

To: 5.1.2e [5.1.2e @rivm.nl]; 5.1.2e [5.1.2e @rivm.nl]; 5.1.2e [5.1.2e @rivm.nl]; 5.1.2e [5.1.2e @rivm.nl]
Cc: 5.1.2e [5.1.2e @rivm.nl]
From: 5.1.2e
Sent: Mon 2/8/2021 9:19:16 AM
Subject: FW: Overzicht NIVEL COVID-19.xlsx - sequencing voor I-MOVE COVID-19 project
Received: Mon 2/8/2021 9:19:17 AM
[Overzicht NIVEL COVID-19.xlsx](#)

Beste collega's,

Ik heb in verleden er diverse keren over gehad dat wij, samen met EPI en NIVEL, aan project I-MOVE COVID-19 meedoen. We doen al jaren mee aan I-MOVE influenza waarbij de huisartsenpeilstation surveillance lab data en klinische en epi data gebruikt wordt voor een Test Negative Design vaccin effectiveness bepaling. Sequencing influenzavirussen hoort daarbij om VE data te kunnen correleren met eigenschappen van de virussen die uit sequenties zijn te deduceren, o.a. ivm antigene epitopen en vaccin escape, maar ook veranderde epidemiologische kenmerken zoals receptorgebruik. Lab en klinische/epi data worden in project gepooled voor meerdere landen om zo statistisch meer onderbouwd iets te kunnen zeggen.

Voor I-MOVE COVID-19 doen we nu hetzelfde. Er moeten zoveel als mogelijk van de SARS-CoV-2 positieve peilstationmonsters gesequencet worden; dus eigenlijk poging op alle positieve monsters tenzij de virale load zo laag is dat van te voeren het al tot mislukken gedoemd is. Voor het project moet ik dan de reden dat er geen sequentie is weten om dat te kunnen rapporteren. Het contract met ECDC/EC is recent rondgekomen, maar data waren we al vanaf begin in 2020 aan het verzamelen. **Eerste deadline voor rapport is midden maart. Daarom wil ik graag komende twee weken de rapportage gereed maken.**

5.1.2e bewaakt het sequenzen van de NIVEL monsters zo goed als dat gaat, en dat houd ik graag zo (@5.1.2e akkoord?). Ze heeft bijgevoegd overzicht gemaakt waarbij nog een aantal vragen open staan:

- Van een aantal monsters zijn er wel sequenties, maar die zijn nog niet vrijgegeven. @5.1.2e kun jij checken wat daarmee is? Als niet goed zijn dan zouden ze graag overgedaan worden als de load voldoende is (@5.1.2e om in te plannen).
- Een aantal monsters zijn nog niet gesequencet, hebben wel voldoende load, dus die graag alsnog inplannen. @5.1.2e dat was al gebeurd zodat we sequenties ergens deze of volgende week hebben?
- Wat nog te boek staat als niet geupload in GISAID is inmiddels gedaan; @5.1.2e graag bestand dan updaten met stamnamen en GISAID nummers

Bestand is dus levend. 5.1.2e houdt het bij. Ik zal dat bestand gebruiken om de rapportage aan I-MOVE te maken. Hiermee leveren we ook een belangrijke bijdrage aan Europees vaccin effectiveness onderzoek

Voor uren schrijven en materiaal kosten is er nu **projectnummer: E/113546/01/AA**. Er is voor IDS voor de periode van 2 jaar 5.1.2b voor P-kosten en 5.1.2b voor M-kosten. Dat is nog voor pakweg 1 ½ jaar. Retrospectief voor 2020 schrijven gaat niet meer, dus vooral nu gebruik van maken. Daar zitten dus uren in voor mijzelf, analisten, 5.1.2e. En materiaal kosten voor MINion sequencing. Beheer zit bij EPI. @5.1.2e hoe regelen en bewaken we tijdschrijverij en materiaal budget inzet? UNILAB jongens hebben ook nog wat knutselgeld nodig voor werk deze week.

Hoop dat het zo duidelijk is. Hoor graag wat er allemaal op de rit staat zodat ik projectcoördinator EPICONCEPT in Parijs kan laten weten wat ik voor einde februari aan ga leveren voor hun analyses.

Met vriendelijke groeten,

5.1.2e