

## Casus rapport mogelijke herinfectie SARS-CoV-2

d.d. 26-08-2020

### Introductie

De SARS-CoV-2 prevalentie en het aantal uitbraken in Nederland nemen weer toe. Het is belangrijk om door middel van sequentie analyse van mogelijke uitbraken proberen in te schatten of het gaat transmissie clusters of verschillende introducties vanuit de algemene bevolking. Dit heeft grote invloed op controle en bestrijdingsmaatregelen, en risico inschattingen van de impact en verspreiding van SARS-CoV-2. Daarnaast kan sequentie analyse gebruikt worden om te kijken of er sprake is van een langdurige infectie met hetzelfde virus of een nieuwe infectie met een ander virus.

### Methode

De complete genoom sequenties zijn bepaald door middel van een SARS-CoV-2 specifieke, amplicon gebaseerde, sequence methode gebruik makend van Nanopore sequencing (<https://www.nature.com/articles/s41591-020-0997-y>). De sequenties van de virussen uit de ingestuurde monsters zijn vergeleken met alle beschikbare (>2100) Nederlandse sequenties door middel van een maximum likelihood (ML) analyse.

### Binnengekomen samples

In totaal zijn 2 monsters ontvangen waarvan in totaal 2 succesvol zijn gesequenced. Het eerste sample dateert van 6 april terwijl het tweede sample op 8 juni is afgenomen.

### Onderzoeksvraag

Is er sprake van een herinfectie bij deze patiënt?

### Resultaten

De sequenties van de virussen in de twee opgestuurde monsters hebben 10 nucleotiden verschil ten opzichte elkaar. Gemiddeld gezien verandert het virus op 1 positie elke 1,5 tot 2 weken. In 2 maanden tijd zou het virus normaal gezien dus tussen de 4 en 5 nucleotiden verschil kunnen hebben maar het vinden van 10 nucleotiden verschil maakt het aannemelijk dat het hier gaat om een herinfectie.



**Figuur 1.** De twee SARS-CoV-2 virussen gevonden in de patiënt, nucleotide verschillen zijn aangegeven in zwart. De grote zwarte blokken geven aan dat daar de nucleotiden niet op een betrouwbare manier vastgesteld konden worden (1,85% van het genoom).

© Copyright 2020, Viroscience, ErasmusMC, Rotterdam. De informatie uit dit rapport mag niet worden gebruikt voor commerciële doeleinden. Indien u informatie uit dit rapport wilt gebruiken voor publicaties, gelieve eerst contact op te nemen met

5.1.2e [@erasmusmc.nl](mailto:@erasmusmc.nl) of 5.1.2e [@erasmusmc.nl](mailto:@erasmusmc.nl)