

Even afstemmen dus 5.1.2e

Mijn suggesties, degene die er iets mee gaat doen, misschien even kijken naar het taalgebruik.

1. De huidige surveillance waarnaar verwezen wordt is de kiemsurveillance. De basis voor de kiemsurveillance in Nederland, het detecteren van varianten en de incidentie daarvan is gebaseerd op powerberekeningen. Het toevoegen van meer monsters zorgt maar in mindere mate voor een nauwkeurige detectie. (slides toevoegen chantal!)
2. Daarentegen kan het sequencen van clusters/uitbraken met een duidelijke onderzoeksvraag (pseudo-cluster, echt cluster, transmissieroutes) natuurlijk altijd uitgevoerd worden. Daar is nooit gesproken over een maximum aan sequencen van monsters, maar wel over het zinnig inzetten daarvan. Niet ieder monster hoeft daarbij altijd gesequenced te worden voor de onderzoeksvraag om beantwoord te worden. Dit bepaald de Arts IZB de het onderzoek uitvoert bij de GGD.
3. Er wordt daarbij gesproken over een cluster van de ZA-variant bij gevaccineerden en ongevaccineerden. Laten wij helder zijn dat seq de ZA variant gewoon in Nederland voor komt en wij niet de illusie hebben deze te kunnen weghalen. Belangrijk is wel om te monitoren of gevaccineerden inderdaad alsnog geïnfecteerd worden en waar en wanneer dit gebeurt. Hierbij is de onderzoeksvraag dus gericht op een uitbraak onder gevaccineerden. Dat lijkt mij zeer zinnig onderzoek.
4. Daarna wordt er gesproken over het gericht inzetten van maatregelen en/of acties en/of BCO. Het is belangrijk hierbij in ogenschouw te nemen dat wij GEEN extra acties en maatregelen adviseren voor een VOC/VOI. Wel is het natuurlijk noodzakelijk om met goed uitbraakonderzoek, BCO en evt sequencing de transmissieroutes en huidige maatregelen na te gaan, zodat gekeken kan worden waar evt. problemen liggen in de uitvoeringen/handhaving. Dit is ALTIJD noodzakelijk bij een uitbraak. Wij realiseren ons dat een snelle voorscreening op varianten een effect kan hebben, maar dat is alleen ondersteunend aan het epidemiologisch onderzoek. Zeker omdat het dan alsnog moeilijk kan zijn te duiden hoe de transmissieroute tot stand is gekomen. Sequencing is daarbij geen heilige graal.
5. Het is ons onduidelijk wat u bedoeld met '*Landelijk zien we echter dat de smeltcurve techniek helaas nog niet erkend wordt*'. Wij zijn op de hoogte van verschillende pre-screening technieken, maar ook van de beperkingen daarvan in het grotere geheel, zie hierboven. Daarnaast moeten ook deze technieken natuurlijk altijd bevestigd worden met WGS, en heb je alleen dan echte bevestiging van de uitslag. Indien gewenst kunnen deze gebruikt worden, mits de overwegingen hierboven in acht genomen worden.
6. U spreekt over ongeziene verspreiding van varianten. Zoals hierboven al genoemd is uitbraakonderzoek daar in principe niet primair voor bedoeld, tenzij er natuurlijk hele heftige onverklaarbare problemen lokaal zijn. En zoals al eerder gezegd kan sequencing daar ook zeker voor ingezet worden. Maar voor het monitoren van 'ongeziene verspreiding' daarvoor hebben we de kiemsurveillance die een ander opzet heeft. De afgelopen maanden heeft uitgewezen dat die kiemsurveillance ook daadwerkelijk doet wat hij moet doen. Daarnaast zijn er internationale afspraken over welke varianten wij als 'gevaarlijke' moeten bestempelen en ook hoe we dit kunnen aanpakken.

Groet,

5.1.2e

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

Sent: woensdag 17 maart 2021 11:39

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>

Subject: Doorst: Inzet smeltcurve techniek bij bepalen varianten SARS-CoV-2

Ha,

Daar gaan we weer. Geen idee wat ze bedoelt met erkenning... en helaas ziet ze niet scherp dat het een indicatie voor een variant is maar geen betrouwbare vaststelling. Labs dtaan vrij om eea in te voeren maar zonder seq bevestiging is het geen def bewijs?

Is dit een lijn voor beantwoording ? Suggesties?

Graag input 5.1.2e

5.1.2e 5.1.2e

5.1.2e 5.1.2e

5.1.2e 5.1.2e

dubbel

5.1.2e

5.1.2e

5.1.2e 5.1.2e

5.1.2e 5.1.2e
5.1.2e

5.1.2e

5.1.2e

dubbel

dubbel

5.1.2e

