



National Institute for Public Health  
and the Environment  
Ministry of Health, Welfare and Sport

# sequencing en nationale kiemsurveillanc

IDS-CIb-RIVM

## Seque



- random sequencing based surveillance.
- SARS-CoV-2 positive individuals with a recent history of travel from UK, South-Africa, Brazil (dynamic list of countries) that come up in follow-up of cases by Municipal Health Services
- sampling of approx. 10% of cases in suspicious outbreaks (outbreaks with an unusual signature, e.g. unusual speed of spread in a nursing home)
- sequencing in response to alerts from epidemiological surveillance
- SARS-CoV-2 positive individuals that come up in contact tracing of specific variant positive individuals by municipal health services
- special SARS-CoV-2 cases (e.g. unusual disease, re-infection cases/vaccine break thru's, linked to animals, baby's)



Een landelijke monitoring van de genetische signature van circulerende SARS-CoV-2 stammen verschaft inzicht met betrekking tot:

- de genetische stabiliteit van en variaties in functionele domeinen van het virale genoom zoals bijvoorbeeld het spike-eiwit (receptorbindingsdomein), de furineklievingsite en het ORF8 eiwit.
- de mate van introductie, circulatie en de geografische verspreiding van SARS-CoV-2 varianten met een bepaalde genetische opmaak.
  - Input op modellering van effecten op cruciale parameters = direct input op beleid
  - Informeren BCO
- de effecten van het vaccineren van een toenemend aandeel van de bevolking op de genetische opmaak van circulerende SARS-CoV-2 stammen.
- Hand-in-hand met een toolbox aan epidemiologische surveillance elementen



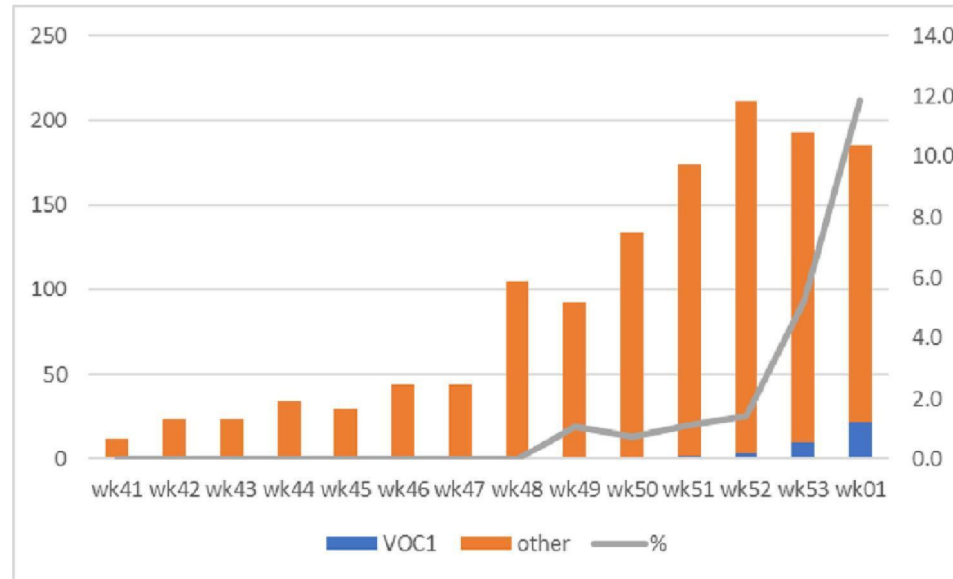
- 19 deelnemende laboratoria (structuur RIVM sinds okt) + gepland:  
Data vanaf 1/10 uit EMC sequencing hub (7 labs; ZonMw 04/21) +  
Overige sequencende labs (o.a. MUMC, Maasstad)
- Wekelijks **steekproef**
- 12-24-36 monsters per laboratorium
- Ziekenhuis & teststraat
- Rapportage via digitale omgeving Calisto
- Op dit moment aan het opschalen naar  
gewenste resolutie voor adequate response
- Aansluiting data uit nationale rioolwater  
surveillance



Kiems  
VOC

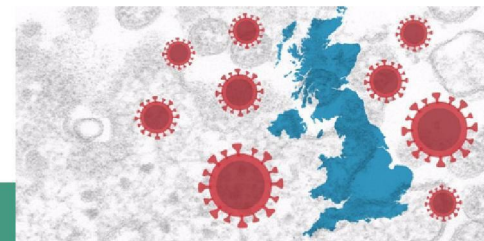


| wk#          | VOC1      | other       | %    |
|--------------|-----------|-------------|------|
| wk41         | 0         | 12          | 0.0  |
| wk42         | 0         | 24          | 0.0  |
| wk43         | 0         | 24          | 0.0  |
| wk44         | 0         | 34          | 0.0  |
| wk45         | 0         | 30          | 0.0  |
| wk46         | 0         | 44          | 0.0  |
| wk47         | 0         | 44          | 0.0  |
| wk48         | 0         | 105         | 0.0  |
| wk49         | 1         | 91          | 1.1  |
| wk50         | 1         | 133         | 0.7  |
| wk51         | 2         | 172         | 1.1  |
| wk52         | 3         | 209*        | 1.4  |
| wk53         | 10        | 183         | 5.2  |
| wk01         | 22        | 163         | 11.9 |
| <b>Total</b> | <b>39</b> | <b>1268</b> |      |

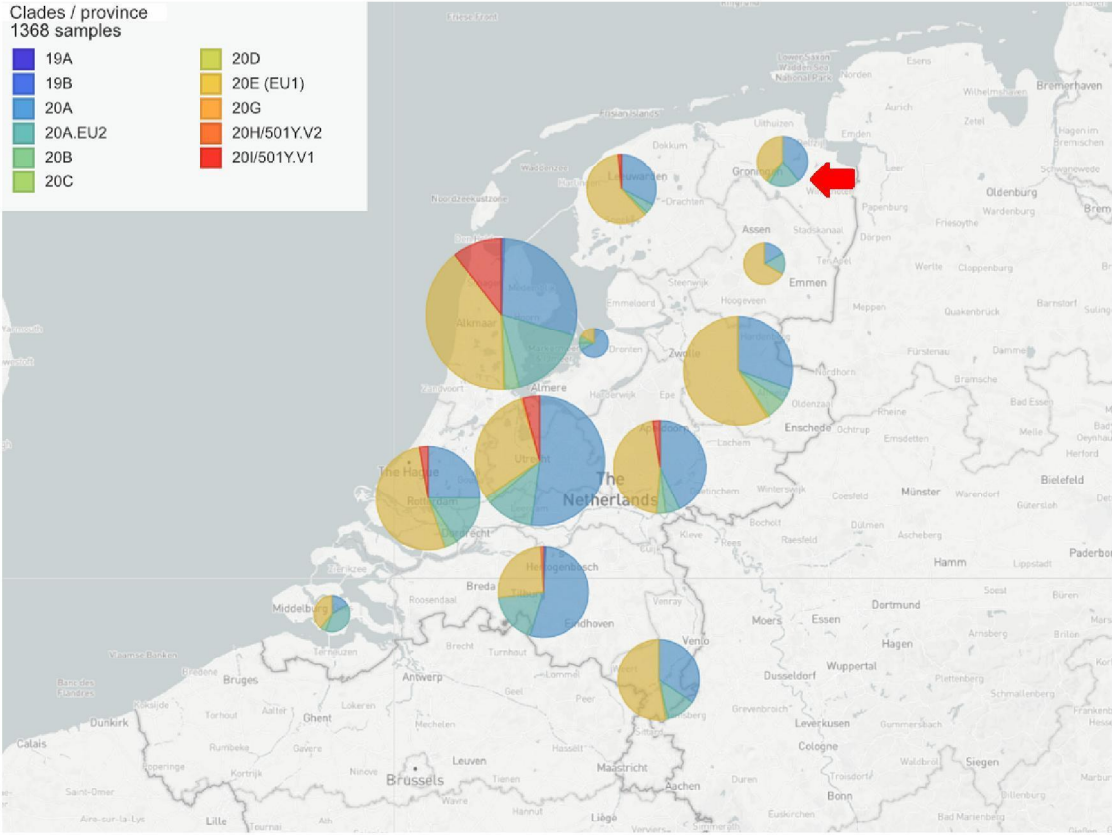


Nog niet compleet

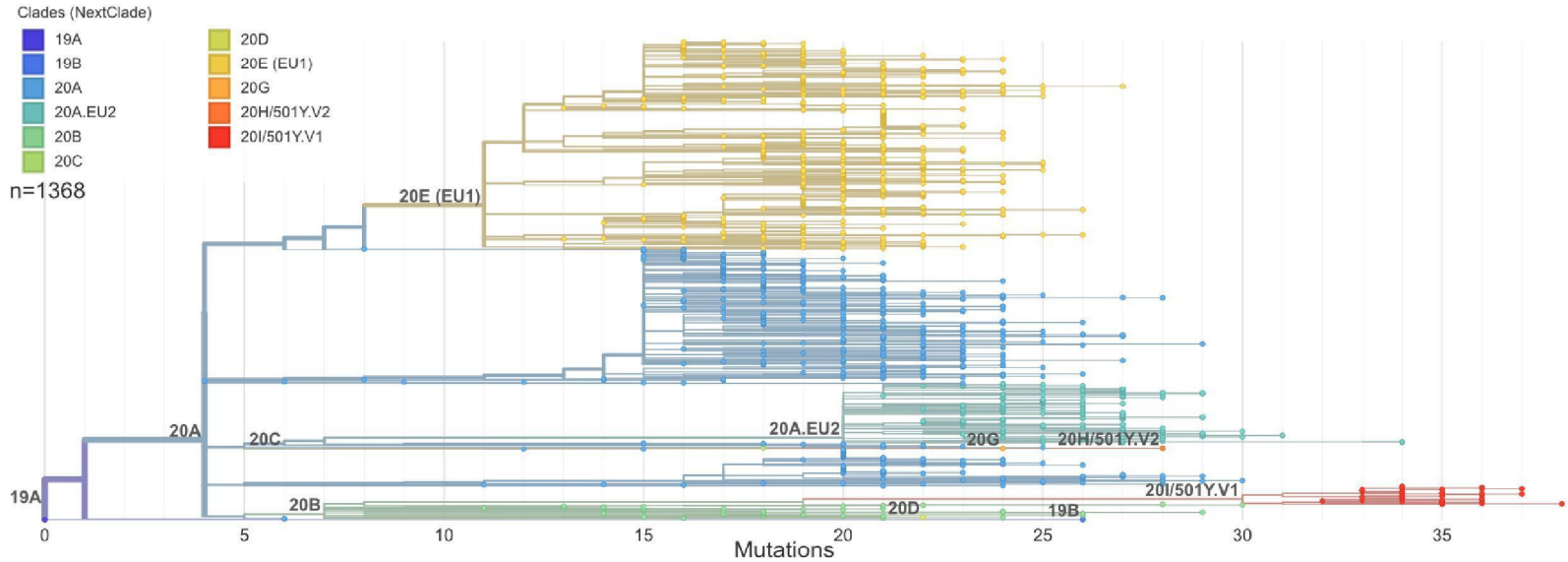
\* Zuid-Afrika variant 1x



# Kiems Visual



+ monitoring del69-70 varianten



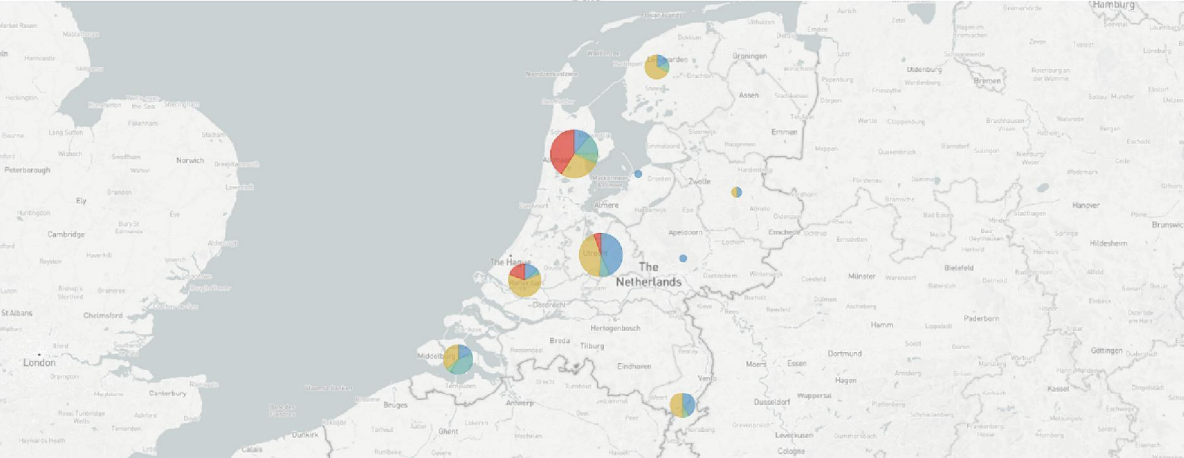
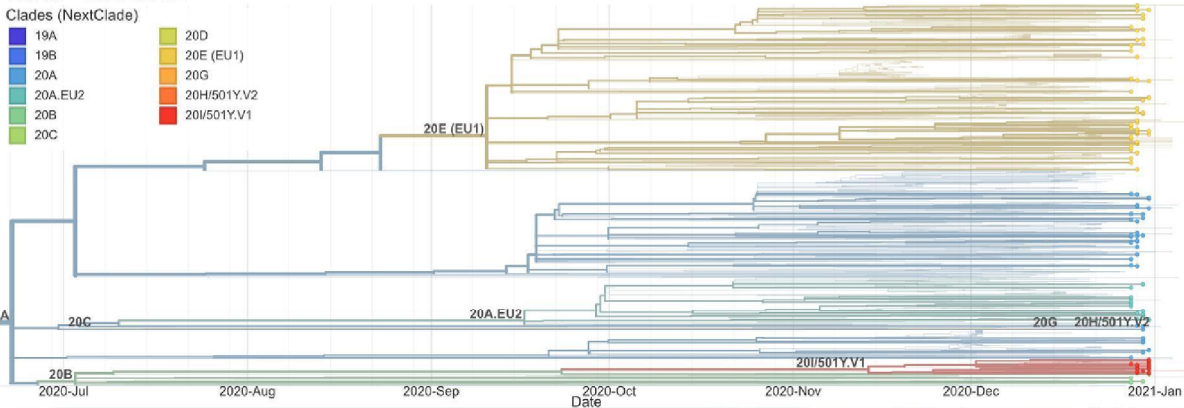
# Kiems Visual



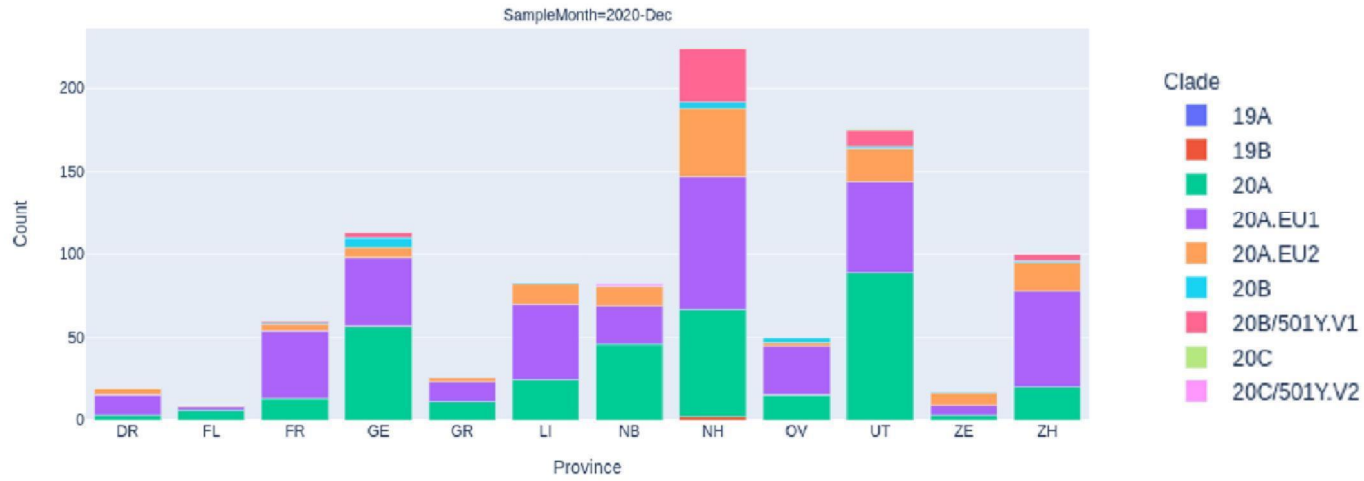
## 2020 - WEEK 52

Clades (NextClade)

- 19A
- 19B
- 20A
- 20A.EU2
- 20B
- 20C
- 20D
- 20E (EU1)
- 20G
- 20H/501Y.V2
- 20I/501Y.V1







Fylogenie





### Spoor 1:

to feed our modeling and forecasting:

- a threshold of 1% (absolute precision of 0.5%) is sufficient (preparation).
  - 1500 per week, random selection
  - Prevalence of 0.2% in random sampling.
- 
- nieuwe variant met besmettelijkheid UK-variant: > 2 mnd voor 50% (is prevalentie 0.54%)

### Spoor 2:

Vestigen sequencing hubs verspreid in Nederland  
Aansluiten op surveillance systeem en epi systeem.