



Ministerie van Volksgezondheid, Welzijn en Sport
Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu (RIVM)

Update Nationale SARS-CoV-2 Kiemsurve RIVM - IDS

Response Team | 15-12-2020



SARS-CoV-2 sequencing

Whole genome sequencing van SARS CoV-2 is onder meer belangrijk voor:

- 1) Surveillance
 - i. Genetische stabiliteit & variaties in belangrijke domeinen (bv. RBD)
 - ii. Vaccine follow-up
- 2) Uitbraak onderzoek
- 3) Herinfectie onderzoeken



Kiemsurveillance

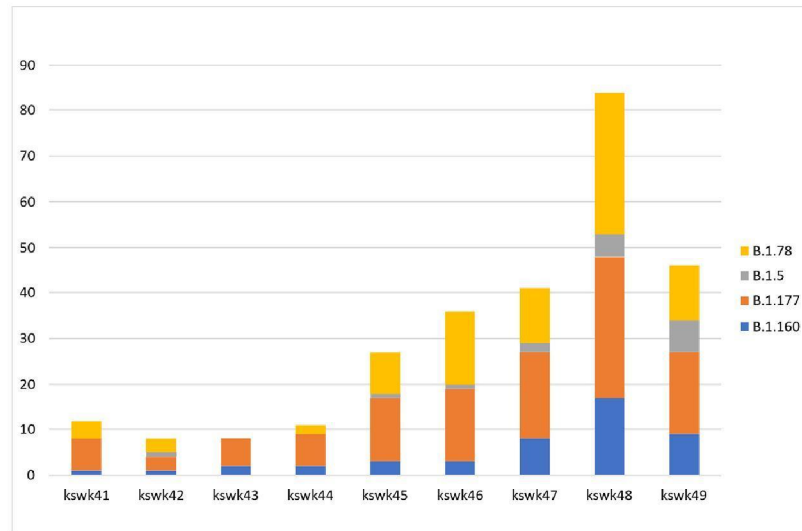
- 14 deelnemende laboratoria
 - Ziekenhuis & teststraat
 - Landelijke dekking
 - Insturen en verwerken monsters gestart
- Wekelijks steekproef
- 10-12 monsters per laboratorium
- Terug rapportage naar deelnemende laboratoria via digitale omgeving Calisto





Kiemsurveillanc

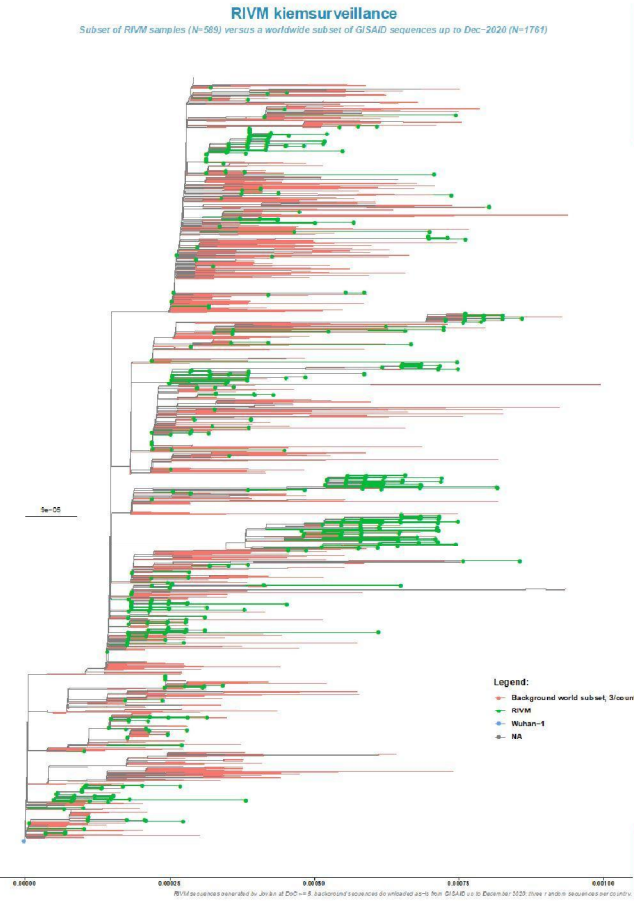
- Pre-limenary data: inzicht in circulerende lineages:





Kiemsurveillance

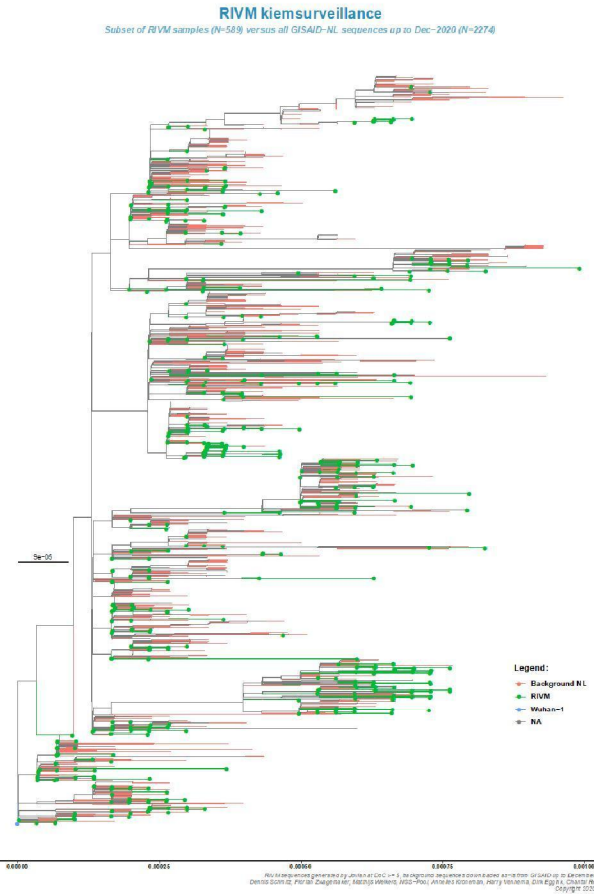
- Phylogeny sequences RIVM
t.o.v. andere beschikbare sequenties uit NL





Kiemsurveillance

- Phylogeny sequences RIVM
t.o.v. representatieve set uit de wereld





Her-infectie onderzoek

- Voor ongeveer 10 casussen middels sequencen aan kunnen tonen dat her-infectie met andere virus variant plaats vond
- Case-report met Elisabeth Tweesteden ziekenhuis (manuscript submitted)
 - *“Three cases of SARS-CoV-2 reinfection in The Netherlands: Evidence for rapid reinfection.”*
- Casus register ism RIVM-EPI/IIV (manuscript in preparation)
 - *“Genomic and serological evidence for reinfection with SARS-Cov-2; a cohort study (in The Netherlands)”*



Uitbraak onderzoek - OLVG

- Uitbraak onder internisten
- Monsters meegenomen van patienten die toen waren opgenomen.
- Onderzoek laat zien dat de overdracht meest waarschijnlijke moment van verspreiding is geweest en niet patient contact
- Geresulteerd in beleidsveranderingen

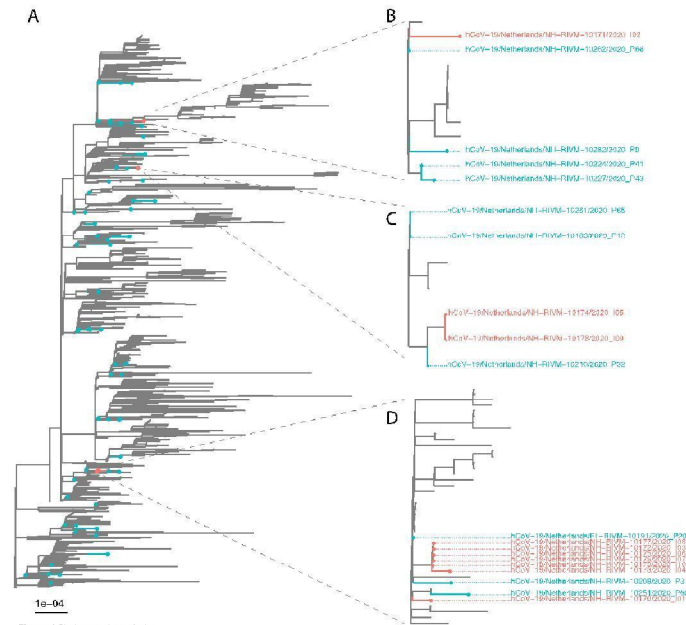


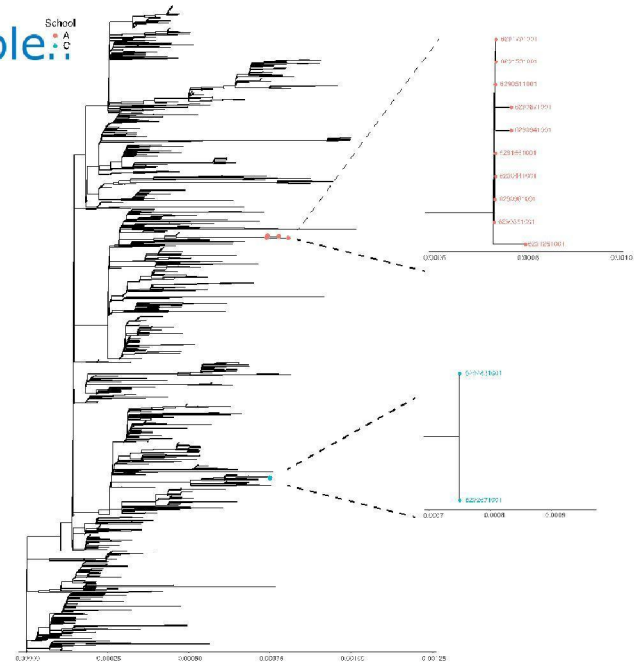
Figure 1 Phylogenetic analysis

A) Scatter of distribution of sequences obtained in this study among other 2484 publicly available SARS-CoV-2 sequences, indicating widespread circulation in the local community. Sequences derived from patients in blue and HCoV in red. **B)** Close-up of HCoV 102 with most likely transmission from the community. **C)** Close-up of cluster 2 of 2 HCoV 05 and 09 with most likely transmission from patient P32. **D)** Close-up of cluster 1 with 6 HCoV without a direct link to a specific patient.



Uitbraak onderzoek – Middelbare Scholen

- Sequencing vans peeksel monsters van twee uitbraken op middelbare Scholen
- Binnen een schooluitbraak nagenoeg identieke virus stammen.





Uitbraak onderzoek – Middelbare Scholen II

- Sequencing van NP monsters via GGD Arnhem
- Binnen een schooluitbraak nagenoeg identieke virus stammen.



Uitbraak onderzoek – AZC

- Sequencing van NP monsters via GGD Arnhem
- Wijst op meerdere introducties binnen het AZC die zich vervolgens verspreiden.



Ongoing work

- Monster stromen van deelnemende laboratoria komt goed op gang.
- Digitale omgeving voor terug rapportage wordt opgestart.
- GISAIID uploads wordt inhaalslag gemaakt in benodigde minimale meta-data (datum/regio)

Datum upload	Vrijgegeven in GISAIID	Aantal sequenties
29-05-2020	29-05-2020	45
24-09-2020	24-09-2020	124
13-11-2020	13-11-2020	113