

Resultaat pilot upload sequenties van 3 labs in de SARS-CoV-2 kiemsurveillance database en Callisto analyse en visualisatietool

**Metadata:**

2 labs leverden alle gevraagde metadata aan, het 3<sup>de</sup> lab leverde de CoronIT nummers, zodat de metadata gecompleteerd konden worden met gegevens van de GGD-en via het Osiris systeem. 2 metadatavelden waren nog niet gevraagd in de eerste uitvraag, de workflow en het inzendende lab. Deze zijn via email aangevuld

**Sequenties:**

De sequenties zijn door ieder lab via een andere workflow gegenereerd: Nimagen-Illumina, other-Nanopore, en other workflow. Twee van de fasta files werden aangeleverd als alignment, 1 file als niet ge-alignde sequenties.

Ondanks al deze verschillen verliep de Callisto alignment en analyse zonder problemen en zag de fylogenetische boom er goed uit.

De sequenties van MUMC en AUMC zullen in de Callisto analyse van de nieuwe kiemsurveillance dataset meegenomen worden (18-3-2021), de sequenties van EMC stonden nog even on hold om mee te gaan maar gaan nu volgende week mee.

De sequenties van AUMC zijn van monsters van mrt/apr 2020, dus hebben vooral een functie in de verbetering van de boom, de sequenties van MUMC zijn recent en zullen meegenomen worden in de huidige modellen en visualisaties.

**Vervolg:**

- Labs kunnen wekelijks een Fasta + xls opsturen van hun steekproef, liefst op maandag of dinsdag. Deze nemen wij dan mee in de wekelijkse upload op woensdag en donderdag. Metadata volgens format zoals in SeqNeth WG2 is bepaald (zie hieronder)
- Als labs zelf in het mpf willen uploaden moet er een account aangemaakt worden. Daarmee hebben ze dan alleen toegang tot de data die ze zelf hebben geupload. De upload template ziet er dan wat anders uit. Daarover krijgen ze dan instructies. Verder willen we dan graag een lijst hebben van hun inzendende labs, zodat we die toe kunnen voegen aan de keuzelijst

| Velden                  | Verplicht Ja/Nee | Format                                | Toelichting  |
|-------------------------|------------------|---------------------------------------|--|
| sequencing laboratorium | Ja               | keuzelijst                            | Elk sequencing lab krijgt een eigen accountnaam in de database   |
| Inzendende Lab Naam     | Ja               | keuzelijst                            | lab wat de monsters naar het sequencing lab heeft gestuurd. Er zit nu een lijst in de database van onze eigen inzenders, die wij zullen aanvullen waar nodig |
| Monsterstroom           | Ja               | keuzelijst:<br>- teststraat<br>- zorg |  |

|                        |     |   |   |
|------------------------|-----|---|---|
| Monster-ID             | Ja  | tekstveld   | Stamnaam die ook naar GISAID wordt gebruikt: bv voor RIVM: h-CoV-19/Netherlands/[2-letterige afkorting voor provincie]-RIVM-[volgnummer]/[jaar van sampling]<br>En moet identiek zijn aan de sequence Id in de fasta file bij batch upload in de database |
| Datum monstername      | Ja  | dd-mm-yyyy  |   |
| Leeftijd               | Nee | getal   | In jaren. Meer detail niet gewenst (AVG)  |
| Geslacht               | Nee | keuzelijst:<br>- M<br>- V   |   |
| CoronIT Id             | Nee | tekstveld   | voor teststraat monsters: dit moet het monsternummer zijn (er is ook een CoronIT Id voor personen). Dit gebruiken wij om de metadata aan te vullen uit Osiris (meldingsysteem vd GGD-en)  |
| 4-cijferige postcode   | Ja  | getal   | Meer detail niet gewenst (AVG)<br>Wordt in de externe Callisto niet op dit detail getoond: max. resolutie is 'buurt'.   |
| Woonplaats             | Nee | tekstveld   | Als sequencing labs echt niet in staat zijn om de pc-4 aan te leveren zou de woonplaats gebruikt kunnen worden. Hier moet Callisto dan nog op aangepast worden  |
| Eerste ziektedag       | Nee | dd-mm-yyyy  |   |
| Gevaccineerd<br>Ja/Nee | Nee | keuzelijst:<br>- Ja<br>- Nee  |   |
| Aantal vaccinaties     | Nee | getal   |   |
| Vaccin                 | Nee | keuzelijst:<br>- Moderna<br>- Pfizer<br>- Astra Zenica<br>- Janssen   |   |
| Workflow               | Nee | keuzelijst:<br>- Artic-Nanopore<br>- other-Nanopore<br>- Nimagen-Illumina<br>- other-Illumina<br>- other workflow |   |