



<b>Algemene gegevens</b>	
PPS-nummer	AF-16160
Titel	1H4F-SaferFood-BIGdata
Topsector en innovatiethema	Smart Agri & Food, Voedselveiligheid
Projectleider (onderzoek)	Dr. Alex Bossers (was Paul van den Wijngaard)
PPS-coördinator (namens private partij)	Vion Food NL - Dr. Bert Urlings (penvoerder) - Dr. Martijn Bouwknecht (secretaris)
Contactpersoon overheid	Cor Wever
Status (lopend of afgerond)	Lopend
Type onderzoek (F, T of V)	F, T
Werkelijke startdatum	1 april 2017 (kasritmeverschuiving geaccordeerd bij aanvang)
Werkelijke einddatum	31 maart 2021
Organisatie- / bestuursstructuur	Vertegenwoordigers van elke private partner (Vion, Thermo Fisher (TF), IBM) en de DLO/WUR-partners (WBVR en WU) overleggen elk kwartaal via telefonische conferentie (in de beginfase wordt vaker als compleet consortium overlegd). Tenminste jaarlijks wordt fysiek overlegd en resultaten gepresenteerd en de lijnen voor de komende periode vastgelegd). Vion organiseert en IBM faciliteert de plenaire (telefonische)conferenties.
Begeleidingsstructuur (klankbordcie., etc.)	Er is geen echte klankbordgroep op verzoek van de industrie partners. Partner WU (prof Marcel Zwietering) heeft een min of meer adviserende rol (projectinhoudelijk). De lijnen worden door het complete consortium uitgezet. Advies- en stuurgroep 1H4F beoordeelt de voortgang en inhoud.
Korte omschrijving inhoud (max. 4 regels)	Het identificeren van microbiom afgeleide biomarkers mbv big data en machine learning om vroege detectie en interventie van product contaminatie te kunnen bewerkstelligen. Door vroege interventie via "verklikkers" wordt de kans op eventuele contaminatie van consumentenvlees met voedselpathogenen tijdens het productieproces verder verminderd.

Link naar samenvatting Kennis Online: <https://www.wur.nl/nl/Onderzoek-Resultaten/Onderzoeksprojecten-LNV/Expertisegebieden/kennisonline/Safer-Food-with-Big-Data-1.htm>

<b>Planning en voortgang (indien er wijzigingen zijn t.o.v. het projectplan svp toelichten)</b>	
Loopt de PPS volgens planning?	Ja
Zijn er wijzigingen in het consortium/de projectpartners?	Nee Projectleider onderzoek is gewijzigd van Paul van den Wijngaard (WBVR) naar Alex Bossers (WBVR).
Is er sprake van vertraging en/of uitgestelde opleverdatum?	Bij honorering is meteen een startdatum met kasritmeverschuiving van 1 april 2017 overeengekomen. De Consortium Agreement is per 24 juli 2017 door alle partijen ondertekend.

<b>Highlights: geef een korte beschrijving van de belangrijkste resultaten (deze beschrijving wordt als publieke samenvatting op de websites van de TKI's/topsectoren geplaatst)</b>
<p>In verschillende teleconferenties en bilaterale overleggen tussen de partners zijn de verschillende aanwezige expertisen ingezet voor een serie pilot experimenten. Faciliterend voor het project is ook een centraal data-sharing platform geïnitieerd via de Thermo Fisher cloud.</p> <p>Als een proof-of-principle zal gestart worden met microbiom-gerelateerde (bio)markers te identificeren die correleren met de aantallen bacteriën (waaronder <i>Salmonella</i>) op karkassen aan de varkensslachtlijn. Hiervoor zijn een aantal deelvraagstellingen gedefinieerd die het deelgebied beter in kaart brengen:</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1) Wat is de wetenschappelijke state-of-the-art rondom biofilm vorming in vlees verwerking industrie?</li> <li>2) Zijn in biofilm voorkomende salmonella's klonaal of een reflectie van de salmonella's die extern met de dieren worden aangevoerd?</li> <li>3) Wat is de basale microbiom samenstelling van het karkas?</li> <li>4) Welke omgevingsdata worden routinematig verzameld die samen met microbiom metingen via machine learning algoritmen kunnen worden geïntegreerd om patronen/"verklikkers" in de data te identificeren die correleren met pathogeen detectie?</li> </ol> <p><b>#1 Biofilm vorming/samenstelling</b> Een literatuurstudie is gestart om de huidige kennis in kaart te brengen van biofilms in de vleesverwerkingsindustrie. Deze literatuurstudie poogt vragen te beantwoorden zoals welke bacteriën en welke samenstelling van het microbiom een belangrijke rol spelen in biofilm vorming, welke factoren kunnen bijdragen aan deze formatie en welke interventie mogelijkheden er zijn. Specifieke gaten in de biofilm kennis kunnen waar nodig in een later stadium experimenteel worden opgevuld/beantwoord. Doelstelling is om deze review te publiceren en een eerste draft gereed te hebben in februari 2018. WBVR, WU en Vion zijn hierin primair betrokken.</p> <p><b>#2 Klonaliteit van salmonella aan de slachtlijn</b> Om te achterhalen of Salmonella afkomstig is van externe bronnen of van biofilms aanwezig in de slachthuizen is er een experiment opgezet waarbij we de salmonella isolaten gaan vergelijken. Weinig variatie in de genetische samenstelling wijst op een interne bron van besmetting. Hiervoor worden vanuit de verschillende slachterijvestigingen vanuit de aanleveringslijn 80-100 salmonella isolaten centraal bij WBVR verzameld. Deze isolaten zullen met whole genome sequencing worden bekeken en geanalyseerd op klonaliteit. Hiervan is inmiddels ongeveer de helft verzameld en verwacht wordt dat uiterlijk februari de isolaten genomisch kunnen worden geanalyseerd. Doelstelling is ook om hier tenminste een wetenschappelijke publicatie te produceren (voorjaar 2018).</p> <p><b>#3 Basale samenstelling microbiom op het karkas</b> Monsters uit de routinematige microbiologische monitoring worden dubbel genomen in het kader van dit project. Met kleine aanpassingen zijn deze monsters geschikt gebleken om het basale microbiom op vast te stellen. De aanpassing betreft de verwerking van het primaire monster waarbij het monster zal worden gespoeld (de microbiom bevattende fractie) in plaats van</p>

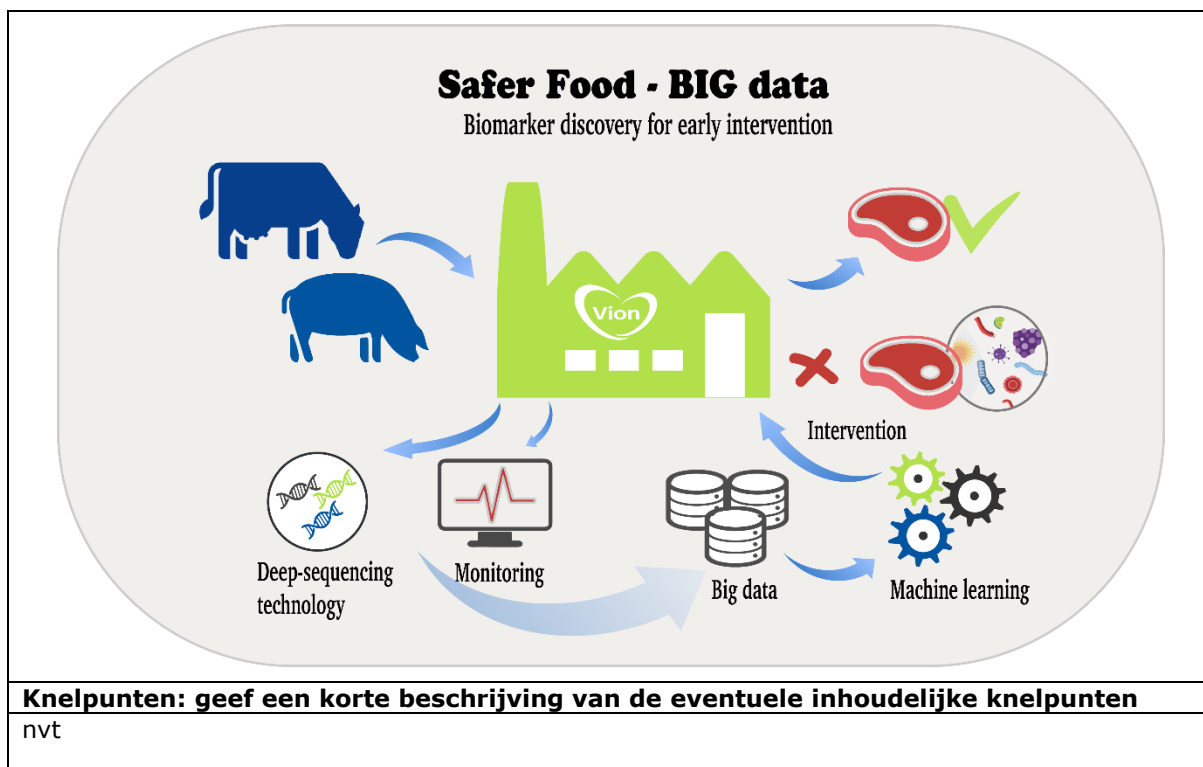
compleet gehomogeniseerd (standaard procedure) om de bijdrage van varkens DNA in de monsters te beperken. Via 16S-rRNA gen sequencing (16S-barcoding) kan uit de spoeling PCR geamplificeerd materiaal de bacteriële samenstelling worden afgeleid en gekwantificeerd met deep-sequenzen. Voor een niet-16S amplicon oftewel metagenoom methode waarbij naar al het aanwezige DNA en RNA wordt gekeken kan niet met de gehomogeniseerde monsters worden gewerkt, omdat deze >99% gastheer (varken) DNA kan bevatten. De eerste resultaten waarbij materiaalopwerking is uitgetest heeft een range aan samples opgeleverd waarbij van een groot gedeelte het microbiom middels 16S-barcoding (TF) kon worden bepaald. Een subset hiervan (de monsters met het meeste microbiële DNA) zullen vol metagenomisch worden bekeken (WBVR) om buiten de microbiële diversiteit ook te kunnen kijken naar het aanwezige genrepertoire evenals de mobiele genetische elementen waaronder fagen en plasmiden. Als met vol metagenoom sequenzen aanvullende relevante data wordt verkregen zal een optimalisatie mogelijk nodig zijn van de DNA/RNA isolatie teneinde gastheer-afkomstig DNA/RNA te minimaliseren of te depletieren via specifieke biochemische methoden (TF en WBVR). Hieruit zijn eventuele goedkoper te meten biomarker sets (verklikkers) te identificeren. Middels de hierboven genoemde methoden zal in eerste instantie een baseline van samples genomen over een maand worden bekeken. Daarnaast wordt een sample-collectie opgebouwd met ongeveer 80 samples per week over een tijdsbestek van minimaal 1 jaar. Een relevante subset wordt vervolgens bekeken met 16S-barcoding. Uit de huidige aanwezige set van 320 samples wordt een eerste subset van 80 stuks in de 16S-barcoding gebenchmarkt en kan de bacteriële samenstelling worden bepaald.

#### #4 Beschikbare data geschikt voor datamining

De beschikbare omgevingsfactoren en routinematig verzamelde data (waaronder doorstroomtijd, omgevingstemperatuur, relatieve luchtvochtigheid en bacteriële tellingen) worden verzameld en als metadata opgeleverd aan IBM. IBM bekijkt de koppelingen van de verschillende data structuren en formats om de data zo efficiënt en snel mogelijk te kunnen integreren. Hun bestaande pijplijn wordt in eerste instantie nu afgeregeld op de 16S-barcoding data.

#### **Maatschappelijke toepassing: geef een korte beschrijving van de maatschappelijke bruikbaarheid/opbrengst**

Voor de productie van varkens- en rundvlees gelden strenge voedselveiligheidsvoorschriften, die er voor zorgen dat het vlees wordt verwerkt tot een gezond consumentenproduct. Beheersing van de hygiëne en potentiële besmetting van het vlees met voedselpathogenen, zoals *Salmonella*, *Listeria monocytogenes* en STEC via de productieketen, wordt strikt met specifieke en agentia-gerichte diagnostiek gecontroleerd. Ondanks de strikte hygiënemaatregelen en procesbeheersing kan het risico op contaminatie van het eindproduct niet volledig worden geëlimineerd. Dit kan leiden tot voedselinfecties, en bovendien leidt dit tot voedselverspilling en economische schade in het geval van recalls. Dit project heeft daarom als doel om dit kleine percentage contaminatie verder te reduceren door vroeg signalerende verklikkers (biomarkers) met innovatieve methoden te identificeren. Deze biomarkers, afkomstig uit het aanwezige microbiom in de productieketen zullen als vroege voorspellers van een besmetting met ziekteverwekkers worden geïdentificeerd middels 'BIG-data' machine learning analyses.



<b>Aantal opgeleverde producten in 2017</b> (geef in een bijlage de titels en/of omschrijving van de producten of een link naar de producten op openbare websites)					
Wetenschappelijke artikelen (*)	Rapporten	Artikelen in vakbladen	Inleidingen/workshops/invited lectures	Aangevraagde octrooien /first filings	Spin-offs (**)
Nog geen (wel gepland 2x. Zie bijlage)	geen	geen	Consortium meetings	geen	geen

(\*) Ter herinnering: in geval van financiering met TKI-toeslag dienen de TKI's in publicaties genoemd te worden als financier. In het geval van publicaties in tijdschriften met een zeer hoge impactfactor worden de TKI's graag vooraf op de hoogte gesteld.  
(\*\*) Hiermee wordt bedoeld: contractonderzoek dat voortkomt uit dit project, aanvullende subsidies die zijn verkregen en spin-off bedrijvigheid.

Verwacht u het komende jaar een octrooiaanvraag?	NEE
--	-----

**Bijlage: Titels van de producten of een link naar de producten op een openbare website**

Geef evt. toelichting op:

- Afwijking opgeleverde producten
- Reden van nog niet plaatsen van product op openbare website

**Geplande publicaties:**

Wetenschappelijke publicaties

- Review 'Biofilms in the food industry with the focus on meat processing plants'.
- Genome announcement paper (Salmonella genome analysis for clonality in meat processing plants).

Vakbladen/websites:

- 1H4F website: projectbeschrijving