

**To:** [redacted] <[redacted]@jbz.nl>; [redacted] <[redacted]@ggdhvb.nl>  
**Cc:** [redacted] <[redacted]@jbz.nl>; [redacted] <[redacted]@rivm.nl>; [redacted] <[redacted]@rivm.nl>; [redacted] <[redacted]@rivm.nl>; [redacted] <[redacted]@jbz.nl>; Signaleringsoverleg <[redacted]@rivm.nl>; [redacted] <[redacted]@rivm.nl>  
**From:** [redacted]  
**Sent:** Mon 3/8/2021 5:44:19 PM  
**Subject:** RE: Toename Zuid-Afrikaanse/Braziliaanse P1 variant regio Brabant Noord week 9  
**Received:** Mon 3/8/2021 5:44:19 PM

Ha,

Dank voor je uitgebreide reactie.

Het is de constellatie van bepaalde variaties die van belang is, die is niet hetzelfde voor de sa en p1 varianten bv. Inderdaad zien we de za variant zodanig veel in NL in toenemende mate dat we op dit moment geen meerwaarde zien in specifieke BCO. Wij kijken juist niet vanuit reisgeschiedenis maar vanuit de random sampling. (daarnaast ook andere situaties waarin gesequenced wordt zoals idd oa reishistorie) We zien ook veel E484K in andere achtergronden net als N501Y en de del69-70. Daar gaan we niet op acteren. Je hebt juist seq nodig om te duiden in welke backbone eea zich bevind. Mbt P1 vs Za variant: laatste data lijken er op te duiden dat P1 veel problematischer kan zijn dan za-variant. Heeft dus ook te maken met andere aanwezige mutaties naast E484K, K417N/T en N501Y.

Hoe eea bijdraagt aan de bestrijding hangt ook af van fase pandemie bv of er voldoende bco capaciteit is vs de mate waarin iets wel/niet al community spread heeft.

Hartelijke groet [redacted]

---

**Van:** [redacted] <[redacted]@jbz.nl>  
**Datum:** 8 maart 2021 om 18:21:14 CET  
**Aan:** [redacted] <[redacted]@rivm.nl>; [redacted] <[redacted]@ggdhvb.nl>  
**CC:** [redacted] <[redacted]@jbz.nl>; [redacted] <[redacted]@rivm.nl>; [redacted] <[redacted]@rivm.nl>; [redacted] <[redacted]@rivm.nl>; [redacted] <[redacted]@jbz.nl>; Signaleringsoverleg <[redacted]@rivm.nl>; [redacted] <[redacted]@rivm.nl>  
**Onderwerp:** RE: Toename Zuid-Afrikaanse/Braziliaanse P1 variant regio Brabant Noord week 9

Beste [redacted]

Ik had nog geen tijd gehad om te reageren maar ik zag al wat mailtjes van jou voorbij komen vandaag. Fijn dat jullie hier landelijk aandacht aan besteden.

Enkele opmerkingen n.a.v. jouw eerste mail.

Je zegt dat het nadeel van de varianten PCR is dat het slechts tijdelijk informatief is maar dat is wat ons betreft juist een voordeel: door de flexibele opzet van een dergelijke methode kan je bij nieuwe VOC uit de kiemsurveillance je test snel aanpassen. Als voorbeeld: wij hadden de PCR op N501Y en del69/70 al 2x per week lopen. Toen duidelijk werd dat ook de E484K mutatie van belang werd voor het aantonen van de SA/BR variant hebben we de primers besteld en hadden we deze PCR binnen een week opgezet. Als zo'n methode eenmaal is ingebed in de dagelijkse routine is een aanpassing zo gemaakt om een nieuwe VOC te kunnen detecteren.

Wat betreft jouw opmerking over het onderscheid SA/BR, daar ben ik over verbaasd. Waarom zou je BCO rondom de SA variant loslaten en niet rondom de Braziliaanse? Is de ene variant ernstiger of besmettelijker dan de andere? Gaat het in dit geval niet om de combinatie N501Y/E484K die je wil terugdringen, los van of het SA of P1 is? Ik denk daarom dat sequenzen juist niet nodig hoeft te zijn. Je zegt geen houdbare situatie maar de afgelopen weken zagen wij minder dan 1.5% SA/P1 in onze samples. Misschien overzie ik het niet maar dan is het toch nog niet te laat om daar veel meer op te focussen middels een grootschalige landelijke screen methode? Dus niet per se via uitvraag reisanamnese maar om een hoog percentage van je positieve samples te screenen met varianten PCR op bijvoorbeeld de E484K mutatie? Overigens denk ik dat de screening zich ook uitermate goed leent voor snel BCO en dat sequencing veelal niet nodig hoeft te zijn.

Ik denk dat ons verschil in visie wellicht ligt bij het punt dat jullie redeneren vanuit reisgeschiedenis of een ander reeds bekend signaal, en wij meer vanuit het pro-actief traceren van VOC d.m.v. een grootschalige screening op onderscheidende mutaties. Wat betreft de opgestuurde samples met de mogelijk nieuwe mutatie/deletie, die houdt [redacted] [redacted] bij en zij zal laten weten om welke het gaat.

Met vriendelijke groet,

5.1.2e

Jeroen Bosch ziekenhuis  
Laboratorium Medische Microbiologie en Hygiëne & Infectiepreventie

Tel 073 553 2863 Adres Postbus 90153, 5200 ME 's-Hertogenbosch / Henri Dunantstraat 1, 's-Hertogenbosch

---

**Van:** 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>  
**Verzonden:** maandag 8 maart 2021 10:32  
**Aan:** 5.1.2e, 5.1.2e, 5.1.2e, 5.1.2e  
**CC:** 5.1.2e, 5.1.2e, 5.1.2e, 5.1.2e; 5.1.2e, 5.1.2e; 5.1.2e, 5.1.2e; Signaleringsoverleg; 5.1.2e, 5.1.2e  
**Onderwerp:** RE: Toename Zuid-Afrikaanse/Braziliaanse P1 variant regio Brabant Noord week 9

Goedemorgen,

Vandaag zal er verzoek uitgaan via NVMM voor landelijke, centrale inventarisatie (vanuit stuurgroep sequencing/varianten) van gebruik variatie RT-PCRs en waarnemingen hierin.  
Dit alvast ter info en aanvullend op mijn e-mail hier beneden. Het SO al ongetwijfeld nog contact opnemen over de opname van jullie signaal deze week met daarbij verzoek om enige duiding her en der.

Hartelijke groet 5.1.2e

---

**From:** 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>  
**Sent:** zondag 7 maart 2021 11:40  
**To:** 5.1.2e <5.1.2e@jbz.nl> <5.1.2e@jbz.nl>; 5.1.2e, 5.1.2e <5.1.2e@ggdhvb.nl>  
**Cc:** 5.1.2e <5.1.2e@jbz.nl> <5.1.2e@jbz.nl>; 5.1.2e, 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@jbz.nl> <5.1.2e@jbz.nl>  
**Subject:** Toename Zuid-Afrikaanse/Braziliaanse P1 variant regio Brabant Noord week 9

Beste beiden,

Zoals 5.1.2e ook weet staat het elke week op de agenda van het OMT en het Clb response team. Op dit moment wordt de uitrol van dergelijke PCRs en de implementatie van de signalen uit deze PCRs in een algemeen registratie bekeken. Punt is dat het allemaal maar tijdelijk informatief is gezien het zich snel veranderende landschap.

Mbt SO: is wel degelijk als belangrijk signaal gezien! (we waren heel erg blij met hetsignaal) maar het verhaal moet duidelijk zijn in de context van beleid mn mbt stukje is het ZA variant of P1 variant waar jullie toename zien, of beiden. . Er is al eerder besloten geen BCO te doen rond ZuidAfrika variant omdat deze al buiten beeld circuleert in NL. Rond P1 wel, maar er duiken op dit moment in toenemende mate clusters op in Europa zonder reishistorie, dus verwachting is dat ook dit geen houdbare situatie is. Zoals 5.1.2e al zei zijn de maatregelen niet anders voor varianten. Dit blijft de belangrijkste boodschap. De hoop vanuit ons is ook dat deze PCRs iig niet het sequencen vertragen want zoals je ook hier kan zien moet je sequencen om te weten wat er precies aan de hand is (ZA of P1?) tenzij de PCRs nog specifiek gemaakt worden. Dit zal een voortdurend proces zijn.

Mbt het signaal uit Brabant: zoals 5.1.2e weet zijn er twee sporen uit Buitenland naar reizigers uit regio HvB die met P1 geïnfecteerd zijn. Dit wordt als het goed is momenteel met spoed uitgezocht. Gezien ook de figuur hier beneden is het uitermate belangrijk dat we snel de contacten van deze personen en de SA/P1 variant verdachten uit het staatje hier beneden sequencen. We zouden dan ook graag zsm die materialen in Bilthoven ontvangen zodat we iig duidelijkheid hebben over welke samenstelling het rode blokje hier beneden heeft. Ook mbt die vermoedelijke andere variant die jij benoemt. Dan is het zo dat het staatje hier beneden ook overeen komt met de data uit de kiemsureillance waarin we in Brabant een toename met de Zuid-

Afrika variant zien. Hopelijk betekent dit dat het gros van jullie rode blokje idd de ZA variant is en niet de P1 variant en dat de hierboven genoemde reizigers nog gerelateerd zijn aan eenzelfde cluster dat nog in kaart te brengen is.

Je geeft aan dat je materialen gestuurd hebt? Kun je aangeven wanneer? Uiteraard duurt het een aantal dagen voordat er sequentie resultaten zijn.

Ik hoor graag van je, zodat we gezamenlijk een beter zicht kunnen krijgen op waar we nu tegen aan zitten te kijken met deze PCR.

Je kan me ook bellen voor overleg [redacted] of onze dd viroloog.

Hartelijke groeten [redacted]

**From:** [redacted]@lumc.nl <[redacted]@lumc.nl>

**Sent:** zaterdag 6 maart 2021 16:22

**To:** [redacted]@jbz.nl

**Cc:** [redacted] <[redacted]@rivm.nl>; [redacted]@ggdhvb.nl; [redacted]@jbz.nl; [redacted]@jbz.nl; [redacted]@nvmm.nl

**Subject:** RE: Toename Zuid-Afrikaanse/Braziliaanse P1 variant regio Brabant Noord week 9

Beste [redacted]

Dank voor je informatieve email. Heel goed dat jullie veel monsters typeren om zicht te krijgen op de VOC verspreiding. Het zou zeker mooi zijn om deze data samen te brengen met de landelijke data. Er wordt gesproken over een landelijke sequentie netwerk en ik zal je mail dan ook forwarden aan [redacted] die hier vanuit het NVMM bestuur bij betrokken is. Ik zal ook jouw punt over een uitrol van de PCR-methode bij hem neerleggen.

Het patroon dat je hieronder schetst is redelijk vergelijkbaar met wat wordt gezien in de Kiemsurveillance en wat wij ook zien in Leiden (inclusief vorige week een afwijkende variant met N501Y/E484K). Het is natuurlijk de verwachting dat de Britse variant de boventoon gaat voeren ook in NL. De rol van de ZA en Braziliaanse is nog lastig te voorspellen, maar moeten we natuurlijk goed in de gaten houden. Ik neem aan dat [redacted] deze gegevens zal delen met [redacted] [redacted], zodat zij hier mogelijk in het OMT aandacht aan kan besteden.

Jouw vraag of we apart aandacht moeten besteden aan de ZA en Braziliaanse variant in het BCO kan ik niet goed beantwoorden. We hebben tenslotte alle maatregelen voor alle stammen nodig om de verspreiding te voorkomen. De stammen gaan hierbij ook nog onderling "de concurrentie aan". En er zullen ook steeds nieuwe mutanten ontstaan waar we soms pas na weken/maanden van zullen weten hoe die zich gaan gedragen. Het zou dus zomaar kunnen zijn, dat we ons straks beter kunnen focussen op herinfecties en op vaccin-falen ipv heel veel stammen typeren.

Natuurlijk ben ik beschikbaar om hier even over te bellen. Laat maar weten wanneer het je uitkomt.

Vriendelijke groet,

[redacted]

**From:** [redacted] <[redacted]@jbz.nl>

**Sent:** zaterdag 6 maart 2021 15:31

**To:** [redacted] <[redacted]@lumc.nl>

**Cc:** [redacted]@rivm.nl <[redacted]@rivm.nl>; [redacted] <[redacted]@ggdhvb.nl>; [redacted] <[redacted]@jbz.nl>; [redacted] <[redacted]@jbz.nl>

**Subject:** Toename Zuid-Afrikaanse/Braziliaanse P1 variant regio Brabant Noord week 9

Beste [redacted]

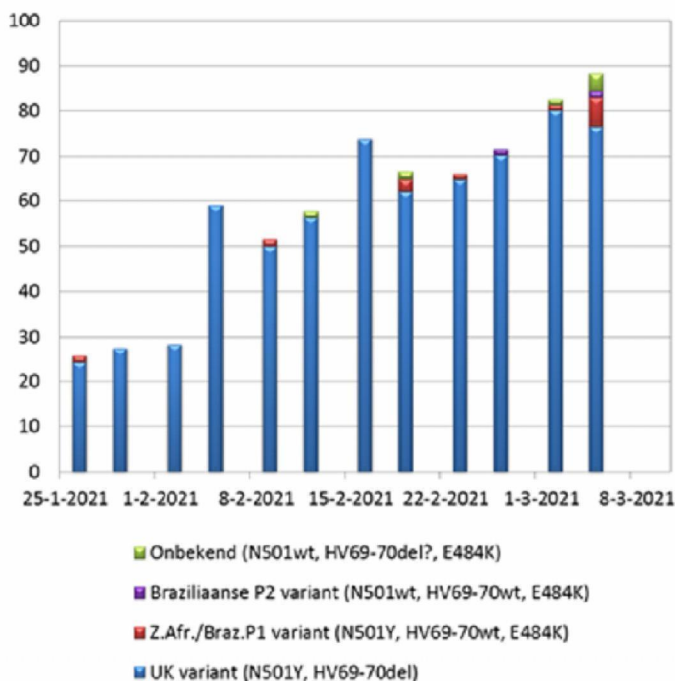
Namens de vakgroep Medische Microbiologie van het [redacted] stuur ik je deze mail, in eerste plaats als [redacted] [redacted] Ik wil je namens onze vakgroep informeren over een alarmerende toename van de Zuid-Afrikaanse/Braziliaanse P1 variant in onze regio.

Sinds 26 januari 2021 doen we in het [redacted] twee keer per week een COVID varianten screening op ongeveer 10% van de SARS-CoV-2 positieve monsters uit onze GGD teststraten (veiligheidsregio Brabant Noord). Dit komt per run neer op

ongeveer 80 willekeurig geselecteerde samples van de dagen ervoor. We zijn gestart met een real-time PCR op alleen de N501Y mutatie en HV69-70del maar sinds half februari kijken we ook naar de E484K mutatie. Het is een volledig anonieme screening waarvan we de resultaten wekelijks delen met onze GGD ([5.1.2e](#) [5.1.2e](#), Hart voor Brabant) en onze eigen ziekenhuizen (OMT JBZ en Bernhoven). We proberen op deze manier zicht te krijgen op de verspreiding van de variants of concern (VOC) in de regio en proberen de ziekenhuizen te informeren over de te verwachten COVID-19 gerelateerde opnames.

Ik zou graag de resultaten van onze VOC screening van de afgelopen 6 weken met je willen delen (zie onderstaande figuur). De figuur laat het gestaag toenemende percentage UK variant in de regio Brabant Noord duidelijk zien (inmiddels ongeveer 80% van alle positieve samples). Belangrijker is dat wij een toename zien van de combinatie N501Y/E484K, gisteren (5 maart) in 6.5% van onze samples (Braziliaanse P1 en/of Zuid-Afrikaanse variant). Ook vinden wij een nog onbekende variant, gisteren (5 maart) in 3.9% van onze samples met de combinatie N501Y/E484K plus een vreemd signaal in de HV69/70del PCR waarvan we denken dat dit een andere deletie dan de HV69/70 is (mogelijk 3bp of 9 bp). Deze laatste combinatie zagen we voor het eerst half februari toen we zijn gestart met E484K analyse. We hebben de betreffende samples opgestuurd naar het RIVM/Erasmus voor sequencing maar nog geen resultaten mogen ontvangen.

### Percentage SARS-CoV-2 varianten



We hebben deze week onze resultaten (en een pleidooi om onze snelle methode landelijk uit te breiden) aangeboden aan het signaleringsoverleg maar werden door het RIVM gebeld dat het een ongemakkelijke situatie was om dit te publiceren. Er werd aangegeven dat er op OMT-niveau eerst nog beleid moet worden gemaakt over een snelle varianten PCR. We begrepen niet goed waarom onze resultaten en methode niet geplaatst konden worden.

Wij maken ons zorgen dat het aandeel van de Braziliaanse P1 en/of Zuid-Afrikaanse variant in Nederland toeneemt. We zouden, ons inziens, dit aandeel nu nog kunnen inperken door hier landelijk actief naar te zoeken en het BCO hierop te focussen.

Aangezien wij de PCR test al twee keer per week uitvoeren zouden we ook meer samples kunnen testen dan we nu doen, mocht dat nodig zijn.

Zou je deze informatie willen meenemen naar het OMT? Ik zou ook graag even met je hierover willen bellen, lukt dat op korte termijn?

In cc staan ook [5.1.2e](#) [5.1.2e](#) en [5.1.2e](#) [5.1.2e](#).

Met vriendelijke groet,

Namens de vakgroep Medische Microbiologie van het 5.1.2e

Met vriendelijke groet,

5.1.2e

5.1.2e

Laboratorium Medische Microbiologie en Hygiëne & Infectiepreventie

Tel 073 553 2863 Adres Postbus 90153, 5200 ME 's-Hertogenbosch / Henri Dunantstraat 1, 's-Hertogenbosch

---

De inhoud van dit e-mailbericht is uitsluitend bestemd voor de geadresseerde en kan onderworpen zijn aan een beroepsgeheim. Bij ontvangst door een kennelijk niet-bedoelde ontvanger is het deze niet toegestaan dit bericht te openen en van de inhoud kennis te nemen, deze inhoud openbaar te maken en/of te verveelvoudigen. Gebruik van de inhoud ervan door anderen zonder toestemming van de afzender is onrechtmatig. Mocht dit e-mailbericht ten onrechte bij u terechtgekomen zijn, dan verzoeken wij u vriendelijk direct contact met ons op te nemen.

---

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](http://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](http://www.rivm.nl/en) Committed to health and sustainability

---

De inhoud van dit e-mailbericht is uitsluitend bestemd voor de geadresseerde en kan onderworpen zijn aan een beroepsgeheim. Bij ontvangst door een kennelijk niet-bedoelde ontvanger is het deze niet toegestaan dit bericht te openen en van de inhoud kennis te nemen, deze inhoud openbaar te maken en/of te verveelvoudigen. Gebruik van de inhoud ervan door anderen zonder toestemming van de afzender is onrechtmatig. Mocht dit e-mailbericht ten onrechte bij u terechtgekomen zijn, dan verzoeken wij u vriendelijk direct contact met ons op te nemen.

---