

LabSentiNL: een nationaal laboratoriumsurveillanceplatform voor infectieziekten

Tom Kraaij, Antoni Hendrickx, Kimberley Benschop, Lieke van Alphen, Richard Molenkamp, Riny Janssen, Ivo van Walle

Samenvatting

LabSentiNL (uitgesproken als: Lab Sentinel) is een nieuw digitaal platform dat ingericht wordt voor laboratoriumgebaseerde surveillance van infectieziekten in Nederland. Het platform is ontworpen om gegevensuitwisseling tussen medisch-microbiologische laboratoria (MML's), Gemeentelijke Gezondheidsdiensten (GGD'en) en het Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu (RIVM) te verbeteren. Door gedeeld inzicht in microbiologische en epidemiologische kenmerken van casussen en visuele analyse helpt LabSentiNL bij vroegsignalering van infectieziekten en betere samenwerking tussen betrokken partijen wanneer een signaal gedetecteerd is. Dit artikel beschrijft de werking van het platform, de meerwaarde voor de publieke gezondheid en de belangrijkste uitdagingen.

Summary

LabSentiNL (pronounced as: Lab Sentinel) is a new national platform for laboratory-based surveillance of infectious diseases in the Netherlands. It aims to enhance data exchange between medical microbiology laboratories, municipal public health services, and the Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu (RIVM). Through shared insight in laboratory results and visual analytics, LabSentiNL supports early detection of signals based on microbiological and epidemiological characterisation of cases, and improved collaboration once a signal is detected. This article describes the platform's functionalities, its added value for public health, and the main challenges for implementation.

Inleiding

Achtergrond

Om infectieziekten beter te kunnen monitoren en sneller opkomende bedreigingen te signaleren, is het nodig dat laboratoria, Gemeentelijke Gezondheidsdiensten (GGD'en) en het Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu (RIVM) gegevens van voldoende kwaliteit tijdig met elkaar kunnen delen. Data en monsters gegenereerd door medisch-microbiologische laboratoria (MML's) zijn hiervoor essentieel en de beroepsgroep is zeer gemotiveerd om bij te dragen aan publieke gezondheid, zoals ook omschreven in het beroepsprofiel van de arts-microbioloog en medisch-moleculair microbioloog. Op dit moment werken het RIVM en de MML's voor laboratoriumgebaseerde surveillance van virussen en bacteriën met verschillende systemen. Dit kan het vroegtijdig signaleren van uitbraken en verheffingen bemoeilijken omdat data versnipperd kunnen zijn. Enkele surveillancesystemen zijn ondertussen technisch verouderd en aan vervanging toe. De COVID-19-pandemie heeft bovendien laten zien dat snelle en betrouwbare gegevensuitwisseling mogelijk en belangrijk is [1].

RIVM, Bilthoven, T. Kraaij, informatieanalist, A.P.A. Hendrickx, moleculair microbioloog, K.S.M. Benschop, moleculair viroloog, Maastricht UMC, L. van Alphen, medisch moleculair microbioloog, Erasmus MC, Rotterdam, R. Molenkamp, medisch moleculair microbioloog. RIVM, Bilthoven, R. Janssen, senior wetenschapper, I. van Walle, senior wetenschapper. Correspondentieadres: I. van Walle (ivo.van.walle@rivm.nl).

Daarom ontwikkelt het RIVM nu LabSentiNL (uitgesproken als: Lab Sentinel), waarin laboratoriumgegevens voor alle voor Nederland relevante pathogenen snel en efficiënt inzichtelijk worden. Dit naar analogie met equivalente systemen in bijvoorbeeld Duitsland (DEMIS) en Denemarken (MiBa) [2,3]. Dat helpt bij vroegsignalering van verheffingen in infectieziekten en monitoring van bijzonder resistente micro-organismen. Daarnaast faciliteert het de goede samenwerking tussen MML's, GGD'en en het RIVM. Tot slot wordt de software bewust als open source ontwikkeld. 'Open source' betekent dat de broncode van de webapplicatie (niet de geüploade data in de database van de applicatie) vrij toegankelijk is voor iedereen. Dit met het oog enerzijds op mogelijke bruikbaarheid op internationaal niveau en anderzijds op het verhogen van de kwaliteit doordat betrokkenen inzage krijgen in de code en ook kunnen bijdragen aan de webapplicatie.

Doel van het artikel

In dit artikel introduceren we LabSentiNL en beschrijven we:

- wat LabSentiNL is en hoe het werkt;
- hoe het platform zal bijdragen aan betere infectieziektesurveillance;
- welke voordelen en uitdagingen gebruikers zien;
- hoe het platform zich verhoudt tot bestaande systemen en toekomstige ontwikkelingen.

Wat is LabSentiNL?

Een centraal platform voor laboratoriumgegevens

LabSentiNL wordt ontwikkeld door het RIVM in samenwerking met MML's en GGD'en. Het platform biedt een verzamelplek voor laboratoriumgegevens over casussen van infectieziekten uit heel Nederland. Het heeft een aantal analysemogelijkheden voor trendbewaking en vroegsignalering. Organisaties bepalen zelf welke data ze delen met wie en krijgen binnen de wettelijke grenzen toegang tot de gegevens van anderen, wat de meerwaarde voor elke deelnemer verhoogt. LabSentiNL voldoet dan ook aan Europese en nationale privacywetgeving, de algemene verordening gegevensbescherming (AVG).

Welke casusgegevens verwerkt LabSentiNL?

Laboratoria uploaden casusgegevens in LabSentiNL, waarbij de gegevenselementen voldoende beperkt zijn om te voldoen aan de AVG-richtlijnen. Deze gegevens worden gebruikt om clusters, signalen en trends vroegtijdig te signaleren. De deelnemers stellen per casustype vast en komen overeen welke gegevenselementen verwerkt kunnen worden. In LabSentiNL wordt een casustype gedefinieerd als een ziekte of een pathofoon afhankelijk van de afspraken met de deelnemers. In het systeem worden aan elk casustype variabelen toegekend, ook weer na over-

Figuur 1. Een overzicht van de mogelijkheden voor de eindgebruikers (blauwe blokken) en hoe LabSentiNL deze mogelijkheden invult (rode blok). Bron: RIVM.



stemming met de deelnemers. Elk casustype bevat de volgende variabelen:

- beperkte patiëntgegevens: gepseudonimiseerde identifier van het monster en/of de casus, bemonsteringsdatum, woonplaats, leeftijd in jaren/maanden en geslacht;
- laboratoriumuitslagen:
 - genotypische data: PCR-resultaten, genoom van het pathogeen en van het genoom afgeleide informatie zoals typering, voorspelde resistentie of virulentie, en allel- of SNP-profielen;
 - fenotypische data: antimicrobiële resistentieprofielen en andere kenmerken van de pathogeen;
 - serologische data: aanwezigheid van specifieke antilichamen.
- fylogenetische boom: op basis van de aangeleverde genotypische data kan LabSentiNL automatisch een eenvoudige fylogenetische boom berekenen, waarmee laboratoria inzicht krijgen in de verwantschap tussen isolaten en mogelijke (recente) transmissiepatronen. Deze boom en de onderliggende sequenties zijn ook te downloaden om in rapportages of eigen tools te gebruiken.

Ontwikkeling en betrokkenheid van MML's en GGD'en

LabSentiNL is momenteel in ontwikkeling, waarbij de eerste liveversie begin 2026 verwacht wordt. Dat zal met een eerste set van casustypen (ziektes, pathogenen) gebeuren, waarna gradueel de rest van de relevante casustypen wordt toegevoegd. Tijdens de ontwikkelingsfase wordt intensief samengewerkt met microbiologen en GGD-medewerkers via twee overlegstructuren:

- gebruikersgroep: deze groep bestaat uit +/- 40 deelnemers, evenredig verdeeld over MML's en GGD'en. Zij leveren doorlopende feedback op de functionaliteiten en gebruiksvriendelijkheid van LabSentiNL. Overleg van de gebruikersgroep vindt meerdere keren per jaar plaats.
- klankbordgroep: deze groep bestaat uit drie leden gemandateerd door de Nederlandse Vereniging voor Medische Microbiologie (NVMM), twee leden gemandateerd door de Vereniging Medisch Microbiologische Laboratoria (VMML), twee vanuit de GGD'en en drie vanuit het RIVM. Zij hebben als taak de eerste conceptversie van de juridische overeenkomst, inclusief gebruiksreglement voor LabSentiNL op te stellen.

De feedback uit deze bijeenkomsten wordt verwerkt in de verdere ontwikkeling van LabSentiNL, zodat het platform optimaal aansluit op de behoeften van de eindgebruikers. Tussentijdse releases van het platform worden aan alle MML's en GGD'en getoond. Zij worden uitgenodigd via de NVMM (voor MML's) en via de GGD-e-mailadressen van de infectieziektebestrijding.

Hoe de MML's, GGD'en en het RIVM laboratoriumdata kunnen delen

Elke deelnemende organisatie (MML, GGD, RIVM) beheert een eigen Privé Data Collectie binnen LabSentiNL. Zij behouden volledige controle over hun gegevens en bepalen zelf welke casussen gedeeld worden in een of meer Gedeelde Data Collecties. Toegangsrechten kunnen per organisatie en per gegevenselement gedifferentieerd worden ingericht, bijvoorbeeld op basis van regio of samenwerkingsverband.

Gedeelde Data Collecties fungeren als toegangspoortjes: organisaties die toegang hebben tot een bepaalde collectie kunnen gegevens van die casussen inzien, met de ingestelde lees- en schrijfrechten. Deze opzet bevordert gecontroleerde datadeling, versterkt regionale en nationale samenwerking en verbetert de datakwaliteit door uniforme invoer.

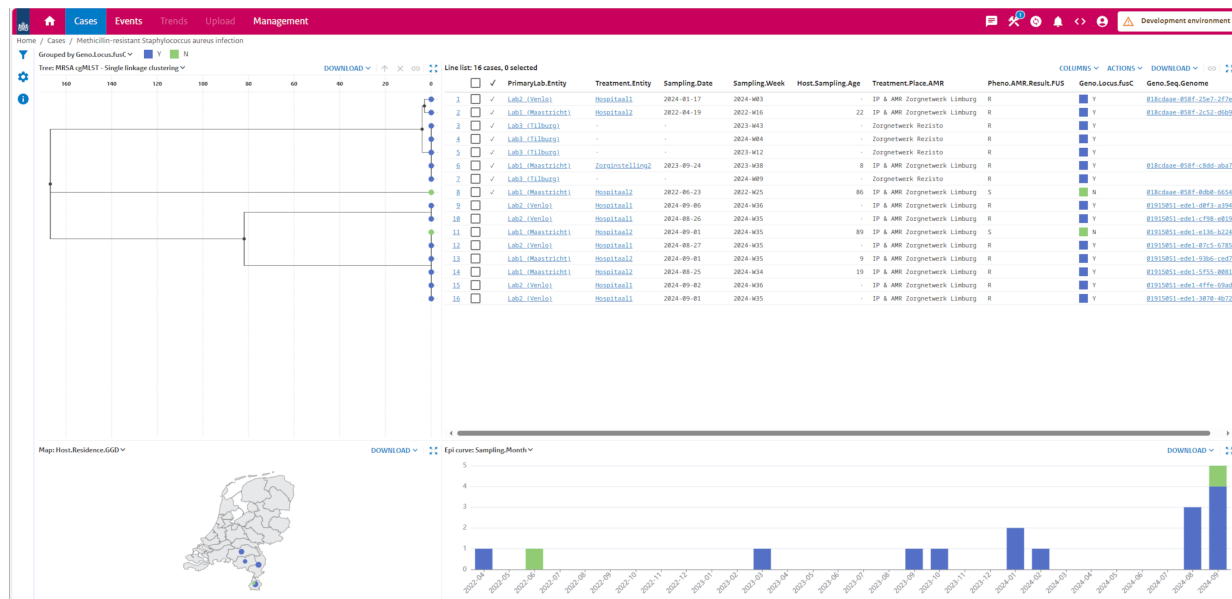
Door gebruik te maken van 'resolutieniveaus' per gegevenstype (bijvoorbeeld volledige datum of alleen weeknummer, postcode of GGD-regio) kan zorgvuldig worden omgegaan met privacy en datatoegang, terwijl analyses op relevante schaal mogelijk blijven. Dit evenwicht tussen toegankelijkheid en controle is essentieel voor effectieve en toekomstbestendige infectieziektesurveillance.

Overzicht van een verzameling casussen in LabSentiNL

Om een beter beeld te krijgen van wat een gebruiker in LabSentiNL ziet, toont *figuur 2* een voorbeeld voor meticillineresistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)-casussen. Op dit moment zijn de labels binnen de applicatie nog in het Engels om de ontwikkeling te vergemakkelijken, maar ondersteuning voor 'internationalisatie', inclusief Nederlandse vertalingen, zal in de productieversie ingebouwd worden.

Deze webpagina (zie *figuur 2*) bestaat uit vier kwadranten:

Figuur 2. Het ‘casusoverzicht’ voor MRSA in LabSentiNL. Voor dit voorbeeld is gebruikgemaakt van fictieve data. Bron: RIVM



- Linksboven: De speciesspecifieke fylogenetische boom, die de genetische verwantschap tussen de casussen laat zien voor wat betreft de verwekker. Hiermee kunnen microbiologen en epidemiologen bijvoorbeeld bepalen of er sprake is van recente transmissie of een gemeenschappelijke bron.
- Rechtsboven: De 'line list', een tabel waarin elke rij overeenkomt met één casus. De kolommen zijn de variabelen die gedefinieerd zijn voor het casustype in kwestie. Bijvoorbeeld: de bemonsteringsdatum, AMR-zorgregio, symptomen en fenotypische antibioticumresistentie.
- Linksonder: De kaartweergave, die de verdeling van infecties per regio toont. Dit helpt bij geografische surveillance en detectie van regio-specifieke trends.
- Rechtsonder: De epicurve, die de verspreiding van casussen in de tijd visualiseert. Dit geeft inzicht in trends of seizoenspatronen.

Door deze vier elementen te combineren, kunnen deelnemers snel en efficiënt inzichten krijgen in de moleculaire epidemiologie van gedetecteerde pathogenen.

Ondersteuning van het Signaleringsoverleg

Een belangrijke rol van LabSentiNL is de ondersteuning van het Signaleringsoverleg infectieziekten, dat wordt gecoördineerd door het RIVM. Daar kan worden besproken welk handelingsperspectief er bestaat om verdere verspreiding van specifieke pathogenen of infecties te voorkomen. Dit overleg resulteert in een wekelijks overzicht van Infectieziektesignalen dat elke donderdag verzonden wordt naar professionals die werkzaam zijn op het gebied van infectieziektebestrijding. LabSentiNL ondersteunt het Signaleringsoverleg door gestandaardiseerde data beschikbaar te maken voor deelnemers. Samen heb je straks potentieel de beschikking over dezelfde data als bron om een signaal te duiden.

Resultaten voor surveillance

LabSentiNL biedt verschillende voordelen aan MML's, GGD'en en het RIVM voor infectieziekt surveillance:

- Door gegevens regionaal en landelijk te bundelen, krijgen we een beter beeld van opkomende infectieziekten en trends.

- Verheffingen, opkomende varianten van bekende pathogenen en andere trends die relevant zijn voor het voorkómen van infectieziekten, kunnen nog eerder worden gesignaleerd.
- Er zijn minder handmatige handelingen nodig. Automatische gegevensverwerking vermindert de kans op fouten en versnelt analyses.
- De samenwerking tussen MML's, GGD'en en het RIVM wordt verder verbeterd, door snellere, laagdrempeligere informatie-uitwisseling en gezamenlijke duiding.

Vergelijking met huidige systemen

LabSentiNL dient in de eerste plaats om de data die MML's met het RIVM hebben gedeeld of die het RIVM zelf als MML genereert, verder te delen met andere MML's en met GGD'en. Het is nieuw om dit type data te delen met GGD'en. Verder vervangt LabSentiNL op termijn diverse systemen en vormt het één centrale databron (met alle pathogenen) voor laboratorium-gebaseerde surveillance. De huidige laboratorium-gebaseerde surveillancesystemen zullen niet zomaar vervangen worden. Dit is een stapsgewijs proces waarbij het RIVM de deelnemers tijdig zal informeren en er gezamenlijk kritisch gekeken wordt welke datastromen (en wanneer) overgaan naar LabSentiNL.

Discussie

Toepassing in microbiologische laboratoria

Het perspectief van de medisch-moleculair microbioloog, bacteriologie (Lieke van Alphen, MUMC):

"LabSentiNL zal een grote bijdrage kunnen leveren aan het inzichtelijk maken van de surveillance van diverse infectieziekten, waaronder ook nosocomiale infecties. De gecombineerde genomische, fenotypische en epidemiologische data zullen meerwaarde hebben bij de surveillance van resistente micro-organismen en de analyse van verspreiding van resistentie in een bredere context. Op dit moment is er geen landelijke surveillance voor veel nosocomiale BRMO's, waardoor regionale verschillen in het voorkomen van bepaalde pathogenen of varianten niet altijd tijdig kunnen worden opgemerkt. Ook analyses van nosocomiale uitbraken tussen zorginstellingen of op regionaal niveau zijn beperkt. In diverse regio's lopen daarom momenteel projecten via de AMR-zorgnetwerken voor moleculaire

epidemiologie van resistente micro-organismen: het regionaal typeren en delen van genomische data van resistente micro-organismen om snel de introductie van nieuwe varianten, clusters of uitbraken te kunnen detecteren. Deze regionale projecten sluiten momenteel niet op elkaar of op nationale data aan, terwijl inzicht uit andere regio's en de epidemiologische context van groot belang is. Deze projecten (en eerdere projecten tijdens de COVID-19 pandemie) laten zien dat lokale en regionale instellingen in staat zijn om snel en lokaal of regionaal de benodigde data te genereren en delen. Deze data bij elkaar brengen in een platform als LabSentiNL zal meerwaarde hebben vanuit landelijk perspectief. Door de data landelijk te combineren zullen ze ook inzichtelijker zijn, wat bijdraagt aan de internationale FAIR-principes voor wetenschappelijke data: Findable (vindbaar), Accessible (toegankelijk), Interoperable (uitwisselbaar) and Reusable (herbruikbaar). Ook zullen de data in internationale context beter te analyseren zijn.

Uiteraard is goede afstemming tussen alle partijen die deelnemen aan dit platform essentieel. Zowel het gebruik van epidemiologische (meta)data waarbij wordt voldaan aan alle AVG-eisen, als de harmonisatie van fenotypische en genomische data zal goed ingeregeld en afgestemd moeten worden, in samenwerking met alle partijen. De betrokkenheid van alle partijen via de klankbordgroepen en gebruikersgroepen en de integratie van feedback die uit deze groepen komt is daarbij belangrijk. Door de diverse en complexe data bijeen te brengen en deze op een overzichtelijke manier inzichtelijk te maken kan LabSentiNL een enorme meerwaarde hebben voor de bestrijding van infectieziekten in Nederland."

Het perspectief van moleculair microbioloog, coördinator CPE/CPPA/CRAb en MRSA-surveillance via Type-Ned (Antoni Hendrickx, RIVM):

"Ik voorzie dat LabSentiNL een keerpunt kan zijn in de genomisch-epidemiologische surveillance van infectieziekten in Nederland. Het delen van lokaal gegenereerde whole-genome sequencingdata en epidemiologische data van virussen en bacteriën in een online nationaal platform voor datasurveillance biedt de mogelijkheid om verheffingen in infectieziekten te detecteren en te duiden. Ook zal de interactie met het European Centre for Disease Prevention and Control voor signalering van internationale verheffingen in de toekomst sneller en

efficiënter verlopen dan in het huidige surveillancelandschap. LabSentiNL biedt echt de mogelijkheid van 'data voor actie'. Dit kan een belangrijke meerwaarde zijn en bijdrage leveren aan het succesvolle huidige Nederlandse 'search and contain'-beleid voor bijzonder resistente micro-organismen. Overlap tussen verschillende landelijke bacteriële surveillancesystemen is nu beperkt en niet altijd efficiënt in beeld, bijvoorbeeld wanneer antimicrobiële resistentie 'overspringt' naar andere pathogenen. De eerste carbapenemaseproducerende *Salmonella enterica* en Shiga-achtig toxine/oxacillinaseproducerende *Escherichia coli* zijn recent geïdentificeerd. Of dit slechts anekdotische cases zijn, zal moeten blijken, maar is in het huidige surveillancelandschap eerder een bevinding van oplettende molecuulair micro-biologen dan snelle geautomatiseerde detectie in een grote landelijke database. Daarnaast is er momenteel geen goed landelijk zicht op verspreiding en/of uitbraken met extended-spectrum bètalactamase (ESBL)-producerende Enterobacterales of vancomycineresistente enterokokken (VRE), terwijl de data er wel zijn. LabSentiNL zal hierin inzicht kunnen geven en helpen voorop te blijven lopen in Nederland wat betreft de vernieuwing van whole-genome sequencingtechnieken, verbetering van bacteriële typeermethoden en fenotypisch onderzoek. Maar het opsturen van isolaten naar het RIVM vanuit MML's zal niet volledig verdwijnen. Het ontvangen van isolaten blijft voorlopig belangrijk voor referentiedoelinden, zoals het aanleggen van representatieve collecties en de validatie van diagnostische testen. Ik verwacht tevens dat volledige harmonisatie van de huidige surveillancesystemen met LabSentiNL een proces is dat tijd vergt. Dit zal nauwkeurig gebeuren in samenwerking met alle belanghebbenden, waaronder MML's en GGD'en. Dit is een belangrijke uitdaging die we met elkaar moeten aangaan."

Gebruik binnen virologie en epidemiologie

Het perspectief van de molecuulair viroloog (Kim Bens Chop, RIVM)

"Moleculaire analyses gekoppeld aan een minimale vereiste dataset van gegevens zijn cruciaal om epidemiologische trends en daarmee verheffingen van typen/varianten/recombinanten te monitoren. Door deze data van verschillende deelnemers te

combineren is er inzicht in zowel lokale als landelijke verheffingen, zeker voor pathogenen die niet-meldingsplichtig zijn. In het laatste geval is er bijvoorbeeld voor enterovirussen het VIRO-TypeNed-platform ingericht waar deelnemende laboratoria, die zelf typeren, en het RIVM, data kunnen delen [4]. Zo kan de circulatie van enterovirussen gemonitord worden en zijn eventuele verheffingen vroeg te signaleren [5,6]. De data worden verder gebruikt om bijzondere cases in landelijk perspectief te plaatsen [7]. Dit systeem is qua visualisatie niet optimaal om verheffingen te signaleren en de deelname hieraan is alleen gebaseerd op laboratoria die zelf typeren. Door VIRO-TypeNed te integreren in LabSentiNL kunnen typeringsgegevens landelijk aangeleverd en gedeeld worden, waardoor de meerwaarde van VIRO-TypeNed voortaan op nationaal niveau benut kan worden. Ook MML's die niet zelf typeren, kunnen op deze manier tijdig data delen. Het RIVM of het laboratorium waar een typering is aangevraagd, kan hierbij moleculaire data van casussen van MML's die niet zelf typeren, delen via LabSentiNL met gedeeld eigenaarschap. Dit biedt MML's de mogelijkheid ook hun eigen data te analyseren op lokaal en op landelijk niveau waar nodig."

Het perspectief van de medisch-moleculair microbioloog, virologie (Richard Molenkamp, Erasmus MC)

"Het verzamelen van sequentiedata van virussen in het kader van surveillance vindt momenteel gefragmenteerd plaats. Er zijn langlopende initiatieven voor enterovirus (Viro-Typed) of norovirussen (Noronet), maar er is momenteel geen algemeen gestandaardiseerd platform. Tijdens de SARS-CoV-2 pandemie werden whole-genome sequencingdata verzameld in het SeqNeth-raamwerk. SeqNeth, een netwerk van laboratoria dat in staat was grote hoeveelheden monsters te sequensen, was opgezet om te voldoen aan de eis voor uitgebreide kiemsurveillance van SARS-CoV-2. Een groot gemis hier was een platform waarmee sequentiedata niet alleen op gestandaardiseerde wijze konden worden verzameld maar ook voor deelnemers beschikbaar kwamen. Met de integratie van de verschillende typeringsnetwerken in het overkoepelende SeqNeth en ontwikkeling van LabSentiNL zou dit nu wel mogelijk zijn. Dit is essentieel voor lokale of regionale duiding van uitbraken en voor het onderzoeken van de dynamiek van nieuwe of herintredende infecties.

Voorbeelden zijn makkelijk te noemen. Toen we in 2022 te maken hadden met een introductie van mpox-virus bij met name de MSM-populatie was er geen mogelijkheid om decentraal gegenereerde sequenties centraal te analyseren. Bilaterale samenwerkingen waren nodig om de dynamiek van introductie te begrijpen en om op lokaal niveau gerichte bestrijdingsmaatregelen te nemen. Hetzelfde geldt voor recente mazelenuitbraken. WGS-sequenties worden gedeeld met het RIVM, maar voor lokale of regionale interventies is het noodzakelijk dat deze sequentie-informatie voorzien is van een set van minimale metadata die voldoen aan privacy-eisen, volledig gedeeld en benaderd kunnen worden door MML's en GGD'en. De verwachting is dat LabSentiNL deze essentiële rol zal gaan vervullen voor moleculaire epidemiologie en surveillance van virale infecties op nationaal, regionaal en lokaal niveau. Daarbij ondersteunt het de internationale FAIR-principes voor wetenschappelijke data. Uiteraard zal de volledige implementatie van LabSentiNL nog behoorlijk wat tijd kosten. Verschillende belanghebbenden zoals referentielaboratoria, MML's, GGD'en en het RIVM zullen betrokken moeten blijven om in gezamenlijkheid de verdere ontwikkeling van LabSentiNL te realiseren."

Uitdagingen en toekomstperspectieven

Ondanks de voordelen van LabSentiNL zijn er enkele uitdagingen:

- Hoewel de data in LabSentiNL gepseudonimiseerd zijn en er een juridische toets heeft plaatsgevonden, blijft privacy een terecht terugkerend thema. De opzet van LabSentiNL is 'privacy-by-design'. We begrijpen dat dit voor veel laboratoria een aandachtspunt is. Het RIVM wil zich ervoor inzetten dat de verschillende partijen in de keten komen tot een uniforme interpretatie van de AVG.
- Door het systeem aan alle MML's beschikbaar te stellen en de mogelijkheid te bieden om een privé Data Collectie aan te leggen, waarin gebruikgemaakt kan worden van de ingebouwde visualisatietools, hopen wij dat MML's net zo breed en enthousiast deelnemen aan LabSentiNL als aan de huidige surveillancestructuren. Het succes van een surveillancesysteem hangt uiteraard af van de deelname van zoveel mogelijk organisaties die bereid zijn data uit te wisselen. Voor MML's betekent deelname het periodiek aanleveren van data, idealiter op termijn geautomatiseerd via een

koppeling met het LIMS. Omdat zo'n koppeling voor veel laboratoria nog niet direct haalbaar is, kunnen zij de gegevens ook direct uploaden via de webapplicatie. Hoewel dit extra inspanning vraagt, zijn de meeste MML's al vertrouwd met regionale surveillance en vergelijkbare processen. De meerwaarde voor hen ligt vooral in het directe inzicht in de eigen situatie ten opzichte van het regionale en landelijke beeld van infectieziekten.

Toekomstige ontwikkelingen van LabSentiNL omvatten:

- optimalisatie van de analysemogelijkheden;
- integratie met aanvullende epidemiologische data;
- automatisering van data-invoer door de overstap van handmatige invoer naar machine-to-machine (M2M)-koppelingen. Dit past ook in een breder kader om laboratoriumgegevens M2M met het RIVM uit te wisselen.

Conclusie

LabSentiNL is een belangrijke stap naar een effectievere en efficiëntere laboratoriumgebaseerde surveillance van infectieziekten in Nederland. Door snellere detectie, verbeterde data-uitwisseling en gestroomlijnde samenwerking te faciliteren helpt het platform bij het versterken van de infectieziektensurveillance en -bestrijding.

Met de ervaringen van MML's en GGD'en krijgen we een beter beeld van de impact en mogelijke verbeteringen. Door gezamenlijke inspanning van MML's, GGD'en en het RIVM blijven wij LabSentiNL verder ontwikkelen als een gebruiksvriendelijk hulpmiddel in regionale en landelijke infectieziektebestrijding.

Referenties

1. Aanpak coronacrisis Deel 1: tot september 2020. Den Haag: Onderzoeksraad voor Veiligheid; 2022 februari. Beschikbaar via www.onderzoeksraad.nl.
2. Robert Koch-Institut. Deutsches Elektronisches Melde- und Informationssystem für den Infektionsschutz (DEMIS). [Internet]. Berlijn: Robert Koch-Institut; [geraadpleegd op 8 april 2025]. Beschikbaar op: <https://www.rki.de/DE/Themen/Infektionskrankheiten/Meldewesen/DEMIS/demis-node.html>.
3. Statens Serum Institut. MiBa - Digital Infectious Disease Preparedness. [Internet]. Kopenhagen: Statens Serum Institut; [geraadpleegd op 8 april 2025]. Beschikbaar op: <https://mibaen.ssi.dk/miba>

4. Niesters HG, Rossen JW, van der Avoort H, et al. Laboratory-based surveillance in the molecular era: the TYPENED model, a joint data-sharing platform for clinical and public health laboratories. *Euro Surveill.* 2013;18(4):20387.
5. Benschop KSM, Rahamat-Langendoen JC, van der Avoort H, et al. VIRO-TypeNed, systematic molecular surveillance of enteroviruses in the Netherlands between 2010 and 2014. *Euro Surveill.* 2016;21(39):30352.
6. Benschop KS, Geeraedts F, Beuvink B, et al. Increase in ECHOvirus 6 infections associated with neurological symptoms in the Netherlands, June to August 2016. *Euro Surveill.* 2016;21(39):30351.
7. Storm KK, De Herdt D, Couderé K, et al. Severe neonatal enterovirus infection in twins with different outcomes: A case report. *Front Pediatr.* 2023;11:1181698.