

Meet the Expert – VHIG congres 2026

Regionaal typeringsnetwerk

Zorgnetwerk GAIN

Corianne Meijer | Deskundige infectiepreventie Radboudumc



Radboudumc

Hoe passen jullie typeren (WGS) toe?

1. Geen tot weinig ervaring mee
2. Zetten we in bij vermoeden van verspreiding of een uitbraak
3. We zijn onderdeel van een regionaal typeringsnetwerk

Het project

- Gestart in 2023 met subsidie van zorgnetwerk GAIN
- Doelen:
 - Vroeg detectie en signalering van regionale BRMO verspreiding
 - Versterken onderlinge samenwerking
 - Cloud-based delen van WGS data
- Pilot met BRMO *Klebsiella pneumoniae*

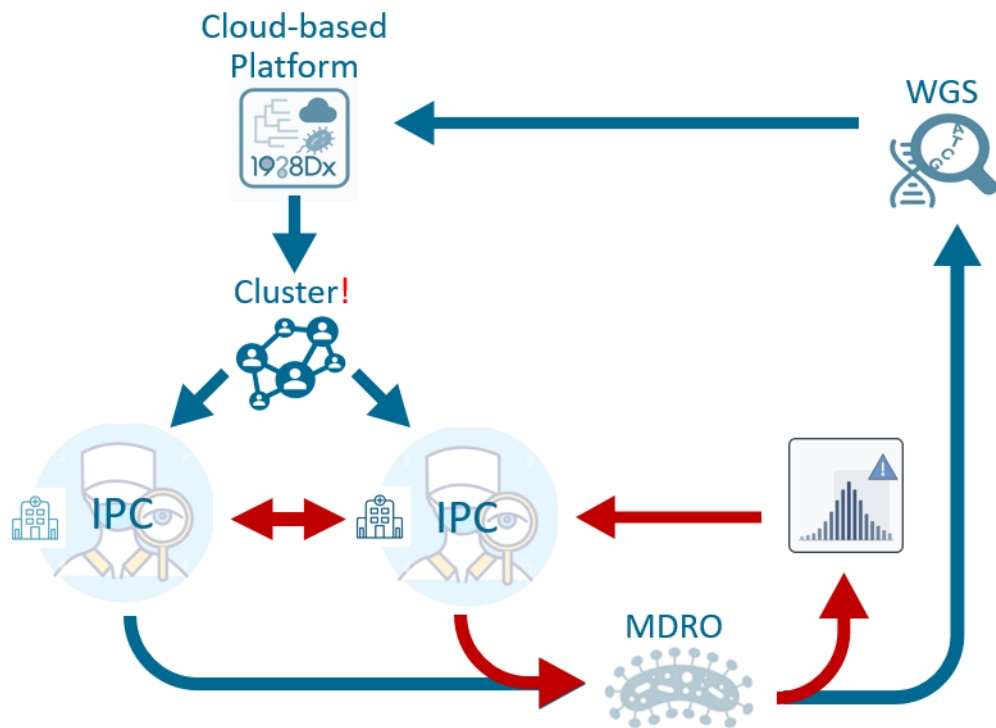
Het projectteam

- Projectteam:
 - Arts-microbioloog
 - Medisch moleculair microbioloog
 - Deskundige infectiepreventie
 - Epidemioloog
 - Bioinformaticus



Werkwijze

- Alle BRMO *K. pneumoniae* naar Radboudumc
 - 1^{ste} isolaat per patiënt per jaar
 - Ziekenhuizen, huisartsen, verpleeghuizen
 - Zowel retrospectief ('uit de vriezer') als real-time
- WGS (cgMLST → sequentie type) en cluster analyse
 - Online platform 1928Dx (anonieme data)
 - Genetisch cluster = < 15 allelen verschil
 - Wekelijkse cluster update per mail
 - Maandelijks rapport



Reguliere werkwijze

Typeringsnetwerk werkwijze

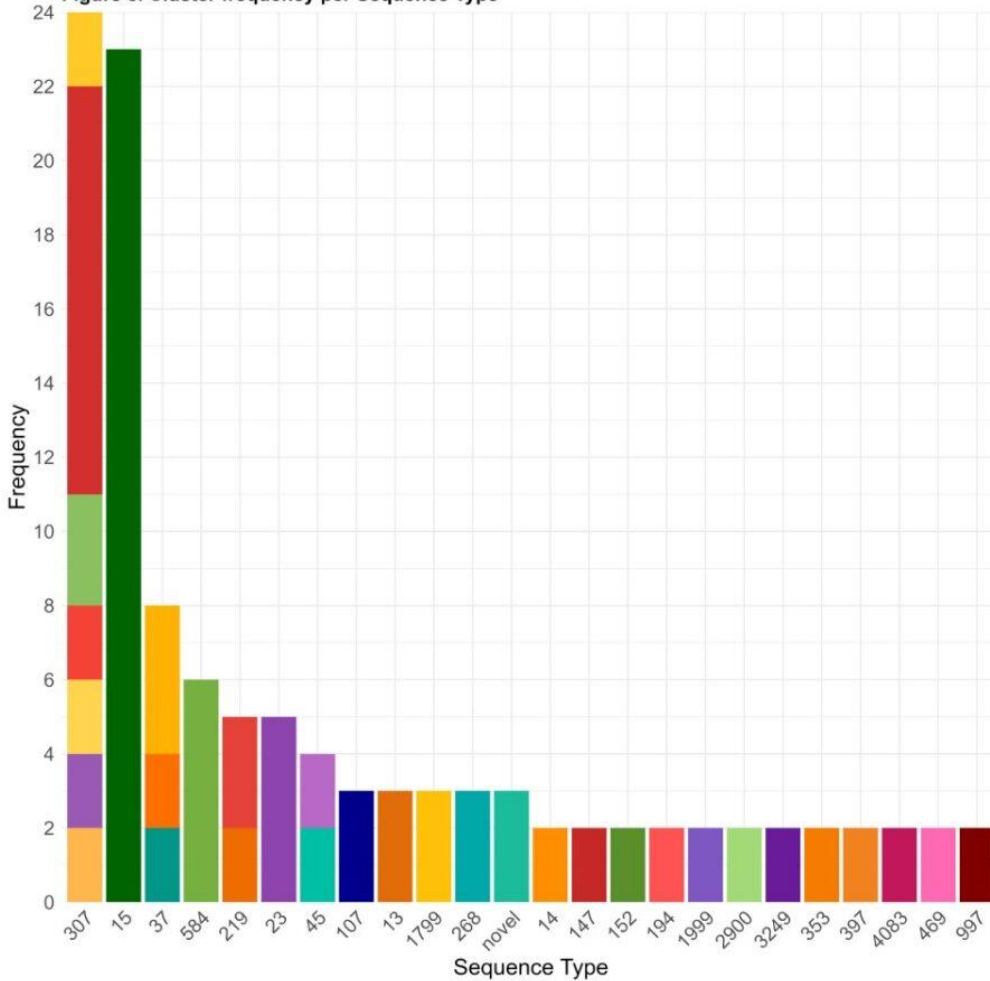
Uitkomst

- 337 *K. pneumoniae* isolaten gesequencet (325 patiënten)
- 106 verschillende sequentie types (ST)
 - Dominerend: ST307 en ST15
- Aantal genetische clusters: ?

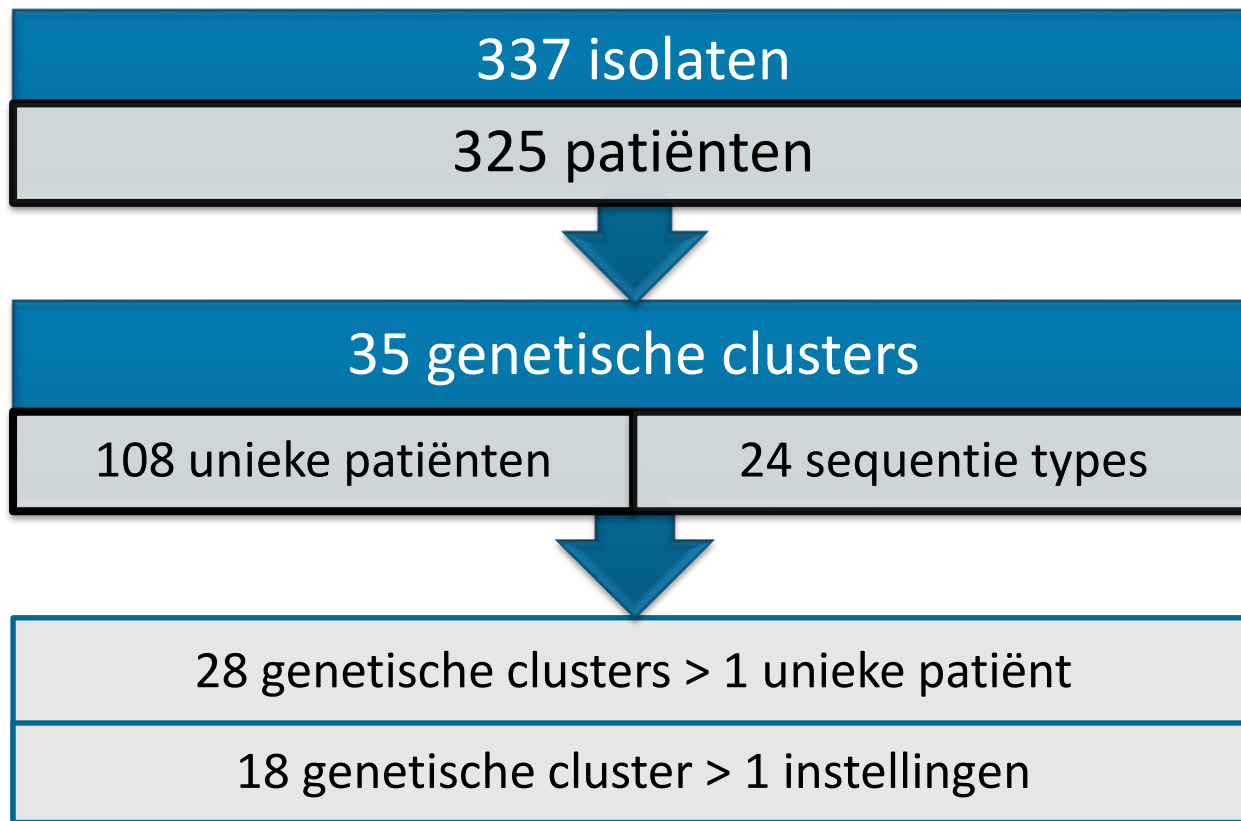
Uitkomst

- Aantal *K. pneumoniae* gesequencet: 337 (325 patiënten)
- 106 verschillende sequentie types (ST)
 - Dominerend: ST307 en ST15
- Aantal genetische clusters: 35
 - Met 24 verschillende ST
 - Kleinste cluster: 2 isolaten
 - Grootste cluster: 23 isolaten

Figure 6. Cluster frequency per Sequence Type



35 genetische clusters met
24 verschillende sequentie types



28 genetische clusters

- Is dat allemaal transmissie?

Tijd voor de DI om in de spotlights te treden

- Maar wat ga je nu doen?



Beoordelingsmatrix

Is er in het cluster een andere patiënt met:

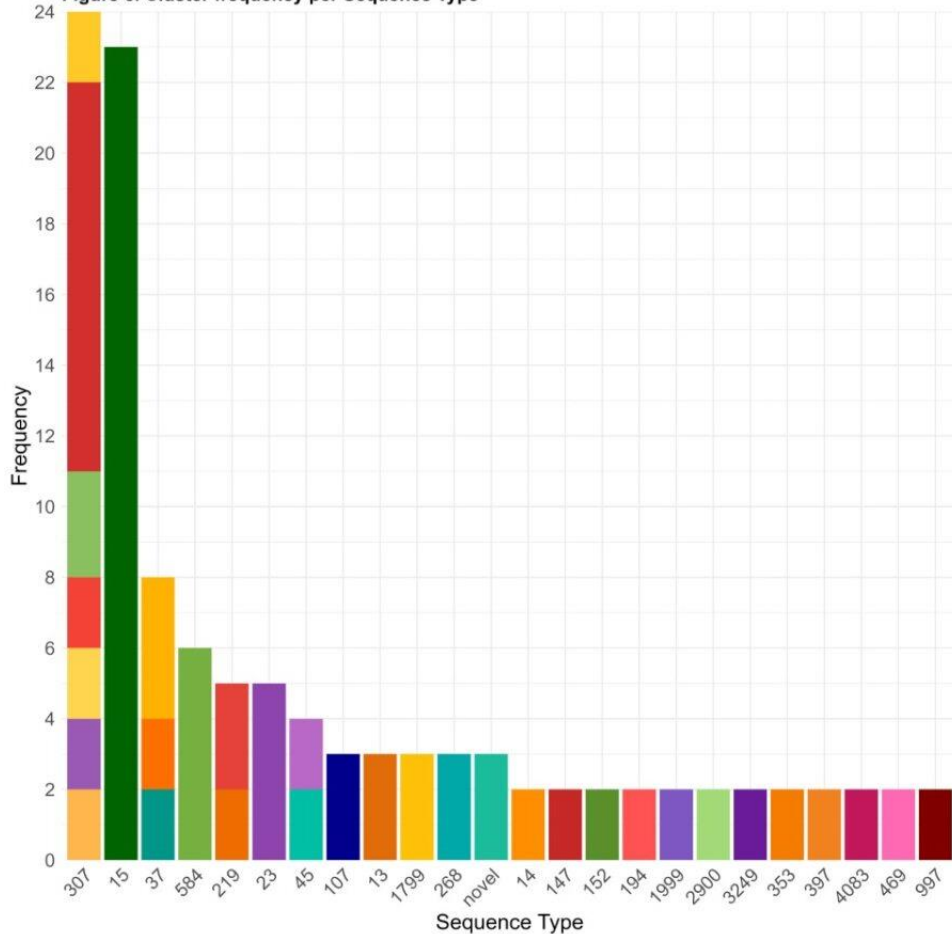
- Overeenkomende zorglocatie - instelling
- Overeenkomende zorglocatie - afdeling
- Overlap datum ziekenhuisbezoek op dezelfde afdeling
- Overeenkomend specialisme
- Dezelfde postcode

Onwaarschijnlijk gerelateerd: wanneer 0-1 van datavelden overeenkomen

Mogelijk gerelateerd: wanneer 2-3 van datavelden overeenkomen

Waarschijnlijk gerelateerd: wanneer minimaal 4 van datavelden overeenkomen

Figure 6. Cluster frequency per Sequence Type



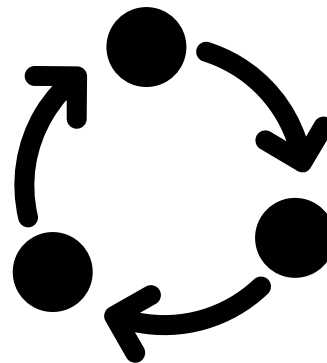
Voorbeeld:

Rood = cluster 15

ST307 - 11 patiënten

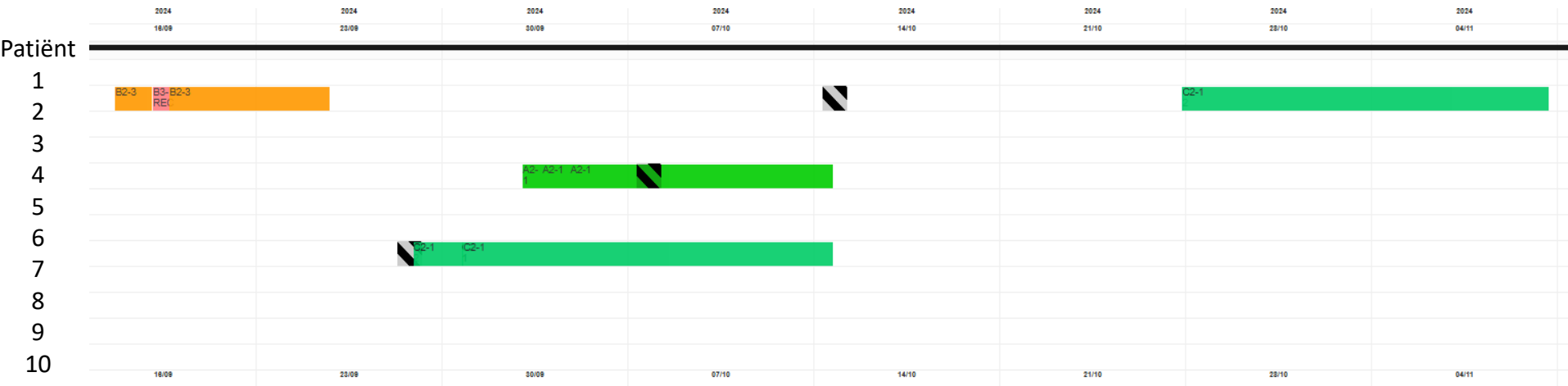
Cluster 15 (ST307 – ESBL)

- 11 patiënten
 - 7 uit het Ziekenhuis Gelderse Vallei (ZGV)
 - 2 uit het Radboudumc
 - 1 uit Rijnstate ziekenhuis
 - 1 vanuit een huisarts
- Epidemiologische gegevens opzoeken
- Uitwisselen van informatie
 - Alle 11 zijn patiënt in het ZGV!



Gantt chart

 Kweek positief



Opgenomen

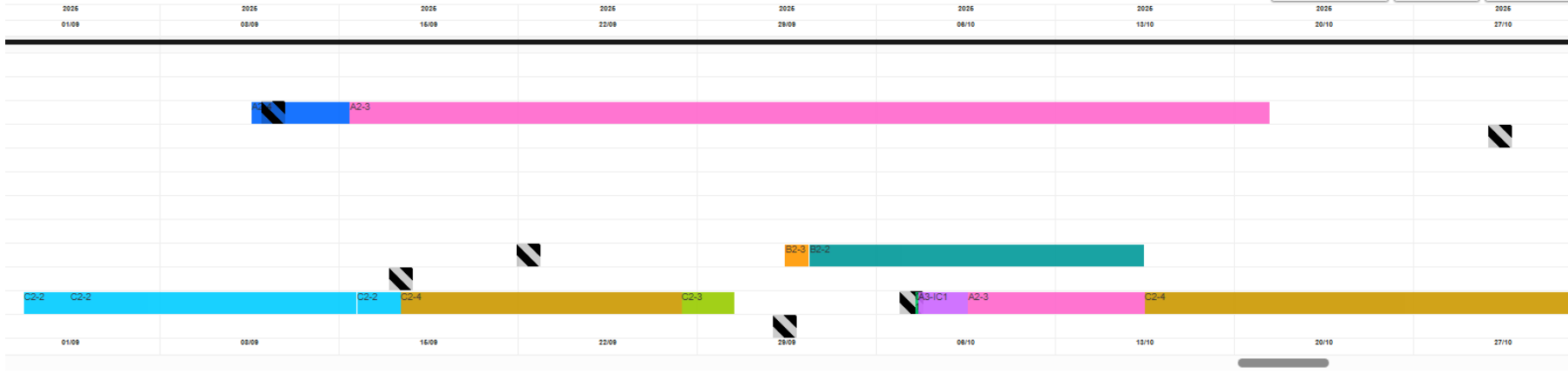


Gantt chart

 Kweek positief

Patiënt

1
2
3
4
5
6
7
8
9
10



Opgenomen



Isolaat	Instelling	Punten beoordelingsmatrix
1	ZGV	3 (instelling – afdeling – postcode)
2	ZGV	2 (instelling – afdeling)
3	ZGV	2 (instelling – afdeling)
4		
5		
6		
7		
8	ZGV	3 (instelling – afdeling – postcode)
9	ZGV	2 (instelling – afdeling)
10	Radboudumc	3 (instelling – afdeling – postcode)
11	Radboudumc	2 (instelling – postcode)

Mogelijk gerelateerd

Conclusie

- Genetisch cluster én epidemiologisch mogelijk gerelateerd
- Geen duidelijke transmissieroute of verklaring
- Missen we informatie?
- ST307 komt veel voor (wereldwijd)
- Is dit verspreiding?

Cluster 30 (ST307 – ESBL)

- 2 patiënten Radboudumc

Patiënt	Kweek positief	Opname	Afdeling
1	1-5-2025	29-04-2025 - 19-05-2025	Hematologie
2	7-7-2025	27-06-2025 - 16-07-2025	Hematologie

- Beoordelingsmatrix 3 punten = mogelijk gerelateerd
- Maar.....

Gantt chart



- Link met kamer 11

Conclusie

- Genetisch cluster én epidemiologisch waarschijnlijk gerelateerd
- Belang van complete plaatje en expert opinion DI
- Zonder sequenzen onder de radar gebleven

Eindconclusie

- Epidemiologische duiding is cruciaal
- Nieuwe informatie voor IP
 - Acties uitzetten
- Onbekende transmissie(route) in beeld
- Netwerk met regionale contacten

28 genetische clusters



6 clusters mogelijk of
waarschijnlijk
epidemiologisch gerelateerd



5 clusters (18%) waren nog
niet eerder in beeld

Discussie en vervolg



- Kosten en werklast
- Werkt de beoordelingsmatrix
 - Ontbreekt er informatie?
 - Welke periode?
- Hoeveel isolaten sequenzen om 1 uitbraak te voorkomen??

Met dank aan



Radboudumc

Suzan Pas
Alma Tostmann
Edmée Bowles
Corianne Meijer
Carsten van Rossum
Pieter Koopman
Welmoed Silvis
WGS analisten



Andrea Eikelenboom - Boskamp
Maaïke van Damme



Theun de Groot
Dewi de Vegt
Marrigje Nabuurs-Franssen
Guido Heeren
Charlotte van der Veer
Jacky Flipse
Maarten Heuvelmans
Karin Willemsen
Evelien Bouman

Edmée Bowles



GGD Gelderland Midden
Pauli Berendsen-Bles,
GGD Gelderland Zuid
Nico Bartels



Type-Ned