

ISSN 1580-4003

THE SCIENTIFIC JOURNAL OF THE VETERINARY FACULTY UNIVERSITY OF LJUBLJANA

SLOVENIAN VETERINARY RESEARCH

SLOVENSKI VETERINARSKI ZBORNIK

Supplement 23

SLOVENSKI VETERINARSKI KONGRES

23

Slov Vet Res • Ljubljana • 2019 • Vol 56 • Supplement 23 • 1-260

Sekvenciranje naslednje generacije: primeri uporabnosti v veterinarski medicini

Ivan Toplak^{1*}, Darja Kušar¹, Bojan Papič¹, Jana Avberšek¹, Jože Grom¹, Peter Hostnik¹, Aleksandra Grilc Fajfar¹, Laura Šimenc¹, Mateja Pate¹, Danijela Rihtarič¹, Urška Zajc¹, Irena Zdovc¹, Tina Pirs¹, Petra Raspor Lainšček², Andrej Kirbiš², Urška Jamnikar Ciglencečki², Olga Zorman Rojs³, Brigita Slavec³, Uroš Krapež³, Maja Rupnik⁴, Sandra Janežič⁴, Minka Kovač⁵, Anton Kovač⁵, Nataša Toplak⁵, Simon Koren⁵, Tamaš Petrovič⁶, Matjaž Očepek¹, Urška Kuhar¹

¹ Univerza v Ljubljani, Veterinarska fakulteta, Inštitut za mikrobiologijo in parazitologijo, Ljubljana, Slovenija

² Univerza v Ljubljani, Veterinarska fakulteta, Inštitut za varno hrano, krmo in okolje, Ljubljana, Slovenija

³ Univerza v Ljubljani, Veterinarska fakulteta, Inštitut za perutnino, ptice, male sesalce in plazilce, Ljubljana, Slovenija

⁴ Nacionalni laboratorij za zdravje, okolje in hrano, Maribor, Slovenija

⁵ Omega d.o.o., Ljubljana, Slovenija

⁶ Scientific Veterinary Institute "Novi Sad", Novi Sad, Srbija

*ivan.toplak@vf.uni-lj.si

Sekvenciranje naslednje generacije (NGS) temelji na vzporednem določanju zaporedja velikega števila kratkih sekvenc, ki jih kasneje sestavimo na podlagi prekrivajočih odčitkov. V okviru projekta »Ugotavljanje in karakterizacija povzročiteljev kužnih bolezni z metodo naslednje generacije sekvenciranja« uporabljamo več strategij: identifikacija posameznih patogenov ali njihovih mešanih populacij v odbranih vzorcih in metagenomski pristop. Za nekatere bolezni virusne etiologije smo že določili zaporedja celotnih genomov virusov prašičje epidemične diareje, goveje virusne diareje, stekline, klasične prašičje kuge, vozličastega dermatitisa, prašičjega reprodukcijskega in respiratornega sindroma, sapelovirusa, enterovirusov, respiratornega sincialnega virusa, virusa ptičje gripe in čebelje virusne izolatov ali neposredno iz kliničnih vzorcev. Pri bakterijah smo določali determinante virulence in odpornosti v živalskih vzorcih in proučevali možno vlogo živalskih ali okoljskih izolatov pri okužbah ljudi. Določili smo celotne genome proti meticilinu odpornim sevom *Staphylococcus aureus* (MRSA), *Staphylococcus pseudintermedius* (MRSP) in študirali prenose *Clostridium difficile*. Za testiranje in ugotavljanje uporabnosti te nove tehnologije zbiramo vzorce od obolelih živali s kliničnim znaki črevesnih in respiratornih bolezni ali vzorce obolelih živali z neznano etiologijo. Predstavili bomo najpomembnejše rezultate izvajanja projekta J4-8224.

Ključne besede: sekvenciranje naslednje generacije; celotni genom; virus, bakterija; terenski sevi

Next generation sequencing: examples of usability in veterinary medicine

Next-generation sequencing (NGS) is based on parallel sequencing of large number of short sequences that are later assembled on the basis of overlapping reads. Within the project "Identification and characterization of pathogens of infectious diseases with the method of next generation sequencing" several strategies are using: the identification of individual pathogens or their mixed populations in the selected samples and the metagenomic approach. For some diseases of viral etiology, the complete viral genome sequences of the economically important viruses such as porcine epidemic diarrhea, bovine viral diarrhea, rabies, classical swine fever, lumpy skin disease, porcine reproductive and respiratory disease, sapeloviruses, enteroviruses, bovine respiratory syncytial virus, avian influenza and bee viruses have already been determined from isolates or directly from samples with clinical manifestation of the disease. For bacteria, virulence and resistance determinants in animal samples and in addition the possible role of animal or environmental isolates in human infections are investigated. The bacterial whole genome sequences of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA), *Staphylococcus pseudintermedius* (MRSP) and *Clostridium difficile* transmissions are determined and studied. Samples from animals with clinical manifestation of intestinal

and respiratory diseases or unknown etiology are collected for testing and determining of the usefulness of this new technology. The main results of running project J4-8224 will be presented.

Keywords: next generation sequencing; complete genome; virus; bacteria; field strains