

SIG-BIMM, een nieuw netwerk binnen de medische microbiologie in Nederland

Ellen Carbo

Zowel next-generation sequencing (NGS) als bioinformatica is inmiddels niet meer weg te denken in de medische microbiologie. In 2018 hebben de bioinformatici Judy Fonville (voormalig PAMM) en Anita Schürch (UMCU) een Special Interest Group Bioinformatics In Medical Microbiology (SIG-BIMM) opgericht. Het doel was een kennisnetwerk te vormen ter verbetering van een gezamenlijk werkveld, in dit geval de (medische) microbiologie in Nederland.

Al snel werden Jordy Coolen (Radboud) en Sébastien Matamoros (AUMC) bij de coördinatie betrokken, gevolgd door Ellen Carbo (AUMC), die als enige nog een actieve coördinator is. Onlangs zijn Boas van der Putten (RIVM) en Casper Jamin (MUMC+) hierbij aangesloten als coördinator.

Omdat binnen de moleculaire diagnostiek steeds meer NGS-technieken worden toegepast waarbij data moeten worden verwerkt, zijn we als bioinformatici van belang. Inmiddels zijn we dan ook officieel onderdeel van de Werkgroep Moleculaire Diagnostiek (WMDI) van de NVMM.

Bioinformatica

Bioinformatica is een relatief nieuw vakgebied, waarbij informatica gebruikt om biologische en genetische vraagstukken op te lossen. Vooral nu we in de biomedische wereld veel meer gebruikmaken van NGS om DNA of RNA van verschillende organismen in kaart te brengen, levert dit grote hoeveelheden data op, die op een juiste manier verwerkt moeten worden. Enkele voorbeelden zijn de kiemsurveillance waarbij het genoom van onder andere SARS-CoV-2-virussen in kaart wordt gebracht door ruwe data na het laboratoriumproces tot de juiste RNA-sequentie te verwerken. Dit kan ook voor andere pathogenen, waarbij soms zelfs een persoonlijk contact tussen patiënten in kaart kan worden gebracht. Een ander voorbeeld is het bepalen van mutaties van bacteriën die leiden tot ontwikkeling van resistentie tegen

antimicrobiële stoffen.

De doelstelling die wij als SIG-BIMM hebben, is om kennis met en tussen onze leden/volgers te delen over het gebruik, de interpretatie en de ontwikkeling van software. Zoals kennis over verschillende laboratoriumtechnieken wordt uitgewisseld tussen verschillende centra en tussen laboratorium en kliniek, zo is het ook van belang om dit te doen voor het toepassen van software en het interpreteren en visualiseren van data.

Accurate toepassing van geschikte software zal leiden tot betrouwbare resultaten voor onderzoek en diagnostiek. Een voorbeeld is de juiste instellingen en verslaglegging van softwareversies. Daarnaast willen wij graag het bewustzijn rond bioinformatica in de medische microbiologie bevorderen.

Gekscherend wordt er nog weleens gedacht dat je een data-analyse van miljoenen stukjes DNA of RNA-sequenties kunt oplossen door een bioinformaticus op 'Enter' te laten drukken. Aan een analyse gaat echter vaak een ingewikkeld proces vooraf: het selecteren van verschillende softwareprogramma's, en deze in de juiste volgorde en met de juiste instellingen achter elkaar plaatsen. Binnen veel centra worden hiervoor supercomputers gebruikt, die de snelheid van data-analyse bevorderen maar die wel logistiek inzicht vragen van eventuele gebruikers en waarbij er minstens kleine stukjes code moeten worden geschreven in programmeertaal, om de supercomputer te vertellen wat moet worden uitgevoerd. Net als laboratoriumtechnieken moeten ook softwareprogramma's een validatie ondergaan, en dienen

Amsterdam UMC, afdeling Medische Microbiologie & Infectiepreventie, E.C. Carbo.
Correspondentieadres: e.c.carbo@amsterdamumc.nl

personen te worden opgeleid die vervolgens dit proces kunnen starten en eventuele problemen kunnen waarnemen tijdens het proces.

De SIG-BIMM komt minstens twee keer per jaar bij elkaar, live of online. Onderwerpen die we in het verleden besproken hebben, zijn implementatie van data-analyse binnen de diagnostiek, het sequencen van SARS-CoV-2 en genetische epidemiologie van infectieziekten. Bij onze bijeenkomsten proberen we ook altijd ruimte te geven aan een discussie, aangezien veel van onze leden vaak tegen dezelfde punten aanlopen. Naast de bijeenkomsten hebben we een ledenlijst zodat we elkaar onderling vragen of tips kunnen sturen. In het verleden hebben we een 'whole genome sequencing (WGS)'-benchmark georganiseerd voor het juist typeren van vancomycine-resistente *Enterococcus faecium* en *Klebsiella pneumoniae*. We bieden ook ondersteuning bij ingewikkelde vraagstukken over NGS-analyses. Onlangs zijn we als SIG-coördinatoren betrokken

geweest bij de technische werkgroep van SeqNeth, voor onder andere onderwijs en het gebruik van kwaliteitscriteria bij het delen van SARS-CoV-2-sequenties voor de landelijke kiemsurveillance.

Schroom in ieder geval niet contact met ons op te nemen over vraagstukken rond bioinformatische data-analyses. En ken je toevallig iemand die nog niet bij ons is aangesloten maar wel als bioinformaticus of data-analist werkzaam is, laat deze persoon zich dan aansluiten bij onze special interest group.

Registratie voor onze groep kan door een e-mail te sturen aan een van de coördinatoren (e-mailadressen in het onderstaande kader). Iedereen die binnen de (medische) microbiologie werkt aan de interpretatie of analyse van NGS-data, moedigen wij aan lid te worden. Voor het bijwonen van onze bijeenkomsten adviseren wij om geregistreerd NVMM-lid te zijn.

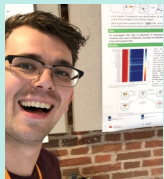
De coördinatoren van de SIG-BIMM



Ellen Carbo (Amsterdam UMC),
e.c.carbo@amsterdamumc.nl



Boas van der Putten (RIVM),
boas.van.der.putten@rivm.nl



Casper Jamin (MUMC+),
casper.jamin@mumc.nl