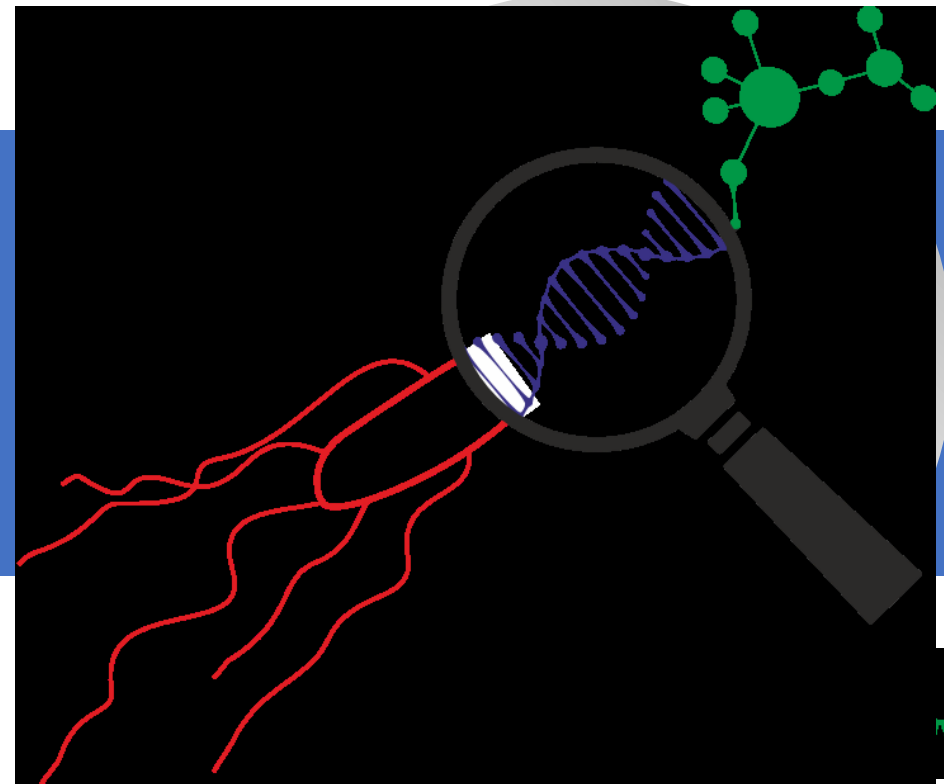


GenoSalmSurv screencasts



GenoSalmSurv screencasts

das Projekt

1

die Pipelines

AQUAMIS und die QC Entscheidung

Allele calling mit chewieSnake

Gemeinsame GenoSalmSurv Datenbank

Metachewiereport + Interpretation

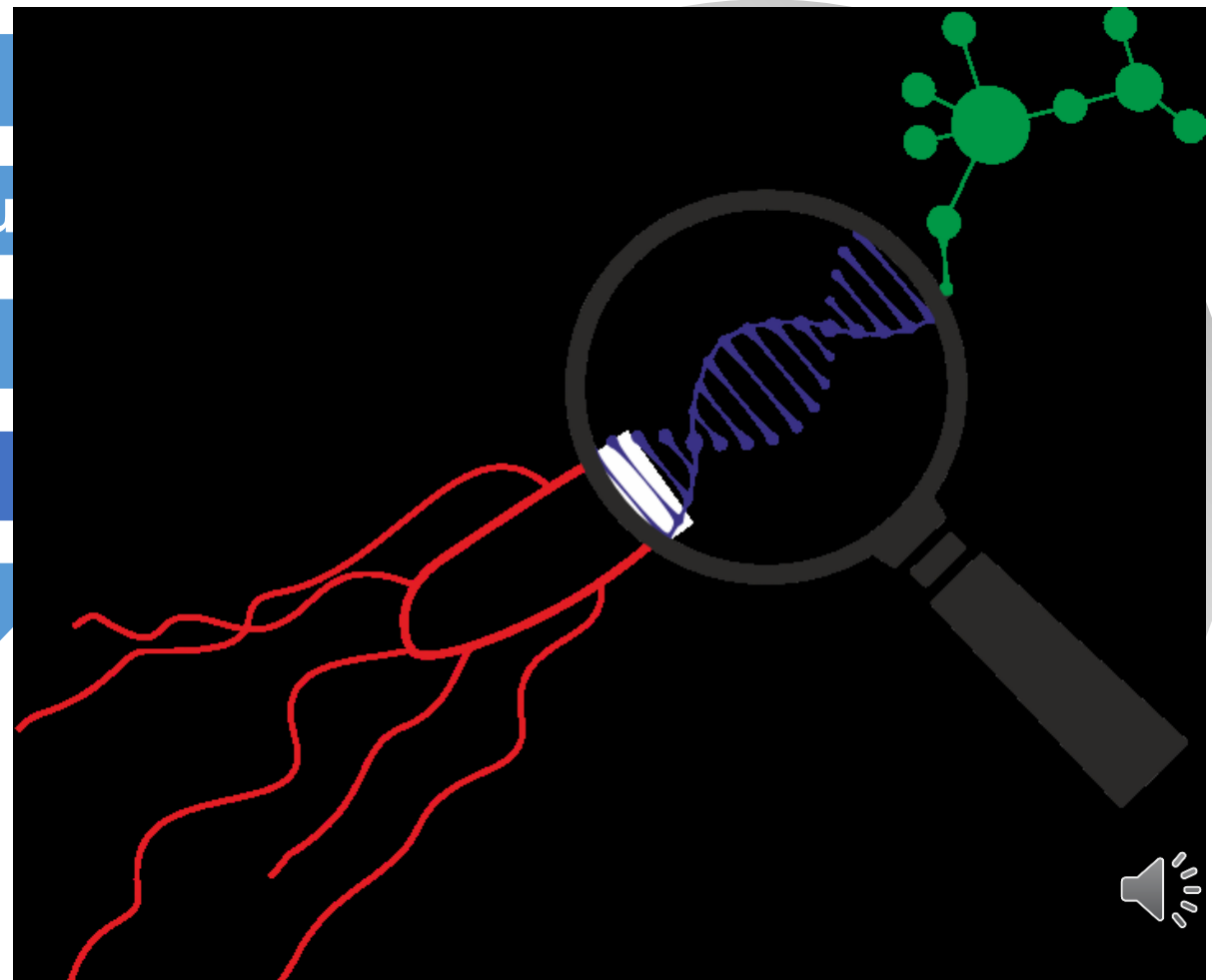
6

Demo einer Ausbruchsanalyse

7

Installationshilfe

8

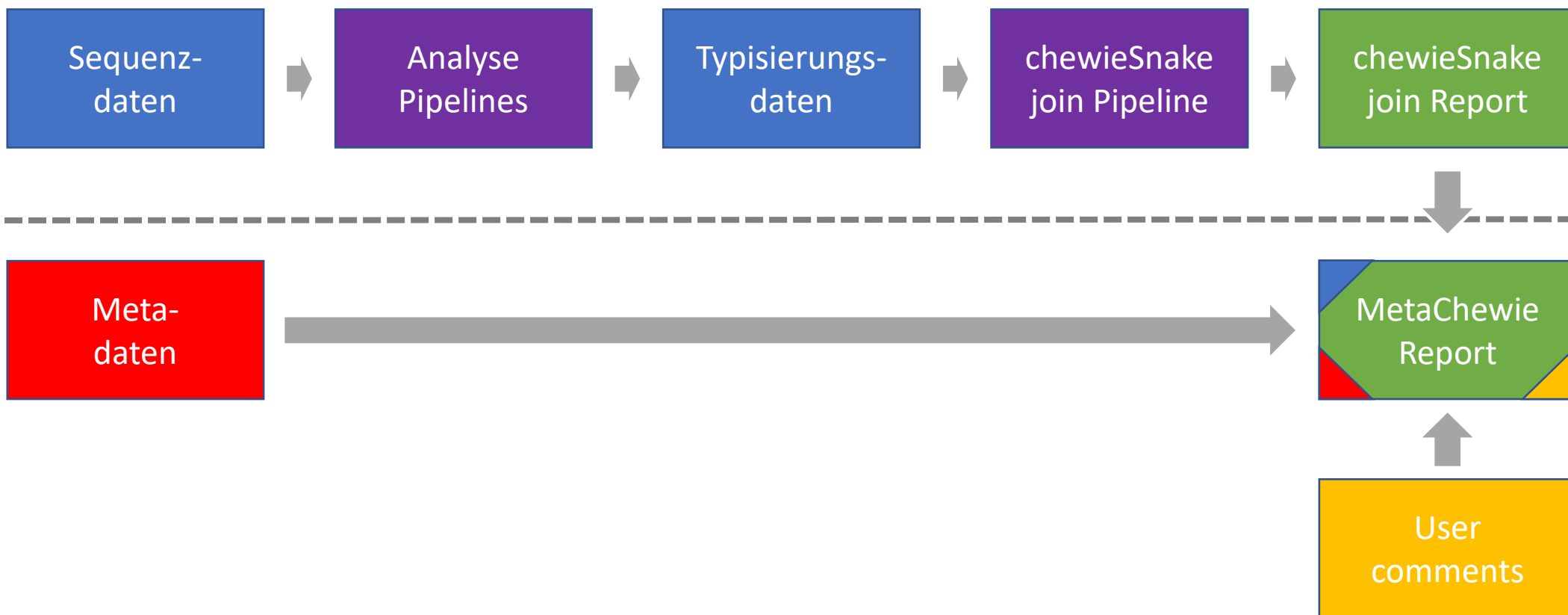


Inhalt

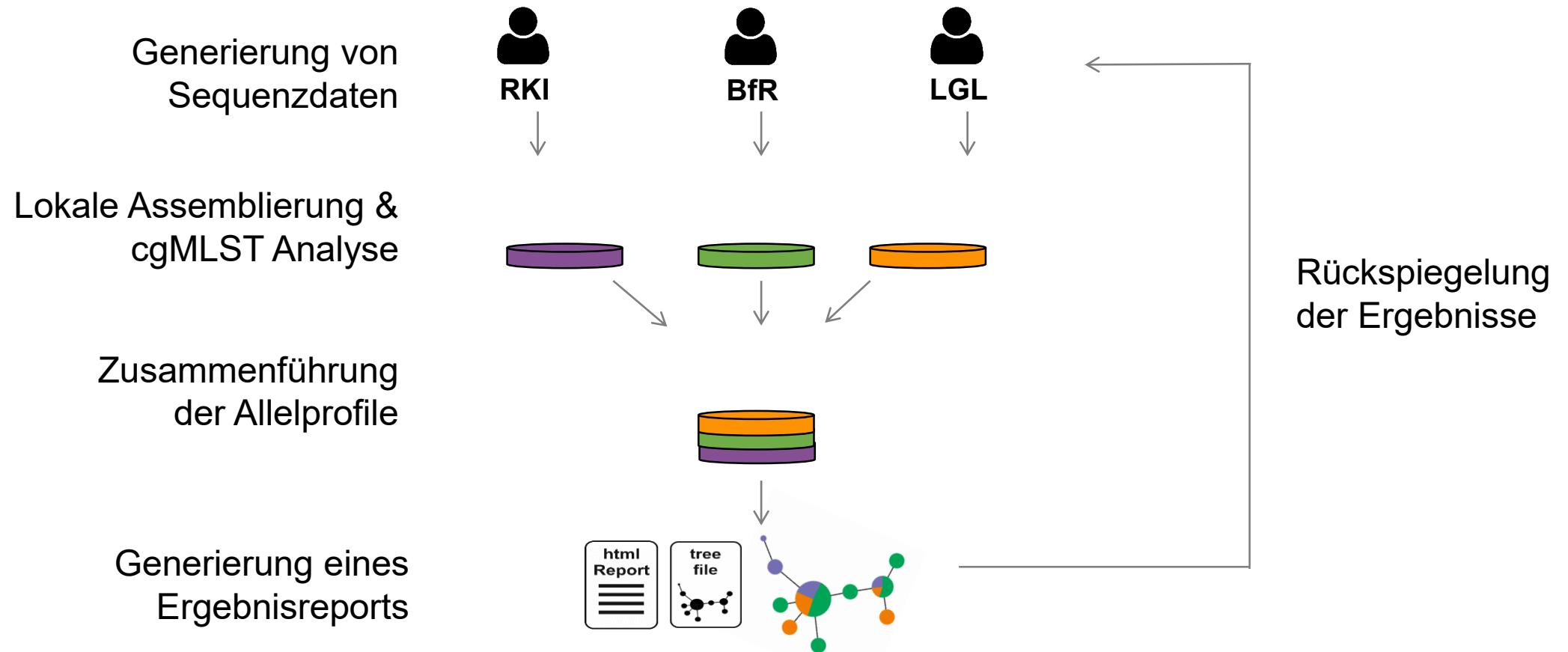
- Die Wege der Daten
- Zusammenführung der Typisierungsdaten
- Gemeinsame Clusterdefinition und -benennung
- Cluster Summary und Cluster Reports
- Zusammenfassung und Ausblick



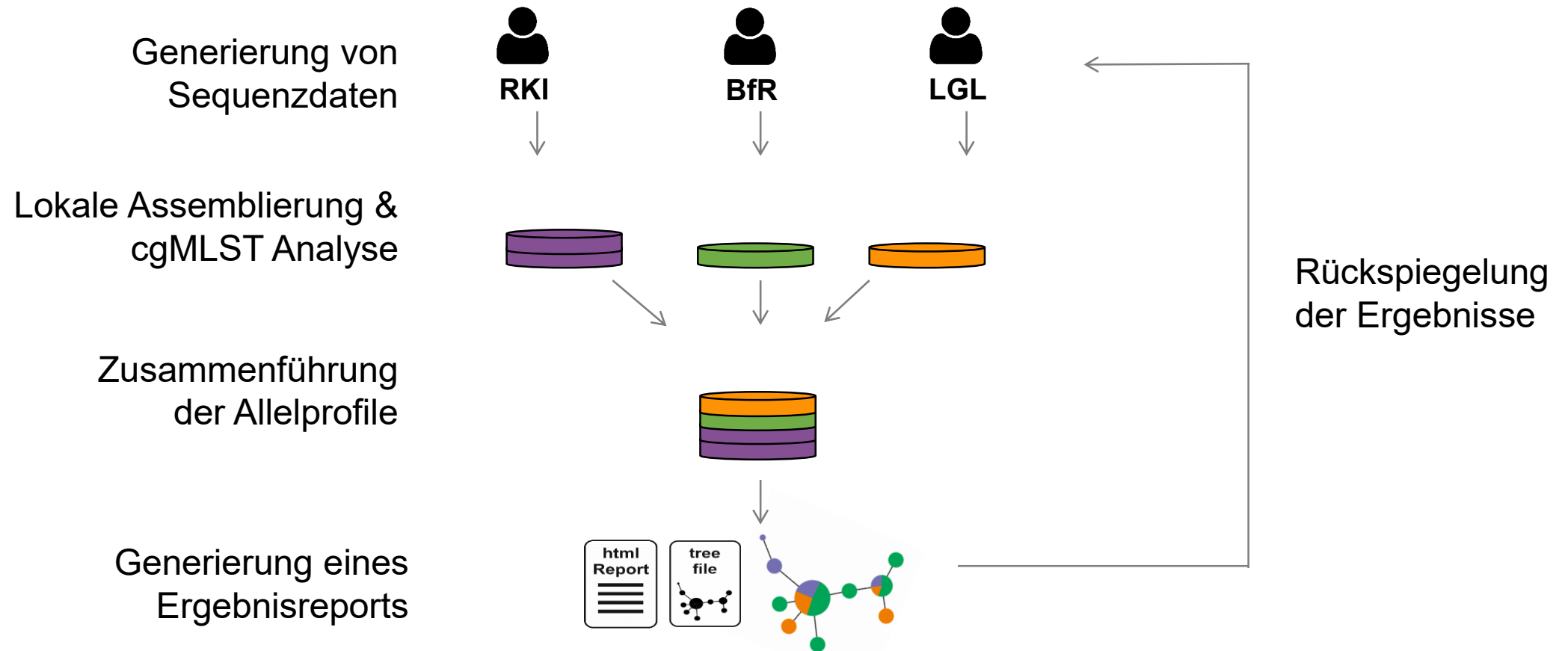
Die Wege der Daten



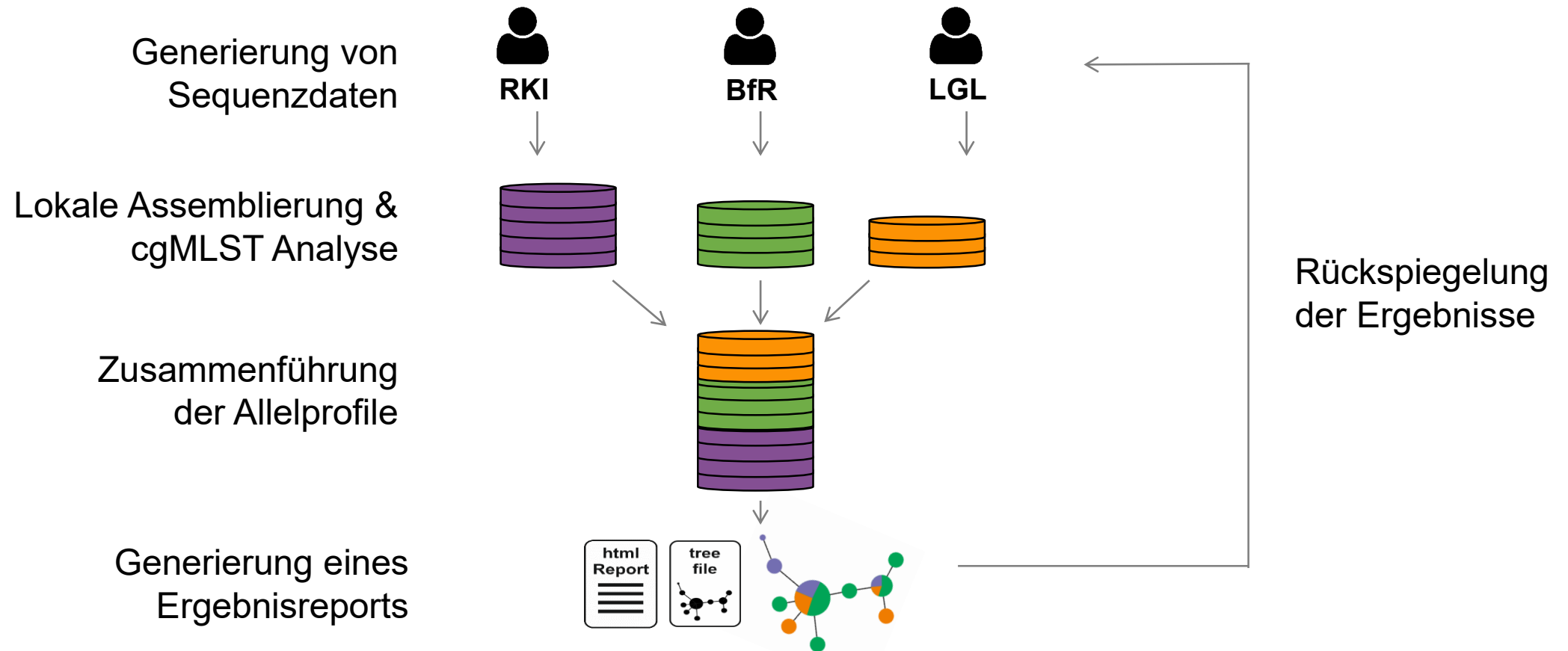
Zusammenführen der Typisierungsdaten



Zusammenführen der Typisierungsdaten

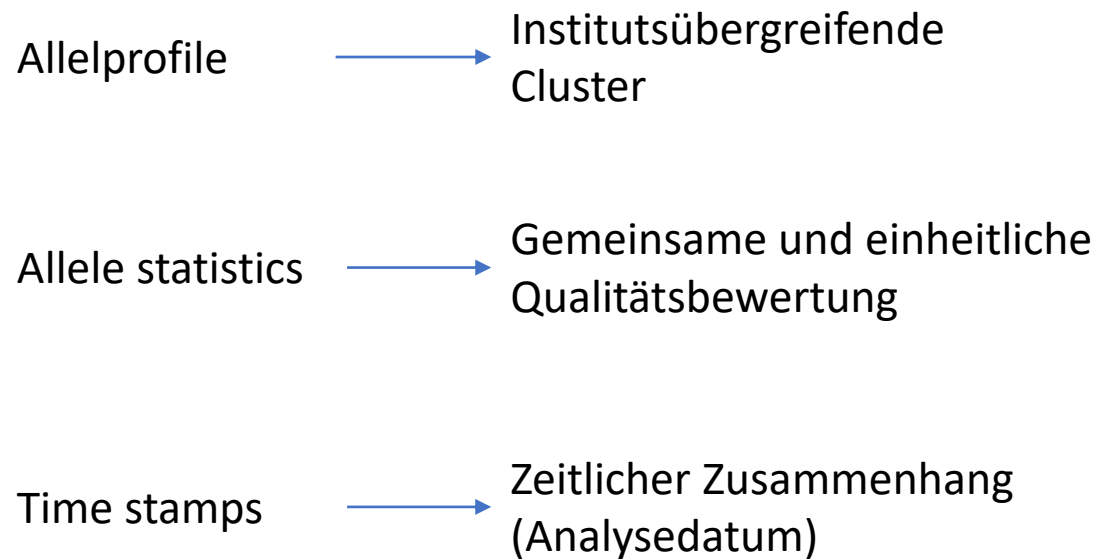


Zusammenführen der Typisierungsdaten



Zusammenführen der Typisierungsdaten II

Welche Dateien werden ausgetauscht?



Zusammenführen der Typisierungsdaten III

AD: Alleledistanz



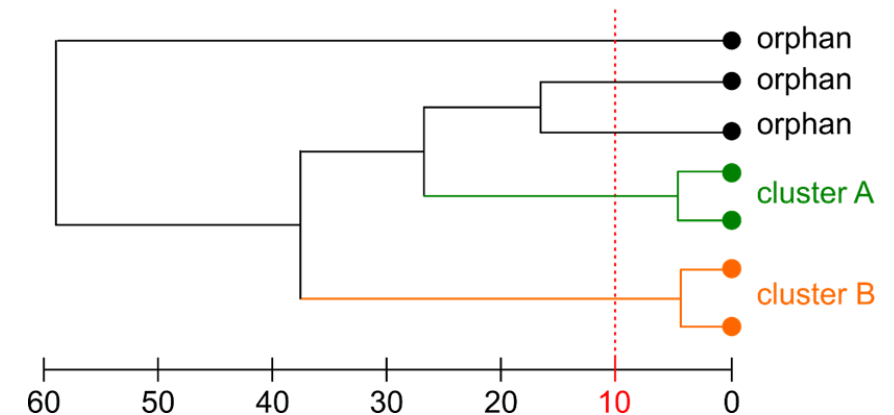
- Gehashte Allelprofile sind direkt miteinander vergleichbar
- Clustering basiert auf Distanzmatrix aller Proben aller Partner
- Für jedes 10 AD Cluster wird ein Clusternamen definiert und ein Cluster report erstellt
- Ein Report als Übersicht aller Cluster und Proben
- Alle Reports werden zwischen allen Partnern geteilt



Institutsübergreifendes clustering

AD: Alleledistanz

- Single-linkage hierarchical clustering der Distanzmatrix aller Proben
- Cluster: Immer wenn mindestens 2 Proben in einem Zusammenhang von 10 AD
 - Automatisches System zur Vergabe von Clusternamen zur vereinfachten Kommunikation (griechische, lateinische und deutsche Namen)
 - Anfangs getrennte Cluster können mit der Zeit zusammenwachsen (cluster merging)
- Subcluster: Mindestens 2 Proben innerhalb eines Clusters mit 3 AD
 - Automatische Benennung mit griechischen Buchstaben
 - Subcluster können zusammenwachsen (subcluster merging)
- Orphans: Verwaiste Proben, die mit keiner anderen Probe im 10 AD Zusammenhang stehen
 - Orphans können mit der Zeit zu Clustern werden



Cluster summary report

- Proben nach Einsender und Analysedatum
- Cluster nach Größe, Serovar, Alter, Wachstum, etc.
- Zugehörigkeit von Proben zu einem Cluster
- Proben ohne Clusterbezug und Distanz zum nächsten Cluster
- Verwandtschaft zwischen verschiedenen Clustern

Overview

Cluster summary

Orphans

Inter-cluster relation

Allele QC

Links to files

Config and parameters

Help

- Last update on 2022-07-25.
- Database contains 4835 samples.

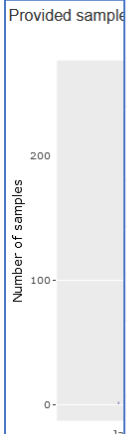


Cluster summary report

Overview

- Last updated
- Databases

cluster name	serovar	cluster name long	representative sample	count samples	timestamp mostrecent	age mostrecent	timestamp mostancient	min diff	which min diff	min same	count BfR	mostrecent BfR	age mostrecent BfR
<input type="text" value="All"/>	<input type="text" value="All"/>	<input type="text" value="All"/>	<input type="text" value="All"/>	<input type="text" value="."/>	<input type="text" value="All"/>	<input type="text" value="All"/>	<input type="text" value="All"/>	<input type="text" value="⊕"/>	<input type="text" value="."/>	<input type="text" value="."/>	<input type="text" value="."/>	<input type="text" value="All"/>	<input type="text" value="All"/>
Aspasius	Enteritidis	SE_Enteritidis_2020_Aspasius	19-SA03558-0	41	2022-06-24	31	2020-05-21	1	BfR-LGL	0	22	2022-03-10	137
Antagoras~Eutropius~Pia	Typhimurium;l4,[5],12:i:-	SE_Typhimurium;l4,[5],12:i:-_2020_Antagoras~Eutropius~Pia	20-00728	72	2022-06-24	31	2020-01-27	0	BfR-RKI	0	27	2022-06-23	32
Jara	Enteritidis	SE_Enteritidis_2021_Jara	20-05437	2	2022-06-23	32	2021-01-13	9	BfR-RKI		1	2022-06-23	32
Aileran	Typhimurium;l4,[5],12:i:-	SE_Typhimurium;l4,[5],12:i:-_2020_Aileran	20-02602	4	2022-06-23	32	2020-07-28	0	BfR-RKI	1	3	2022-06-23	32
Alexandra	Infantis	SE_Infantis_2021_Alexandra	21-SA01994-0-S2	5	2022-06-23	32	2021-11-13	4	BfR-LGL	4	3	2022-06-23	32
Santiago	Infantis	SE_Infantis_2021_Santiago	21-SA00490-0	6	2022-06-23	32	2021-03-25	1	BfR-LGL	4	4	2022-06-23	32
Evin	Infantis	SE_Infantis_2020_Evin	20-SA00296-0	7	2022-06-23	32	2020-05-20	4	BfR-RKI	4	6	2022-06-23	32
Larissa	Typhimurium;l4,[5],12:i:-	SE_Typhimurium;l4,[5],12:i:-_2021_Larissa	21-03174	7	2022-06-23	32	2021-10-21	0	BfR-RKI	0	1	2022-06-23	32
Cummene	Enteritidis	SE_Enteritidis_2020_Cummene	20-02348	8	2022-06-23	32	2020-07-01	3	BfR-RKI	2	3	2022-06-23	32
Nicetas	Typhimurium;l4,[5],12:i:-	SE_Typhimurium;l4,[5],12:i:-_2020_Nicetas	20-SA01301-0	14	2022-06-23	32	2020-08-06	9	BfR-RKI	1	13	2022-06-23	32



Cluster summary report

Overview

- Last up

cluster name	serovar	cluster name long	representative sample	count samples	timestamp mostrecent	age mostrecent	timestamp mostancient	min diff	which min diff	min same	count BfR	mostrecent BfR	age mostrecent BfR
sample	cluster name	Sender	Timestamp	serovar	cluster name 3								
All	All	BfR	All	Ent	All								
22-SA00733-0	Aemilius~Antiphon	BfR	2022-06-23	Enteritidis	Rho								
22-SA00775-0	Libanius	BfR	2022-06-23	Enteritidis	Alpha								
22-SA00790-0	Aemilius~Antiphon	BfR	2022-06-23	Enteritidis									
22-SA00854-0	Cummene	BfR	2022-06-23	Enteritidis									
22-SA00888-0	Alypius	BfR	2022-06-23	Enteritidis	Delta								
22-SA00889-0	Alypius	BfR	2022-06-23	Enteritidis	Delta								
22-SA00931-0	Apollodorus	BfR	2022-06-23	Enteritidis	Alpha								
22-SA00932-0	Apollodorus	BfR	2022-06-23	Enteritidis	Alpha								
22-SA00940-0	Jara	BfR	2022-06-23	Enteritidis									
22-SA00944-0	Androtion~Heraclitus	BfR	2022-06-23	Enteritidis									
Nicetas	typhimurium,1 SE_typhimurium,1 4,[5],12:i:-4,[5],12:i:-	20-SA01301-0	14	2022-06-23	32	2020-08-06	9	BfR-RKI	1	13	2022-06-23	32	



Cluster report

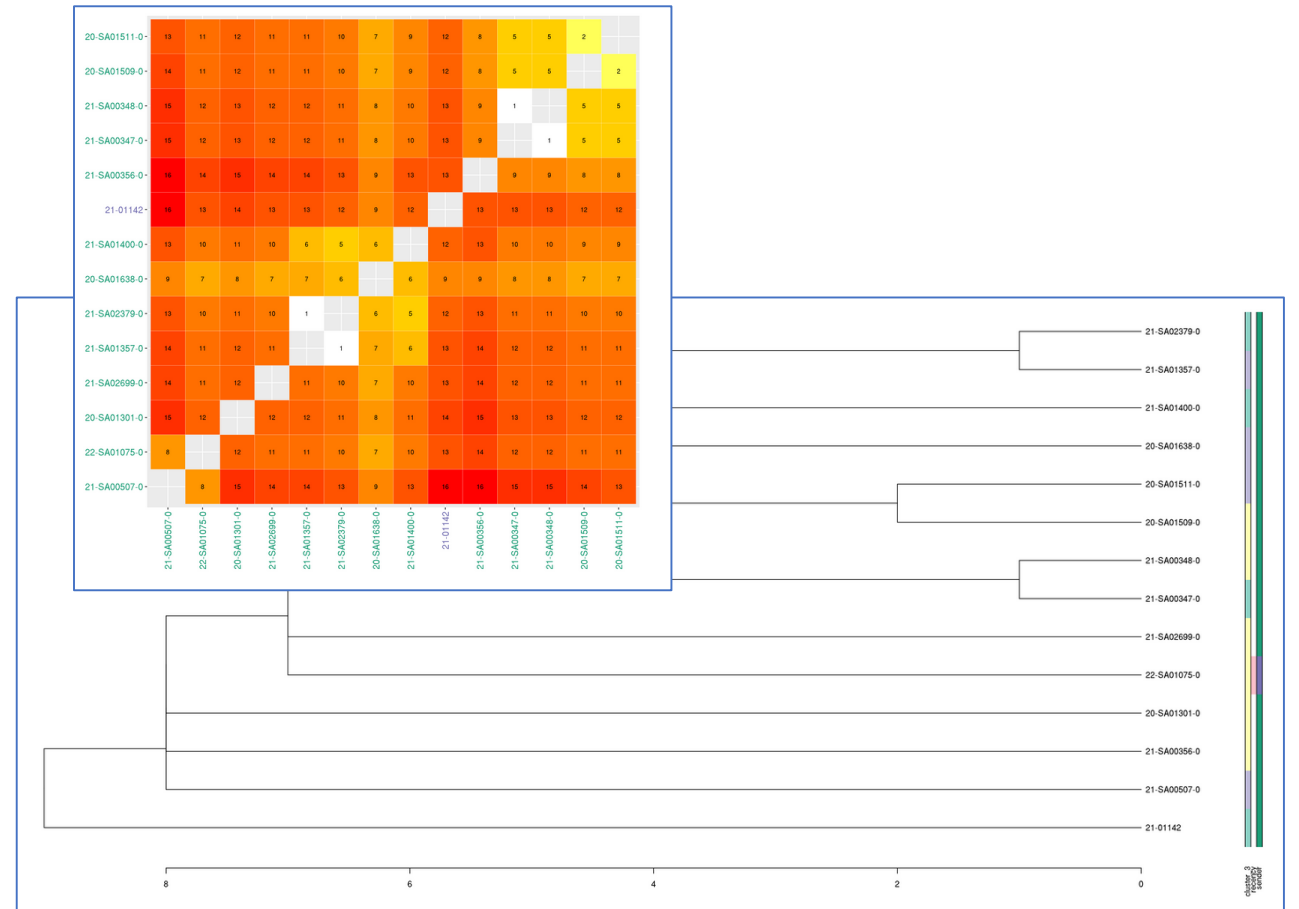
- Jedes 10-AD Cluster hat eigenen Cluster report

Cluster report for cluster Nicetas

Basic information

This is a report for a single cluster

- Cluster name Nicetas
- Related external names are NA
- Serotype/clade information Typhimurium;l 4,[5],12:i:-
- Last update on 2022-07-25
- Latest sample in cluster is 22-SA01075-0: 2022-06-23 (date of analysis)
- Oldest sample in cluster is 20-SA01301-0: 2020-08-06 (date of analysis)
- Duration: 686
- Cluster samples originate from BfR, RKI
- Cluster contains 14 samples
- The cluster can be divided into the following number of subclusters: at 3 allele differences:3



Zusammenfassung

- Typisierungsdaten und Metadaten werden getrennt ausgetauscht
- Der Austausch von Typisierungsdaten ist durch die Harmonisierung der Pipelines möglich
 - Nur kleine Ergebnisdateien müssen ausgetauscht werden (~Kilobytes)
- Das Zusammenführen der Typisierungsdaten erfolgt automatisiert durch die `chewieSnake_join` Pipeline
 - Definition und einheitliche Benennung institutsübergreifender Cluster
 - Alle Partner erhalten gleichen Zugang zu allen Ergebnissen
 - Erstanalyse (ohne Metadaten) mit Cluster report und Summary report
- Zusammenführung von Metadaten und Typisierungsdaten erfolgt ebenfalls automatisiert
 - *MetaChewie* report
 - Epidemiologische Einordnung von Cluster matches
 - Priorisierung von Clustern
 - Screencast 6



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

