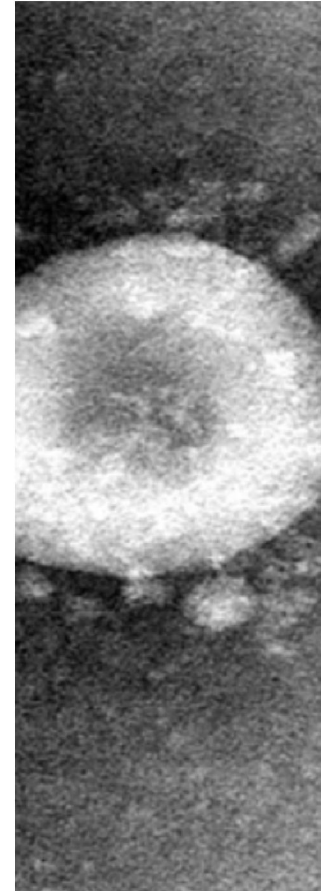




Sequencing netwerk

Nu voor Sars-Cov-2, in de toekomst
voor andere 'emerging pathogens'



Nationaal Sequencing netwerk in oprichting

Stuurgroep i.o.



Doel

Het doel van dit netwerk is het inrichten van een flexibele en opschaalbare organisatie die **gezamenlijk en tijdig sequence data verzamelt en deelt ten behoeve van publieke gezondheid, patiëntenzorg en wetenschap**. Regionaal zicht op varianten kan hiermee ook versterkt worden. Het nieuwe netwerk is belangrijk bij de **bestrijding van SARS-CoV-2** maar kan in de toekomst ook relevant zijn bij **andere 'emerging infections'**.

Redenen om te sequencen

- **Kiemsurveillance:** Surveillance via willekeurige steekproef => vinger aan de pols houden wat er in NL aan varianten circuleert
- **Specifieke situaties:** bv herinfecties, reizigers, vaccin doorbraken, bijzonder klinisch beeld, eigenaar nertsenbedrijf, etc
- **Clusters en uitbraken:** bv ziekenhuizen, verpleeghuizen etc. Puntbron vs meerdere introducties
- **Infectiepreventie:** bv in ziekenhuizen, verpleeghuizen etc
- **Bijzondere verheffingen:** bv snelle stijging epi-curve

Doorlooptijden

- Hele traject van opvragen monster en sequentie analyse tot terugkoppeling aan GGD duurt ongeveer 2 weken.
- Voor bestrijdingsmaatregelen maakt het niet uit welke variant iemand heeft.
- Handelingsperspectief t.b.v. publieke gezondheid op basis van de sequentie is dus beperkt.

Maar

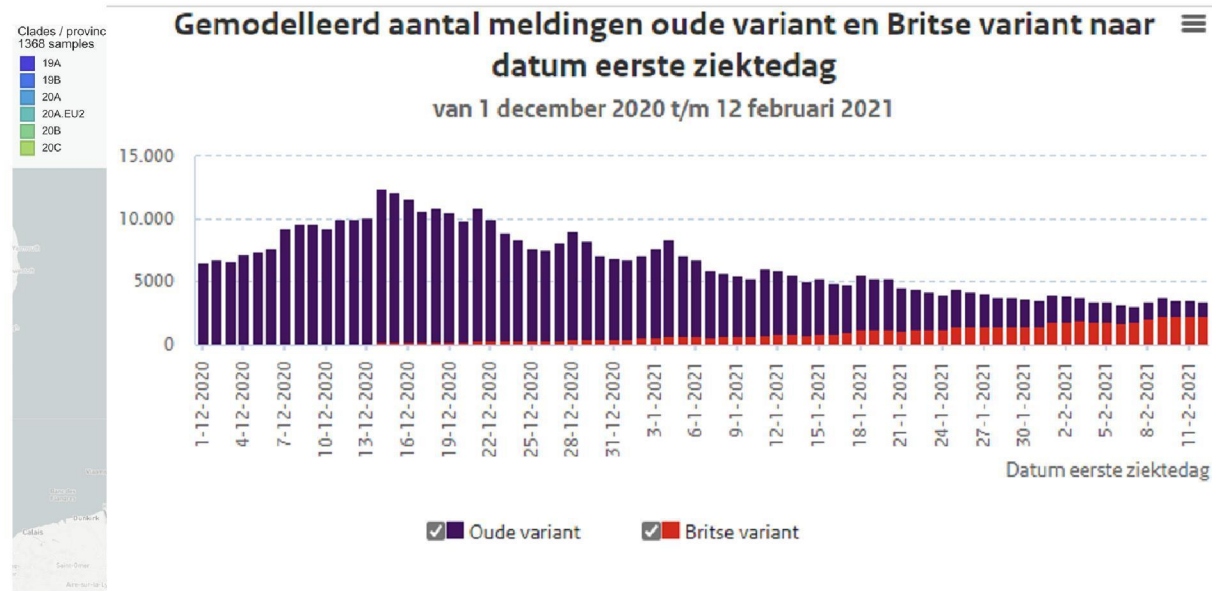
- Er zijn natuurlijk ook allerlei andere redenen om de sequentie te willen bepalen

Kiemsurveillance

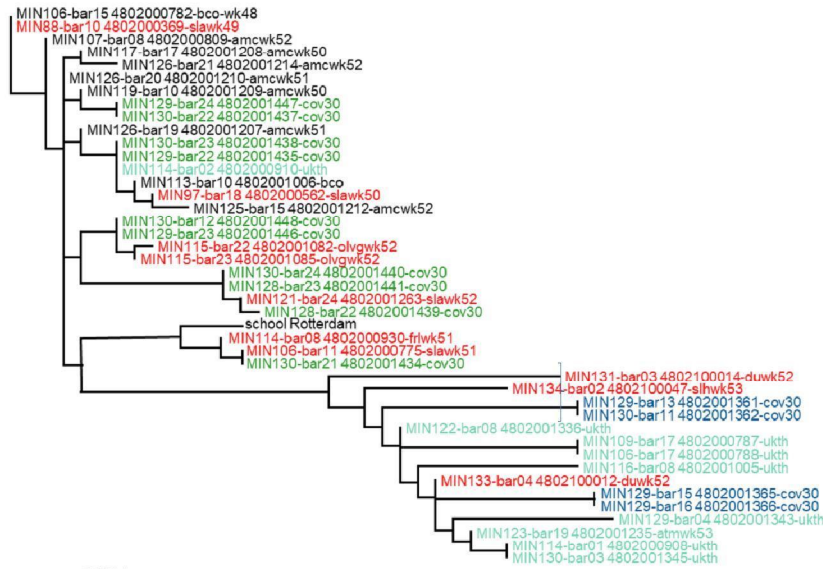
Een landelijke monitoring van de genetische signature van circulerende SARS-CoV-2 stammen gericht op inzicht in:

- **Veranderingen in het virus die leiden tot andere eigenschappen**
 - bv besmettelijkere varianten, varianten met invloed op werking vaccin, nieuwe varianten, etc.
- **Volgen van transmissie routes**
 - hoe verspreiden varianten zich
- **Volgen van de effecten van therapieën en van het vaccineren op het virus**
 - Ontstaan er “escape” varianten?

Data zijn input voor de RIVM modellen



Figuur 2: Gemiddeld aantal besmettingen met de oude en Britse variant, van 1 december 2020 tot en met 12 februari 2021 op basis van datum eerste ziektedag.



an TaqPath S target drop out 4/7

qPath S target drop out 10/10

Kiemersurveillance werkt
Zelfde variant ontstaat op meerder plekken in de wereld

Benodigde capaciteit

- Voor kiemsurveillance
 - ECDC zegt minimal 500 per week
 - RIVM berekeningen: **1500 per week**
 - Afgestemd met ECDC

- Voor andere doelen

- Eerste schatting
- Li+

Via LabInf@ct wordt er gecommuniceerd over het vastgestelde "sequencebeleid"

en over hoe data erin worden gebruikt. Worden ondersteuning van andere tools, leren van andere suggestie koppeld met andere specifieke situaties.

- De dynamiek is groot dus deze getallen kunnen veranderen. UK en DK aantallen op dit moment niet nodig

Hoeveel capaciteit is er?

- Uitvaag via WMDI
- Uitvraag via DT

- Totaal ongeveer 60 labs, 130 contactpersonen
- Binnen enkele dagen een enorme respons!

Gereageerd			
#labs	45		
waarvan	#MMLs	32	71%
	#anders	13	29%

Capaciteit

#labs dat op dit moment al SARSCoV2 NGS analyses heeft gedaan

#labs	14	64%
waarvan	#MMLs	36%
	# anders	36%

Stel: We willen nog vervolgvragen stellen en hopen weer op jullie medewerking

ja	21	47%	waarvan MML:	12	57%
nee	23	51%			
anders	1	2%	niet NL, in DE		

Inrichting netwerk in drie fases

- Aan de slag met wat nu al kan
- Kennis en protocollen delen
- Duurzaam netwerk dat ook na Sars-Cov-2 gebruikt kan worden voor 'emerging infections'

- Stuurgroep is aan de slag met werkafspraken, kwaliteitsaspecten en data.
- Nationaal vs Regionaal. Wat is de behoefte?



5.1.2e



of aan een van de andere stuurgroepleden.