



SERVICIO DE MICROBIOLOGÍA ALIMENTARIA II

Sonia M Aguayo Balsas

JORNADAS DE REFERENCIA CNA
4 y 5 JUNIO 2024



MINISTERIO
DE DERECHOS SOCIALES, CONSUMO
Y AGENDA 2030



agencia
española de
seguridad
alimentaria y
nutrición



50 ANIVERSARIO
CENTRO NACIONAL
DE ALIMENTACIÓN

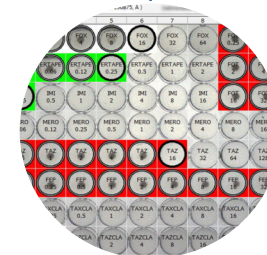


**Servicio de
Microbiología
Alimentaria II**

**Inmunología y
bioquímica**



**Parasitología y
Técnicas Especiales**



**Resistencias
Antimicrobianas**



MINISTERIO
DE DERECHOS SOCIALES, CONSUMO
Y AGENDA 2030



50 ANIVERSARIO
CENTRO NACIONAL
DE ALIMENTACIÓN



INMUNOLOGÍA Y BIOQUÍMICA

**ACTUALIZACIÓN DE ACTIVIDADES DE
REFERENCIA**

JORNADAS DE REFERENCIA CNA
4 y 5 JUNIO 2024



MINISTERIO
DE DERECHOS SOCIALES, CONSUMO
Y AGENDA 2030



50 ANIVERSARIO
CENTRO NACIONAL
DE ALIMENTACIÓN

DETERMINACIÓN DE ENTEROTOXINAS ESTAFILOCÓCICAS

a) Participación en los ensayos interlaboratorios comparados organizados por el EURL

Anses_LSAI_23_07_EURL_SE_2024: Detection of staphylococcal enterotoxins type SEA to SEE in food matrices according to the Standard EN ISO 19020.



Norma Española
UNE-EN ISO 19020
Febrero 2018

Microbiología de la cadena alimentaria
Método horizontal para la detección inmunoenzimática
de enterotoxina estafilocócica en los productos
alimenticios
(ISO 19020:2017)

Esta norma ha sido elaborada por el comité técnico
CTN 34 *Productos alimentarios*, cuya secretaría
desempeña FIAB.



Asociación Española
de Normalización
Génova, 6 - 28004 Madrid
915 294 900
info@une.org
www.une.org

c) Organización de ejercicios de intercomparación

AÑO	ORGANIZADOR	LABORATORIOS PARTICIPANTES	MATRIZ
2011	CNA GSC	12	Queso fresco
2012	CNA GSC	15	Crema Queso Semicurado
2013	CNA GSC	12	Queso curado
2014	CNA GSC	10	Queso semicurado
2015	CNA GSC	13	Queso marcapone
2016	CNA GSC	12	Queso semicurado
2017	CNA GSC	12	Natillas
2018	CNA GSC	13	Helado de nata
2019	CNA GSC	15	Salsa Bechamel
2020	CNA QUALINOVA	16	Pollo cocido
2021	CNA GSC	16	Atún conserva
2022	CNA GSC	13	Queso curado
2023	CNA GSC	13	Queso curado
2024	CNA GSC	¿?	¿Qué será?





AÑO	ORGANIZADOR	LABS	SATISFACTORIOS	MATRIZ
2019	CNA GSC	15	14 ¹	Salsa Bechamel
2020	CNA QUALINOVA	16	14 ²	Pollo cocido
2021	CNA GSC	16	16	Atún conserva
2022	CNA GSC	13	13	Queso curado
2023	CNA GSC	13	13	Queso curado
2024	CNA GSC	¿?		¿Qué será?

Resultados de los ejercicios, 2019 - 2023

- ¹un laboratorio reportó un falso negativo
- ²un laboratorio reportó un falso positivo y 3 laboratorios reportaron falso negativo (dos de ellos por problemas con el kit del RIDAS)



Paso	Condiciones
Descongelación	$3 \pm 2\text{ }^{\circ}\text{C}$ o $5 \pm 3\text{ }^{\circ}\text{C}$ / $\leq 24\text{h}$
Difusión	T ^a ambiente, 30 – 60 min máximo
pH 3,5 - 4	
Centrifugación	Confirmar pH 3 – 4,5, Si ≤ 3 , volver a coger otra muestra
pH 7,4 – 7,6	
Centrifugación	Confirmar pH Si > 9 , volver a coger otra muestra
Concentración / Diálisis	$3 \pm 2^{\circ}\text{C}$ o $5 \pm 3^{\circ}\text{C}$
Recuperación	5 – 5,5 g
Lectura	VIDAS inmediato RIDAS 48 h, si $> 48\text{h}$ a $-18\text{ }^{\circ}\text{C}$



PARASITOLOGÍA Y TÉCNICAS ESPECIALES

ACTUALIZACIÓN DE ACTIVIDADES DE REFERENCIA

JORNADAS DE REFERENCIA CNA

4 y 5 JUNIO 2024



MINISTERIO
DE DERECHOS SOCIALES, CONSUMO
Y AGENDA 2030



agencia
española de
seguridad
alimentaria y
nutrición



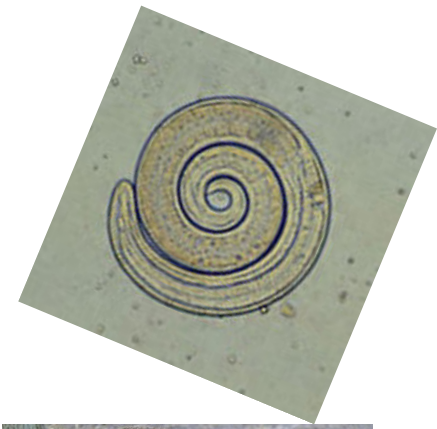
50 ANIVERSARIO
CENTRO NACIONAL
DE ALIMENTACIÓN

a) Participación en los ensayos interlaboratorios comparados organizados por el EURL

PT-01: Artificial digestion to detect Trichinella larvae in meat samples according to the Regulation EU 2020/1478 and Annex III Regulation EU 2015/1375

PT-03: Identification of Trichinella larvae at the species level by a molecular method

PT-04: Detection of Anisakidae L3 larvae in fish fillets



h) Tipificación especies de triquina (Regulation EU 2015/1375)



MINISTERIO
DE DERECHOS SOCIALES, CONSUMO
Y AGENDA 2030



agencia
española de
seguridad
alimentaria y
nutrición



50 ANIVERSARIO
CENTRO NACIONAL
DE ALIMENTACIÓN

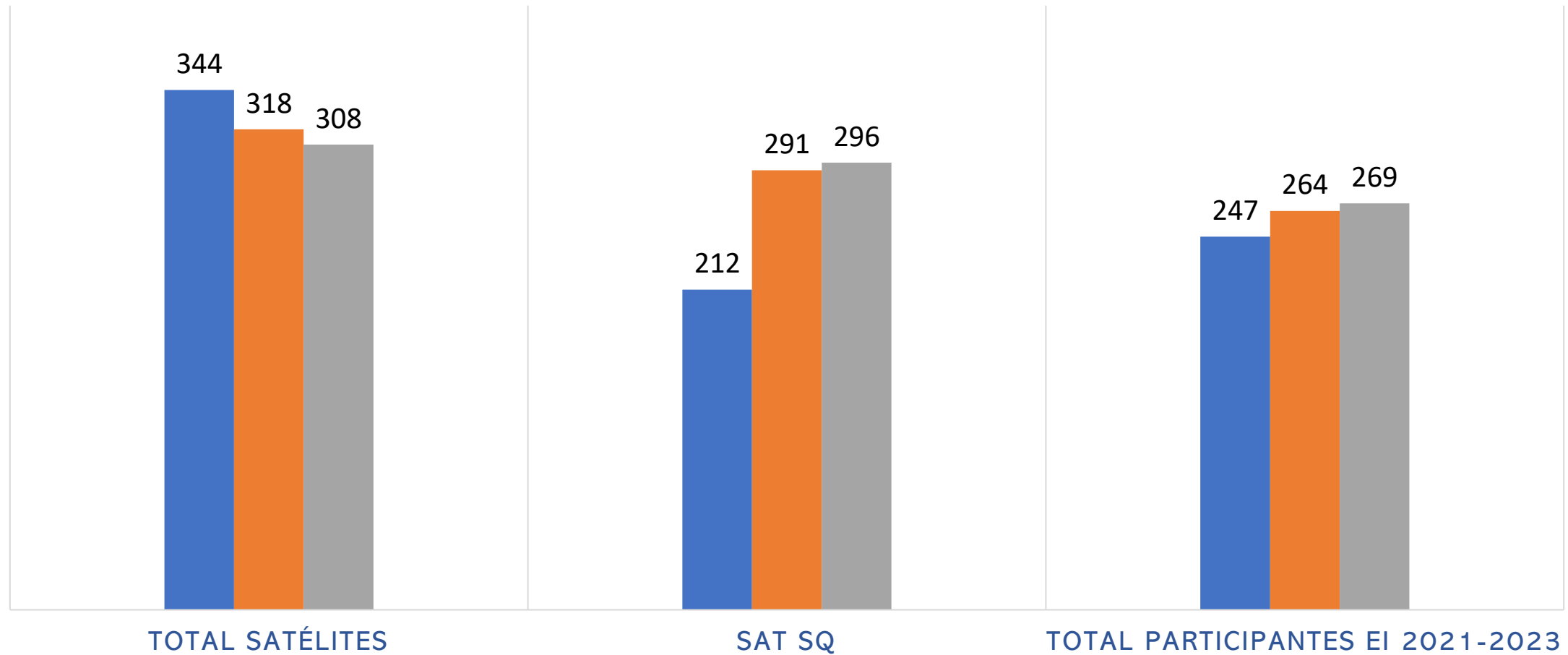
c) Ensayos de intercomparación para laboratorios satélites

Cuatro (4) convocatorias de ejercicios de intercomparación llevadas a cabo en el año

	2021	2022	2023	2024
Ronda 1	22 – 26 de febrero	7 – 11 de marzo	6 – 10 de marzo	4 – 13 de marzo
Ronda 2	24 – 28 de mayo	23 – 27 de mayo	22 – 26 de mayo	20 -29 de mayo
Ronda 3	4 – 8 de octubre	3 – 7 de octubre	25- 29 de septiembre	23 de sept 2 de oct.
Ronda 4	15 – 19 de noviembre	14 – 18 de noviembre	13 – 17 de noviembre	11 – 20 de noviembre

COMPARATIVA DE PARTICIPACIÓN EN LOS E.I. 2021-2023

■ 2021 ■ 2022 ■ 2023

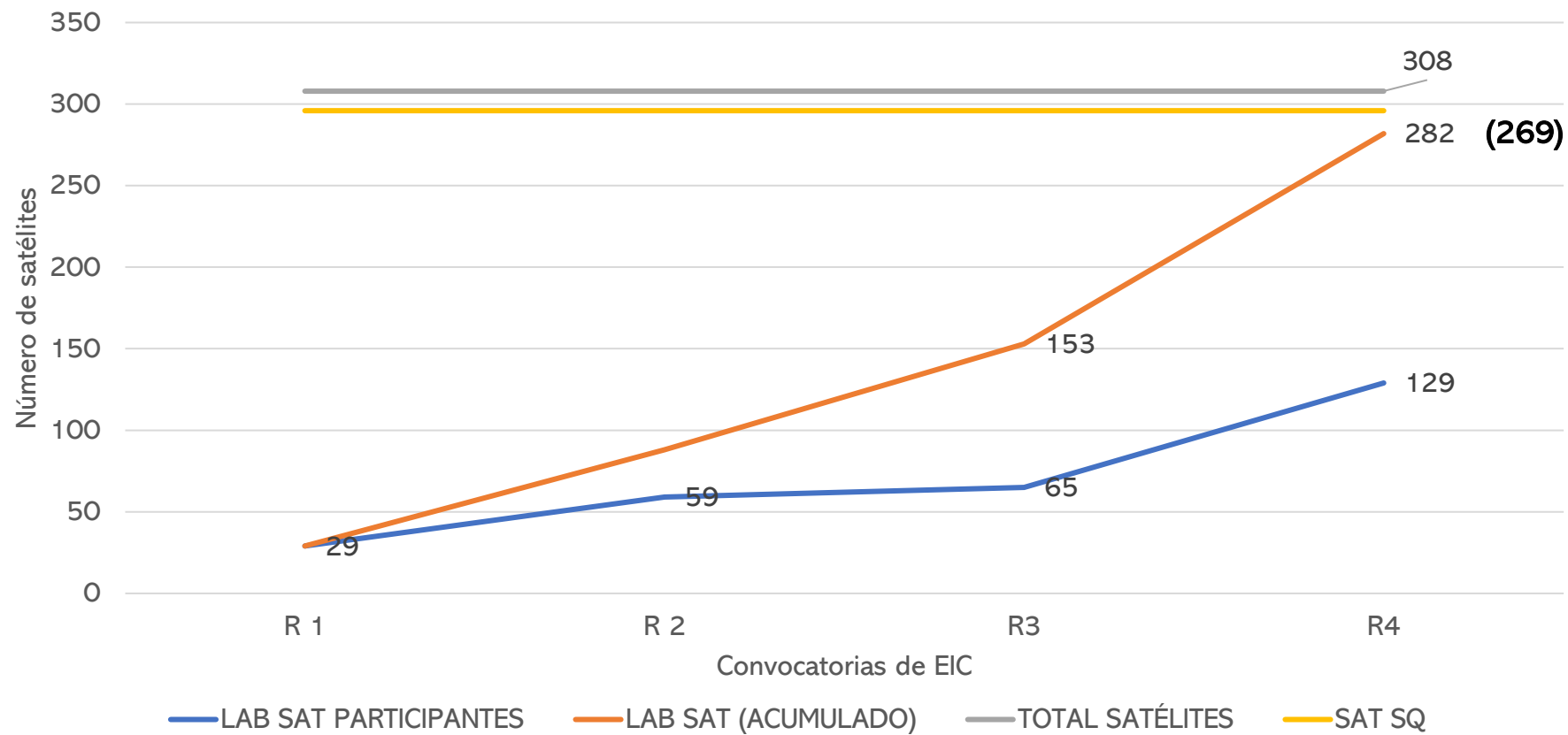


MINISTERIO
DE DERECHOS SOCIALES, CONSUMO
Y AGENDA 2030



50 ANIVERSARIO
CENTRO NACIONAL
DE ALIMENTACIÓN

PARTICIPACIÓN DE LABORATORIOS SATÉLITES EN E.I.C 2023

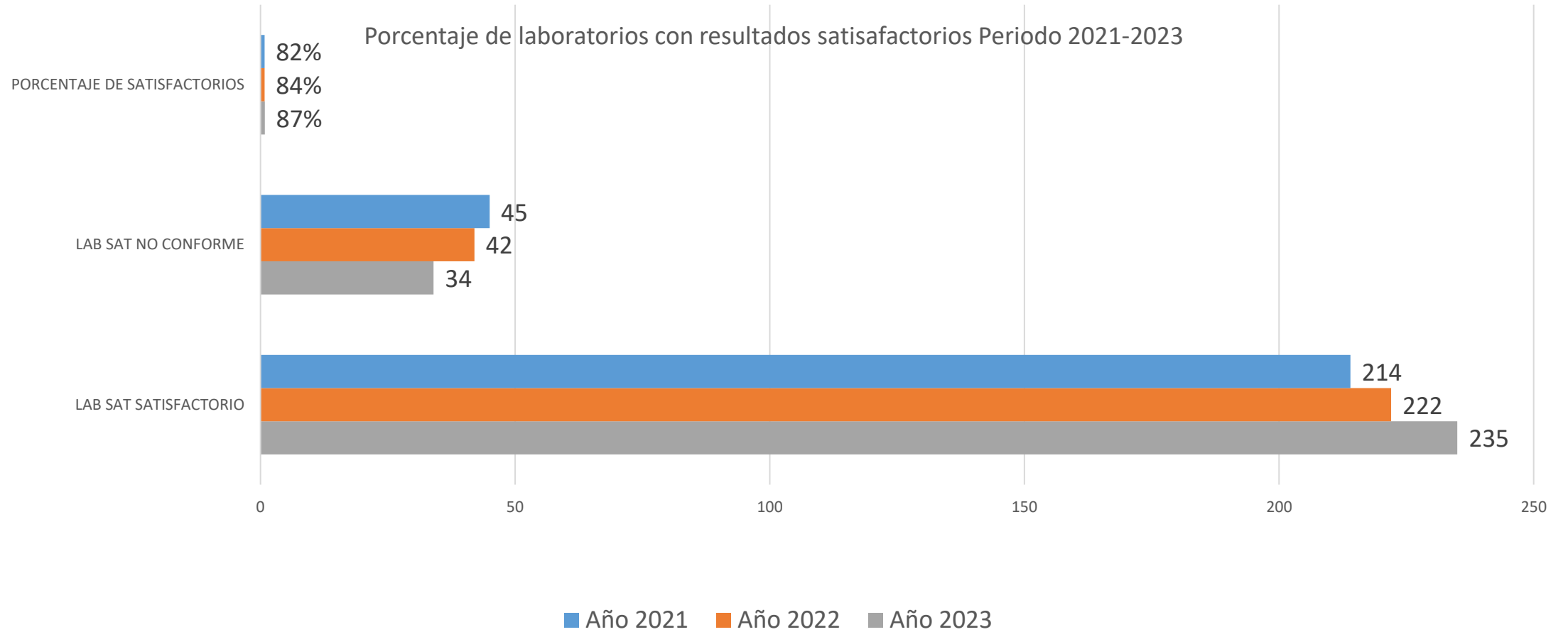


MINISTERIO
DE DERECHOS SOCIALES, CONSUMO
Y AGENDA 2030



50 ANIVERSARIO
CENTRO NACIONAL
DE ALIMENTACIÓN

Resultados de los ejercicios, 2021-2023



MINISTERIO
DE DERECHOS SOCIALES, CONSUMO
Y AGENDA 2030



50 ANIVERSARIO
CENTRO NACIONAL
DE ALIMENTACIÓN

**PROCEDIMIENTO PARA LA COORDINACIÓN
DE LOS LABORATORIOS DESIGNADOS PARA
CONTROL OFICIAL DE TRIQUINA
CONFORME AL REGLAMENTO (UE) 2017/625,
RELATIVO A LOS CONTROLES OFICIALES Y
OTRAS ACTIVIDADES OFICIALES**

PROCEDIMIENTO APROBADO EN COMISIÓN INSTITUCIONAL

DE 13 DE MARZO DE 2024

- REGLAMENTO DE EJECUCIÓN (UE) 2015/1375 DE LA COMISIÓN de 10 de agosto de 2015 por el que se establecen normas específicas para los controles oficiales de la presencia de triquinas en la carne



IMPLEMENTACIÓN DE LA SECUENCIACIÓN MASIVA

JORNADAS DE REFERENCIA CNA
4 y 5 JUNIO 2024



MINISTERIO
DE DERECHOS SOCIALES, CONSUMO
Y AGENDA 2030



agencia
española de
seguridad
alimentaria y
nutrición



50 ANIVERSARIO
CENTRO NACIONAL
DE ALIMENTACIÓN



APOYO EN LA INVESTIGACIÓN

DE BROTES DE TRANSMISIÓN ALIMENTARIA



ESTUDIO DE RESISTENCIAS ANTIMICROBIANAS

DECISIÓN EJECUCIÓN COMISIÓN 2020/1729/UE



MINISTERIO
DE DERECHOS SOCIALES, CONSUMO
Y AGENDA 2030



50 ANIVERSARIO
CENTRO NACIONAL
DE ALIMENTACIÓN

- Directiva 2003/99/CE del Parlamento Europeo y del Consejo, de 17 de noviembre de 2003, sobre la vigilancia de las zoonosis y los agentes zoonóticos
- Real Decreto 1940/2004, de 27 de septiembre, sobre la vigilancia de las zoonosis y los agentes zoonóticos.
 - Capítulo III. Art. 7. Resistencia a los antimicrobianos. ...datos comparables sobre la aparición de resistencia a los antimicrobianos en agentes zoonóticos...
 - Anexo II. Requisitos en materia de vigilancia de la resistencia a los antimicrobianos con arreglo al artículo 7.
- Capítulo IV. Brotes de zoonosis. Art. 9. Investigación epidemiológica de los brotes de enfermedades transmitidas por los alimentos
 - Anexo V. Capítulo I. Lista de laboratorios nacionales de referencia. c) Centro Nacional de Alimentación de la Agencia Española de Seguridad Alimentaria y Nutrición, para las zoonosis transmitidas por alimentos.
 - Anexo V. Capítulo II. Competencias y funciones de los laboratorios nacionales de referencia. d) Proporcionar asistencia técnica y científica a los laboratorios oficiales de las comunidades autónomas, en particular para la confirmación, tipificación y apoyo diagnóstico de los agentes zoonóticos.

- DECISIÓN DE EJECUCIÓN (UE) 2013/652 DE LA COMISIÓN de 12 de noviembre de 2013, sobre la vigilancia y la notificación de la resistencia de las bacterias zoonóticas y comensales a los antibióticos
- DECISIÓN DE EJECUCIÓN (UE) 2020/1729 DE LA COMISIÓN de 17 de noviembre de 2020 relativa a la vigilancia y la notificación de la resistencia a los antimicrobianos de las bacterias zoonóticas y comensales y por la que se deroga la Decisión de Ejecución 2013/652/UE de la Comisión.
- Anexo. Parte A. Punto 6. Método alternativo.

6. Método alternativo

Para efectuar la vigilancia específica de *E. coli* productoras de betalactamasas de espectro ampliado, betalactamasas AmpC o carbapenemasas, contemplada en el punto 5, los Estados miembros podrán autorizar el uso de la secuenciación del genoma completo (WGS), como método alternativo a la microdilución en caldo con los grupos de sustancias antimicrobianas para ensayos de los cuadros 2 y 5. También podrán autorizar la WGS como método alternativo a la microdilución en caldo con el grupo de sustancias antimicrobianas para ensayos del cuadro 5 cuando se someta a nuevos ensayos, de conformidad con el punto 4.2, cepas de *E. coli* y *Salmonella* que muestren resistencia a la cefotaxima, la ceftazidima o el meropenem.

Los laboratorios que apliquen la WGS como método alternativo utilizarán los protocolos del laboratorio de referencia de la UE para la RAM ⁽⁶⁾.

Whole Genome Sequencing

Application of whole genome sequencing (WGS) offers the possibility to rapidly transform and improve our understanding of the epidemiology of antimicrobial resistance (AMR) determinants. Below you find links to training material and publications, as well as more practical guidance and tools for performing WGS.

Please see below further details in relation to

1. How to get started
2. Protocol and quality assessment
3. Tools and software
4. Benchmarking
5. Inter-EURLs Working Group on NGS
6. Upload to European Nucleotide Archive (ENA), ENA private hubs, and assessing data
7. E-learning
8. Proficiency test
9. Companies for outsourcing
10. Recommended publications
11. Useful links

[WGS \(eurl-https://www.eurl-ar.eu/wgs.aspxar.eu\)](https://www.eurl-ar.eu/wgs.aspxar.eu)

Garantizar que los datos WGS notificados a la EFSA se obtengan de forma armonizada y comparable:

Muy importante

Asegurando el control de calidad de la secuencia

Usando los mismos criterios de control de calidad

Análisis armonizado del gen AMR

Utilizando los mismos métodos y configuraciones para el análisis

Informar datos adecuados



MINISTERIO
DE DERECHOS SOCIALES, CONSUMO
Y AGENDA 2030



50 ANIVERSARIO
CENTRO NACIONAL
DE ALIMENTACIÓN



**PROTOCOL FOR WHOLE GENOME SEQUENCING AND BIOINFORMATIC ANALYSIS OF
BACTERIAL ISOLATES RELATED TO THE EU MONITORING OF ANTIMICROBIAL RESISTANCE**

**AUTHORED BY THE EURL-AR
VERSION 2.2 - DECEMBER 2021**

RENE S. HENDRIKSEN & JETTE S. KJELDGAARD

HISTORY OF CHANGES				
Version	Sections changed	Description of change	Date	Approval
2.2	Links	Update of links	03 Dec 2021	EURL-AR
2.1	AMR gene and point mutation prediction	Minor changes	February 2021	EURL-AR
2	Assessment of genome quality AMR gene prediction	Modifications and addition of specifications	15 Dec 2020	
1	All through the document	Minor modifications based on comments from the EURL Working group of NGS	10 Jan 2020	The EURL Working Group of NGS
Draft	New draft document	-	06 Dec 2019	Authors

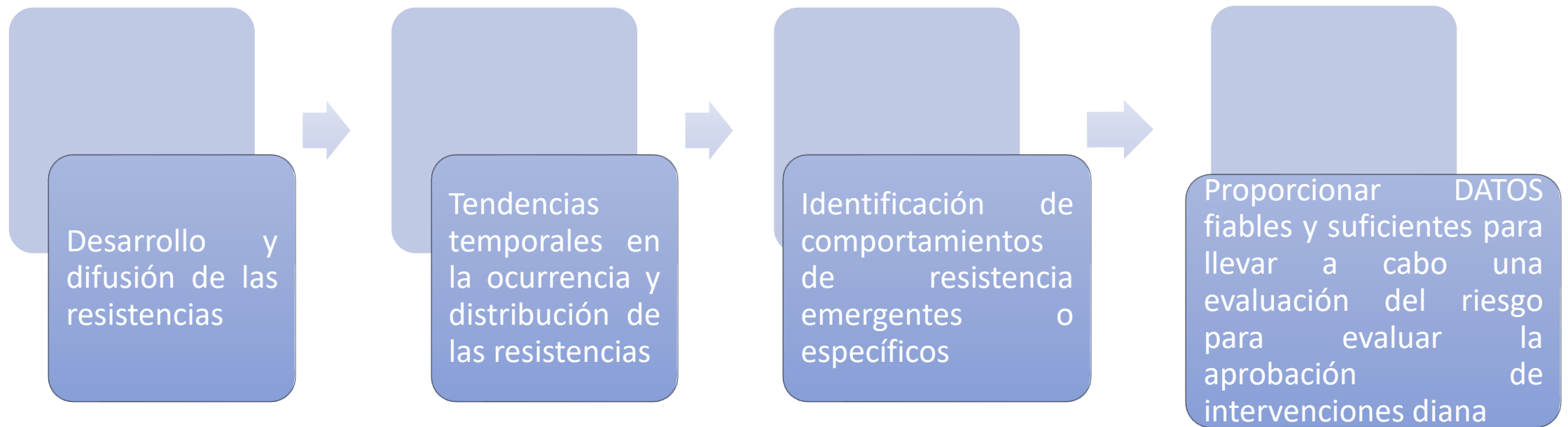
- La norma UNE-EN ISO 23418, especifica los requisitos mínimos para generar y analizar datos de secuenciación del genoma completo (WGS) de bacterias obtenidas de la cadena alimentaria.

Microbiología de la cadena alimentaria
Secuenciación del genoma completo para tipaje y
caracterización genómica de bacterias
Requisitos generales y orientación
(ISO 23418:2022)

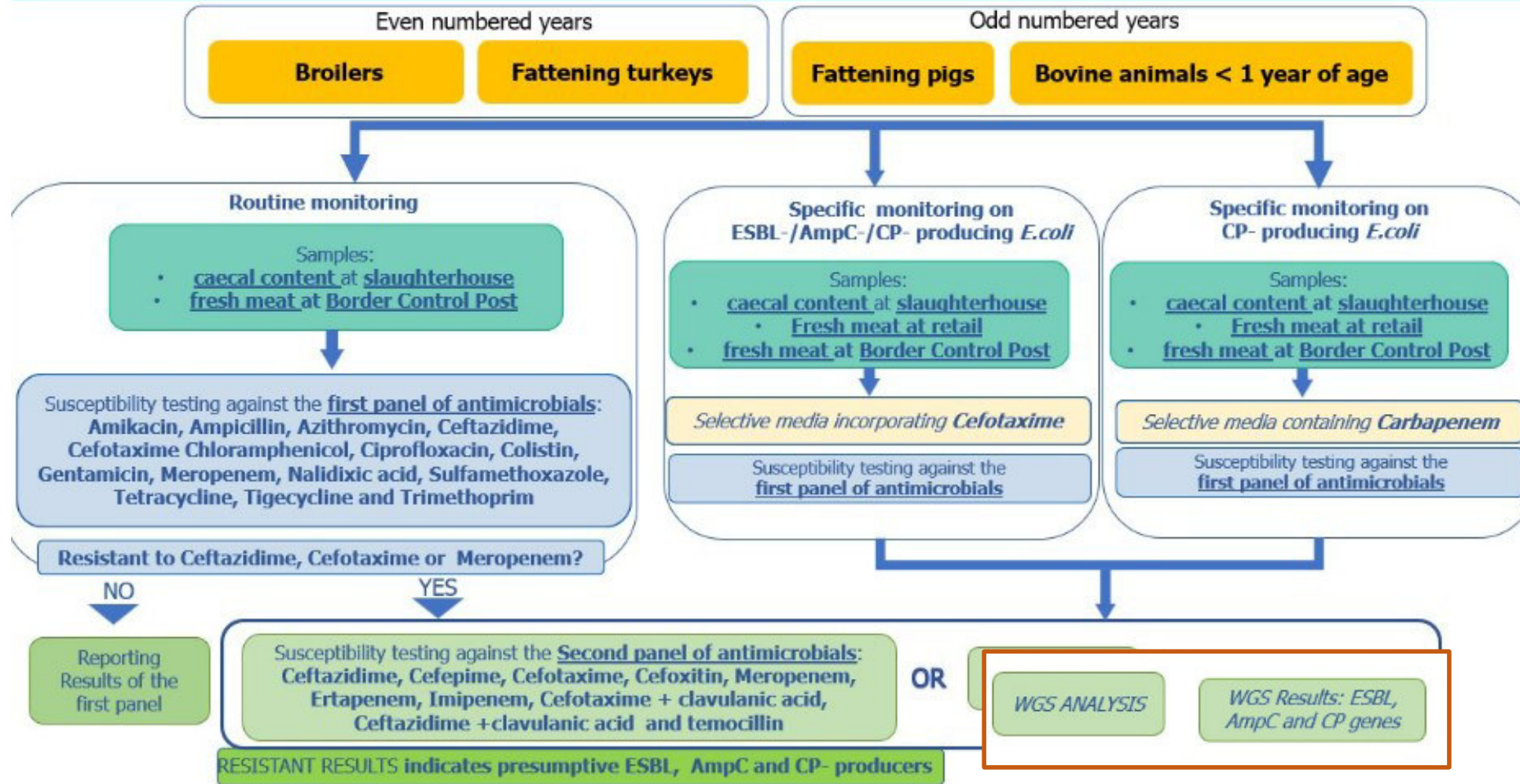
Esta norma ha sido elaborada por el comité técnico
CTN-UNE 34 *Productos alimentarios*, cuya secretaría
desempeña FIAB.

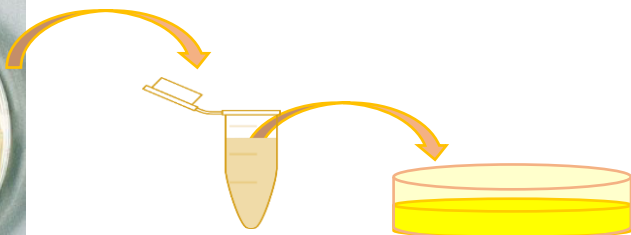
ESTUDIO DE RESISTENCIAS ANTIMICROBIANAS

DECISIÓN EJECUCIÓN COMISIÓN 2020/1729/UE



Indicator *E.coli*





ISO 20776-1:2019 Parte 1: “Método de referencia para ensayo de la actividad in vitro de agentes antimicrobianos frente a bacterias aeróbicas de crecimiento rápido implicadas en enfermedades infecciosas”.

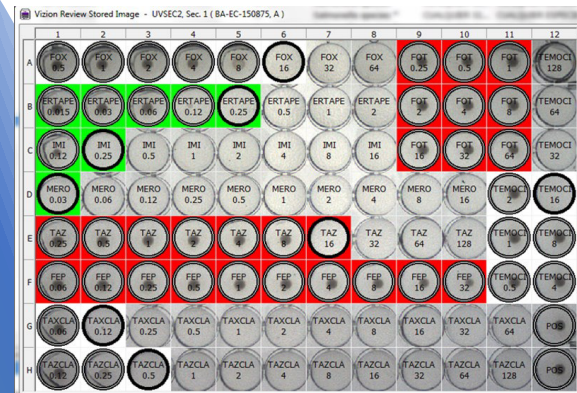


DTU Food
National Food Institute

Contents

Table of Contents

Important notes.....	4
Protocol	5
Bacterial isolation	5
DNA preparation and quality assessment	5
Library preparation	6
Sequencing	6
Assessment of the genomic sequence quality	7
AMR gene and point mutation prediction	9
Additional analysis and sub-typing	10
Proficiency test	10
Online training.....	10
References	11
Abbreviations and acronyms.....	12
Links	13



Protocolo para la secuenciación masiva del genoma y análisis bioinformático de aislados bacterianos para la vigilancia europea de la resistencia a los antimicrobianos

EUCLAR DTU FOOD



- The **number of reads** and **depth of coverage** should be as high as possible. There is no assessed cut-off numbers for these. The higher number of reads and depth of coverage indicate high amount of raw reads data to start with. The depth of coverage (C) can be calculated as the length of the reads (L) divided by the genome size (G) multiplied by the number of reads (N); **$C = N * (L/G)$** .
- The **average read length** should be similar to the expected read length from the selected sequencing platform.
- The **size of assembled genome** should deviate more than 0.5 million base-pairs from the expected genome size. If the deviation in the size of the assembled genome is greater than 0.5 million based-pair of expected genome size, this is an indication that the genome sequences are either contaminated, not the expected species or poor sequencing quality.
- The **total number of contigs** (after assembly) should be less than 500 contigs. A higher number of contigs indicates poor sequencing quality.
- **N50** indicates size of contigs in general. The higher N50 indicates the longer contigs in a genome. There is no general cut-off for N50, but some suggest using a N50 of >30 000 bp (Bortolaia et al. 2020).



AMR gene and point mutation prediction

Genomic sequences assessed to pass the QC demands are further analysed for the predicted presence of acquired AMR genes and chromosomal point mutations using the open access web-based tool ResFinder (also including PointFinder; Bortolaia et al. 2020). A recent review that describes with examples available tools and databases for antimicrobial resistance detection has been published (Hendriksen et al. 2019).

The EURL-AR recommends using the ResFinder tool v4.1 or newer, which is available from the CGE website (Developed, owned and curated by DTU; **Link 26**; and for local installation (**Link 27**)(Bortolaia et al. 2020).

For harmonisation of the AMR data reported by different laboratories, it is important to use the defined settings. The EURL-AR recommends running the ResFinder analysis on the contigs assembly files (.fasta) using the following settings, which are set as default:

For chromosomal point mutations:

- Select threshold for % ID: 90 %
- Select minimum length: 60 %

For acquired antimicrobial resistance genes:

Select all antimicrobial databases (default setting)

- Select threshold for % ID: 90 %
- Select minimum length: 60 %

Select species: as appropriate

Select type of your reads: Assembled genome/Contigs

laborat

rchivos

GE) o co

Chromosomal point mutations ☒

Select threshold for %ID

90 %

Select minimum length

60 %

☐ Show unknown mutations, not found in the database

Acquired antimicrobial resistance genes ☒

Select Antimicrobial configuration

Select multiple items, with Ctrl-Click (or Cmd-Click on Mac) - as default a

Aminoglycoside
Beta-lactam
Colistin
Fluoroquinolone
Fosfomycin
Fusidic Acid

Select threshold for %ID

90 %

Select minimum length

60 %

Acquired disinfectant resistance genes ☐

Select species

Campylobacter spp.*

*Chromosomal point mutation database exists

Select type of your reads

Assembled Genome/Contigs

- Trimming
- Formato del archivo
 - fastq a fasta
- Contaminaciones
 - KmerFinder para la determinación de la especie y checkear los parámetros de Calidad de la secuencia
- Assembly
 - SPAdes última versión



Links

Table 2:

Link#			
Link 1	DTU Food National Food Institute		
Link 2	Link 14	Library prep Nextera DNA Flex https://support.illumina.com/content/dam/illumina-support/documents/documentation/chemistry_documentation/illumina_prep/illumina-dna-prep-reference-guide-1000000025416-09.pdf	November 2021
Link 3	Link 15	Guide for quantification and QC of library prep https://emea.support.illumina.com/bulletins/2016/05/library-quantification-and-quality-control-quick-reference-guide.html	November 2021
Link 4	Link 16	Illumina instrument-specific sequencing reagents, flow cells, cluster generation reagents https://emea.illumina.com/products/by-type/sequencing-kits/cluster-gen-sequencing-reagents.html	November 2021
Link 5	Link 17	MiSeq https://support.illumina.com/content/dam/illumina-support/documents/documentation/system_documentation/miseq/miseq-denature-dilute-libraries-guide-15039740-10.pdf	November 2021
Link 6	Link 18	NextSeq https://emea.support.illumina.com/content/dam/illumina-support/documents/documentation/system_documentation/nextseq/nextseq-500-550-denature-dilute-libraries-guide-15048776-16.pdf	November 2021
Link 7	Link 19	Illumina experiment manager software guide https://support.illumina.com/downloads/illumina-experiment-manager-user-guide-15031335.html	November 2021
Link 8	Link 20	Cutadapt Trimming tool https://cutadapt.readthedocs.io/en/stable/guide.html	November 2021
Link 9	Link 21	Trimmomatic Trimming tool https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4103590/	November 2021
Link 10	Link 22	Guide to available web tools for assessment of genome quality http://www.engage-europe.eu/resources/protocols-and-training	November 2021
Link 11	Link 23	KmerFinder tool https://cge.cbs.dtu.dk/services/KmerFinder/	November 2021
Link 12	Link 24	SPAdes Assembly website http://cab.spbu.ru/software/spades/	November 2021
Link 13	Link 25	SPAdes EURL web-tool https://cae.cbs.dtu.dk/services/SPAdes-3.14/	November 2021
	Link 26		November
	Link 27	DTU Food National Food Institute	November
	Link 28	Link 29	November
		Link 30	November
		Link 31	November

Actualizado continuamente

Protocolo genérico: no hay un método que sirva para todos

Depende del laboratorio

Equipo

Rendimiento

Requisitos previos



Table H.1: ESBL genes detected in *E. coli* isolates from the specific monitoring of ESBL-/AmpC-/CP-producers in food-producing animals and meat derived thereof, by country, in 2021

ESBL encoding genes	Bovines under 1 year old		Bovine meat		Fattening pigs		Pig meat	
<i>bla</i> _{CTX-M-1}	299	103	418	4	382	94	466	16
<i>bla</i> _{CTX-M-2}	299	1	418	0	382	0	466	0
<i>bla</i> _{CTX-M-3}	299	2	418	1	382	2	466	0
<i>bla</i> _{CTX-M-8}	299	0	418	0	382	3	466	0
<i>bla</i> _{CTX-M-9}	299	0	418	0	382	1	466	0
<i>bla</i> _{CTX-M-11}	299	2	418	2	382	4	466	1
<i>bla</i> _{CTX-M-15}	299	60	418	2	382	25	466	2
<i>bla</i> _{CTX-M-27}	299	0	418	0	382	1	466	0
<i>bla</i> _{CTX-M-32}	299	6	418	0	382	2	466	0
<i>bla</i> _{CTX-M-55}	299	6	418	0	382	2	466	1
<i>bla</i> _{CTX-M-65}	299	4	418	0	382	1	466	0
<i>bla</i> _{SHV-12}	299	5	418	0	382	2	466	0
<i>bla</i> _{TEM-52}	299	1	418	0	382	2	466	0
<i>bla</i> _{TEM-207}	299	1	418	0	382	0	466	0

ESBL

AmpC CMY-2

CP –
OXA -181
NMD-5
OXA-48

LABISOLCODE	Reason	zoonosis	AMP	AZI	AMI	GEN	TGC	TAZ	FOT	COL	NAL	TET	TMP	SMX	CHL	MERO	CIP	FOX	ETP	IMI	MERO	TAZ	FEP
200202	AmpC	E. coli	> 32	16	≤ 4	≤ 0.5	≤ 0.25	2	> 4	≤ 1	> 64	≤ 2	≤ 0.25	≤ 8	≤ 8	≤ 0.03	0.25	8	≤ 0.015	≤ 0.12	≤ 0.03	1	16
								blaC TX- M-14	blaCTX M-14-M-14		gyrA (p.S83L)						gyrA (p.S83 L)					blaC TX- M-14	blaCT X-M- 14
200302	ESBL	E. coli	> 32	4	≤ 4	≤ 0.5	≤ 0.25	> 8	> 4	≤ 1	> 64	> 32	> 16	> 512	64	≤ 0.03	0.25	8	≤ 0.015	0.25	≤ 0.03	32	1
								blaS HV- 12	blaSH V-12		gyrA (p.S83L)		tet(A)	dfrA1	sul3	cmlA1		gyrA (p.S83 L)				blaS HV- 12	blaSH V-12
200339	ESBL	E. coli	> 32	4	8	≤ 0.5	≤ 0.25	1	> 4	≤ 1	64	≤ 2	≤ 0.25	≤ 8	≤ 8	≤ 0.03	0.25	4	≤ 0.015	≤ 0.12	≤ 0.03	1	8
								blaC TX- M-1	blaCTX M-1-M-1		gyrA (p.S83L)						gyrA (p.S83 L)					blaC TX- M-1	blaCT X-M-1
200462	ESBL AZM-R	E. coli	> 32	> 64	≤ 4	≤ 0.5	≤ 0.25	0.5	> 4	≤ 1	> 64	> 32	> 16	> 512	64	≤ 0.03	> 8	4	≤ 0.015	≤ 0.12	≤ 0.03	0.5	2
				mef(C)- mph(G)					blaCTX -M-14		gyrA (p.S83L), gyrA (p.D87N)		tet(B)	dfrA1 2	sul3	cmlA1		gyrA (p.S83 L)				blaCT X-M- 14	
201009	AmpC	E. coli	> 32	4	≤ 4	> 16	≤ 0.25	8	> 4	≤ 1	> 64	≤ 2	≤ 0.25	≤ 8	≤ 8	≤ 0.03	> 8	64	0.06	≤ 0.12	≤ 0.03	8	0.25
								blaC MY-2Y-2	blaCM MY-2Y-2		gyrA (p.S83L), gyrA (p.D87N)						gyrA (p.S83 L)	blaC MY- 2				blaC MY- 2	(blaC MY-2) b



APOYO EN LA INVESTIGACIÓN

DE BROTES DE TRANSMISIÓN ALIMENTARIA



ESTUDIO DE RESISTENCIAS ANTIMICROBIANAS

DECISIÓN EJECUCIÓN COMISIÓN 2020/1729/UE



MINISTERIO
DE DERECHOS SOCIALES, CONSUMO
Y AGENDA 2030



agencia
española de
seguridad
alimentaria y
nutrición



50 ANIVERSARIO
CENTRO NACIONAL
DE ALIMENTACIÓN

Garantizar que los datos WGS notificados a la EFSA se obtengan de forma armonizada y comparable:

Muy importante

Asegurando el control de calidad de la secuencia

Usando los mismos criterios de control de calidad

Análisis armonizado

Utilizando los mismos métodos y configuraciones para el análisis

Informar datos adecuados



MINISTERIO
DE DERECHOS SOCIALES, CONSUMO
Y AGENDA 2030



50 ANIVERSARIO
CENTRO NACIONAL
DE ALIMENTACIÓN

Inter-European Union Reference Laboratories Working Group on Next Generation Sequencing

🕒 Published 18/10/2023 - Edited 23/05/2024

The Inter-European Union Reference Laboratories (EURLs) Working Group (WG) has been established by the European Commission with the aim to promote the use of Next Generation Sequencing (NGS) across the EURLs' networks, build NGS capacity within the EU and ensure liaison with the work of the EURLs and the work of EFSA and ECDC on the NGS mandate sent by the Commission. The WG includes all the EURLs operating in the field of the microbiological contamination of food and feed and is coordinated by the EURL for *E. coli*.

Membership of the Inter EURL WG on NGS:

EURL *E. coli* (coordinator)

EURL *Listeria monocytogenes*

EURL CPS

EURL *Salmonella*

EURL *Campylobacter*

EURL Parasites

EURL AR

EURL Food borne viruses

Observers: SANTE G4, EFSA, ECDC



MINISTERIO
DE DERECHOS SOCIALES, CONSUMO
Y AGENDA 2030



50 ANIVERSARIO
CENTRO NACIONAL
DE ALIMENTACIÓN

Overview of conducted and planned PTs – a cura dell'EURL Antimicrobial Resistance



Overview of conducted and planned PTs – curated by EURL Antimicrobial Resistance



Reference Whole Genome Sequencing collection – curated by EURL Salmonella



Guidance document for WGS-laboratory procedures – curated by EURL Parasites



Bioinformatics tools for basic analysis of Next Generation Sequencing data – curated by EURL VTEC



Guidance document for Whole Genome Sequencing - cluster analysis – curated by EURL Campylobacter



Guidance document for NGS-Benchmarking – curated by EUR



Inventory of training supports – curated by EURL Coagulase Positive Staphylococci



Survey on the use of NGS across the NRLs networks – curated by EURL VTEC



Proficiency Tests on Next Generation Sequencing: approaches in use at the European Union Reference Laboratories (Webin September, 2023)



Inter-EURLs Working Group on NGS (NEXT GENERATION SEQUENCING)



Foreword

The working group (WG) has been established by the European Commission with the aim to promote the use of Next Generation Sequencing (NGS), and in particular Whole Genome Sequencing (WGS), across the networks of the European Union Reference Laboratories (EURLs) to improve WGS capacity within the European Union (EU) and ensure liaison between the EURLs, the European Food Safety Authority (EFSA) and the European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC) activities concerning the WGS mandate sent by the Commission. The WG includes all the EURLs operating in the field of the microbiological contamination of food and feed. The present document represents a deliverable of the WG and is meant to be dispatched to the respective networks of the National Reference Laboratories (NRLs).

Guidance document for WGS-laboratory procedures

Simone M. Cacciò, EURL for Parasites

Istituto Superiore di Sanità, Rome, Italy

Deliverable 3
Date of creation March 22, 2021

Version 01

page 1



Inter-EURLs Working Group on NGS (NEXT GENERATION SEQUENCING)



Foreword

The WG has been established by the European Commission with the aim to promote the use of NGS across the EURLs' networks, build NGS capacity within the EU and ensure liaison with the work of the EURLs and the work of EFSA and ECDC on the NGS mandate sent by the Commission. The WG includes all the EURLs operating in the field of the microbiological contamination of food and feed and this document represents a deliverable of the WG and is meant to be diffused to all the respective networks of NRLs.

Bioinformatics tools for basic analysis of Next Generation Sequencing data

Valeria Michelacci

European Union Reference Laboratory for *E. coli* including Verotoxigenic *E. coli* (VTEC),

Istituto Superiore di Sanità, Rome, Italy



Co-funded by the European Union. Views and opinions expressed are however those of the authors only and do not necessarily reflect those of the European Union or the European Health and Digital Executive Agency (HaDEA). Neither the European Union nor HaDEA can be held responsible for them.

Deliverable 4
Date of creation January 10th, 2024

Version 03

page 1

Inter-EURLs Working Group on NGS (NEXT GENERATION SEQUENCING)



Foreword

The WG has been established by the European Commission with the aim to promote the use of NGS across the EURLs' networks, build NGS capacity within the EU and ensure liaison with the work of the EURLs and the work of EFSA and ECDC on the NGS mandate sent by the Commission. The WG includes all the EURLs operating in the field of the microbiological contamination of food and feed and this document represents a deliverable of the WG and is meant to be diffused to all the respective networks of NRLs.

Guidance document for cluster analysis of whole genome sequence data

Version 02



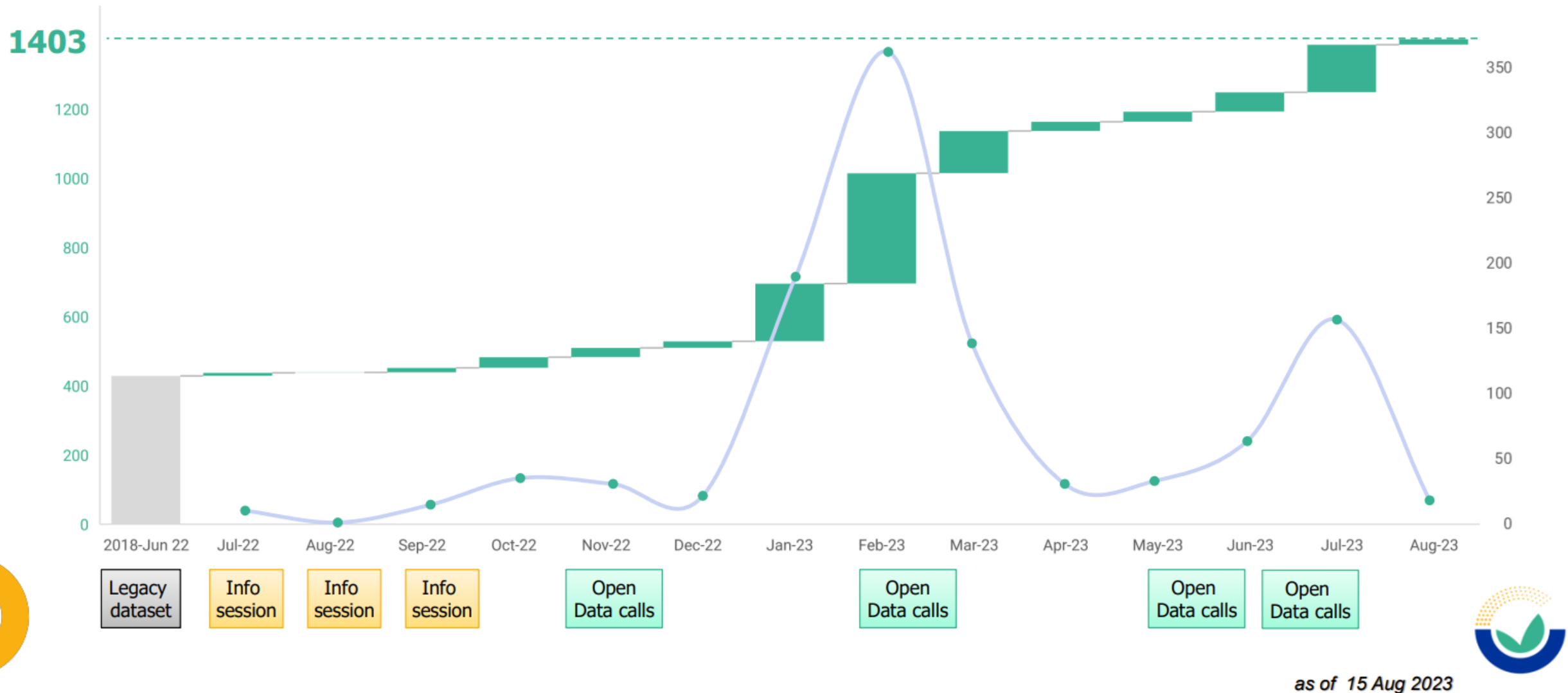
Funded by the European Union. Views and opinions expressed are however those of the authors only and do not necessarily reflect those of the European Union or the European Health and Digital Executive Agency (HaDEA). Neither the European Union nor HaDEA can be held responsible for them.

Deliverable 5

Version 02 (28 April 2022)

page 1

Contribuciones de los EM /evolución del sistema



MUCHAS GRACIAS



MINISTERIO
DE DERECHOS SOCIALES, CONSUMO
Y AGENDA 2030



agencia
española de
seguridad
alimentaria y
nutrición

50

50 ANIVERSARIO
CENTRO NACIONAL
DE ALIMENTACIÓN

*Cuidando de ti
desde el laboratorio*



Centro
Nacional de
Alimentación