

SARS COV 2 Variant of concern 202012/01  
ErasmusMC viroscience en GGD Rotterdam Rijnmond

5.1.2e

5.1.2e

# Cluster cases VOC Rotterdam

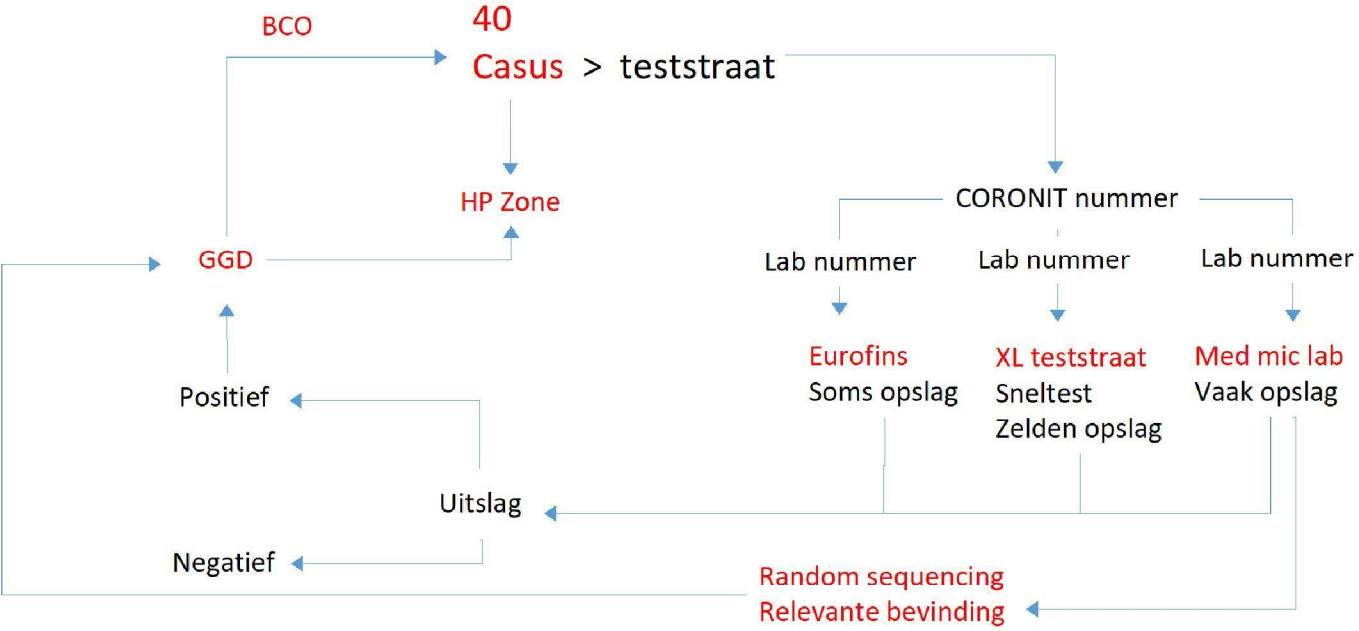
- 24-12-2020 : positief geteste casus uit random sequencing voor kiemsurveillance
- Eerste ziektedag 17 dec, woont in Rotterdam, werkt als ZZP'er en zat reeds in quarantaine vanwege zijn eerder positief geteste partner
- EZD partner op 15 dec, werkt als leerkracht op een basis school met twee locaties in Lansingerland
- Basisschool was al in beeld vanwege groot cluster

> [aanvullend uitbraak onderzoek](#)

# LANSINGERLAND SCHOOL UITBRAAK

	Totaal (N)	Aantal met ziekte (n)	Attack rate (n/N)
Aantal klassen			
Aantal leerlingen	305	19	6,2%
Aantal docenten	29	12	41,4%
Aantal overige medewerkers	8	2	25,0%
	Totaal	33*	

\*excl. onbekend = 3



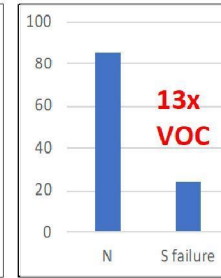
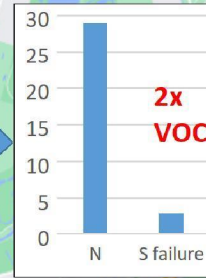


# Sequencing positief geteste personen via ErasmusMC

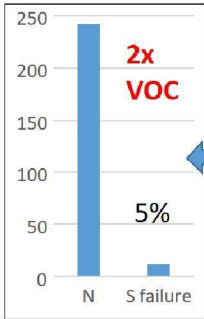


< 14 dec

> 14 dec



Wonen in Schiedam, geen link met Lansingerland



15 VOC  
 -5 link Willibrord  
 -3 link De Acker  
 -6 geen link met school  
 -1 onbekend

5.1.2e

	Aantal met klachten sinds 16 november	Totaal	%	Aantal op de IC	Aantal in UK	Covid bevestigd (indien getest)	Vindpercentage (= covid bevestigd / covid getest)
Medewerkers <sup>1</sup>	14	27	52%	0	0	10	67%
Klas 1/2A	9	12	75%	0	0	0	0%
Klas 1/2B	10	18	56%	0	0	n.v.t.	n.v.t.
Klas 3A	5	15	33%	0	0	n.v.t.	n.v.t.
Klas 4A	7	13	54%	0	0	1	33%
Klas 4B	12	20	60%	0	0	2	100%
Klas 5A	1	9	11%	0	0	0	0%
Klas 5B	10	18	56%	0	0	2	33%
Klas 6A	6	17	35%	0	0	2	40%
Klas 6B	12	18	67%	0	0	11	79%
Klas 7A	10	18	56%	0	0	2	29%
Klas 7B	4	18	22%	0	0	0	0%
Klas 8A	5	13	39%	0	0	1	50%
Klas 8B	3	16	19%	0	0	0	0%
Totaal van de kinderen op school	94	205	46%	0	0	21	43%
Andere kinderen in het huishouden <sup>2</sup>	43	118	36%	0	0	12	30%
Ouder <sup>3</sup>	62	159	39%	0	0	21	38%
Partner <sup>4</sup>	55	137	40%	0	0	Niet beschikbaar	Niet beschikbaar
Huisgenoten <sup>5</sup>	4	14	29%	0	0	3	43%

Enquete naar klachten, contact VK

Relatief veel mensen met klachten

Kinderen en volwassenen

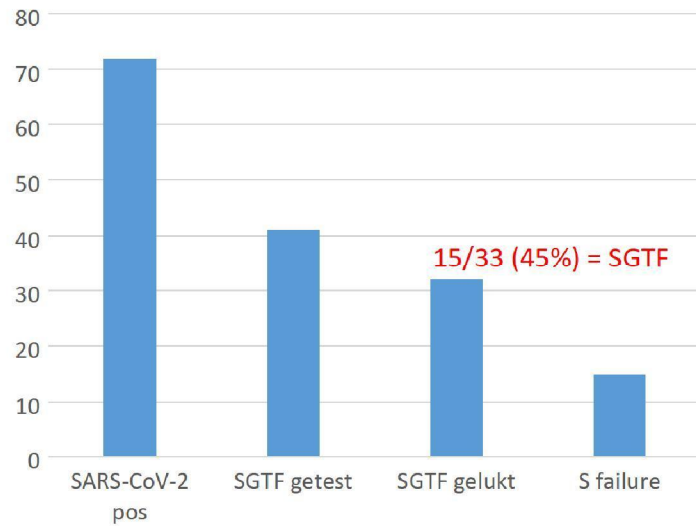
Huisgenoten

Wordt verder uitgewerkt

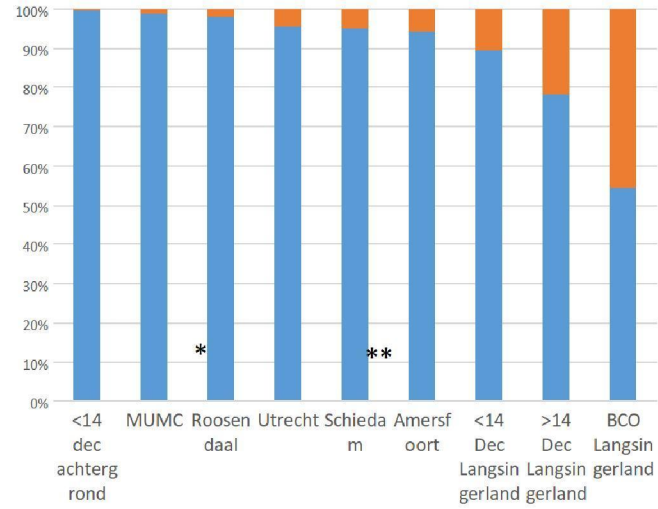
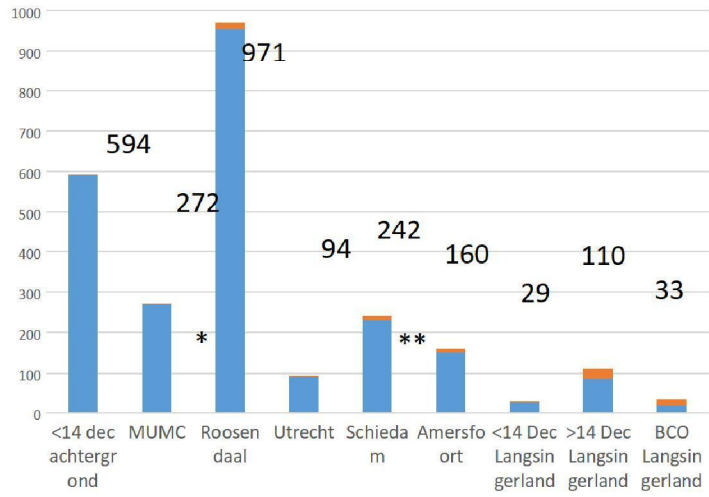


# Screening BCO Willibrord school Lansingerland

72/757 personen SARS-CoV-2 positief (9.5%)



S dropout PCR overige samples en sequencing resultaten volgen asap



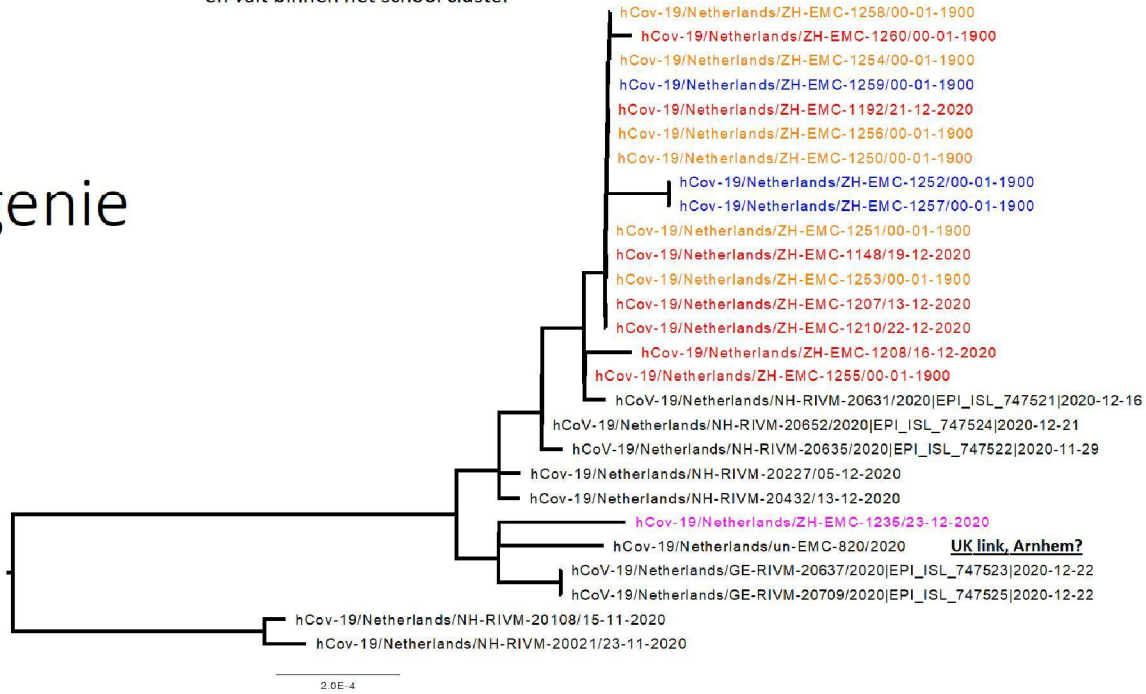
\*MUMC Maastricht geen VOC

\*\*Schiedam 2x VOC

Rood = school Willibrord  
 Blauw = school De Acker  
 Roze = Random Rotterdam  
 Oranje = Lansingerland omgeving

max 4 nt verschil      1nt per 2 weken, 8 weken gaande?  
 max 2 nt verschil  
 afzonderlijke introductie  
 allemaal identiek (afname datum?)  
 en valt binnen het school cluster

# Fylogenie



UK variant

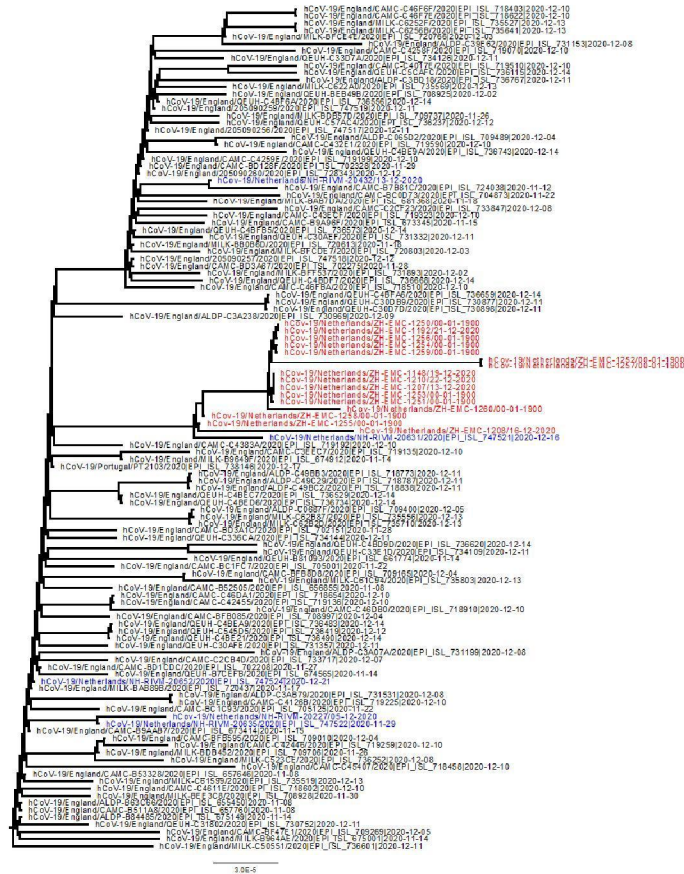
Random sampling  
Rotterdam, geen  
UK/school link

# Ongoing transmissie en verschillende introducties

De school is een duidelijk cluster.

Gelderland, Arnhem zijn ex-UK en afzonderlijke introducties

Amsterdam sequenties hebben tot 5nt verschil, waarschijnlijk minimaal 2 verschillende introducties (blauw)

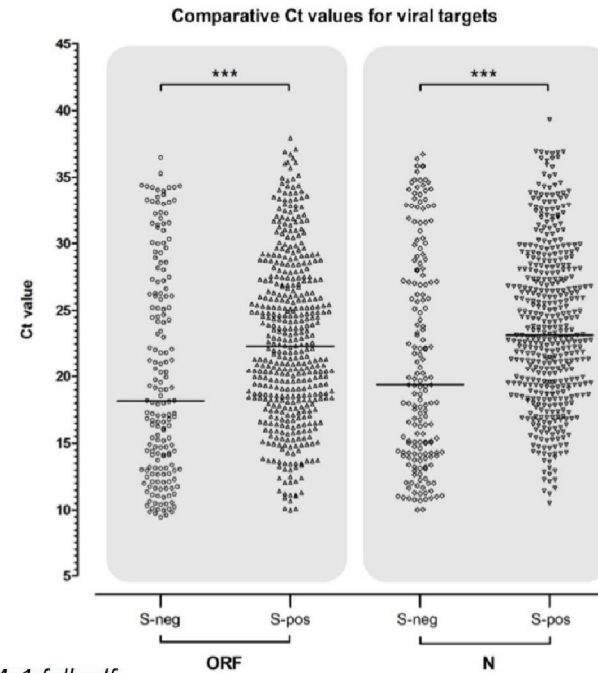
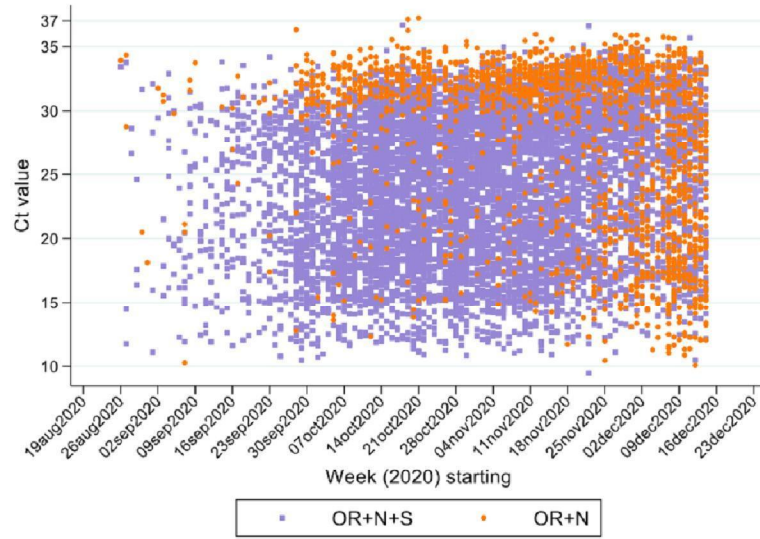


## Vervolg:

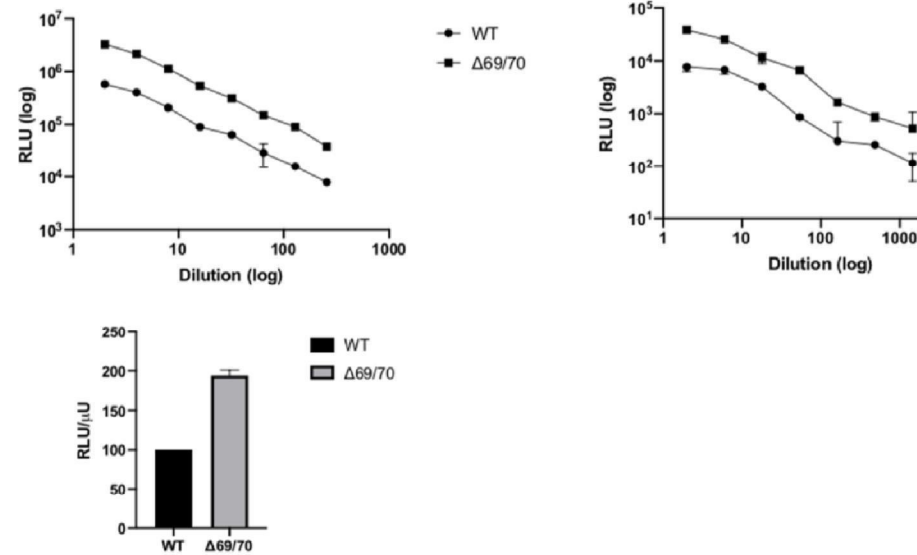
- Ikv grootschalig risicogericht testen: Testen nieuwe school en BSO
- Afronden gegevens verzameling
- Ernst van klachten vergelijken tussen patiënten die wel/niet de UK-variant hebben
- Analyseren van transmissieketens door combinatie van epidemiologische gegevens en sequencing
- Dit dient als input voor beleidsvorming landelijk OMT rondom heropenen scholen

# Significant lower Ct values in recent SFTG samples

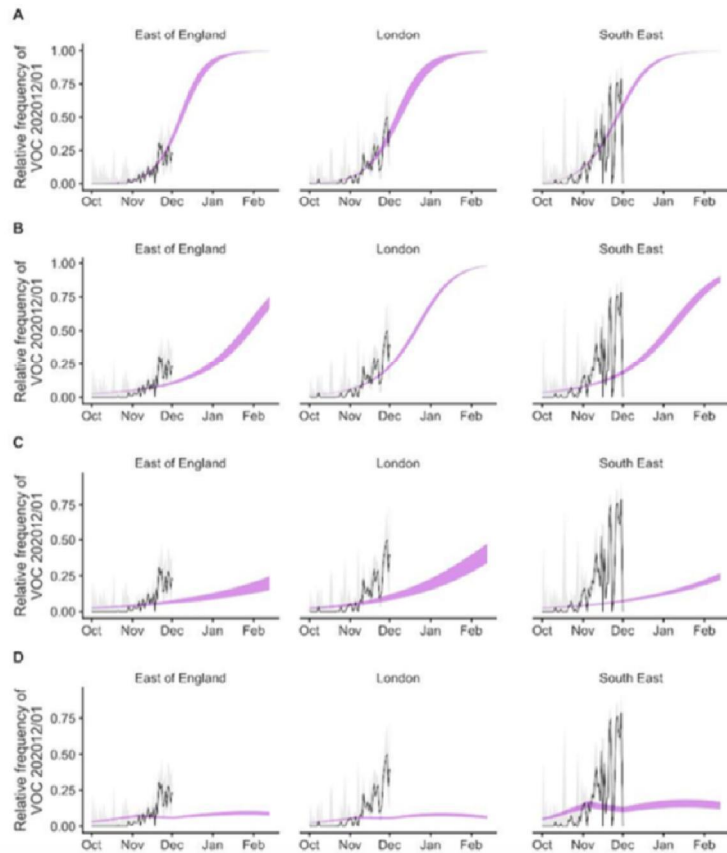
## Regional differences



Pseudovirion  
luciferase assay >  
Higher infectivity with  
del 69/70



**Figure 7: Spike mutant ΔH69/V70 has 2 fold higher infectivity compared to wild type (D614G background) A and B.** Single round Infection of target cells A and B by luciferase expressing lentivirus pseudotyped with SARS-CoV-2 Spike protein (WT versus mutant) on A. 293T cells co-transfected with ACE2 and TMPRSS2 plasmids and B. HeLa cells stably expressing ACE2. C. Data showing Infectivity normalized for virus input using reverse transcriptase activity in virus



Best model fit when adapting models by assuming:

< increased Tx

< immune escape

< increased susceptibility of children

< reduced generation interval



# Severity

- 1,769 variant cases matched to 1,769 wild-type comparator cases
- median age 36 years / 35 years.
- VOC cases more frequently part of cluster (63.5% vs 56.1%, Chi-Squared test  $p=0.00$ ).
- Hospitalised: 16 (0.9%) versus 26 (1.5%) NB time delay. NS
- 28 day case fatality: 12 of 1,340 (0.89%) variant cases compared with 10 of 1,360 (0.73%) wild-type comparator cases. NS
- NB not specified for children

Model fit without VOC Tx increase

Model fit with VOC Tx increase

