

<i>Aantal labs aangeschreven</i>		16	
<i>Aantal labs gereageerd</i>		12	
<i>Aantal datasets</i>		14	(2 labs, 2 datasets, sommige labs meerdere dingen inge
<i>NA extraction</i>	#Labs handmatig	3	21%
	labs (partially)geautomatiseerd	11	79%
		MagNaPure 96, KingFisher, EasyMag, QiaSymphony, M	
<i>Input</i>	60-400ul		
<i>Output</i>	35-110ul		
<i>Lib prep (#workflows)</i>	shotgun	1	enzymatic fragmentation
	amplicon based	14	
	lib prep kit		
		RC-PCR easysseq (Nimagen)v2	5
		ARTICv3	5
		in-house	2
		Ion AmpliSeq (Thermofisher)	1
		Illumina COVIDSeq Test	1
		CDC Singleplex PCR with ~900 bp an	1
	geautomatiseerde lib prep	2	14%
		Hamilton STAR	
<i>Sequencing</i>	paired/single end	all Illumina users + 1x ONT user : Paired-end all ONT+Thermofisher users: single end	
	read length	labs hebben regelmatig meerdere read-lengths aangev	
		36bp	1
		150bp	6 40%
		250bp	3
		300bp	2
		400bp	3
		400-500bp	2
	technologieen	Illumina & ONT worden meest genoemd, daarna PacBio	
<i>Assembly</i>	reference based	100%	
	reference	NC_045512.2 (meest genoemd) MN908947.3 (zelfde als NC_045512.2? Wb sequence, m MT019532 (BetaCoV/Wuhan/IPBCAMS-WH-04/2019) (	
	Mapping tool		
		CLC Genomics	4
		Geneious	2
		Virseak	1
		Illumina BaseSpace DRAGEN COVI	1

	Bowtie (Illumina)	1
	minimap2 (PacBio)	4
	BBmap	1
	BWA	1
	BWA-MEM	1
quality score in assembly	$\geq Q7$	3
	$> Q20$	2
	$> Q30$	2
	<u>Geen</u>	2
	$p > 0,05$	1 (CLC)
	QUAL $\geq 20$ (i	1

niet per se gerelateerd aan sequencing technique..

primers getrimmed? 11  
2 niet ingevuld

tool voor variant calling	Geneious	1
	Virseak	1
	CLC Genomic	4
	BBmap	
	Medaka	1
	<u>custom python scrip wat gebruik maakt van pySam</u>	
	anders: <a href="https://github.com/JordyCoolen/easyseq_covid1">https://github.com/JordyCoolen/easyseq_covid1</a>	
	Athena proprietary variant calling pipeline, FDA compli	

#### *Kwaliteits parameters voor fasta*

Min. coverage per nucleotide (5x	2 (Illumina)
10x	1 (Ion Torrent)
20x	2 (>95% for submission to Germ
30x	3 (ONT/Illumina)
1x (Min read count $\geq 500$ ) used for consensus extracti	
extra ingevuld mutation freq (niet naar gevraagd), soms afhankelijk van read coverage	
$\geq 75\%$	1
$> 50\%$	2
15% / 25%	1

Welke kwaliteitsparameters worden gehanteerd voor lineage assignment (geef aan welke QC parameters worden g

% reference coverage	70%	1
	80%	1
	90% non-N coverage	2

	95%	1
	97%	2
	not defined (not performed routine)	1
	wel gedaan, niet gespecificeerd	2
	leeg	2
% reference coverage	5x	2
	20x	1
	30x	3
	100x	1
	Standard average coverage requirement : >= 5000 read	
andere QC parameters	Missing data, substitutions, indels, deletions, insertions <1000N QUAL>=20	

Welke kwaliteitsparameters worden gehanteerd voor **uitbraak analyse** (geef aan welke QC parameters worden geb

Alle labs -behalve 1- rapporteren dezelfde QC paramet  
Het ene labs geeft aan voor lineage assignment 97% re

Software gebruikt voor uitbraak analyse (meerdere antwoorden mogelijk)

Alignment	MAFFT	6
	CLC Genomics	4
	Geneious	2
	Bionumerics	1
	Handmatig (Geneious/Aliview)	1
	Seqsphere	1
	BWA	1
	nextstrain/ncc	1
Tree calculation program	FastTree	3
	CLC genomics	3
	IQTree 2.0.3	4
	Seqsphere	1
	RAxML	1
	Nextclade	1
	Nextstrain (loc	1
	Pangolin (loca	1
nextstrain/ncc	1	
Methode voor phylogeny	Maximum likelihood	6
	Neighbour joining	4
	leeg	1
	currently not performed	2

	nextstrain/ncov	1	
Model	GTR+F+I+G4	1	
	automatisch	3 (IQtree users)	
(ultrafast) bootstrapping	leeg	4 (allemaal Fasttree users)	
	nee	0	
	ja	6	
		100x	1
		1000x	4
Manuele curatie	Ja	9	
	NO	2	
	2x Niet standaard, alleen bij bijzondere gevallen (bv dis		
<i>wordt data momenteel al gedeeld met RIVM?</i>	Nee	9	
	Ja	2	
	deels	1	
<i>wordt data momenteel al geupload?</i>	Nee	6	
	eenmalig (voo	1	
	Ja	3	
	Zo ja naar welke database?	GISAID	3
		ENA	1
		Nextstrain (voorlopig nog priva	
<i>huidige doorlooptijd (van sample ontvangst tot uitslag)</i>	2-3 dagen	4	
	4-5 dagen	1	
	6-7 dagen	6	
	6 weken	1	
Opmerkingen	missende vragen:	cDNA	
		Vanaf welk variant frequency wordt deze gecalld. (soms	

vuld)

oIG3n

36%  
36%  
14%  
7%  
7%  
7%

en, echter 150bp wordt het meest gebruikt

en dan Thermofisher.

ogelijk minder annotaties)  
WUR (nertsen)

9, custom voor EasySeq  
ant <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2020.12.07.415059v1>)

an authorities (RKI; applies for Germany-derived samples only)), >90% is reported including the %-coverage value, <  
on (15% and 25%)

:

*ebruikt en welke waarde wordt gebruikt)*

*ruikt en welke waarde wordt gebruikt)*

ers voor lineage assignment als voor uitbraakanalyse.

f coverage te gebruiken en voor uitbraak analyse 99% ref coverage.

Grapetree (minimum spanning tree)

crepantie met screenings PCR)

te instelling)

wel aangegeven door de labs.





90% is reported as "under restriction", <50% is reported as "not evaluable"