


<p><b>AOAC Lowlands Symposium</b></p>	<p><b>Snelle screening bij de poort - sturing van food &amp; feed processing</b></p>	
<p><b>Datum &amp; plaats</b></p>	<p>Donderdag 30 september 2021 NOVOTEL Dr. Batenburglaan 74 4837 BR Breda <a href="http://www.novotel.com">www.novotel.com</a></p>	
<p><b>Spreker</b></p>	<p>Dr. Eline Klaassens Product Manager Human Health  BaseClear BV, Leiden.  <a href="http://www.baseclear.com">www.baseclear.com</a>  <a href="mailto:eline.klaassens@baseclear.nl">eline.klaassens@baseclear.nl</a></p>	
<p><b>Titel van de presentatie</b></p>	<p>Microbioom-gerelateerde applicaties voor SNELLE detectie van pathogenen in de voedselketen</p>	
<p><b>Kort CV</b></p>	<p><b>Eline Klaassens</b> heeft een PhD in 'Microbial Ecology of the Human GI Tract' van de Wageningen Universiteit (2007). Ze is Product Manager bij BaseClear en verantwoordelijk voor de ontwikkeling van nieuwe producten en diensten in de productlijn Human Health, gebruikmakend van Next-Generation Sequencing-technieken. Deze nieuwe diensten bouwen voort op de sterke genomics-expertise, ervaring en sequencing-infrastructuur van BaseClear. Ons doel is om samen met partners het begrip en gebruik van microorganismen te versnellen voor een gezondere, veiligere en duurzame toekomst.</p>	
<p><b>Samenvatting lezing</b></p>	<p>De uitdagingen voor de voedingsindustrie voor de detectie en preventie van pathogenen zijn onder andere de benodigde snelle doorlooptijd, detectie van voedselpathogenen in lage concentraties, en het werken met monsters met een lage biomassa komend uit de productie keten. BaseClear is bezig met de ontwikkeling van een kweek-onafhankelijke methode om pathogenen in de productie keten en het eindproduct op te sporen met behulp van metagenoom data, welke gegenereerd wordt met de nieuwste sequencing technieken. Deze methode zal worden gebruikt voor taxonomische identificatie op stam-niveau, omdat ziekteverwekkende eigenschappen stam-afhankelijk zijn. We zijn ook geïnteresseerd in de functionele eigenschappen die we kunnen halen uit de metagenoom data. Zowel de taxonomische als functionele profielen zullen de detectie en preventie van uitbraken en het volgen van antibiotica resistentie en virulentie genen ondersteunen.</p>	