



## Monitoring en gegevensverzameling m.b.t. varianten

*Bijlage bij adviesbrief Responsteam m.b.t. monitoring varianten*

Datum: 19 december 2022

### Vraagstelling VWS

Adviesaanvraag VWS:

*Welke gegevens zijn nodig, om bij introductie van nieuwe zorgelijke varianten (kijk hierbij ook vooruit naar nieuwe pathogenen met pandemisch potentieel) een inschatting te kunnen maken van de impact van deze varianten op de zorg en de samenleving. Geef ook aan hoe die gegevens verzameld kunnen worden en welke rol 'sentinel regio's' daarin kunnen spelen. Betrek hierbij ook relevante veldpartijen.*

### Samenvatting en advies

Om bovenstaande vragen te beantwoorden, zijn er gegevens nodig over de ziekmakendheid van varianten en over de snelheid van de verspreiding van varianten in een gevaccineerde populatie. Voor het bepalen van deze kenmerken zijn epidemiologische-, klinische- en laboratoriumgegevens nodig die wereldwijd door de [WHO](#) worden gebundeld en van duiding worden voorzien. Deze en andere internationale gegevens over varianten worden nauw gevolgd door het Responsteam (RT).

Nationaal worden gegevens over de verspreiding van varianten verzameld via onder andere de kiemsurveillance, de NIVEL-surveillance en rioolwatersurveillance. De referentielaboratoria bepalen relevante karakteristieken van virusvarianten en wisselen die gegevens internationaal uit. Daarbij wordt gekeken naar de relatie tussen virusvarianten en de mogelijkheden voor diagnostiek en behandeling (bijvoorbeeld gevoeligheid voor monoclonalen). Ook worden varianten immunologisch gekarakteriseerd. Gegevens over besmettelijkheid worden voornamelijk afgeleid uit de wereldwijde surveillance.

Tijdige gegevens over de **ziekmakendheid** van varianten komen op dit moment echter niet goed beschikbaar in Nederland (net als in veel andere landen). Hiervoor is een combinatie nodig van surveillance van infecties in meerdere lagen van de bevolking; bijvoorbeeld door het combineren van gegevens van rioolwater, huisartsen, ziekenhuizen en/of verpleeghuizen.

Via het RAC/REC-netwerk van de GGD'en is er een uitvraag gedaan naar regionale samenwerkingsverbanden die dergelijke combinaties van data verzamelen.

De belangrijkste conclusie van deze inventarisatie is dat gegevens over de ernst van ziekte binnen verschillende contexten (waaronder verpleeghuizen) in combinatie met gegevens over varianttype op dit moment nergens in Nederland structureel (en prospectief) verzameld worden. Alle GGD'en geven wel aan signalen over bijzondere uitbraken in verpleeghuizen op te volgen. GGD'en hebben geen goed beeld van gegevens van gehospitaliseerde patiënten. Er zijn wel centra die

RIVM

A. van Leeuwenhoeklaan 9

3721 MA Bilthoven

Postbus 1

3720 BA Bilthoven

[www.rivm.nl](http://www.rivm.nl)

T 030 274 70 00

[ici@rivm.nl](mailto:ici@rivm.nl)

systematisch nieuw opgenomen patiënten sequenzen, bijvoorbeeld om therapiekeuze te kunnen ondersteunen.

Wanneer zou worden gekozen voor 'sentinel regio's' dan zou die verzameling van gegevens uit verpleeghuizen en ziekenhuizen opgezet kunnen worden. Naar verwachting zijn er enkele regio's (bijvoorbeeld Amsterdam en Rotterdam) hiertoe in staat, maar hiervoor is investering nodig. Hoeveel regio's en welke regio's dit verder zouden kunnen en willen is onbekend. Voor het bepalen van ziekmakendheid is landelijke dekking niet noodzakelijk. Een kanttekening bij gegevens over ziekmakendheid is overigens dat die bruikbaar zijn voor een eerste duiding van signalen maar in veel gevallen niet tijdig beschikbaar zullen zijn om te gebruiken voor voorspellende modellen over zorgbelasting, tenzij varianten in Europa ontstaan of vroegtijdig geïntroduceerd worden. Het RIVM gebruikt momenteel, zodra beschikbaar, internationale gegevens, maar de huidige systematische gegevensverzameling wordt in veel landen afgeschaald. Daarom zou het wenselijk zijn als Nederland de ambitie heeft om deel uit te maken van het internationale signaleringsnetwerk.

In meer algemene zin is de conclusie dat relevante klinische dataverzameling in Nederland decentraal en gefragmenteerd plaatsvindt, en dat privacywetgeving de uitwisseling van data belemmert. In het kader van de toekomstige pandemische paraatheid adviseert het RT om te onderzoeken of recent gestarte initiatieven voor centrale dataverzameling in verpleeghuizen (bijvoorbeeld via het EPD) uitgebreid kunnen worden met diagnoses over luchtweginfecties en syndroomsurveillance in bredere zin en met gegevens over pathogeen/varianttype en om te onderzoeken welk initiatief hiervoor het meest geschikt is. Voor ziekenhuizen zou uitbreiding van gegevens verzameld via stichting NICE en via de virologische rapportages van laboratoria verder verkend kunnen worden. Daarnaast adviseert het RT ook om de meerwaarde van combinaties van centrale registraties en regionale registraties in samenwerking met enkele 'sentinel regio's' te onderzoeken.

De volgende activiteiten met betrekking tot SARS-CoV-2-varianten zullen komende winter worden voortgezet of, waar nodig, geïntensiveerd:

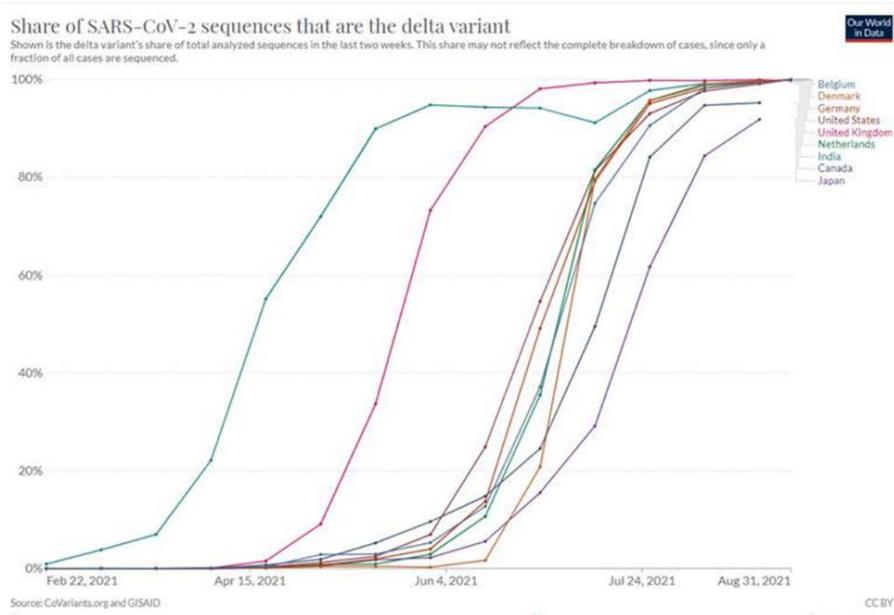
- **Internationale gegevens** over virusvarianten worden nauw gevolgd in het RT en zijn tijdens de pandemie gebruikt voor modellering van de verspreiding van varianten. Relevante viruseigenschappen worden onderzocht door de WHO-referentielaboratoria (EMC en RIVM). Zo wordt bij het RIVM de detecteerbaarheid, besmettelijkheid, vaccineffectiviteit/relatief risico verschil op infectie en ziekenhuisopname onderzocht<sup>5,7,8</sup>, en bij EMC de antigene opmaak, mate van kruisreactiviteit door vaccin- en infectie-immuniteit, besmettelijkheid, gevoeligheid voor gangbare antivirale middelen en de verhouding tussen vermeerdering in de bovenste en onderste luchtwegen (als indicator voor ziekmakendheid). Het referentielaboratorium EMC deelt gegevens met het RT, het ECDC en de WHO virusevolutiegroep, waarvoor momenteel ook een kader wordt ontwikkeld om deze risk assessments naar de toekomst toe verder te ontwikkelen. Het combineren van informatie over het genotype en fenotype van varianten is belangrijk bij de ontwikkeling van dit kader.
- Intensievere **opvolging van clusters** onder andere in verpleeghuizen of andere instellingen waar kwetsbaren verblijven met sequentieanalyse kan op dit moment al via de GGD'en ingezet worden. Alle GGD'en geven ook aan dit te doen<sup>9</sup>. Bij relevante internationale signalen kan het RIVM hier ook nog extra toe oproepen. Eerste

signalen over ziekmakendheid kunnen waardevol zijn als aanvulling op internationale signalen. De analyses die hiervoor nodig zijn, zowel epidemiologisch als laboratoriumtechnisch, kunnen enkele weken duren en voor het betrouwbaar vaststellen van een verandering in ziekmakendheid is de huidige surveillance ontoereikend. Bij bijzondere clusters in bepaalde regio's kunnen met terugwerkende kracht ook sequentieanalyses uitgevoerd worden in rioolwatermonsters.

- Voor het volgen van de **verspreiding** van SARS-Cov-2-varianten in de populatie is de kiemsurveillance gecombineerd met rioolwater-surveillance in de huidige epidemiologische situatie voldoende. Bij de opkomst van omikron was de vertraging van de dataverzameling in de kiemsurveillance tijdelijk wel een beperkende factor. Variant-PCR die als bijvangst gedaan wordt, bijvoorbeeld SGTF of in het kader van patiëntenzorg, kan tijdelijk meerwaarde hebben om internationale gegevens over de verspreiding van varianten in Nederland te bevestigen, zoals bijvoorbeeld bij de opkomst van omikron BA.1 en de daaropvolgende subvarianten BA.2 en BA.5.

## Inleiding

Tijdens de COVID-19-pandemie is gebleken dat varianten zich zeer snel over de wereld kunnen verspreiden. Ook is duidelijk geworden dat binnen een klein land als Nederland regionale verschillen in de prevalentie van een bepaalde variant enkele dagen tot een week betreffen, en dus klein zijn. Dit wordt ook ondersteund door internationale gegevens over vergelijkbare groeisnelheden van varianten op verschillende plekken in Europa en in de rest van de wereld. Ter illustratie (figuur 1) gegevens over de toename van het aandeel van de deltavariant die als eerste in India opkwam en daarna met een zeer vergelijkbare snelheid in aandeel toenam in andere delen van de wereld. De prevalentie hangt daarmee af van het moment en hoeveelheid van verschillende introductie(s) van een variant. Het verschil in dit moment varieert nauwelijks in een klein, dichtbevolkt gebied als Nederland. Verspreiding van omikron in Amsterdam liep bijvoorbeeld een week voor op het gemiddelde van Nederland (Bron: Argos en RIVM), alfa verspreidde zich iets eerder in ROAZ regio's AMC en Zuid-West (Bron: RIVM) terwijl delta in regio's Amsterdam, Rotterdam en Nijmegen ongeveer tegelijk opkwam<sup>1</sup>. De curves van verschillende regio's binnen Nederland zullen daarmee grotendeels overlappen en nauwelijks naar links of rechts afwijken. Wel is de kans op vroege detectie logischerwijs hoger in dicht bevolkte regio's.



Figuur 1: aandeel deltavariant in SARS-CoV-2-tests.

De kans dat een nieuwe variant ontstaat in Nederland is kleiner dan de kans dat een variant elders in de wereld ontstaat. Met dat gegeven is het aannemelijk dat de eerste gegevens over nieuwe varianten, net als bij de huidige en vorige varianten, uit het buitenland zullen komen.

In de huidige fase van de pandemie zijn vooral de vraagstukken rondom de impact van een variant op kwetsbaren van belang en de effecten op belasting van de zorg. Het kabinet heeft haar langetermijnstrategie dit laatste punt als volgt benadrukt: *bij een nieuwe opleving van het virus willen we dat de reguliere ziekenhuiszorg zoveel mogelijk door kan gaan en willen we voorkomen dat de langdurige zorg, zoals verpleegzorg, overbelast wordt.* Ook het ECDC benadrukt dat, naast een random steekproef van monsters, voorrang gegeven moet worden aan variantopsporing in de zorg<sup>2</sup>. Ook in Nederland zijn er handreikingen opgesteld voor het veld voor situaties waarin sequentie-analyse/variantopsporing is aangewezen<sup>3</sup>.

Meer verspreiding leidt in principe tot meer ziektelast en bij alfa en delta leidde dit tot hoge druk op de zorg. Bij omikronsubvarianten in een populatie met immuniteit zien we dit effect veel minder, maar in deze fase is het verstandig om nog steeds rekening te houden met een scenario waarbij nieuwe varianten opduiken bijvoorbeeld bij een grootschalige golf in China. Snelle verspreiding in de populatie die gepaard gaat met hoge aantallen besmettingen heeft daarnaast ook maatschappelijke impact doordat dat gepaard kan gaan met hoog ziekteverzuim.

Vragen die als respons op een nieuwe variant van SARS-CoV-2 beantwoord moeten worden:

1. Is de variant ziekmakender dan eerdere varianten? Een variant die ziekmakender is heeft impact op bewoners van verpleeghuizen en op ziekenhuis- en IC-bezetting.
2. Hoe snel verspreidt de variant zich ten opzichte van eerdere varianten? Snelle verspreiding heeft impact op ziekteverzuim in de populatie.

## Onderbouwing

### Ad 1. Is de variant ziekmakender dan eerdere?

*Welke gegevens zijn er nodig?*

Om deze vraag te kunnen beantwoorden zijn er zowel gegevens nodig over ernst van ziekte en ziektebeloop, inclusief differentiaaldiagnose (met COVID-19, door COVID-19, COVID-19 zelf of als ontregelend effect op een andere aandoening), als gegevens over de variant verantwoordelijk voor infectie. Deze gegevens zijn echter niet op dezelfde plek beschikbaar. Het type variant wordt immers in een laboratorium bepaald en gegevens over de ernst van ziekte zijn bekend bij behandelaars. Het betreft dus een complexe prospectieve gegevensverzameling waarbij bovenstaande gegevens uit zo veel mogelijk instellingen en ziekenhuizen zo snel mogelijk centraal terecht moeten komen voor analyse en duiding. Het RIVM heeft hiervoor een landelijke taak. Aandachtspunt hierbij is dat er vaak juridische belemmeringen zijn voor een dergelijke gegevensverzameling die vaak samenhangen met privacywetgeving. Dergelijke gegevens zijn belangrijk om signalen op te pikken over de ernst van ziekte maar zullen niet tijdig beschikbaar zijn om te gebruiken voor voorspellende modellen over zorgbelasting.

*Routes die onderzocht zijn om te komen tot deze complexe prospectieve gegevensverzameling zijn:*

- **Via regionale samenwerkingsverbanden** tussen GGD'en, laboratoria en zorginstellingen.

Via het RAC/REC-netwerk is er een uitvraag gedaan bij de GGD'en naar regionale samenwerkingsverbanden gericht op ernst van ziekte in verpleeghuizen en ziekenhuizen. Bij GGD'en wordt alleen bij opvallende signalen over ernst van ziekte in een verpleeghuis breder uitvraag gedaan naar signalen. Het varianttype wordt in de huidige fase van de pandemie bepaald als onderdeel van een random steekproef (met de mogelijkheid tot aanvullende steekproeven door snel inzetbare variant-PCR-testen via SeqNeth, bij bijzondere clusters in verpleeghuizen (alle GGD'en) en in ziekenhuizen (bijvoorbeeld SeqNeth-Sars2 bij de opkomst van omikron)), en bij opvallende ziektebeelden in ziekenhuizen. GGD-Zuid Limburg voerde, als onderdeel van hun input voor de nationale kiemsurveillance, tot maart 2022 beperkte kiemsurveillance uit in verpleeghuizen. GGD-Amsterdam is daarnaast actief in [REVISION: virale luchtweginfecties in verpleeghuizen - UNO Amsterdam](#) en geeft aan, wanneer daar aanleiding toe is, dataverzameling te kunnen uitvoeren. Rotterdam heeft via de ROST-samenwerking de mogelijkheid om snelle aanvullende peilingen te doen. GGD'en geven aan dat zij over het algemeen een minder goed beeld hebben van wat er speelt in ziekenhuizen. Die informatie hebben de ziekenhuizen zelf. GGD'en geven wel aan dat soms de doorlooptijd van sequencing langer is dan ze zouden willen. Hierbij moet worden opgemerkt dat sequencing van individuele samples aanzienlijk duurder is en laboratoria daarom terughoudend zijn om voor een enkele aanvraag een analyse in te zetten.

Alle bovengenoemde lopende dataverzamelingen zijn een aanvulling op de Nationale Kiemsurveillance die het RIVM in nauwe samenwerking met SeqNeth-partners uitvoert. Dit betreft 15 sequencinglaboratoria en veel laboratoria die monsters insturen.

In principe zouden GGD'en bij signalen in verpleeghuizen in hun regio een beeld moeten kunnen krijgen, echter, omdat gegevensverzameling niet structureel ingeregeld is, weten GGD'en niet hoe compleet hun beeld is.

De Dienst Testen heeft een aanvullende uitvraag gedaan via laboratoria.

- **Via Stichting NICE (ziekenhuizen).**

Stichting NICE verzamelt gegevens over patiënten die met of door COVID-19 in het ziekenhuis opgenomen zijn. Ook gegevens over opname op de verpleegafdeling of IC worden verzameld. Het toevoegen van gegevens over varianten aan deze registratie zou een compleet beeld over varianten in ziekenhuizen schetsen. Eerste inschatting is dat dit niet op korte termijn gerealiseerd kan worden. Wel geven enkele regionale samenwerkingsverbanden aan dat zij zogenaamde 'pyramide studies' zouden willen opzetten, waarmee een snelle inschatting van verschuivingen in de verhouding tussen infecties en opnames in kaart gebracht kunnen worden (bijvoorbeeld AUMC, EMC, MUMC).

- Lopende andere initiatieven in verpleeghuizen die ook niet op korte termijn ingeregeld kunnen worden maar in het kader van toekomstige pandemische paraatheid nog nader onderzocht kunnen worden zijn:
- Het SNIV-netwerk (Surveillance Netwerk Infectieziekten Verpleeghuizen, [SNIV | RIVM](#)), een netwerk van verpleeghuizen, dat functioneert als peilstation voor de landelijke surveillance van infectieziekten in verpleeghuizen. Incidentiedata van COVID-19 worden uitgevraagd. Het betreft een beperkt aantal verpleeghuizen en geaggregeerde informatie. Monsterverzameling is in het verleden onderdeel geweest van het netwerk, maar is enkele jaren geleden gestopt.
- Het Nivel richt in opdracht van het ministerie van VWS samen met Universitair Netwerk Ouderzorg (UNO) en de vereniging van specialisten ouderengeneeskunde Verenso een [Register Leren van Data in Verpleeghuizen | Nivel](#) in. Dit register gebruikt een minimale dataset uit het EPD van patiënten/cliënten. Wellicht kan deze dataset uitgebreid worden. Onderzoekers zijn ook voornemens om COVID-19 diagnoses en ziektebeloop toe te voegen aan deze minimale dataset.
- Variantgegevens zouden dan nog op een andere manier verzameld moeten worden, bijvoorbeeld via een structuur analoog aan de huisartsenpeilstations die gekoppeld zijn aan de Nivel Zorgregistraties Eerste Lijn - cijfers over ziekten en zorg & Nivel Kwaliteitsregisters van verpleeghuizen KIK-V (Keteninformatie Kwaliteit Verpleeghuiszorg). Ketenpartijen maken in de verpleeghuiszorg samen afspraken over het vaststellen en uitwisselen van kwaliteitsinformatie. Wellicht kan deze gegevensverzameling ook uitgebreid worden naar infectieziekten. Het RIVM overlegt met KIK-V over uitbreiding van de gegevensverzameling met indicatoren voor de monitoring van COVID-19.

Overigens geldt voor al deze initiatieven dat extra registratielast bij zorginstellingen als probleem ervaren wordt.

*Alternatief: retrospectieve gegevensverzameling*

Prospectieve gegevensverzameling heeft de voorkeur, maar voor alle bovenstaande routes geldt dat het onduidelijk is of ze op korte termijn voldoende gegevens op zullen leveren.

Een alternatief zou zijn om retrospectief op tijdstippen 4, 6 en/of 8 weken na verspreiding van een variant, variantbepalingen uit te voeren op monsters van patiënten in verpleeghuizen die in de voorafgaande periode COVID-19 hebben gehad en waarvan de ernst/uitkomst van de ziekte bekend is. Tijdens de overgang van delta naar omikron – toen het bepalen van de variant belangrijk was voor behandeling van de patiënt – is een dergelijke gegevensverzameling gerealiseerd via SeqNeth-Sars2. Tijdigheid van deze retrospectieve gegevensverzameling voor signalering zal hierbij mogelijk een probleem zijn. Deze data zullen ook minder compleet zijn. Ziekenhuizen bepalen in principe alleen een varianttype als dit relevant is voor behandeling. Voor de huidige omikronsubvarianten is dit niet aan de orde. Bij een bijzonder ziektebeeld wordt de variant vaak wel nader gekarakteriseerd. Dit betreft een beperkt aantal cases.

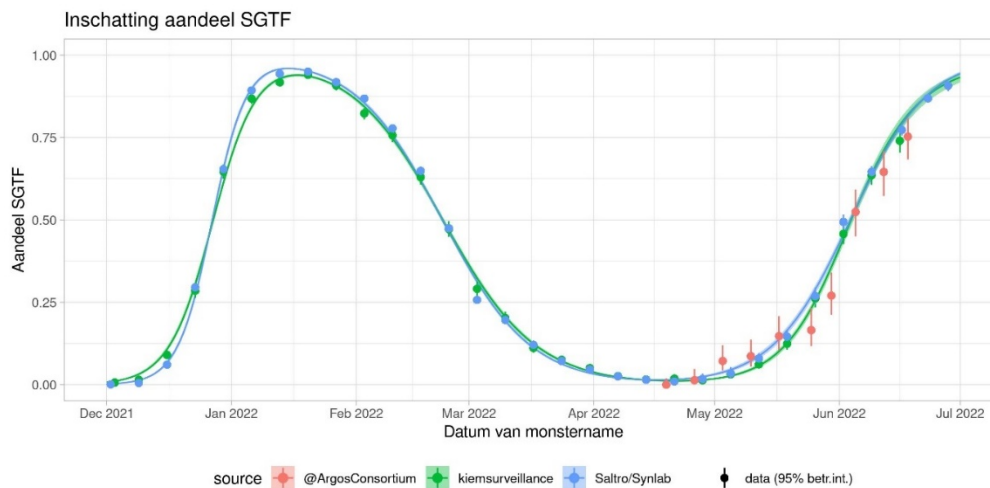
*Aandachtspunten:*

- Belangrijkste aandachtspunt is dat deze data alleen gebruikt kunnen worden voor het oppikken van signalen over verhoogde ernst van ziekte. Als input voor voorspellende modellen maakt het RIVM in ieder geval ook zo mogelijk gebruik van gegevens uit landen waar nieuwe varianten opkomen.
- De gegevensverzameling gaat gepaard met extra kosten voor het aanleveren van gegevens over ziekte-ernst aan het RIVM. Wanneer de variant niet bepaald wordt ten behoeve van de behandeling van de patiënt, zijn er daarnaast extra kosten voor variant-PCR (eventueel aangevuld met sequentieanalyse). Hiervoor is op dit moment geen vergoedingen systeem beschikbaar.
- In verpleeghuizen worden op dit moment vaak zelftesten gedaan bij bewoners waarbij er weinig restmateriaal is dat bovendien niet automatisch geschikt is voor variantanalyse. Tijdens de periode van gegevensverzameling zou er aanvullend PCR uitgevoerd moeten worden wat extra kosten met zich meebrengt.
- Waarschijnlijk kent elke hierboven genoemde optie voor dataverzameling beperkingen. Daarom kan een combinatie van centraal verzamelde data met regionale dataverzameling in 'sentinel regio's' ook onderzocht worden.

**Ad 2. Hoe snel verspreidt de variant zich t.o.v. eerdere varianten?***Welke gegevens zijn er nodig?*

In de nationale kiemsurveillance wordt wekelijks van 1500 monsters verkregen uit teststraten en uit de zorg de sequentie bepaald door het RIVM in samenwerking met laboratoria die aangesloten zijn bij SeqNeth. Op deze manier worden alle varianten die in Nederland voorkomen boven een bepaalde drempelwaarde gevolgd. Daarnaast levert rioolwater-surveillance aanvullende sequentie informatie op van virussen die rondgaan in Nederland. Wanneer een 'variant of concern' (VOC) of 'variant of interest' (VOI) in het buitenland gevonden wordt en er nog weinig gegevens bekend zijn, kan variant-PCR voor een korte periode (4-6 weken) een aanvulling zijn op de gegevens van de Kiemsurveillance, waarmee sneller inzicht verkregen kan worden in de groeisnelheid van

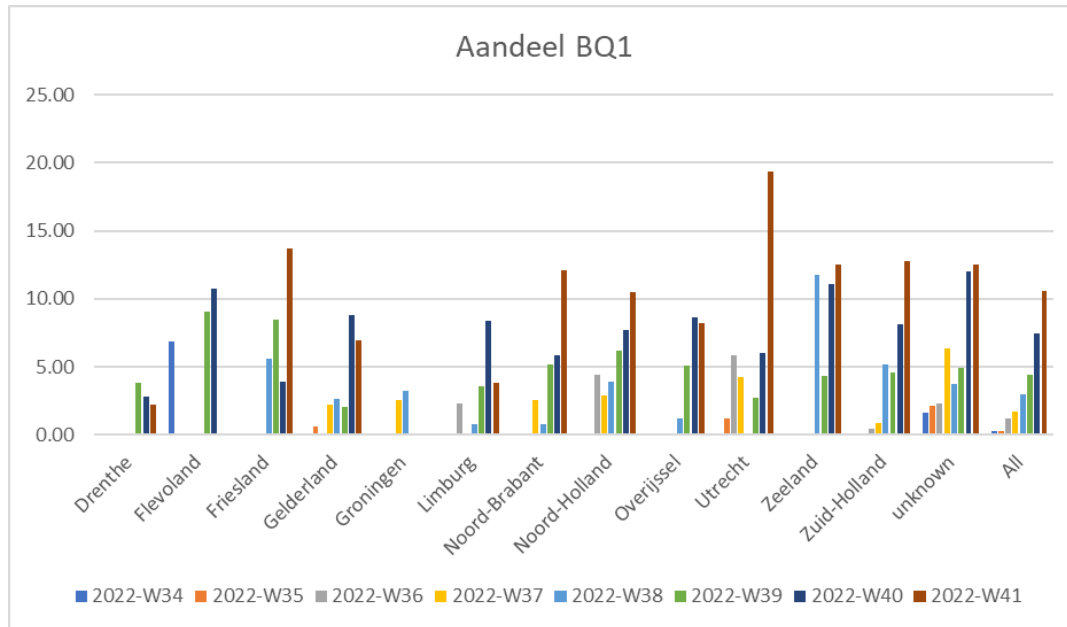
een nieuwe variant. De gegevens verzameld door Saltro (en eerder ook Synlab) gaven bij de opkomst van omikron(subvarianten) snel een goed beeld. Gegevens van Saltro (en eerder ook Synlab) leverden signalen op die worden geverifieerd door middel van aanvullende sequencing bij het RIVM. Afhankelijk van de genetische kenmerken van de variant blijft deze bijvangst voorlopig in stand. Het Argosconsortium in Amsterdam<sup>3</sup> zag bij de opkomst van BA.4/5 op basis van variant-PCR-gegevens dezelfde trend in de tijd als de gegevens van Saltro en van de nationale kiemsurveillance (zie figuur 2). Dit is in lijn met eerdere SeqNeth-bevindingen bij de opkomst van delta<sup>1</sup>.



*Figuur 2 inschatting aandel SGTF*

Zoals eerder beschreven zijn regionale verschillen in verspreiding relatief klein. Dat geldt ook voor subvarianten van omikron. De toename van het aandeel BQ.1 en subvarianten daarvan op basis van de kiemsurveillancedata tot en met week 41 in Nederland, laten een vergelijkbaar beeld zien in de dichtbevolkte provincies in Nederland (zie figuur 3). Daarbij moet wel opgemerkt worden dat de nationale Kiemsurveillance onvoldoende statistische zeggingskracht heeft om harde uitspraken te doen over regionale verschillen. Overigens gaan er op dit moment veel subvarianten van omikron rond die minder gemakkelijk met variant-PCR gevolgd kunnen worden dan bijvoorbeeld bij de opkomst van omikron, toen het één variant betrof.





Figuur 3 aandeel BQ1

Inschatting van groeisnelheid op basis van Nederlandse data kan met variant-PCR-data van een aselechte steekproef dus ongeveer twee weken eerder worden verkregen dan op basis van kiemsurveillancedata. Echter, omdat juist bij het begin van de introductie van een variant een PCR nog opgezet en gevalideerd moet worden, en bevestiging van variant-PCR-data met sequentieanalyse nodig is, is de tijdwinst ten opzichte van de kiemsurveillance in die eerste periode beperkt. Er zijn overigens wel voorbeelden van hele snelle validatie van variant-PCR<sup>10</sup>. Deze gegevens zouden met een 'convenience sample' van beschikbare monsters uit GGD-teststraten (in alle regio's of in 'sentinel regio's'), Infectieradar, of zorg verkregen kunnen worden. In de huidige fase van de pandemie zal de meerwaarde van aanvullende gegevens waarschijnlijk beperkt zijn.

### Wat is de meerwaarde van 'sentinel regio's'?

'Sentinel regio's' die alle onder ad 1 genoemde gecombineerde gegevens zouden kunnen verzamelen en relevante uitkomsten kunnen delen met het RIVM zouden meerwaarde hebben bij vragen met betrekking tot de ernst van ziekte. In het begin van de introductie van een variant aantallen gevallen met een variant in verpleeghuizen en ziekenhuizen ook in 'sentinel regio's' beperkt zijn. Navraag via het RAC/REC-netwerk leerde dat een dergelijke gegevensverzameling nu nergens loopt. Er zijn wel voorbeelden van 'pyramide studies' gedaan tijdens eerdere golven<sup>11-14</sup>. Naar verwachting zijn er enkele regio's (bijvoorbeeld Amsterdam en Rotterdam) in staat om deze gegevensverzameling op te zetten maar hiervoor is investering nodig. Hoeveel regio's en welke regio's dit verder kunnen is niet nader uitgevraagd. Zoals hierboven geschetst zou 'sentinel surveillance' voor *verpleeghuizen* in de toekomst mogelijk ook ingericht kunnen worden via SNIV, Leren van data in verpleeghuizen, of KIK-V. Ook hiervoor zouden additionele financiële middelen nodig zijn.

Zoals hierboven is onderbouwd, zal voor het monitoren van de verspreiding van varianten in de populatie de meerwaarde van 'sentinel regio's' in de huidige epidemiologische situatie beperkt zijn ten opzichte van de al bestaande surveillancestructuren.

## Referenties

1. Molenkamp et al. Euro Surveill. 2022. 26: 2100921
2. ECDC Guidance: [Methods-for-the-detection-char-SARS-CoV-2-variants\\_2nd update\\_final.pdf \(europa.eu\)](#)
3. [Handreiking maatregelen bij clusters en lokale verheffingen'](#) en bijlage [Indicaties voor whole genome sequencing'](#)
4. Argos consortium Amsterdam. Bron: Twitter.
5. Andeweg et al. Nat Commun. 2022 13:4738.
6. Backer et al. Euro Surveill. 2022 27: 2200042
7. Eggink et al. Euro Surveill. 2022 27: 2101196
8. De Gier et al. Euro Surveill. 2021 26: 2100977
9. [COVID-19-uitbraken in verpleeghuizen : besmettingskans, ernst en vaccineffectiviteit / IB 08-2022 | RIVM](#)
10. [Droplet digital RT-PCR to detect SARS-CoV-2 signature mutations of variants of concern in wastewater - PubMed \(nih.gov\)](#)
11. [Capturing the SARS-CoV-2 infection pyramid within the municipality of Rotterdam using longitudinal sewage surveillance | medRxiv](#)
12. <https://www.rijksoverheid.nl/actueel/nieuws/2021/04/21/risicogericht-grootschalig-testen-helpt-meer-zicht-te-krijgen-op-het-coronavirus>
13. [Community-based SARS-CoV-2 testing in low-income neighbourhoods in Rotterdam: Results from a pilot study - PubMed \(nih.gov\)](#)
14. [Population-based screening in a municipality after a primary school outbreak of the SARS-CoV-2 Alpha variant, the Netherlands, December 2020-February 2021 - PubMed \(nih.gov\)](#)