COMMENT LIRE LE RAPPORT NGS DU CNRCH

CENTRE HOSPITALIER UNIVERSITAIRE BORDEAUX

Centre National de Référence des Campylobacters & Hélicobacters
Laboratoire de Bactériologie
CHU Pellegrin
Place Amélie Raba Léon
33076 Bordeaux cedex

Tél: +33 (0)5 56 79 59 77
Fax: +33 (0)5 57 82 19 77

Santé publique France

Informations patient

Nom	[redacted]	Numéro de l'échantillon	231083491601
Prénom	[redacted]		
Date de naissance	09/11/1980		
Age	42	Date de prélèvement	18/08/2023
Sexe	Féminin	Nature	Selles

Informations sur le séquençage

Nom du run	0025-INTEGRAGEN-2023-P2
Génome n°	01560
Projet	CAMPYLOBACTERS ERY-R
Mois	NOVEMBRE
Année	2023

Identification de l'espèce, typage moléculaire et attribution de la source de contamination

Espèce identifiée par ANI (référence)
CAMPYLOBACTER COLI LMG6440

Score ANI (significativité ≥ 95%)
98.924 %

Complexe clonal (CC) 828
Sequence type (ST) 828
Core genome ST (cgST) INCONNU (31.348%)

aspA ; glnA ; gltA ; glyA ; pgm ; tkt ; uncA
33 ; 39 ; 30 ; 82 ; 104 ; 43 ; 17

Source de contamination potentielle
VOLAILLE

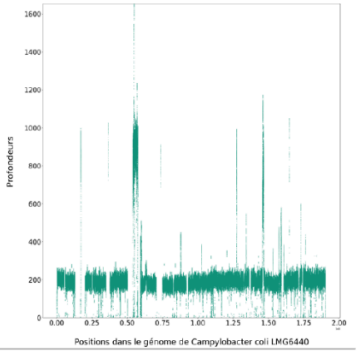
Score d'attribution (significativité ≥ 70%)
100.0 %

Détermination moléculaire de la résistance aux antibiotiques

CIP	GyrA T86I Contig 1 - 99.9% IDT - 98.1% COV Positions [219096 : 221612]	SPC	ANT(9)-Ic-aad9 Contig 16 - 99.9% IDT - 100.0% COV Positions [5880 : 6656]
ERY	erm(B).12_U18931_2 Contig 16 - 100.0% IDT - 100.0% COV Positions [3450 : 4187]		
TET	tetO (TRONQUÉ) - Tetracycline Contig 20 - 99.9% IDT - 42.1% COV Positions [1 : 809]		
STR	ANT(6)-If-aadE Contig 16 - 100.0% IDT - 100.0% COV Positions [246 : 1112]		

Statistiques sur les données de séquençage et le génome assemblé

Reads bruts (R1)	1,256,271	Taille mappant sur la référence	1,593,137 pb
Reads bruts (R2)	1,256,271	Taille de la référence	1,912,816 pb
Taille totale (R1)	188,440,650 pb	Génome couvert à	83.288 %
Taille totale (R2)	188,440,650 pb	Profondeur moyenne	83.917
		Taille du génome assemblé	1,687,533 pb
Reads nettoyés (R1)	1,221,639	Nombre total de contigs	33
Reads nettoyés (R2)	1,221,639	Taille moyenne des contigs	51,137 pb
Taille nettoyée (R1)	180,342,072 pb	GC %	31.42 %
Taille nettoyée (R2)	176,648,828 pb	Nombre de CDS	1,721



Rapport généré par le Centre National de Référence des Campylobacters & Hélicobacters à Bordeaux le *24/01/2024 à 16:26:14*

CENTRE HOSPITALIER UNIVERSITAIRE BORDEAUX

Centre National de Référence des Campylobacters & Hélicobacters
Laboratoire de Bactériologie
CHU Pellegrin
Place Amélie Raba Léon
33076 Bordeaux cedex

Tél: +33 (0)5 56 79 59 77
Fax: +33 (0)5 57 82 19 77

Santé publique France

Informations patient

Nom	[redacted]	Numéro de l'échantillon	231083491601
Prénom	[redacted]		
Date de naissance	09/11/1980		
Age	42	Date de prélèvement	18/08/2023
Sexe	Féminin	Nature	Selles

Informations sur le séquençage

Nom du run	0025-INTEGRAGEN-2023-P2
Génome n°	01560
Projet	CAMPYLOBACTERS ERY-R
Mois	NOVEMBRE
Année	2023

Identification de l'espèce, typage moléculaire et attribution de la source de contamination

Informations patient

Cet encart contient à la fois les informations générales concernant le patient, sur la **partie gauche**, mais aussi les informations concernant l'échantillon avec le numéro GLIMS associé (code barre), sur la **partie droite**.

Espèce identifiée par ANI (référenc… — …contamination potentielle

CAMPYLOBACTER COLI LMG6440

Score ANI (significativité ≥ 95%) — …ribution (significativité ≥ 70%)

98.924 % — 33 ; 39 ; 30 ; 82 ; 104 ; 43 ; 17 — 100.0 %

Détermination moléculaire de la résistance aux antibiotiques

CIP	GyrA T86I Contig 1 - 99.9% IDT - 98.1% COV Positions [219096 : 221612]	SPC	ANT(9)-Ic-aad9 Contig 16 - 99.9% IDT - 100.0% COV Positions [5880 : 6656]
ERY	erm(B).12_U18931_2 Contig 16 - 100.0% IDT - 100.0% COV Positions [3450 : 4187]		
TET	tetO (TRONQUÉ) - Tetracycline Contig 20 - 99.9% IDT - 42.1% COV Positions [1 : 809]		
STR	ANT(6)-If-aadE Contig 16 - 100.0% IDT - 100.0% COV Positions [246 : 1112]		

Statistiques sur les données de séquençage et le génome assemblé

Reads bruts (R1)	1,256,271	Taille mappant sur la référence	1,593,137 pb
Reads bruts (R2)	1,256,271	Taille de la référence	1,912,816 pb
Taille totale (R1)	188,440,650 pb	Génome couvert à	83.288 %
Taille totale (R2)	188,440,650 pb	Profondeur moyenne	83.917
		Taille du génome assemblé	1,687,533 pb
Reads nettoyés (R1)	1,221,639	Nombre total de contigs	33
Reads nettoyés (R2)	1,221,639	Taille moyenne des contigs	51,137 pb
Taille nettoyée (R1)	180,342,072 pb	GC %	31.42 %
Taille nettoyée (R2)	176,648,828 pb	Nombre de CDS	1,721

Rapport généré par le Centre National de Référence des Campylobacters & Hélicobacters à Bordeaux le 24/01/2024 à 16:26:14

CENTRE HOSPITALIER UNIVERSITAIRE BORDEAUX

Centre National de Référence des Campylobacters & Hélicobacters
Laboratoire de Bactériologie
CHU Pellegrin
Place Amélie Raba Léon
33076 Bordeaux cedex

Tél: +33 (0)5 56 79 59 77
Fax: +33 (0)5 57 82 19 77

Santé publique France

Informations patient

Nom		Numéro de l'échantillon	231083491601
Prénom			
Date de naissance	09/11/1980		
Age	42	Date de prélèvement	18/08/2023
Sexe	Féminin	Nature	Selles

Informations sur le séquençage

Nom du run	0025-INTEGRAGEN-2023-P2
Génome n°	01560
Projet	CAMPYLOBACTERS ERY-R
Mois	NOVEMBRE
Année	2023

Informations sur le séquençage

Ici est indiqué sur quel run de séquençage et pour quel projet le génome a été obtenu. Le numéro de génome est un numéro attribué à chaque souche qui est séquencée au CNRCH depuis 2017.

Identification de l'espèce, typage moléculaire et attribution de la source de contamination

Espèce identifiée par ANI (référenc

CAMPYLOBACTER COLI LMG6440

ontamination potentielle

Score ANI (significativité ≥ 95%)

98.924 %

33 ; 39 ; 30 ; 82 ; 104 ; 43 ; 17

ibution (significativité ≥ 70%)

100.0 %

Détermination moléculaire de la résistance aux antibiotiques

CIP	GyrA T86I Contig 1 - 99.9% IDT - 98.1% COV Positions [219096 : 221612]	SPC	ANT(9)-Ic-aad9 Contig 16 - 99.9% IDT - 100.0% COV Positions [5880 : 6656]
ERY	erm(B).12_U18931_2 Contig 16 - 100.0% IDT - 100.0% COV Positions [3450 : 4187]		
TET	tetO (TRONQUÉ) - Tetracycline Contig 20 - 99.9% IDT - 42.1% COV Positions [1 : 809]		
STR	ANT(6)-If-aadE Contig 16 - 100.0% IDT - 100.0% COV Positions [246 : 1112]		

Statistiques sur les données de séquençage et le génome assemblé

Reads bruts (R1)	1,256,271	Taille mappant sur la référence	1,593,137 pb
Reads bruts (R2)	1,256,271	Taille de la référence	1,912,816 pb
Taille totale (R1)	188,440,650 pb	Génome couvert à	83.288 %
Taille totale (R2)	188,440,650 pb	Profondeur moyenne	83.917
		Taille du génome assemblé	1,687,533 pb
Reads nettoyés (R1)	1,221,639	Nombre total de contigs	33
Reads nettoyés (R2)	1,221,639	Taille moyenne des contigs	51,137 pb
Taille nettoyée (R1)	180,342,072 pb	GC %	31.42 %
Taille nettoyée (R2)	176,648,828 pb	Nombre de CDS	1,721

Rapport généré par le Centre National de Référence des Campylobacters & Hélicobacters à Bordeaux le 24/01/2024 à 16:26:14

CENTRE HOSPITALIER UNIVERSITAIRE BORDEAUX

Centre National de Référence des Campylobacters & Hélicobacters
Laboratoire de Bactériologie
CHU Pellegrin
Place Amélie Raba Léon
33076 Bordeaux cedex

Tél: +33 (0)5 56 79 59 77
Fax: +33 (0)5 57 82 19 77

Santé publique France

Informations patient

Nom	[redacted]	Numéro de l'échantillon	231083491601
Prénom	[redacted]		
Date de naissance	09/11/1980		
Age	42	Date de prélèvement	18/08/2023
Sexe	Féminin	Nature	Selles

Informations sur le séquençage

Nom du run	0025-INTEGRAGEN-2023-P2
Génome n°	01560
Projet	CAMPYLOBACTERS ERY-R
Mois	NOVEMBRE
Année	2023

Identification de l'espèce, typage moléculaire et attribution de la source de contamination

(a) Espèce identifiée par ANI (référence)
CAMPYLOBACTER COLI LMG6440

Score ANI (significativité ≥ 95%)
98.924 %

Complexe clonal (CC) 828
(b) Sequence type (ST) 828
(c) Core genome ST (cgST) INCONNU (31.348%)

aspA ; glnA ; gltA ; glyA ; pgm ; tkt ; uncA
(*) 33 ; 39 ; 30 ; 82 ; 104 ; 43 ; 17

(d) Source de contamination potentielle
VOLAILLE

Score d'attribution (significativité ≥ 70%)
100.0 %

Identification de l'espèce, typage moléculaire et attribution de la source de contamination

Dans cet encart sont indiquées les informations générales sur la souche, à savoir :

(a) L'espèce identifiée par la méthode moléculaire ANI (Average Nucleotide Identity). Si ce score est supérieur ou égal à 95%, l'identification est valide.
(b) Le typage moléculaire MLST (**Dingle *et al.* 2001**), permettant d'attribuer un cluster épidémiologique à la souche en se basant sur 7 gènes de ménage (*). ***Uniquement pour C. jejuni et C. coli***.
(c) Le core-genome ST, identique à la MLST mais avec l'analyse de +1,000 gènes. ***Uniquement pour C. jejuni et C. coli***.
(d) L'attribution potentielle de la source de contamination. Pour ***C. jejuni***, cette méthode distingue les réservoirs de la volaille, des ruminants et de l'environnement (**Thépault *et al.* 2017**) et pour ***C. coli*** les réservoirs de la volaille, des ruminants et du porc (**Jehanne *et al.* 2020**).

Statistiques sur les données de séquençage et le génome assemblé

Reads bruts (R1)	1,256,271	Taille mappant sur la référence	1,593,137 pb
Reads bruts (R2)	1,256,271	Taille de la référence	1,912,816 pb
Taille totale (R1)	188,440,650 pb	Génome couvert à	83.288 %
Taille totale (R2)	188,440,650 pb	Profondeur moyenne	83.917
		Taille du génome assemblé	1,687,533 pb
Reads nettoyés (R1)	1,221,639	Nombre total de contigs	33
Reads nettoyés (R2)	1,221,639	Taille moyenne des contigs	51,137 pb
Taille nettoyée (R1)	180,342,072 pb	GC %	31.42 %
Taille nettoyée (R2)	176,648,828 pb	Nombre de CDS	1,721

Rapport généré par le Centre National de Référence des Campylobacters & Hélicobacters à Bordeaux le 24/01/2024 à 16:26:14

CENTRE HOSPITALIER UNIVERSITAIRE BORDEAUX

Centre National de Référence des Campylobacters & Hélicobacters
Laboratoire de Bactériologie
CHU Pellegrin
Place Amélie Raba Léon
33076 Bordeaux cedex

Tél: +33 (0)5 56 79 59 77
Fax: +33 (0)5 57 82 19 77

Santé publique France

Informations patient

Informations sur le séquençage

Détermination moléculaire de la résistance aux antibiotiques

Tous les mécanismes de résistance aux antibiotiques détectés par bio-informatique sont affichés ici. L'analyse de la résistance est effectuée à partir de l'outil **Blast** de NCBI et de plusieurs bases de données de gènes et mutations, à savoir **NCBI**, **CARD**, **ResFinder** et une base créée par le **CNRCH**. Le CNRCH estime une souche potentiellement résistante à un antibiotique donné si la pastille rouge est affichée :

AMP=Ampicilline; **CIP**=Ciprofloxacine; **LEV**=Lévofloxacine; **ERY**=Erythromycine; **TET**=Tétracycline; **GEN**=Gentamicine; **AMC**=Amoxicilline-Acide Clavulanique; **CLA**=Clarithromycine; **AMX**=Amoxicilline; **STR**=Streptomycine; **KAN**=Kanamycine; **SPC**=Spectinomycine; **CAP**=Chloramphenicol; **MET**=Métronidazole; **RIF**=Rifampicine; **LIN**=Lincosamide.

P Identification d'un mécanisme de résistance porté par un plasmide (outil **RFPlasmid**).

Identification

Espèce identi

CAMPYLOBA

Score ANI (sig

98.

0%)

Détermination moléculaire de la résistance aux antibiotiques

CIP	GyrA T86I Contig 1 - 99.9% IDT - 98.1% COV Positions [219096 : 221612]		SPC	ANT(9)-Ic-aad9 Contig 16 - 99.9% IDT - 100.0% COV Positions [5880 : 6656]	
ERY	erm(B).12_U18931_2 Contig 16 - 100.0% IDT - 100.0% COV Positions [3450 : 4187]				
TET	tetO (TRONQUÉ) - Tetracycline P Contig 20 - 99.9% IDT - 42.1% COV Positions [1 : 809]				
STR	ANT(6)-If-aadE Contig 16 - 100.0% IDT - 100.0% COV Positions [246 : 1112]				

Statistiques sur les données de séquençage et le génome assemblé

Reads bruts (R1)	1,256,271	Taille mappant sur la référence	1,593,137 pb
Reads bruts (R2)	1,256,271	Taille de la référence	1,912,816 pb
Taille totale (R1)	188,440,650 pb	Génome couvert à	83.288 %
Taille totale (R2)	188,440,650 pb	Profondeur moyenne	83.917
		Taille du génome assemblé	1,687,533 pb
Reads nettoyés (R1)	1,221,639	Nombre total de contigs	33
Reads nettoyés (R2)	1,221,639	Taille moyenne des contigs	51,137 pb
Taille nettoyée (R1)	180,342,072 pb	GC %	31.42 %
Taille nettoyée (R2)	176,648,828 pb	Nombre de CDS	1,721

Rapport généré par le Centre National de Référence des Campylobacters & Hélicobacters à Bordeaux le 24/01/2024 à 16:26:14

CENTRE HOSPITALIER UNIVERSITAIRE BORDEAUX

Centre National de Référence des Campylobacters & Hélicobacters
Laboratoire de Bactériologie
CHU Pellegrin
Place Amélie Raba Léon
33076 Bordeaux cedex

Tél: +33 (0)5 56 79 59 77
Fax: +33 (0)5 57 82 19 77

Santé publique France

Informations patient

Nom	[redacted]	Numéro de l'échantillon	231083491601
Prénom	[redacted]		
Date de naissance	09/11/1980		
Age	42	Date de prélèvement	18/08/2023
Sexe	Féminin	Nature	Selles

Informations sur le séquençage

Nom du run	0025-INTEGRAGEN-2023-P2
Génome n°	01560
Projet	CAMPYLOBACTERS ERY-R
Mois	NOVEMBRE
Année	2023

Identification de l'espèce, typage moléculaire et attribution de la source de contamination

Espèce identifiée par ANI (référence)	Complexe clonal (CC)	828
CAMPYLOBACTER COLI LMG6440	Sequence type (ST)	828
	Core genome ST (cgST)	INCONNU (31.348%)
Source de contamination potentielle		
VOLAILLE		
Score ANI (significativité ≥ 95%)	*aspA ; glnA ; gltA ; glyA ; pgm ; tkt ; uncA*	Score d'attribution (significativité ≥ 70%)
98.924 %	33 ; 39 ; 30 ; 82 ; 104 ; 43 ; 17	100.0 %

Déter[illegible]

Statistiques sur les données de séquençage et le génome assemblé

Sont affichées ici des données plus spécifiques sur le génome de la souche, à savoir :

a La taille des données brutes (fastq) après séquençage, avant nettoyage par Sickle (partie haute) et après nettoyage (partie basse).

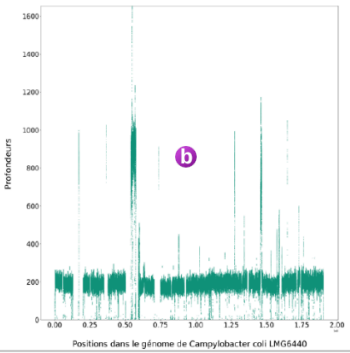
b La couverture sur l'espèce identifiée (ou le pourcentage des séquences obtenues qui correspond à cette espèce) et la profondeur moyenne de séquençage c-a-d le nombre de fois qu'une séquence est obtenue (qualité minimale acceptable autour de 30X).

c Le nombre de contigs (=séquences) obtenu après assemblage du génome (nombre maximum acceptable = 100) et la taille moyenne de ces séquences (plus la taille est importante, plus la qualité du génome est meilleure).

d GC% = Proportion de nucléotides étant un G ou un C (taux spécifique à l'espèce); CDS=Coding Sequence, soit le nombre de gènes au sein du génome.

Statistiques sur les données de séquençage et le génome assemblé

Reads bruts (R1)	1,256,271	Taille mappant sur la référence		1,593,137 pb
Reads bruts (R2)	1,256,271	Taille de la référence		1,912,816 pb
Taille totale (R1)	188,440,650 pb	Génome couvert à	b	83.288 %
Taille totale (R2)	188,440,650 pb	Profondeur moyenne	b	83.917
a		Taille du génome assemblé		1,687,533 pb
Reads nettoyés (R1)	1,221,639	Nombre total de contigs	c	33
Reads nettoyés (R2)	1,221,639	Taille moyenne des contigs	c	51,137 pb
Taille nettoyée (R1)	180,342,072 pb	GC %	d	31.42 %
Taille nettoyée (R2)	176,648,828 pb	Nombre de CDS	d	1,721



Rapport généré par le Centre National de Référence des Campylobacters & Hélicobacters à Bordeaux le 24/01/2024 à 16:26:14