

Toelichting

Dit document is bedoeld ter ondersteuning van GGD'en die een uitbraak onderzoek starten bij een cluster van COVID-19 patiënten minste verzameld moet worden om (al dan niet aangevuld met sequence data) conclusies te kunnen trekken over de waarde van een invulijst voor uitbraak onderzoek naar een cluster in een willekeurige setting, en één specifiek gericht op uitbraak onderzoek en kan op maat aangevuld worden met andere relevante informatie. Op basis van de data in deze invulijst kan bijvoorbeeld een antwoord gegeven worden op de onderzoeksvraag. Deze huidige versie is opgesteld op basis van de data van de gebruikers en input van de REC'ers die vanaf 2021 de invulijst hebben gebruikt. Voor suggesties en vragen kan de REC coördinator benaderd worden via 5.1.2e@rivm.nl.

Nadere analyse van een cluster in een willekeurige setting- benodigde EPI-data

Definitie cluster (EPI/RIVM): 3 of meer besmettingen die te herleiden zijn naar dezelfde setting en waarbij tussen de eerste ziektegedag van 2 besmettingen max. 4 tot +14 dagen zit

1. Vraagstelling en context

Definieer de hoofdvraag die met dit clusteronderzoek beantwoord moet worden:

Zijn er in de nabije omgeving van de setting waarin het cluster zich afspeelt andere actieve clusters? (Zo ja, noteer situation nummer en samenvatting)

2. Achtergrond informatie setting van cluster

Situation nummer (HP-zone) 5.1.2a

Naam setting Plaats - Naam setting

Adres 5.1.2a

Details over setting (bijv. type instelling)

Datum start uitbraak

Datum einde uitbraak (indien al bekend)

COVID-beleid in de setting (pre-uitbraak):
opvallende zaken zoals mondkapjes gebruik, afstand in pauzes?

Advies gegeven door GGD n.a.v. de besmettingen (bijv. preventief testen, sluiting, etc.)

3. Cluster data setting

Totaal (N)	Aantal zieken	Attack rate (n/N)
Totaal aantal personen in de setting		#DIV/0!
Indien van toepassing: aantal medewerkers		#DIV/0!
Indien van toepassing: aantal cliënten		#DIV/0!

4. EPI-data per patiënt (tijd, plaats, persoon)

Indien niet beschikbaar kan het monster bij het betreffende lab nogmaals getest worden middels PCR. NB. Alleen samples met Ct<32 worden meege

Patiënt ID (bijv. HP-zone nr)	Leeftijd	Woonplaats	Geslacht	Functie (bijv. cliënt, medewerker, etc)	Indien setting met verspreiding in meerdere afdelingen / subdivisies in welke afdeling / subdivisie zit de patiënt	Symptomen? (ja/nee)	Datum eerste ziektegedag (indien van toepassing)	Datum positieve testuitslag	Datum laatst aanwezig in setting	Nauw contact binnen de setting met andere index(en) uit dit cluster? Indien ja, HP-zone nummer(s) van andere index(en) invullen	Nauw contact buiten de setting met andere index(en) uit dit cluster? Indien ja, HP-zone nummer(s) van andere index(en) invullen	Is er een andere mogelijke bron (buiten dit cluster) voor deze index? Indien ja, specificer relatie tot index van deze bron, en noteer evt. HP-zone nummer(s)	Andere mogelijke gemeenschappelijke risicofactoren tussen de individuen voor SARS-Cov-2	Sample opgestuurd voor sequencing?	Indien sample opgestuurd voor sequencing: noteer hier sample/monster nummer	Monstersfornamen	Monstertype (RNA, origineel materiaal, sample in lysis buffer, E-swab)	Bewaarcondities monster	CT-waarde van sample (indien bekend)	Naam laboratorium waar sequencing plaatsvindt	CoronIT-nummer	Osisnummer	Bijzonderheden	PBM gebruik	Huisgenoten	Nauw Contact	
				5.1.2a	onbekend	ja				geen	nee	onbekend		ja			PCR		onbekend			geen	onbekend	5.1.2a			
					dienstkleding	ja				geen	nee	nee		ja			pcr		onbekend				bron overige cont		5.1.2a		
				5.1.2a	onbekend	ja				nee	nee	nee		ja			PCR		15			5.1.2a	Bron: onbekend		5.1.2a		5.1.2a
					productie/ inpakplaatgoed(akens)	ja				onbekend	nee	onbekend		ja			PCR of antigeen		onbekend				n.v.t.	mondkapje(niet algeen			
					Dienstkleding	ja				geen	nee	onbekend		ja			PCR		onbekend				n.v.t.	onbekend	geen		

nomen voor sequencing

55000

r

Nadere analyse van een cluster op een school - benodigde EPI-data

Definitie cluster (EPI/RIVM): 3 of meer besmettingen die te herleiden zijn naar dezelfde setting en waarbij tussen d

1. Vraagstelling en context	
Definieer de hoofdvraag die met dit clusteronderzoek beantwoord moet worden:	
Zijn er in de nabije omgeving van de school andere actieve clusters? (Zo ja, noteer situation nummer en samenvatting)	

2. Achtergrond informatie school	
Situation nummer (HP-zone)	
Naam school	
Adres school	
Type school (PO/VO, etc)	
Datum start uitbraak	
Datum einde uitbraak (indien al bekend)	
COVID-beleid school (pre-uitbraak): opvallende zaken zoals mondkapjes gebruik, afstand in pauzes?	
Advies gegeven door GGD n.a.v. de besmettingen (bijv. preventief testen, sluiting, etc)	

3. Cluster data school		Totaal (N)	Aantal met ziekte (n)
Aantal klassen			
Aantal leerlingen			
Aantal docenten			
Aantal overige medewerkers			

4. EPI-data per patiënt (tijd, plaats, persoon)			
Patiënt ID (bijv. HP-zone nr)	Leeftijd	Woonplaats	Geslacht

e eerste ziektedag van 2 besmettingen max -4 tot +14 dagen zit

nummer en samenvatting)	

Attack rate (n/N)
#DIV/0!
#DIV/0!
#DIV/0!
#DIV/0!

		Indien leerling in VO met wisselende klassensamenstelling: profiel of vakkenpakket met meest constante samenstelling van leerlingen	Symptomen? (ja/nee)	Datum eerste ziektedag (indien van toepassing)
Functie	Klas (indien van toepassing)			

Datum positieve testuitslag	Datum laatst aanwezig op school	Intensief (=meer dan gemiddeld) contact <u>op</u> school met andere index(en) uit dit cluster? Indien ja, HP-zone nummer(s) van andere index(en) invullen	Intensief (=meer dan gemiddeld) contact <u>buiten</u> school met andere index(en) uit dit cluster? Indien ja, HP-zone nummer(s) van andere index(en) invullen

<p>Is er een <u>andere mogelijke bron (buiten dit cluster)</u> voor deze index? Indien ja, specificer relatie tot index van deze bron, en noteer evt. HP-zone nummer(s)</p>	<p>Andere mogelijke <u>gemeenschappelijke risicofactoren tussen de individuen voor SARS-Cov-2</u></p>	<p>Sample opgestuurd voor sequencing?</p>	<p>Indien sample opgestuurd voor sequencing; noteer hier sample nummer</p>
---	---	---	--

Indien niet beschikbaar kan het monster bij het betreffe

Monsterafnamedatum	Monstertype (RNA, origineel materiaal, sample in lysis buffer, E-swab)	Bewaarcondities monster	CT-waarde van sample (indien bekend)	Naam laboratorium waar sequencing plaatsvindt	CoronIT-nummer	Osirisnummer
--------------------	--	-------------------------	--------------------------------------	---	----------------	--------------

nde lab nogmaals getest worden middels PCR. NB. Alleen samples met Ct<32 worden meegenomen voor sequencing

Functie	Symptomen
Docent	Ja
Leerling	Nee
Overige medewerker	Onbekend

Geslacht
Man
Vrouw