervolgttransmissie binnen de zorginstelling. Er lijkt één cluster te zijn die gelinkt is aan afdeling B1/B2. Daarnaast zijn er meerdere kleinere clusters van identieke of vrijwel identieke sequenties van medewerkers en/of cliënten.

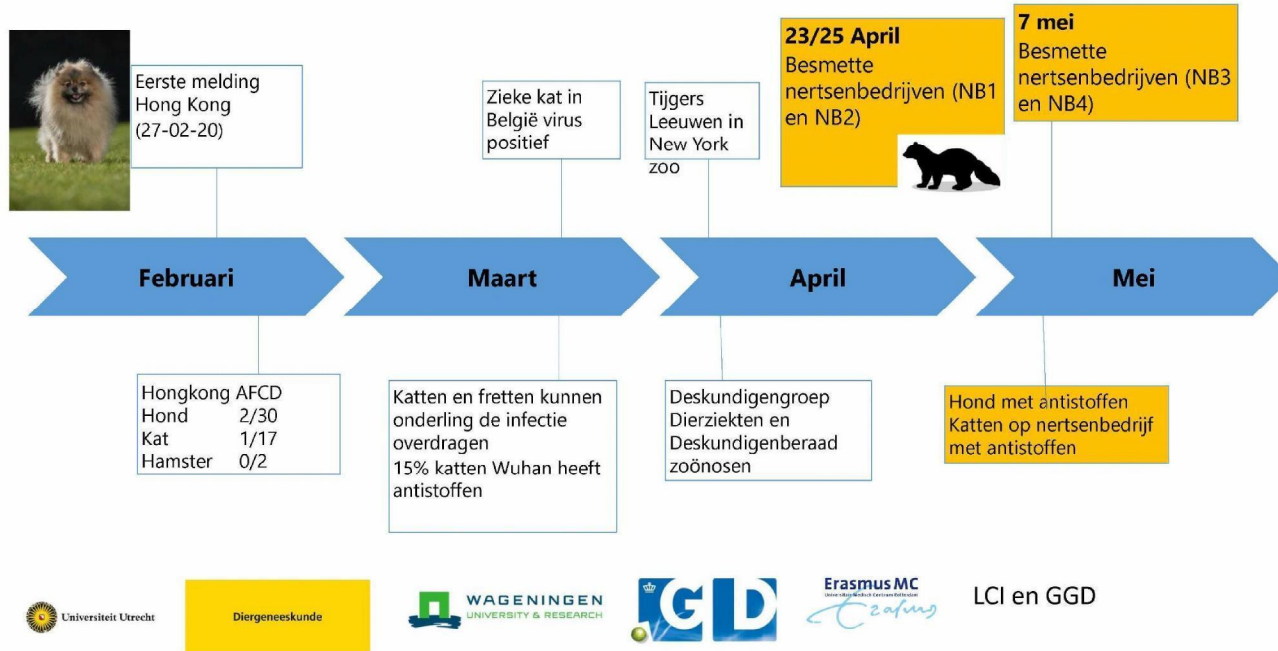


Ziekenhuisclusters

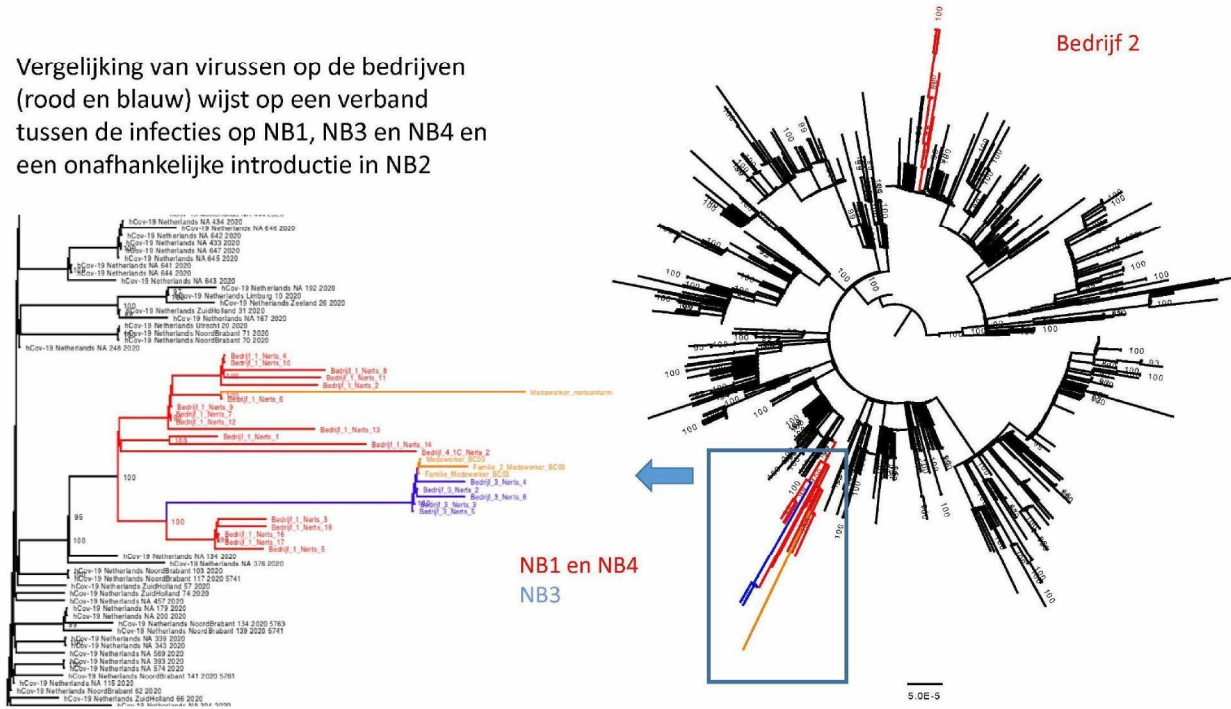
Ziekenhuizen	Plaatsnaam	Afdeling?	afname	HCW	Pt	% sequenties in mogelijk transmissiecluster (geen gedefinieerde cutoff)
ziekenhuisstudie Amphia, Bravis, ETZ	Tilburg, Roosendaal, Breda					
Bernhoven	Uden	Bernhoven	6-8 Mrt	5	2	0%
JBZ	Den Bosch	JBZ	2 -8 Mrt	2	2	0%
Rijnstate	Arnhem	Chirurgische patiënten	24 mrt tm 14 april	11	2	92% (12/13)
		later ingestuurd, andere afdeling?	3-29 april		7	67% (4/6)
Canisius Wilhelmina Ziekenhuis	Nijmegen	Psychiatrie	18-31 mrt	8		88% (7/8)
Ziekenhuis onbekend	Dordrecht	Geriatric	25-30 mrt	5	2	100% (7/7)
ErasmusMC				226	180	Ongoing: alle Pt en HCWs worden gesequenced
UMC				7	5	
				45	13	
Totaal				(+226	(+180	
				EMC	EMC)	

- 5 x Brabant, vroeg epidemie: clustering mn extra muraal of niet
- 3 x cluster intramuraal, chirurgie, psychiatrie, geriatrie
- 1 x nog in onderzoek

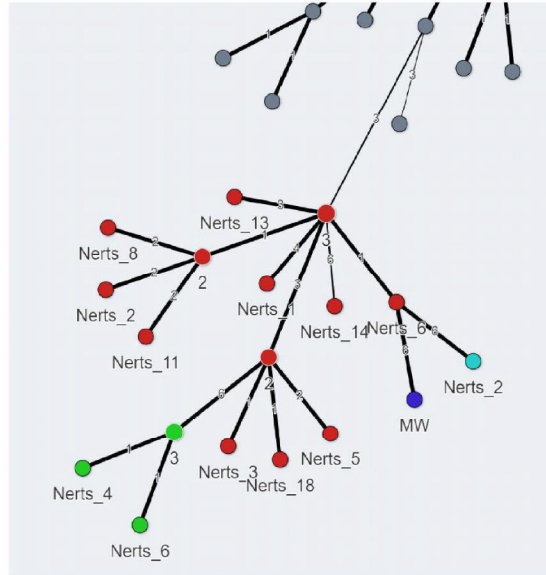
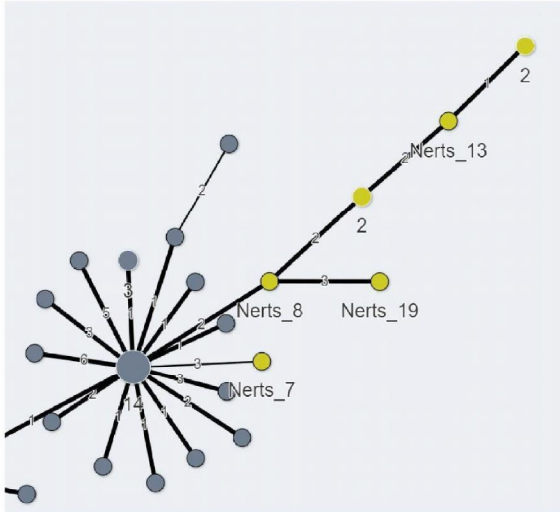
Tijdslijn Covid-19 bij dieren

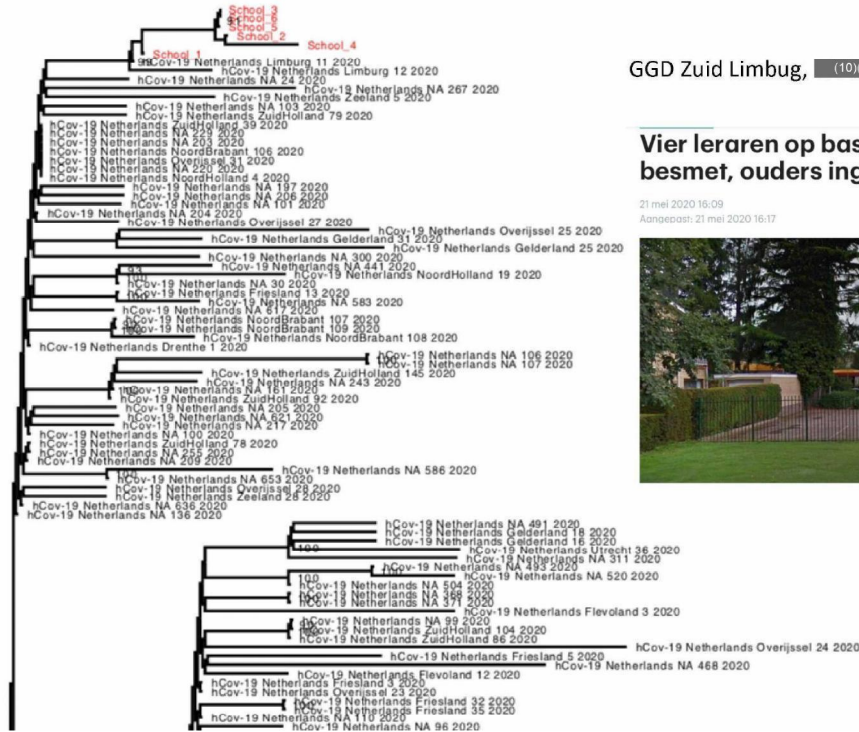


Vergelijking van virussen op de bedrijven (rood en blauw) wijst op een verband tussen de infecties op NB1, NB3 en NB4 en een onafhankelijke introductie in NB2



Relatief grote diversiteit wijst op al langer durende circulatie nertsen





GGD Zuid Limburg, (10)(2e), (10)(2e), Amanja Verhaegh

Vier leraren op basisschool in Limburg besmet, ouders ingelicht

21 mei 2020 16:09
Aangepast: 21 mei 2020 16:17

