

From: (10)(2e)
Required Attendees: (10)(2e)
Optional Attendees: (10)(2e)
Location: S-3.23 met TV-scherm+vc/Bilthoven (15)
Importance: Normal
Subject: sequencing SARS-CoV-2 positieve monsters peilstationsurveillance
Start Date/Time: Wed 5/13/2020 8:00:00 AM
End Date/Time: Wed 5/13/2020 9:00:00 AM

Hoi,

Het I-MOVE COVID-19 project begint nu te lopen. Onderdeel hiervan is vergelijkbaar met I-MOVE influenza het sequencen van zoveel mogelijk positieve monsters voor vraagstellingen over distributie in Europa op clade niveau, correlatie met ernst (zo mogelijk), baseline voor als vaccin er komt, op termijn correlatie met vaccin effectiveness.

Daarnaast gaan we opdracht krijgen om de peilstationsurveillance samen met (10)(2e) uit te breiden. Daar hoort ook systematisch in kaart brengen van spreiding van genetische typen bij.

Daarom wil ik graag met jullie bespreken hoe we op korte termijn systematisch sequencen van de positieve peilstationmonsters vorm kunnen geven.

Agenda:

1. Stavaza sequencing
2. Voor peilstations, welke protocollen in het lab; direct op klinisch monster met nanopore, eerst kweek en dan illumina of nanopore
3. Welke analyse pipeline en fylogenie voor clade aanduiding
4. Waar sequentieopslag in breed toegankelijke BioNumerics database
5. Standaard naamgeving aan positieve monsters analoog aan influenza en aansluiten bij EMC/internationaal
6. Aanpassing UNILAB
7. Upload GISAID
8. WVTTK

Als er meer mensen moeten aansluiten hiervoor dan hoor ik het graag, maar denk dat ik nu het core groepje wel heb.

Met vriendelijke groeten,

(10)(2e)