

To: 5.1.2e <5.1.2e@mumc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@erasmusmc.nl>;
 5.1.2e <5.1.2e@meandermc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@meandermc.nl>; Moleculaire diagnostiek MMB <5.1.2e@mumc.nl>;
 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@bravis.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@bravis.nl>
Cc: 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@umcg.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@umcg.nl>; 5.1.2e
 <5.1.2e@umcutrecht.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@umcutrecht.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@mumc.nl>
From: 5.1.2e
Sent: Wed 1/20/2021 4:54:23 PM
Subject: RE: TaqPath testen --> CUT-OFF
Received: Wed 1/20/2021 4:54:27 PM

Dank voor het delen 5.1.2e

We zien veel deleties op diverse plekken. Erg interessant dat deze 69/70 deletie meermalen in verschillende lineages gezien wordt. Zoals in de B.1.258 lineage die regelmatig gezien wordt in NL. (en die dus ook de drop-out veroorzaakt)

Hetzelfde kan inmiddels gezegd worden over de mutaties in RBD (bv 484 en 501).

De rol van specifieke mutaties of de deletie zal hopelijk de komende tijden meer duidelijk worden door manuscripten zoals deze die jij doorstuurt.

5.1.2e

From: 5.1.2e <5.1.2e@mumc.nl>
Sent: dinsdag 19 januari 2021 14:47
To: 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@erasmusmc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@meandermc.nl>;
 <5.1.2e@meandermc.nl>; Moleculaire diagnostiek MMB <5.1.2e@mumc.nl>; 5.1.2e
 <5.1.2e@rivm.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@bravis.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@bravis.nl>
Cc: 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@umcg.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@umcg.nl>; 5.1.2e
 <5.1.2e@umcutrecht.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@umcutrecht.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@mumc.nl>
Subject: RE: TaqPath testen --> CUT-OFF

Beste 5.1.2e beste allen,

Naar aanleiding van de observatie dat er een aantal regio's in Nederland (waaronder Zuid-Limburg) proportioneel weinig UK varianten vinden onder S-target drop-outs, ben ik in de literatuur deze zeer recente studie tegengekomen.

Het lijkt erop dat met name de H69V70 deletie in de spike een enorm effect heeft op de infectiviteit en niet zozeer de puntmutaties die er mee gepaard gaan (zoals N501Y en N439K). Dit verklaart mogelijk ook waarom deze deletie zo vaak onafhankelijk opduikt. Uiteraard gaat dit slechts om een *in vitro* studie (en een preprint), maar ik vond het wel nuttig dit even te delen.

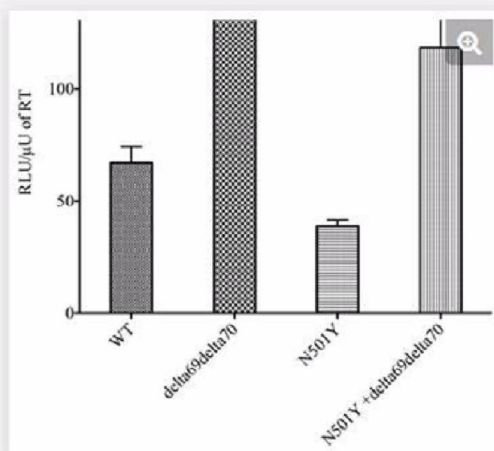
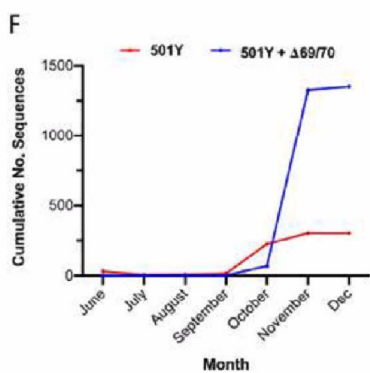
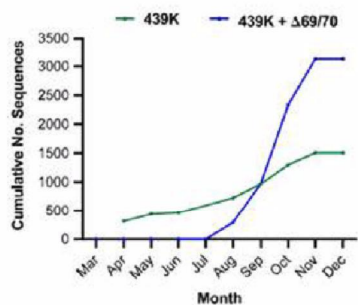


Figure 5:

[Download figure](#) | [Open in new tab](#)

Spike mutant Δ H69/V70 has 2 fold higher infectivity compared to wild type (D614G background) and compensates for infectivity defect of Spike N501Y.

Single round infection of target cells A and B by luciferase expressing lentivirus pseudotyped with SARS-CoV-2 Spike protein on 293T cells co-transfected with ACE2 and TMPRSS2 plasmids. Data showing infectivity normalized for virus input using reverse transcriptase activity in virus supernatants: RLU – relative light units; U – unit of reverse transcriptase activity (RT). Data are representative of 2 independent experiments.



Mvg,

5.1.2e

On behalf of Maastricht UMC+,

5.1.2e

Medical Microbiology

P. Debyelaan 25 | NL-6229 HX Maastricht
Postbus 5800 | NL-6202 AZ Maastricht

E 5.1.2e @mumc.nl | T +31 (0) 5.1.2e

Van: 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>

Verzonden: donderdag 14 januari 2021 18:31

Aan: 5.1.2e <5.1.2e@mumc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@erasmusmc.nl>;

5.1.2e @meandermc.nl <5.1.2e@meandermc.nl>; Moleculaire diagnostiek MMB

<5.1.2e@mumc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>; 5.1.2e @bravis.nl <5.1.2e@bravis.nl>

CC: 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>; 5.1.2e @umcg.nl <5.1.2e@umcg.nl>; 5.1.2e

@umcutrecht.nl <5.1.2e@umcutrecht.nl>

Onderwerp: RE: TaqPath testen --> CUT-OFF

Beste 5.1.2e

Het is inderdaad bekend dat er meerdere varianten (lineages) circuleren met de 69/70 deletie. De variant meer de N439K circuleert al langer en Nederland en is ook eerder opgepikt in een eerder uitbraak onderzoek in november bijvoorbeeld.

Dit geeft maar weer eens aan hoe belangrijk de conformatie van de UK variant is dmv sequencing.

Met vriendelijke groet

5.1.2e

From: 5.1.2e <5.1.2e@mumc.nl>

Sent: woensdag 13 januari 2021 14:32

To: 5.1.2e <5.1.2e@erasmusmc.nl>; 5.1.2e @meandermc.nl' <5.1.2e@meandermc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>; Moleculaire diagnostiek MMB <5.1.2e@mumc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>; 5.1.2e @bravis.nl' <5.1.2e@bravis.nl>

Cc: 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>; 5.1.2e @umcg.nl' <5.1.2e@umcg.nl>; 5.1.2e @umcutrecht.nl' <5.1.2e@umcutrecht.nl>

Subject: RE: TaqPath testen --> CUT-OFF

Hoi 5.1.2e

Wij gaan morgen nog samples van 7 contacten van de 3 personen met bevestigde UK variant sequenzen. Verder hebben we voorlopig geen nieuwe screenings meer gedaan. Begin volgende week gaan we wel weer 93 positieve monsters van de GGD sequenzen m.b.t. kiemsurveillance. Opmerkelijk is wel dat wij van de 13 S-target drop-outs er 8 hebben die niet tot de clade van de UK variant horen, maar wel de H69V70 deletie hebben in combinatie met de N439K mutatie in de spike (en het lijkt op het eerste zicht niet om 1 cluster te gaan).

Mvg,

5.1.2e

On behalf of Maastricht UMC+,

5.1.2e

Medical Microbiology

P. Debyelean 25 | NL-6229 HX Maastricht
Postbus 5800 | NL-6202 AZ Maastricht

E 5.1.2e @mumc.nl | T +31 5.1.2e

Van: 5.1.2e <5.1.2e@erasmusmc.nl>

Verzonden: woensdag 13 januari 2021 14:20

Aan: 5.1.2e @meandermc.nl' <5.1.2e@meandermc.nl>; 5.1.2e @rivm.nl' <5.1.2e@rivm.nl>; Moleculaire diagnostiek MMB <5.1.2e@mumc.nl>; 5.1.2e @rivm.nl' <5.1.2e@rivm.nl>; 5.1.2e @bravis.nl' <5.1.2e@bravis.nl>

CC: 5.1.2e @rivm.nl' <5.1.2e@rivm.nl>; 5.1.2e @umcg.nl' <5.1.2e@umcg.nl>; 5.1.2e @umcutrecht.nl' <5.1.2e@umcutrecht.nl>; 5.1.2e @mumc.nl

Onderwerp: RE: TaqPath testen --> CUT-OFF

Dank!

5.1.2e MUMC-team: hebben jullie ook nog een update voor me?

Liefst vandaag ☺

Dan stuur ik jullie in een keer alle data rond.

Vrijdag hou ik een kort verhaal op een LCDK/NVMM seminar. Zou ook graag de data van dit ad-hoc consortium presenteren....

Ik neem aan dat iedereen dat Ok vind ?

5.1.2e

Best regards,

5.1.2e

5.1.2e

5.1.2e

Viroscience

Clinical Virology Unit



P.O. Box 2040, 3000 CA Rotterdam, The Netherlands, internal postal address Wytemaweg 80, 3015 CN

Visiting address: office Na-1016, Dr.Molewaterplein 40, 3015 GD Rotterdam, The Netherlands

Email 5.1.2e@erasmusmc.nl | Telephone +31 [5.1.2e](tel:5.1.2e) Telephone +31 [5.1.2e](tel:5.1.2e)

www.erasmusmc.nl

From: 5.1.2e [@meandermc.nl](mailto:5.1.2e@meandermc.nl) <5.1.2e@meandermc.nl>
Sent: woensdag 13 januari 2021 09:59
To: 5.1.2e <5.1.2e@erasmusmc.nl>; 5.1.2e [@rivm.nl](mailto:5.1.2e@rivm.nl); 5.1.2e [@mumc.nl](mailto:5.1.2e@mumc.nl);
 5.1.2e [@rivm.nl](mailto:5.1.2e@rivm.nl); 5.1.2e [@bravis.nl](mailto:5.1.2e@bravis.nl)
Cc: 5.1.2e [@rivm.nl](mailto:5.1.2e@rivm.nl); 5.1.2e [@umcg.nl](mailto:5.1.2e@umcg.nl); 5.1.2e [@umcutrecht.nl](mailto:5.1.2e@umcutrecht.nl); 5.1.2e [@mumc.nl](mailto:5.1.2e@mumc.nl)
Subject: RE: TaqPath testen --> CUT-OFF

5.1.2e

Bijgaand de laatste update van de 10K test. Ons reagens is nu op.
 Materialen met S-gen dropout komen vandaag met een taxi jullie kant op.

Groeten,

5.1.2e

Van: 5.1.2e
Verzonden: maandag 11 januari 2021 21:52
Aan: 5.1.2e <5.1.2e@erasmusmc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>; 'Moleculaire diagnostiek MMB'
 <5.1.2e@mumc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@bravis.nl>
CC: 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>; 5.1.2e [@umcg.nl](mailto:5.1.2e@umcg.nl) <5.1.2e@umcg.nl>; 5.1.2e
 <5.1.2e@umcutrecht.nl> <5.1.2e@umcutrecht.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@mumc.nl>
Onderwerp: RE: TaqPath testen --> CUT-OFF

Ha 5.1.2e en anderen,

Zie bijgaand.

Of note: er zijn 5 medewerkers van dezelfde afdeling (vermoedelijk cluster) met een S-gen dropout. Eigenlijk zouden we deze als 1 moeten tellen.

Naast 4.6% S-gen dropouts vonden we ook nog 2 N-gen dropouts.

Morgen hopen we de laatste testen in te zetten.

Groeten,

5.1.2e

Van: 5.1.2e [5.1.2e @erasmusmc.nl]

Verzonden: vrijdag 8 januari 2021 16:24

Aan: 5.1.2e <5.1.2e @rivm.nl>; 'Moleculaire diagnostiek MMB' <5.1.2e @mumc.nl>; 5.1.2e
<5.1.2e @rivm.nl>; 5.1.2e <5.1.2e @bravis.nl>
CC: 5.1.2e <5.1.2e @rivm.nl>; 5.1.2e @umcg.nl' <5.1.2e @umcg.nl>; 5.1.2e
'@umcutrecht.nl' <5.1.2e @umcutrecht.nl>; Nijhuis, R.H.T. (Roel) <5.1.2e @meandermc.nl>; 5.1.2e
<5.1.2e @mumc.nl>

Onderwerp: Re: TaqPath testen --> CUT-OFF

Hi allen,

Om resultaten wat meer gestandaardiseerd te maken: zie bijlagen met voorstel (maakt het voor jullie denk ook makkelijker).

Inderdaad is random screening, al is dat soms ook lastig. Een random geval kan ook tot een cluster leiden...

Bottom-line is dat we zicht krijgen op verspreiding.

Opmerking over vertrouwelijkheid lijkt me logisch, maar goed om toch expliciet te benoemen.

Kan iedereen maandag een update geven ? (of eerder mag ook).

Dan probeer ik begin van de week een terugkoppeling naar deze groep te doen.

5.1.2e

From: 5.1.2e <5.1.2e @rivm.nl>

Sent: Friday, January 8, 2021 1:09 PM

To: 'Moleculaire diagnostiek MMB' <5.1.2e @mumc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e @rivm.nl>;

5.1.2e <5.1.2e @erasmusmc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e @bravis.nl>
Cc: 5.1.2e <5.1.2e @rivm.nl>; 5.1.2e @umcg.nl' <5.1.2e @umcg.nl>; 5.1.2e
'@umcutrecht.nl' <5.1.2e @umcutrecht.nl>; 5.1.2e @meandermc.nl' <5.1.2e @meandermc.nl>; 5.1.2e
(5.1.2e) <5.1.2e @mumc.nl>

Subject: RE: TaqPath testen --> CUT-OFF

Beste Allen,

De vraag/het verzoek over een gezamenlijk cut-off was ook zeker niet bedoeld als commentaar naar 5.1.2e of wie dan ook.

Het viel me gewoon op dat er meerdere standaarden gehanteerd worden. Fijn als iedereen zich kan vinden in een genormaliseerde standaard. Dank.

Volgens deze nu afgesproken standaard/cut-off hebben wij 21 S-dropouts op 438 random geselecteerde monsters (4.8%).

10 hiervan zijn middels sequencing reeds geconformeerd dat het UK variant betreft.

Wij gaan volgende week een tweede grote screen inzetten om te kijken of de prevalentie in regio Amsterdam toegenomen is.

Wellicht goed om binnen de terug koppeling van resultaten duidelijk aan te geven of het random screen van monsters betreft of een specifieke uitbraak met verdenking UK variant. Dat zijn twee verschillende insteken en getallen dus goed om los van elkaar te zien.

Daarnaast nog een vriendelijk verzoek aan iedereen, dat we elkaar op de hoogte houden als er data vanuit deze samenwerking gecommuniceerd wordt met de media. We delen hier vertrouwelijk data die nog in wording is. We praten openlijk over cut-offs en er monsters die nog geconformeerd moeten worden middels sequencing. Ik hoor graag als de data naar buiten gaat zodat gecheckt kan worden of de data klopt, sequencing al wel of niet gedaan is maar ook ivm de check of de resultaten al naar de juiste instanties zijn terug gekoppeld (GGD Amsterdam/Streeklab etc)
Dank.

Fijn weekend alvast

5.1.2e

From: 5.1.2e <5.1.2e@mumc.nl> **On Behalf Of** Moleculaire diagnostiek MMB
Sent: donderdag 7 januari 2021 19:01
To: 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@erasmusmc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@bravis.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>
Cc: 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>; 5.1.2e @umcg.nl <5.1.2e@umcg.nl>; 5.1.2e @umcutrecht.nl <5.1.2e@umcutrecht.nl>; 5.1.2e @meandermc.nl <5.1.2e@meandermc.nl>; Moleculaire diagnostiek MMB <5.1.2e@mumc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@mumc.nl>
Subject: RE: TaqPath testen --> CUT-OFF

Dat is prima!

Ik had voornamelijk gemeld de $ct \leq 31$, omdat wij dus alleen de materialen met een originele $ct \leq 31$ getest hadden.
 Fijn dat we nu eenduidig gaan rapporteren.

Mvg

5.1.2e

Van: 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>
Verzonden: donderdag 7 januari 2021 8:50
Aan: 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@erasmusmc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@bravis.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>
CC: 5.1.2e <5.1.2e@umcg.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@umcutrecht.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@meandermc.nl>; Moleculaire diagnostiek MMB <5.1.2e@mumc.nl>
Onderwerp: RE: TaqPath testen --> CUT-OFF

Rapport lijkt mij okay. En gen in TaqPath met hoogste Ct bepaalt per monster $Ct < 32$ de inclusie, kan N zijn of Orflab. Dan is het helder.

Als er veel verschil is in uitval door $Ct \geq 32$ tussen labs kan dat natuurlijk wel de noemer beïnvloeden en daarmee percentage S uitval. Dat komt dan uit analyse $(X-Y)/X$ per lab.

Mvg

5.1.2e

From: 5.1.2e <5.1.2e@erasmusmc.nl>
Sent: donderdag 7 januari 2021 08:07
To: 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@bravis.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>
Cc: 5.1.2e <5.1.2e@mumc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@umcg.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@umcutrecht.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@meandermc.nl>; Moleculaire diagnostiek MMB <5.1.2e@mumc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@mumc.nl>
Subject: Re: TaqPath testen --> CUT-OFF

Op basis van Taqpath Ct
Labs hebben ook Panther etc en ct toch niet echt vergelijkbaar tusssn systemen

Includeren: N of Orf1ab < 32

Rapport

X getest waarvan Y interpreteerbaar (ct<32) waarvan Z bevat Sdel waarvan V bevestigd B1.1.7 met sequencing

Zoiets ?

5.1.2e

Van: 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>
Verzonden: Wednesday, January 6, 2021 11:08:23 PM
Aan: 5.1.2e <5.1.2e@erasmusmc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@bravis.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>
CC: 5.1.2e <5.1.2e@mumc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>; 5.1.2e @umcg.nl
 <5.1.2e@umcg.nl>; 5.1.2e @umcutrecht.nl <5.1.2e@umcutrecht.nl>; 5.1.2e @meandermc.nl
 <5.1.2e@meandermc.nl>; Moleculaire diagnostiek MMB <5.1.2e@mumc.nl>; 5.1.2e
 <5.1.2e@mumc.nl>

Onderwerp: RE: TaqPath testen --> CUT-OFF

Hoi,

Voorstel is dan om de **selectie voor S-dropout rapportage** (en sequencing?) te maken op 'ORF1 <32 en N <32'.
 Het gen met laagste Ct bepaalt of monster wordt geselecteerd. 'ORF1 >32 en N <32' en 'ORF1 <32 en N >32'
 selecteren we niet voor rapportage S-dropout. Klopt? Stoppen we die wel in de noemer als niet S-dropout?

Of gaat het hier om de **voorselectie op eigen PCR Ct waarde** welke monsters geselecteerd worden om TaqPath
 assay op uit te voeren? Dan hebben we een heel ander beeld met Ct cutoff en op welk gen van eigen PCR
 gebaseerd dan omdat Ct waarden tussen testen, labs en genen moeilijk te standaardiseren zijn op 1 Ct waarde
 cutoff per workflow voor vergelijkbare virale load.

Mvg

5.1.2e

From: 5.1.2e <5.1.2e@erasmusmc.nl>
Sent: woensdag 6 januari 2021 19:36
To: 5.1.2e <5.1.2e@bravis.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>
Cc: 5.1.2e <5.1.2e@mumc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>; 5.1.2e @umcg.nl;
 5.1.2e @umcutrecht.nl; 5.1.2e @meandermc.nl; 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>; Moleculaire diagnostiek MMB
 <5.1.2e@mumc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@mumc.nl>

Subject: Re: TaqPath testen --> CUT-OFF

Prima wat mij betreft

5.1.2e

Van: 5.1.2e <5.1.2e@bravis.nl>
Verzonden: Wednesday, January 6, 2021 7:29:08 PM
Aan: 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>
CC: 5.1.2e <5.1.2e@mumc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@erasmusmc.nl>; 5.1.2e
 <5.1.2e@rivm.nl>; 5.1.2e @umcg.nl <5.1.2e@umcg.nl>; 5.1.2e @umcutrecht.nl <5.1.2e
 @umcutrecht.nl>; 5.1.2e @meandermc.nl <5.1.2e@meandermc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>;
 Moleculaire diagnostiek MMB <5.1.2e@mumc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@mumc.nl>

Onderwerp: Re: TaqPath testen --> CUT-OFF

Helemaal eens, goed voorstel *

Vriendelijke groet,

5.1.2e

Medisch moleculair microbioloog

Microvida

Locatie Bravis
Boerhaavelaan 25
4708 AE Roosendaal
Tel 088-7068314

Locatie Amphia
Molengracht 21
4818 CK Breda
Tel 076-5953015

Locatie Zorgsaam
Wielingenlaan 2
4535 PA Terneuzen
0115-688700

www.microvida.nl

Verstuurd vanaf mijn iPhone

Op 6 jan. 2021 om 18:24 heeft 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl> het volgende geschreven:

*** DIT IS EEN EXTERNE EMAIL: klik niet op een link of open geen bijlage tenzij je de afzender vertrouwt. ***

Beste Allen,
Er wordt gewerkt aan een mooie en belangrijke data set door op verschillende locaties te kijken naar de S-drop out Taqpath PCR.
Echter, ik merk in de verschillende e-mails dat er verschillende cut-offs worden gebruikt.
Lieke rapporteert hieronder met Ct<31, wijzelf splitsen in Ct<30 en Ct<38, Suzan Ct<32.

Ik denk dat het zeer belangrijk is hier consensus over te hebben.

Ikzelf stel voor alles te rapporteren met Ct<32 (voor beide andere targets).

Als er andere voorstellen zijn hoor ik dat graag en sta ik daar uiteraard voor open. Het belangrijkste is dat we zaken netjes vergelijken als we % van de ene regio willen vergelijken met andere regio.

5.1.2e

5.1.2e 5.1.2e

Wetenschappelijk medewerker Emerging & Endemic Viruses (EEV)
Centre for Infectious Diseases Research, Diagnostics and Laboratory Surveillance (IDS),
National Institute for Public Health and the Environment (RIVM),
Antonie van Leeuwenhoeklaan 9,
3721 MA, Bilthoven, The Netherlands
+31 5.1.2e

5.1.2e @rivm.nl

From: 5.1.2e <5.1.2e @mumc.nl>
Sent: zondag 3 januari 2021 16:31
To: 5.1.2e <5.1.2e @erasmusmc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e @rivm.nl>; 5.1.2e <5.1.2e @umcg.nl>; 5.1.2e <5.1.2e @umcutrecht.nl>; 5.1.2e <5.1.2e @meandermc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e @bravis.nl>; 5.1.2e <5.1.2e @bravis.nl>
Cc: Moleculaire diagnostiek MMB <5.1.2e @mumc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e @mumc.nl>
Subject: RE: TaqPath testen

Ho 5.1.2e n anderen,

Wij hebben nog een aantal runs verwerkt. We hebben ivm mogelijk sequenzen alleen materialen meegenomen met CT<31.
 Er zijn nu in totaal 649 positieve materialen getest, vanaf 15-12-2020 en de meerderheid van samples was van 24-12 t/m 31-12.

In totaal zijn er 13 S-gen drop outs gevonden (2%). Erg weinig dus, in verhouding tot landelijk.
 We zouden graag van de 10 nieuwe morgen RNA opsturen voor sequenzen en die resultaten afwachten om te besluiten of het zinvol is om nog meer te testen.

Met vriendelijke groet

5.1.2e

Van: 5.1.2e <5.1.2e @erasmusmc.nl>
Verzonden: zondag 3 januari 2021 11:01
Aan: 5.1.2e <5.1.2e @umcg.nl>; 5.1.2e <5.1.2e @umcutrecht.nl>; 5.1.2e <5.1.2e @meandermc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e @bravis.nl>
CC: Moleculaire diagnostiek MMB; 5.1.2e <5.1.2e @mumc.nl>
Onderwerp: Re: TaqPath testen

Tuurlijk zitten er mitsen en maren aan...

Maar a) kun je soms al wel een idee van krijgen uit de surveillance data b) ook waar, daarom nog steeds sequensen.

1) & 2) Hangt wellicht ook af van welke cycler je gebruikt ? (7500 vs QS5). Bij onze QS5 is alles best wel heel duidelijk, ook bij de hoge Cts.. Hebben anderen hier ervaring mee (ie 7500 vs QS5) ?
 We hadden zelfs ook een Ct<10 voor N en Orf1ab met volledige flatliner voor S

Ja boodschap is meerledig. Ik denk dat je voorzichtig kunt zeggen dat uit de data van een aantal regio's nu blijkt (lage % dropout) dat er nog geen uitgebreide verspreiding is. Maar er zijn ook regio's (Rotterdam en Amsterdam en in het bijzonder natuurlijk dat basisschool cluster in Rotterdam) waar je weldegelijk kunt concluderen dat er verspreiding heeft plaatsgevonden.

Ik stuur later vandaag een overzicht

5.1.2e

From: 5.1.2e <5.1.2e @rivm.nl>
Sent: Saturday, January 2, 2021 6:29 PM

To: 5.1.2e <5.1.2e@erasmusmc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@mumc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@umcg.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@umcutrecht.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@meandermc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@bravis.nl>
Cc: Moleculaire diagnostiek MMB <5.1.2e@mumc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@mumc.nl>
Subject: Re: TaqPath testen

Hoi,

Ik denk dat het te vroeg is om al conclusies te trekken a) zonder dat je regio-gematched baseline s-drop out mee neemt van voor emergence uk variant zowel in lage als hoge ct regionen voor de andere twee targets; b) zonder sequencing bevestiging in deze fase waar de variant nog niet dominant is.

Daarnaast:

- 1) S-gen lijkt internationaal als eerste van de 3 uit te vallen bij lage loads dus de 7.5% moet echt nader bekeken worden in context van punten hierboven. Daarom goed om vooral data te analyseren bij lage Ct?
- 2) S-gen dropout op basis van del 69-70 lijkt in onze handen niet 100%. Er zijn wel degelijk strains met deze deletie die geen drop-out hebben. Moet nog nader bekeken worden wat daar de omvang van is.

Ook in deze context contact gehad met 5.1.2e nav genoemd overleg morgen hierover. Lijkt me belangrijk om vooral aan te geven dat we nog geen del conclusies kunnen trekken en om eerst het totale overzicht met ons te delen zodat we het met zijn allen eens zijn over wat er nu op dit moment (zonder base-line duiding uit matching regio's en seq) wel/niet geconcludeerd kan worden hieruit?

Heb je alles al binnen?

Hartelijke groeten 5.1.2e

Van: 5.1.2e <5.1.2e@erasmusmc.nl>
Datum: 2 januari 2021 om 17:20:55 CET
Aan: 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@mumc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@umcg.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@umcutrecht.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@meandermc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@bravis.nl>
CC: Moleculaire diagnostiek MMB <5.1.2e@mumc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@mumc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>
Onderwerp: Re: TaqPath testen

7.5% is best veel landelijk gezien...

Gaan jullie ze ook gelijk sequensen ?

Goed om te weten of het idd om VOC202012/01 gaat.

5.1.2e

From: 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>
Sent: Saturday, January 2, 2021 5:14 PM
To: 5.1.2e <5.1.2e@mumc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@erasmusmc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@umcg.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@umcutrecht.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@meandermc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@bravis.nl>
Cc: Moleculaire diagnostiek MMB <5.1.2e@mumc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@mumc.nl>; 5.1.2e <5.1.2e@rivm.nl>
Subject: RE: TaqPath testen

Beste 5.1.2e en andere collega's,

De afgelopen dagen hebben wij in totaal met medewerking van GGD Amsterdam/Streeklab ruim 400 (random) positieve monsters kunnen (her)analyseren met de Tagpath.

In de berekeningen voor de drop-outs zijn alleen monsters meegenomen waarvan N-gen en Orf1ab BEIDE positief waren (n=438).

Ik heb de drop-outs in twee categorieën verdeeld. Een waarvoor de Ct waarde voor N-gen en Orf1ab onder de 30 ligt of onder de 38. Het % van de laatste categorie neemt natuurlijk ook de positieve van de onder 30 categorie in ogenschouw.

Deze geven 4.1 en 7.5% S-gene drop-out respectievelijk.

We zijn ook erg benieuwd naar hoe de data van de andere centra zich verder ontwikkelen.

Met vriendelijke groet

5.1.2e

5.1.2e 5.1.2e
Wetenschappelijk medewerker Emerging & Endemic Viruses (EEV)
Centre for Infectious Diseases Research, Diagnostics and Laboratory Surveillance (IDS),
National Institute for Public Health and the Environment (RIVM),
Antonie van Leeuwenhoeklaan 9,
3721 MA, Bilthoven, The Netherlands
+31 3 51.2e 5.1.2e
5.1.2e @rivm.nl

From: [REDACTED] 5.1.2e [REDACTED] <[REDACTED] 5.1.2e [REDACTED]@mumc.nl>
Sent: zaterdag 2 januari 2021 17:01
To: [REDACTED] 5.1.2e <[REDACTED] 5.1.2e [REDACTED]@erasmusmc.nl>; [REDACTED] 5.1.2e [REDACTED]@umcg.nl<[REDACTED] 5.1.2e [REDACTED]@umcg.nl>; [REDACTED] 5.1.2e [REDACTED]@umcutrecht.nl<[REDACTED] 5.1.2e [REDACTED]@umcutrecht.nl>; [REDACTED] 5.1.2e [REDACTED]@meandermc.nl<[REDACTED] 5.1.2e [REDACTED]@meandermc.nl>; [REDACTED] 5.1.2e [REDACTED]@rivm.nl<[REDACTED] 5.1.2e [REDACTED]@rivm.nl>; [REDACTED] 5.1.2e [REDACTED]@bravis.nl<[REDACTED] 5.1.2e [REDACTED]@bravis.nl>
Cc: Moleculaire diagnostiek MMB <[REDACTED] 5.1.2e [REDACTED]@mumc.nl>; [REDACTED] 5.1.2e [REDACTED]@mumc.nl>
Subject: RE: TaqPath testen

Hoi 5.1.2e

Zoals eerder gemeld hadden wij in 277 testen 3 S-gen drop outs. Deze zijn inmiddels gesequenced (2/3 gelukt) en waren beide niet de UK variant (we wachten nog op de sequenties om te zien waarom het dan drop-outs waren). Morgen zullen wij nogmaals een set van 3 x 93 testen.

Mvg

5.1.2e

Van: 5.1.2e [REDACTED] 5.1.2e [REDACTED]@erasmusmc.nl]
Verzonden: donderdag 31 december 2020 14:59
Aan: 5.1.2e [REDACTED]@umcg.nl; 5.1.2e [REDACTED]@umcutrecht.nl; 5.1.2e [REDACTED]@meandermc.nl; 5.1.2e [REDACTED]; 5.1.2e [REDACTED]; 5.1.2e [REDACTED]@bravis.nl; 5.1.2e [REDACTED])
Onderwerp: Re: TagPath testen

Lukt het jullie om dit weekend een update te geven over hoeveel jullie totnutoe getest hebben en hoeveel S dropouts jullie daarzien. ?

Maandag OMT en men wil graag een update

Dank

5.1.2e

This email and any attachments may contain confidential or privileged information and is intended for the addressee only. If you are not the intended recipient, please immediately notify us by email or telephone and delete the original email and attachments without using, disseminating or reproducing its contents to anyone other than the intended recipient. The Maastricht UMC+ shall not be liable for the incorrect or incomplete transmission of this email or any attachments, nor for unauthorized use by its employees.

Dit bericht kan informatie bevatten die niet voor u is bestemd. Indien u niet de geadresseerde bent of dit bericht abusievelijk aan u is verzonden, wordt u verzocht dat aan de afzender te melden en het bericht te verwijderen. Het RIVM aanvaardt geen aansprakelijkheid voor schade, van welke aard ook, die verband houdt met risico's verbonden aan het elektronisch verzenden van berichten.

www.rivm.nl De zorg voor morgen begint vandaag

This message may contain information that is not intended for you. If you are not the addressee or if this message was sent to you by mistake, you are requested to inform the sender and delete the message. RIVM accepts no liability for damage of any kind resulting from the risks inherent in the electronic transmission of messages.

www.rivm.nl/en Committed to health and sustainability

Dit bericht kan informatie bevatten die niet voor u is bestemd. Indien u niet de geadresseerde bent of dit bericht abusievelijk aan u is verzonden, wordt u verzocht dat aan de afzender te melden en het bericht te verwijderen. Het RIVM aanvaardt geen aansprakelijkheid voor schade, van welke aard ook, die verband houdt met risico's verbonden aan het elektronisch verzenden van berichten.

www.rivm.nl De zorg voor morgen begint vandaag

This message may contain information that is not intended for you. If you are not the addressee or if this message was sent to you by mistake, you are requested to inform the sender and delete the message. RIVM accepts no liability for damage of any kind resulting from the risks inherent in the electronic transmission of messages.

www.rivm.nl/en Committed to health and sustainability

Dit bericht kan informatie bevatten die niet voor u is bestemd. Indien u niet de geadresseerde bent of dit bericht abusievelijk aan u is verzonden, wordt u verzocht dat aan de afzender te melden en het bericht te verwijderen. Het RIVM aanvaardt geen aansprakelijkheid voor schade, van welke aard ook, die verband houdt met risico's verbonden aan het elektronisch verzenden van berichten.

www.rivm.nl De zorg voor morgen begint vandaag

This message may contain information that is not intended for you. If you are not the addressee or if this message was sent to you by mistake, you are requested to inform the sender and delete the message. RIVM accepts no liability for damage of any kind resulting from the risks inherent in the electronic transmission of messages.

www.rivm.nl/en Committed to health and sustainability

Deze mail is beveiligd verzonden met KPN Secure Mail. Zie voor meer informatie het Privacy Statement op de website van het Bravis ziekenhuis.

Dit bericht kan informatie bevatten die niet voor u is bestemd. Indien u niet de geadresseerde bent of dit bericht abusievelijk aan u is verzonden, wordt u verzocht dat aan de afzender te melden en het bericht te verwijderen. Het RIVM aanvaardt geen aansprakelijkheid voor schade, van welke aard ook, die verband houdt met risico's verbonden aan het elektronisch verzenden van berichten.

www.rivm.nl De zorg voor morgen begint vandaag

This message may contain information that is not intended for you. If you are not the addressee or if this message was sent to you by mistake, you are requested to inform the sender and delete the message. RIVM accepts no liability for damage of any kind resulting from the risks inherent in the electronic transmission of messages.

www.rivm.nl/en Committed to health and sustainability

Dit bericht kan informatie bevatten die niet voor u is bestemd. Indien u niet de geadresseerde bent of dit bericht abusievelijk aan u is verzonden, wordt u verzocht dat aan de afzender te melden en het bericht te verwijderen. Het RIVM aanvaardt geen aansprakelijkheid voor schade, van welke aard ook, die verband houdt met risico's verbonden aan het elektronisch verzenden van berichten.

www.rivm.nl De zorg voor morgen begint vandaag

This message may contain information that is not intended for you. If you are not the addressee or if this message was sent to you by mistake, you are requested to inform the sender and delete the message. RIVM accepts no liability for damage of any kind resulting from the risks inherent in the electronic transmission of messages.

www.rivm.nl/en Committed to health and sustainability

Dit bericht kan informatie bevatten die niet voor u is bestemd. Indien u niet de geadresseerde bent of dit bericht abusievelijk aan u is verzonden, wordt u verzocht dat aan de afzender te melden en het bericht te verwijderen. Het RIVM aanvaardt geen aansprakelijkheid voor schade, van welke aard ook, die verband houdt met risico's verbonden aan het elektronisch verzenden van berichten.

www.rivm.nl De zorg voor morgen begint vandaag

This message may contain information that is not intended for you. If you are not the addressee or if this message was sent to you by mistake, you are requested to inform the sender and delete the message. RIVM accepts no liability for damage of any kind resulting from the risks inherent in the electronic transmission of messages.

www.rivm.nl/en Committed to health and sustainability

Dit bericht kan informatie bevatten die niet voor u is bestemd. Indien u niet de geadresseerde bent of dit bericht abusievelijk aan u is verzonden, wordt u verzocht dat aan de afzender te melden en het bericht te verwijderen. Het RIVM aanvaardt geen aansprakelijkheid voor schade, van welke aard ook, die verband houdt met risico's verbonden aan het elektronisch verzenden van berichten.

www.rivm.nl De zorg voor morgen begint vandaag

This message may contain information that is not intended for you. If you are not the addressee or if this message was sent to you by mistake, you are requested to inform the sender and delete the message. RIVM accepts no liability for damage of any kind resulting from the risks inherent in the electronic transmission of messages.

www.rivm.nl/en Committed to health and sustainability