

I-Co-Gen

Istruzioni per il caricamento dei dati
e per l'invio a GISAID



Modalità di inserimento dei dati

- A mano: interfaccia web IRIDA-ARIES



- Batch: ftps



Interfaccia web IRIDA-ARIES

<https://irida.iss.it/irida21-aries>

Istituto Superiore di Sanità

IRIDARIES

Benvenuti nella Piattaforma IRIDA-ARIES

IRIDA (Integrated Rapid Infectious Disease Analysis) ARIES (Advanced Research Infrastructure for Experimentation in GenomicS) è una infrastruttura disegnata per la raccolta, analisi automatica dei dati e scambio di informazioni derivanti dalla caratterizzazione genomica degli agenti infettivi. È stata sviluppata per fornire agli operatori di sanità pubblica gli strumenti necessari per utilizzare i dati di caratterizzazione genomica dei microrganismi in supporto alla sorveglianza delle malattie infettive. IRIDA è un software open-source sviluppato da un consorzio di base in Canada (irida.ca).

ARIES è un'istanza Galaxy sviluppata dal Laboratorio Europeo di Riferimento per *E. coli* installata sui servers dell'Istituto Superiore di Sanità che fornisce uno spettro completo di strumenti per l'analisi dei dati ad alta intensità dedicata alla microbiologia di sanità pubblica (<https://w3.iss.it/site/aries/>).

La piattaforma IRIDA-ARIES è stata concepita ed adattata alle necessità della sorveglianza genomica nazionale italiana dal Dipartimento di Sicurezza Alimentare, Nutrizione e Sanità Pubblica Veterinaria dell'Istituto Superiore di Sanità.

Stefano Morabito (project coordinator), **Arnold Knijn** (developer and administrator).



ISS

Log In

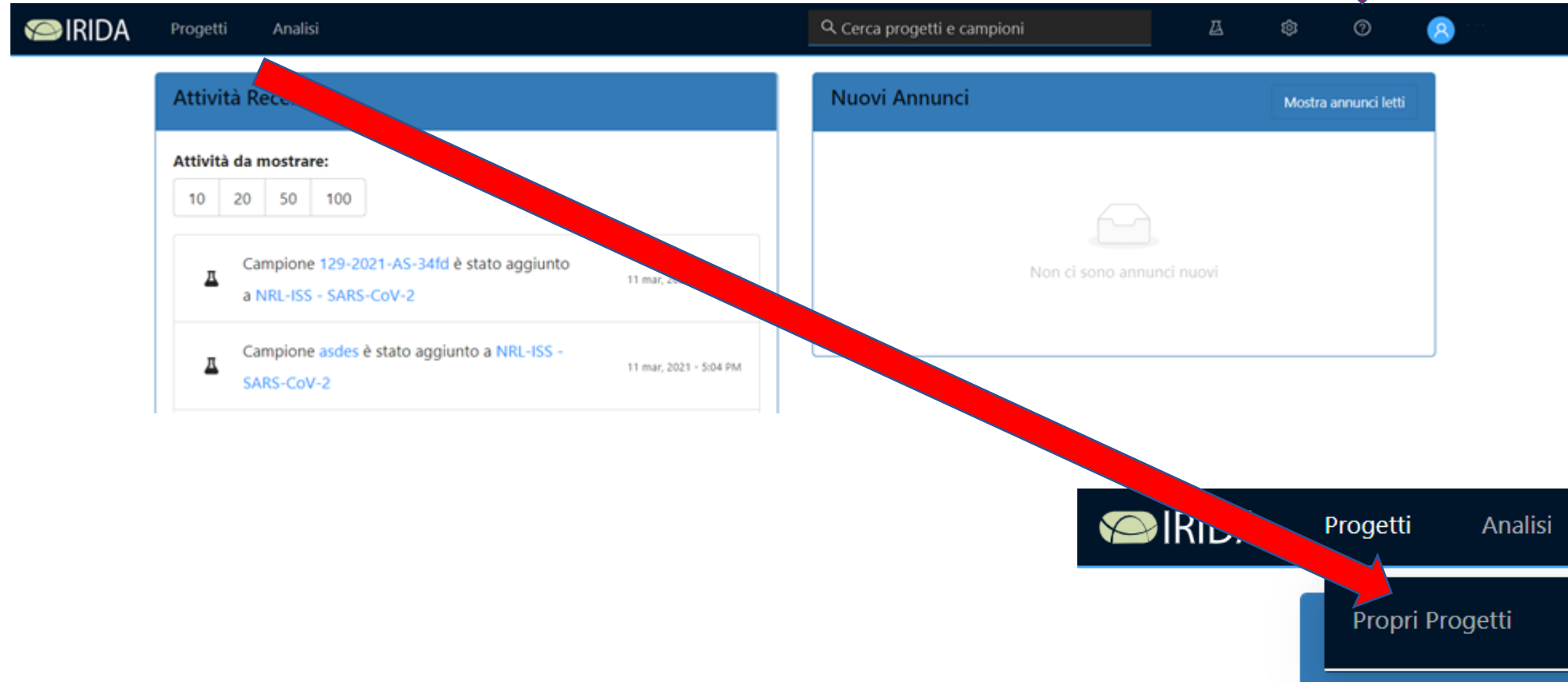
[Password Dimenticata](#)

[Attivare Account](#)

Il browser Safari ha dimostrato incompatibilità con le date, si consiglia di utilizzare Firefox, Chrome, Edge o Opera.


Homepage

Manuale






Nella pagina iniziale, dal menù Progetti, si seleziona la voce «Propri Progetti».

Progetti

 **IRIDA**

Progetti Analisi




Cerca progetti e campioni

   ...

Progetti


Esporta ▾

ID ▴ ▾	Nome del Progetto ▴ ▾	Organismo ▴ ▾	Campioni	Data Creato ▴ ▾	Data Modificato ▴ ▾
2	Regione - SARS-CoV-2	Coronavirus	8	7 feb 2021, 08:36	11 mar 2021, 17:04
1	I-Co-Gen	Coronavirus	2	7 feb 2021, 08:31	11 mar 2021, 13:55

Nella pagina Progetti ci sono due progetti «Sorveglianza Genomica SARS-CoV-2» che raccoglie i dati Nazionali e «[Nome della Regione] – SARS-CoV-2» con i dati Regionali. Si entra nel Progetto Regionale, cliccando sul nome dello stesso.


Progetto Regionale


 IRIDA

Progetti

Analisi

Cerca progetti e campioni

 / Progetti

 **NRL-ISS - SARS-CoV-2**

Campioni

Metadati Analitici

Analisi

Esportazioni NCBI

Attività Recenti

Impostazioni

Azioni sui Campioni ▼


Esporta ▼


Invia al Centro Analisi

Seleziona Tutti

Deseleziona

Search:





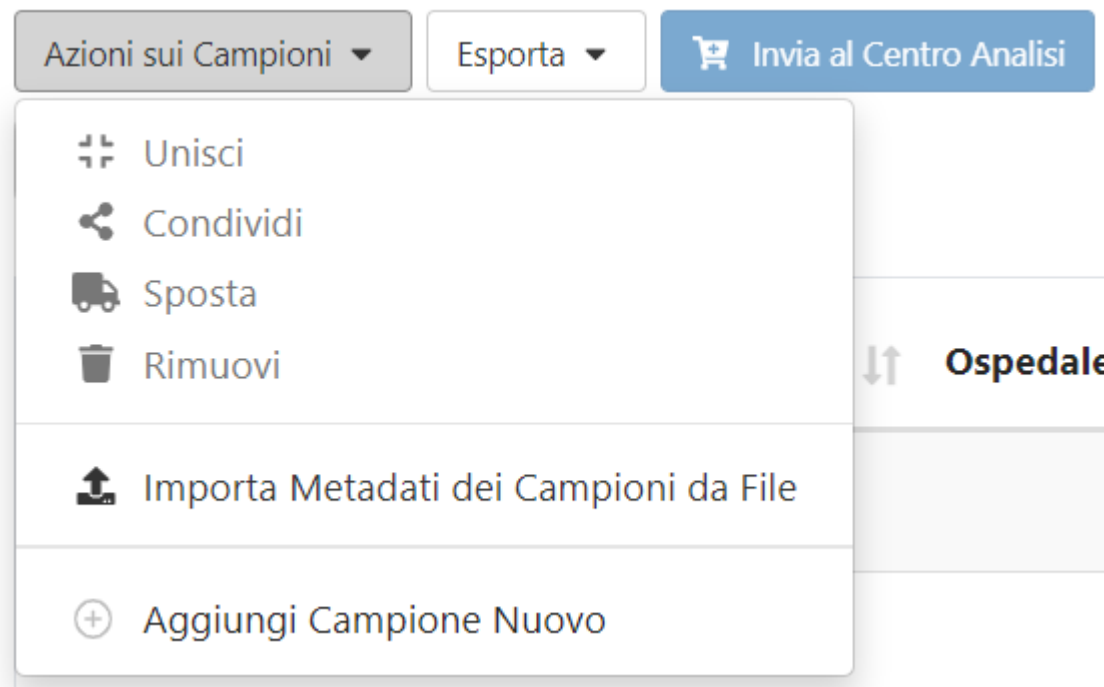
Svuota

Nessun campione selezionato

	Nome	Descrizione	Ospedale	Organismo	Progetto	Creato il	Modificato il	
<input type="checkbox"/>	asdes		Istituto Superiore di Sanita'	Coronavirus	NRL-ISS - SARS-CoV-2	11 mar 2021, 17:04	12 mar 2021, 10:25	
<input type="checkbox"/>	129-2021-AS-34fd		Istituto Superiore di Sanita'	Coronavirus	NRL-ISS - SARS-CoV-2	11 mar 2021, 17:04	11 mar 2021, 17:04	

Nella pagina del Progetto Regionale sono elencati i campioni finora caricati. Inoltre esistono varie schede che contengono ulteriori informazioni sul Progetto.

Aggiungi Campione Nuovo




Per aggiungere un campione nuovo, si seleziona la voce «Aggiungi Campione Nuovo» dal menù «Azioni sui Campioni» nella scheda «Campioni» della pagina del Progetto Regionale.


Inserimento Campione Nuovo

Crea Campione Nuovo nel Progetto X

Nome del Campione

129-2021-AS-35fd 

Organism

Coronavirus 

Crea Campione

Occorre inserire il Nome del Campione e selezionare «Coronavirus» dal menù a tendina per l'Organismo e premere sul pulsante «Crea Campione».

Campione Nuovo

[Home](#) / [Progetti](#) / [NRL-ISS - SARS-CoV-2](#) / [Campioni](#) / 129-2021-AS-34fd

Campione - 129-2021-AS-34fd

[Modifica](#)[Dettagli](#)[File](#)

129-2021-AS-34fd



ID

9



Organismo

Coronavirus



Creato

11 mar 2021



Modificato

11 mar 2021



Concatena File



Carica File 



Nessun dato di sequenziamento è stato caricato in questo campione.

Per caricare i file manualmente, premere il pulsante "Carica File di Sequenziamento" sovrastante.

Alla creazione del nuovo campione, si aprirà la pagina dello stesso.

Metadati del Campione

[Home](#) / [Progetti](#) / [NRL-ISS - SARS-CoV-2](#) / [Campioni](#) / 129-2021-AS-34fd

Campione - 129-2021-AS-34fd

Modifica

Dettagli

File

129-2021-AS-34fd

ID	9
Organismo	Coronavirus
Creato	11 mar 2021
Modificato	11 mar 2021

Descrizione del Campione (Opzionale)

Dettagli dell'Organismo

Organismo

Coronavirus

Codice Interno

null

Informazioni sul Caso

Ospedale che ha raccolto il Campione

Istituto Superiore di Sanita'

Data Campione/Inizio Sintomi

20 feb 2021

Condizione Clinica

Sconosciuto

Regione di Residenza

Toscana

Provincia di Residenza

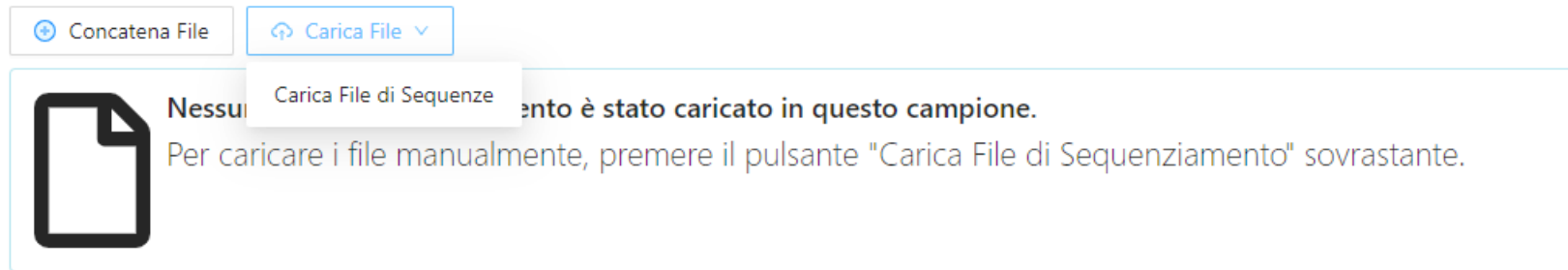
Sconosciuto

Comune di Residenza

Sconosciuto

Selezionando la scheda «Dettagli», si possono inserire dei dati a corredo del campione premendo il pulsante «Modifica». Non è obbligatorio, si consiglia di inserire la data del campione.

Caricamento Sequenza



Premendo il pulsante «Carica File di Sequenze», si aprirà una finestra modale per selezionare il file di sequenziamento (nel caso di dati paired-end, i due file contemporaneamente) da caricare.

Caricamento Sequenza

Campione - 129-2021-AS-34fd

Modifica

Dettagli

File

129-2021-AS-34fd

ID	9
Organismo	Coronavirus
Creato	11 mar 2021
Modificato	11 mar 2021

+ Concatena File

Caricamento File ▾



Nessun dato di sequenziamento è stato caricato in questo campione.

Per caricare i file manualmente, premere il pulsante "Carica File di Sequenziamento" sovrastante.



Caricamento di File

File da caricare:


- IonXpress_001_2020-02-01T01_01_21Z.fastq

65%

Non aggiornare o lasciare la pagina, altrimenti il caricamento dei file verrà annullato.

Selezionato il/i file, partirà il caricamento. Non bisogna uscire dalla pagina in questa fase.

Workflow in Esecuzione

 [Progetti](#) [Analisi](#)

[/ Progetti](#) / [NRL-ISS - SARS-CoV-2](#) / [Campioni](#) / 129-2021-AS-34fd



Campione - 129-2021-AS-34fd [Modifica](#)

[Dettagli](#) [File](#)

129-2021-AS-34fd	
ID	9
Organismo	Coronavirus
Creato	11 mar 2021
Modificato	12 mar 2021


[+ Concatena File](#) [↻ Carica File](#)

File di Sequenziamento



→	IonXpress_001_2020-02-01T01_01_21Z.fastq	906.2 MB Dimensione del File	12 mar 2021 Data Creazione	 
≡	Elaborazione RECoVERY Automatizzata	Stato: In Esecuzione		

Al compimento dell'elaborazione dei file, verrà avviata l'analisi con il workflow RECoVERY. Lo stato viene Impostato a «In Esecuzione» e in questa fase si può uscire dalla pagina senza problemi.

Workflow Completato

 **IRIDA**

Progetti Analisi





  ...


[Home](#) / [Progetti](#) / [NRL-ISS - SARS-CoV-2](#) / [Campioni](#) / 129-2021-AS-34fd



Campione - 129-2021-AS-34fd Modifica

Dettagli



File

129-2021-AS-34fd	
 ID	9
 Organismo	Coronavirus
 Creato	11 mar 2021
 Modificato	12 mar 2021

 Concatena File

 Carica File 

File di Sequenziamento

→	<input type="text" value="lonXpress_001_2020-02-01T01_01_21Z.fastq"/>	906.2 MB	12 mar 2021		
		Dimensione del File	Data Creazione		
≡	<div>Elaborazione RECoVERY Automatizzata</div>	Stato: Completata			

Quando il workflow RECoVERY ha eseguito l'elaborazione, lo stato cambia a «Completata». Selezionando la scheda «Dettagli» si possono vedere i risultati sinottici, invece premendo il pulsante «Elaborazione RECoVERY Automatizzata» si passerà alla pagina dei risultati completi.

Metadati Analitici

Altri Metadati	
Anno	Sample_code
2021	129-2021-AS-34fd
ORF6	ORF10
=	=
ORF8	Regione
=	Toscana
M-protein	N-protein
=	=
Lineage	ORF1ab
B.1 (1.0)	F106; L323;
E-protein	S-protein
=	D614G;
ORF7a	ORF7b
=	=
ORF3a	QC_status
=	Passed

La scheda dei Metadati Campione ora contiene anche i metadati analitici risultato dell'analisi RECoVERY. Per ogni ORF sono indicate le mutazioni trovate e la lineage determinata con Pangolin.

Workflow Risultati

1. Consensus
2. Varianti + statistiche
3. Lineage
4. Metadati analitici
5. QualiMap

IRIDA Progetti Analisi Cerca progetti e campioni

Automated RECOVERYTyping - 129-2021-AS-34fd

File di Output Provenienza Impostazioni

Anteprima File di Output Scarica Tutti i File ...

Output Tabellare Output in Testo Output in JSON

PANGOLIN 2.1.7 - recovery_lineage - recovery_lineage.csv recovery_lineage.csv (104 B)

#	taxon	lineage	probability	pangoLEARN_version	status	note
1	129-2021-AS-34fd	B.1	1.0	2021-02-21	passed_qc	

SnpSift Extract Fields 4.3+t.galaxy0 - recovery_variants - recovery_variants.tab recovery_variants.tab (270 B)

#	EFF[*]. GENE	POS	REF	ALT	EFF[*]. GENE	EFF[*].EFFECT	EFF[*]. CODON	EFF[*].AA
1		241	C	T				
2	orf1ab_nsp3	3037	C	T	orf1ab_nsp3	SYNONYMOUS_CODING	ttC/ttT	F106

La pagina con i dettagli dell'analisi invece contiene il file con la sequenza di consensus, una tabella con le mutazioni, il risultato completo di Pangolin, i metadati analitici e i risultati del controllo di qualità. Tutti i Risultati sono direttamente scaricabili.

Workflow Risultati (2)

File di Input

Provenienza

Impostazioni

Anteprima File di Output

Output Tabellare

Output in Testo

Output in JSON

Tabular-to-FASTA 1.1.1 - recovery_annotated - recovery_annotated.fasta

Scarica Tutti i File

>ORF10

ATGGGCTATATAAACGTTTTCGCTTTTCCGTTTACGATATATAGTCTACTCTTGTGCAGAATGAATTCCTGTAACATACATAGCATAAAGTAGATGTAGTTAACTTTAATCTCACATAG

>N

ATGTCTCTAAATGGACCCCAAAATCAGCGAAATGCACCCGCATTACGTTTGGTGGACCTCAGATTCACTGGCAGTAACAGAATGGAGAACGAGTGGGGCGCGATCAAAACAACCTCGGCCCAAGGTTTACCCAATAATCTGCGTCTTGGTTACCGCTCTCACTCAACATGGCAAGGAAGACCTTAAATCCCTCGAGGACAAGGCGTTCCAATTAAACACCAATAGCAGTCCAGATGACCAAAATGGCTACTACCGAAGAGCTACCAGACGAATTCGGTGGTGACGTAATAATGAAGATCTCAGTCCAAGATGGTATTCTTACTACTAGGAACCTGGGCGAGAAGCTGGACTTCCCTATGGTGCTAACAAAGACGGCATCATATGGGTGCAACTGAGGAGCCTTGAATACACCAAAAGATCACATTGGCACCCTGAGTCTGCTAACCAATGCTGCAATCTGCTACAACCTTCTCAAGGAACAACATTGCCAAAAGGCTTCTACGCAAGAGGAGCAGAGGCGGAGCTCAAGCCTCTTCTGCTTCTCATCACGTGCGACAGTTCAAGAAATTCAACTCCAGGCAGCAGTAAGCAAACTTCTCTGCTAGAATGGCTGGCAATGGCGGTGATGCTGCTTGTCTTGTCTGCTGTGACAGATTGAACGAGCTTGAGAGCAAAATGTTTGGTAAAGGCCAACACAACAAAGGCCAAACTGTCTAAGAAATCTGCTGCTGAGGCTTCTAAGAAGCTCGGCAAAAACGACTGCCACTAAAGCATACAATGTAAACAAGCTTTTCGGCAGACGTGGTCCAGAACAAACCAGGAAATTTTGGGACCAAGCAATACTAGACAAGGAACGTATTACAACATTTGGCCGCAAAATGCACAATTTGCCCCAGCGCTTCAGCGTTCTTCGGAATGTCGCGCATTGGCATGGAAGTCACACTTCGGGAACGTGGTTGACCTACACAGGTGCCATCAATTGGATGACAAGATCAAAATTTCAAGATCAAGTCATTTTGTCTGAATAAGCATATTGACGCATACAAAACATTTCCCAACACAGAGCTCAAAAAGGCAAAAAGAAGGCTGATGAACTCAAGCCTTACCGCAGAGACAGAAGAACAGCAAACTGTGACTCTTCTCTGCTGCAGATTGGATGATTTCTCCAAAACAATTGCAACAATCCATGAGCAGTGTGACTCAACTCAGGCCTAA

>ORF8

ATGAAATTTCTGTTTCTTAGGAATCATACAACGTGATGCTCATTTACCAAGAATGTAGTTTACAGTCATGTACTTAACATCAACCATATGTAGTTGATGACCGGTGCTTATTCATCTTATCTAATGGTATATTAGAGTAGGAGCTATAAAATCAGCACCTTTAATTGAATTGTGCGTGGATGAGGCTGGTCTTAATACACCCATTCAGTGCAATCGATATCGTAATTTATACAGTTTCTGTTTACCTTTACAATTAATTTGCGAGGAACCTAAATTTGGGTAGTCTTGTAGTGCCTGTTGCTGTATGAAGACTTTTATAGATATCATGACGTTTGTGTTGTTTAGATTCTCATTA

>ORF7b

ATGATTGAACTTTCAATTAATGACTTCTATTGTGCTTTTACGCTTTCTGCTATTCTTGTTTAATTAATGCTTATTATCTTTTGGTTCTCACTTGAAGTCAAGATCATATGAACTTGTGACGCTAA

8.0 kB / 28.6 kB (27.9%)

ivar covid consensus 3.1+galaxy0 - recovery_consensus - recovery_consensus.fasta

Scarica Tutti i File

>7465

AACAAACCAACCAACTTTTCGATCTCTGTAGATCTGTTCTCTAAACGAACCTTAAATCTGTGTGGCTGTCACTCGGCTGCATGCTTAGTGCCTCACGAGTATAATTAATAACTAATTACTGTGCTGTGACAGGACAGAGTAACCTGCTATCTTCTGACAGGCTGCTTACGGTTTCTGCGGTGTCAGCCGATCATCAGCATCTTAGTTTGTTCGGGTGTGACCGAAGGTAAAGATGGAGAGCTTGTCCCTGGTTTCAACGAGAAACACACGCTCAACTCAGTTTGCTGTTTACAGGTTTCGCGACGTGCTCGTACGTGGCTTGGAGACTCCGTTGAGGAGGCTTATCAGAGGACAGTCAACATCTTAAAGATGGCACTTGTGGCTTAGTAGAAGTTGAGAAAGGCGTTTGGCTCAACTTTGAACAGCCCTATGTGTTTATCAACAGCTTCGGATGCTCGAAGTGCACCTCATGGTCATGTTATGGTTGAGCTGGTAGCAGAACTCGAAGGCATTTCAGTACGGTGGTGAGACACTTGGTGTCTTGTCCCTATGTCCTCATGTGGGCGAAATACCAAGCTTACCGCAAGGTTCTTCTTCGTAAGAACGGTAATAAAGGAGCTGGTGCCATAGTTACGGCCCGGATCTAAAGTCATTGACTTAGGCAGCAGCTTGGCACTGATCTTATGAAGATTTCAAGAAAACGGAACATAACATAGCAGTGGTGTACCCGTGAACATGTCGTGAGCTTAACGAGGGGCATACACTCGCTATGTCGATAACAACCTCTGTGGCCGTATGGCTTCTGAGTCATTAAAGACCTTCTAGCAGCTGCTGGTAAAGCTTCATGCACTTTGTCTGAACAACCTGGAATTTATGACACTAAGAGGGGTGTATACGTGTCGGTGAACATGAGCATGAAATGCTTGGTACACGGAAGCTTCTGAAAAGAGCATGAAATGTCAGACACCTTTTGAATTAATTTGCAAGAAATTTGACACCTTCAATGGGGAATGCTCAAAATTTTGTATTTCCCTTAAATTCATAATCAAGACTATTCAACCAAGGGTTGAAAAGAAAAGACTTGTAGGCTTATGGGTAGAATTCGATCTGTCTATCCAGTTGCGTCACCAATGAATGCAACCAATGTCGCTTCAACTCTCATGAAGTGTGATCATTTGGTGAACCTTATGGCAGACGGCGATTTTGTTAAAGCCACTTGCGAATTTTGTGGCATGAGAATTTGACTAAAGAAGGTGCCACTACTTGTGGTACTTACCCAAAATGCTGTTGTTAAATTTATTTGTCAGCATGTGCACAAATCAGAAGTAGGACCTGAGCATAGCTTGGCGAATACCATAATGAATCTGGCTGGA

La pagina con i dettagli dell'analisi mostra un anteprima dei file tabellari e di testo. I dati del controllo di qualità e le statistiche delle varianti sono disponibili come archivi zippati e devono essere scaricati per essere visualizzati con qualsiasi browser.

Workflow Risultati (3)

[File di Output](#)[Provenienza](#)[Impostazioni](#)

Anteprima File di Output

[Scarica Tutti i File](#) ...[Output Tabellare](#)[Output in Testo](#)[Output in JSON](#)

RECoVJ 3.1 - recovery_type - recovery_type.json

[recovery_type.json \(559 B\)](#)**information_name**

21016008_S26

region

Sicilia

year

2021

sequence

Illumina

Il file json con i risultati analitici è lo stesso che viene inviato per email a fine elaborazione.

Workflow Provenienza

File di Output

Provenienza


Impostazioni

Provenienza


- > recovery_qc.zip
- > recovery_consensus.fasta
- > recovery_annotated.fasta
- > recovery_variants.tab
- > recovery_minority_report.tab
- > recovery_variants_stats.zip
- > recovery_lineage.csv
- > recovery_type.json

Sulla scheda «Provenienza» si può ispezionare il percorso del workflow che ha portato a ogni risultato.

Progetto Campioni

 Progetti Analisi

[/ Progetti](#) / [NRL-ISS - SARS-CoV-2](#)

 **NRL-ISS - SARS-CoV-2**

[Campioni](#) **Metadati Analitici** [Analisi](#) [Esportazioni NCBI](#) [Attività Recenti](#) [Impostazioni](#)



Azioni sui Campioni ▾

Esporta ▾

Invia al Centro Analisi

Seleziona Tutti

Deseleziona

Search:  


Svuota

Nessun campione selezionato

	Nome	Descrizione	Ospedale	Organismo	Progetto	Creato il	Modificato il	
<input type="checkbox"/>	129-2021-AS-34fd		Istituto Superiore di Sanita'	Coronavirus	NRL-ISS - SARS-CoV-2	11 mar 2021, 17:04	12 mar 2021, 15:31	
<input type="checkbox"/>	asdes		Istituto Superiore di Sanita'	Coronavirus	NRL-ISS - SARS-CoV-2	11 mar 2021, 17:04	12 mar 2021, 10:25	

Per una visione dell'insieme dei campioni, si può selezionare la scheda «Metadati Analitici» nella pagina del Progetto Regionale.

Progetto Metadati Analitici

 **NRL-ISS - SARS-CoV-2**

Campioni

Metadati Analitici


Analisi


Esportazioni NCBI


Attività Recenti


Impostazioni

Esporta ▾

 Invia al Centro Analisi

 Carica Metadati





<input type="checkbox"/>	Campione	Data Modifica ↑	Data Creazione	Anno	E-protein	Lineage	M-protein
<input type="checkbox"/>	129-2021-AS-34fd	12 mar 2021, 15:31	11 mar 2021, 17:04	2021	=	B.1 (1.0)	=
<input type="checkbox"/>	asdes	12 mar 2021, 10:25	11 mar 2021, 17:04				
<input type="checkbox"/>	pairedgz	11 mar 2021, 13:55	11 mar 2021, 13:54	-	=	B.1.1.7 (1.0)	=
<input type="checkbox"/>	Test3	9 mar 2021, 13:11	9 feb 2021, 07:18	2021	ND	A (1.0)	ND

Nella scheda «Metadati Analitici» sono elencati tutti campioni inseriti in modalità tabellare con associati i loro metadati analitici. La tabella dà una visione dell'insieme dei risultati e inoltre l'opportunità di applicare filtri alle colonne al fine di ottenere una prima impressione di tendenze. I campioni filtrati possono essere selezionati per analisi più approfondite, sia con qualche workflow di IRIDA, sia con qualsiasi software dell'utente scaricandoli.

Invio batch mediante ftps

- L'accesso avviene mediante l'account fornito per l'ftps che è diverso dall'account di IRIDA-ARIES
- Bisogna preparare un pacchetto di invio (tar o zip) che contiene un file csv con l'elenco dei file di sequenze da inviare + i file stessi (file individuali, non un file multifasta)
- Il nome del file csv non deve contenere spazi o accenti
- Il file csv deve avere il formato seguente:

Organismo,Regione,Comune,Ospedale,Nome campione>Data campione,Nome file 1,Nome file 2

- Organismo => Coronavirus
- Regione => nome per esteso o codice ISTAT
- Comune => nome del comune
- Ospedale => Nome dell'ospedale
- Nome campione => univoco
 - => composto da solo lettere, numeri e i seguenti simboli - _ ! @ # \$ % ~ `
 - => spazi e tabulazioni non sono ammessi
- Data campione => formato aaaa-mm-gg (a.e. 2021-01-25)
- Nome file 1 => senza spazi, con estensione .fastq, .fastq.gz o .fasta
- Nome file 2 => presente solo nel caso di dati paired-end, il reverse di file 1

In funzione della tipologia di file che si manda, ogni riga conterrà dunque sette o otto campi divisi da virgola.

Pacchetto di invio

Archivio *.tar o *.zip con file csv di riepilogo e file di sequenze
(per file oltre 4 GB solo archivi *.tar)

Nome	Dimensione
 batch.csv	300
 sequence-1.fastq.gz	887
 S_Test.fasta	3 926
 test_1.fastq	319 968 723
 test_SARS_CoV2_paird_1_R1_001.fastq	4 528 999
 test_SARS_CoV2_paird_1_R2_001.fastq	4 530 159

Nel file csv ogni riga riporta:

- Nome dell'organismo
- Nome della Regione (o codice ISTAT)
- Nome del Comune
- Nome dell'Ospedale
- Nome univoco del campione
- Data del campione
- Nome File 1
- Nome File 2 (solo se paired-end reads)

batch.csv	
1	Coronavirus,Regione,Comune,Ospedale,S_Test,2021-01-03,S_Test.fasta
2	Coronavirus,Regione,Comune,Ospedale,Seq2-batch,2021-02-08,sequence-2.fasta
3	Coronavirus,Regione,Comune,Ospedale,Paired_gz,2021-02-11,test_SARS_CoV2_paird_1_R1_001.fastq.gz,test_SARS_CoV2_paird_1_R2_001.fastq.gz

Impostazioni per ariesftp.iss.it

Protocollo:	FTP - Protocollo trasferimento file		
Host:	ariesftp.iss.it	Porta:	
Criptazione:	Richiedi FTP esplicito su TLS		
<hr/>			
Tipo di accesso:	Normale		
Utente:	Nome utente per ftps		
Password:	●●●●●●●●●●●●●●●●●●●●		

Come software per il caricamento può essere usato qualsiasi programma che supporti il protocollo FTPS (File Transfer Protocol with Explicit Security). Il nome utente e la password sono specifici per questo sistema e diversi da quelli della piattaforma IRIDA-ARIES.

Modalità del trasferimento ftps

Sito remoto: /		
/		
elaborati		
Nome file	Dimensione file	Tipo file
..		
elaborati		Cartella di file
pacchetto_di_invio.tar	2.231.296	File TAR

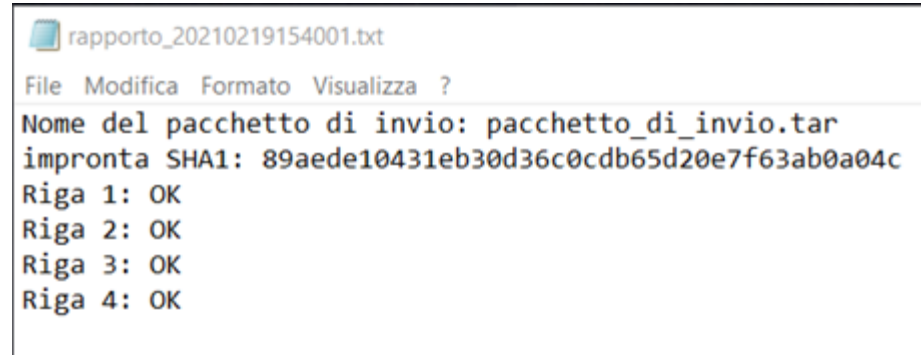
Caricamento del pacchetto di invio nella cartella radice

Sito remoto: /elaborati		
/		
elaborati		
lavoro_20210219154001		
Nome file	Dimensione file	Tipo file
..		
lavoro_20210219154001		Cartella di file
rapporto_20210219154001.txt	285	Documento di testo

Controllo del pacchetto di invio e creazione di una sottocartella lavoro_[data e ora] nella cartella «elaborati». Creazione del rapporto nella cartella «elaborati» e spostamento del pacchetto di invio nella nuova sottocartella.

La struttura del sito è una cartella radice che contiene una sottocartella: «elaborati». I file di archivio «pacchetto di invio» dovranno essere caricati nella cartella radice (/). Entro 5 minuti, il sistema eseguirà un controllo del contenuto del file e creerà nella cartella «elaborati» un rapporto del risultato in un file con il nome rapporto_[data e ora del controllo].txt. Inoltre creerà nella cartella «elaborati» una sottocartella con il nome lavoro_[data e ora del controllo] nella quale sposterà il file di archivio che in seguito verrà eliminato.

Rapporto del controllo



```
rapporto_20210219154001.txt
File Modifica Formato Visualizza ?
Nome del pacchetto di invio: pacchetto_di_invio.tar
impronta SHA1: 89aede10431eb30d36c0cdb65d20e7f63ab0a04c
Riga 1: OK
Riga 2: OK
Riga 3: OK
Riga 4: OK
```

Il file di rapporto contiene il nome del pacchetto di invio, la sua impronta SHA1 e il risultato del controllo di ogni riga del file csv inviato. Se il risultato è OK, il campione è stato inviato a IRIDA-ARIES, in caso di irregolarità ne viene indicato il motivo. L'utente dovrà correggere le irregolarità e creare un pacchetto di invio per i soli campioni non elaborati.

Analisi del pacchetto di invio


- I campioni indicati nelle righe valide del pacchetto di invio vengono inviati alla piattaforma IRIDA-ARIES e analizzati.
- A fine analisi verrà inviata un'e-mail con allegato un file in formato json contenenti i risultati analitici sinottici a tutti i membri del Progetto Regionale. Il file json può essere letto con un qualsiasi editore di testo.
- Il campione viene aggiunto nel Progetto Regionale in IRIDA-ARIES e lì tutti i risultati completi possono essere visualizzati e scaricati dai membri del Progetto Regionale.

Invio consensus a GISAID

- Al fine di permettere alla piattaforma di inviare campioni a GISAID, l'utente dovrà comunicare la proprio utenza all'ISS (solo username).
- L'ISS comunicherà a GISAID lo username e appena riceverà il via libera da GISAID, avvertirà l'utente.
- Il campo «submitter» avrà lo username dell'utente.
- Il campo «covv_virus_name» avrà il nome del campione inserito tra le stringhe richieste da GISAID: hCov-19/Italy/[nome campione]/2021
- Il campo «covv_authors» per ora è composto dal nome dell'utenza ICOGEN. Verrà predisposta la possibilità di comunicare una lista di autori fissi per ogni combinazione:





Laboratorio di sequenziamento - Ospedale di raccolta campione


Progetto Regionale

 IRIDA

Progetti

Analisi

 / Progetti

NRL-ISS - SARS-CoV-2

[Campioni](#) [Metadati Analitici](#) [Analisi](#) [Esportazioni NCBI](#) [Attività Recenti](#) [Impostazioni](#)

Azioni sui Campioni ▼

Search:  

Nessun campione selezionato

	Nome	Descrizione	Ospedale	Organismo	Progetto	Creato il	Modificato il	
<input type="checkbox"/>	asdes		Istituto Superiore di Sanita'	Coronavirus	NRL-ISS - SARS-CoV-2	11 mar 2021, 17:04	12 mar 2021, 10:25	
<input type="checkbox"/>	129-2021-AS-34fd		Istituto Superiore di Sanita'	Coronavirus	NRL-ISS - SARS-CoV-2	11 mar 2021, 17:04	11 mar 2021, 17:04	

Nella pagina del Progetto Regionale nella scheda «Campioni» bisogna selezionare i campioni da inviare a GISAID.

Invia al Centro Analisi

ISS Progetti Analisi

Cerca progetti e campioni

2

Progetti

ISS - Test - SARS-CoV-2

Campioni Metadati Analitici Analisi Esportazioni NCBI Attività Rec Impostazioni

Azioni sui Campioni Esporta

Invia al Centro Analisi

Seleziona Tutti Deseleziona

Search: [] [Y] [] [Svuota]

2 campioni selezionati

	Nome	Descrizione	Ospedale	Organismo	Progetto	Data Campione	Caricato Il
<input checked="" type="checkbox"/>	10_AI		ISS	Coronavirus	ISS - Test - SARS-CoV-2	12 ott 2020, 00:00	9 apr 2021, 10:14
<input checked="" type="checkbox"/>	10_AO		ISS	Coronavirus	ISS - Test - SARS-CoV-2	3 gen 2021, 00:00	9 apr 2021, 10:15

Nella pagina del Progetto Regionale nella scheda «Campioni» bisogna selezionare i campioni da inviare a GISAID. I campioni selezionati possono essere inviati al Centro Analisi mediante il pulsante blu. Accanto all'icona del Beaker in alto a destra si possono vedere il numero di campioni inseriti. Cliccando sulla stessa icona si passa alla finestra del Centro Analisi. Solo i campioni caricati dal proprio Laboratorio verranno presi in considerazione per l'invio.

Centro Analisi

The screenshot displays the ISS Centro Analisi web interface. The top navigation bar includes the ISS logo, 'Progetti', 'Analisi', a search bar labeled 'Cerca progetti e campioni', and a notification icon with a red '2'. Below the navigation bar, the 'Pipeline' section is active, showing a grid of analysis pipelines. The 'GISAID Pipeline' is highlighted with a red border. The right sidebar contains a search bar and a list of projects, including 'ISS - Test - SARS-CoV-2'.

Pipeline	Description	Seleziona
Allele Observer Pipeline	Selezionando almeno tre campioni, calcola la matrice di distanze degli alleli e l'albero filogenetico (Non per SARS-CoV-2)	Seleziona
GISAID Pipeline	Esegue l'upload a GISAID dei campioni selezionati (Solo SARS-CoV-2, l'utente deve aver notificato il proprio GISAID username, maximum 1000 sequenze)	Seleziona
SNP Observer Pipeline	Selezionando almeno quattro campioni, calcola le distanze degli SNP e l'albero filogenetico	Seleziona
Summary Pipeline	Crea un riepilogo dei dati dei campioni selezionati	Seleziona
Virulotyper Pipeline	Virulotipizzazione di campioni batterici direttamente dalle reads (Non per SARS-CoV-2)	Seleziona

Right sidebar content:

- Search bar
- 10_AI
- ISS - Test - SARS-CoV-2
- 10_AO
- ISS - Test - SARS-CoV-2
- Svuota

Nella pagina del Centro Analisi bisogna selezionare la «GISAID Pipeline».

Avvio GISAID Pipeline

ISS

Progetti

Analisi

Cerca progetti e campioni

2

GISAID Pipeline

Nome della Pipeline

GISAID_20210520

Parametri

Parametri Predefiniti

Personalizza

Descrizione

Immettere una descrizione dell'analisi (Opzionale)

Condividi i Risultati con Progetti

☐ ISS - Test - SARS-CoV-2

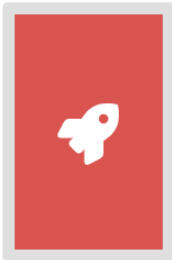
Ricevi Email dello Stato

No Email

In Corso 0

In Coda 0

Pronto per il Lancio?



File

ISS - Test - SARS-CoV-2 / 10_AI

Rimuovi

→	10_Ct20.4_AI_R1.fastq	2.6 GB Dimensione del File	09 apr 2021 Data Creazione
←	10_Ct20.4_AI_R2.fastq	2.6 GB Dimensione del File	09 apr 2021 Data Creazione

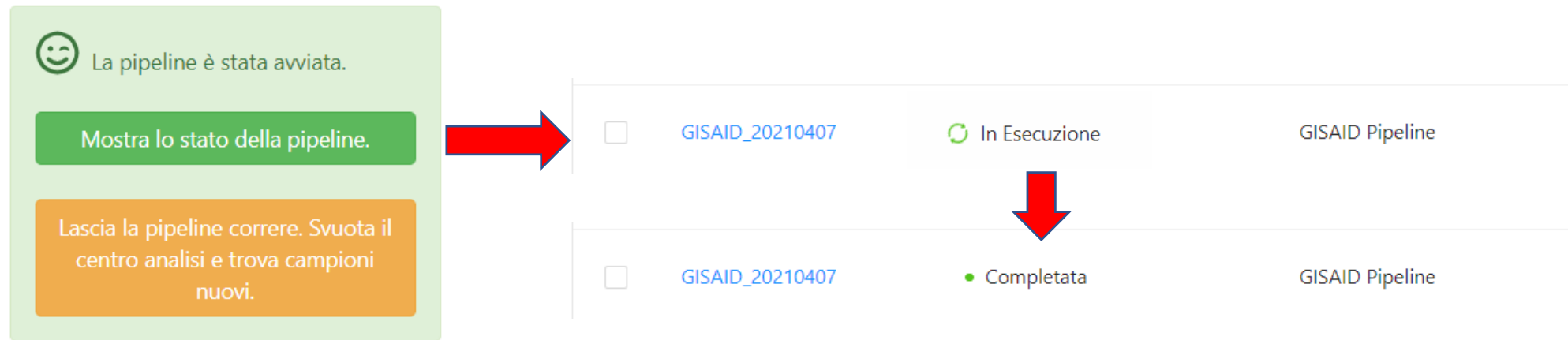
ISS - Test - SARS-CoV-2 / 10_AO

Rimuovi

→	10_Ct20.4_AO_merged.fastq	440.8 MB Dimensione del File	09 apr 2021 Data Creazione
---	---------------------------	---------------------------------	-------------------------------


Nella pagina della GISAID Pipeline si avvia l'invio premendo il pulsante rosso con il razzo.

Avvio GISAID Pipeline



Dopo la preparazione della pipeline, essa verrà avviata e selezionando il pulsante «Mostra lo stato della pipeline» si passa alla pagina «Analisi» dove è elencata l'elaborazione, prima nello Stato «In Esecuzione» e poi nello Stato «Completata». Cliccando sul nome dell'analisi si passa alla pagina dei risultati dell'analisi.

Risultato GISAID Pipeline

 GISAID_20210407

[File di Output](#) [Provenienza](#) [Impostazioni](#)

Anteprima File di Output

Scarica Tutti i File ...

[Output Tabellare](#) [Output in Testo](#)

RECoVISAID 1.0 - recovgisaid_csv - gisaid_csv.csv

gisaid_csv.csv (1.0 kB)

#	submitter	fn	covv_virus_name	covv_type	covv_passage	covv_collection_date	covv_location
1	submitter	icogen_20210407.fa	hCov-19/Italy/test_sequence/2021	betacoronavirus	Original	2021-04-03	Europe / Italy / Lazio
2	submitter	icogen_20210407.fa	hCov-19/Italy/B_7387_2/2020	betacoronavirus	Original	2020-10-12	Europe / Italy / Lazio

Nella scheda «Output Tabellare» si trova il file csv usato per l'invio.

Risultato GISAID Pipeline

Output Tabellare Output in Testo

RECoVGISAID 1.0 - recovgisaid_result - gisaid_result.txt

gisaid_result.txt (141 B)

```
hCov-19/Italy/test_sequence/2021; EPI_ISL_1499573
hCov-19/Italy/B_7387_2/2020; EPI_ISL_1499574
submissions uploaded: 2
submissions failed: 0
```

141 B / 141 B (100.0%)

RECoVGISAID 1.0 - recovgisaid_fasta - gisaid_fasta.fasta

↓ gisaid_fasta.fasta (58.3 kB)

>hCov-19/Italy/test_sequence/2021
NNNGCTTAGTGCAC TACG CAGTATAATTAATAACTAATTACTGTCGTTGACAGGACACGAGTAACTG
GCTCTATCTTCGACGGCTGCTACGGTTTCGTCGCTGTCAGCGGATCATCAGCACATCAGGTTTTGTCGGGTGACGCGAAAGTGAAGATGGAGAGCCCTGTGCCCTGGTTTCAACGAGAAAAACACAGCTC
CAACTCAGTTTGCCTGTTTTCACAGGTCGCGACGTCGTCGTACGTGGCTTTGAGAGACTCGCTGGAGGAGGCTTATCAGAGGCACGTCAACATCTTAAAGATGGCATTGTGGCTTAGTAGAAGTTGAAAAAGG
CGTTTGGCTCAACTTGAACACGATGTGTTTCATCAAGAGCTCGGATGCTCGAAGTCGACCTCATGTCATGTTATGTTGAGTGGAGTCAGAGAACTCGAAGGACCTCAGTACGGCTGAGTGGTGAGACAC
TTGGTGCTTCTTCTCCCTCATGTGGGCGAAATACAGCTGGCTACGCGAAGGTTCTTTCTGTAAGAACGGTAATAAAGGAGCTGGTGCCATAGTACGCGCGGATCTAAAGATCTTTGAATAGGTCAGGAG
CTTGGCACTGACCTCTTATGGAATTTTCAAGAAAACTCGACAGCTCAACATCAAGCAGTGGTGTACCGTGAACCTCATGCTGAGCTTAAATCGACAGGGGCATCACTCGCTATGCGATCAACAACTCTCTGTCGGCC
TGATGGCTACCTCTTGAGTGGATTAAAGACTTGAAGCACTTGGTAAAGCTTCATGCATCTTGTCTGAACAACTGGACTTTATCGACAGTAAGAGGGGTGTATCTGTCGCGTGAACATGAGCATGAA
TTCTTGGTGAACCGAAGCGTTCTGAAAGAGCTGAATTCGACGACCTTTTGAATTAATTTGGCAAGAAAGATTTGACACCTTCAATGGGAAGTTCGCAAAATTTGATTTCCTTAATTCATCAATCAAA

Nella scheda «Output in Testo» si trovano il file multifasta usato per l'invio e la risposta di GISAID. Il codice GISAID viene aggiunto per ogni campione al campo «Descrizione del Campione».

Informazione

- Richieste di informazione possono essere inviate all'indirizzo e-mail:

helpdesk.icogen@iss.it