

To: 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>
From: 5.1.2e
Sent: Mon 4/27/2020 9:03:18 AM
Subject: Doorst: Fwd: As discussed
Received: Mon 4/27/2020 9:03:21 AM
[MPPIosOne2020.pdf](#)
[2020.04.21.050633v1.full.pdf](#)
[Figure1ABC_MST.pdf](#)
[Hospital study COVID-19_19042020.pdf](#)
[Tables_Hospital study COVID-19_19042020.pdf](#)
[2020.04.16.044503v1.full.pdf](#)

Ter info vooralsnog

Van: 5.1.2e <5.1.2e@erasmusmc.nl>
Datum: 27 april 2020 om 10:32:17 CEST
Aan: 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>, 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>
Onderwerp: Fwd: As discussed

Ter info
Nog niets doen.

Een van de dierenartsen die bemonstert heeft bij 5.1.2e aangegeven dat hij sinds enkele dagen een hoest heeft. Ik heb hem gevraagd om door te geven waar hij woont, welke GGD regio, dan laat ik dat aan 5.1.2e weten

Dan graag Dx bij ons zodat we meteen kunnen sequencen als nodig

5.1.2e

Begin forwarded message:

From: 5.1.2e <5.1.2e@erasmusmc.nl>
Subject: Fwd: As discussed
Date: 27 April 2020 at 10:27:36 CEST
To: 5.1.2e <5.1.2e@wur.nl>

5.1.2e

Ik begrijp vivaria dat er interne weerstand is tegen testen / sequencen bij ons. Wellicht ten onrechte maar als correct eerlijk gezegd not done.
Dat heb ik Cib laten weten ondershands. Zie onderstaand.
Graag oppakken

5.1.2e

Begin forwarded message:

From: "5.1.2e" <5.1.2e@erasmusmc.nl>
Subject: As discussed
Date: 26 April 2020 at 17:09:58 CEST
To: 5.1.2e <5.1.2e@wur.nl>, "5.1.2e" <5.1.2e@uu.nl>, "5.1.2e" <5.1.2e@uu.nl>, "5.1.2e"

(5.1.2e)" <5.1.2e@uu.nl>
Cc: "5.1.2e" <5.1.2e@erasmusmc.nl>, "5.1.2e"
<5.1.2e@erasmusmc.nl>

Allen

Zoals in verschillende combinaties besproken, bijgaand wat achtergrond van de sequencing effort humaan. We hebben dat van begin af aan gedaan en hebben daardoor behoorlijk gedetailleerd zicht op diversiteit. Zie bijgaande drafts die op BioRxiv staan.

050633 is de sequencing tijdens incursie, de files die "hospital study, fig 1 en tables" heten zijn van drie ziekenhuizen in Brabant waar we meer in depth hebben gekeken.

De sequence data staan op GISAID, maar we hebben metadata die we niet uit kunnen sturen maar wel gebruiken in een vergelijking mits we dat in de vertrouwelijkheid van de response structuren kunnen doen.

Ik zou zoals gezegd graag in parallel sequencen. We hebben in het COMPARE project gezien dat je met sequence data van verschillende platforms moet oppassen, als je naar details wilt kijken. Zie paper MPPL OSONE

Tenslotte zagen we in een fretten transmissie experiment (044503) veranderingen in spike die we moeten opvolgen. Ik denk hierbij aan de mogelijkheid van verdere adaptatie richting aerosol verspreiding. We hebben een batterij aan organoid kweken lopen waarin we eerste indicaties van "gedrag" kunnen bekijken.

Ik denk dat dit urgent is, vandaar mijn vraag.

We kunnen sowieso eventuele sequenties vergelijken met de humane data en confidentieel bespreken. Ik moet even uitzoeken wat eventuele restricties zijn maar voor uitbraak onderzoek in dit gremium zijn die er wat mij betreft niet.

Wat we bijvoorbeeld bij presenteren van gevoelige data uit de ziekenhuizen hebben gedaan is geanonimiseerde plaatjes die wel de essentie laten zien (presentaties tweede kamer)

Die kunnen we jullie sturen voor eventuele verdere overleggen en dan zelf ook in de humane response meeting gebruiken.

Wij hebben inmiddels ZONMW speedfunding ontvangen dus kunnen dit budget neutraal doen.

Laten we slagkracht laten zien.

Wat we humaan doen is dat we 100microliter RNA extract vragen, en iets vergelijkbaars aan origineel materiaal. Belangrijk is wel wat de CT's zijn natuurlijk

5.1.2e