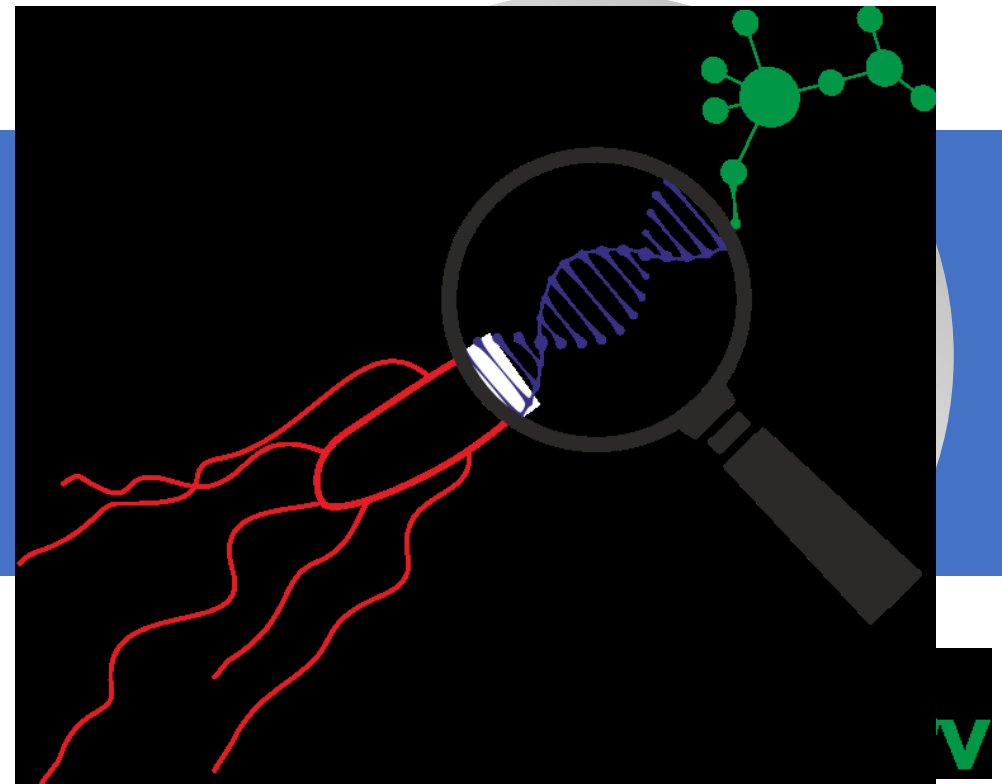


# GenoSalmSurv screencasts



# GenoSalmSurv screencasts

das Projekt

1

die Pipelines

AQUAMIS und die QC Entscheidung

Allele calling mit chewieSnake

Gemeinsame GenoSalmSurv Datenbank

Metachewiereport + Interpretation

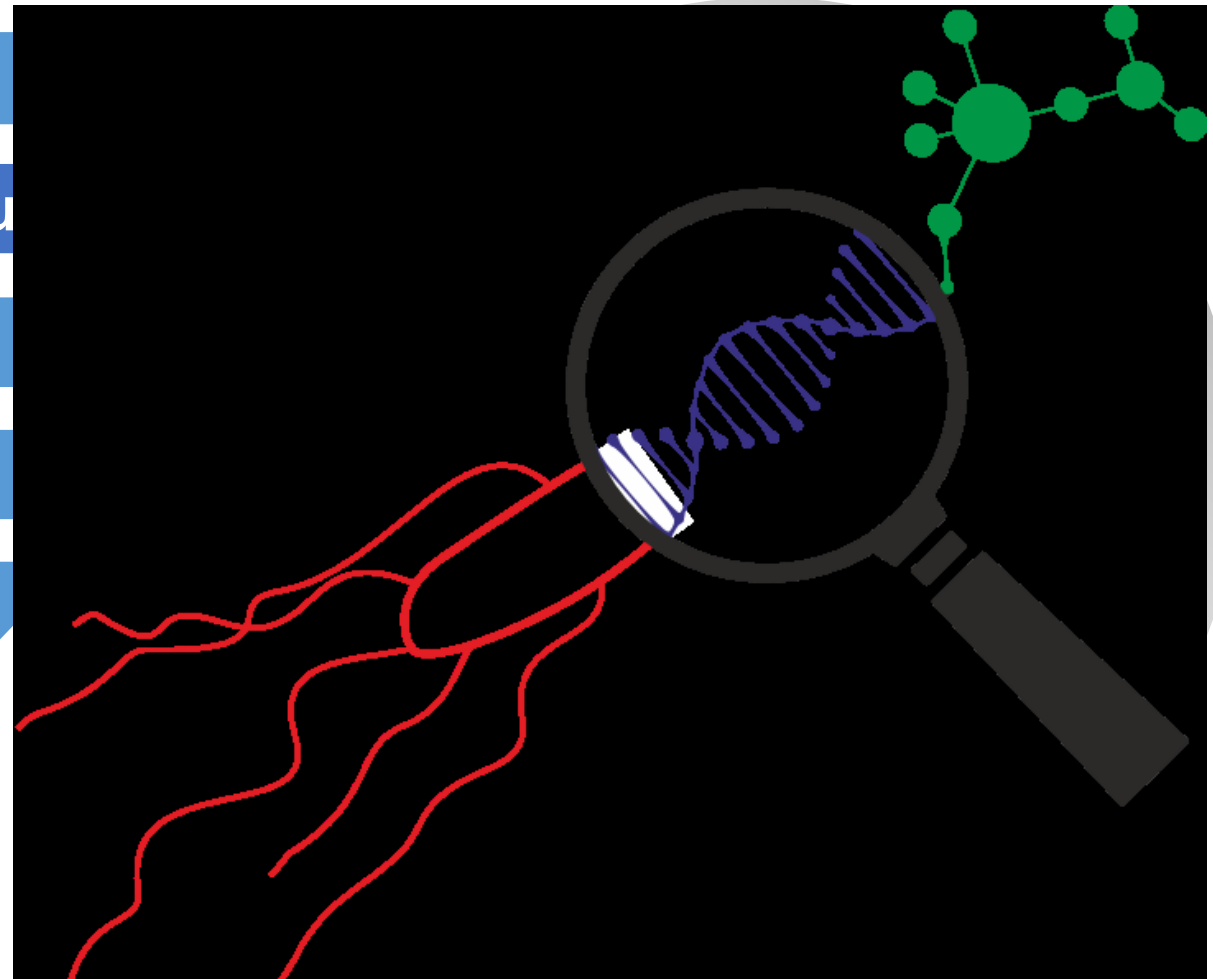
6

Demo einer Ausbruchsanalyse

7

Installationshilfe

8



### Qualitätskontrolle von mikrobiellen WGS Daten: Warum und Wie?

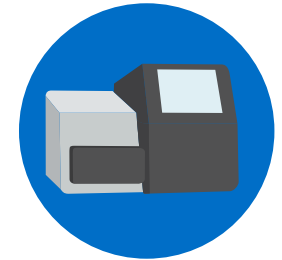
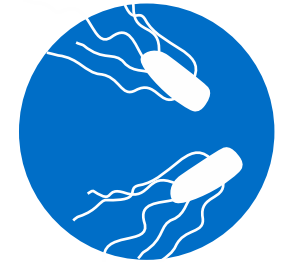
#### Was kann bei der Sequenzierung schiefgelaufen sein:

- Sequenzierungstiefe ist zu gering
- Mischprobe (z.B. kontaminierte Kultur, unsauberes Arbeiten bei der Library Prep)
- Carry-over Kontamination (Maschinenkontamination)
- Probenverwechslung / falsche Indexzuordnung

#### Wie kann ich Fehler erkennen?

z.B. mittels **AQUAMIS** Pipeline

= **A**ssembly-based **Q**uality **A**ssessment for **M**icrobial **I**solate **S**equencing



### AQUAMIS Module (Auswahl)

#### 1) fastp: Trimming/ Read QC

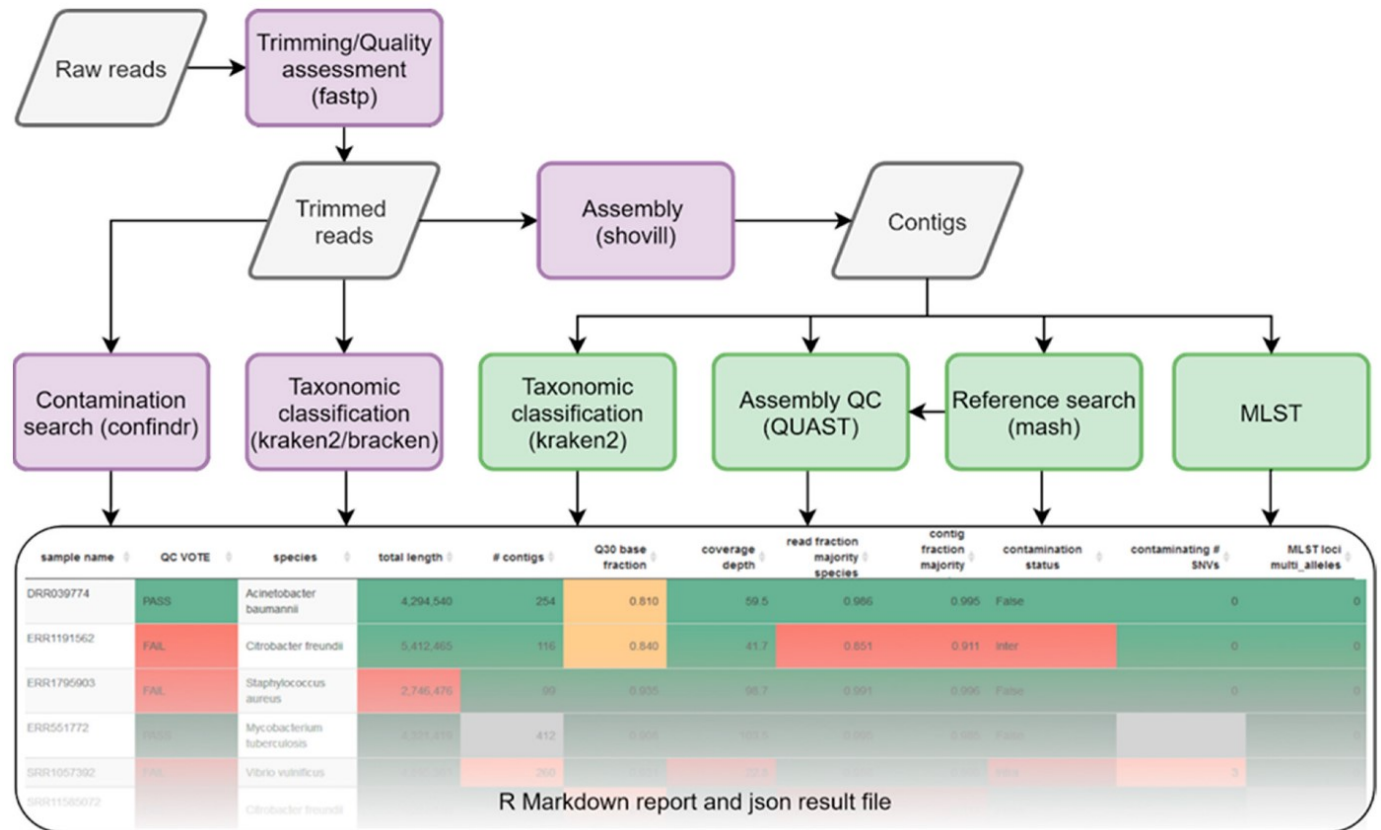
= Entfernung von Adapttern und Basen mit schlechter Qualität

#### 2) shovill: Assembly

= Zusammenbau der Reads zu Contigs

#### 3) Mash: Suche nach der nahsten Referenz

= Abgleich mit NCBI Referenzdatenbank



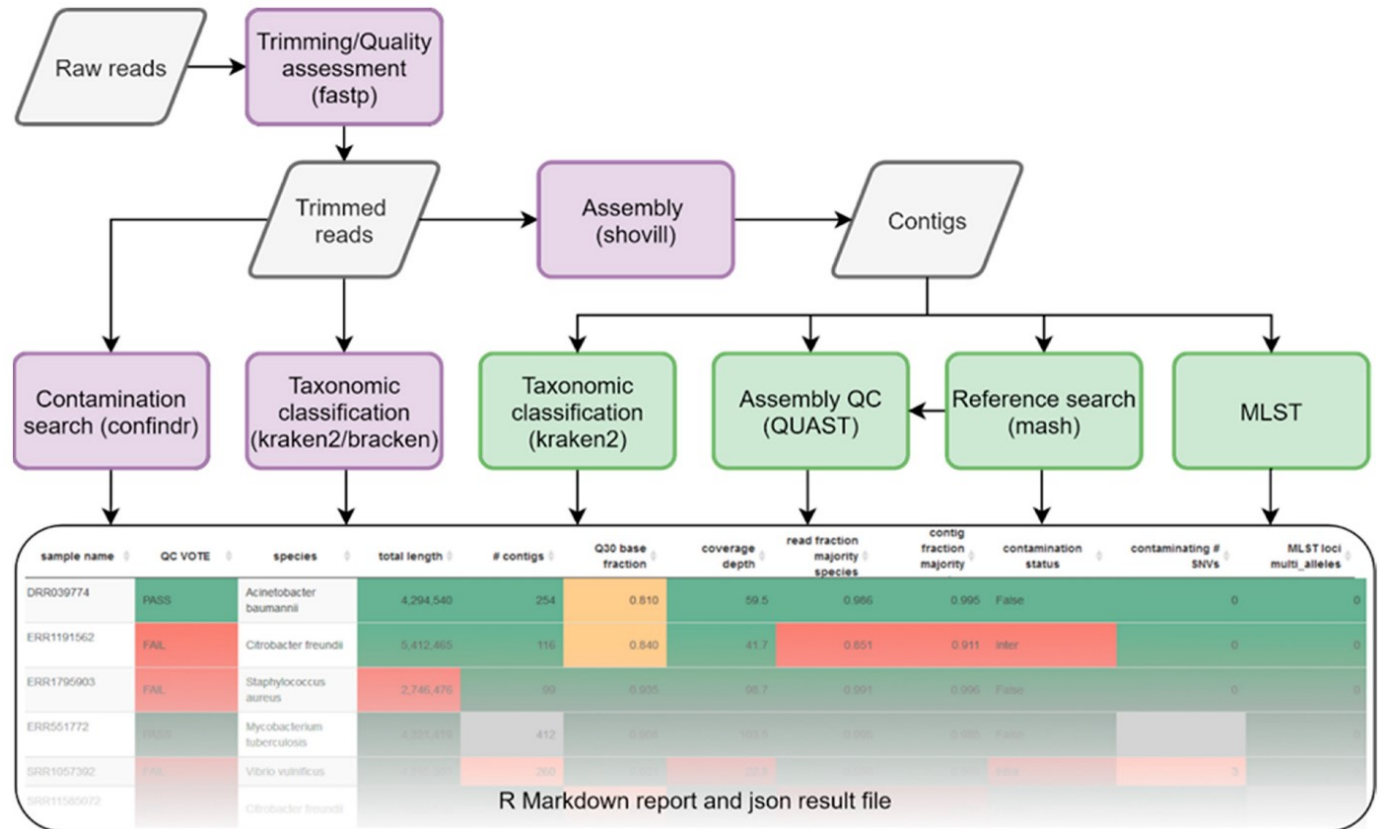
### AQUAMIS Module (Auswahl)

#### 4) Quast: Assembly QC

- = Gesamtlänge des Assemblies
- = Anzahl der Contigs/ Contig N50
- = Sequenzierungstiefe (Coverage)
- = Abdeckung des Referenzgenomes

#### 5) kraken2: Taxonomische Klassifizierung

- = Klassifizierung von Reads/Contigs
- = Klassifizierung auf Genus/Spezies Ebene



### AQUAMIS Module (Auswahl)

#### 6) confindr: Kontaminationsuche

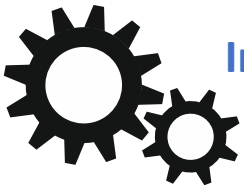
= Intergenuskontaminationen:

Mash-Referenzsuche findet verschiedene Genera

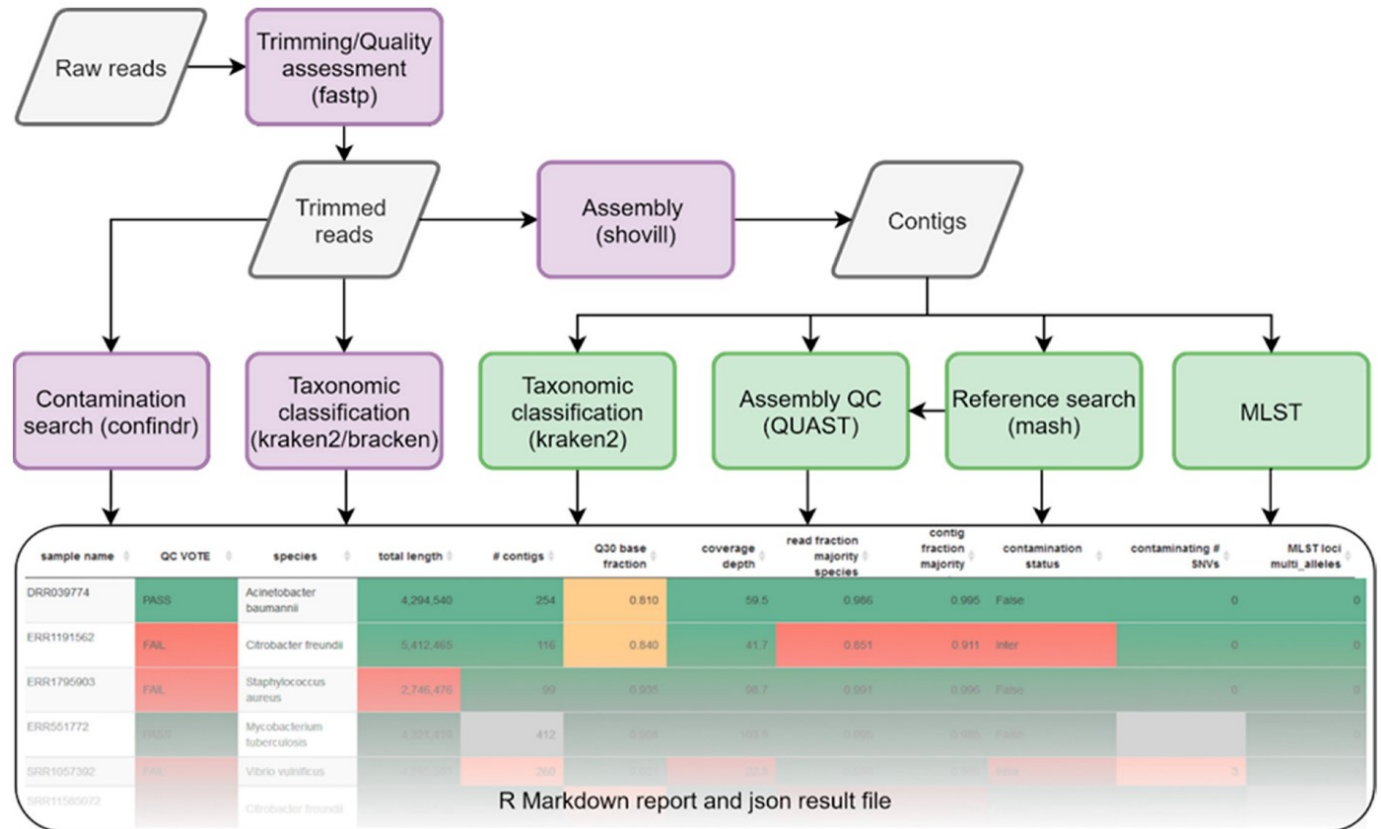
= Intra-genuskontaminationen:

Detektion von **contaminating Single Nucleotide Variants (cSNV)** in in rMLST-Genen/cgMLST Genen

#### 7) MLST Bestimmung



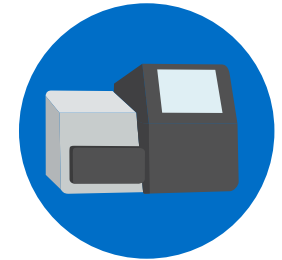
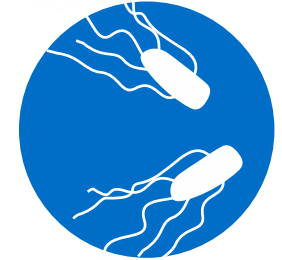
Interaktiver html Report





### Was kann bei der Sequenzierung schiefgelaufen sein und wie erkenne ich das im AQUAMIS Report:

- Sequenzierungstiefe ist zu gering  
→ FAIL Bewertung aufgrund einer zu geringen Coverage
- Mischprobe (z.B. kontaminierte Kultur, unsauberes Arbeiten bei der Library Prep)
- Carry-over Kontamination (Maschinenkontamination)  
→ FAIL Bewertung aufgrund der:
  - Detektion von Intra/Inter Genus Kontaminationen (confindr) und/oder
  - Erkennung von verschiedenen Genera in der taxonomischen Klassifizierung (auf Read- und Contig-Ebene)
- Probenverwechslung / falsche Indexzuordnung  
→ unerwartete Referenz bzw. unerwarteter MLST Typ wird angezeigt



***AQUAMIS hilft bei der QC Bewertung, am Ende entscheidet aber der Nutzer!***



### Mehr Informationen zu AQUAMIS:

#### GitLab:

[https://gitlab.com/bfr\\_bioinformatics/AQUAMIS](https://gitlab.com/bfr_bioinformatics/AQUAMIS)

#### Publikation:

<https://www.mdpi.com/2073-4425/12/5/644>

#### ResearchGate:

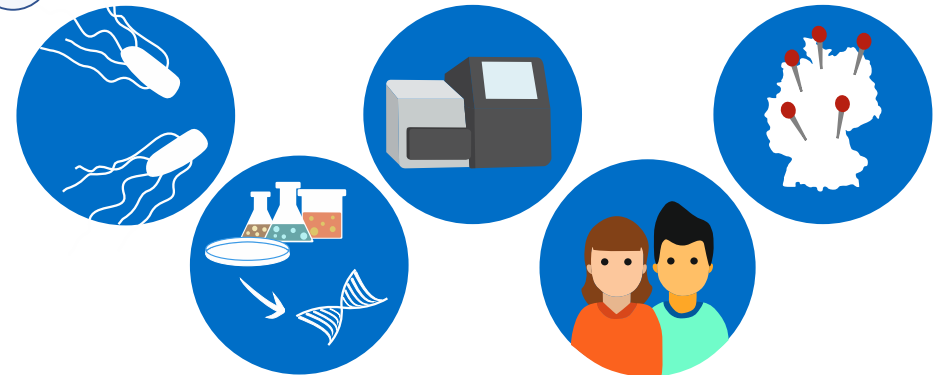
<https://www.researchgate.net/project/AQUAMIS-Assembly-based-QUality-Assessment-for-Microbial-Isolate-Sequencing>

### Notiz:

AQUAMIS wurde für paired-end Illumina Daten entwickelt, funktioniert prinzipiell aber auch für Illumina single-end und IonTorrent Daten

Ein großes Dankeschön an  
das Entwickler-Team:

Carlus Deneke  
Holger Brendebach  
Simon Tausch



# GenoSalmSurv

screencasts

das Projekt

1

die Pipelines

AQUAMIS und die QC Entscheidung

Allele calling mit chewieSnake

Gemeinsame GenoSalmSurv Datenbank

Metachewiereport + Interpretation

6

Demo einer Ausbruchsanalyse

7

Installationshilfe

8

