

To: [redacted] [redacted]@rivm.nl
From: [redacted]
Sent: Mon 9/28/2020 3:16:45 PM
Subject: RE: pico2 data
Received: Mon 9/28/2020 3:16:46 PM

Natuurlijk, je bent van harte welkom.
Is om 13:00 uur.

Het staat nu op mijn kamer maar ik kijk of we in koffiekamer kunnen zitten.

[redacted]

From: [redacted] <[redacted]@rivm.nl>
Sent: maandag 28 september 2020 17:02
To: [redacted] <[redacted]@rivm.nl>
Subject: FW: pico2 data

Hoi [redacted],

Ik was min of meer door [redacted] uitgenodigd om morgen mee te praten mbt de pico. Is dat ook ok wat jou betreft?
Zoja, is dat 13 u of 14y?

Groeten,
[redacted]

From: [redacted]
Sent: maandag 28 september 2020 17:01
To: [redacted] <[redacted]@rivm.nl>
Subject: RE: pico2 data

Hoi [redacted],

Even kort, met een p-spline (21 knopen tussen 0 en 100 jaar).

[redacted]

From: [redacted] <[redacted]@rivm.nl>
Sent: maandag 28 september 2020 12:42
To: [redacted] <[redacted]@rivm.nl>
Subject: RE: pico2 data

Yes, klopt idd, maar hoe vroeg me af hoe je vervolgens naar age gesmooth had (zoals in het plaatje hieronder).
Top, morgen om 13u in kamer van [redacted].

[redacted]

From: [redacted] <[redacted]@rivm.nl>
Sent: maandag 28 september 2020 12:02
To: [redacted] <[redacted]@rivm.nl>
Subject: RE: pico2 data

Hoi [redacted],

Mooi dat het redelijk overeenkomt. Deze analyse heb ik niet met een gam gedaan maar met een mixture waarin elk sample een bepaalde kans op infectie heeft. Ik ben er morgen graag bij. Waar is het? Ik probeer dan ook zoveel moge;lijk op een rijtje te hebben.

[redacted]

From: [redacted] <[redacted]@rivm.nl>

Sent: maandag 28 september 2020 10:10

To: 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>
Cc: 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>

Subject: RE: pico2 data

Ha 5.1.2e

Dit plaatje naar leeftijd ziet er idd vergelijkbaar uit aan mijn surveyglm voor NL op basis van ROC cutoff met validatipanel, zie aangehecht (NB. die heb ik dus gewogen en daarna met Rogan&Gladen gecorrigeerd); mooi. Heb je deze met een GAM gedaan? De eerste analyses die ik heb gedaan (en figuren die ik heb gemaakt) staan overigens ook al op de website, in lekentaal: <https://www.rivm.nl/en/pienter-corona-study/results>. We moeten het publiek (en de deelnemers) wat meer betrekken namelijk.

Ik heb de vragenlijst data van pico2 inmiddels bijna allemaal gemanaged en manipulated naar nieuwe variabelen voor een nieuwe risk factor analyse. Vandaag ga ik beginnen met wat crude analyses (dat is nu een stuk interessanter met meer data). Ik ben morgen op het RIVM; wel veel meetings, waaronder een met het lab om 14u. Misschien wil je bij die joinen? Kunnen we wat laten zien en verder bespreken.

Groet,

5.1.2e

From: 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>

Sent: vrijdag 25 september 2020 19:38

To: 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>
Cc: 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>

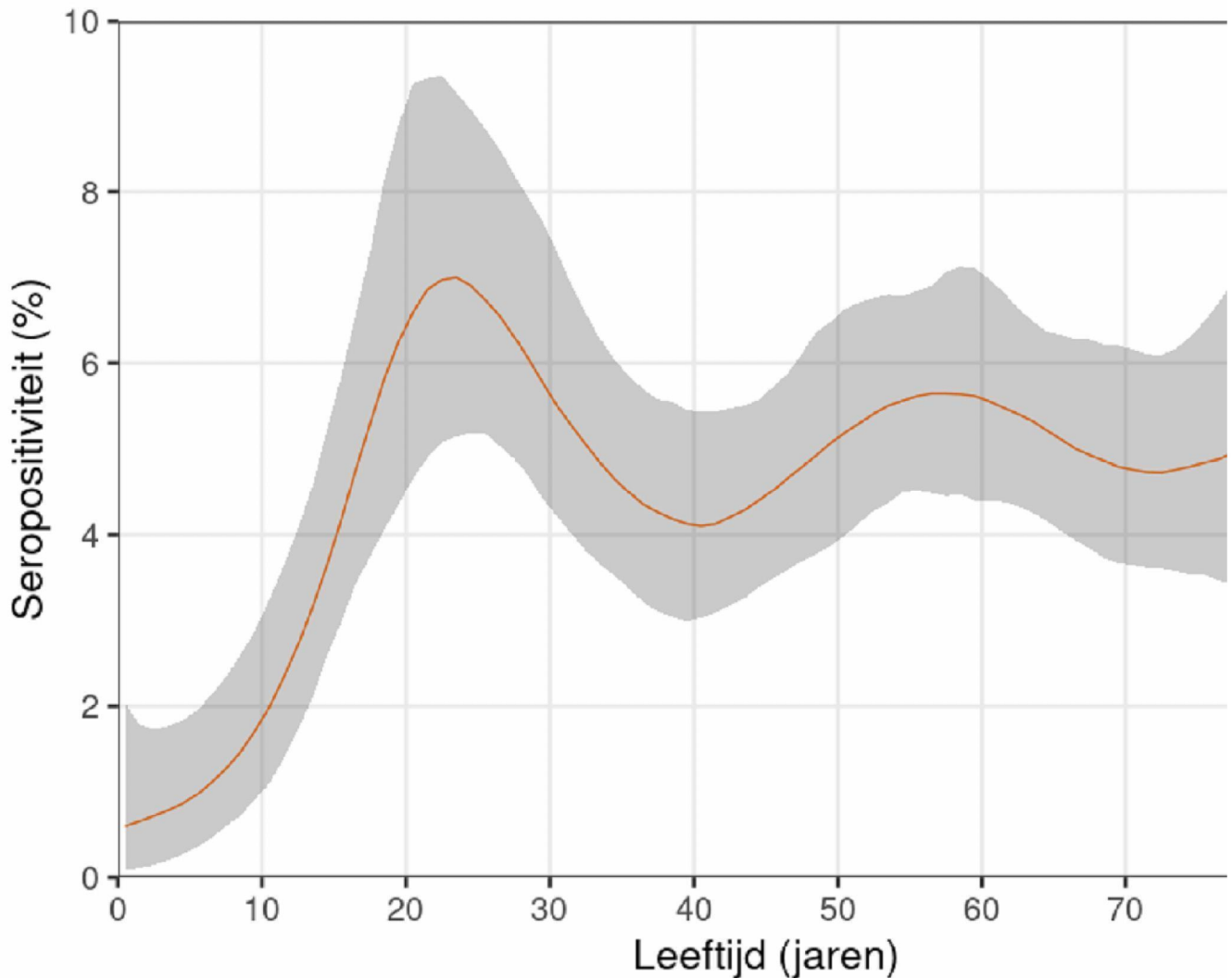
Subject: RE: pico2 data

Ha 5.1.2e

Even kort. De pico2 data zijn prachtig en de analyse met mixture (zonder gebruik te maken van het validatiepanel) loopt zonder problemen. Maandag ga ik nog wat verfijnen (mbt spline penalties) en dan mooie plaatjes maken (ROC op populatieniveau, mss uitsplitsen naar sekse, met en zonder weging, plaatje kans op infectie met 95%CrI als functie van Ab concentratie, gewogen seroprevalentie met 95%CrI, mss Youden index als functie van Ab concentratie). Dit zijn data waar je de boer mee op kan.

Fijn weekend,

5.1.2e



From: 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>

Sent: woensdag 23 september 2020 15:28

To: 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>

Subject: pico2 data

Et voilà, aangehecht de pico2 data: 7311 deelnemers met een bloedmonster. Zowel .csv als .sas7bdat bestand.

Korte uitleg over de variabelen:

-dn_randomisatiennr = sample id.

-sample=1 zijn deelnemers uit pico1 en pico2 (dus zeg maar uit de oude NS en LVC); deelnemers uit pico2-plus hebben sample 2 of 3 (die komen uit de nieuwe steekproef)

-region=6 -> is de LVC (1-5 overige regio's in NL), voor NL schattingen wil je die niet meenemen dus

-gemeentecodegm_ned: gemeentecode die we gebruiken om clustering op te nemen in seroprev schatting (de pico2-plus deelnemers zijn random getrokken en hebben daarom de code pico_plus gekregen)

-lftyear_r2: leeftijd in jaren op moment van bloeddonatie

-lftmnd_r2: leeftijd in maanden op moment van bloeddonatie

-pico2_s1_final: AU/mL van IgG S1 in pico2

-pico2_s1_final_log: elog van pico2_s1_final

-pico2_pos: dit zijn de seropositieve samples in pico2

-pico2_gewicht: de gewichten van pico2, lvc en pico-plus zijn afzonderlijk bepaald en samengevoegd in deze variabele (weet niet of je deze nodig hebt, maar dan heb je hem iig)

N.a.v. van ROC-analysis op validatiepanel zijn de test specificities van de 'nieuwe MIA': $sp=0.9974$ en $se=0.8903$.
Ik kom uiteindelijk uit op een gewogen en gecorrigeerde overall seroprevalentie van 4.0% (3.4-4.7) voor Nederland
14 juni, 2020 als mediane inclusiedatum.

Ciao!

5.1.2e