**SARS-CoV-2 sekvencēšanas rezultātu pārskats**

**Pārskata periods:** {{seq\_date\_range}}

**Veiksmīgi nosekvencēto paraugu skaits:** {{sample\_count}}

({{seq\_lab\_string}})\*

**Paraugu sadalījums pēc paveidiem:**

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **Paveids** | **Apakšpaveids** | **Paraugu skaits** |
| {%tr for item in lineage\_data\_table%} | | |
| {{item.lineage}} | {{item.sublin}} | {{item.count}} |
| {%tr endfor %} | | |

**\***Pilnais sekvencēto paraugu saraksts pielikumā un pavadošajā failā.

**SARS-CoV-2 paveidu sadalījums laikā**

{{plot\_5}}

**SARS-CoV-2 paveidu sadalījums novados**

**{{plot\_8}}**

**Katra parauga sekvencēšanas kvalitātes rādītāji**

{{plot\_1}}{{plot\_2}}{{plot\_3}}{{plot\_4}}

**Pārskata periodā noteiktās mutācijas**

{{plot\_6}}

**Iegūto datu analīze:**

Sekvenču dati tika apstrādāti, izmantojot SIA RAKUS Laboratorijas dienesta izveidotu darbplūsmu (<https://github.com/NMRL/SARS-CoV2_assembly>). Iegūtie sekvenču dati tika filtrēti izmantojot cutadapt 2.31 [1] un fastp 0.20.1 [2], lai atbrīvotos no zemas kvalitātes nolasījumiem. Filtrētās sekvences tika pielīdzinātas Wuhan-Hu-1 SARS-CoV-2 izolāta references genomam (Accession number: MN908947.3) ar bwa 0.7.17-r1198-dirty mem [3] un samtools 1.12 [4]. ARTIC v3 amplifikācijas oligonukleotīdi tika noņemti, izmantojot iVar 1.3.1 [5] un bedtools v.2.30.00 [6]. Pēc kvalitātes kontroles nolasījumi tika atkārtoti pielīdzināti Wuhan-Hu-1 references genomam, izmantojot abra2 2.23 [7]. Variantu identificēšana un consensus sekvences izveidošana tika veikta ar freebayes v0.9.21 [8], vcflib 1.0.2/vcffilter [9] un iVar 1.3.1 [5]. Variantu anotācijai tika izmantots snpEff 5.0e [10] un PANGO celmu piešķiršana tika veikta, izmantojot Pangolin [11].

**Avotu saraksts:**

1. Martin M. Cutadapt removes adapter sequences from high-throughput sequencing reads. *EMBnet.journal*. 2011;17(1):10. doi:10.14806/EJ.17.1.200

2. Chen S, Zhou Y, Chen Y, Gu J. fastp: an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor. *Bioinformatics*. 2018;34(17):i884-i890. doi:10.1093/BIOINFORMATICS/BTY560

3. Li H. Aligning sequence reads, clone sequences and assembly contigs with BWA-MEM. March 2013. <https://arxiv.org/abs/1303.3997v2>. Accessed August 21, 2021.

4. Li H, Handsaker B, Wysoker A, et al. The Sequence Alignment/Map format and SAMtools. *Bioinformatics*. 2009;25(16):2078-2079. doi:10.1093/BIOINFORMATICS/BTP352

5. Grubaugh ND, Gangavarapu K, Quick J, et al. An amplicon-based sequencing framework for accurately measuring intrahost virus diversity using PrimalSeq and iVar. *Genome Biol 2019 201*. 2019;20(1):1-19. doi:10.1186/S13059-018-1618-7

6. Quinlan AR, Hall IM. BEDTools: a flexible suite of utilities for comparing genomic features. *Bioinformatics*. 2010;26(6):841-842. doi:10.1093/BIOINFORMATICS/BTQ033

7. Mose LE, Perou CM, Parker JS. Improved indel detection in DNA and RNA via realignment with ABRA2. *Bioinformatics.* 2019;35(17):2966–2973. doi:10.1093/bioinformatics/btz033

8. Garrison E, Marth G. Haplotype-based variant detection from short-read sequencing. July 2012. <https://arxiv.org/abs/1207.3907v2>. Accessed August 21, 2021.

9. Garrison E, Kronenberg ZN, Dawson ET, Pedersen BS, Prins P. Vcflib and tools for processing the VCF variant call format. *bioRxiv*. May 2021:2021.05.21.445151. doi:10.1101/2021.05.21.445151

10. Cingolani P, Platts A, Wang LL, et al. A program for annotating and predicting the effects of single nucleotide polymorphisms, SnpEff: SNPs in the genome of Drosophila melanogaster strain w1118; iso-2; iso-3. *Fly (Austin)*. 2012;6(2):80. doi:10.4161/FLY.19695

11. O’Toole Á, Scher E, Underwood A, et al. Assignment of epidemiological lineages in an emerging pandemic using the pangolin tool. *Virus Evol*. July 2021. doi:10.1093/VE/VEAB064

PIELIKUMS

**Paraugu saraksts**

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| Parauga numurs p.k. | Parauga sekv. ID | Laboratorija | Paņemšanas datums, (gggg-mm-dd) | Paveids/ apakšpaveids | Sekvencēšanas laboratorija | Parauga paņemšanas  novads |
| {%tr for item in total\_data\_table%} | | | | | | |
| {{item.sample\_number}} | {{item.sample\_id}} | {{item.testing\_lab}} | {{item.sampling\_date}} | {{item.lineage}} | {{item.sequenced}} | {{item.district}} |
| {%tr endfor %} | | | | | | |