

26

januari

2021

(Lab)Inf@ct: COVID-19 (nieuw coronavirusinfectie) (91)

Dit is een gecombineerd Inf@ct-/Labinf@ctbericht.

IN DIT BERICHT:

- Indicaties voor sequenzen in het kader van nieuwe varianten
 - Update nieuwe varianten en kiemsurveillance
 - Indicaties voor sequencing
 - Wat is de rol van de GGD?
 - Werkwijze sequencing

BERICHT:

INDICATIES VOOR SEQUENCEN IN HET KADER VAN NIEUWE VARIANTEN

Update nieuwe varianten en kiemsurveillance

In de huidige COVID-19-pandemie is een doorlopende landelijke monitoring van de verspreiding/ (re)introdactie en evolutie/drift van SARS-CoV-2 via routinematige (kiem)surveillance, uitbraakonderzoek en bron- en contactonderzoek, van essentieel belang voor zicht op en uitvoering van de nationale en lokale bestrijding. Op dit moment worden SARS-CoV-2-sequencing-activiteiten in Nederland primair uitgevoerd door de beide COVID-19-referentielaboratoria bij RIVM en Erasmus MC.

De sequencing-capaciteit in de kiemsurveillance bij het RIVM wordt opgehoogd om met voldoende precisie iets te kunnen zeggen over het voorkomen van varianten in Nederland. Deze informatie kan worden meegewogen in modellen ten behoeve van bestrijding en beleid. Er wordt onder meer gekeken naar de verdeling tussen random monsters uit de teststraten versus die uit de zorg. RIVM-IDS en Erasmus MC hebben daartoe contact met een groot aantal laboratoria die de verschillende regio's in Nederland bedienen. Data gegenereerd in de kiemsurveillance worden gedeeld met de desbetreffende insturende labs en zijn daarnaast voor hen beschikbaar in een visualisatietool vanuit een digitaal platform. Op korte termijn is deze visualisatietool ook beschikbaar voor alle GGD'en en de LCI. Tevens worden sequenties gedeeld via GISAID.

In bijlage 1 een update van in Nederland aangetoonde varianten: [klik hier](#).

Indicaties voor sequencing

1. Sequencing in het kader van kiemsurveillance

In de nationale kiemsurveillance worden de in Nederland circulerende variaties in SARS-CoV-2 gemonitord en in kaart gebracht. Deze monitoring is gebaseerd op het wekelijks analyseren met sequencing van een representatieve steekproef onder SARS-CoV-2-positieve casus. Deze monitoring geeft direct input aan de modellering op het RIVM ten behoeve van beleidsadviezen. Uit deze monitoring is de afgelopen weken het eerste signaal gekomen van aanwezigheid van

de VOC 202012/01 (UK)-variant, de 501Y.V2 (Zuid-Afrika)-variant en de 20B/S.484k (Brazilië)-variant in Nederland. Via de kiemsurveillance wordt op dit moment de verspreiding en toename van circulatie van onder meer de VOC 202012/01- en 501Y.V2-varianten gevolgd, alsmede de aanwezigheid van andere variaties in bijvoorbeeld het spike-eiwit die effect kunnen hebben op besmettelijkheid of immuniteit. Resultaten hiervan zijn input voor de huidige voorspellingen rond de ontwikkeling van deze epidemie. De random sampling gebruikt voor deze monitoring is essentieel voor de hier beschreven doelen.

2. Sequencing bij bijzondere SARS-CoV-2-casuïstiek

Bij bijzondere SARS-CoV-2-casuïstiek kan sequencing ingezet worden om te onderzoeken of varianten een rol spelen. Te denken valt hierbij aan casus met een ongewoon ziektebeeld/ziekteverloop, herinfectieverdenkingen, verdenking op (her)infecties na vaccinatie, infecties in immuungecompromitteerden en infecties waarbij een mogelijk dierreservoir een rol speelt (bijvoorbeeld nertsenhouders). Meestal wordt er in deze situaties breder onderzoek gedaan en wordt aanvullende informatie verzameld via deep sequencing en op basis van een bredere monstername. De verwachting is dat deze analyses toenemen met de toenemende inzet van therapieën en vaccinaties. Voor indicaties kan overlegd worden met het Erasmus MC of het RIVM (LCI en/of IDS).

3. Sequencing vanuit het BCO

In de BCO door de GGD kunnen casus naar voren komen waarbij sequencing van belang is, zoals een persoon met een reishistorie naar een land waar een bijzondere variant circuleert (op dit moment: Zuid-Afrika, Brazilië en Portugal), en/of positieve contacten van een casus geïnfecteerd met een bijzondere variant.

4. Sequencing in cluster- en uitbraakonderzoek

Bij clusters en uitbraken met een ongewoon verloop (bijvoorbeeld: snelle verspreiding, nieuwe setting, ander ziektebeeld of moeilijk onder controle te krijgen) kan informatie over de genetische opmaak van de betrokken SARS-CoV-2-variant(en) aanvullend inzicht geven die gebruikt kan worden voor de bestrijding. Hierbij worden need-to-know (zorg en bestrijding) en nice-to-know (onderzoek) van elkaar onderscheiden. Voor indicaties en overleg over in te sturen aantallen monsters kan contact opgenomen worden met het RIVM (LCI en/of IDS) of het Erasmus MC. De GGD informeert altijd de LCI en de Regionaal Epidemiologisch Consulent als sequencing wordt ingezet.

5. Sequencing n.a.v. epidemiologische signalen

Sequencing is één van de tools die gebruikt worden om de SARS-CoV-2-situatie in Nederland en elders te monitoren. Indien uit andere routine-surveillanceactiviteiten signalen komen van ongewone situaties, kan sequencing ingezet worden. Een voorbeeld hiervan is een ongewone toename in gevallen/ziekenhuisopnames/IC-opnames in een bepaalde regio. Op basis van een representatieve steekproef kan een inschatting gemaakt worden van de benodigde resolutie van sequencing. Vooraf overleg met het RIVM/LCI om de indicatie te bespreken is noodzakelijk.

Wat is de rol van de GGD?

- Sequencing inzetten bij positief geteste personen die in het BCO een reisgeschiedenis aangeven naar één van de specifiek aangewezen hoogrisicolanden: voor nu Zuid-Afrika, Brazilië en Portugal. Er zal via (Lab)Inf@ct regelmatig aangegeven worden voor welke landen sequenzen van positief geteste reizigers gewenst is.

- Intensief brononderzoek inzetten bij uit de kiemsurveillance of uit de kliniek gevonden varianten die nog niet of niet veel voorkomen in Nederland (de 501Y.V2 (ZA)-variant, de 20J/501Y.v3 (Manaus)-variant en de 20B/S.484k (Brazilië)-variant), in het kader van actieve casefinding als onderdeel van surveillance.
- Regulier (volledig) bron- en contactonderzoek na het vaststellen van de VOC 202012/01-variant in de kiemsurveillance. Insturen van stammen voor sequencing is niet nodig, tenzij de betrokken persoon deel uitmaakt van een opvallend cluster of een uitbraak.
- Inzetten van sequenzen bij bijzondere SARS-CoV-2-casuïstiek.
- Sequencing bij clusters zoals beschreven in (Lab)Inf@ct 84 d.d. 24-12-2020.
- De GGD heeft een signalerende functie wat betreft ongewone situaties in de regio, bijvoorbeeld ongewone toename in het aantal COVID-19-gevallen, ziekenhuisopnames of IC-opnames. De GGD kan een dergelijke situatie melden aan de LCI. In overleg kan bekeken worden of er een indicatie is voor nader onderzoek met sequencing.

In bijlage 2 een toelichting : [klik hier](#).

Werkwijze sequencing

De werkwijze voor insturen van monsters voor sequencing door GGD'en is conform wat eerder gecommuniceerd in (Lab)Inf@ct 84.

Anders dan gecommuniceerd in (Lab)Inf@ct 84:

- Insturen van individuele monsters en bijbehorende gegevens: GGD neemt direct contact op met IDS of Erasmus MC.
- De GGD informeert het LCI over de vastgestelde varianten indien deze: nog niet veel in Nederland zijn vastgesteld, in clusters voorkomen, in een setting met kwetsbaren worden vastgesteld en bij bijzondere casuïstiek.
- Als monsters worden ingestuurd in het kader van clusteronderzoek informeert de GGD altijd het LCI en de Regionaal Epidemiologisch Consulent.
- De aanvragende GGD ontvangt een terugrapportage over de sequence-resultaten in het kader van clusters van RIVM-IDS of het Erasmus MC. We verzoeken de GGD de conclusies met de LCI te delen als input voor eventuele aanpassing van landelijk beleid. Dit is mogelijk via de automatische clusterrapportage in HPZone. In de clustermelding dient in het 'Memofield: opmerkingen t.b.v. LCI' een korte omschrijving van de resultaten te worden toegevoegd en indien van toepassing dat het gaat om een variant stam en welke stam (VK-variant/Z-A-variant / P1- of P2-Brazilië-variant). De landelijke werkwijze Situations HPZone vind u op Viadesk.
- Als een GGD sequencing wil gaan inzetten n.a.v. epidemiologische signalen is vooraf overleggen met het RIVM/LCI noodzakelijk.

Het lokale laboratorium dat het monster instuurt, ontvangt de sequencing resultaten van individuele monsters vanuit het RIVM-IDS of het Erasmus-MC. Als er een variant gevonden wordt, geeft het lokale laboratorium de uitslag altijd door aan de GGD. Dit geldt zowel voor monsters vanuit de kiemsurveillance als voor om andere reden ingestuurd materiaal. De doorlooptijd tussen insturen van de samples en het ontvangen van de uitslag is afhankelijk van verschillende factoren, kan per laboratorium verschillen en neemt doorgaans enkele dagen in beslag.

Contactgegevens

- Overleg met uw regionale GGD over casuïstiek of mogelijk verdachte gevallen in uw regio. Het nummer is te vinden op www.ggd.nl.

- RIVM-LCI: tel. [5.1.2e] (ook buiten kantooruren bereikbaar)
- RIVM dd. viroloog: tel. [5.1.2e] (ook buiten kantooruren bereikbaar)
- RIVM dd. arts-microbioloog: [5.1.2e] (ook buiten kantooruren bereikbaar)
- Erasmus MC, dd. viroloog unit Klinische Virologie afdeling Viroscience: tel. [5.1.2e]
(buiten kantooruren: [5.1.2e])

Meer informatie

- [ECDC](#)
- [WHO](#) en [Dagelijkse WHO situation reports](#)
- [RIVM \(algemene informatie\)](#)
- [LCI-richtlijn COVID-19](#)
- [Richtlijn Uitvoering COVID-19-vaccinatie 2021](#)
- [Rijksoverheid](#)

Auteurs: [5.1.2e], [5.1.2e], [5.1.2e], [5.1.2e],
[5.1.2e], [5.1.2e], [5.1.2e], [5.1.2e], [5.1.2e],
[5.1.2e] (RIVM-Cib), [5.1.2e], [5.1.2e] (Erasmus MC),
[5.1.2e] (GGD Hart voor Brabant/RAC), [5.1.2e], [5.1.2e] (GGD
Gelderland-Midden/RAC), [5.1.2e], [5.1.2e] (RIVM-Cib)