

To: [redacted] [redacted] [redacted]@rivm.nl; [redacted] [redacted] [redacted]@rivm.nl
Cc: [redacted] [redacted] [redacted]@rivm.nl
From: [redacted] [redacted]
Sent: Mon 3/15/2021 6:08:22 PM
Subject: twee signalen uit Brabant
Received: Mon 3/15/2021 6:08:22 PM

Hoi,

Twee signalen van [redacted] [redacted] mbt variaties rondom Breda.

1. R.1. hadden we ook in de kiemsurveillance gevonden, ik weet alleen niet zo in welke regio. [redacted]
2. [redacted] moeten we hier iets mee? Landelijk signaal? [redacted]: zien we die nt verandering elders ook?

Gr [redacted]

From: [redacted] [redacted] <[redacted]@bravis.nl>
Sent: maandag 15 maart 2021 17:46
To: [redacted] [redacted] <[redacted]@rivm.nl>; [redacted] [redacted] <[redacted]@rivm.nl>
Cc: [redacted] [redacted] - [redacted] <[redacted]@bravis.nl>
Subject: RE: Rapportage Kiemsurveillance

Hi [redacted]

Even checken we hebben 2 merkwaardige zaken in de regio:

- wij hebben twee samples gesequenced (eentje random selectie en andere gevonden door 484K SNP screening), die tot de clade/lineage 20B/R1 behoren en een E484K mutatie hebben (882C1033824 & 881C1024007). Willen jullie die op een of andere manier gerapporteerd hebben? We hebben dit wel doorgegeven aan de GGD-WB i.v.m. mogelijk effect op vaccine, maar kan me voorstellen dat jullie dit ook willen weten.
- Daarnaast houden we in onze regio al sinds half dec de zgn "E-gen dropout" mutant in de gaten. → Dit zijn ~13 samples, die in de Roche 6800/8800 SARS-CoV-2 assay (dus niet de multiplex met SARS-CoV-2/fluA/B (want zitten andere primers/probes in vlgs Roche)) een lage Ct-waarde voor RdRp hadden en negatief waren in E gen. Die gaan volgens ons algoritme in de in-house (Corman) Egen assay en daar blijken ze een laag positieve Ct-waarde te hebben (dus RdRp van de Cobas te confirmeren). Deze gemeld bij de GGD, en gesequenced (EMC), blijkt een cluster te zijn rondom Roosendaal (B.1.160 / 20A.EU2), met 1 mutatie in Egen (C26340T), die al eerder gerapporteerd was. Zie hieronder bevindingen van GGD:

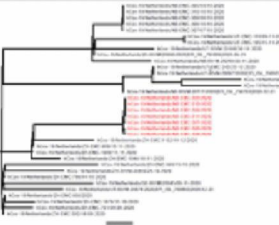
Wat valt BCO op in deze 13 dossiers?

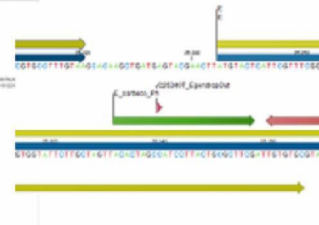
- 7 personen gepensioneerd ofwel > 65 jaar; bij overige 6 geen verbanden kijkende naar leeftijd, beroep
- Iedereen heeft klachten (niet enkel neusverkouden); zover bekend bij ons geen ZH-opnames
- Geografische clustering: 10 personen woonachtig in Roosendaal en met name in Roosendaal-Zuid; verder Oudenbosch, Hoeven en Steenberg
- 4 personen hebben een relatie: 2x2 stellen zijn vrienden; elkaar geholpen met verhuizing; allen 65+
- Verder geen verbanden: BCO heeft niet volledig plaatsgevonden ofwel overige contacten zijn niet geregistreerd met naam/BSN etc

MICROVIDA
MEDISCHE MICROBIOLOGIE BRABANT & ZEELAND


BRABANTSE /IVARII VARIANT : MUTATIE IN E-GEN

→ 15 december 2020 – 13 januari 2021 Cluster van 16 personen met Egen -1, RdRp Ct 17-34. Egen inhouse wel positief





→ 1 mutatie in E gen (nt26340) (probe site Cobas6800/8800), reeds eerder gevonden (april) door Belgische collega's.. (Artesi et al. J. Clin. Microbiol. doi:10.1128/JCM.01598-20)



Vanaf die tijd houden we deze mutant in de gaten, en tussen jan/feb wel een paar gezien, maar niet zo laag dat we die konden sequencen. Tot eind feb (23-02-2021), toen hadden we er eentje (882C1079197) hadden, en blijkt een B.1.1.7 (20I/501Y.V1) te zijn, ook met de C26340T mutatie in Egen. → Waarom vertel ik dit: afgelopen week hebben we een uitbraak bij een school in Breda gehad, die ook allemaal een Egen drop out bleken, die we gaan meenemen met sequencen. Nu geen (groot) probleem, maar mocht er nog een extra mutatie bij komen in RdRp hebben we een diagnostisch probleem.

Hier is al door EMC en ons contact opgenomen met Roche, en zij zeggen dat ze hiervan afweten, en wijzigingen in de nieuwe combi assay (SARS-CoV-2/FluA/FluB) hebben doorgevoerd, maar niet in de single SARS-CoV-2 assay zullen gaan doorvoeren.

Met vriendelijke groet,

5.1.2e 5.1.2e 5.1.2e
5.1.2e

MICROVIDA
MEDISCHE MICROBIOLOGIE BRABANT & ZEELAND

T: 0031 88 7068766

W: www.microvida.nl

Bezoek adressen:

Locatie Amphia Ziekenhuis
Molengracht 21
4818 CK Breda

Locatie Bravis Ziekenhuis
Boerhaavelaan 25
4708 AE Roosendaal

Locatie ZorgSaam
Vlietstraat 10
4535 HA Terneuzen

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

Verzonden: vrijdag 12 maart 2021 15:20

Aan: 5.1.2e 5.1.2e <5.1.2e@bravis.nl>

Onderwerp: Rapportage Kiemsurveillance

*** DIT IS EEN EXTERNE EMAIL: klik niet op een link of open geen bijlage tenzij je de afzender vertrouwt. ***

Beste 5.1.2e

Hierbij weer de periodieke terugkoppeling van sequencing resultaten binnen de SARS-CoV-2 kiemsurveillance. De tabel bevat het monster nummer zoals toegekend binnen RIVM en het monster en/of coronIT nummer zoals toegekend door het inzegend laboratorium. Daarnaast staat aangegeven welke stam is gedetecteerd in de vorm van de lineage en clade code en als extra detail het aantal mutaties t.o.v. de oorspronkelijk SARS-CoV-2 stam.

Gezien de soms zeer geringe genetische verschillen tussen clades en lineages kan het voorkomen dat de annotatie van een clade en lineage verschilt. Dit wil zeggen dat er soms aan afwijkende combinatie van clade en lineage wordt aangegeven. Wij maken gebruik van de Pangolin en Nextclade voor deze annotatie. Dit zijn de meest gebruikte methodes in het veld.

De nomenclatuur van de verschillende stammen wordt met regelmaat geupdate om een zo helder mogelijk beeld te geven, in het bijzonder voor genetische verschillende in de zgn. Variants of concern .

Mochten er meer gedetailleerde vragen zijn over de sequentie van specifieke monsters, bijvoorbeeld op basis van bovengenoemde, dan kan er natuurlijk contact opgenomen worden en kan er op verzoek sequenties gedeeld worden.

Monster nummers waar geen uitslag (typering) achter staat zijn niet succesvol gesequenced. Mocht dit recent ingestuurde monsters zijn dan kunnen deze resultaten nog aangevuld worden bij volgende rapportages.

Indien een nieuwe set groene enveloppen gewenst is voor inzendingen, laat dit dan tijdig weten.

Met vriendelijke groet, mede namens 5.1.2e 5.1.2e en 5.1.2e 5.1.2e,

5.1.2e 5.1.2e

5.1.2e 5.1.2e 5.1.2e

Centre for Infectious Disease Control
National Institute for Public Health and the Environment (RIVM),
Antonie van Leeuwenhoeklaan 9,
3721 MA, Bilthoven, The Netherlands

5.1.2e

5.1.2e [@rivm.nl](mailto:5.1.2e@rivm.nl)

Dit bericht kan informatie bevatten die niet voor u is bestemd. Indien u niet de geadresseerde bent of dit bericht abusievelijk aan u is verzonden, wordt u verzocht dat aan de afzender te melden en het bericht te verwijderen. Het RIVM aanvaardt geen aansprakelijkheid voor schade, van welke aard ook, die verband houdt met risico's verbonden aan het elektronisch verzenden van berichten.

www.rivm.nl De zorg voor morgen begint vandaag

This message may contain information that is not intended for you. If you are not the addressee or if this message was sent to you by mistake, you are requested to inform the sender and delete the message. RIVM accepts no liability for damage of any kind resulting from the risks inherent in the electronic transmission of messages.

www.rivm.nl/en Committed to health and sustainability

Deze mail is beveiligd verzonden met KPN Secure Mail. Zie voor meer informatie het Privacy Statement op de website van het Bravis ziekenhuis.