

For epidemiologi: Molekylære data må alltid kombineres med «vanlige» epidemiologiske data for å få noe vettugt ut av analysen.

Genotyping =
genetisk karakterisering av mikroorganisme

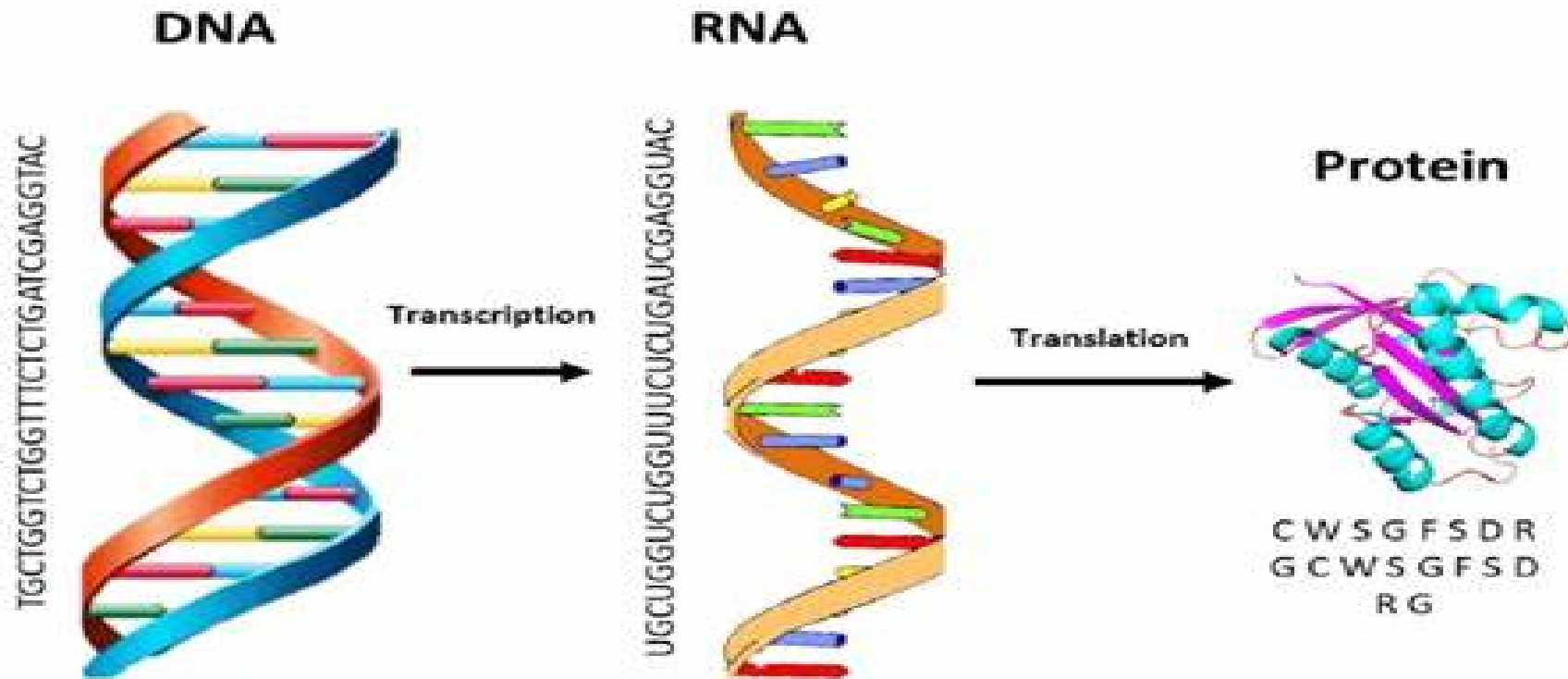
Hva bruker vi helgenomsekvensering til?

Artsidentifikasjon

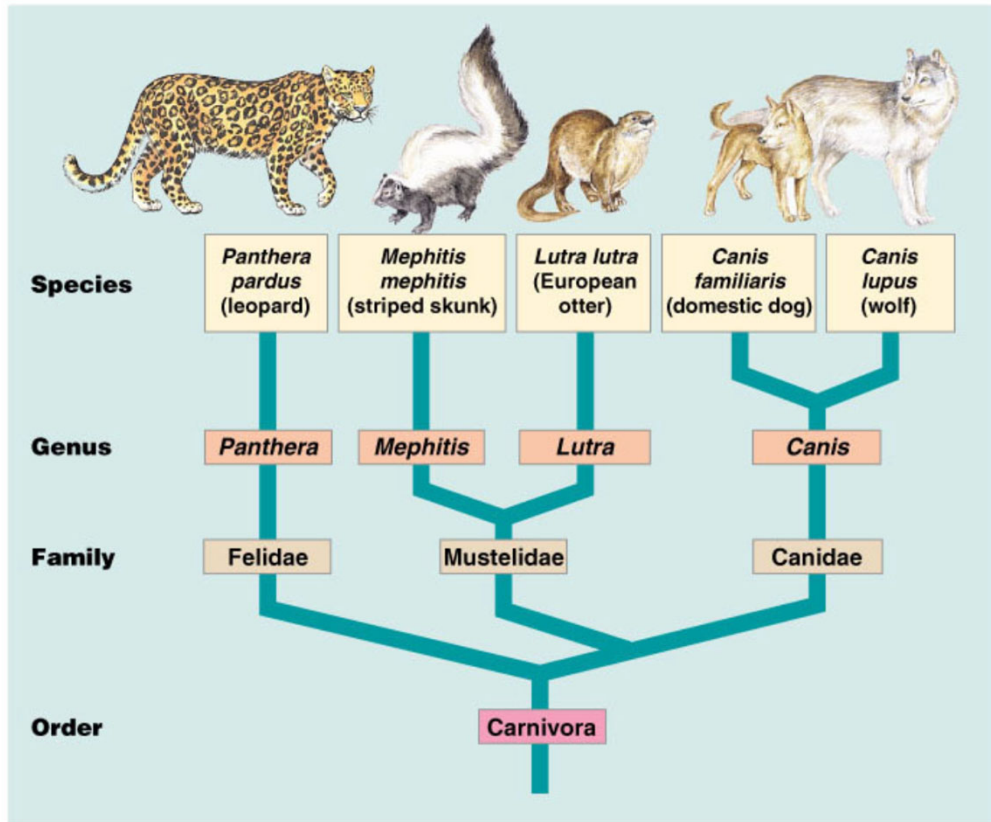
Slektskapsanalyse

Biomarkøranalyse resistens/virulens

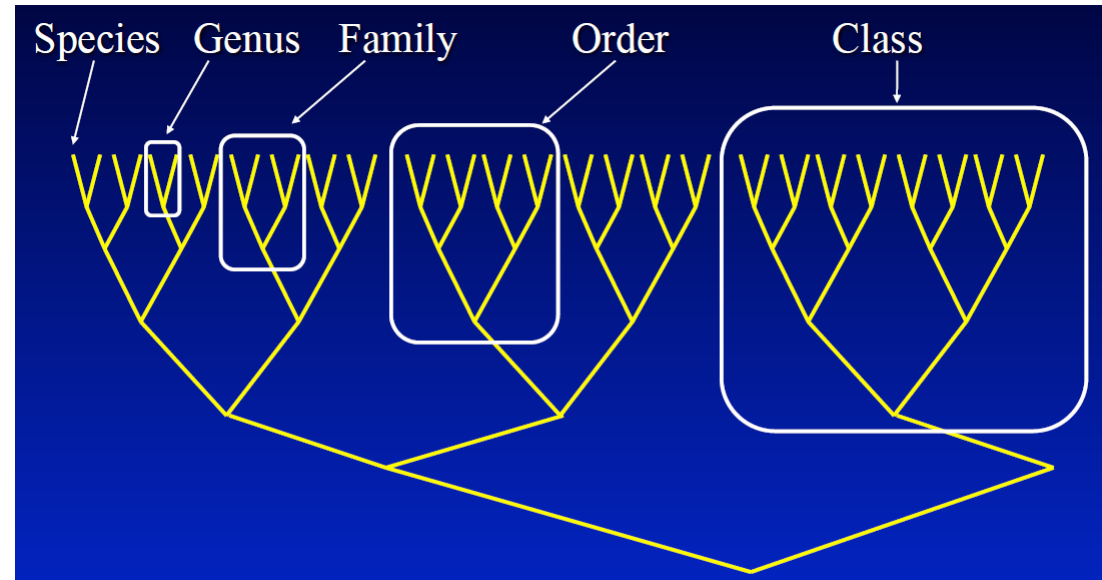
Det sentrale dogmaet i molekylærbiologi



Grunnenhet - art

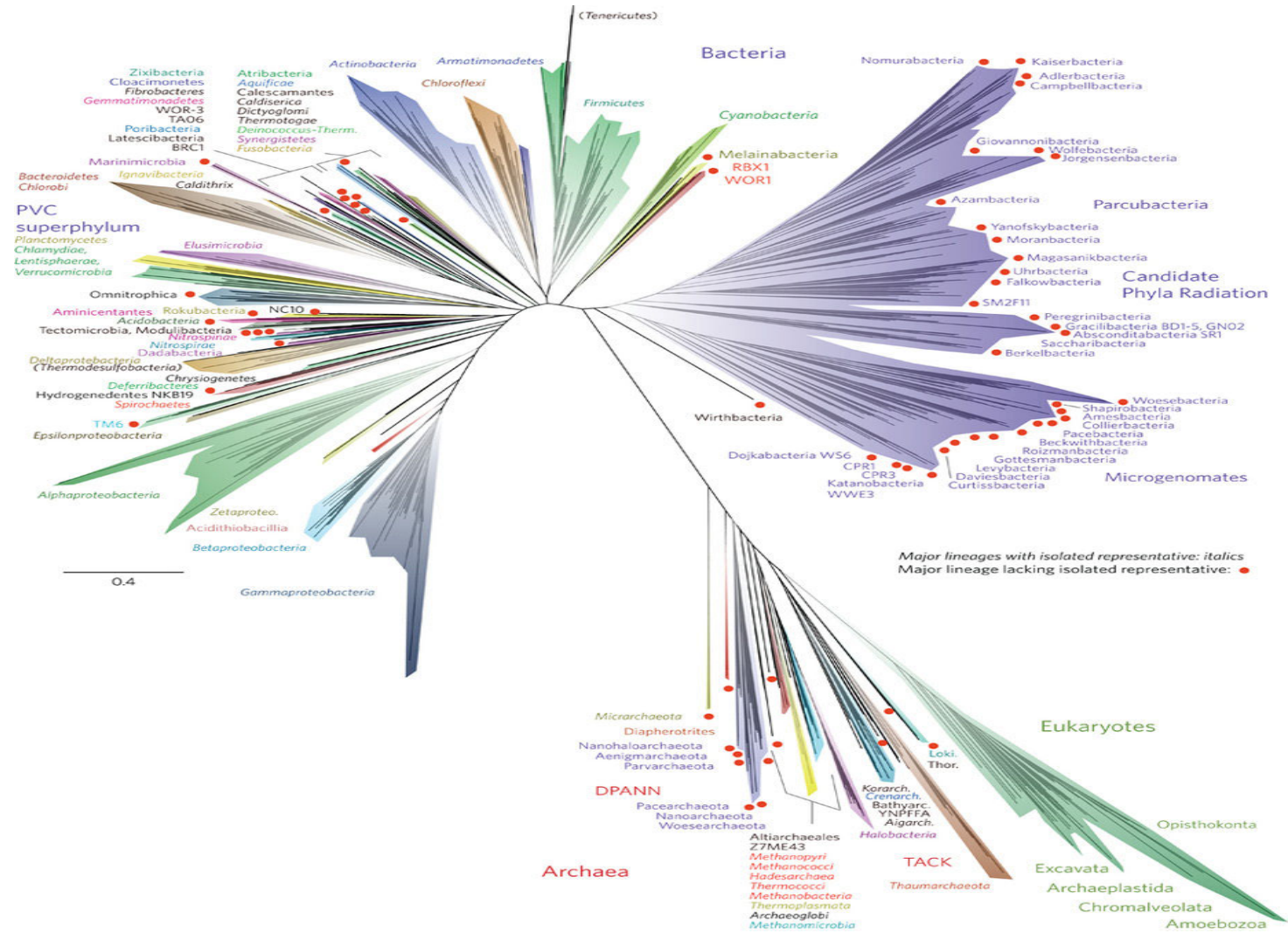


Copyright © Pearson Education, Inc., publishing as Benjamin Cummings.



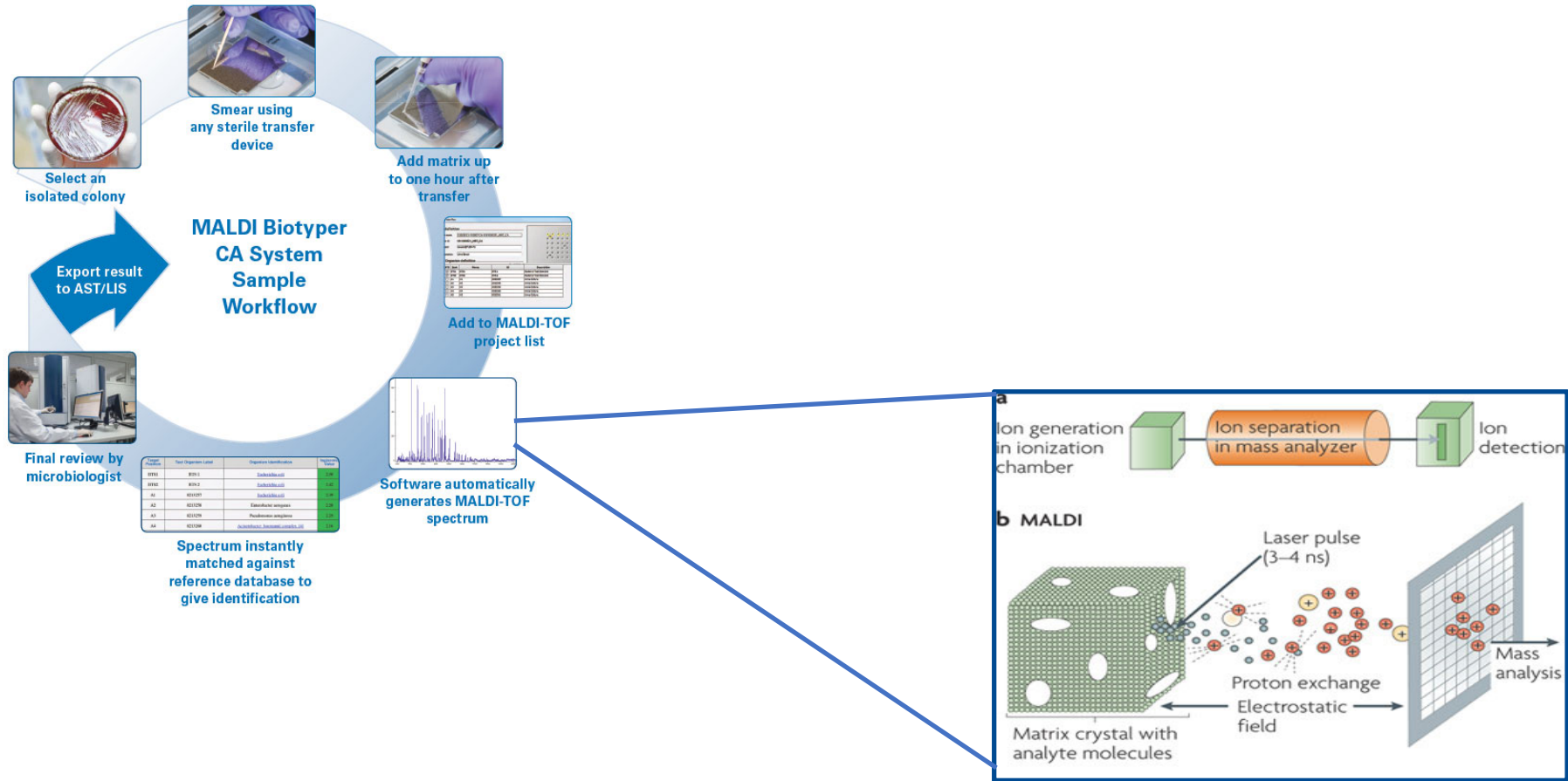
DTU Bioinformatics
Department of Bio and Health Informatics

Diversitet

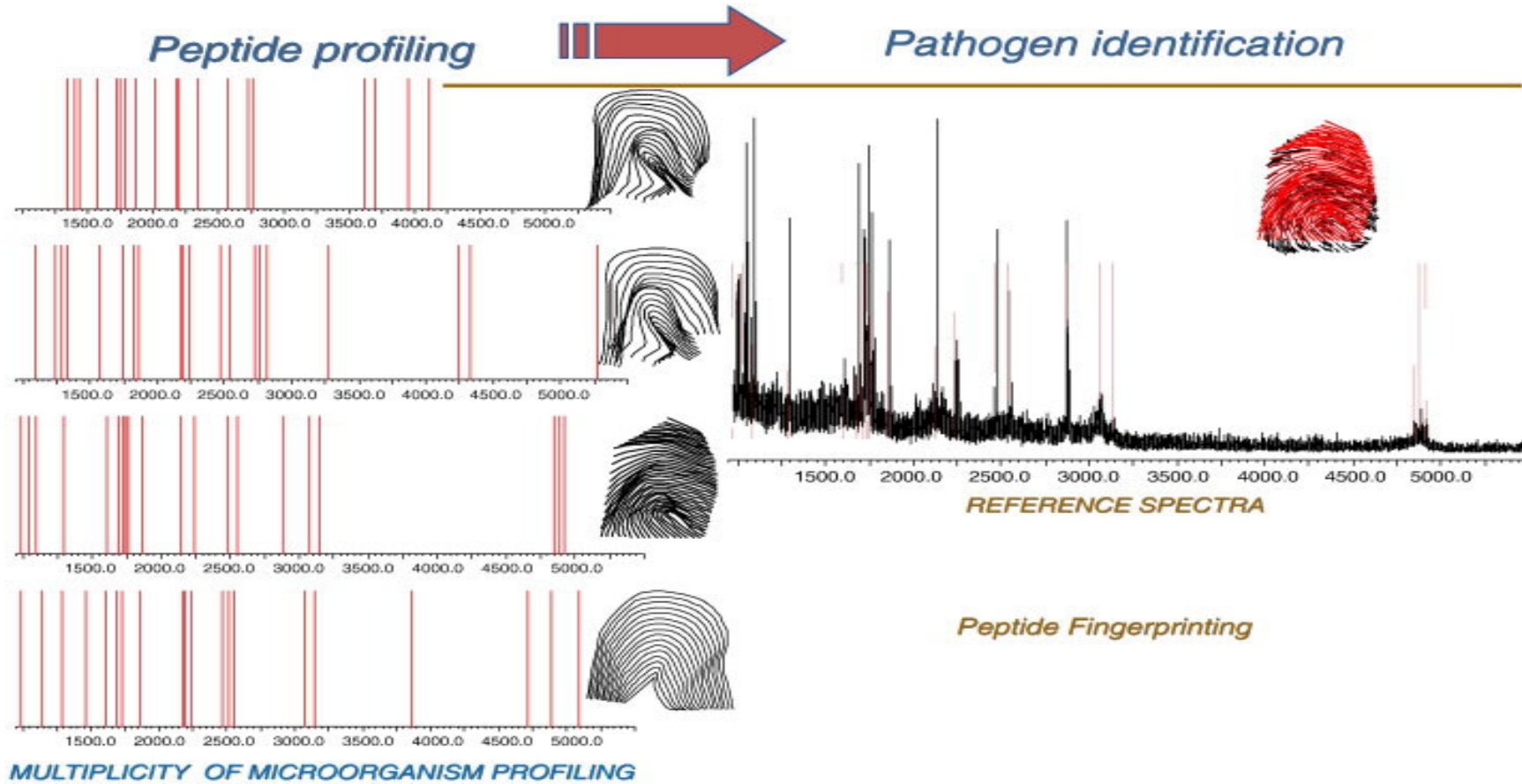


Hug et al. 2016. Nat. Microbiology

Artsidentifikasjon med MALDI TOF MS

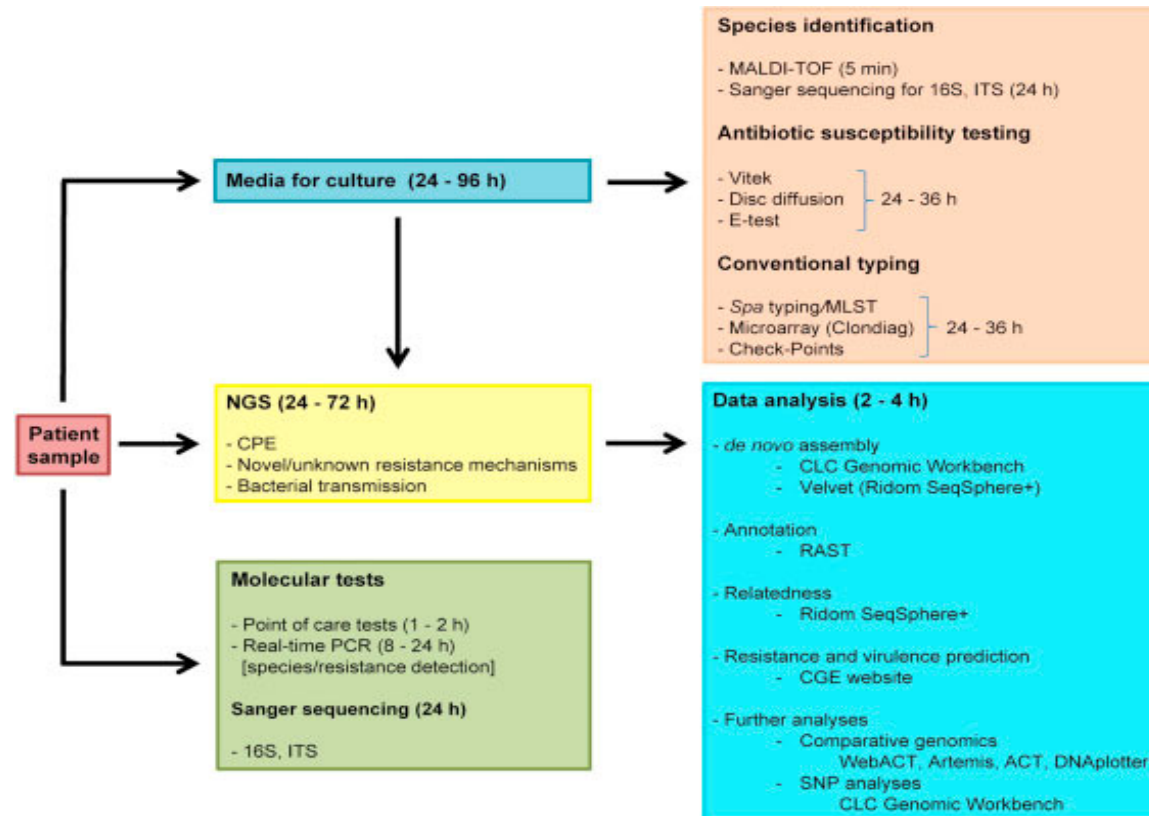


Protein fingerprinting



Del Chierico et al. 2014 Journal of Proteomics, Volume 97, 2014, 69–87

Dagens diagnostikk - BAKT



Deurenberg et al. 2017 Journal of Biotechnology, 250; 2-10

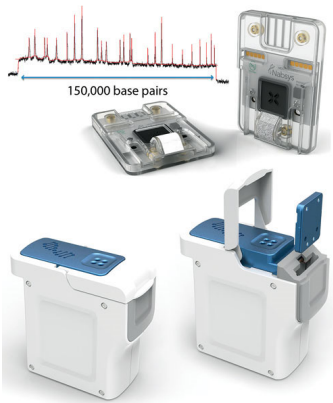
Kan man «genotype» med MALDI TOF MS?

- Mulig å gjenkjenne stammer som grupperes likt som ved genotyping
- Artsspesifikt
- Spesialkompetanse
- Bruk av spesialprogramvare/databaser
- Maskinlæring/Kunstig intelligens
- FT-IR spektrometri

Nøkkelspørsmål i molekylær epidemiologi

- Er disse isolatene like/beslektet?
- Har disse isolatene like egenskaper?
- Er disse isolatene en del av et utbrudd?
- Er utbruddet lokalt/regionalt/globalt?

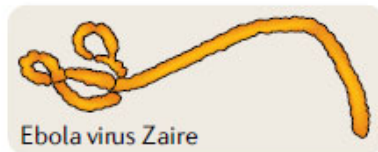
NGS sekvenseringsplattformer



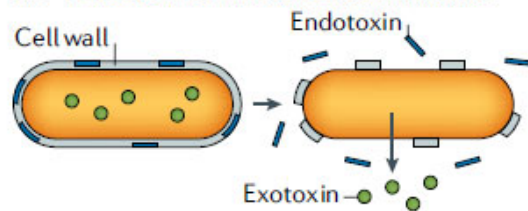
Bruk av NGS i mikrobiologi

A Infectious disease diagnostics

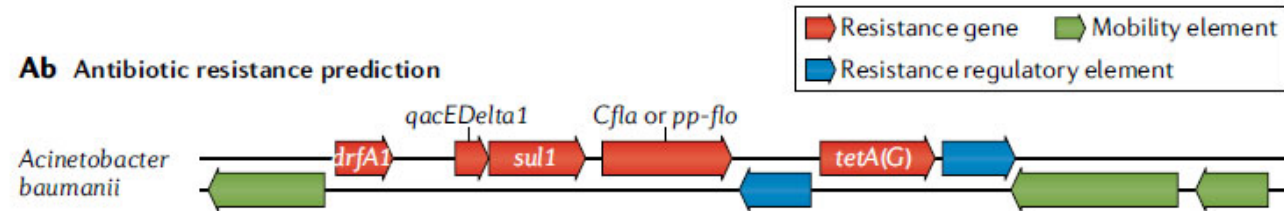
Aa Microorganism identification



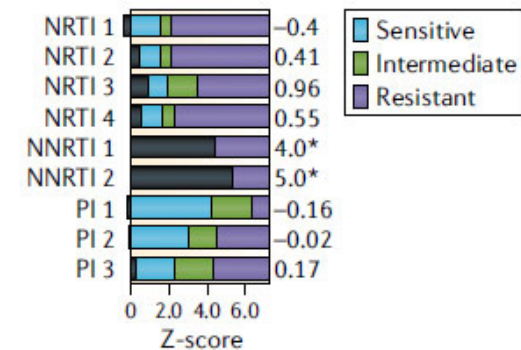
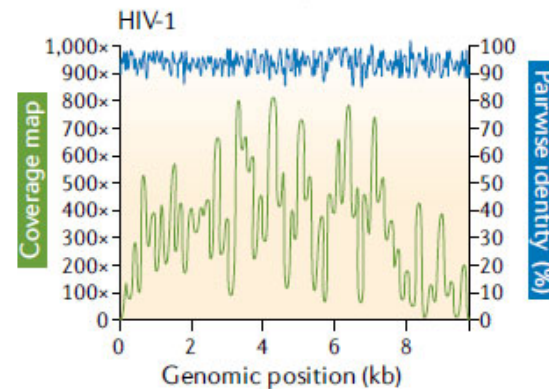
Ac Detection of virulence determinants



Ab Antibiotic resistance prediction



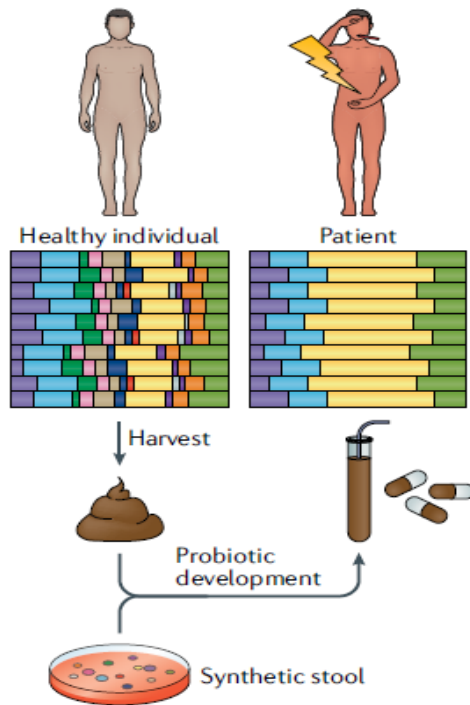
Ad Antiviral resistance prediction



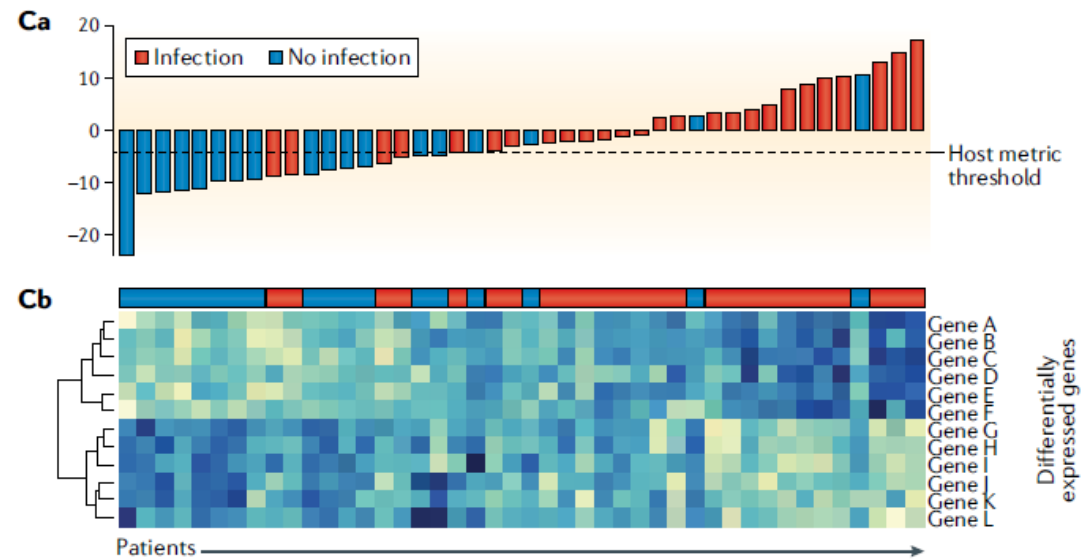
Chiu CY & Miller SA. Nat Rev Genetics 2019

Bruk av NGS i mikrobiologi

B Microbiome analyses



C Transcriptomics



Chiu CY & Miller SA. Nat Rev Genetics 2019

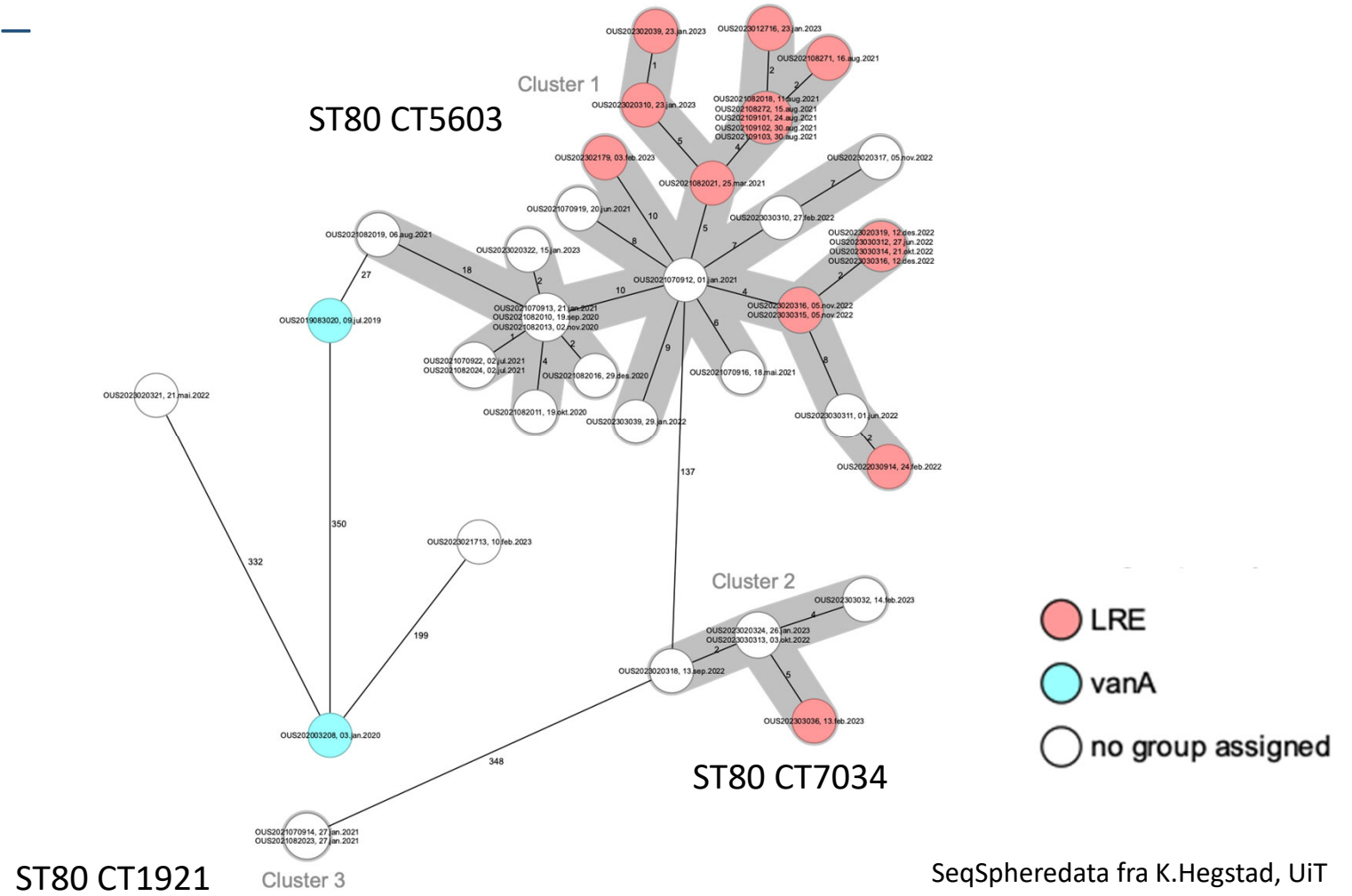
Fylogenetiske trær

- En visuell presentasjon av det genetiske slektskapet mellom arter
- Tenk; slektskapstrær, slektsforskning
- Kan også presenteres som (genetiske) distansematriser
- Mange forskjellige tilnærminger utfra evolusjonsmodeller

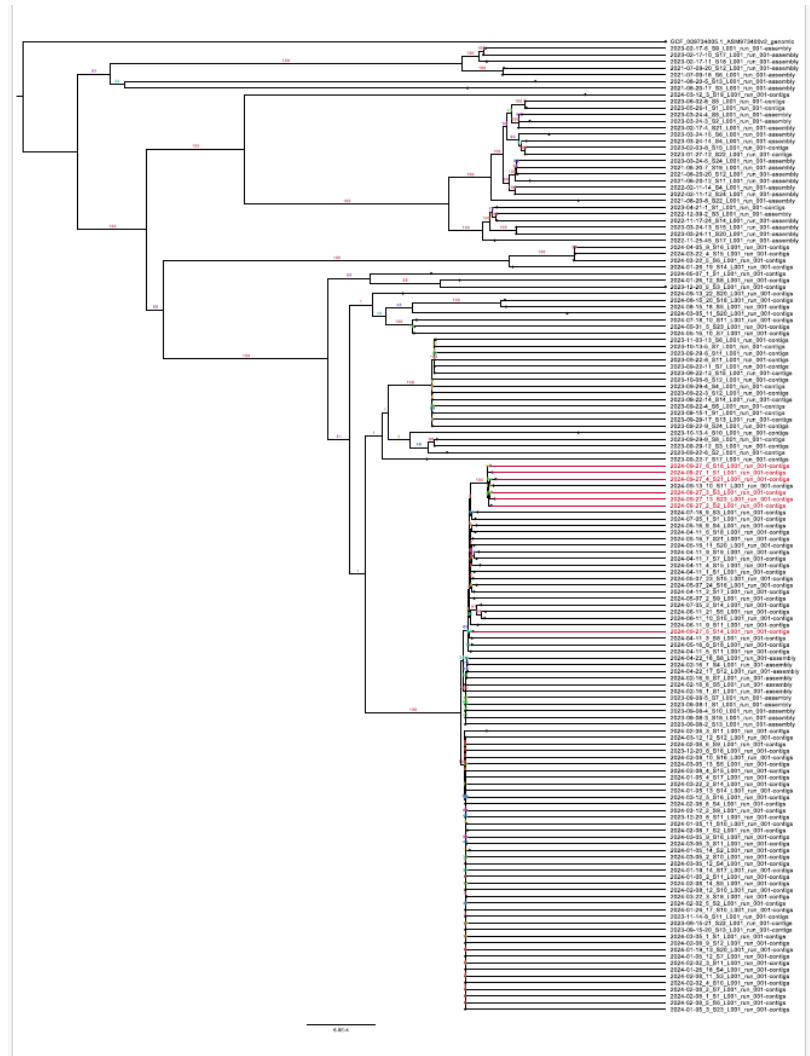
Fylogenetiske trær

- Tradisjonelt laget av sammenstilling av sekvenser fra enkelt gener/proteinsekvenser
- Helgenomdata kan brukes for å lage trær basert på av
 - SNP calling
 - cgMLST/wgMLST
 - Sammenstilling av genomer

Slektskapsanalyse – Efm ST80 RH cgMLST



VRE/LRE



Arbeidsflyt



2500,-

Rekvirering av prøver

- Hvem?
- Leger ved mikrobiologi og smittevern i samråd med molekylærbiologer/spesialbioingeniører ved utførende seksjon
- Slektskapsanalyser mtp. smittesporing bør alltid koordineres fra SMV

Rekvirering av prøver

- Når?

Onsdag	Torsdag	Fredag	Mandag	Tirsdag
<ul style="list-style-type: none">• Innlevering av stammer• Frist: kl 12.00• Ekstraksjon av DNA	<ul style="list-style-type: none">• Bib.prep	<ul style="list-style-type: none">• Denat. og sekvensering• Sekvensering over helg	<ul style="list-style-type: none">• QC av rådata• Bioinformatisk analyse	<ul style="list-style-type: none">• Tolkning av data• Svar ut

Rekvirering av prøver for smv-internt

- K:\Sensitivt\kvalitetsregistre\
Smittevern\Genotyping
Rekvireringer

Avdeling for smittevern 2015

Rekvisisjon på genotyping for smitteoppsporing

Dato: _____ Bestiller: _____ Tlf/call: _____

Mikrobe		Problemstilling: Utbruddsopklaring
Resistens		

Pasient		Fødselsnummer	Post	Prøve			Merknad	Resultat
Nr	Navn			Prøvenummer	Pr.dato	Frysenummer		
1								
2								
3								
4								
5								
6								
7								
8								
9								
10								

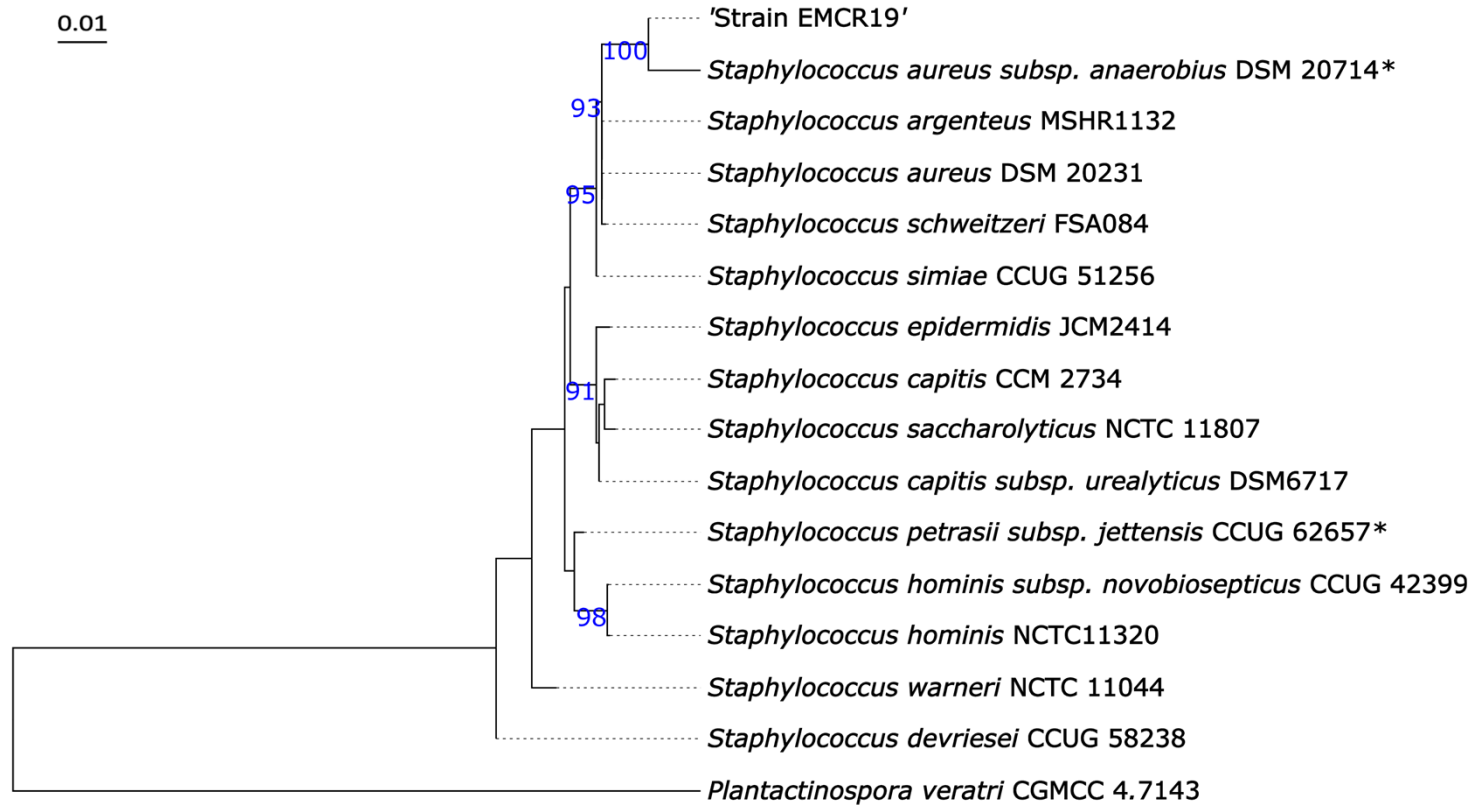
For laboratoriet:

Metode: Helgenomsekvensering

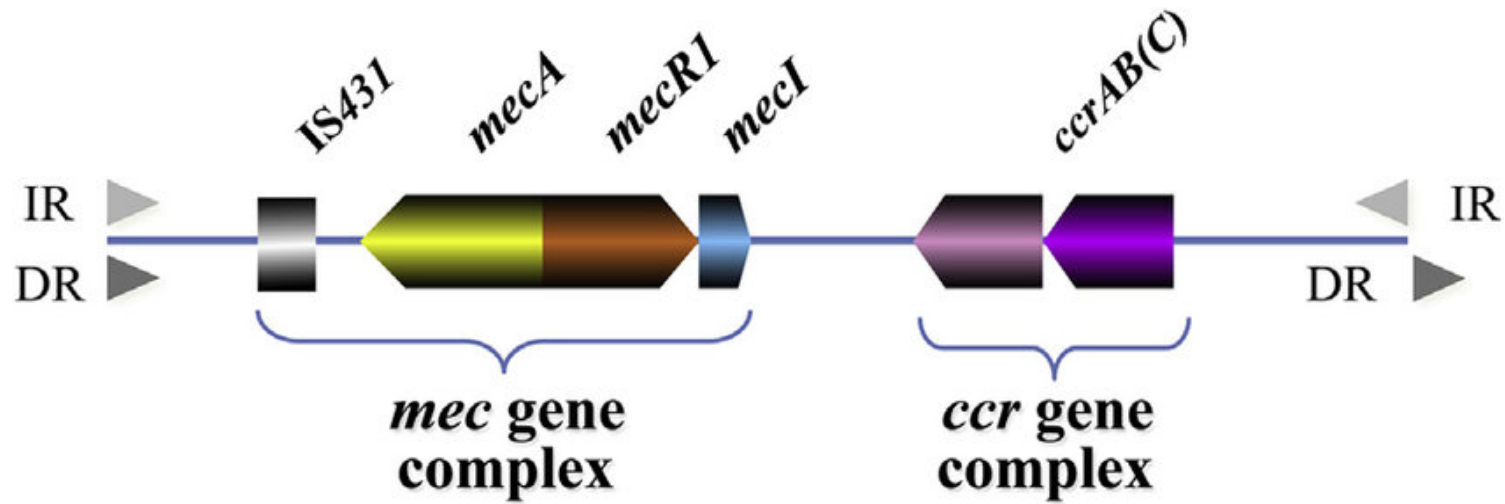
Utført av: Tlf/call: _____ Dato: _____

Kommentarer: _____

Staphylococcus aureus complex

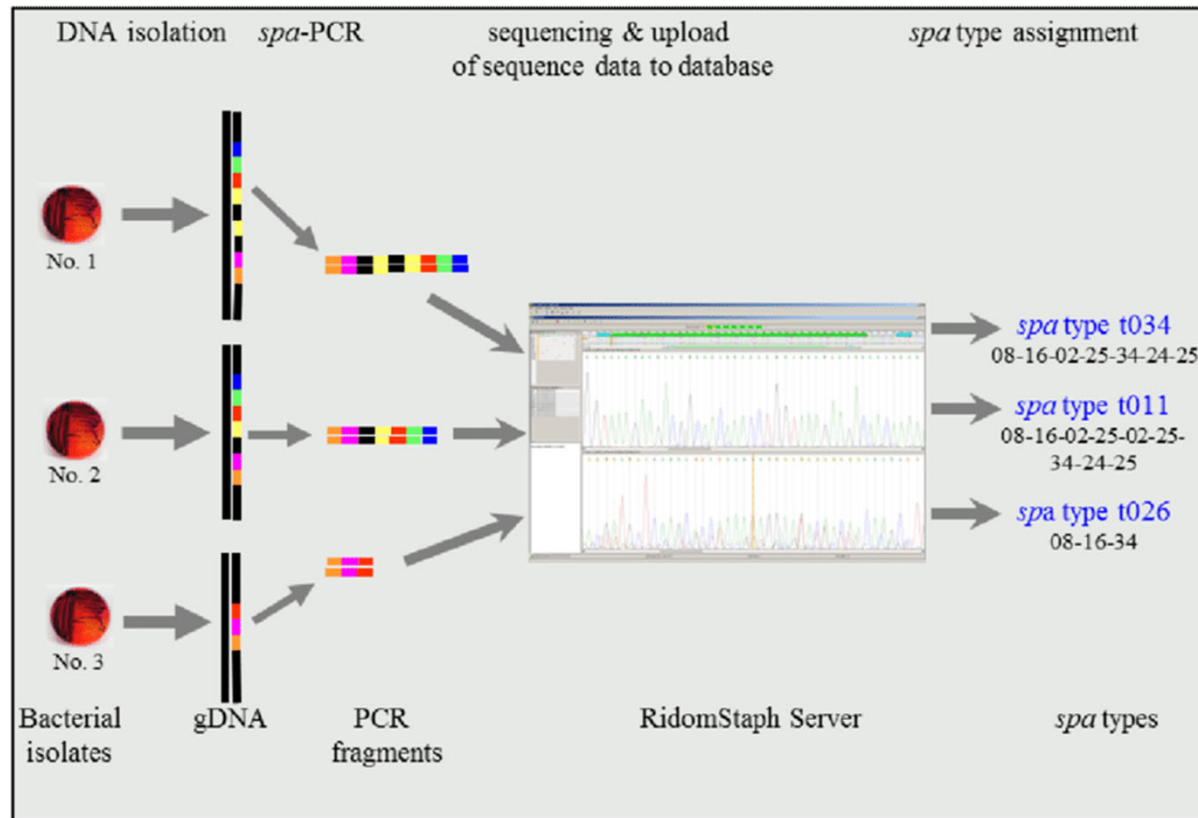


MRSA

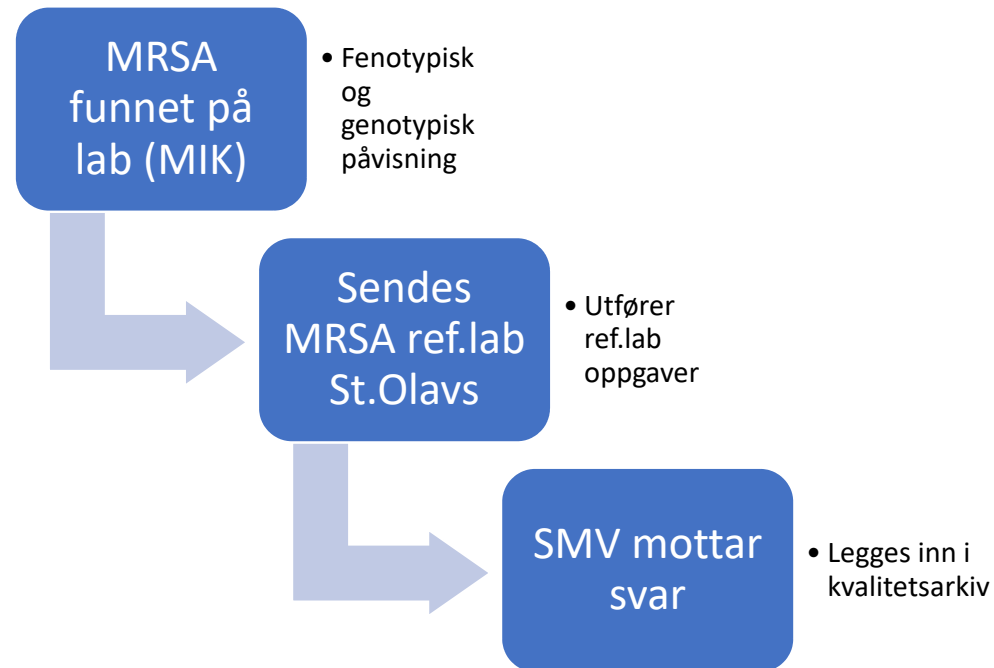


Katayama et al. 2014

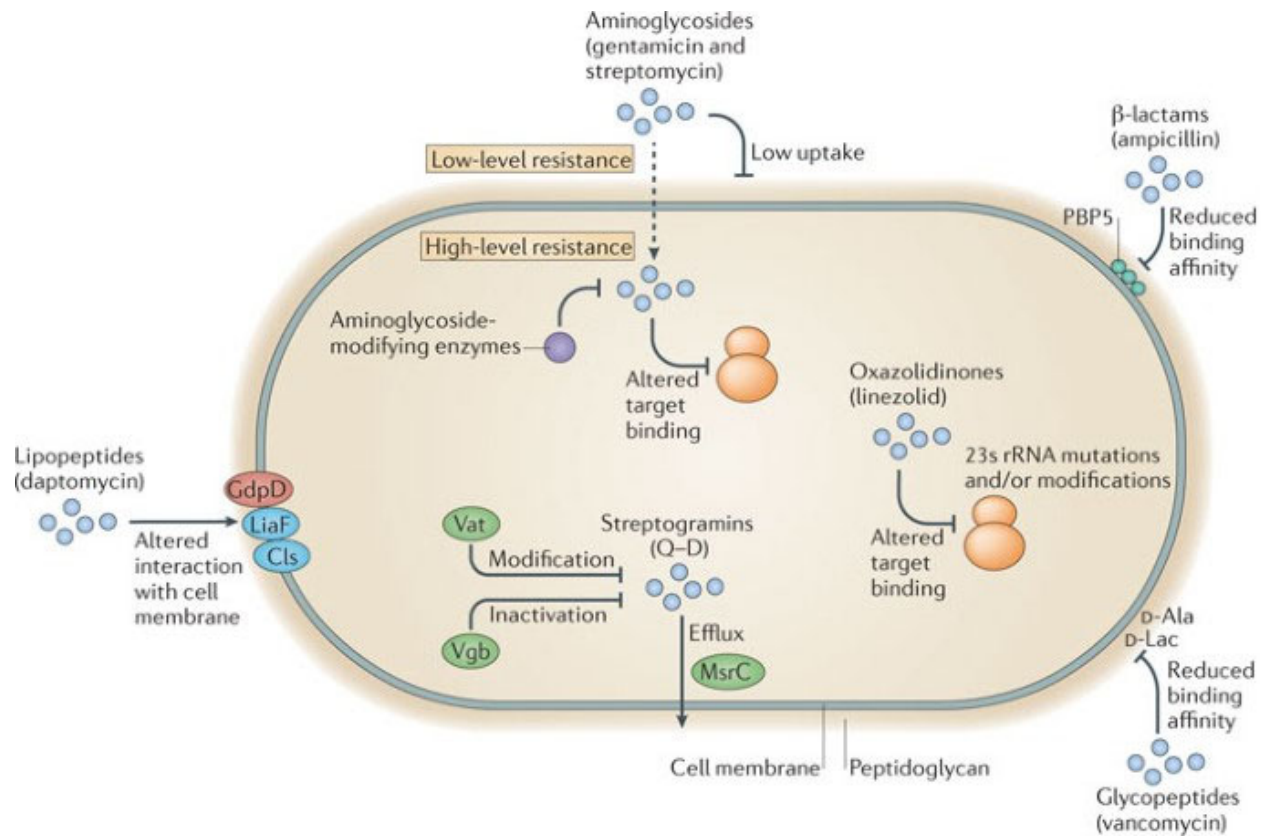
Spa-typing



Rutine for MRSA



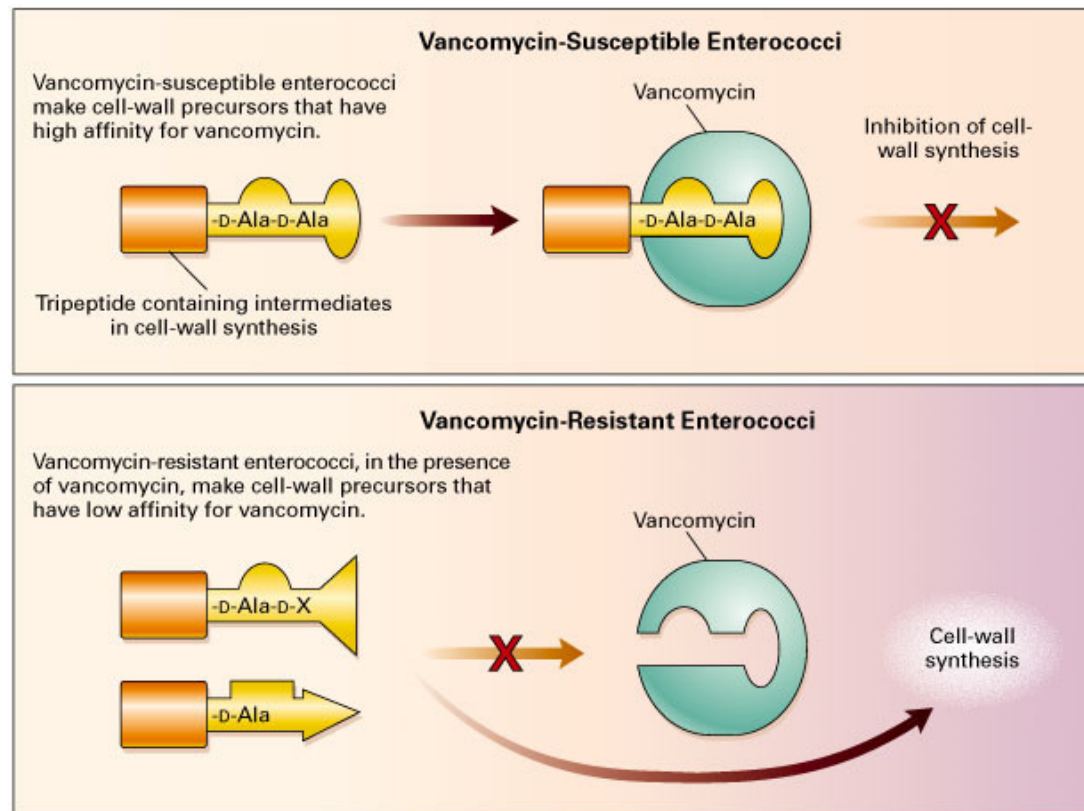
Antibiotikaresistente enterokokker



Nature Reviews | Microbiology

Murray et al. 2012

Vankomycinresistente enterokokker (VRE)

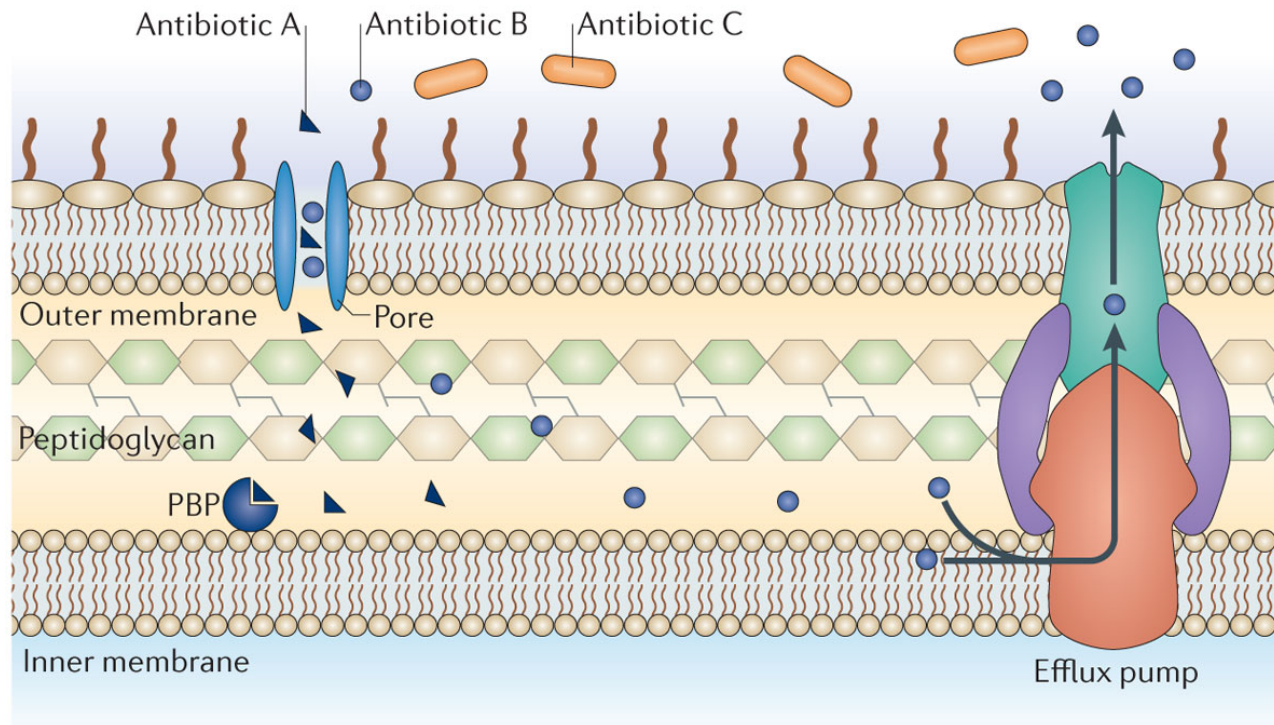


Murrey et al. NEJM 2000

Vankomycinresistente enterokokker (VRE) og linezolidresistente enterokokker (LRE)

- Alle VRE og LRE (E.faecalis/E.faecium) blir rutinemessig helgenomsekvensert
- Helgenomsekvensen blir sendt til K-res, UNN
- Svarkopi går til SMV på lokalitet hvis prøve tatt på OUS

Multiresistente Gram-negative (ESBL osv)



Nature Reviews | **Microbiology**

Blair et al. 2014

ESBL er ikke en bakterie, men en resistensmekanisme mange bakterier har.

- Vi helgenomsekvenserer på mistanke om smittespredning. SMV må i samråd med MIK evt. klinisk avdeling rekvirere.
- Alle ESBL-Carba blir sendt til K-res og sekvensert.

Søk

- Videoler
- Denne PCen
- Desktop
- Min Musikk
- Mine Bilder
- Mine Dokumenter OUS
- Mine Videoler
- Nedlastinger
- DVD RW-stasjon (D:)
- Fellesområde (K:)**
- PFImtodata (\\10.191.48.90) (M:)
- Hjemmeområde (P:)
- miseqdx (\\rhs-mtunas-01.ad.ous-hf.no) (Y:)
- Biblioteker
- Kontrollpanel
- Papirkurv

8 elementer

Navn	Endringsdato	Type	Størrelse
Cdifficile helgenomsekvensering	12.09.2024 11:33	Microsoft Excel-re...	82 kB
Ecoli helgenomsekvensering	09.07.2024 09:51	Microsoft Excel-re...	27 kB
Enterokokker helgenomsekvensering	01.10.2024 12:35	Microsoft Excel-re...	61 kB
Gramnegative helgenomsekvensering	03.09.2024 13:04	Microsoft Excel-re...	143 kB
Grampositive helgenomsekvensering	03.09.2024 13:20	Microsoft Excel-re...	30 kB
Klebsiella pneumoniae helgenomsekvensering	01.10.2024 12:35	Microsoft Excel-re...	91 kB
Pseudomonas aeruginosa helgenomsekvensering	22.08.2024 13:32	Microsoft Excel-re...	69 kB
S.aureus helgenomsekvensering	11.01.2024 14:22	Microsoft Excel-re...	20 kB

