

Vragen gesteld door de leden der Kamer, met de daarop door de regering gegeven antwoorden

1029

Vragen van de leden **Veldman** (VVD) en **De Groot** (D66) aan de Minister van Volksgezondheid, Welzijn en Sport over *het bericht «SARS-CoV-2 mink-associated variant strain – Denmark»* (ingezonden 17 november 2020).

Antwoord van Minister **De Jonge** (Volksgezondheid, Welzijn en Sport) (ontvangen 9 december 2020).

Vraag 1

Bent u bekend met het bericht: «SARS-CoV-2 mink-associated variant strain – Denmark»?¹

Antwoord 1

Ja.

Vraag 2

Hoe heeft Nederland op deze ontwikkeling gereageerd? In hoeverre worden deze ontwikkelingen gevolgd en wat voor stappen denkt Nederland te gaan nemen?

Antwoord 2

Op basis van deze informatie is door het RIVM contact opgenomen met de Deense onderzoekers en is in samenwerking met een WHO expertgroep gesproken met de Deense collega's om hun bevindingen te duiden. Vervolgens zijn de resultaten van deze beraadslaging in het OMT-Z meegenomen en in een advies aan de ministeries van VWS en LNV medegedeeld. In de brief van de Minister van LNV en mij (Kamerstuk 28 286, nr. 1132) is dit nader toegelicht evenals welke vervolgstappen wij ondernemen. De ontwikkelingen worden verder op de voet gevolgd door het RIVM.

Vraag 3

Wat heeft Nederland gedaan met het advies van de Wereldgezondheidsorganisatie (WHO) van 6 november aan alle landen om, waar mogelijk, SARS-CoV-2 virussen te sequensen en de data daarvan via een internationaal platform met andere landen te delen?

¹ WHO.int, 6 november 2020, «SARS-CoV-2 mink-associated variant strain – Denmark», (<https://www.who.int/csr/don/06-november-2020-mink-associated-sars-cov2-denmark/en/>).

Antwoord 3

Sequencen van het virus gebeurt al in Nederland, zowel bij virusstammen gevonden bij mensen als bij nertsen. Nederland deelt de resultaten van de in NL voorkomende sequenties al via de daarvoor bestemde platforms.

Vraag 4

Heeft Nederland de capaciteit om deze SARS-CoV-2 virussen te sequensen en hoe ziet dat er in de praktijk uit?

Antwoord 4

Ja, Nederland heeft die capaciteit en deze wordt ook ingezet. Er zijn verschillende onderzoekscentra zoals het Erasmus MC en het Wageningen University Bioveterinary Research laboratorium waar men kan sequencen. Voor de praktijk van sequencing verwijs ik u naar algemene informatie over sequencing zoals in een artikel van het NTVG <https://www.ntvg.nl/artikelen/whole-exome-sequencing-de-dagelijkse-praktijk>.

Vraag 5

Verwacht u verdere SARS-CoV-2 mutaties en hoe is Nederland voorbereid om deze tijdig te identificeren?

Antwoord 5

Het ontstaan van mutaties in RNA-virussen is een natuurlijk fenomeen. Het SARS-CoV-2-virus verandert bij mensen, maar ook bij vermeerdering in nertsen. In het laatste geval betreft het een adaptatie aan de gastheer. Sequencing is de methodiek om mutaties te herkennen. Zie ook mijn antwoord op vraag 4.