

Casus rapport SARS-CoV-2 infectie Tweemaster, Maassluis

Datum: 31-07-2020

Introductie

Het aantal besmettingen per dag neemt weer toe en er komen nog steeds lokale uitbraken voor van SARS-CoV-2. Het is belangrijk om door middel van sequentie analyse proberen in te schatten of het gaat om meerdere afzonderlijke introducties van het virus vanuit de algemene bevolking of om een transmissie cluster. Dit heeft grote invloed op controle en bestrijdingsmaatregelen, en risico inschattingen van de impact en verspreiding van het SARS-CoV-2 virus.

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 (>2100) 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 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 monsters

Er zijn 20 monsters opgestuurd en deze zijn allemaal succesvol gesequenced (tabel 1).

Onderzoeksvraag

In hoeverre zijn de SARS-CoV-2 positieve gevallen verpleeghuis de Tweemaster deel van een transmissiecluster (m.a.w.: heeft de transmissie binnen het verpleeghuis plaatsgevonden)?

Resultaten en conclusie

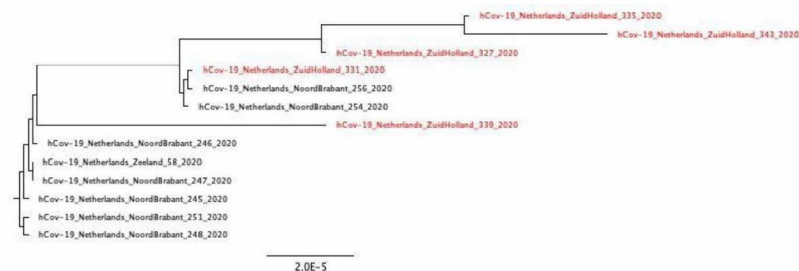
Zestien van de 20 ingestuurde monsters bevatten identieke virussen en vormen een cluster (cluster B, figuur 2). Drie andere sequenties vormen een ander, kleiner cluster (cluster A, figuur 1). Een sequentie is zo verschillend dat deze niet in een van beide clusters valt (ZuidHolland_339). Er zijn enkele sequenties aangetroffen in onze database van Nederlandse sequenties die een identieke sequentie hebben met de

© 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

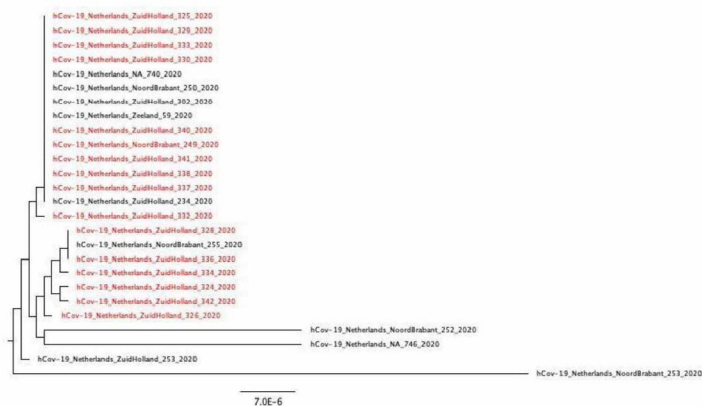
sequenties van het verpleeghuis. Op basis van de epidemiologische data is het echter zeer waarschijnlijk dat er twee transmissieclusters in het verpleegtehuis zijn geweest en er dus transmissie binnen het huis heeft plaatsgevonden.

Tabel 1

Monster nummer	Datum afname	Pt/Medewerker	Cluster	Naam sequentie
6718469525	6/28/2020	medewerker	B	hCov-19/Netherlands/ZuidHolland_324/2020
6714453667	6/24/2020	patient	B	hCov-19/Netherlands/ZuidHolland_325/2020
6714453670	6/24/2020	patient	B	hCov-19/Netherlands/ZuidHolland_326/2020
6714452981	6/24/2020	patient	B	hCov-19/Netherlands/ZuidHolland_327/2020
6716465952	6/26/2020	patient	B	hCov-19/Netherlands/ZuidHolland_328/2020
6726515785	7/6/2020	medewerker	B	hCov-19/Netherlands/ZuidHolland_329/2020
6726515845	7/6/2020	medewerker	B	hCov-19/Netherlands/ZuidHolland_330/2020
6714453672	6/24/2020	patient	A	hCov-19/Netherlands/ZuidHolland_331/2020
6716467110	6/26/2020	medewerker	B	hCov-19/Netherlands/ZuidHolland_332/2020
6714452988	6/24/2020	patient	B	hCov-19/Netherlands/ZuidHolland_333/2020
6714453673	6/24/2020	patient	B	hCov-19/Netherlands/ZuidHolland_334/2020
6714453002	6/26/2020	medewerker	A	hCov-19/Netherlands/ZuidHolland_335/2020
6716467042	6/26/2020	medewerker	B	hCov-19/Netherlands/ZuidHolland_336/2020
6716466768	6/24/2020	patient	B	hCov-19/Netherlands/ZuidHolland_337/2020
6719474892	6/29/2020	medewerker	B	hCov-19/Netherlands/ZuidHolland_338/2020
6717468793	6/27/2020	medewerker	-	hCov-19/Netherlands/ZuidHolland_339/2020
6716466858	6/26/2020	medewerker	B	hCov-19/Netherlands/ZuidHolland_340/2020
6716467093	6/26/2020	medewerker	B	hCov-19/Netherlands/ZuidHolland_341/2020
6716467138	6/26/2020	medewerker	B	hCov-19/Netherlands/ZuidHolland_342/2020
6716467224	6/26/2020	medewerker	A	hCov-19/Netherlands/ZuidHolland_343/2020
6726515748	7/6/2020	medewerker	B	hCov-19/Netherlands/NoordBrabant_249/2020



Figuur 1 Detail van de Maximum Likelihood (ML) analyse. De sequenties van de ingestuurde monsters, behorende tot cluster A (behalve ZuidHolland_229) zijn weergegeven in rood. De sequenties uit de monsters afgenomen bij de bewoners en medewerkers van het verpleeghuis zijn in deze analyse vergeleken met ruim 2100 sequenties afkomstig uit Nederland.



Figuur 1 Detail van de Maximum Likelihood (ML) analyse. De sequenties van de ingestuurde monsters, behorende tot cluster B zijn weergegeven in rood. De sequenties uit de monsters afgenomen bij de bewoners en medewerkers van het verpleeghuis zijn in deze analyse vergeleken met ruim 2100 sequenties afkomstig uit Nederland.