To: 5.1.2e [5.1.2e @rivm.nl]; 5.1.2e [5.1.2e @rivm.nl]; 5.1.2e
5.1.2e [5.1.2e @rivm.nl]; 5.1.2e [5.1.2e @rivm.nl]; 5.1.2e [5.1.2e @rivm.nl]; 5.1.2e .
(5.1.2e)'[5.1.2e @amsterdamumc.nl]; 5.1.2e [5.1.2e @rivm.nl]
Cc: 5.1.2e [5.1.2e @rivm.nl]
From: 5.1.2e
Sent: Thur 8/27/2020 3:06:50 PM
Subject: RE: Presentation on reported re-infections at COVID network call on Friday?
Received: Thur 8/27/2020 3:06:51 PM

Dag 5.1.2e

Ziet er mooi uit en ondersteunt denk ik de conclusie dat het echt om herinfecties gaat.

Voor mijn begrip -dit zijn monsters van 3 patiënten? En dan is .1 he eerste monster en .2 het tweede? Of lees ik het verkeerd?

Groet

5.1.2e

From: 5.1.2e < 5.1.2e @rivm.nl>
Sent: donderdag 27 augustus 2020 17:00
To: 5.1.2e < 5.1.2e @rivm.nl>; 5.1.2e < 5.1.2e @rivm.nl>; 5.1.2e < 5.1.2e @rivm.nl>; 5.1.2e
5.1.2e < 5.1.2e @rivm.nl>; 5.1.2e < 5.1.2e @rivm.nl>; 5.1.2e)'
< 5.1.2e @amsterdamumc.nl>; 5.1.2e < 5.1.2e @rivm.nl>
Cc: 5.1.2e < 5.1.2e @rivm.nl>
Subject: RE: Presentation on reported re-infections at COVID network call on Friday?

Beste allen,

Bijgevoegd de fylogenetische 5.1.2e (maximum likelihood, met dank aan 5.1.2e) van de volledige genoom sequenties van de herinfecties plus alle bruikbare Nederlandse sequenties uit GISAID MSA van 25 augustus en dan wat opgeschoond in FigTree om het leesbaar te krijgen. Te zien is dat alle sequenties door de 5.1.2e verspreid zijn en niet bij elkaar in de buurt liggen.

Groetjes,

5.1.2e