

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 waarden met een invulijst voor uitbraak onderzoek naar een cluster in een willekeurige setting, en één specifiek gericht op uitbraak en kan op maat aangevuld worden met andere relevante informatie. Op basis van de data in deze invulijst kan bijvoorbeeld e kunnen conclusies getrokken worden die een antwoord moeten geven op de onderzoeksvraag. Deze huidige versie is opgeste (REC) en zal waar nodig bijgewerkt worden op basis van feedback van de gebruikers en input van de REC'ers die vanaf 2021 de Voor suggesties en vragen kan de REC coördinator benaderd worden via 512e@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 ziektedag van 2 besmettingen max -4 tot +14 dagen zit

| | |
|---|-------------------------------------|
| 1. Vraagstelling en context | |
| Definieer de hoofdvraag die met dit clusteronderzoek beantwoord moet worden: | Is er sprake van de Britse variant? |
| Zijn er in de nabije omgeving van de setting waarin het cluster zich afspeelt andere actieve clusters? (Zo ja, noteer situation nummer en samenvatting) | Onbekend |

| | |
|--|--|
| 2. Achtergrond informatie setting van cluster | |
| Situatienummer (HP-zone) | |
| Naam setting | 5.1.2a |
| Adres | |
| 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? | Bedrijf is preventief gesloten. |
| Advies gegeven door GGD n.a.v. de besmettingen (bijv. preventief testen, sluiting, etc) | Bedrijf gebeld. Gevraagd arbo-dienst in te schakelen voor infectiepreventie. Opnieuw contact vandaag over stand van zaken. |

| | | | |
|---|------------|---------------|-------------------|
| 3. Cluster data setting | | | |
| Totaal aantal personen in de setting | Totaal (N) | Aantal zieken | Attack rate (n/N) |
| Indien van toepassing: aantal medewerkers | | | RDIV/OI |
| Indien van toepassing: aantal cliënten | | | RDIV/OI |

| 4. EPI-data per patiënt (tijd, plaats, persoon) | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|---|----------|------------|----------|---|---|-------------------|--|-----------------------------|----------------------------------|---|---|---|--|------------------------------------|---|-------------|--|-------------------------|--------------------------------------|---|----------------|-------------|------------------|--|--|--------------------|--|-------------------|
| 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 ziektedag (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 risicofactoren tussen de individuen voor SARS-Cov-2 | Sample opgestuurd voor sequencing? | Indien sample opgestuurd voor sequencing: noteer hier sample/monster nummer | Monsternaam | 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 | Odrisnummer | PBM gebruik | Huisgenoten (HP-nummers indien positief) | Nauwe Contacten (HP-nummers indien positief) | Vermoedelijke bron | Activiteiten in besmettelijke periode? | Bijzonderheden |
| | | | | | | ja | | | | nee | onbekend | | | ja | | | RNA/PCR | | niet bekend | | | | alleen mondkapje | 5.1.2a | nee | onbekend | heeft gewerkt | |
| | | | | | | ja | | | | nee | | | | ja | | | PCR | | niet bekend | | | | onbekend | nee | nee | | 5.1.2a | |
| | | | | | | ja | | | | onbekend | | | | ja | | | antigeen test | | | | | | onbekend | 5.1.2a | 5.1.2a | nee | | 5.1.2a |
| | | | | | | ja | | | | onbekend | | | | ja | | | bcr | | niet bekend | | | | onbekend | | | 5.1.2a | | BCO is onvolledig |
| | | | | | | ja | | | | onbekend | | | | ja | | | PCR | | | | | | onbekend | | 5.1.2a | | | n.v.t |
| | | | | | | ja | | | | | | | | ja | | | PCR | | niet bekend | | | | mondkapjes, onb | | 5.1.2a | | | n.v.t |
| | | | | | | ja | | | | | | | | ja | | | PCR | | | 19 | | | onbekend | 5.1.2a | | | | 5.1.2a |

5.1.2a

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! |

| Functie | Klas (indien van toepassing) | 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) |
|---------|------------------------------|---|---------------------|--|
| | | | | |

| |
|--|
| |
| |

| | | | |
|-----------------------------|---------------------------------|---|---|
| | | | |
| 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