

IMPACT



Jaarverslag 2024-2025
Klinische Genetica

Colofon

Teksten en data

Jelle Achten | Bianca van den Bosch | Wanwisa van Dijk | Margo Eijck-Vieversmans | Remco Frederix | Daphna Habets | Lars Hamers |
Sigrun Jackmaert | Martina Langeveld - Langeveld Communicatie | Peter Mennens | Laura Pinckaers-van Thoor | Ingeborg Schurgers |
Margo van Vlierden - Mach3 Communicatie | Jan van de Worp | Wendy van Zelst-Stams

Eindredactie

Remco Frederix | Judith Maszewski

Vormgeving

Menno Roosjen (Rosaforma)

Fotografie

Johan Latupeirissa | Eric Scholten - concept in beeld | Joey Roberts | iStock

Redactieadres

Maastricht UMC+
Klinische Genetica
Postbus 5800
6202 AZ Maastricht
T: (+31) (0)43 387 58 99
E: judith.maszewski@mumc.nl
W: klinischegenetica.mumc.nl



Inhoud

2	Colofon	35	Wetenschappelijk onderzoek
3	Thema's	37	Beurzen maken vernieuwend forensisch DNA-onderzoek van Athina Vidaki mogelijk
5	Inhoud	39	Promoties
6	Impact	40	Wetenschappelijke prijzen, onderscheidingen en subsidies
		40	Publicaties
7	De jaarcijfers 2024 en 2025	41	Onderwijs en opleiding
8	Klinische Genetica 2024 en 2025 in vogelvlucht	42	Organisatie van of bijdragen aan onderwijs, nascholing en (publieke) voorlichting
9	Personele bezetting in fucties en fte's		
10	Leeftijdscategorieën personeel per 31 december 2025 (N = 186)		
11	Productiecijfers polikliniek en laboratorium		
12	Monsters voor diagnostiek		
12	Genome Services Maastricht UMC+ Servicefaciliteit/project		
13	Patiëntenzorg		
15	Hackathon helpt genetische 'cold cases' verder		
19	Academische Alliantie Genetica spoort oorzaak zeldzame ziektes op met long read genome sequencing		
23	Epic bij Klinische Genetica - De basis staat, nu doorpakken		
27	Kwaliteit		
28	Kwaliteit Laboratorium Klinische Genetica		
30	Kwaliteit Polikliniek Klinische Genetica		



Impact

In dit verslag illustreren we enkele belangrijke gebeurtenissen rondom het thema impact en jaarcijfers van de afdeling Klinische Genetica van het Maastricht UMC+ in 2024 en 2025. In dit verslag leest u hoeveel patiënten we hebben geholpen met erfelijkheidsadvisering, welke genetische testen zijn ingezet, hoeveel onderzoeken we voor anderen hebben verricht (Genome Services Maastricht UMC+), welke onderzoeksubsidies zijn verkregen en hoeveel onderwijs er gegeven is bij de Universiteit Maastricht. De wetenschappelijke publicaties vindt u op de website van Maastricht University/Genetica en Celbiologie.

Een substantieel deel van de patiëntenzorg in het Maastricht UMC+ betreft zeldzame (vaak genetische) ziekten. En hoewel het gaat om individueel zeldzaam voorkomende aandoeningen, is het hebben van een zeldzame ziekte absoluut niet zeldzaam. In Nederland hebben naar schatting ruim 1 miljoen mensen te maken met een zeldzame aandoening. De klinische genetica speelt een belangrijke rol in de diagnostiek en zorg voor deze patiëntengroep, mede door de sterke integratie van zorg, diagnostiek en (translationeel) onderzoek gericht op innovatie en implementatie van de nieuwste technologieën en interpretatiemogelijkheden. Essentieel voor deze innovaties is de samenwerking met vele andere specialismen binnen en buiten de expertisecentra voor zeldzame aandoeningen in het Maastricht UMC+, maar ook de nauwe samenwerking binnen de Academische Alliantie Genetica met het Radboudumc. De impact die onze innovaties hebben op het verbeteren van de zorg voor patiënten met zeldzame aandoeningen zijn weergegeven.

In 2025 stonden we stil bij 30 jaar preïmplantatie genetische test (PGT). Elke maand publiceerden we een moedig en openhartig ervaringsverhaal op pgtnederland.nl. Voor zorgprofessionals, relaties en geïnteresseerden was er in november van dat jaar een groot symposium. Een gedetailleerd verslag vindt u op onze website <https://klinischegenetica.mumc.nl/terugblik-symposium-30-jaar-pgt>.

De afgelopen jaren is - enigszins op de achtergrond - hard gewerkt aan de ontwikkeling van een belangrijk nieuw speerpunt: forensische genetica. Inzichten uit dit expertisegebied innoveren ook weer de klinisch genetische zorg en vice versa. Een win-win situatie dus!

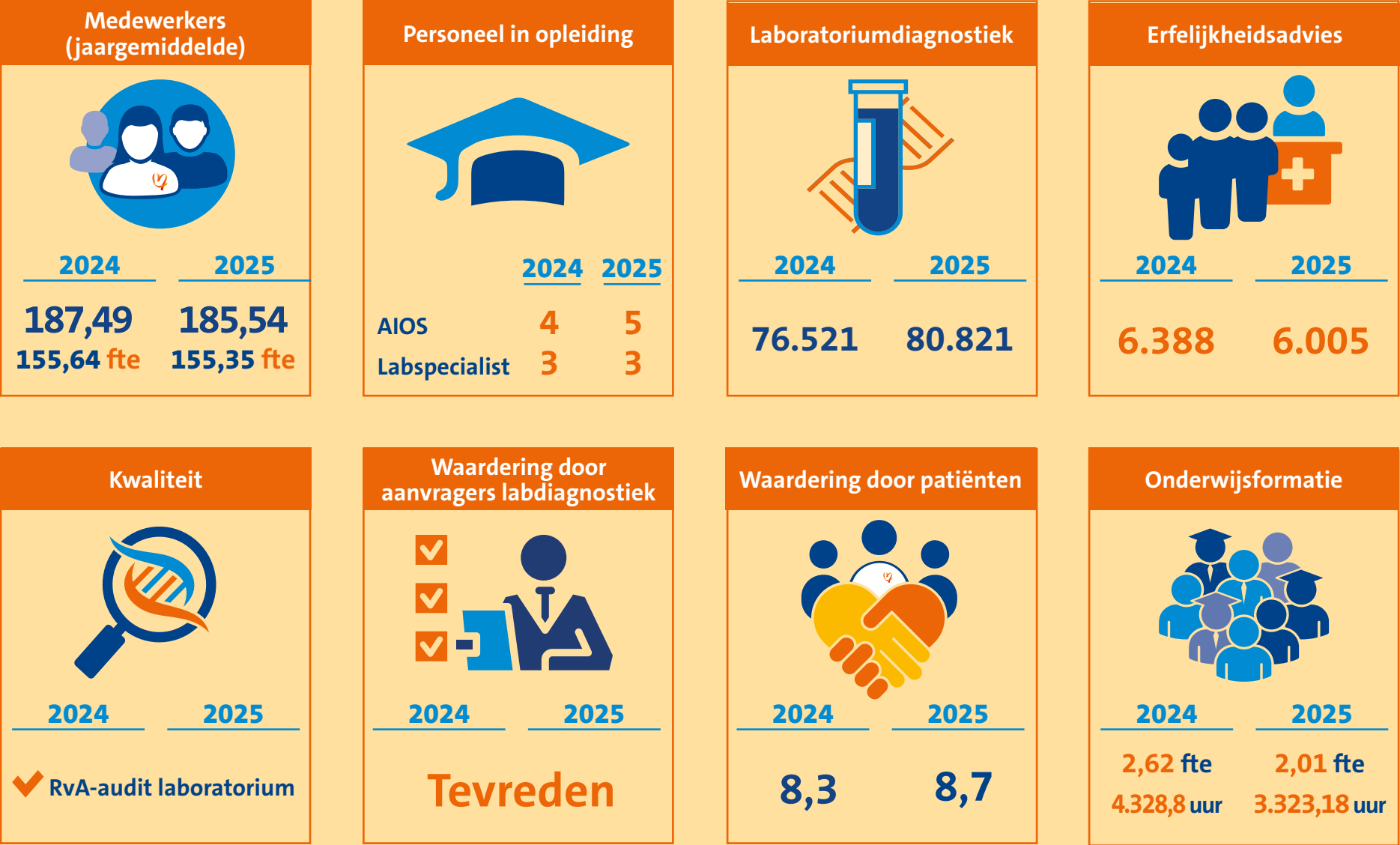
Prof. dr. Wendy van Zelst-Stams,
afdelingshoofd Klinische Genetica

Voorwoord

De jaarcijfers 2024 en 2025



Klinische Genetica 2024 en 2025 in vogelvlucht



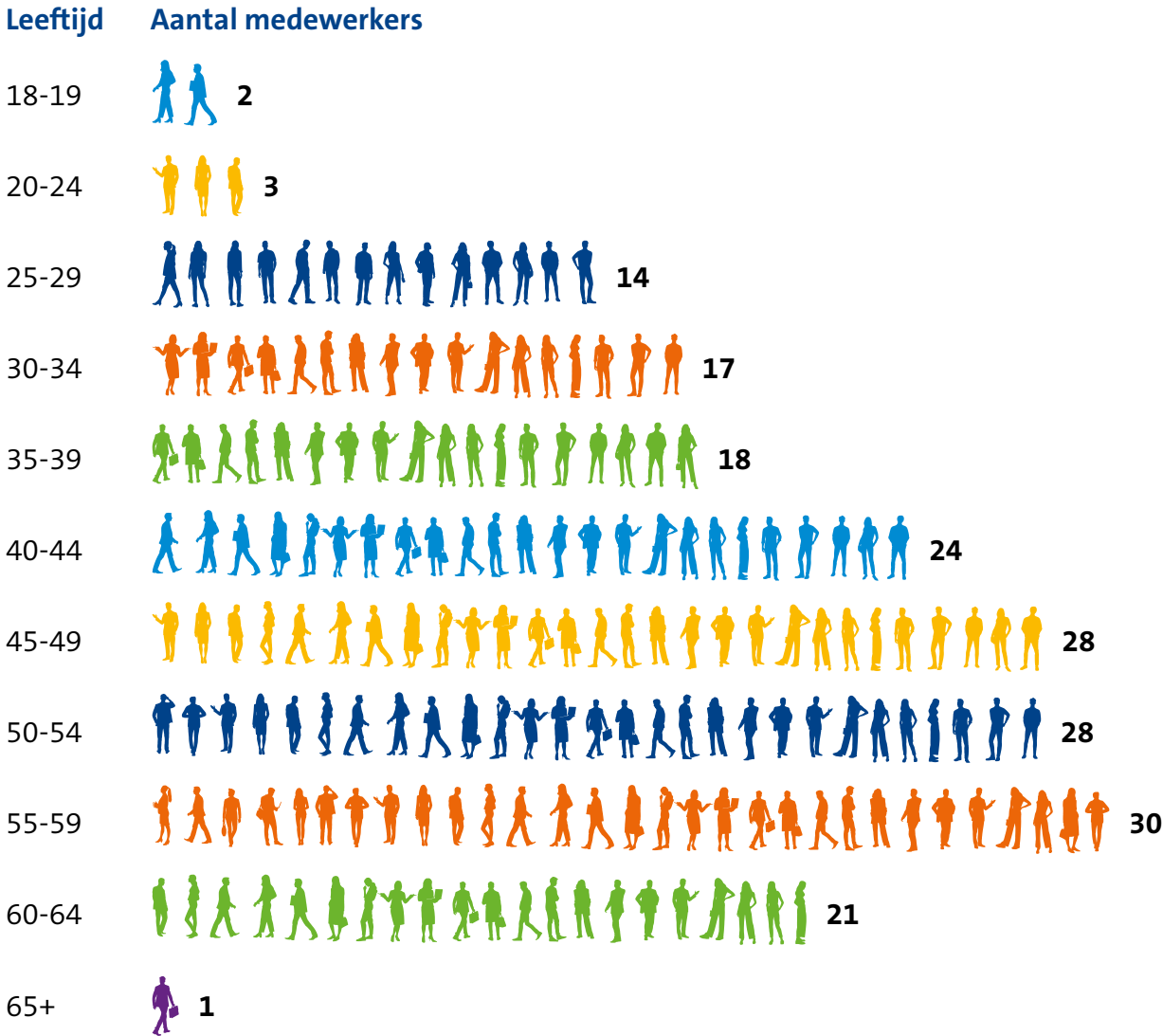
De jaarcijfers 2024 en 2025

Personele bezetting in fucties en fte's

Functie	2024		2025	
	fte	medewerkers	fte	medewerkers
Administratief medewerker	8,84	12	9,26	12,67
AIOS	3,6	4,61	4	4,34
ANIOS	1,47	2	0,87	2
Analist	62,53	69	58,05	65,49
Assistent polikliniek	0,67	1	0,67	1
Basisarts	0	0	0	0
Casemanager	3,26	4	2,33	3
Casemanager functionele neurologie	0	0	0	0
Communicatiemedewerker	1	1	1	1
Coördinerend laboratoriumassistent	6,66	8	6,58	8
Datamanager	0	0	0,5	1
DBC-consulent	0,44	1	0,44	1
Hoofd afdeling	0,5	1	0,5	1
Hoofdanalist	2	2	2	2
Hoofd laboratorium	1	1	1	1
Hoofd polikliniek	0,8	1	0,8	1
ICT-medewerker	9,28	11	9,93	10,16
Kwaliteitsfunctionaris	3,17	4	3,19	4
Manager bedrijfsvoering	1	1	1,49	1,98
Onderzoeker	7,93	9	7,3	9,64
Plaatsvervangend hoofd afdeling	0	0	0	0
Plaatsvervangend hoofd laboratorium	1	1	1	1
Plaatsvervangend hoofd polikliniek	0	0	0	0
Psycholoog	0,2	1	0,2	1
Secretaresse	7	10	6,58	9,51
Stafadviseur	2	3	2,89	4
Teamcoördinator	0,8	1	0,8	1
Universitair medisch specialist	9,4	12	10,4	13
Wetenschappelijk docent	0,1	1	0,1	1
Wetenschappelijk laboratoriummedewerker	5,03	6	4,26	5
Wetenschappelijk laboratoriumspecialist	16,28	17	16,11	17
Wetenschappelijk laboratoriumspecialist i.o.	3	3	3	3
Totaal per 31 december	155,36	187,61	155,25	185,79
Jaargemiddelde per december	155,64	187,49	155,35	185,54

De jaarcijfers 2024 en 2025

Leeftijdscategorieën personeel per 31 december 2025 (N = 186)



Productiecijfers polikliniek en laboratorium

Polikliniek	2024	2025
Intakegesprek	2.063	1.740
Erfelijkheidsadvies enkelvoudig	668	545
Erfelijkheidsadvies enkelvoudig autosomaal	127	131
Erfelijkheidsadvies middelmatig complex	1.035	972
Erfelijkheidsadvies complex, uitslag binnen 120 dagen	1.828	1.775
Erfelijkheidsadvies complex, uitslag na 120 dagen	0	0
PGT per aangemelde patiënt*	667	842
Totaal	6.388	6.005

Laboratorium	2024	2025
Algemeen chromosoomonderzoek voor identificatie van numerieke en structurele afwijkingen d.m.v. karyotypering	1.407	1.403
Gericht chromosoomonderzoek voor identificatie van chromosomale afwijkingen m.b.v. FISH	891	768
Moleculair onderzoek naar copy number variations (CNV's) of regions of homozygosity (ROH's) in het genoom	3.001	3.588
Moleculair onderzoek naar een specifiek gendefect, dragerschapsonderzoek.	2.887	2.728
Moleculair onderzoek naar gendefecten in een specifiek gen.	543	524
Moleculair onderzoek naar gendefecten in een specifieke set van genen, genpanelonderzoek.	1.929	4.141
Moleculair onderzoek naar pathogene overgeërfde of de novo mutaties in het exoom.	4.460	3.094
Vervolgonderzoek op basis van bestaande labdata naar gendefecten in 1 of meerdere genen.	3.733	3.768
Farmacogenetica**	1.788	1.862
NIPT	52.801	55.709
NIPT op medische indicatie	225	239
PGT per behandeling (cyclus)	765	835
Postnatale biochemische basisdiagnostiek	1.295	1.370
Postnatale biochemische enzymdiagnostiek	796	792
Totaal	76.521	80.821

* Voor gedetailleerde informatie over PGT zie het jaarverslag op pgtnederland.nl.
** Farmacogenetica bestaat uit verschillende testen. In deze tabel staat de som van al die testen.

Monsters voor diagnostiek

Totaal aantal verwerkte monsters voor diagnostiek

Jaar	Aantal
2024	145.446
2025	153.414

Monsters / diagnostiekaanvragen **van** partnerlaboratorium Genetica Radboudumc

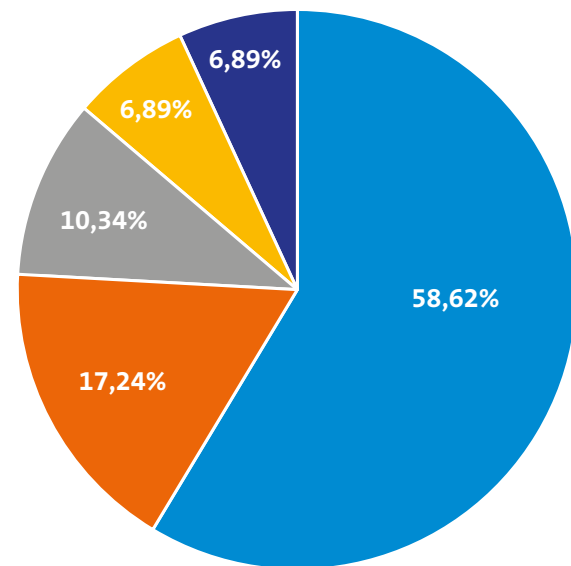
2024	413
2025	438

Monsters / diagnostiekaanvragen **naar** partnerlaboratorium Genetica Radboudumc

2024	372
2025	360

Genome Services Maastricht UMC+ Servicefaciliteit/project* in 2024

N = 29 PROJECTEN

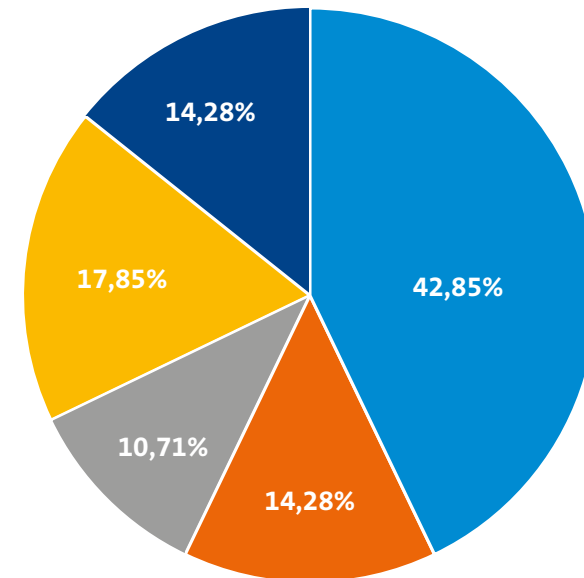


■ Sample prep & QC ■ Genomics ■ Transcriptomics ■ Metabolomics ■ Functional genomics

* Exclusief sample aanvragen (tapestation, CLA, karyotypering)

Genome Services Maastricht UMC+ Servicefaciliteit/project* in 2025

N = 28 PROJECTEN



■ Sample prep & QC ■ Genomics ■ Transcriptomics ■ Metabolomics ■ Functional genomics

* Exclusief sample aanvragen (tapestation, CLA, karyotypering)

De jaarcijfers 2024 en 2025



Patiëntenzorg



IMPACT

“Een genetische diagnose is niet alleen belangrijk voor de patiënt, maar ook voor de familie.”

Marek Noga in gesprek met analisten Huub Waterval (links) en Wei Yang (rechts)



Dr. Marek Noga studeerde en promoveerde in Polen. Als postdoc werkte hij in Leiden, Delft en Nijmegen. Hij is gespecialiseerd in vloeistofchromatografie-massaspectrometrie (LC-MS), hogedruk vloeistofchromatografie (HPLC) en systeem- en synthetische biologie. Aan het Maastricht UMC+ is hij verbonden als laboratoriumspecialist klinische genetica met als aandachtsgebied metabole ziekten.

Hackathon helpt genetische ‘cold cases’ verder

Ongeveer 1,2 miljoen Nederlanders heeft een zeldzame erfelijke aandoening. Het vervelende is dat een zeldzame ziekte vaak niet of pas laat herkend wordt. Eén op de drie patiënten krijgt daardoor geen of een verkeerde diagnose. Om juist deze moeilijke gevallen op te lossen, organiseerden het Radboudumc en het Maastricht UMC+ in 2025 een gezamenlijke hackathon. Twee dagen lang werkten klinisch genetici, bio-informatici en laboratoriumspecialisten waaronder Marek Noga samen aan patiëntcasussen waarbij eerdere diagnostiek geen definitief antwoord had opgeleverd. Tegelijkertijd werd een nieuwe technologie getest: long read genome sequencing.

Marek Noga is laboratoriumspecialist klinische genetica bij het Maastricht UMC+. Van oorsprong is hij analytisch scheikundige. Hij studeerde en promoveerde in Polen en werkte daarna als postdoc in Leiden, Delft en Nijmegen. In zijn onderzoek richtte hij zich op moleculaire mechanismen van ziekte en analytische technieken zoals massaspectrometrie. Inmiddels werkt hij met veel plezier in de metabole diagnostiek, waar via biochemische analyses van bloed, urine of hersenvocht wordt gezocht naar afwijkende stoffen (metaboliëten) of enzymactiviteit. Hoewel hij geen specialist is in genoomanalyse, besloot Marek toch aan de hackathon mee te doen. “Om een diagnose

definitief te maken, moet je uiteindelijk ook de genetische oorzaak via DNA-onderzoek aantonen. Allemaal kijken we naar hetzelfde probleem vanuit verschillende invalshoeken. Het is interessant te zien hoe biochemische analyse en DNA-diagnostiek samenkomen en elkaar versterken.”

Long read sequencing

Om de ‘cold cases’ op te lossen werd tijdens de hackathon gebruik gemaakt van long read genome sequencing. Marek: “Bij traditionele DNA-analyse wordt het genoom in kleine stukjes gelezen. Long read genome sequencing maakt het mogelijk



Marek Noga met analist Oakley Oppenhausen (rechts)

“De hackathon is een uitstekende en heel plezierige manier om die puzzel completer te maken.”

om veel langere DNA-fragmenten te ontcijferen, waardoor genetische varianten beter in hun context zichtbaar worden. Voor patiënten bij wie eerdere genetische testen geen duidelijkheid gaven, kan dit soms alsnog de ontbrekende puzzelstukjes opleveren. Dat gebeurde ook tijdens de hackathon. We werden opgedeeld in verschillende teams die elk aan de slag gingen met vijf dossiers van patiënten met onopgeloste genetische aandoeningen. In totaal werden 42 ‘cold cases’ bestudeerd.”

Mareks team werkte aan casussen waarin het draaide om metabole ziekten. In twee patiëntcasussen was al bekend welk gen waarschijnlijk betrokken was, maar ontbrak nog één genetische variant. Marek: “Na instructie en wat oefenen met de nieuwe analysetools wist mijn team in korte tijd een mogelijke ontbrekende variant te vinden. Dat was verrassend snel. Het moest natuurlijk nog verder worden bevestigd, maar het gaf wel een belangrijke aanwijzing voor de genetische oorzaak van de ziekte.”

Meer dan technologie

Volgens Marek ligt de waarde van een hackathon zowel in het leren kennen en eigen maken van de technologie, als in de samenwerking. “In de praktijk werken we meestal in onze eigen discipline. Tijdens de bijeenkomst werken klinisch genetici, bio-informatici en laboratoriumspecialisten juist intensief samen aan dezelfde cases. Zo leer je elkaars manier van denken kennen.” Marek hoopt dat dergelijke samenwerkingen zich verder ontwikkelen. “Het zou mooi zijn als we in de toekomst niet alleen genetische data, maar ook metabolomics-gegevens kunnen combineren. Metabolomics brengt in één keer alle kleine stofwisselingsproducten in het lichaam in kaart en laat zien wat genetische afwijkingen daadwerkelijk doen in het metabolisme. Dan krijgen we een nog completer beeld van wat er in het lichaam gebeurt.”

Puzzel compleet maken

“Een genetische diagnose is niet alleen belangrijk voor de patiënt zelf, maar ook voor de familie”, benadrukt Marek. “Zeker als er sprake is van een kindervens. Als bekend is welke genetische varianten de ziekte veroorzaken, kunnen ouders bij een volgende zwangerschap mogelijk gebruikmaken van een preïmplantatie genetische test (PGT). Daarom is het zo belangrijk dat we alles op alles zetten om die ontbrekende genetische puzzelstukjes proberen te vinden. De hackathon is een uitstekende en heel plezierige manier om die puzzel completer te maken.”

Patiëntenzorg



Marek Noga en Huub Waterval (links)

Patiëntenzorg



IMPACT

“Hoe eerder je weet waar een ziekte door komt, hoe beter je hem kunt behandelen.”



Prof. dr. Alexander Hoischen studeerde biologie aan de Rheinische Friedrich-Wilhelms Universiteit in Bonn. Na zijn promotieonderzoek in 2008 startte hij als postdoc bij de afdeling Genetica van het Radboudumc. In 2024 werd hij benoemd tot hoogleraar Genomic technologies for immune-mediated and infectious diseases aan het Radboudumc / de Radboud Universiteit. Daar onderzoekt hij de genetische oorzaken van zeldzame ziektes door DNA te analyseren.

Academische Alliantie Genetica spoort oorzaak zeldzame ziektes op met long read genome sequencing

O ngeveer 1 miljoen Nederlanders lijden aan een zeldzame ziekte. Vaak zijn die ziektes genetisch bepaald. Tot voor kort was het heel lastig om te bepalen welke genmutaties deze ziektes veroorzaken. Maar dankzij een nieuwe laboratoriumtest die is ontwikkeld door de afdeling Klinische Genetica van het Maastricht UMC+ en de afdeling Genetica van het Radboudumc, kunnen die DNA-foutjes nu wél worden opgespoord. Het geheim? Long read genome sequencing.

Het complete menselijke DNA – het genoom – is een puzzel die bestaat uit maar liefst zes miljard stukjes. Het is dus een hele opgave om dat ene stukje DNA te vinden dat een zeldzame ziekte veroorzaakt. “Vaak gebruiken we daarvoor een techniek die we short read genome sequencing noemen”, zegt geneticus en hoogleraar Alexander Hoischen. “Daarbij worden korte stukken DNA van zo’n 150 bouwstenen gelezen. Je kunt je voorstellen dat het dan heel lang duurt om de puzzel in elkaar te zetten.”

Grotere puzzelstukjes

Sinds 2018 experimenteert Alexander binnen de Academische Alliantie Genetica – een samenwerkingsverband tussen de afdeling Klinische Genetica van het Maastricht UMC+ en de afdeling Genetica van het Radboudumc – met long read genome sequencing. “Dankzij deze techniek kunnen we veel langere stukken DNA lezen, die bestaan uit 15.000 bouwstenen. Onze puzzelstukjes zijn 100 keer groter geworden. Daardoor is het makkelijker om de puzzel te leggen. In vijf tot twintig procent van de gevallen vinden we nu wél het DNA-foutje dat de genetische ziekte veroorzaakt. Dit is een enorme stap vooruit. En omdat de techniek nog steeds wordt doorontwikkeld, verwachten we dat dit percentage in de toekomst verder stijgt.”

Dat is goed nieuws voor de ruim 1 miljoen mensen in Nederland die aan een zeldzame ziekte lijden. “Onder hen zijn ook veel kinderen, want ruim driekwart van de zeldzame ziektes zijn kinderziektes”, vertelt Alexander. “Soms gaat het daarbij om ernstige verstandelijke beperkingen of aangeboren afwijkingen van organen. Kinderen kunnen daaraan overlijden. Daarom is het belangrijk om de oorzaak van die ziektes op te sporen. Want hoe eerder je weet waar een ziekte door komt, hoe beter je hem kunt behandelen.”

Volgens Alexander geeft short read genome sequencing niet altijd uitsluitsel over de oorzaak van de ziekte. “Daardoor moeten patiënten vaak meerdere tests ondergaan. Bij erfelijke ziektes moeten ook hun familieleden worden onderzocht. Dit duurt lang en zorgt voor angst, onzekerheid en frustratie. Dankzij long read genome sequencing hoeven genetici in de meeste gevallen nu nog maar één test uit te voeren om het DNA-foutje op te sporen.”

Schuldgevoel weghalen

Maar long read genome sequencing heeft méér voordelen. “Omdat we sneller kunnen bepalen of een zeldzame ziekte het gevolg is van een genetische variatie in het DNA, kunnen we schuldgevoel bij ouders weghalen. Een genetische diagnose zorgt dus voor duidelijkheid”,

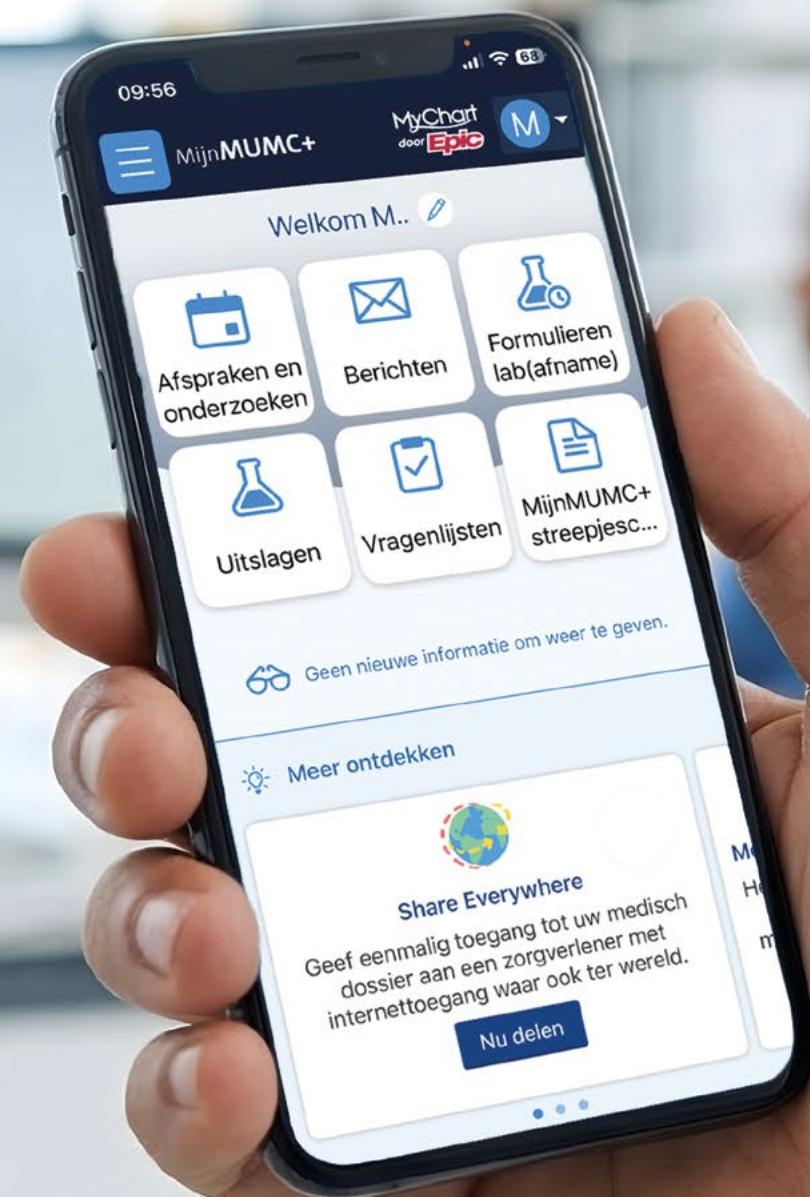
vervolgt Alexander. “Vooral moeders hebben vaak het gevoel dat hun kind ziek is geworden, omdat zij iets verkeerd hebben gedaan tijdens de zwangerschap. We kunnen ook aangeven hoe groot de kans is dat een volgend kind de ziekte krijgt. Daarmee helpen we ouders die twijfelen of ze nog een kind willen. Verder geeft een genetische diagnose ons een beter beeld van de manier waarop de ziekte zich ontwikkelt. Daardoor kunnen we patiënten of familieleden van patiënten naar (internationale) patiëntenverenigingen verwijzen. Bij zo’n vereniging kunnen ze ervaringen uitwisselen en van elkaar leren. Dit verhoogt de levenskwaliteit van de patiënten en hun familie enorm.”

Sinds oktober 2025 is de long read genome sequencing-test beschikbaar voor patiënten van het MUMC+ en het Radboudumc die een ernstige, geestelijke ontwikkelingsachterstand of een erfelijke oogziekte hebben. Alexander denkt dat in de komende twee tot drie jaar alle patiënten van het MUMC+ en het Radboudumc met een zeldzame ziekte in aanmerking komen voor de nieuwe test. “Wat daarbij helpt, is dat de test steeds goedkoper wordt, omdat de techniek verbetert. Ter vergelijking: in 2018 kostte het uitlezen van de data van een genoom nog 20.000 euro. Nu is dit ongeveer 1.000 euro.”

De verwachting is dat de reagentia*-prijs van een test over twee tot drie jaar tussen de 200 en 300 euro ligt. “Dit is vergelijkbaar met de prijs van de huidige short read genome sequencing-test”, zegt Alexander. “Dus de kans is groot dat de long read genome sequencing-test op termijn de standaardtest wordt voor mensen met een zeldzame ziekte. Het team van onderzoekers, klinisch genetici en diagnostische experts binnen de Academische Alliantie Genetica gaat er alles aan doen om dit mogelijk te maken.”

* Reagentia zijn de chemische stoffen die nodig zijn voor een laboratoriumtest.

De **IMPACT** op de administratie, manier van samenwerken en communicatie tussen teams en patiënten is groot.



Dr. Anneke Vulto (links)
klinisch geneticus

Jacqueline Hendrix (rechts)
teamleider Poli Front- en Backoffice



Epic bij Klinische Genetica De basis staat, nu doorpakken

Zo'n anderhalf jaar geleden ging het Maastricht UMC+ – en daarmee dus ook Klinische Genetica – over op een nieuw Elektronisch Patiënten Dossier (EPD) van leverancier Epic. De impact op de administratie, manier van samenwerken en communicatie tussen teams en met patiënten is groot. Anneke Vulto, klinisch geneticus, en Jacqueline Hendrix, teamleider Poli Front- en Backoffice waren (en zijn nog steeds) nauw betrokken bij de inrichting en implementatie van Epic bij Klinische Genetica.

“Epic is een enorme stap voorwaarts”, vindt Anneke Vulto. “Artsen, ondersteunend personeel en zeker ook de patiënt, allemaal hebben ze er voordeel van. Benutten we het volledige potentieel al? Zeker niet, we zitten nog volop in de doorontwikkeling.” Jacqueline Hendrix bevestigt: “De ergste kinderziekten zijn er wel uit, tegelijkertijd liggen er nog volop kansen voor verbetering.” Groot voordeel voor het team Klinische Genetica was dat zij met Anneke iemand in huis hadden die al over Epic-ervaring beschikte. “Ik heb tien jaar geleden in Nijmegen ook de overgang meegemaakt en ik kreeg allerlei flashbacks”, lacht Anneke. “Het voordeel was natuurlijk dat wij op basis van die ervaring slimme keuzes konden maken voor Epic in Maastricht.”

Pionierswerk

Een van die slimme innovaties zijn de beslisbomen ter ondersteuning van triage en planning. Jacqueline: “Met drie gerichte vragen wordt duidelijk bij welke arts een patiënt moet worden ingepland, op de eerst vrijkomende plek. Dat lijkt misschien heel vanzelfsprekend, maar in een vakgebied met talloze indicaties is dat een complexe puzzel.” “Dit was echt pionierswerk”, zegt Anneke, “wij zijn het eerste Epic-ziekenhuis in Nederland dat deze systematiek toepast. Het systeem is nog niet helemaal optimaal, maar de basis staat en van daaruit verfijnen we.”

Structuur in verslaglegging en data

Een andere verandering waar de afdeling veel tijd in heeft gestoken, zijn de ‘smart phrases’. Anneke: “Smart phrases zijn vaste tekstbouwstenen die wij als artsen gebruiken bij het maken van verslagen of het beantwoorden van vragen van patiënten. Door met vaste structuren te werken, noteert iedereen informatie op dezelfde manier en op dezelfde plek. Dat maakt het werk efficiënter en overzichtelijker. Veel gegevens worden automatisch ingevuld, waardoor we minder hoeven te typen en we ons meer kunnen richten op de inhoud van het gesprek.”

Daarnaast is de integratie van HPO (Human Phenotype Ontology), een gestandaardiseerd coderingssysteem voor patiëntkenmerken, een groot voordeel. “Hiermee kunnen we patiëntkenmerken veel systematischer vastleggen. In plaats van alleen vrije tekst klikken we gestandaardiseerde termen aan, die direct gecodeerd worden opgeslagen. Dat maakt onze dossiers overzichtelijker en uniformer. Dit is bovendien belangrijk voor medisch-wetenschappelijk onderzoek. Als klinische gegevens en genetische data goed gestructureerd vastliggen, kunnen we daar in onderzoek en kwaliteitsverbetering namelijk veel gericht gebruik van maken.”

Handige verbeteringen

Epic levert bovendien talloze kleine verbeteringen op in het dagelijks werk. Anneke noemt als voorbeeld het uitrekenen van zwangerschapsduur. “Vóór Epic had ik een kaartje naast mijn computer liggen om het uit te rekenen. Nu voer ik de uitgerekende datum in en het systeem doet de rest. Dat klinkt misschien als iets onbeduidends maar dit soort kleine dingen maken het werk prettiger omdat je minder tijd kwijt bent aan administratie.”

Betere communicatie

Jacqueline: “De communicatie tussen secretariaat en artsen is eveneens verbeterd. De ‘In Basket’ is echt een grote vooruitgang. Hierin komt van alles samen: berichten van patiënten (via Mijn MUMC+), uitslagen, administratieve taken, afspraken, etc. Alles is direct gekoppeld aan de betreffende patiënt. Klik je een bericht aan, dan zit je meteen in het juiste dossier. Zo is alles direct compleet, hoeven we minder te zoeken en is er onderling veel meer duidelijkheid. Dat is bovendien veel fijner werken.”

Meer regie voor de patiënt

Het patiëntportaal Mijn MUMC+ is grote winst in de communicatie met patiënten, vinden Anneke en Jacqueline. Jacqueline: “Dat horen we ook terug van de patiënten. Zij kunnen nu zelf hun afspraken inzien, brieven en consultnotities lezen, veilig berichten sturen en documenten uploaden die aan hun dossier zijn gekoppeld.” Anneke: “Digitale toegankelijkheid blijft uiteraard wel een aandachtspunt. Denk aan patiënten met beperkte digitale vaardigheden zoals ouderen of mensen met een verstandelijke beperking.”

Nog niet klaar

“De basis die er nu ligt is goed, maar het werk is zeker nog niet af”, zegt Anneke. “De komende periode ligt de focus op het bouwen van rapportages met als doel beter inzicht te krijgen in wachttijden, doorlooptijden en patiëntenstromen. Ook willen we kijken hoe we AI slim kunnen inzetten, bijvoorbeeld voor spraakgestuurde rapportage.” Jacqueline: “We hopen dat patiënten straks zelf afspraken kunnen plannen via de beslisbomen die we nu alleen nog achter de schermen gebruiken.”

Bijzonder om mee te maken

Hoe kijken Jacqueline en Anneke terug op de implementatie? Jacqueline: “Zo’n grote organisatie die overstapt op een nieuw systeem, dat is echt speciaal om mee te maken. De eerste weken waren soms brandjes blussen, maar je stapt met z’n allen in die boot en lost het samen op.” Anneke: “We waren al een jaar bezig met de voorbereidingen. Om het systeem goed in te richten, moet je als afdeling je eigen processen goed tegen het licht houden en kijken hoe die beter kunnen. Dat is intensief en tijdrovend, maar uiteindelijk wel erg waardevol. Het is mooi als je dan eindelijk het resultaat van al die voorbereiding in de praktijk kunt gaan gebruiken.”

“De basis die er nu ligt is goed, maar het werk is zeker nog niet af.”



Kwaliteit

Kwaliteit Laboratorium Klinische Genetica

In 2024-2025 is intensief gewerkt aan de verdere ontwikkeling van een goed functionerend management- en kwaliteitssysteem. Het optimaliseren naar de nieuwe versie van de norm, ISO 15189:2022 stond centraal. Het ontwikkelen, implementeren, aansturen, toetsen en onderhouden van dit systeem vraagt om gedegen normkennis en een gestructureerde aanpak. Door deze inspanningen draagt het laboratorium bij aan de borging van patiëntveiligheid en het verhogen van de tevredenheid van gebruikers van onze laboratoriumdiensten.

Visitaties

Op 19 juni 2025 heeft de derde RvA-controlebeoordeling van de tweede cyclus plaatsgevonden. De RvA merkt op dat de instelling over een gedegen kwaliteitsmanagementsysteem beschikt. Het laboratorium-management heeft de in 2024 ingezette transitie naar de nieuwe versie van de norm zorgvuldig en gestructureerd uitgevoerd. Deze



Laura Pinckaers
KRAM-functionaris



Dr. Daphna Habets
plaatsvervangend hoofd laboratorium



Jan van de Worp
KRAM-manager



Céline Sijben
KRAM-functionaris



Ingrid Bruinen-Smeijsters
KRAM-functionaris



Bertine Hollanders-Crombach
KRAM-functionaris

Kwaliteitsteam
Laboratorium

overgang is aantoonbaar goed verlopen en heeft geresulteerd in een succesvolle implementatie van de eisen uit ISO 15189:2022. Tijdens de controlebeoordeling in 2025 zijn geen afwijkingen vastgesteld. Hiermee wordt bevestigd dat zowel de overgang naar de 2022-versie van de norm als de borging binnen het kwaliteitsmanagementsysteem effectief is gerealiseerd.

Op 5 november 2025 heeft het Referentiecentrum RIVM-CvB en de Regionale Centra een audit uitgevoerd bij het NIPT-laboratorium. Deze externe audit zal 2-jaarlijks plaatsvinden. De eerste audit vond plaats in 2023. Er zijn drie adviespunten bij deze beoordeling vastgesteld.

Daarnaast conformeert de afdeling Klinische Genetica zich aan MUMC+-brede accreditaties met daaraan gerelateerde audits.

Kwaliteit

VERBETERMANAGEMENT

Het laboratorium hecht grote waarde aan een open en transparante meldcultuur als integraal onderdeel van het verbetermanagement. Meldingen, klachten en gesignaleerde verbeterkansen worden systematisch opgepakt volgens de daarvoor geldende protocollen, waarbij zorgvuldige analyse, risicobeoordeling en passende opvolging centraal staan.

Deze gestructureerde aanpak draagt bij aan het beheersen van risico's, het voorkomen van herhaling en het realiseren van continue verbetering van de dienstverlening, evenals het borgen van de kwaliteit en betrouwbaarheid van het werk.

2024: 135 meldingen
2025: 160 meldingen

Naast meldingen worden ook verbeterkansen geregistreerd. Verbeterkansen vormen een belangrijk instrument om de doeltreffendheid van processen te verbeteren. Door actief te leren van signalen uit de praktijk blijft het laboratorium in ontwikkeling en wordt structureel gewerkt aan een kwalitatief hoogstaande en veilige patiëntenzorg.

2024: 53 verbeterkansen
2025: 78 verbeterkansen

KLANTENQUÊTE

In 2024 heeft het Laboratorium Klinische Genetica een online enquête uitgevoerd onder zijn aanvragers. De resultaten laten zien dat er tevredenheid is over onder andere de doorlooptijden, de uitslagbrieven en het testaanbod. Ook bleek er behoefte aan digitale aanvraagmogelijkheden. Voor interne aanvragers is het wel al mogelijk via Epic (software van het elektronisch patiëntendossier) een order aan te vragen via een printbon. Verdere inrichting van digitaal aanvragen, ook voor externe aanvragers volgt nog.

Kwaliteit

Kwaliteit Polikliniek Klinische Genetica

VISITATIES

- VKGN-visitatie (1 x per 5 jaar)
- Commissie Interne Medische Kwaliteitsaudit (CIMKA) (1 x per 5 jaar)
- RI&E (1 x per 4 jaar volledig herzien; 2 x per jaar evaluatie plan van aanpak)
- Arborondgang (1 x per jaar)
- Milieurondgang (1 x per jaar gecombineerd met Laboratorium Klinische Genetica)

KWALITEITSINDICATOREN

Binnen de Polikliniek Klinische Genetica worden kwaliteitsindicatoren gebruikt voor kwaliteitsverbeteringen. De kwaliteitsindicatoren worden gemeten, besproken en waar nodig/mogelijk bijgestuurd.

De belangrijkste vorm van kwaliteitsinformatie tussen de visitaties in zijn de kwaliteitsindicatoren. In het jaar 2024 zijn de kwaliteitsindicatoren wachtlijst, brieven en dossiers uitgevoerd. In 2025 werd vangnet openstaande dossiers en snelheid gedraaid.

Toegangsmogelijkheid

Jaarlijks berekenen wij ieder kwartaal de toegangsmogelijkheid. Dit is het aantal dagen tussen de aanmelding en het eerste gesprek. Deze wordt prospectief berekend waarbij het aantal wachtende patiënten wordt gedeeld door het aantal poliplekken (uitgaande van werkdagen).

Toegangsmogelijkheden per kwartaal in dagen				
	Januari	April	Juli	Oktober
2023				
Oncogenetica	174	163	169	150
Cardiogenetica	161	117	133	138
Algemeen / overig	143	134	95	97
2024				
Oncogenetica	184	224	204	199
Cardiogenetica	168	152	139	148
Algemeen / overig	76	135	136	95
2025				
Oncogenetica	*	216	218	204
Cardiogenetica	*	178	168	182
Algemeen / overig	*	111	64	73

* vanwege de overgang naar een nieuw EPD is er geen toegangsmogelijkheid beschikbaar van het eerste kwartaal van 2025.

De toegangsmogelijkheid in 2024 en 2025 is toegenomen voor de onco- en cardiogenetica ten opzichte van het voorgaande jaar. Voor algemeen/overig is de toegangsmogelijkheid afgenomen ten opzichte van 2023.

Wachtlijst

Het werkproces rondom de wachtlijst en het inplannen van patiënten is in kaart gebracht. Hierbij is gestructureerd nagedacht over het zo efficiënt en doelmatig mogelijk gebruik van de wachtlijst. De wachtlijst wordt momenteel volgens protocol handmatig berekend. Met de komst van het nieuwe elektronisch patiëntendossier is de verwachting de helderheid, overzichtelijkheid en monitoring te verbeteren.

Brieven en dossiers

Het informeren van de patiënt behoort tot de kerntaken van genetische counseling. Adviesvragers onthouden een beperkt deel van de informatie uit de gesprekken. Het is van belang dat adviesvragers (of familieleden) op een later moment toegang hebben tot essentiële informatie die tijdens de counseling gegeven is. De kwaliteit van het dossier is relevant in het vervolgen en eventueel overdragen van een counseling. Daarnaast is het van belang dat bij eventuele klachten of gerechtelijke onderzoeken de informatie correct en volledig is vastgelegd.

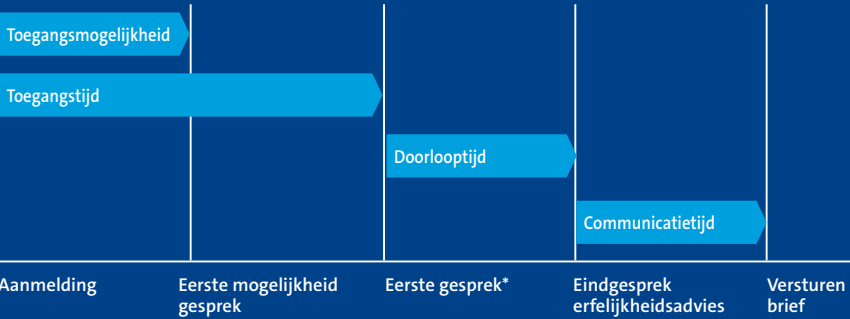
In gelijkwaardige en aandachtsgebiedoverstijgende duo's hebben de counselors vijf dossiers en brieven van elkaar beoordeeld. Hierbij mag ervan worden uitgegaan dat alle type counselingen zijn meegenomen. Door het beoordelen van elkaars brieven en dossiers heeft een vorm van peer review plaatsgevonden. De resultaten zijn gezamenlijk besproken en 'tips' en 'tops' zijn met elkaar gedeeld om hier gezamenlijk van te leren.

Vangnet openstaande dossiers

Het doel van deze indicator is niet om tot een eenduidig beleid te komen. De vragenlijst is een leidraad bedoeld om binnen de sectie gestructureerd na te denken over welk vangnet er is om onnodig lang openstaande dossiers te voorkomen en waar de mogelijke knelpunten liggen. De antwoorden op de gestelde vragen zullen gedeeld worden tussen de verschillende centra. Elk centrum krijgt zo de mogelijkheid om te kijken of ze werkwijzen van andere centra kunnen overnemen.

Snelheid communicatietijd

De communicatietijd is het aantal dagen tussen het eindgesprek en de verzenddatum van de eindbrief.



* Dit kan hetzelfde tijdstip zijn als de eerste mogelijkheid gesprek

Bron: Indicatorenset 2024 Vereniging Klinische Genetica Nederland

Steekproef 100 brieven: cardiogenetica, oncogenetica, reproductieve genetica, algemeen/overig

2025		2021	
Brieven	Percentage	Brieven	Percentage
Aantal brieven < 1 week	48	Aantal brieven < 1 week	27
Aantal brieven 1-2 weken	16	Aantal brieven 1-2 weken	18
Aantal brieven 2-4 weken	21	Aantal brieven 2-4 weken	26
Aantal brieven > 4 weken	15	Aantal brieven > 4 weken	29

Er worden ten opzichte van 2021 meer brieven binnen één week verzonden. Het aantal brieven dat na 4 weken wordt verstuurd, is gehalveerd.

INTERNE KWALITEITSINDICATOREN

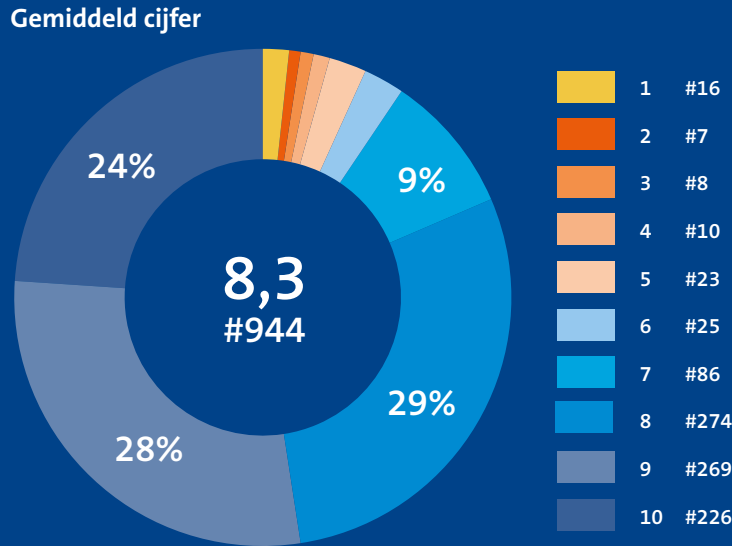
Wachttijden

De wachttijd van ieder type patiënt (oncogenetica, cardiogenetica, algemeen/overig) wordt per kwartaal hetzelfde berekend als de toegangsmogelijkheid. De wachttijd wordt uitgedrukt in het aantal wachtende dagen (uitgaande van werkdagen inclusief weekend- en feestdagen). De wachttijden worden gepubliceerd op de website van het Maastricht UMC+ (mumc.nl/wachtlijsten).

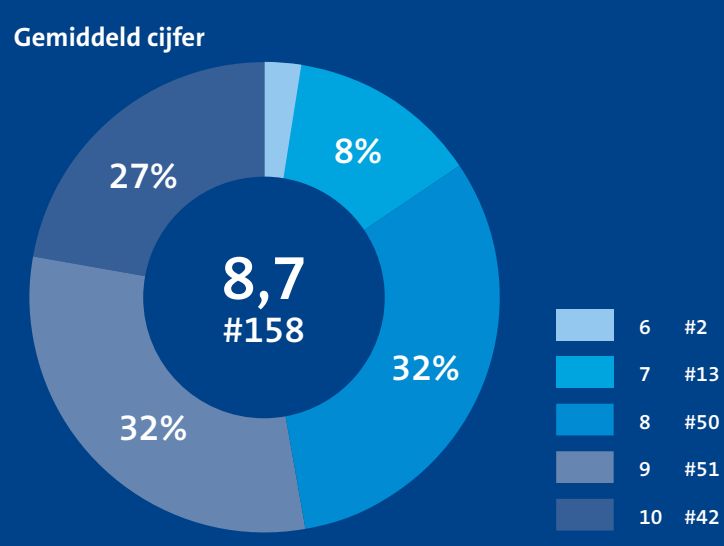
Patiënttevredenheid

De afdeling Klinische Genetica participeert in een ziekenhuisbrede enquête waarbij gekeken wordt naar de patiënttevredenheid. Sinds 2022 neemt de afdeling deel aan de patiëntenervaringsmonitor (PEM). De resultaten worden twee maal per jaar besproken, waarbij eventuele verbeterpunten worden meegenomen. In 2025 zijn de resultaten maar één keer besproken gezien de geringe respons ten opzichte van 2024. De PEM was drie maanden niet te raadplegen rondom de invoering van het nieuwe EPD Epic. De vragenlijsten voor bel- en beeldbellen waren gedurende geheel 2025 niet operationeel.

PEM van 1 januari t/m 31 december 2024



PEM van 1 januari t/m 31 december 2025



Kwaliteit

PEM-vragen: waardering door patiënten in 2024



- Vriendelijkheid baliemedewerker
- Informatieverstrekking
- Betrekken familie



- Informatie over wachttijd algemeen
- Informatie over wachttijd op polikliniek
- Afleiding in wachtruimte polikliniek

PEM-vragen: waardering door patiënten in 2025



- Vertrouwen in arts
- Vertrouwen in overige zorgverleners
- Respectvolle houding van arts richting patiënt



- Informatie over wachttijd algemeen
- Informatie over wachttijd op polikliniek
- Afleiding in wachtruimte polikliniek

MELDINGEN

Meldingen worden protocollair opgepakt en afgehandeld. Laagdrempelig melden wordt aangemoedigd om vroegtijdig knelpunten te analyseren en indien mogelijk verbetermaatregelen te nemen. De meldingen worden wekelijks besproken door de kwaliteitsmedewerker, het hoofd van het secretariaat en de teamleider OPEX (operational excellence). Maandelijks worden de meldingen geanonimiseerd besproken tijdens een kwaliteits / complicatiebespreking in 2024. Vanaf 2025 worden de meldingen ieder kwartaal tijdens het counseloroverleg besproken. Voor deze bespreking

zijn alle medewerkers van de Polikliniek Klinische Genetica uitgenodigd. Verbetermaatregelen bestaan uit: alertheid creëren, werkwijzen analyseren en waar nodig aanpassen en dit eventueel protocollair vastleggen om de meldingen in de toekomst te voorkomen.

2024: 56 meldingen
2025: 129 meldingen

Kwaliteit



Dr. Eveline Blom
klinisch geneticus



Dr. Els Vanhoutte
hoofd Polikliniek Klinische Genetica



Dr. Anneke Vulto
teamleider OPEX



Saskia Hoen
kwaliteitsfunctionaris



Laura Pinckaers-van Thoor
kwaliteitsfunctionaris



Drs. Femke Tammer
klinisch geneticus

Kwaliteitsteam
Polikliniek

Wetenschappelijk onderzoek



IMPACT

*DNA-bewijs wordt
steeds bruikbaar
en betrouwbaarder.*



Dr. Athina Vidaki is een internationaal erkend expert op het gebied van forensische genetica. Sinds begin 2024 is ze onderzoeksleider bij de afdeling Klinische Genetica van het Maastricht UMC+. Daarnaast is ze universitair hoofddocent individuele epigenomica bij de vakgroep Genetica & Celbiologie van de Universiteit Maastricht.

Beurzen maken vernieuwend forensisch DNA-onderzoek van Athina Vidaki mogelijk

Forensische genetica heeft het rechtssysteem ingrijpend veranderd. Tegenwoordig speelt DNA-bewijs een steeds grotere rol in rechtszaken en bij de opsporing van criminelen. “Toch gebruiken we momenteel maar een klein deel van de informatie die in menselijk DNA ligt opgeslagen”, zegt Athina Vidaki, internationaal expert in forensische (epi-)genetica. “Ook hebben we nog steeds te maken met veel technische uitdagingen. Daar wil ik graag verandering in brengen. Daarom ben ik ontzettend blij met de twee onderzoeksbeurzen én de geldprijs die ik heb ontvangen. Hiermee kan ik de volgende stap in mijn onderzoek zetten, zowel vanuit fundamenteel als technologisch oogpunt.”

Forensische genetica richt zich op kleine verschillen in de DNA-sequentie. “Dit is de samenstelling van de bouwstenen van menselijk DNA”, vertelt Athina Vidaki. “Daardoor kun je iemand identificeren. Mijn onderzoeksteam en ik gaan nog een stap verder. Wij kijken ook naar de chemische merktekens op het DNA. Dit noem je epigenetica. Die merktekens veranderen de bouwstenen van de genetische code niet, maar laten wel zien hoe onze genen functioneren en worden gebruikt. Om een voorbeeld te geven: alle cellen in ons lichaam hebben dezelfde DNA-sequentie, maar elk weefsel heeft een andere set genen nodig om actief te zijn. Daarom ziet een bloedcel er heel anders uit dan een huidcel. Door (epi)genetica te combineren, proberen we te begrijpen welke aanvullende, unieke informatie er in DNA verborgen zit en hoe we die informatie op een betrouwbare en verantwoorde manier kunnen onthullen.”

Junk-DNA

Het onderzoek van Athina wordt gefinancierd uit een prestigieuze beurs van de Nederlandse Organisatie voor Wetenschappelijk Onderzoek (NWO, 800.000 euro), de aanvullende Aspasia-prijs die onderzoek door jonge vrouwelijke wetenschappers

stimuleert (40.000 euro) én een beurs van het Horizon Europe-programma van de Europese Commissie (4,5 miljoen euro). De beurs van de NWO en de Aspasia-prijs gebruikt Athina voor haar UNIQUE-project. “We onderzoeken hoe uniek, variabel en informatief repetitief DNA is. Dit zijn stukjes DNA die meerdere keren in iemands genoom voorkomen. Vroeger werd dit ‘junk-DNA’ genoemd. Maar nu weten we dat we dit DNA kunnen gebruiken om iemand te identificeren in forensisch onderzoek. Daarnaast geeft het waardevolle informatie over de werking van ons genoom.”

De beurs van het Horizon Europe-programma zet Athina in voor het CapCell-project. Hieraan werken dertien organisaties uit acht Europese landen mee, waaronder universiteiten, politieorganisaties en forensische instituten. Athina leidt en coördineert dit project vanuit de Universiteit Maastricht. “We ontwikkelen innovatieve technieken om DNA uit zeer kleine of complexe gemengde monsters te halen. Deze monsters worden onder andere als bewijs gebruikt bij seksuele misdrijven. Bij groepsverkrachtingen heb je bijvoorbeeld te maken met monsters die bestaan uit sperma van meerdere mannen. Met deze technieken kun je uit zo’n gemengd monster het DNA van de verschillende daders halen en het vervolgens lezen en interpreteren. Zo leveren wij een bijdrage aan het oplossen van dit soort misdrijven.”



Achterste rij v.l.n.r. Femke Ummels, Thessa Kroes, Leena Putzeys, Mariza Panoutsopoulou
Voorste rij: Camille Ropert, Nicole Marancenbaum Egue, Athina Vidaki

CSI

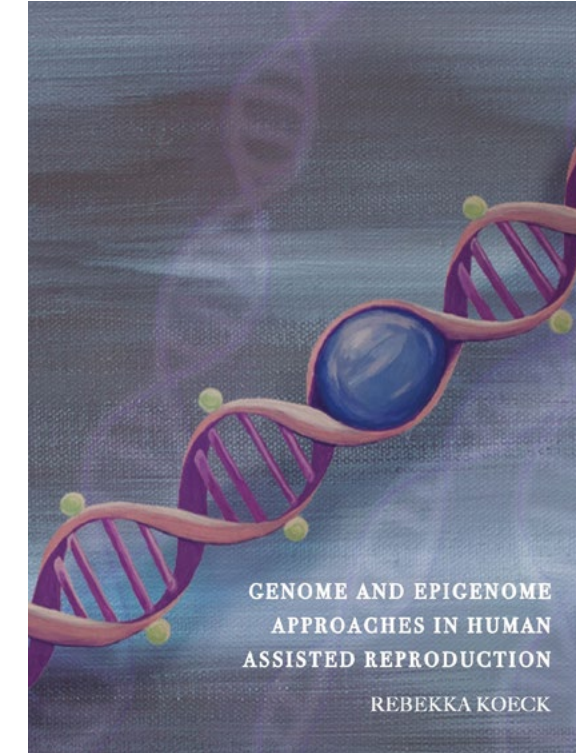
Dankzij het onderzoek van Athina en haar team wordt DNA-bewijs steeds bruikbaar en betrouwbaarder. “Daardoor kunnen rechters beter onderbouwde beslissingen nemen in rechtszaken”, vervolgt ze. “Daarnaast zorgen we voor allerlei nieuwe onderzoekstechnieken en datasets waar de wetenschappelijke gemeenschap gebruik van kan maken. Ook bieden we studenten en jonge onderzoekers een plek om zich te verdiepen in forensische genetica en epigenetica. Dat is fijn, want door spannende Netflix-series als CSI is de belangstelling voor deze onderzoeksgebieden erg groot.”

Op de vraag of haar onderzoek op de lange termijn invloed heeft op patiëntenzorg, antwoordt Athina: “Veel van de onderzoekstechnieken die wij ontwikkelen, kunnen direct worden toegepast in de biomedische wetenschap. Bijvoorbeeld voor het diagnosticeren van kanker, vruchtbaarheidsproblemen of zeldzame neurologische aandoeningen. Ik ben er trots op dat mijn team en ik op deze manier kunnen bijdragen aan meer gepersonaliseerde gezondheidszorg.”

“Veel onderzoekstechnieken kunnen direct worden toegepast in de biomedische wetenschap.”

Wetenschappelijk onderzoek

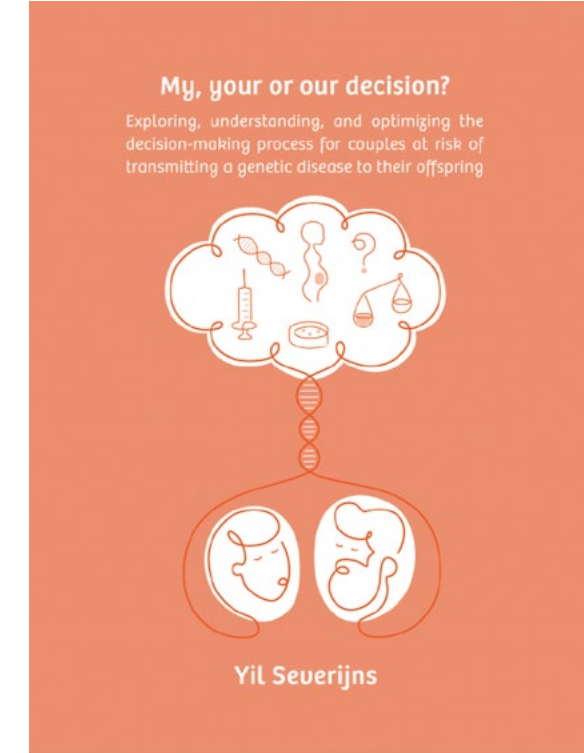
Promoties



13 maart 2024
Rebekka Koeck

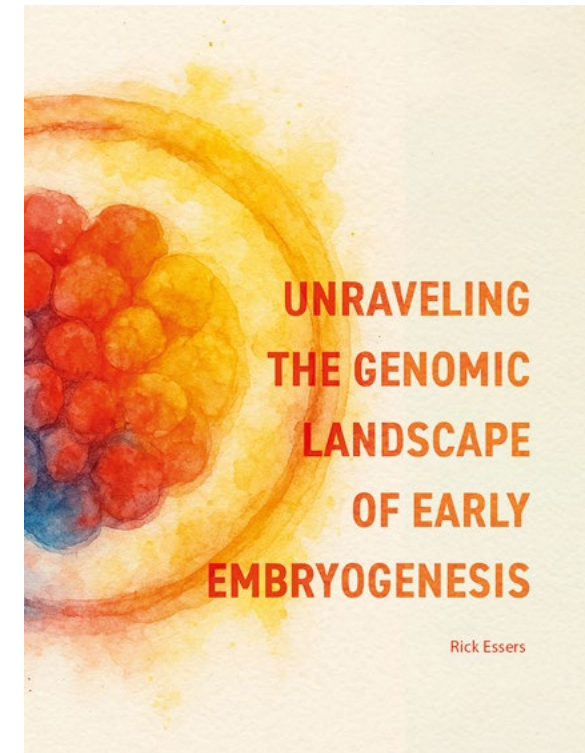
Genome and epigenome approaches in human assisted reproduction

Zie: <https://www.pgt nederland.nl/wetenschappelijk-onderzoek>



4 april 2024
Yil Severijns

My, your or our decision? Exploring, understanding, and optimizing the decision-making process for couples at risk of transmitting a genetic disease to their offspring



21 november 2025
Rick Essers

Unravelling the Genomic Landscape of Early Embryogenesis

Wetenschappelijk onderzoek

Wetenschappelijke prijzen, onderscheidingen en subsidies

2024

- Posterprijs GROW Maastricht University: Anouk Janssen
- NWO Vidi-beurs voor UNIQUE-project: Athina Vidaki
- NWO Veni-beurs voor cardiomyopathie: Job Verdonschot
- Subsidie ERA4Health voor cardiomyopathie: Job Verdonschot
- UMD Catalyst grant voor studie van TMPK-mutaties: Jo Vanoevelen
- Subsidie Kerry stichting voor PGT: Edith Coonen

2025

- NWO Aspasia-prijs als Vidi-laureaat: Athina Vidaki
- Chinese Government Award: Ping Cao
- Amrapali Zaveri Award for Early Career Data Scientist: Ping Cao
- Subsidie NWO en Hartstichting voor KIC-project ‘PRECISE – Improving detection, risk prediction and therapy for inherited heart diseases’: Saskia van der Crabben en Martijn Hoes
- Horizon Europese Commissie voor CapCell-project: Athina Vidaki
- Subsidie Metakids voor Taking the first steps towards inclusion of Branched-Chain Ketoacid Dehydrogenase Kinase (BCKDK) deficiency in the Dutch newborn screening: Laura Steinbusch

Publicaties

De publicaties van Klinische Genetica zijn te vinden in dit online overzicht van de vakgroep Genetica en Celbiologie van de Universiteit Maastricht.

Zie: <https://cris.maastrichtuniversity.nl/en/organisations/da-klinische-genetica/publications/>

Wetenschappelijk onderzoek

Onderwijs en opleiding



Organisatie van of bijdragen aan onderwijs, nascholing en (publieke) voorlichting

2024

- MUMC+/Health Foundation Limburg en de Vereniging van Huntington: webinars Huntington ‘Kinderwens en kinderen krijgen’ en ‘Testen wel of niet’
- Kabuki familiedag
- MUMC+ informatiedag erfelijk hartfalen
- Genetics Retreat
- BruMaStra-meeting over PGT
- PGT Nederland jaarvergadering
- EO podcast ‘de Koningswens’
- Boek ‘Wonderkind verwacht’
- ERN webinar over PGT bij erfelijke hartziekten
- Nascholing en onderwijs voor de Nederlandse Vereniging voor Hartfunctielaboranten
- Refereeravond Cardiologie Zuid
- Postacademische opleiding ‘Ethiek in de zorgsector’ van het Radboudumc
- BNR podcast: Nieuwste technieken maken ivf nog kansrijker
- Opleidingsdag voor klinisch chemici in opleiding, specialisatie Erfelijke Metabole Ziekten
- AFDAAs voorjaarsworkshop forensische epigenetica

2025

- OncoZON/Stichting Erfelijke Kanker Nederland informatiedag ‘Erfelijke kanker heb je niet alleen’
- ESHRE webinar Preimplantation genetic testing for mitochondrial disorders (PGT-MT)
- 3rd MUMC+ ESHG course Next-Generation Reproductive Medicine
- MUMC+ symposium 30 jaar PGT
- Expeditie NEXT Bringing Science to Life for the Next Generation
- ISFG Summer School workshop in forensische epigenetica
- YouTube CareerCon interview over forensische genetica

Onderwijs en opleiding

Onderwijsformatie

2024	2025
Fte	
2,62	2,01
Uren	
4.328,80	3.323,18



Personeel in opleiding

	2024	2025
AIOS klinische genetica	4	5
Laboratorium-specialist klinische genetica	3	3

Onderwijs en opleiding



IMPACT 2024 - 2025