

Centre National de Référence des Campylobacters
et Hélicobacters
CHU de Bordeaux

**Bilan de la mise en place par NGS de l'étude du résistome et de
l'épidémiologie des infections à Campylobacters en France**

Quentin Jehanne et Philippe Lehours



Analyses de routine sur les Campylobacters au CNRCH jusqu'à fin 2023



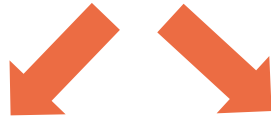
Milieu de transport



Culture



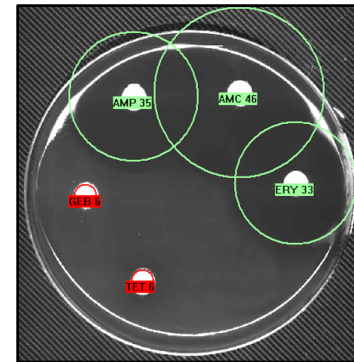
Congélation -80°C



MALDI-TOF MS
(Bruker Daltonics)



ATB^{ame} (diffusion en disque, Etest)



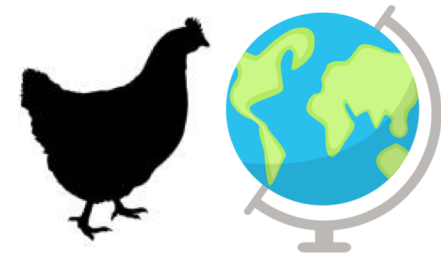
Limites rencontrées



Espèce non identifiée
par MALDI-TOF?



Mécanismes de
résistance?



Provenance des
souches (sources?)

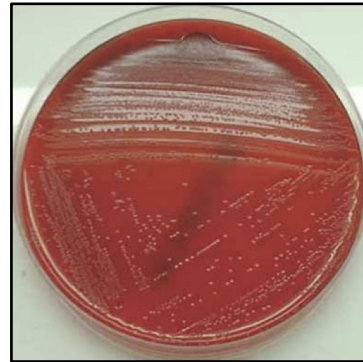
Analyses de routine sur les Campylobacters au CNRCH depuis janvier 2024



Milieu de transport

Pas d'ATBme
réalisé

Fiche CNR



Culture

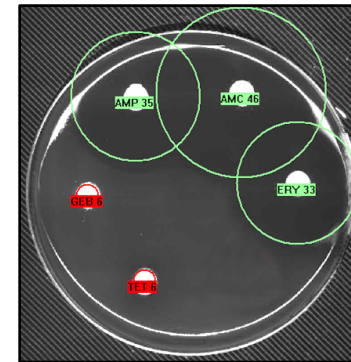
Congélation -80°C



MALDI-TOF MS
(Bruker Daltonics)



ATB^{ame} (diffusion en disque, Etest)



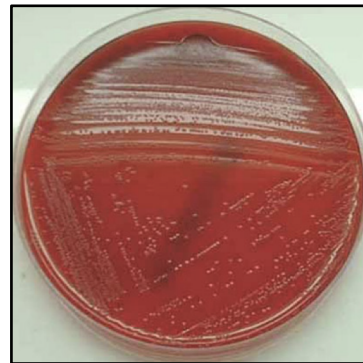
Analyses de routine sur les Campylobacters au CNRCH depuis janvier 2024



Milieu de transport

ATBme
réalisé

Fiche CNR



Culture

Congélation -80°C



MALDI-TOF MS
(Bruker Daltonics)

NGS (Novaseq 6000)

- plateforme NGS au CHU Henri Mondor (APHP, Créteil)
- deux envois de suspensions/semaine



En pratique

- Sur budget du CNR
 - › non facturé

- Délai de rendu de résultat
 - › 18 jours environ
 - › + 7 jours si nécessité de confirmer des discordances phénotype/résistome

- EEQ depuis organisé par l'ECDC pour les pipelines bioinformatiques

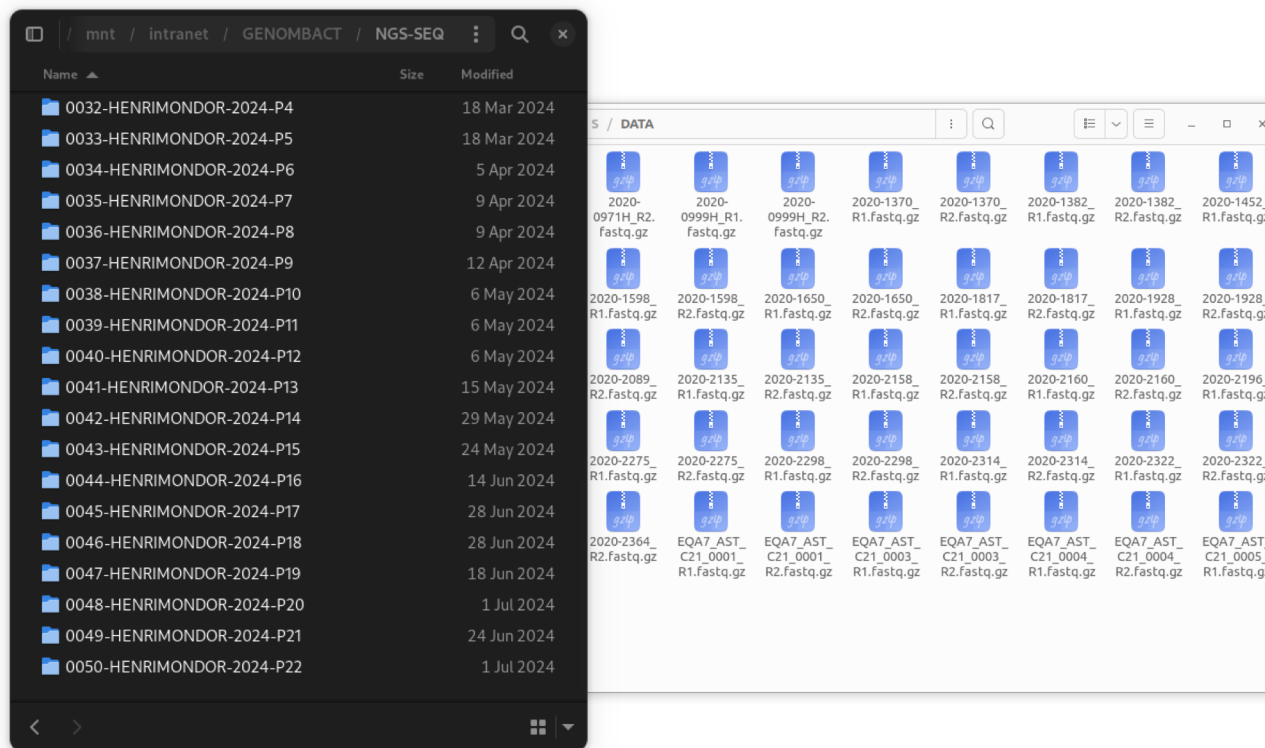
- Résultat validé disponible sous format mail sécurisé (mmsanté, apycrypt)



Les analyses bio-informatiques en détails

Données du CHU Henri Mondor reçues et traitées automatiquement

- Envoi des données brutes de séquençage par un système de transfert sécurisé (SFTP) entre l'APHP et le CHU de Bordeaux.

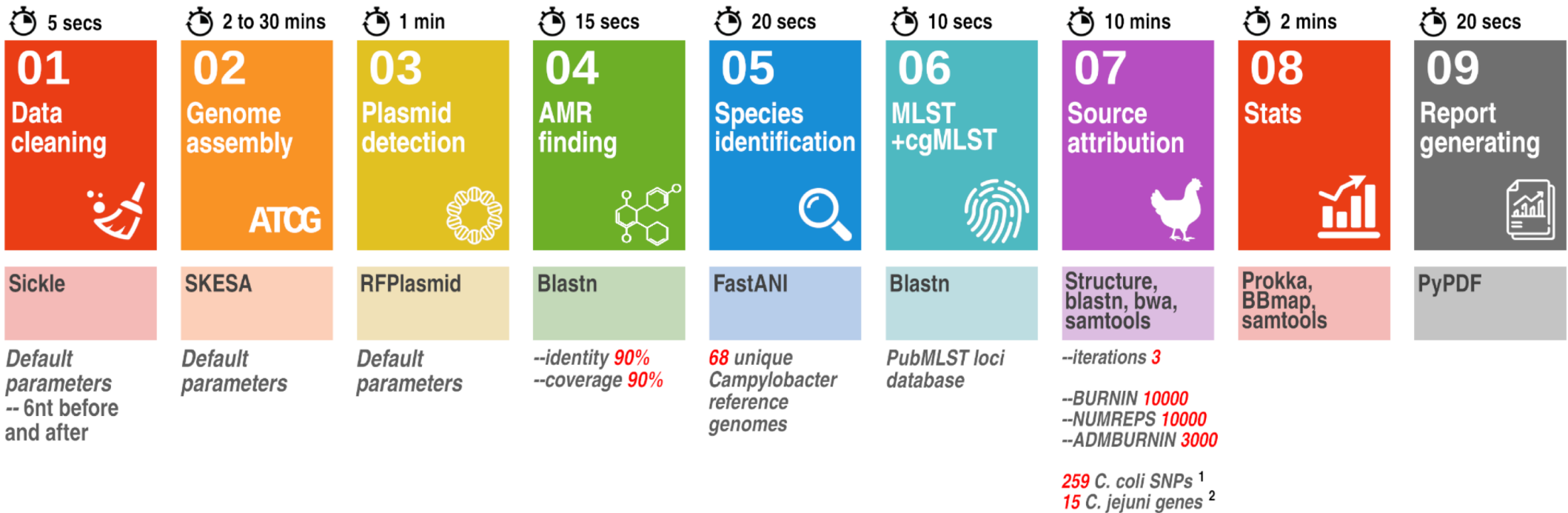


Pipeline d'analyses bio-informatiques

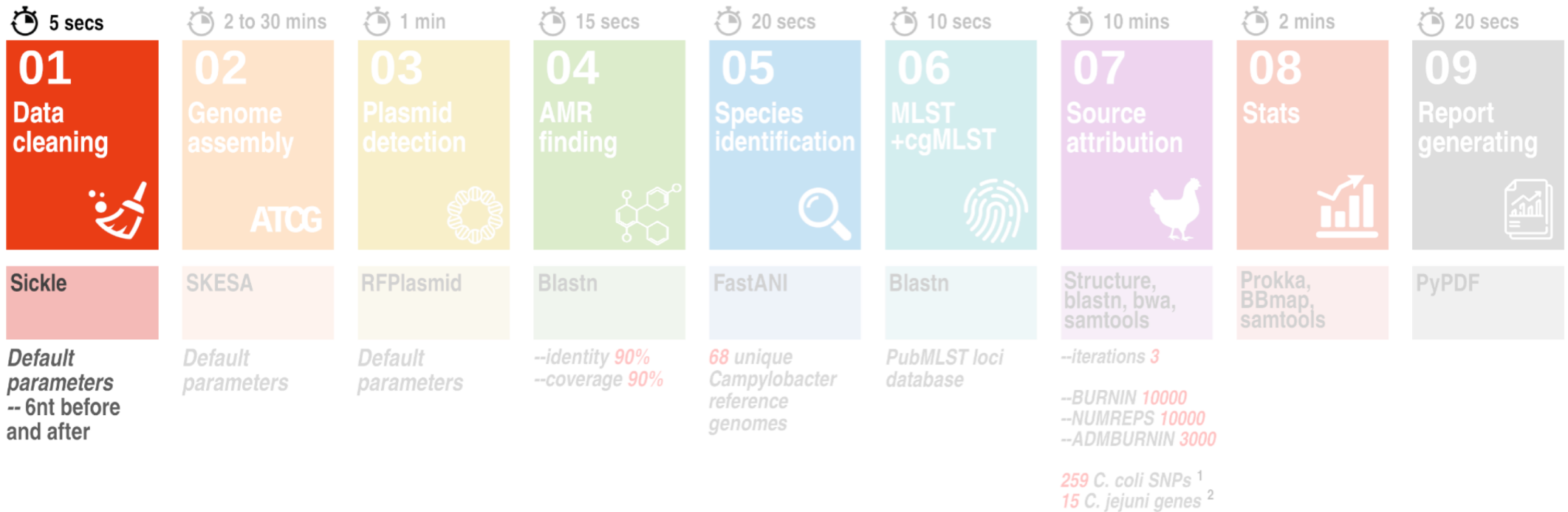
- Développée avec Python et Bash.
- Utilisable sous le système d'exploitation Linux.
- Se lance toutes les nuits si des séquences sont disponibles.

```
1 #!/bin/bash
2
3 basedirectory=${dirname "$0"}
4 source $basedirectory/"ini-file-parser.sh
5 process_ini_file $basedirectory"/parameters.conf"
6
7 VER_BG="\033[43m"
8 BLU_BG="\033[44m"
9 PRP_BG="\033[45m"
10 NC="\033[0m"
11
12 inputDirectory=$1
13 saveDirectory=$2
14 dataFile=$3
15
16 if [[ "$inputDirectory" == "" ]]
17 then
18     inputDirectory=$basedirectory
19 fi
20
21 if [[ "$saveDirectory" == "" ]]
22 then
23     saveDirectory=$basedirectory
24 fi
25
26 if [[ "$dataFile" == "" ]]
27 then
28     dataFile=$paths
29 fi
30
31 outputDirectory=$basedirectory
32 rm -rf $outputDirectory
33 mkdir $outputDirectory
34
35 pythonScripts=$basedirectory
36 py_rename=$pythonScripts/py_rename.py
37 py_fastaFilter=$pythonScripts/py_fastaFilter.py
38 py_resFinder=$pythonScripts/py_resFinder.py
39 py_mlst=$pythonScripts/py_mlst.py
40 py_cgmlst=$pythonScripts/py_cgmlst.py
41 py_sourceAttribution=$pythonScripts/py_sourceAttribution.py
42 py_statistics=$pythonScripts/py_statistics.py
43 py_report=$pythonScripts/py_report.py
44 logsPrep=$saveDirectory/logsPrep.sh
45
46 if [[ "$steps_ftp_download" == "yes" ]]
47 then
48     echo "date +%D"
49     ./ftp_download_files.sh >> $logsPrep 2>&1
50 fi
51
52 if [[ "$steps_rename_dl" == "yes" ]]
53 then
54     python3 $py_rename $inputDirectory $paths_information_file >> $logsPrep 2>&1
55 fi
56
57 if [ ! -d $inputDirectory ]
58 then
59     echo "Input directory $1 does not exists." >> $logsPrep 2>&1
60     exit 9999
61 fi
62
63 glns_folder=$basedirectory
64 ariba=$glns_folder/ariba
65 sickle=$glns_folder/sickle
66 spades=$glns_folder/spades
67 skesa=$glns_folder/skesa
68 rfplasmid=$glns_folder/rfplasmid
69 blastn=$glns_folder/blastn
70 blastx=$glns_folder/blastx
71
72 /mnt/intranet/GLIMSRES/
73 ariba
74 /home/qjehanne/pipeline/tools/sickle/sickle
75 /home/qjehanne/pipeline/tools/SPAdes-3.15.5/spades.py
76 /home/qjehanne/pipeline/tools/SKESA/skesa
77 /home/qjehanne/pipeline/tools/RFPPlasmid/rfpplasmid.py
78 blastn
79 blastx
80
81
82
83
84
85
86
87
88
89
90
91
92
93
94
95
96
97
98
99
100
101
102
103
104
105
106
107
108
109
110
111
112
113
114
115
116
117
118
119
120
121
122
123
124
125
126
127
128
129
130
131
132
133
134
135
136
137
138
139
140
141
142
143
144
145
146
147
148
149
150
151
152
153
154
155
156
157
158
159
160
161
162
163
164
165
166
167
168
169
170
171
172
173
174
175
176
177
178
179
180
181
182
183
184
185
186
187
188
189
190
191
192
193
194
195
196
197
198
199
200
201
202
203
204
205
206
207
208
209
210
211
212
213
214
215
216
217
218
219
220
221
222
223
224
225
226
227
228
229
230
231
232
233
234
235
236
237
238
239
240
241
242
243
244
245
246
247
248
249
250
251
252
253
254
255
256
257
258
259
260
261
262
263
264
265
266
267
268
269
270
271
272
273
274
275
276
277
278
279
280
281
282
283
284
285
286
287
288
289
290
291
292
293
294
295
296
297
298
299
300
301
302
303
304
305
306
307
308
309
310
311
312
313
314
315
316
317
318
319
320
321
322
323
324
325
326
327
328
329
330
331
332
333
334
335
336
337
338
339
340
341
342
343
344
345
346
347
348
349
350
351
352
353
354
355
356
357
358
359
360
361
362
363
364
365
366
367
368
369
370
371
372
373
374
375
376
377
378
379
380
381
382
383
384
385
386
387
388
389
390
391
392
393
394
395
396
397
398
399
400
401
402
403
404
405
406
407
408
409
410
411
412
413
414
415
416
417
418
419
420
421
422
423
424
425
426
427
428
429
430
431
432
433
434
435
436
437
438
439
440
441
442
443
444
445
446
447
448
449
450
451
452
453
454
455
456
457
458
459
460
461
462
463
464
465
466
467
468
469
470
471
472
473
474
475
476
477
478
479
480
481
482
483
484
485
486
487
488
489
490
491
492
493
494
495
496
497
498
499
500
501
502
503
504
505
506
507
508
509
510
511
512
513
514
515
516
517
518
519
520
521
522
523
524
525
526
527
528
529
530
531
532
533
534
535
536
537
538
539
540
541
542
543
544
545
546
547
548
549
550
551
552
553
554
555
556
557
558
559
560
561
562
563
564
565
566
567
568
569
570
571
572
573
574
575
576
577
578
579
580
581
582
583
584
585
586
587
588
589
590
591
592
593
594
595
596
597
598
599
600
601
602
603
604
605
606
607
608
609
610
611
612
613
614
615
616
617
618
619
620
621
622
623
624
625
626
627
628
629
630
631
632
633
634
635
636
637
638
639
640
641
642
643
644
645
646
647
648
649
650
651
652
653
654
655
656
657
658
659
660
661
662
663
664
665
666
667
668
669
670
671
672
673
674
675
676
677
678
679
680
681
682
683
684
685
686
687
688
689
690
691
692
693
694
695
696
697
698
699
700
701
702
703
704
705
706
707
708
709
710
711
712
713
714
715
716
717
718
719
720
721
722
723
724
725
726
727
728
729
730
731
732
733
734
735
736
737
738
739
740
741
742
743
744
745
746
747
748
749
750
751
752
753
754
755
756
757
758
759
760
761
762
763
764
765
766
767
768
769
770
771
772
773
774
775
776
777
778
779
780
781
782
783
784
785
786
787
788
789
790
791
792
793
794
795
796
797
798
799
800
801
802
803
804
805
806
807
808
809
810
811
812
813
814
815
816
817
818
819
820
821
822
823
824
825
826
827
828
829
830
831
832
833
834
835
836
837
838
839
840
841
842
843
844
845
846
847
848
849
850
851
852
853
854
855
856
857
858
859
860
861
862
863
864
865
866
867
868
869
870
871
872
873
874
875
876
877
878
879
880
881
882
883
884
885
886
887
888
889
890
891
892
893
894
895
896
897
898
899
900
901
902
903
904
905
906
907
908
909
910
911
912
913
914
915
916
917
918
919
920
921
922
923
924
925
926
927
928
929
930
931
932
933
934
935
936
937
938
939
940
941
942
943
944
945
946
947
948
949
950
951
952
953
954
955
956
957
958
959
960
961
962
963
964
965
966
967
968
969
970
971
972
973
974
975
976
977
978
979
980
981
982
983
984
985
986
987
988
989
990
991
992
993
994
995
996
997
998
999
1000
```

Pipeline d'analyses bio-informatiques

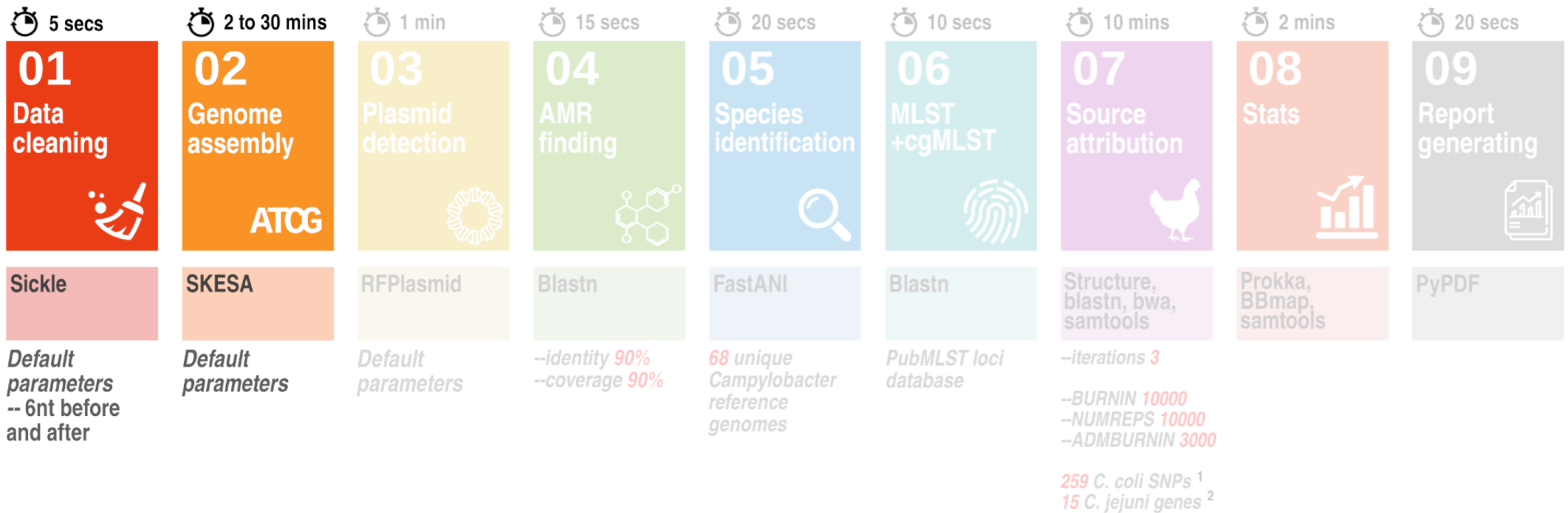


Pipeline d'analyses bio-informatiques



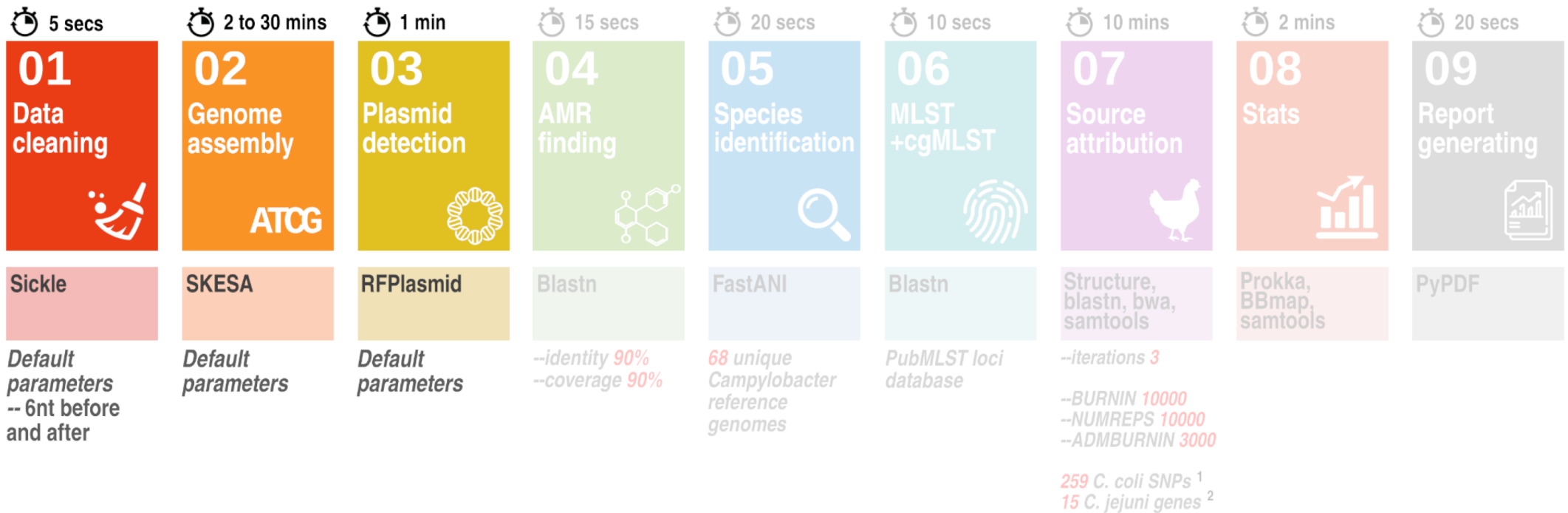
→ Suppression des séquences de mauvaise qualité.

Pipeline d'analyses bio-informatiques



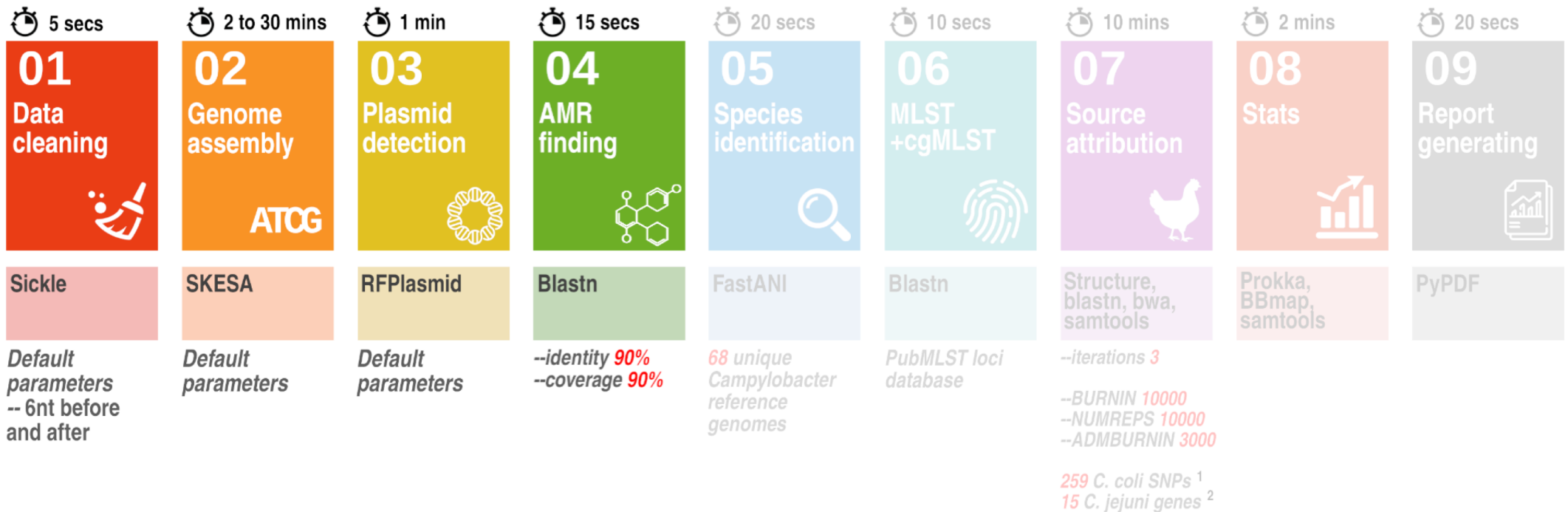
→ Génération du génome de la souche par assemblage.

Pipeline d'analyses bio-informatiques



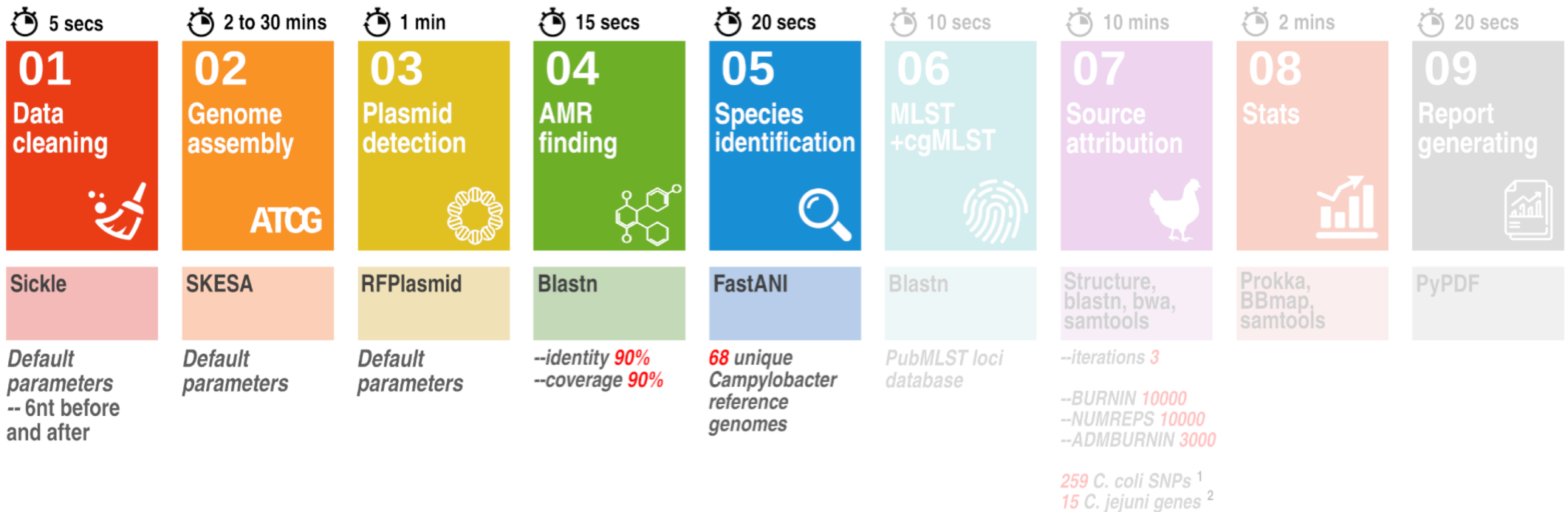
→ Détection des plasmides.

Pipeline d'analyses bio-informatiques



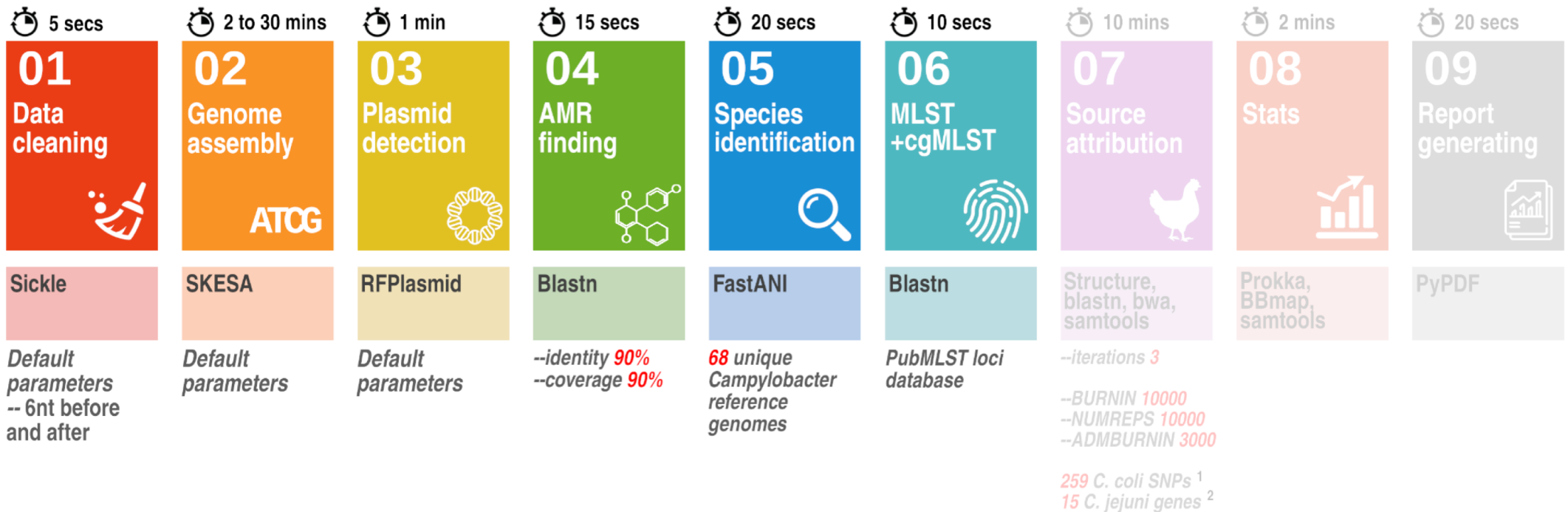
→ Détection de la résistance aux antibiotiques à partir de plusieurs bases de données de mutations et de gènes (NCBI, ResFinder, CARD, CNRCH, ...).

Pipeline d'analyses bio-informatiques



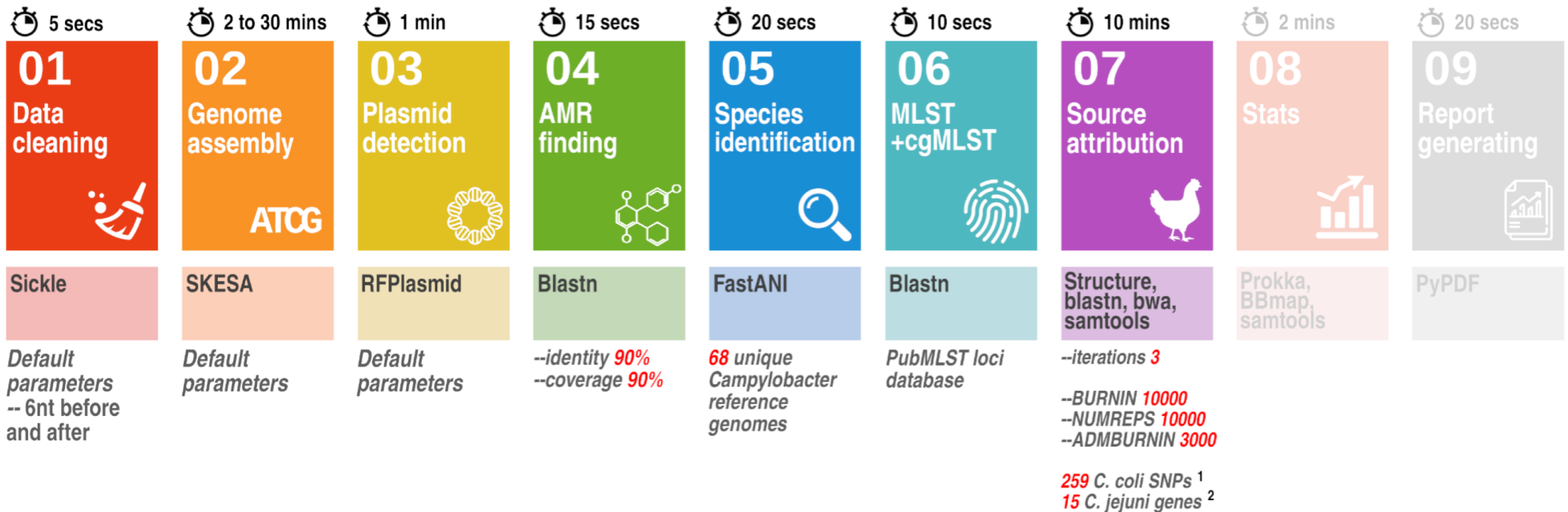
→ L'espèce est identifiée en comparant le génome à 129 références de *Campylobacter*, *Helicobacter* et *Aliarcobacter*.

Pipeline d'analyses bio-informatiques



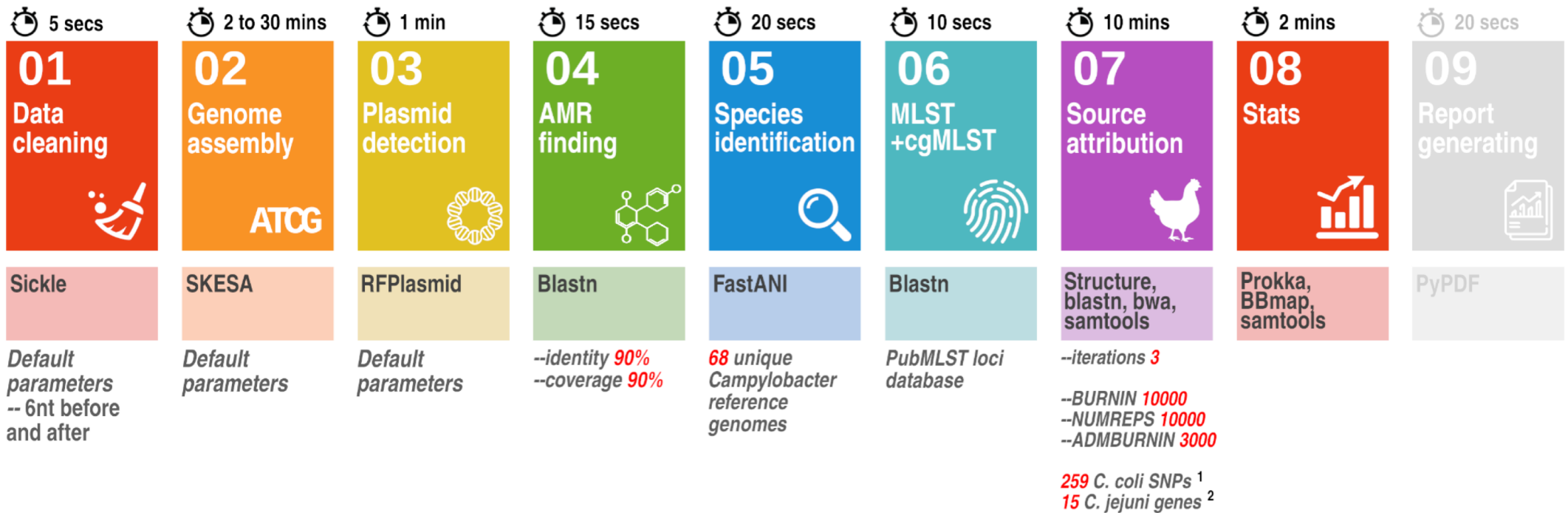
- Typage moléculaire de la souche par la méthode MLST (Dingle *et al.* 2001).
- Utilisation de la base de données PubMLST pour la MLST et le cgMLST.

Pipeline d'analyses bio-informatiques



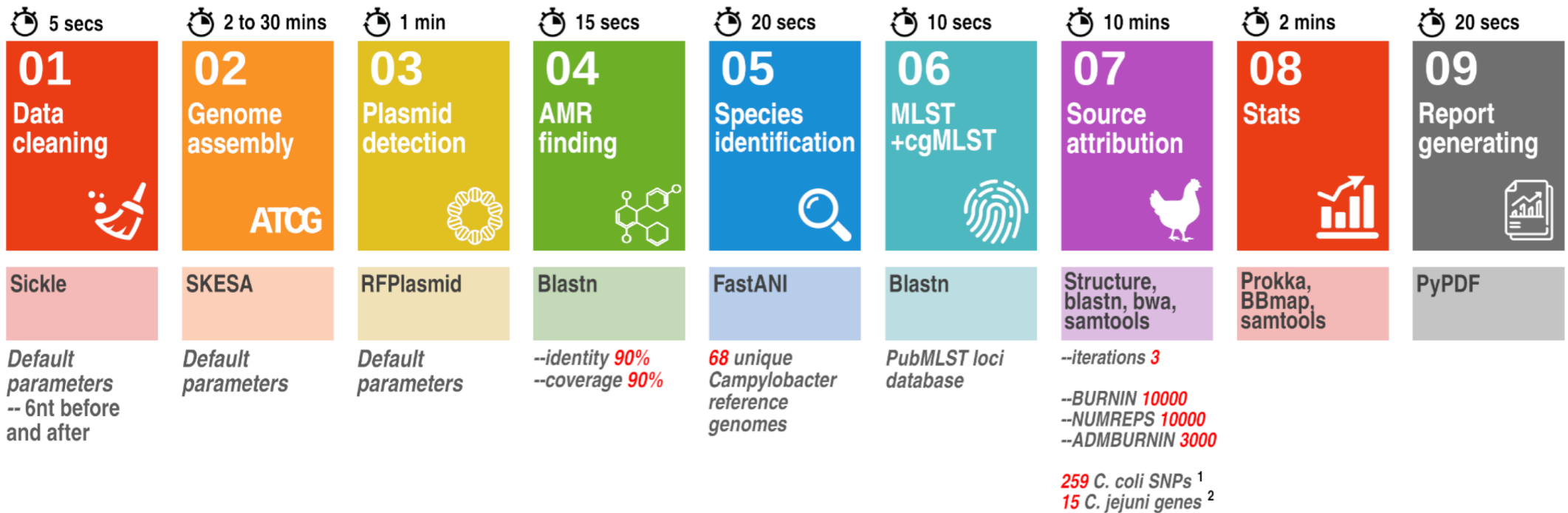
- La source potentielle de contamination est estimée à partir des données publiées par le CNRCH, en collaboration avec l'Université de Bath. ¹Thépault et al. 2017 (*C. jejuni*), ²Jehanne et al. 2020 (*C. coli*).

Pipeline d'analyses bio-informatiques



→ Détermination de la taille du génome, du nombre de CDS, du GC% et de la couverture.

Pipeline d'analyses bio-informatiques



→ Les résultats sont condensés dans un document .pdf.


Rapport en .pdf contenant les informations essentielles








**CENTRE
HOSPITALIER
UNIVERSITAIRE
BORDEAUX**

Centre National de Référence des Campylobacters & Helicobacters
Laboratoire de Bactériologie
CHU Pellegrin
Place Amélie Raba Léon
33079 Bordeaux cedex
Tél: +33 (0)5 58 79 59 77
Fax: +33 (0)5 57 82 19 77

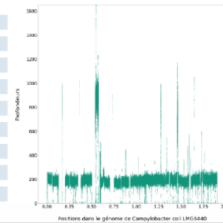


| Informations patient | | Informations sur le séquençage | |
|----------------------|------------|--------------------------------|--|
| Nom | ██████████ | Numéro de l'échantillon |  231083491601 |
| Prénom | ██████████ | | Nom du run 0025-INTEGRAGEN-2023-P2 |
| Date de naissance | 09/11/1980 | | Génome n° 01560 |
| Age | 42 | Date de prélèvement | 18/08/2023 |
| Sexe | Féminin | Nature | Selles |
| | | | 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 | Source de contamination potentielle |
| CAMPYLOBACTER COLI LMG6440 | Sequence type (ST) 828 | VOLAILLE |
| | Core genome ST (cgST) INCONNU (31.348%) | |
| Score ANI (significativité ≥ 95%) | aspA ; glnA ; gItA ; gIyA ; pgm ; tkt ; uncA 33 ; 39 ; 30 ; 82 ; 104 ; 43 ; 17 | Score d'attribution (significativité ≥ 70%) |
| 98.924 % | | 100.0 % |

| Détermination moléculaire de la résistance aux antibiotiques | | | |
|---|---|--|--|
|  GyrA T86I Contig 1 - 99.9% IDT - 98.1% COV Positions [219096 ; 221612] |  ANT(9)-ic-aad9 Contig 16 - 99.9% IDT - 100.0% COV Positions [5880 ; 6656] | | |
|  erm(B)12 U18931.2 Contig 16 - 100.0% IDT - 100.0% COV Positions [3450 ; 4187] | | | |
|  tetO (TRONQUE) - Tetracycline Contig 29 - 99.9% IDT - 42.1% COV Positions [1 ; 809] | | | |
|  ANT(8)-faadE 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 |
| Reads nettoyés (R1) | 1,221,639 | Taille du génome assemblé | 1,687,533 pb |
| Reads nettoyés (R2) | 1,221,639 | Nombre total de contigs | 33 |
| Taille nettoyée (R1) | 180,342,072 pb | Taille moyenne des contigs | 51,137 pb |
| Taille nettoyée (R2) | 176,648,828 pb | GC % | 31.42 % |
| | | Nombre de CDS | 1,721 |




Données patient et run de séquençage

| Informations patient | | | | Informations sur le séquençage | |
|----------------------|------------|---------------------|---|--------------------------------|-------------------------|
| Nom | ██████████ | Numéro |  231083491601 | Nom du run | 0025-INTEGRAGEN-2023-P2 |
| Prénom | ██████████ | de l'échantillon | | Génome n° | 01560 |
| Date de naissance | 09/11/1980 | Date de prélèvement | 18/08/2023 | Projet | CAMPYLOBACTERS ERY-R |
| Age | 42 | Nature | Selles | Mois | NOVEMBRE |
| Sexe | Féminin | | | Année | 2023 |

| Identification de l'espèce, typage moléculaire et attribution de la source de contamination | | |
|---|-----------------------------------|-----------------------------------|
| Espèce identifiée par ANI (référence) | | contamination potentielle |
| CAMPYLOBACTER COLI LMG6440 | | |
| Score ANI (significativité ≥ 95%) | | tribution (significativité ≥ 70%) |
| 98.924 % | 33 ; 39 ; 30 ; 82 ; 104 ; 43 ; 17 | 100.0 % |

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**.

Identification, MLST et attribution de source

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

| | | | |
|---------------------------------------|---|-----------------------------------|---|
| Espèce identifiée par ANI (référence) | Complexe clonal (CC) | 828 | Source de contamination potentielle |
| CAMPYLOBACTER COLI CCUG 11283 | Sequence type (ST) | 899 | VOLAILLE |
| Score ANI (significativité ≥ 95%) | Core genome ST (cgST) | INCONNU (49.367%) | Score d'attribution (significativité ≥ 70%) |
| 98.811 % | <i>aspA ; glnA ; gltA ; glyA ; pgm ; tkt ; unca</i> | 33 ; 39 ; 30 ; 82 ; 113 ; 35 ; 17 | 100.0 % |

Principaux marqueurs de résistance

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] | | | | |

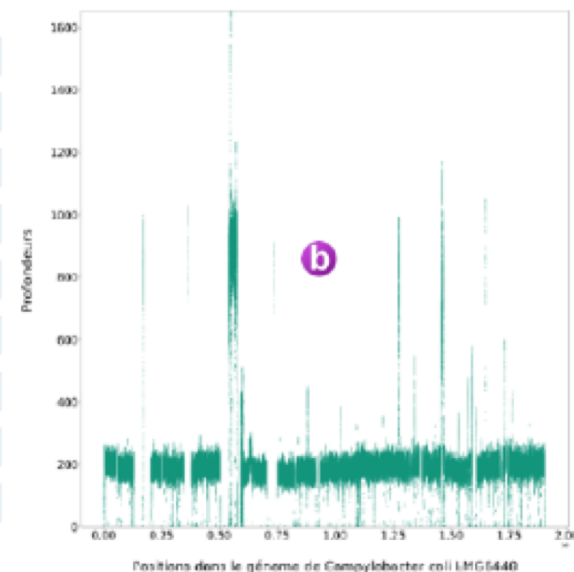
AMP=Ampicilline; **CIP**=Ciprofloxacine; **LEV**=Lévofoxacine; **ERY**=Erythromycine;
TET=Tétracycline; **GEN**=Gentamicine; **AMC**=Amoxicilline-Acide Clavulanique;
CLA=Clarithromycine; **AMX**=Amoxicilline; **STR**=Streptomycine; **KAN**=Kanamycine;
SPC=Spectinomycine; **CAP**=Chloramphenicol; **MET**=Métronidazole;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

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

Informations sur la qualité de séquençage

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 |
| Reads nettoyés (R1) | 1,221,639 | Taille du génome assemblé | 1,687,533 pb |
| Reads nettoyés (R2) | 1,221,639 | Nombre total de contigs | 33 |
| Taille nettoyée (R1) | 180,342,072 pb | Taille moyenne des contigs | 51,137 pb |
| Taille nettoyée (R2) | 176,648,828 pb | GC % | 31.42 % |
| | | Nombre de CDS | 1,721 |



- 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.

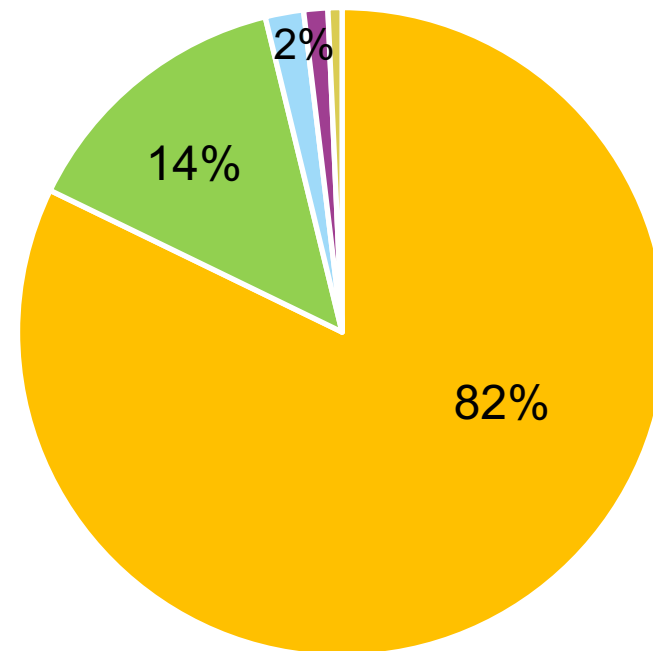


Bilan de février à juillet 2024



Bilan février - fin juillet 2024

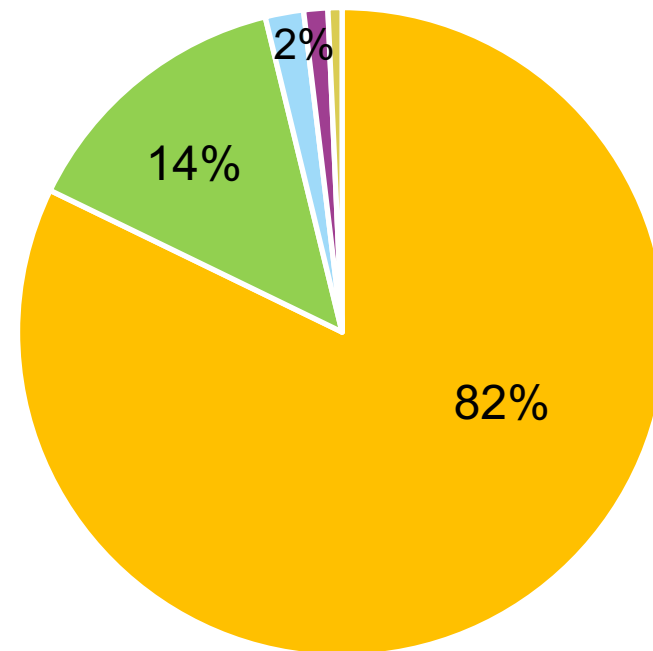
- Nombre de génomes séquencés
 - › 1310 génomes soit 218/mois
- Données épidémiologiques
 - › 758 hommes, 553 femmes : sex ratio = 1,4
 - › 1248 selles (95,3%), 54 hémocultures (4,1%)



■ *C. jejuni* ■ *C. coli* ■ *C. fetus*
■ *A. butzleri* ■ Autres

Bilan février - fin juillet 2024

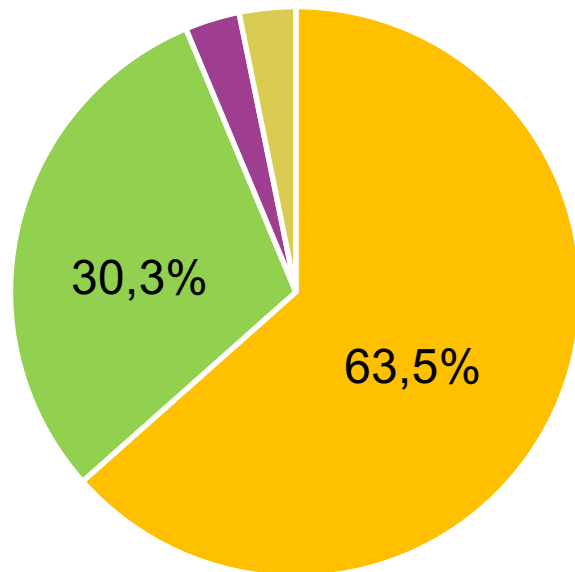
- Nombre de génomes séquencés
 - › 1310 génomes soit 218/mois
- Données épidémiologiques
 - › 758 hommes, 553 femmes : sex ratio = 1,4
 - › 1248 selles (95,3%), 54 hémocultures (4,1%)
- Concordance identification
 - › rares discordances : 23/1310 (1,8%)
 - › au genre (n=3, *A. butzleri*)
 - › à l'espèce (n=20)
 - › aucune discordance MALDI_CNRCH versus NGS



■ *C. jejuni* ■ *C. coli* ■ *C. fetus*
■ *A. butzleri* ■ Autres

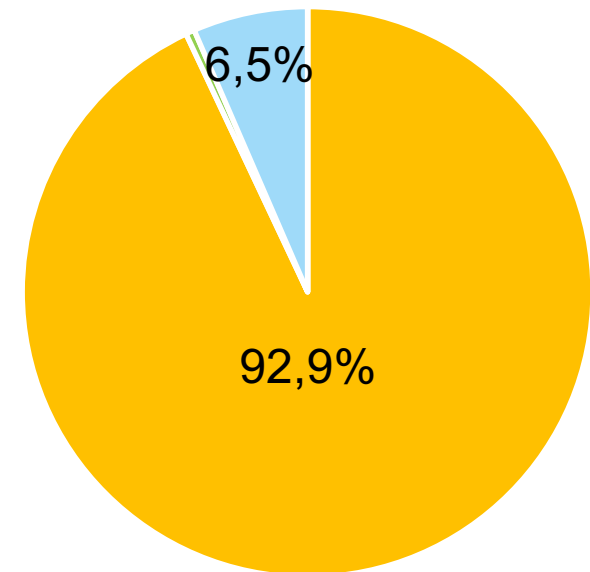
Attribution de sources par NGS

C. jejuni



- Poulet
- Ruminant
- Porc
- Environnement
- Non identifié

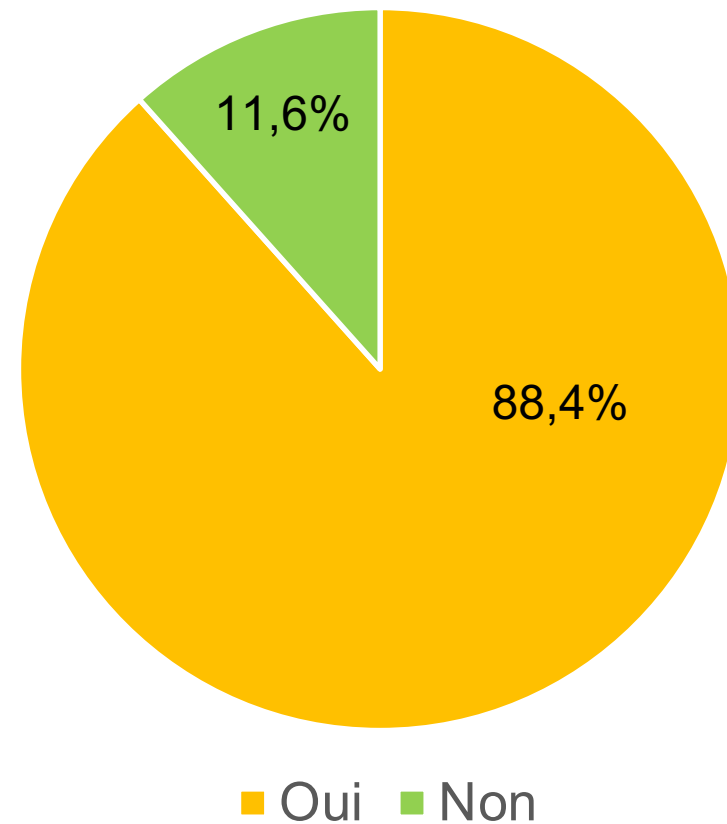
C. coli



- Poulet
- Ruminant
- Porc
- Environnement
- Non identifié

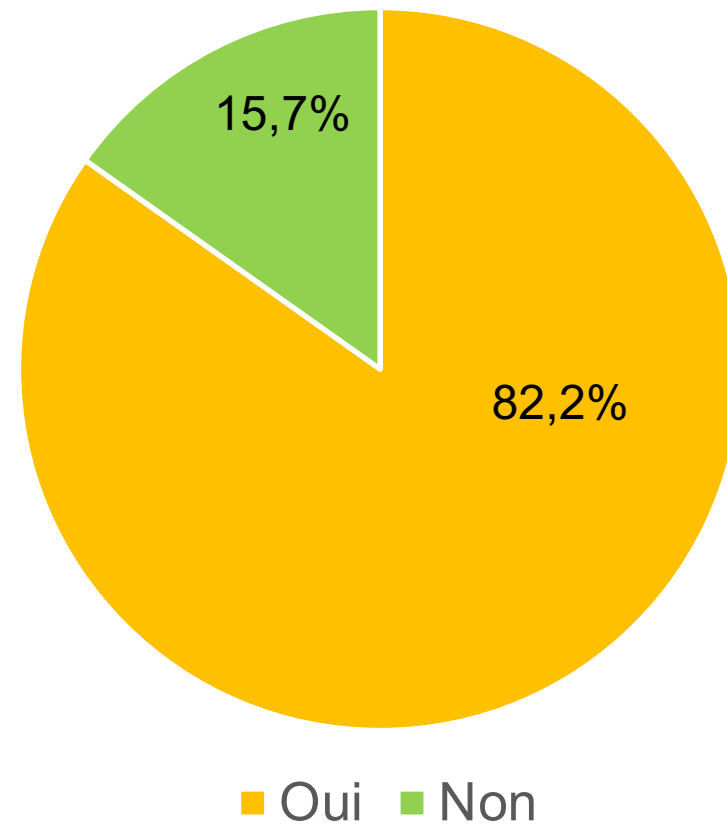
Concordance phénotype/résistome pour *C. jejuni*

- Excellents résultats
- Principales discordances
 - › ampicilline (42,4%)
 - › ciprofloxacine (27,2%)
 - › tétracycline (27,2%)



Concordance phénotype/résistome pour *C. coli*

- Excellents résultats
- Principales discordances
 - › ampicilline (34,5%)
 - › érythromycine (17,2%)
 - › tétracycline (13,8%)



Suivi des résistances par l'étude du résistome

| | <i>C. jejuni</i> (n=1076) | <i>C. coli</i> (n= 184) | Mécanismes principaux |
|----------------|------------------------------|----------------------------|------------------------|
| Ampicilline | 29,2% | 25,9% | prom. <i>blaOXA61</i> |
| Ciprofloxacine | 57,1% | 63,6% | <i>gyrA</i> (T86I) |
| Erythromycine | 0,74% | 12,5% | ADNr 23S + <i>ermN</i> |
| Tétracycline | 35,4% | 81,5% | <i>tet0</i> |
| Gentamicine | 0,28% | 2,2% | <i>aph2''</i> |
| Kanamycine | 1,3% | 5,4% | <i>aph3''-IIIa</i> |
| Streptomycine | 3,4% | 31,5% | <i>ant6, spw</i> |
| Spectinomycine | 0,28% | 3,3% | <i>ant9</i> |

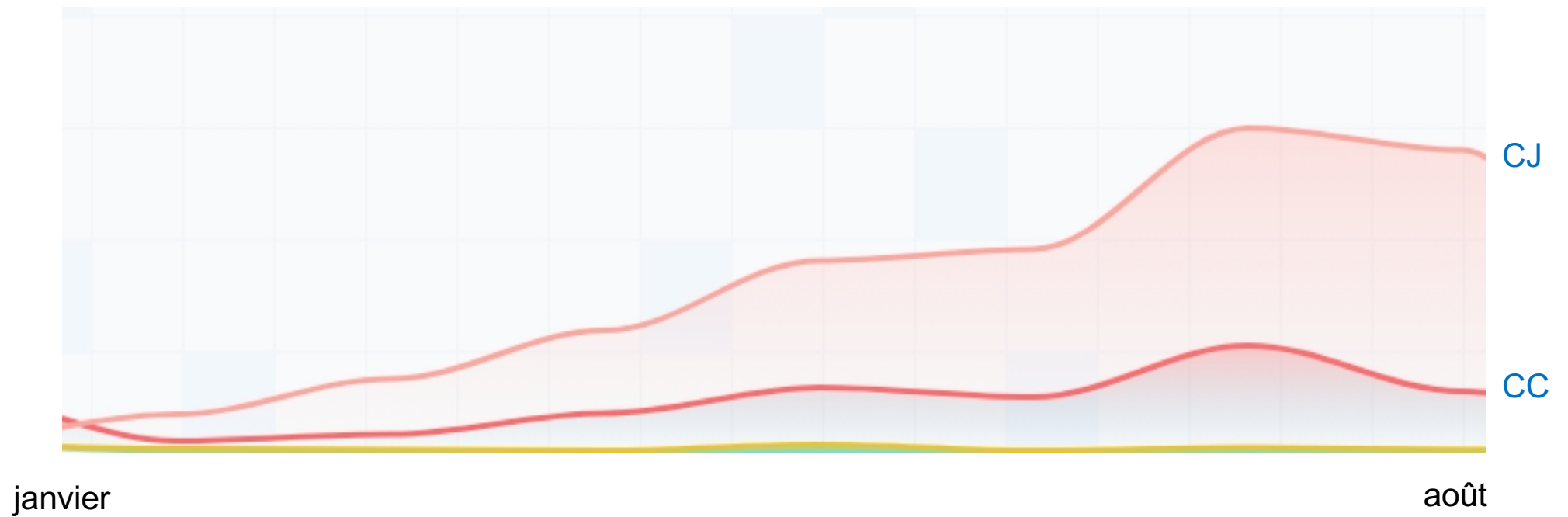
Suivi des résistances par l'étude du résistome-comparaison avec 2023

| | NGS-2024 | 2023 | NGS-2024 | 2023 |
|----------------|------------------------------|------------------------------|----------------------------|----------------------------|
| | <i>C. jejuni</i> (n=1076) | <i>C. jejuni</i> (n=6484) | <i>C. coli</i> (n= 184) | <i>C. coli</i> (n= 995) |
| Ampicilline | 29,2% | 34% | 25,9% | 28,4% |
| Ciprofloxacine | 57,1% | 64,8% | 63,6% | 66,2% |
| Erythromycine | 0,74% | 0,5% | 12,5% | 7,2% |
| Tétracycline | 35,4% | 44,1% | 81,5% | 78,9% |
| Gentamicine | 0,28% | 0,4% | 2,2% | 3% |



Bilan général au 18 septembre 2024

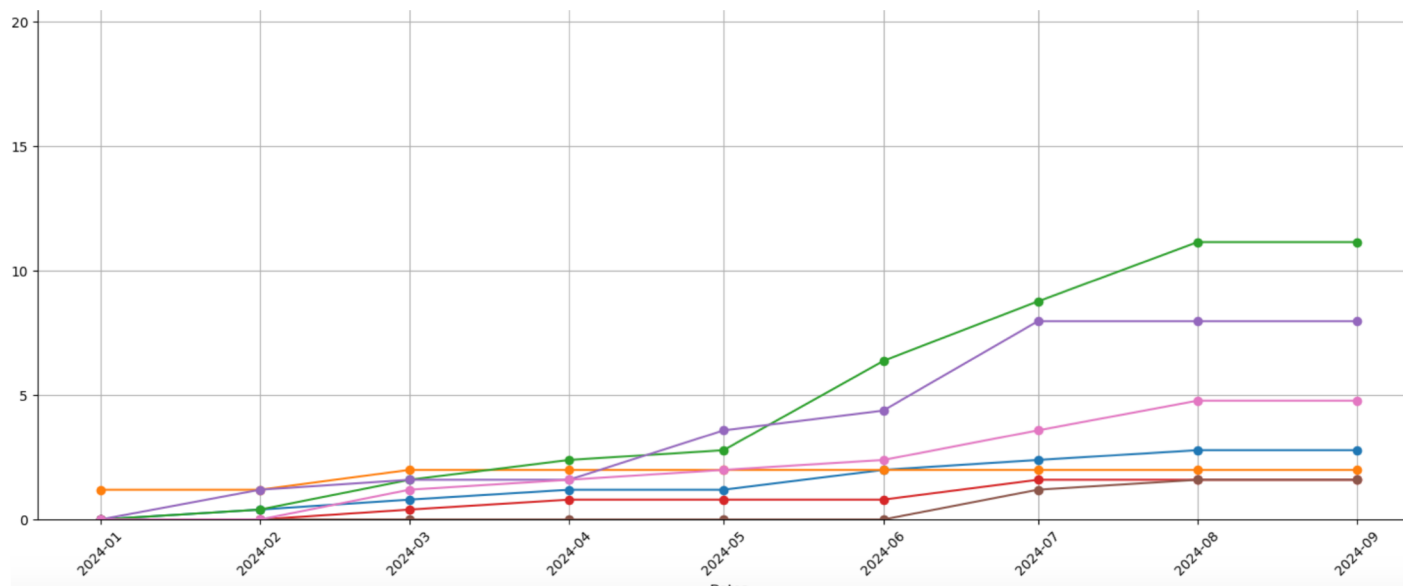
→ NGS sur 41% des souches reçues au CNR



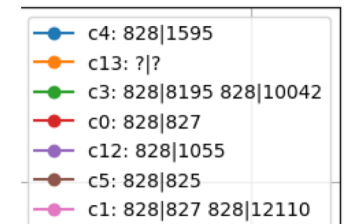
Suivi en France des clones circulants par core-genome MLST

→ Analyse du cgMLST

- › augmentation depuis juin d'un clone en France de *C. coli* : CC 828, ST 8195 (30 souches)



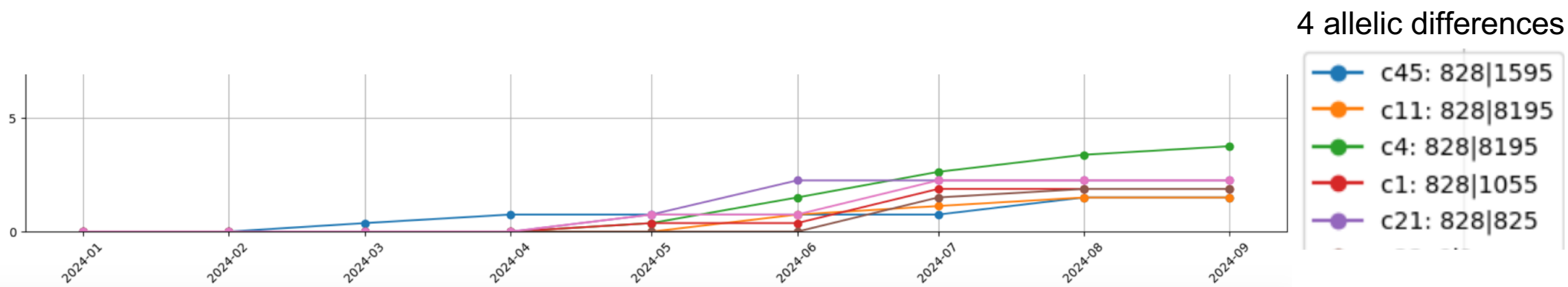
50 allelic differences



Suivi en France des clones circulants par core-genome MLST

→ Analyse du cgMLST

- › augmentation depuis juin d'un clone en France de *C. coli* : CC 828, ST 8195 (10 souches)



→ Possibilité de comparaison à des données européennes

- › alerte en août 2024 en Irlande non confirmée en France : *C. jejuni* CC 353-ST 8334

Conclusions

- Outils performants pour le suivi épidémiologique des souches de *Campylobacter*
 - identification de genre et espèce
 - attribution de source
 - classification MLST (ST, CC)
 - marqueurs génotypiques de résistance
 - typage de cas groupés d'infections

- Excellente concordance résistome/phénotype
 - suivi des nouveaux mécanismes de résistance (nouveau promoteur de la *blaOXA*)

- Comparatifs nationaux, internationaux et One Health

Merci pour vos envois de souches au CNRCH

Vous êtes formidables!



Merci pour votre attention !



Directeur : Philippe Lehours

Biologiste : Marine Jauvain

Ingénieurs : Lucie Bruhl-Bénéjat, Quentin Jehanne, Léo Gillet

Techniciennes : Astrid Ducournau, Johanna Aptel, Claudie Perreau, Marie Taymont

Secrétaire : Erick Keisler

