

**To:** [redacted] 5.1.2e [redacted] 5.1.2e [redacted] 5.1.2e @rivm.nl]  
**Cc:** [redacted] 5.1.2e [redacted] 5.1.2e @rivm.nl]  
**From:** [redacted] 5.1.2e  
**Sent:** Fri 9/25/2020 7:05:17 PM  
**Subject:** FW: pico2 data  
**Received:** Fri 9/25/2020 7:05:18 PM

Ha [redacted] 5.1.2e, nog uit gewoonte),

Ziehier een update vd pienter-corona ronde 2 analyse. Wordt allemaal nog verfijnd maar basis staat.

Fijn weekend – en [redacted] 5.1.2e nogmaals het allerbeste.

[redacted] 5.1.2e

---

**From:** [redacted] 5.1.2e  
**Sent:** vrijdag 25 september 2020 19:38  
**To:** [redacted] 5.1.2e <[redacted] 5.1.2e @rivm.nl>  
**Cc:** [redacted] 5.1.2e <[redacted] 5.1.2e @rivm.nl>  
**Subject:** RE: pico2 data

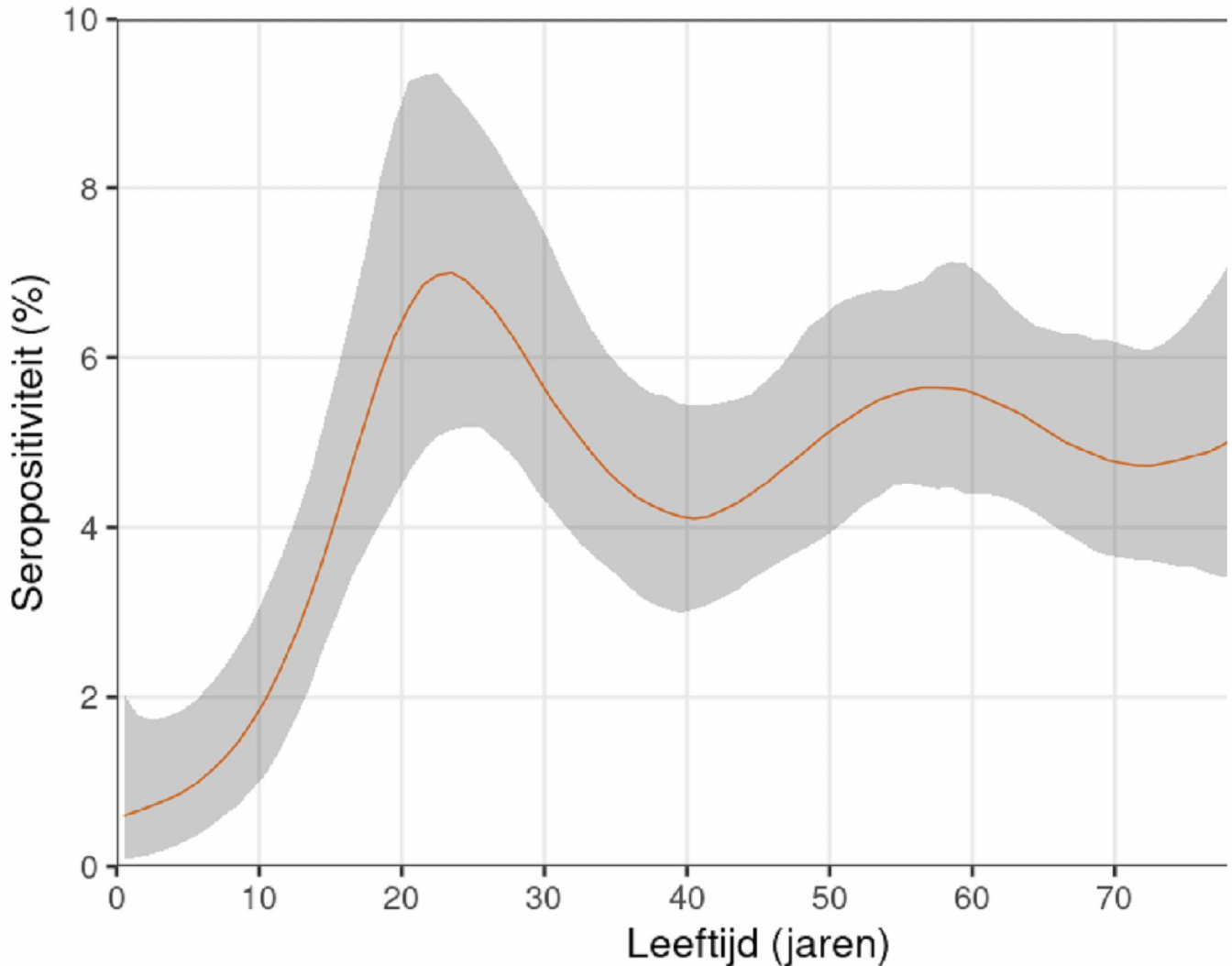
Ha [redacted] 5.1.2e

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,

[redacted] 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 specifics 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