

Casus rapport mogelijke SARS-CoV-2 uitbraak in een zangkoor

d.d. 13-08-2020

Introductie

SARS-CoV-2 heeft al meerdere malen gezorgd voor lokale uitbraken. Het is belangrijk om door middel van sequentie analyse proberen in te schatten of het gaat 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 alle beschikbare (>2300) 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 en Servië 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 genomen.

Binnengekomen samples

In totaal zijn 5 monsters ontvangen waarvan in totaal 4 succesvol zijn gesequenced.

Onderzoeksvraag

In hoeverre zijn de SARS-CoV-2 positieve gevallen van het zangkoor deel van een transmissiecluster (behoren de medewerkers tot een cluster)?

Resultaten

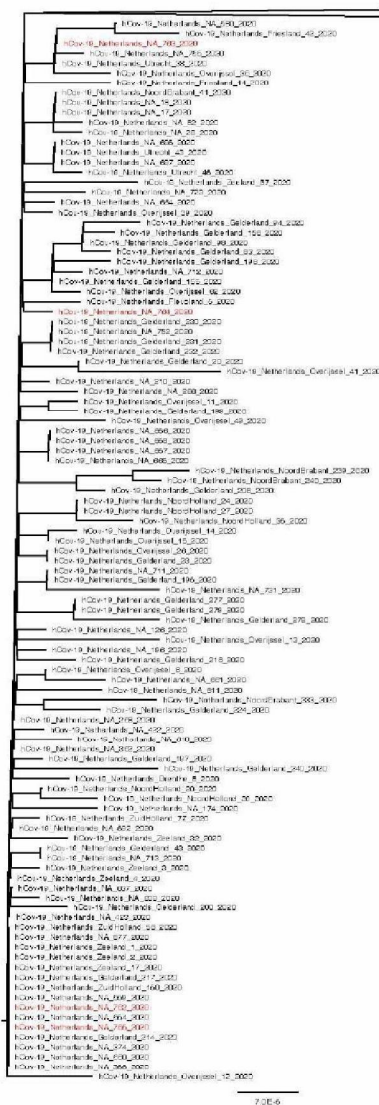
De sequenties clusteren samen en maken hoogstwaarschijnlijk deel uit van een transmissie cluster. Twee sequenties zijn identiek terwijl twee andere sequenties 1 nucleotide verschillen van deze sequenties. Deze sequenties maken deel uit van een groter cluster met Nederlandse sequenties (afkomstig uit onder andere Zeeland, Utrecht, Zuid-Holland en Gelderland) maar gezien de epidemiologische data gecombineerd met de sequence data is het aannemelijk dat er transmissie op het zangkoor heeft plaatsgevonden.

© 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 samples.

Sample:	Ct waarde	Afname datum:	Naam:
5.1.2e	23,28	NA	hCov-19/Netherlands/NA_762/2020
5.1.2e	25,36	NA	hCov-19/Netherlands/NA_763/2020
5.1.2e	13,69	NA	hCov-19/Netherlands/NA_764/2020
5.1.2e	28,00	NA	hCov-19/Netherlands/NA_765/2020
5.1.2e	36,55	NA	NA



Figuur 1. Zoom van de fylogenetische **5.1.2e**: Sequenties uit deze studie zijn weergegeven in rood.

© 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

derasmusmc.nl of

5.1.2e

derasmusmc.nl

Annex 1. Volledige ML Tree: Sequenties uit deze studie zijn weergegeven in rood.

© 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