

Bijlage 2 Woordenlijst

Bronnen

1. EFSA BIOHAZ panel. (2019). Whole genome sequencing and metagenomics for outbreak investigation, source attribution and risk assessment of food-borne microorganisms. *EFSA Journal*, 17, e05898.
2. Bertucci M. (2020) Bio-prospecting for new carbohydrate active enzymes from the microbiomes of the termite gut and anaerobic digester: an omics mediated approach. Ph.D. Thesis. UCLouvain, 250 pp.

16S analyse

Studie van de bacteriële 16S rRNA-genen leidend tot de bacteriële gemeenschapsstructuur van het bestudeerde omgeving (microbioom).

Assemblage

Output van het proces van aligneren en samenvoegen van sequencing reads tot grotere aaneengesloten sequenties (contigs)

Bio-informatica

Verzameling, opslag en analyse van genoomsequenties en genexpressie, met behulp van analytische en modelleer/voorspellende instrumenten

cgMLST schema

Een vastgesteld en overeengekomen aantal genen voor elke species of groep van nauw verwante species dat uitermate geschikt is voor het standaardiseren van whole genome sequencing (WGS) gebaseerde bacteriële genotypering.

Clade

Monofyletische groep organismen die bestaat uit een gemeenschappelijke voorouder en al zijn lineaire afstammelingen.

Contig

set van overlappende DNA-sequenties die coderen voor één of meer genen

Coverage

Is het gemiddelde aantal sequencing *reads* dat een bepaalde nucleotide representeert, m.a.w. het gemiddelde aantal keren dat een specifieke nucleotidebase tijdens sequencing wordt gelezen. Het wordt berekend aan de hand van de lengte van het oorspronkelijke genoom, het aantal reads en de gemiddelde *read*-lengte. Een hoge dekking kan fouten bij de assemblage verminderen.

Discriminerend vermogen

Het vermogen om onderscheid te maken tussen stammen die als niet verwant moeten worden beschouwd in de epidemiologische context van het doel van de toepassing.

Epidemiologische gegevens

Een dataset waarin de *sample unit* wordt beschreven (bv. datum en plaats van bemonstering, type en oorsprong van het monster, bv. dier/voeder/voedsel), die moet worden gekoppeld aan moleculaire typeringsgegevens wanneer uit het monster een bacterieel isolaat kan worden verkregen.

EU referentielaboratoria (EURLs)

Laboratoria voor diervoeders en levensmiddelen, die onder meer (i) verantwoordelijk zijn om de nationale referentielaboratoria (NRL's) details te verstrekken over analysemethoden, inclusief referentiemethoden en referentiematerialen en (ii) binnen hun bevoegdheidsgebied de praktische regelingen coördineren die nodig zijn om nieuwe analysemethoden toe te passen en de NRL's op de hoogte te houden van de vooruitgang in dit gebied. De activiteiten van de referentielaboratoria moeten alle gebieden van de wetgeving inzake diervoeders, levensmiddelen en diergezondheid omvatten, met name de gebieden waar er behoefte is aan gestandaardiseerde en geharmoniseerde analyseresultaten. Deze laboratoria worden gesteund in het kader van Verordening (EG) nr. 882/2004.

Fylogenie

Verwijst naar de evolutionaire relaties tussen organismen.

Gen transcript

mRNA sequentie

Genetische merker

Gen of DNA-sequentie die kan worden gebruikt om een bepaald microbieel species of subtype te identificeren of om een bepaald fenotype te voorspellen (bv. groeipotentieel, virulentievermogen, antimicrobiële resistentie).

Genomische/genetische diversiteit

Genetische diversiteit is het totale aantal genetische verschillen tussen organismen, zowel tussen populaties als binnen populaties.

High throughput sequencing

Verwijst naar geautomatiseerde technieken die de sequentiebepaling van honderden miljoenen DNA-moleculen mogelijk maken.

Horizontale gentransfer (HGT)

Uitwisseling van genetische informatie tussen cellen die niet noodzakelijk een gemeenschappelijke afkomst hebben, via andere processen dan afstamming.

Intrinsieke AMR (of ongevoeligheid)

Aangeboren tolerantie voor een specifieke antimicrobiële stof/klasse bij alle leden van een bacteriële groep (species level of hoger), d.w.z. de wild-type populatie, als gevolg van inherente structurele of functionele kenmerken.

Kerngenoom

Delen van het genoom (genen of genclusters) die alle leden van een gedefinieerde subset (bv. species of genus) van bacteriën gemeenschappelijk hebben.

Klonale complexen (CC)

Een klonaal complex is een groep verwante organismen gebaseerd op de sequentie-overeenkomst met een gekozen referentiepunt.

Library

Een set amplificeerbare sequentiefragmenten, verkregen uit het oorspronkelijke doel-DNA dat gesequeneerd moet worden.

Lineage

Een groep bacteriën die dezelfde voorouder delen, gewoonlijk gebruikt om klonale subgroepen binnen bacteriepopulaties te definiëren.

Loop-gemedieerde isothermische amplificatie

Nucleïnezuur-amplificatietechniek die wordt uitgevoerd bij constante temperatuur en berust op een haarspeldstructuur.

Metadata

Gegevens die andere gegevens definiëren en beschrijven. Metadata kunnen verband houden met de monsterafname, met het isolaat of met de sequentie. De metagegevens moeten worden verstrekt naar gelang van het type monster (epidemiologische gegevens), naar gelang van de uitgevoerde tests of naar gelang van de informatie over de uitgevoerde bewerkingen (technische gegevens) die als beschrijving van de opgeslagen sequencinggegevens wordt bijgehouden.

Microbioom

Gemeenschap van microbiële species die in een specifieke omgeving aanwezig zijn.

Mobiel genetisch element (MGE)

Een deel van het genetisch materiaal dat in staat is zijn locatie binnen een genoom te veranderen of van de ene cel naar de andere cel over te brengen. Er zijn verschillende soorten MGE bekend, bijvoorbeeld insertiesequenties (IS), transposons (Tn), integratieve conjugatieve elementen (ICE), integrons, introns, plasmiden of bacteriofagen.

Monitoring

In overeenstemming met Richtlijn 2003/99/EG wordt de term " monitoring " gebruikt voor een systeem voor het verzamelen, analyseren en bekendmaken van gegevens inzake het vóórkomen van zoönoses, zoönoseverwekkers en daarmee samenhangende antimicrobiële resistentie.

Multilocus sequence typing (MLST)

Dit is de sequentiebepaling van meerdere genen of een genetische locus die voldoende polymorfisme vertonen om in een typeringsschema te worden gebruikt. Idealiter gaat het om "huishoud"-genen, d.w.z. genen die coderen voor enzymen die betrokken zijn bij het primaire metabolisme van het organisme in kwestie en die daarom in alle isolaten aanwezig zijn.

- Ribosomale Multilocus Sequence Typing (rMLST) is een gelijkaardige benadering als MLST die de variatie indexeert van de genen die coderen voor de bacteriële ribosoom-eiwitsubeenheden (rps-genen) met als doel microbiële taxonomie en typering te integreren.
- Whole genome MLST (wgMLST) wordt gedefinieerd als een niet-redundante set van genen die aanwezig zijn in een set genomen die een species vertegenwoordigen, verwant aan een pan-genoom. Bijgevolg omvat een wgMLST-schema een groter aantal genen en kunnen ook zeer variabele elementen zoals repetitieve genen en pseudogenen worden opgenomen, als deze in alle inbegrepen genomen aanwezig zijn (Pearce *et al.*, 2018).
- Kerngenoom MLST-schema's (cgMLST) zorgen voor een balans tussen het aantal loci dat in een schema wordt gebruikt en de maximaal mogelijke resolutie, door de loci op te nemen die aanwezig zijn in de meerderheid van de isolaten (variërend van 95% tot 99%) in een bepaalde groepering van bacteriën. In het ideale geval weerspiegelen deze genen de ware genealogie binnen het species en verandert hun aanwezigheid niet in de loop van de tijd; en elementen die niet onder strikte selectiedruk staan, zoals repetitieve genen en pseudogenen, moeten worden uitgesloten (Pearce *et al.*, 2018).

Multilocus variable-number tandem-repeat analysis (MLVA)

Methode voor moleculaire typering waarbij gebruik wordt gemaakt van de natuurlijk voorkomende variatie in het aantal herhaalde tandem DNA-sequenties die in veel verschillende loci in het genoom van een verscheidenheid van organismen worden aangetroffen.

Next generation sequencing (NGS)

Een *high-throughput* methode die wordt gebruikt om de nucleotidesequentie van een genoom of een deel ervan te bepalen. Deze techniek maakt gebruik van DNA-sequencingstechnologieën die in staat zijn meerdere DNA-sequenties parallel te verwerken. Wordt ook massively parallel sequencing genoemd.

OMICS analyses

High throughput analyse van DNA (genomics), RNA (transcriptomics), eiwitten (proteomics) en/of metabolieten (metabolomics) van een specifieke omgeving.

One Health

Is gedefinieerd als de gezamenlijke inspanning van meerdere disciplines - die lokaal, nationaal en internationaal werken - om een optimale gezondheid voor mens, dier en omgeving te bereiken.

Persistente stammen

Stammen die verantwoordelijk zijn voor terugkerende contaminaties waargenomen in de voedselketen.

Polymerase-kettingreactie

Technologie om snel en nauwkeurig talloze kopieën van een specifiek DNA-fragment te maken.

Pipeline

Computeralgoritmen voor het opsporen en interpreteren van varianten uit de alignering van genomische sequenties.

Pulsed-field gelelektroforese (PFGE)

Is een variant van de restrictie-endonuclease-analyse (REA); een techniek om lange DNA-strengen door een agarosegelmatrix te scheiden en als banden zichtbaar te maken. Het onderscheidingsvermogen van PFGE hangt af van het aantal en de verdeling van de restrictieplaatsen over het genoom, met inbegrip van extra-chromosomaal DNA, die het aantal en de grootte van de banden in het profiel bepalen, en kan worden vergroot door verschillende of combinaties van restrictie-endonucleasen te gebruiken.

Reads

Nucleïnezuursequenties verkregen door high throughput sequencing.

Schema van de allelennomenclatuur

Een verzameling naamaanduidingen voor allelvarianten (d.w.z. allelsequenties) van elke locus van een verzameling loci (d.w.z. schema) die voor een soort of genus zijn gedefinieerd.

Sequence type (ST)

Numerieke aanduiding voor een bepaald allelisch DNA-sequentieprofiel. Aanvankelijk worden zeven loci geïndexeerd waarvoor aan elke unieke sequentie voor elke locus een willekeurig en uniek allelnummer wordt toegekend, dat in het allelprofiel wordt opgenomen. ST's worden gebruikt in multilocus sequentietyperingsschema's als vergelijkingseenheid op basis van de registratie van allelische varianten. Isolaten die voor alle sequenties identieke allelen bezitten, worden aan een gemeenschappelijk sequentietype toegewezen.

Serogroep-identificatie

De classificatie van bacteriën op basis van de antigene of sequentie-gebaseerde detectie van bacteriële oppervlaktemoleculen, verwijst in het geval van *E. coli* specifiek naar het LPS somatische O-antigeen.

Serotypering

Classificatieschema op basis van de antigene of sequentie gebaseerde detectie van bacteriële, voor de Enterobacteriaceae verwijst dit schema specifiek naar het somatische O-antigeen van het lipopolysaccharide (LPS), het flagellaire H-antigeen en het capsulaire K-antigeen (of Vir-antigeen).

Single Nucleotide Polymorfisme (SNP)

Een single-nucleotide polymorfisme is een substitutie van één enkele nucleotide die op een specifieke plaats in het genoom voorkomt.

SNP typering

SNP-genotypering is de meting van genetische variaties van single nucleotide polymorfismen tussen leden van een species.

Standaardisatie

Proces van implementatie en ontwikkeling van technische normen op basis van de consensus van verschillende partijen, waaronder bedrijven, gebruikers, belangengroepen, normeringsinstellingen en overheden.

Stam

een uniforme populatie bacteriën die genetisch verschilt van andere populaties van hetzelfde species, en die een reeks welomschreven kenmerken bezit. Een stam wordt vaak gebruikt als laboratoriumreferentie, of in stand gehouden via subcultuur.

Subspecies

In de bacteriële taxonomie, subgroepen van een species die verschillen in hun fenotypische of genotypische kenmerken.

Subtype

Een groep bacteriën binnen een species die bepaalde kenmerken gemeen hebben, gewoonlijk afgeleid door moleculaire typering (moleculair of genotypisch subtype). Eiwitten, zoals toxinen, kunnen ook in subtypes worden onderverdeeld.

Transcriptomics

Studie van de volledige set RNA-transcripten die door het genoom worden geproduceerd.

Validatie

Het vaststellen van de prestatiekenmerken van een methode en het verstrekken van objectief bewijsmateriaal dat aan de specifieke eisen voor een gespecificeerd beoogd gebruik is voldaan. De met een alternatieve methode verkregen resultaten moeten aantoonbaar vergelijkbaar zijn met degene verkregen met de referentiemethode.

Verworven AMR

Vermogen van bacteriën om resistentie te bieden tegen de activiteit van een antimicrobiële stof waarvoor zij eerder gevoelig waren, d.w.z. bacteriën die overleven bij hogere antimicrobiële concentraties in vergelijking met de wild-type populatie. Verworven resistentie is het resultaat van genvariatie en/of -uitwisseling door horizontale genoverdracht.

Volledige genoom (inclusief accessoire genoom)

Genomische sequentie(s) en de bijbehorende metagegevens.

Wet laboratory

laboratoria waar chemische stoffen, geneesmiddelen of andere biologische stoffen worden getest en geanalyseerd, in tegenstelling tot een droog laboratorium waar computationele of toegepaste wiskundige analyses worden verricht met behulp van door de computer gegenereerde modellen.

Whole genome sequencing (WGS)

Proces waarbij de DNA-sequentie van het genoom van een organisme wordt bepaald met behulp van het totale genomische DNA als input.