

# *Helgenomsekvensering – muligheter og konsekvenser for laksenæringen*

FAGDAG OM LISTERIAKONTROLL, GARDERMOEN, 13. NOVEMBER 2019



Annette Fagerlund  
Forsker



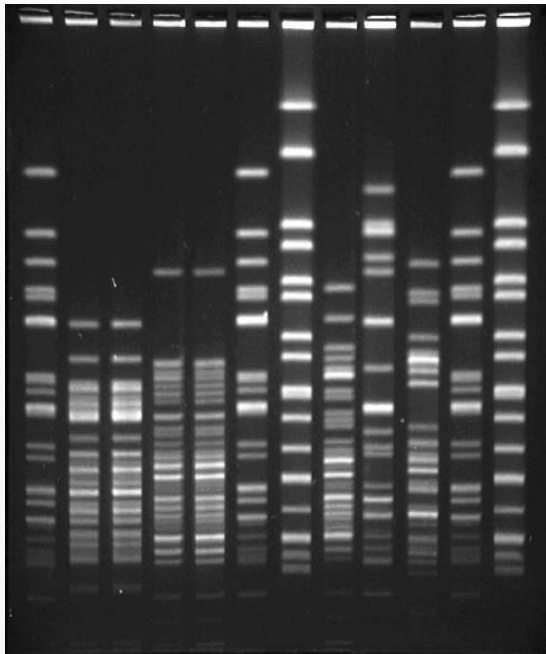
# Typing av matbårne patogener - **HVORFOR?**



- Overvåkning
- Oppklare utbrudd
- Spore kilde til kontaminert mat

# Rettsgenetikk for mikroorganismer

Tradisjonelle typingsmetoder vs. helgenomsekvensering (Whole Genome Sequencing; WGS):



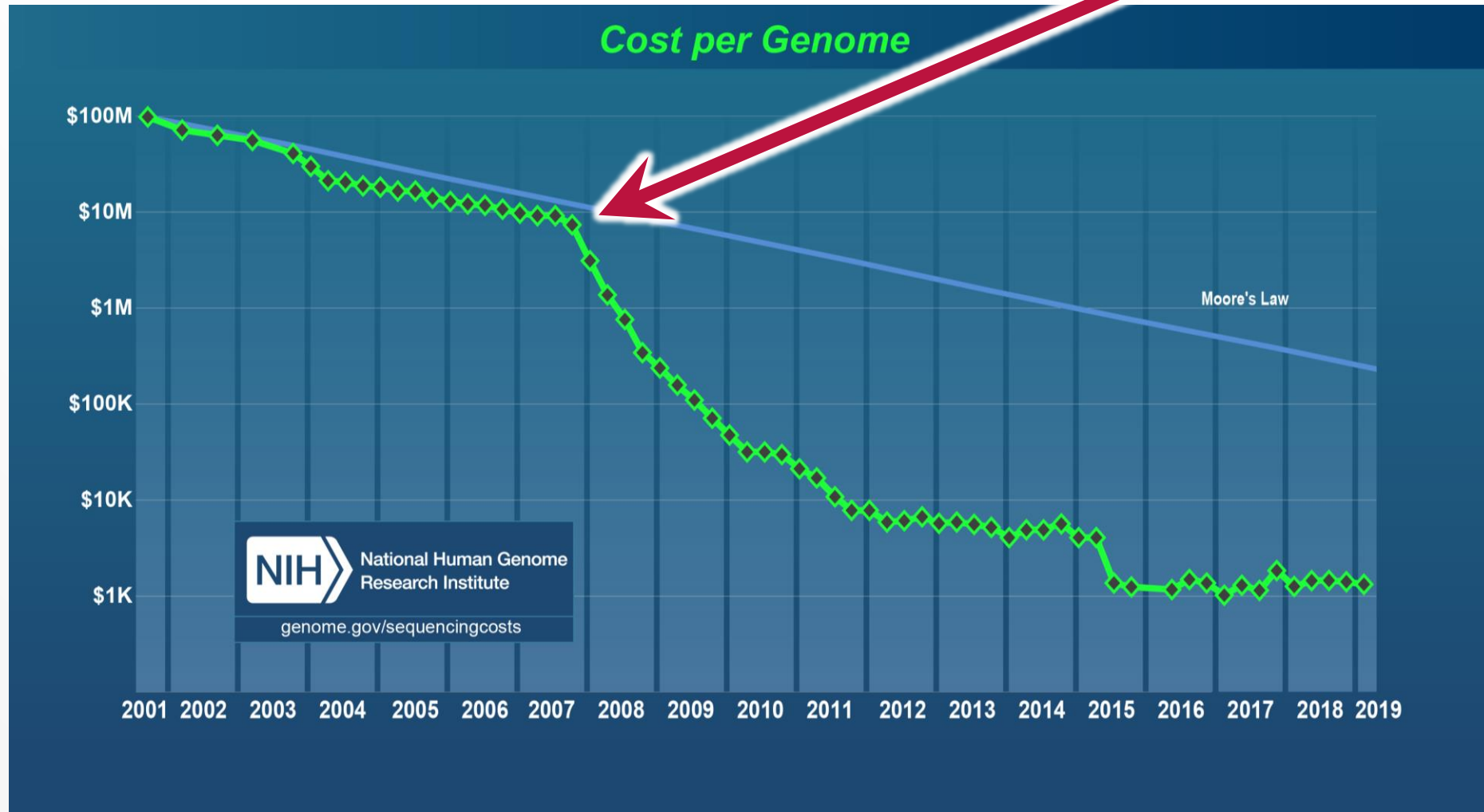
Pulsfelt typing



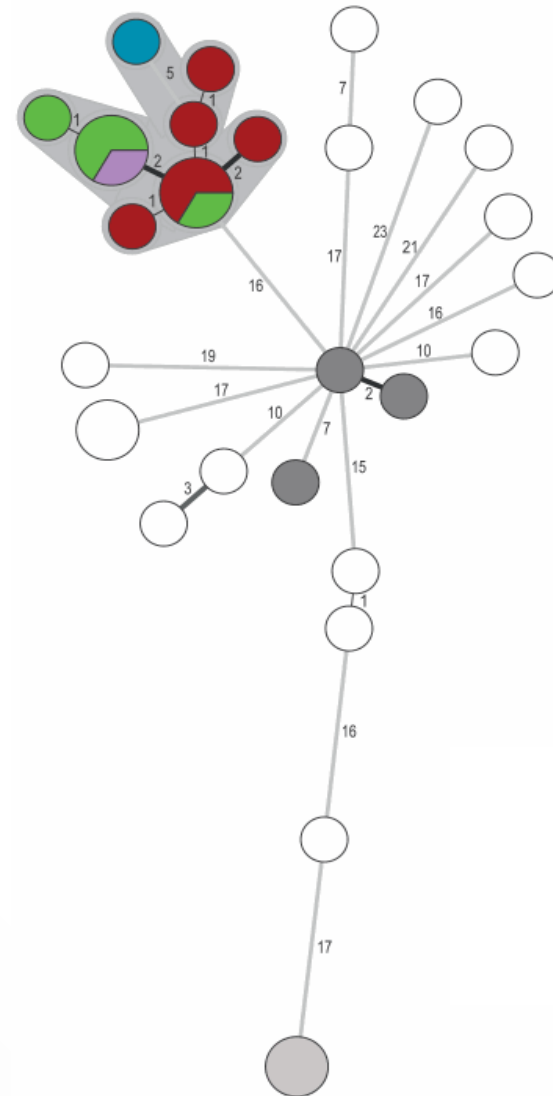
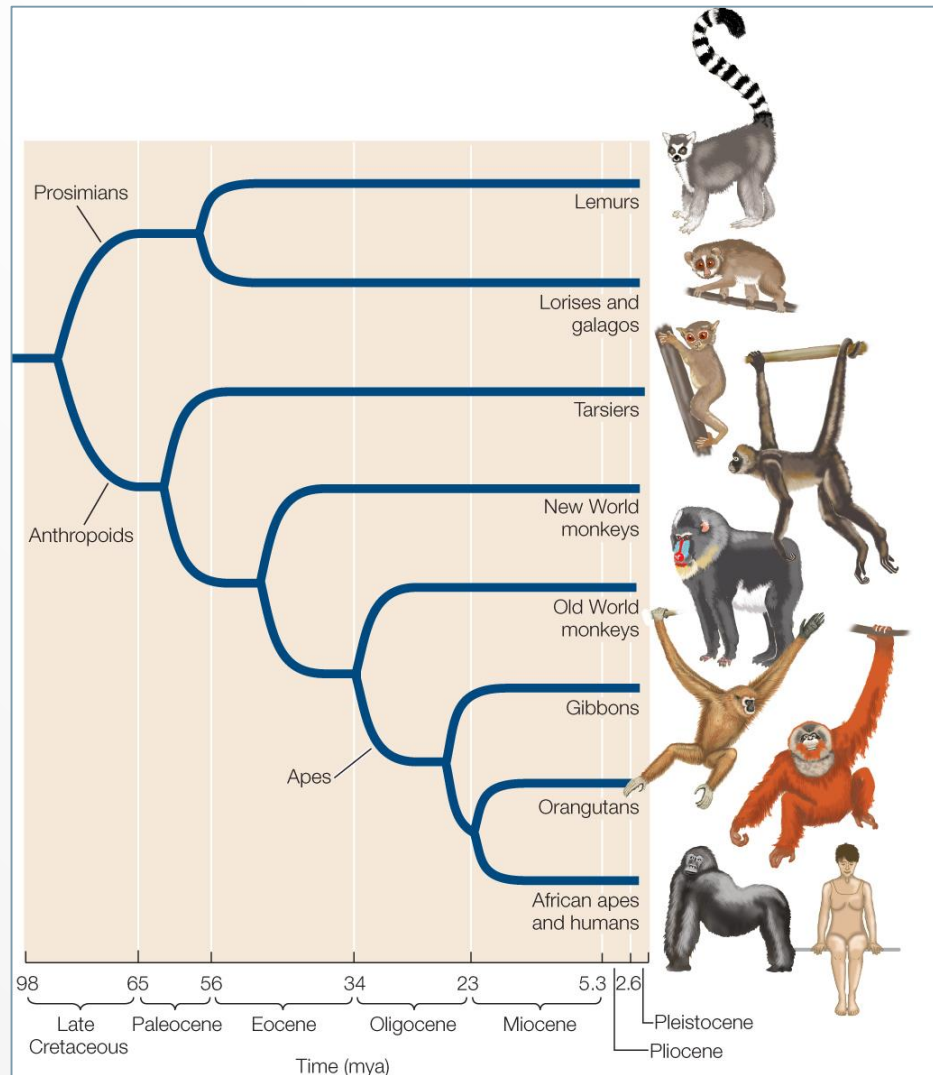
Slik ser en WGS sekvens ut  
(3 millioner bokstever for *Listeria*)

# DNA sekvensering blir stadig rimeligere

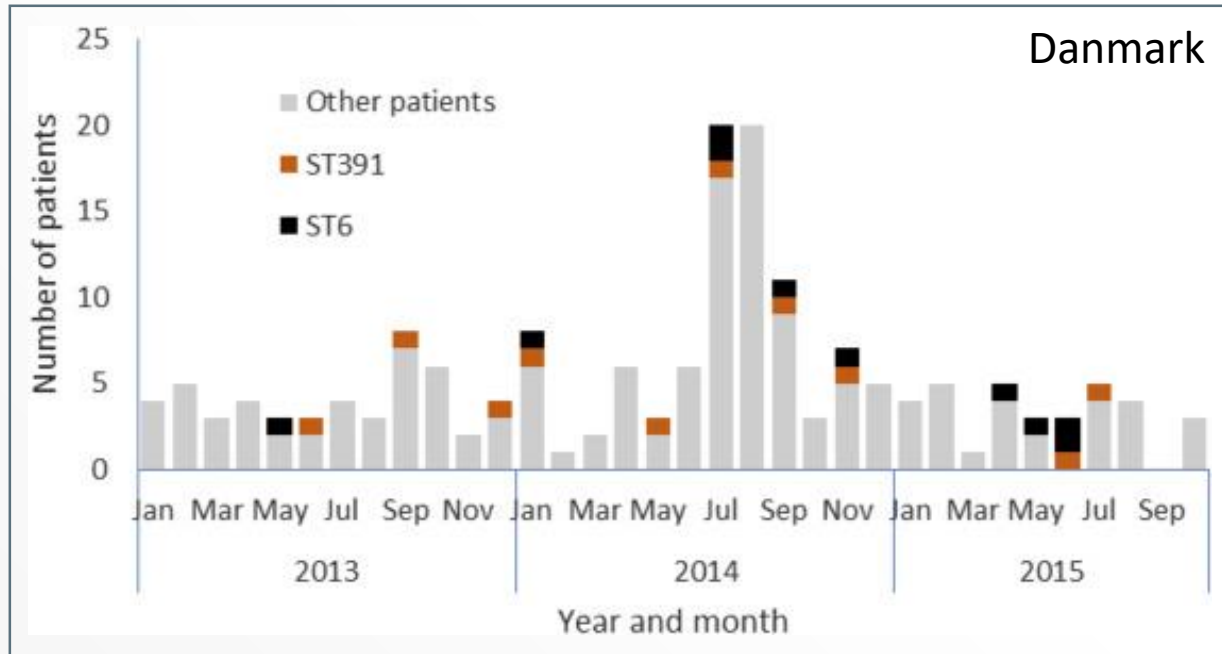
Next-generation sequencing (NGS) technology



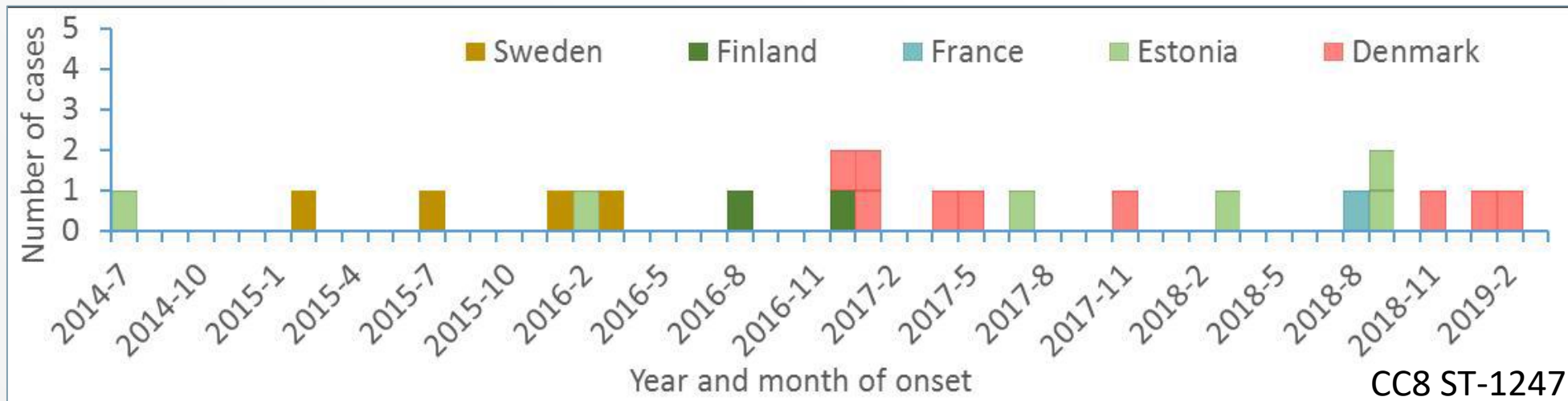
# Biologisk slektskap og fylogenetiske trær



# Oppklaring av listeriose-utbrudd som skyldes smitte fra laks



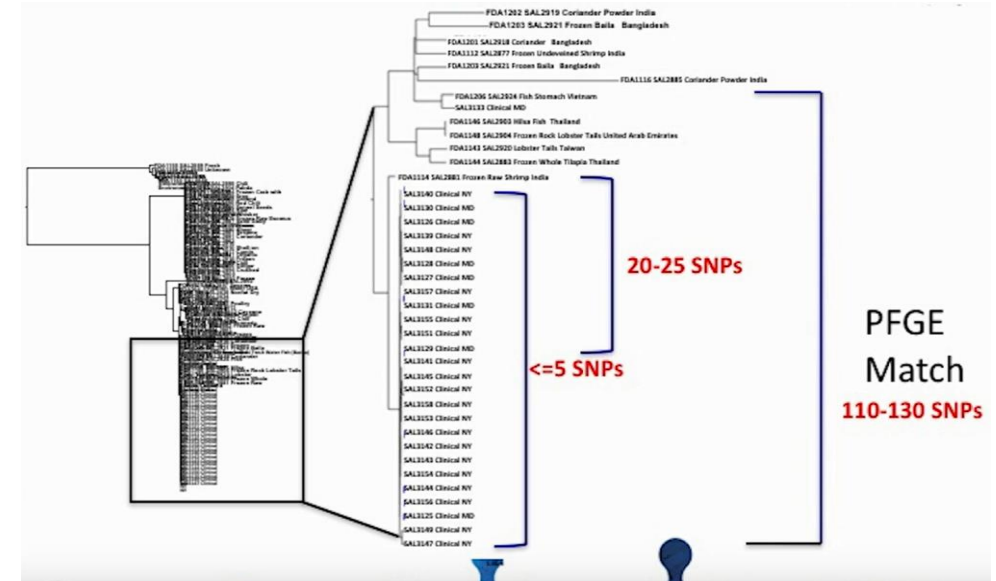
- En rekke isolerte tilfeller var i virkeligheten to utbrudd
- Kaldrøkt og gravet fisk ser ut til å være kilde til flere listeriose-tilfeller enn tidligere antatt
- Internasjonalt samarbeid gir deteksjon av multinasjonale utbrudd



# Salmonella enterica serovar Bareilly

## USA, tunfisk, 2012

Isolater fra hele verden knyttet sammen

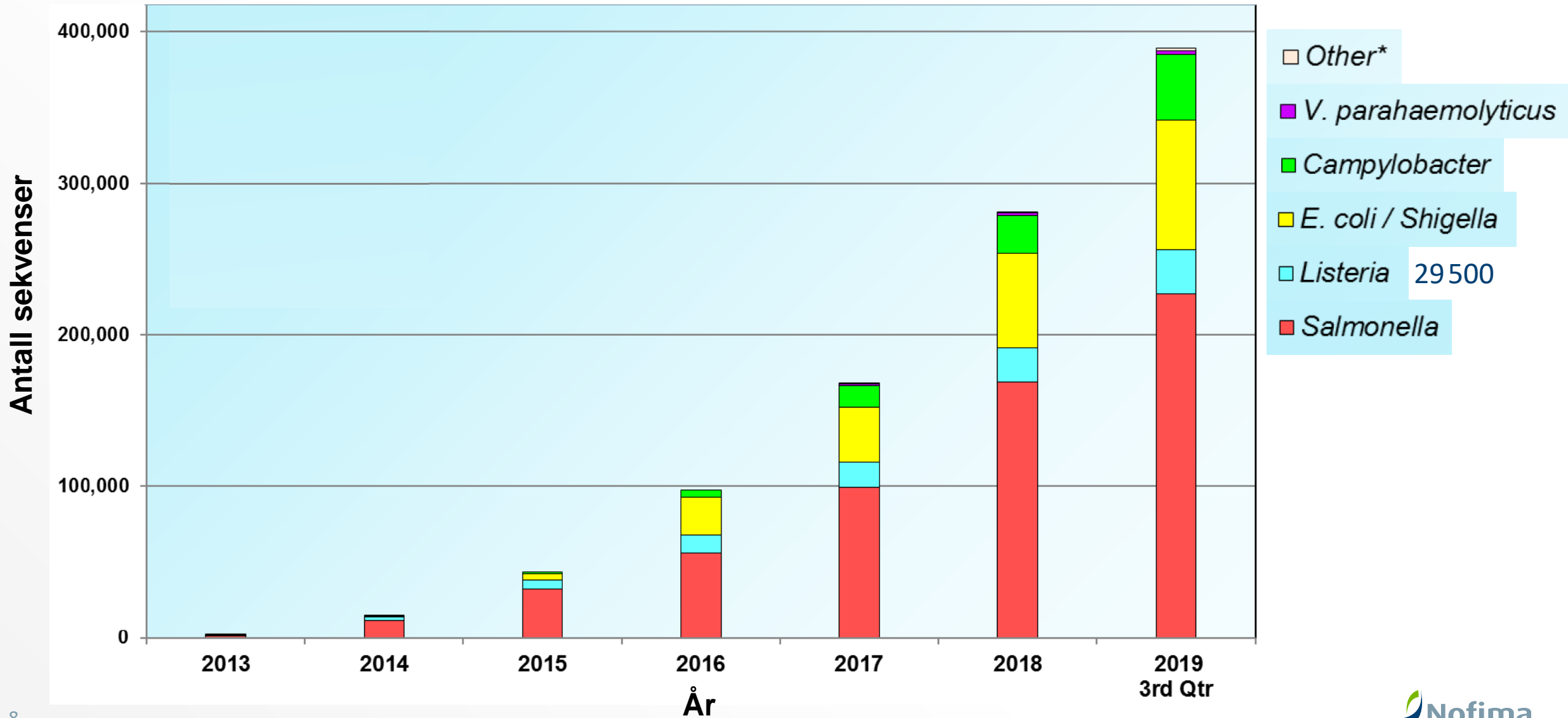


- CDC investigated a multistate (29 states) outbreak
- 410 confirmed cases between January 1st and July 7th, 2012
- Among the 326 case patient, 55 (17%) had been hospitalized
- Tuna was implicated as source of this outbreak
- At this time no reference genome was available at NCBI



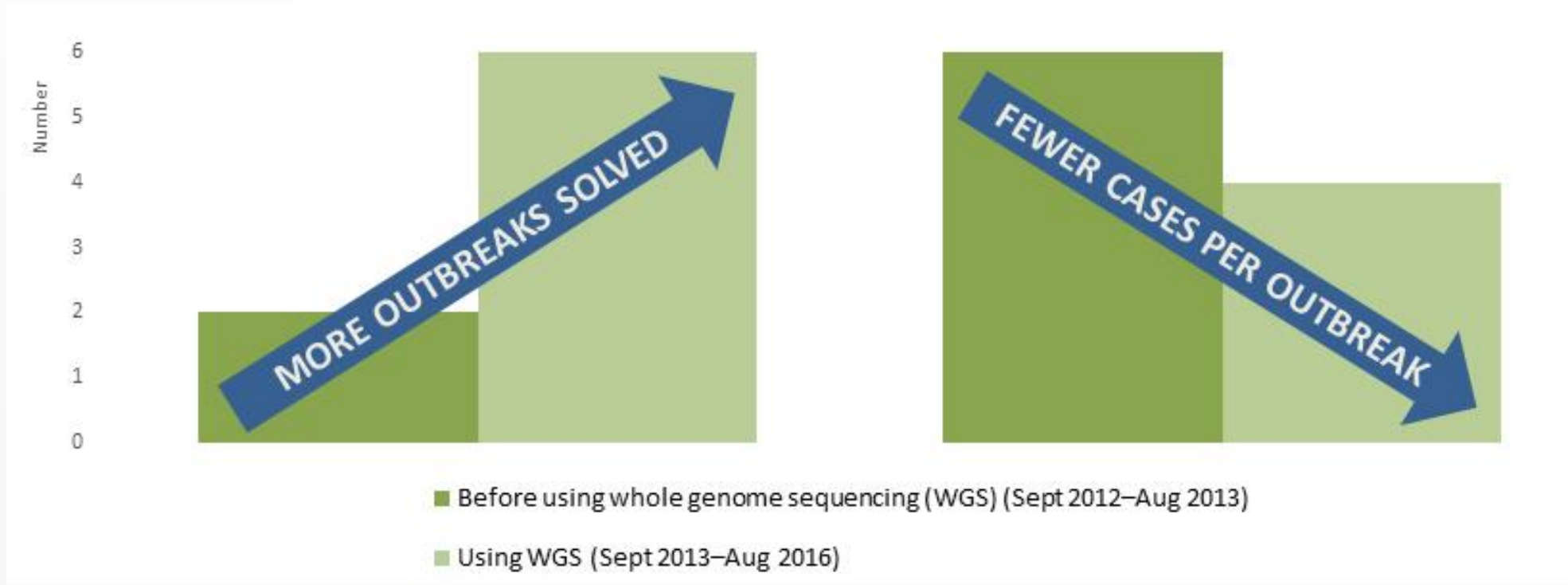
# Totalt antall sekvenser i GenomeTrakr databasen

NCBI Pathogen Detection <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pathogens/>





# Helgenomsekvensering reduserer antall tilfeller av *Listeria*-sykdom

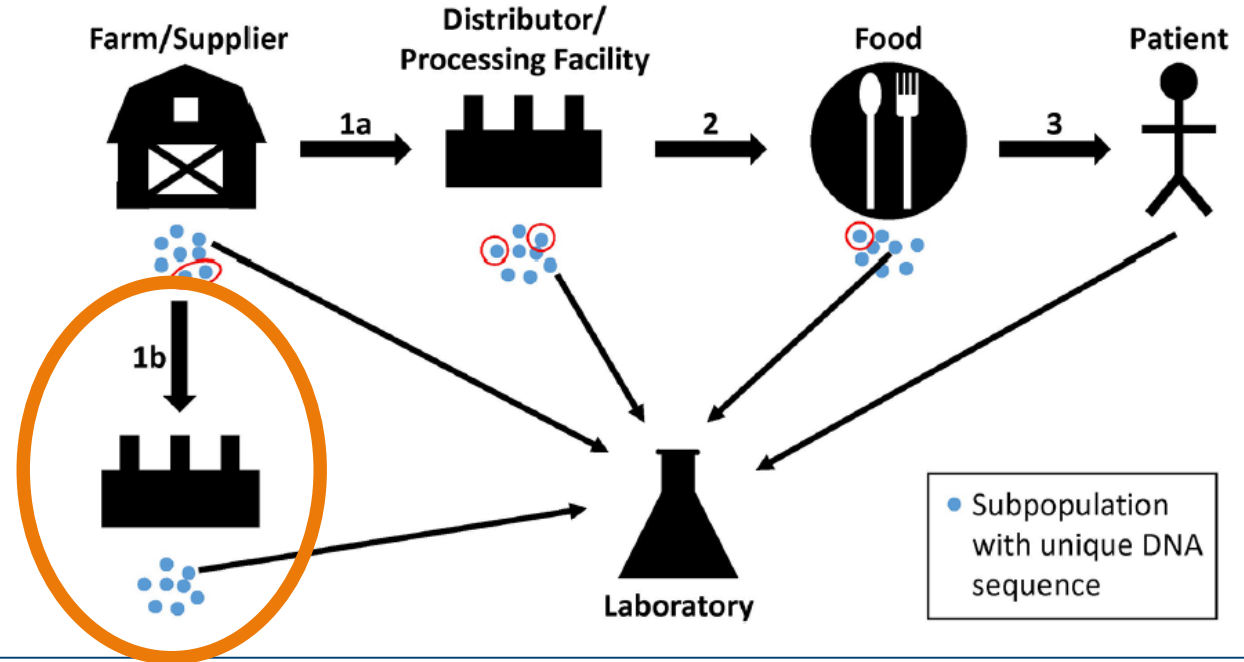


<https://www.cdc.gov/listeria/surveillance/whole-genome-sequencing.html>

# Interpreting Whole-Genome Sequence Analyses of Foodborne Bacteria for Regulatory Applications and Outbreak Investigations

Arthur W. Pightling\*, James B. Pettengill, Yan Luo, Joseph D. Baugher, Hugh Rand and Errol Strain

Biostatistics and Bioinformatics, Center for Food Safety and Applied Nutrition, U.S. Food and Drug Administration, College Park, MD, United States

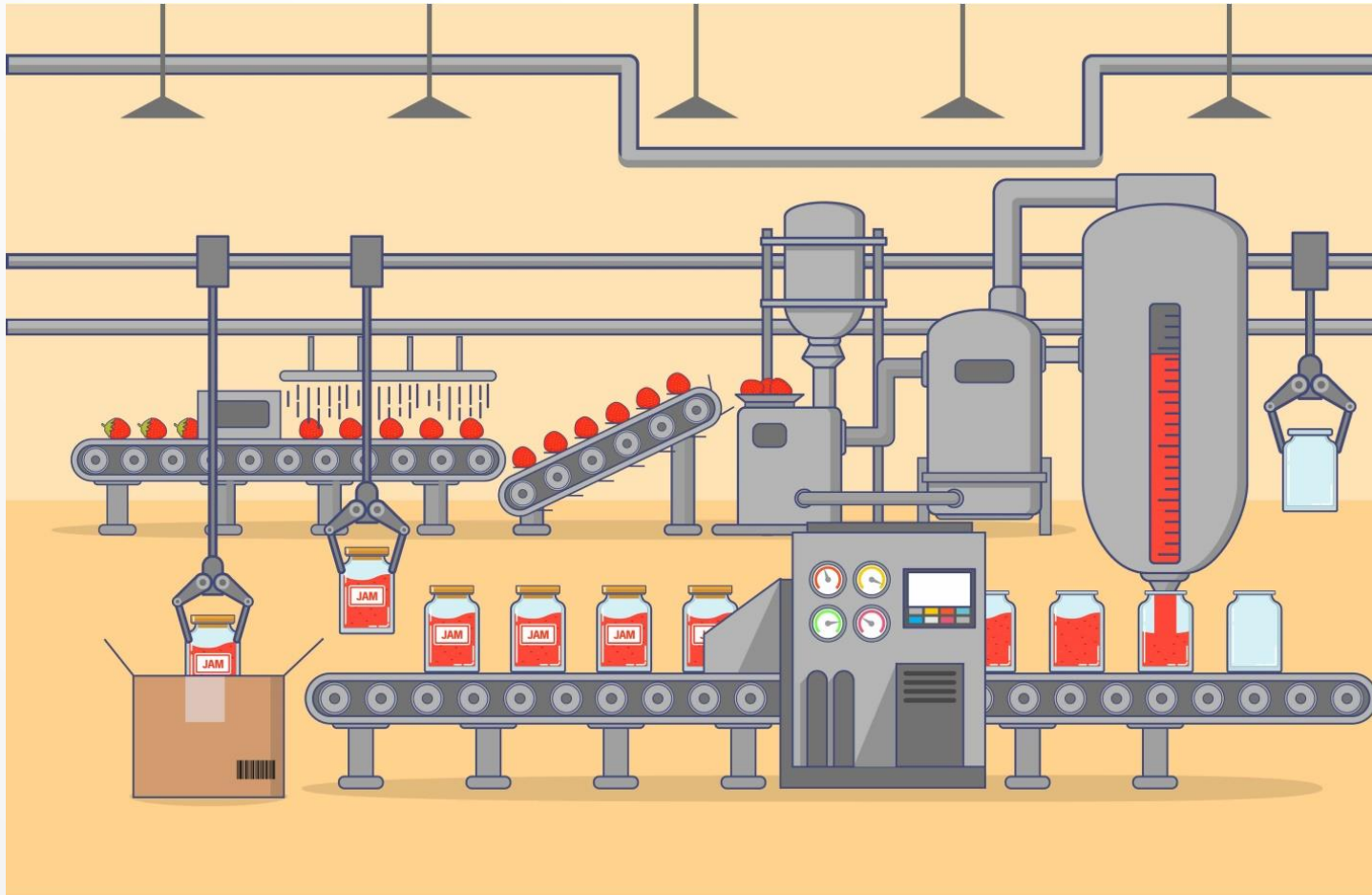
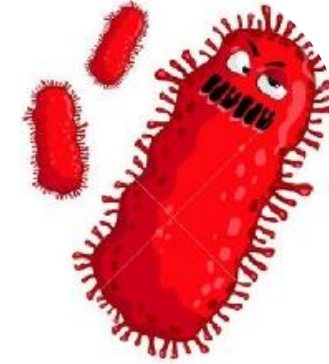


Råvareleverandører kan ha mer enn en kunde, dermed kan genetisk identiske bakterier spres til mange distributører eller næringsmiddelbedrifter.

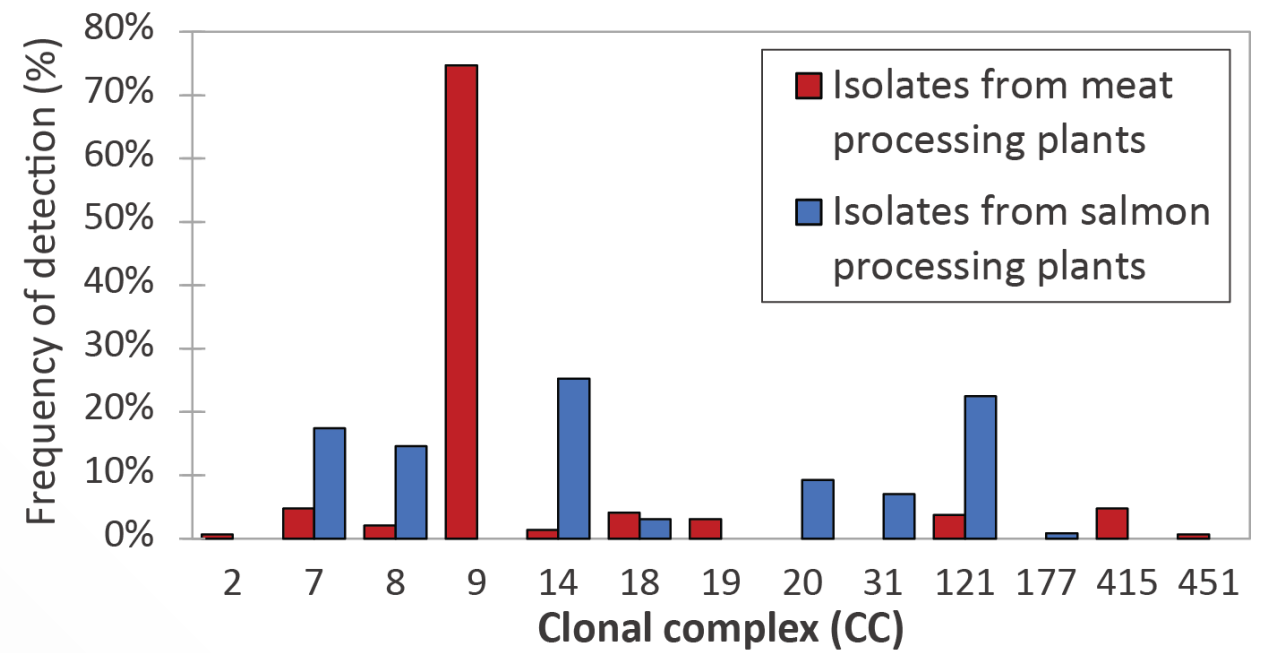
## CHALLENGES AND LIMITATIONS

- Bevis for at to isolater har samme genetiske opphav betyr ikke nødvendigvis at det finnes en link mellom isolatene
- Epidemiologi og bevis fra tradisjonell smittesporing er helt nødvendig for å antyde smittekilde
- Databaser (som GenomeTrakr) representerer ikke den totale diversiteten av bakterier i prosesseringsanlegg

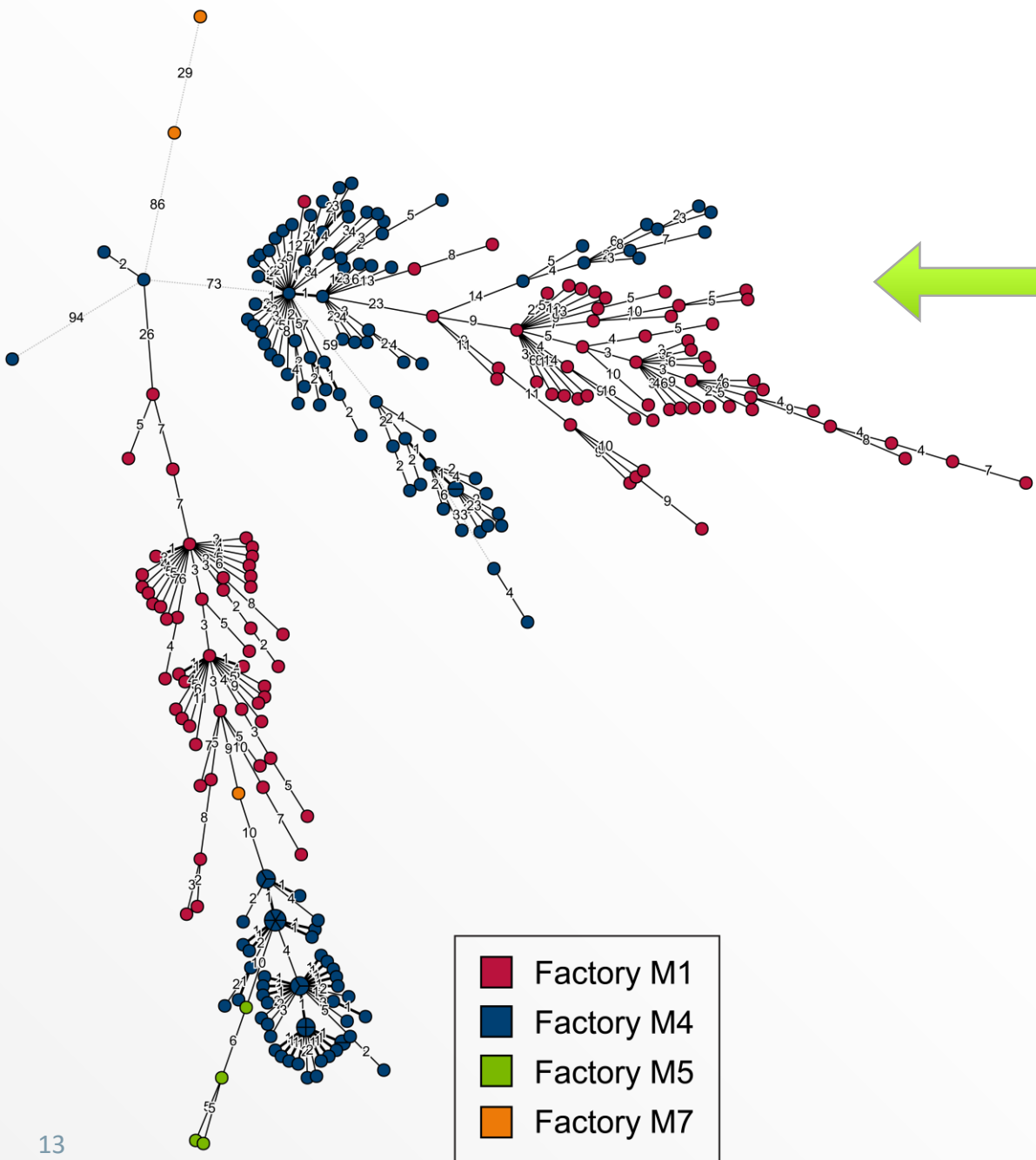
# Muligheter for bruk av WGS i matindustrien



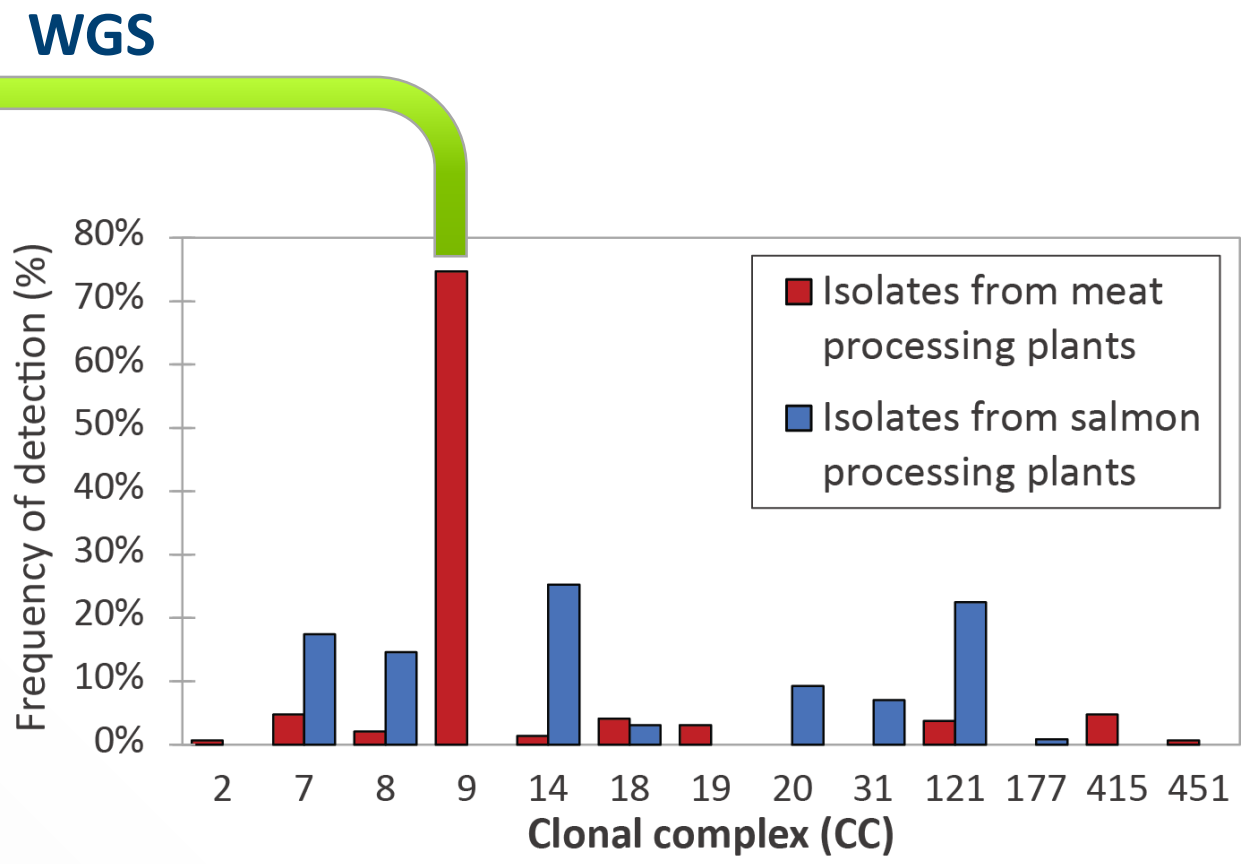
- Spore kontaminasjonskilder
- Detektere kryss-kontaminasjon
- Overvåke råvarer
- Sammenligne med eksterne stammer
- Detektere resistens mot desinfeksjonsmidler (eks. QAC)
- Detektere forskjeller i virulens



Møretrø et al (2017). *Int J Food Microbiol* **241**:215

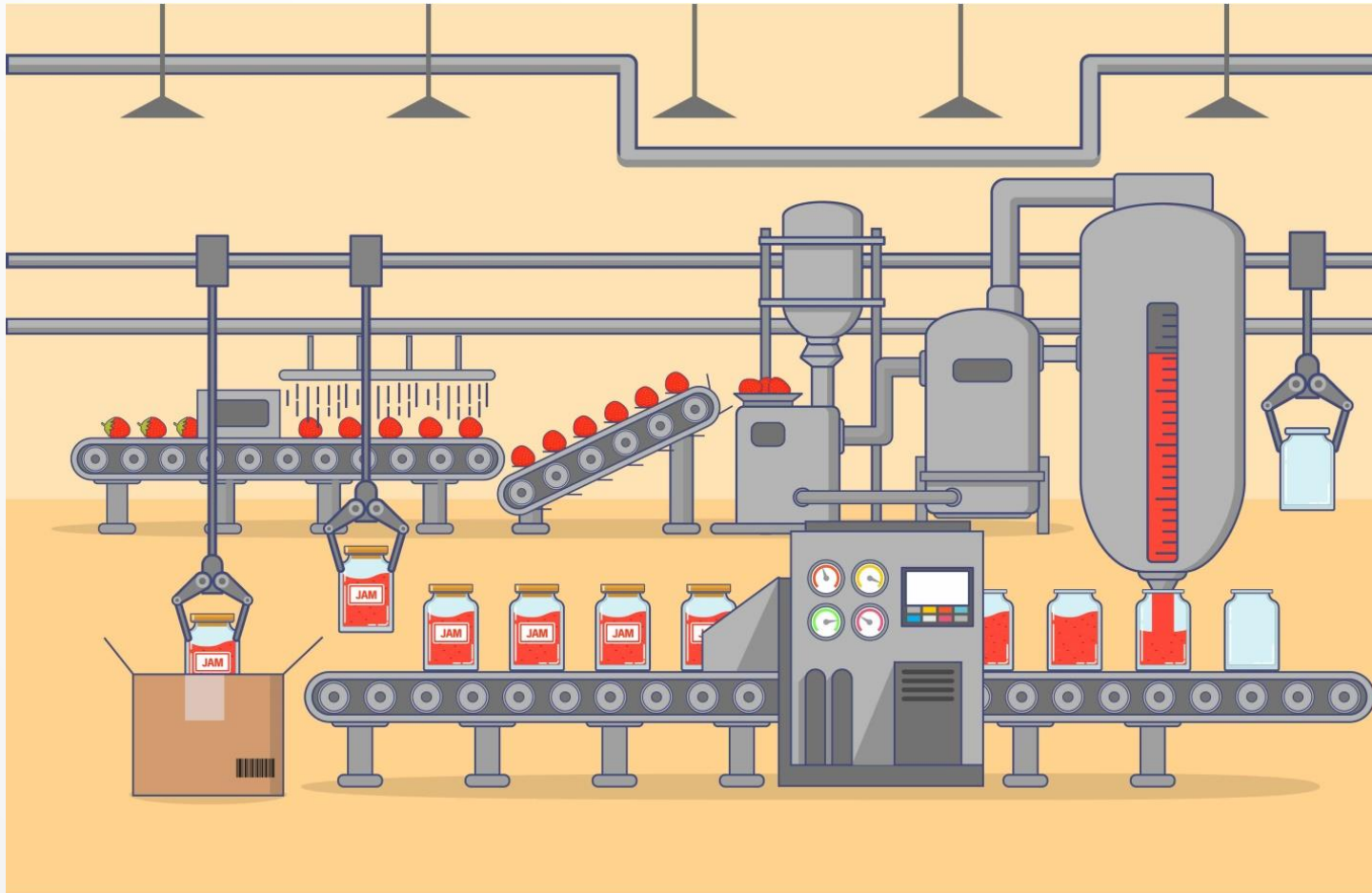
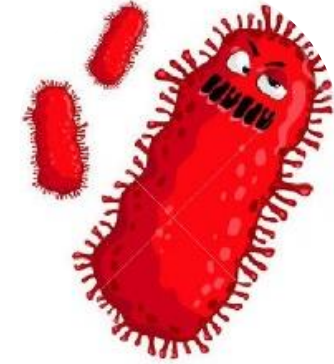


- Factory M1
- Factory M4
- Factory M5
- Factory M7



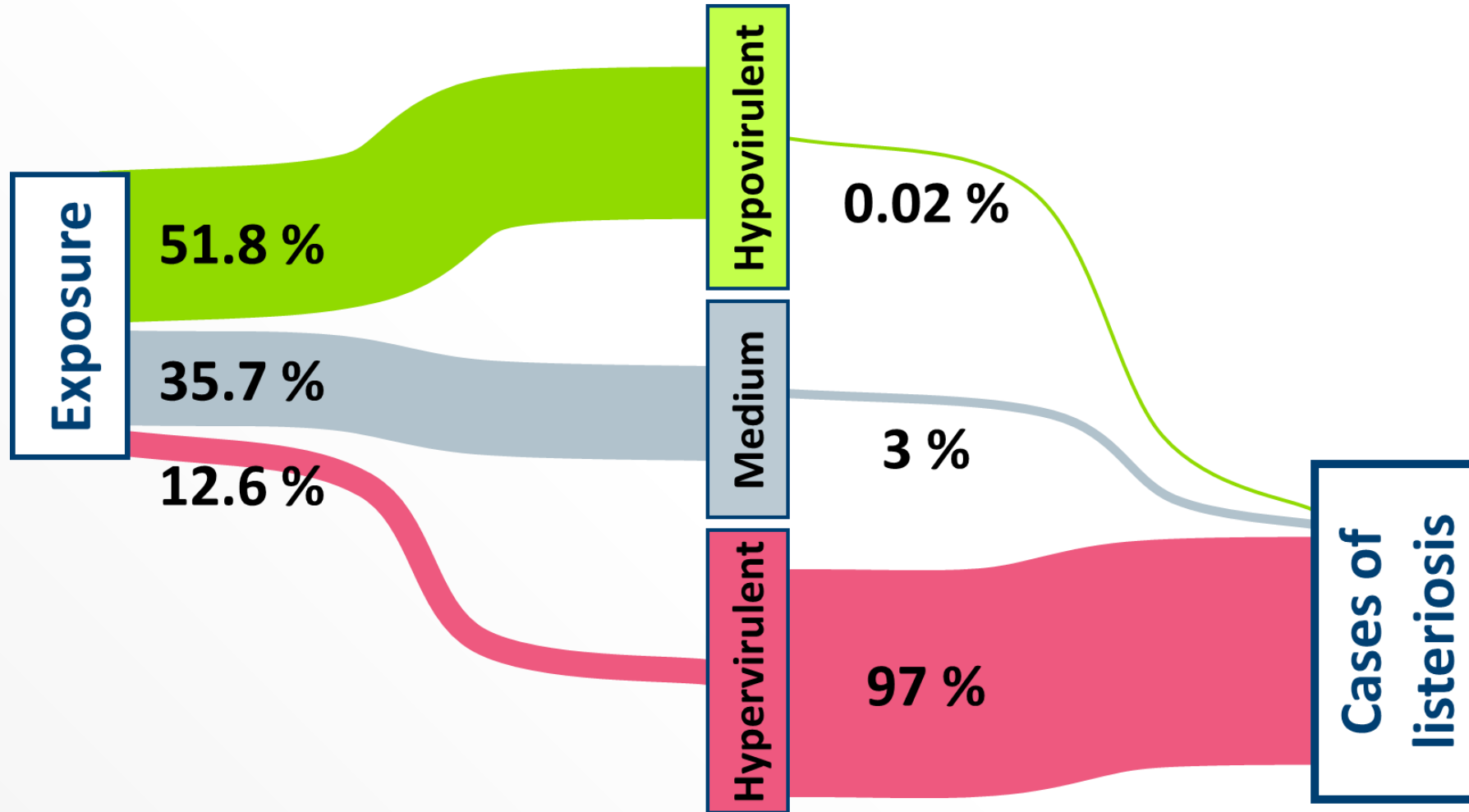
Mørseth et al (2017). *Int J Food Microbiol* 241:215

# Muligheter for bruk av WGS i matindustrien



- Spore kontaminasjonskilder
- Detektere kryss-kontaminasjon
- Overvåke råvarer
- Sammenligne med eksterne stammer
- Detektere resistens mot desinfeksjonsmidler (eks. QAC)
- Detektere forskjeller i virulens

# Alle *Listeria* stammer er ikke like farlige



# PathoSeq prosjektet – Fremtidsvisjon – Flaskehalsler?

*PathoSeq: Food safety with high precision – Pathogenomics for the food industry*

<https://prosjektbanken.forskingsradet.no/#/project/NFR/294910>



Globale databaser



Lovgivning og regulatoriske barrierer?



Integrere WGS i bedriftenes overvåkingsprogram for *Listeria*



Mobile sekvenseringsteknologier





**Takk for  
oppmerksomheten!**

Annette Fagerlund  
Forsker / PhD

✉ [annette.fagerlund@nofima.no](mailto:annette.fagerlund@nofima.no)

🌐 <https://nofima.no/prosjekt/pathoseq/>