Rapportage mogelijke SARS-CoV-2 uitbraak bij een basisschool (BS 62878) in Maastricht.

Datum: 12-01-2021

Introductie

SARS-CoV-2 heeft al vaak gezorgd voor lokale uitbraken. Het is belangrijk om door middel van sequentie analyse in te schatten of het gaat om een transmissie cluster of verschillende introducties vanuit de algemene bevolking. Dit heeft grote invloed op controle en bestrijdingsmaatregelen, en risico inschattingen van de impact en verspreiding van SARS-CoV-2.

Methode

De complete genoom sequenties zijn bepaald door middel van een SARS-CoV-2 specifieke, amplicon gebaseerde, sequence methode gebruik makend van Nanopore sequencing (https://www.nature.com/articles/s41591-020-0997-y). De sequenties van de virussen uit de ingestuurde monsters zijn vergeleken met een selectie van alle beschikbare (>3000) Nederlandse sequenties door middel van een maximum likelihood (ML) analyse.

Het is belangrijk om te realiseren dat deze analyses zeer afhankelijk zijn van het aantal sequenties die binnen en buiten Nederland worden gegenereerd en gedeeld. Sommige conclusies of clusters kunnen veranderen als er meer sequenties beschikbaar komen. Daarnaast is er nog steeds maar beperkte genetische verandering zichtbaar waardoor conclusies op basis van deze data voorzichtig moeten worden getrokken.

Binnengekomen samples

Er zijn 5 materialen binnengekomen waarvan 5 materialen succesvol zijn gesequenced (tabel 1).

Onderzoeksvraag

Maken de SARS-CoV-2 positieve gevallen deel uit van een transmissiecluster?

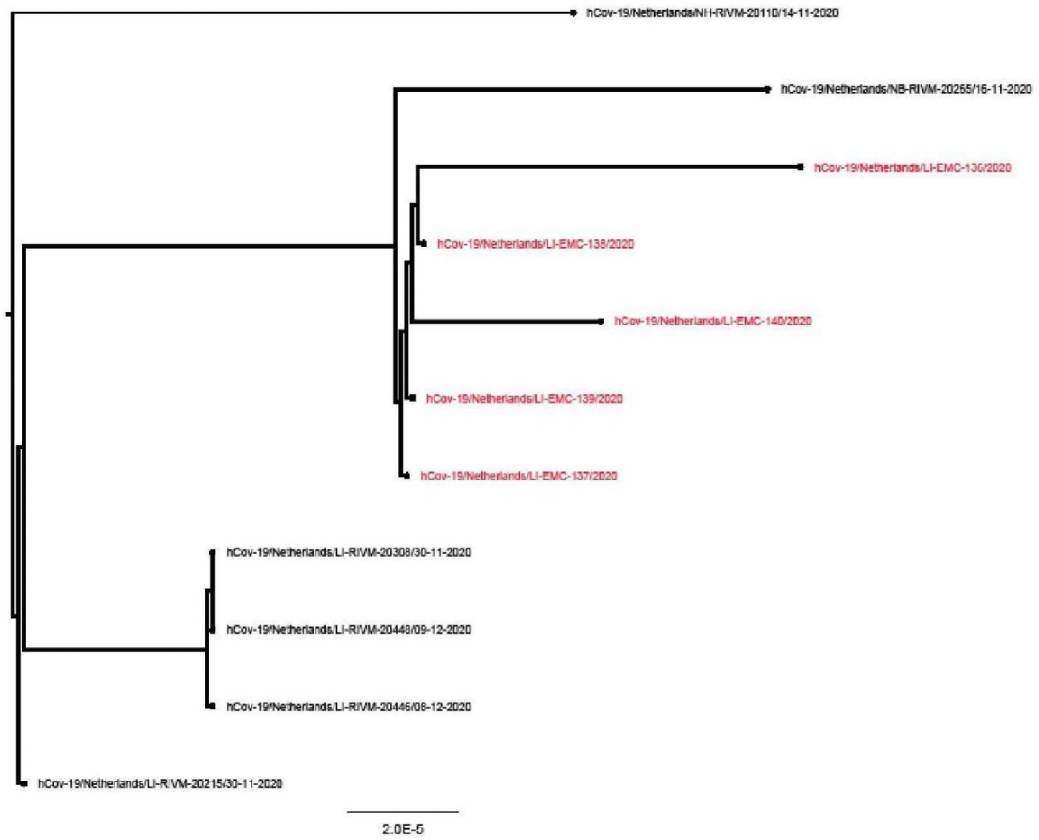
Resultaten en conclusies

Er is 1 mogelijke transmissie cluster met ondeling maximaal 2 nucleotiden verschil. Alle 5 sequenties behorend bij deze uitbraak vallen binnen het mogelijke cluster, cluster a (zie figuur 1).
Het is waarschijnlijk dat personen binnen een mogelijk transmissiecluster elkaar hebben geïnfecteerd. Echter, dit moet altijd worden bevestigd met epidemiologisch onderzoek.

© Copyright 2020, Viroscience, ErasmusMC, Rotterdam. De informatie uit dit rapport mag niet worden gebruikt voor commerciële doeleinden. Indien u informatie uit dit rapport wilt gebruiken voor publicaties, gelieve eerst contact op te nemen met
5.1.2e @erasmusmc.nl of 5.1.2e @erasmusmc.nl

Tabel 1: Overzicht van de ontvangen materialen.

	Ct waarde:		GISAID:	Cluster:
5.1.1d	29	5.1.1d	hCov-19/Netherlands/LI-EMC-136	A
	17		hCov-19/Netherlands/LI-EMC-137	A
	27		hCov-19/Netherlands/LI-EMC-138	A
	24		hCov-19/Netherlands/LI-EMC-139	A
	28		hCov-19/Netherlands/LI-EMC-140	A



Figuur 1. Zoom van de maximum likelihood analyse: Sequenties uit deze studie zijn weergegeven in rood (cluster A).

© Copyright 2020, Viroscience, ErasmusMC, Rotterdam. De informatie uit dit rapport mag niet worden gebruikt voor commerciële doeleinden. Indien u informatie uit dit rapport wilt gebruiken voor publicaties, gelieve eerst contact op te nemen met 5.1.2e @erasmusmc.nl of 5.1.2e @erasmusmc.nl