

Verslag bijeenkomst kiemsurveillance

Donderdag 28-1-2021

Aanwezig:

RIVM: 5.1.2e, 5.1.2e, 5.1.2e, 5.1.2e, 5.1.2e, 5.1.2e,
5.1.2e, 5.1.2e (terugkoppeling LCT)

EMC: 5.1.2e, 5.1.2e, 5.1.2e

Amsterdam UMC/AMC: 5.1.2e

In dit overleg is gesproken over:

- de stand van zaken bij de verschillende deelnemers,
- de te volgen stappen mbt sequencing netwerk
- snelle terugkoppeling vanuit het LCT.

Stand van zaken:

RIVM (incl LCT terugkoppeling):

Het RIVM is zeer druk met kiemsurveillance, data worden gebruikt voor modellering en tbv OMT. Daarnaast wordt gesequenced voor uitbraken en onderzoek. De activiteiten zijn in 2 delen gesplitst: Spoor 1; korte termijn oplossing om intern snel op te schalen tbv kiemsurveillance. Spoor 2; iets langere termijn, netwerk bouwen binnen Nederland van laboratoria die kunnen sequencen en data delen.

Spoor 1: Er wordt intern opgeschaald voor sequencing zodat er binnenkort 1500 monsters per week kunnen worden gesequenced tbv kiemsurveillance. De al insturende labs zijn gevraagd meer in te sturen en er zijn een aantal nieuwe labs benaderd, met name teststraat labs, om daarmee de random dekking over NL te verbeteren en zowel ziekenhuis monsters te ontvangen als teststraat monsters. Daarnaast wordt er meer informatie ingewonnen over hoe de random steekproef selectie van de monsters plaats vindt.

Spoor 2: LCT is geïnformeerd over kiemsurveillance (vorige week) en verzocht om vergoedingen systeem op te zetten voor sequencen en het opzetten van een landelijk netwerk. Beide verzoeken zijn akkoord. Dienst Testen en RIVM zijn aangewezen om het landelijke netwerk op te gaan zetten en te coördineren met die partijen die daarvoor nodig zijn (iig WMDI en NWKV). Hierbij gaat het om een sequencing netwerk in de brede zin, dus voor kiemsurveillance, uitbraken en reizigers.

Daarnaast wordt RIVM al regelmatig benaderd door laboratoria met technisch inhoudelijke vragen en verzoeken.

RIVM optimaliseert een 2^e pipeline tbv Nimagen analyses. Daarnaast wordt 5.1.2e frequent ge-update, waarbij een interne en externe versie beschikbaar is (externe versie richt zich op kiemsurveillance zonder uitbraak onderzoeken). RIVM/AMC is bezig met optimaliseren van diverse analyse scripts, deze kunnen gedeeld worden met externe partijen. Zelfde geldt voor analyse methodes van EMC.

EMC

Bij het EMC worden op dit moment 350 monsters per week gesequenced op de minion. Het gaat hier om monsters van uitbraak onderzoek en van het ZonMW project. Er loopt een pilot met de Nimagen kit voor de illumina (ervaringen worden uitgewisseld, aangezien RIVM hier ook mee wil werken). De bedoeling is op te schalen naar 1000 en meer monsters per week.

5.1.2e licht het ZonMW project toe, hierbij is sprake van 5/6 deelnemende labs en 25 monster per maand. Deze monsternamen zijn niet random. Er ligt een focus op uitbraken. Gezamenlijk wordt geconstateerd dat het hier om research gaat en niet om kiemsurveillance. Wel nuttig onderzoek. Resultaten worden niet aangeleverd / opgenomen in de RIVM data tbv het OMT.

S-drop out onderzoek Taqpath. 5.1.2e geeft aan dat ondertussen ongeveer de helft van de testen zijn gebruikt. Er is duidelijkheid over het voorkomen van de UK variant en sequencing van al deze monsters is niet langer zinvol. 5.1.2e geeft aan dat er binnenkort een eerste rapportage over verschijnt, zowel voor de deelnemers als voor de financier (VWS).

Daarnaast geeft 5.1.2e aan dat EMC nadenkt over hoe bij volgende varianten de PCR snel aangepast kan worden om deze via maatwerk PCR op te sporen. 5.1.2e geeft aan dat dit zeker nuttig is maar pleit voor een internationale samenwerking, aangezien deze varianten over het algemeen vanuit andere landen komen. Dergelijke PCR gebaseerde screens zouden in uitbraak onderzoek als alternatief van sequencing gebruikt kunnen worden, al dient daarbij kritisch naar de vraagstelling gekeken te worden. Alleen zinvol bij vraagstelling ja/nee mbt bv UK-variant.

Besproken wordt dat de labs allen veel uitbraak onderzoek doen en bv ook ziekenhuizen steeds willen weten welke variant het is. Aanwezigen delen mening dat dit virologisch zeker interessant is, maar voor de patiënten en de maatregelen minder relevant, aangezien er geen sprake is van maatwerk per variant of specifieke behandeling. Daarnaast komt sequencing info vaak pas enige tijd na constatering van het cluster.

AMC

Sequencing gebeurt op iontorrent, nanopore wordt geïmplementeerd. Op dit moment 50-60 sequences per week. Met name clusters. Daarnaast deelnemer S-drop-out onderzoek. AMC bekijkt welke gaps er zitten in de kiemsurv Amsterdam, aangezien mogelijk dekking in regio A'dam niet volledig is.

Sequencing netwerk

Afgesproken wordt dat volgende week een vergadering wordt belegd voor inrichten sequencing netwerk nav opdracht LCT. Deelnemers: iig RIVM, DT, EMC, AMC, WMDI, NWKV. Initiatief ligt bij RIVM.

Vragen die ondermeer beantwoord zullen worden zijn:

- Vergoeding structuur
- Noodzaak centrale inkoop reagentia
- Hoeveel partijen
- Hoe nuttig is sequencing bij uitbraken
- Hoe belastend is het opzoeken van positieve monsters voor labs
- Opstellen criteria
- Governance mbt data, IP, etc.