



**GRUPO AD HOC SOBRE SECUENCIACIÓN DE ALTO RENDIMIENTO,  
BIOINFORMÁTICA Y GENÓMICA COMPUTACIONAL (SAR-BGC) <sup>1</sup>**  
**París, 27–29 de junio de 2017**

La cuarta reunión del Grupo *ad hoc* de la OIE sobre secuenciación de alto rendimiento, bioinformática y genómica computacional (SAR-BGC) se celebró en la sede de la OIE del 27 al 29 de diciembre de 2017.

El mandato original, incluyendo el orden del día de la reunión y la lista de participantes figuran en los Apéndices I y II, respectivamente.

### **1. Apertura**

La Dra. Elisabeth Erlacher-Vindel, jefa del Departamento de ciencias y nuevas tecnologías, dio la bienvenida a los participantes del grupo en nombre de la Dra. Monique Eloit, directora general de la OIE. La Dra. Erlacher-Vindel describió el proyecto para la creación de una plataforma de la OIE dedicada a las secuencias genómicas (a continuación la “plataforma”), un sistema en línea para la colecta, el almacenamiento y la distribución de datos de secuencia de patógenos objeto de notificación a la OIE. Explicó que la tarea específica del grupo consistía en brindar opciones para avanzar el proyecto y dirigirse hacia la etapa de implementación. Las opciones deberán incluir una estimación del presupuesto y una lista de las necesidades del usuario.

### **2. Designación del presidente y del redactor del informe**

La reunión fue presidida por el Prof. Massimo Palmarini, y la redacción del informe se confió al Dr. James Watson.

### **3. Contexto y discusión del mandato**

El grupo revisó el mandato a la luz de los recientes desarrollos tecnológicos en materia de secuenciación genómica, de la actualización del proyecto WAHIS+<sup>2</sup> y, por último, de las nuevas solicitudes de la OIE. Tras examen, el grupo estimó apropiado ampliar el mandato y propuso la siguiente versión modificada.

#### **3.1. Mandato modificado:**

1. definir necesidades del usuario del alto nivel;
2. especificar el conjunto mínimo de los metadatos y de las normas de calidad requeridas vinculadas con las secuencias;
3. definir el flujo de información para la transmisión y la difusión de las secuencias desde el futuro sistema WAHIS+, incluyendo las etapas de autenticación, autorización y descripción de la gobernanza de los datos de secuencia;
4. proponer estrategias para iniciar y mantener el intercambio de datos, lo que exige promover el compromiso activo de los centros de referencia de la OIE;
5. identificar herramientas de análisis que se integrarán en la plataforma;

---

<sup>1</sup> Nota: el informe de este grupo *ad hoc* refleja las opiniones de sus integrantes y no necesariamente las de la OIE. Deberá leerse junto con el informe de septiembre de 2017 de la Comisión de Normas Biológicas en el que se exponen el examen y los comentarios hechos por la Comisión sobre el presente informe: <http://www.oie.int/es/normas-internacionales/comisiones-especializadas-y-grupos/comision-de-laboratorios-y-informes/informes/>

<sup>2</sup> WAHIS: Sistema mundial de información sanitaria de la OIE

6. identificar posibles modelos de enfermedades para efectuar pruebas piloto del sistema;
7. fijar las próximas etapas para la implementación de la plataforma;
8. establecer el calendario y el presupuesto.

#### 4. Definir necesidades del usuario de alto nivel

La plataforma constituye un sistema de colecta, almacenamiento y análisis de datos sobre las secuencias de patógenos asociados con la notificación de enfermedades de declaración obligatoria efectuada por los Países Miembros a la OIE. La finalidad de la plataforma es ofrecer un sistema centralizado accesible y transparente dentro de la OIE que integre dichos datos a la información brindada por WAHIS+.

El grupo estableció las principales necesidades del usuario de la plataforma:

- La plataforma deberá diseñarse de tal manera que permita una plena interoperabilidad con WAHIS+.
- Las secuencias solo deberán presentarse y vincularse con una notificación de enfermedad ya registrada.
- Todos los datos de secuencia deberán tener un identificador único generado por la plataforma y vinculado + con la identificación (ID) de un informe de WAHIS o de un brote de referencia.
- La plataforma deberá ofrecer un mecanismo simple para cargar estas secuencias de datos, incluyendo la capacidad de cargar por lotes.
- El acceso y la utilización de la plataforma estarán condicionados a una autenticación y autorización del sistema.
- La aprobación del Delegado de la OIE y la subsiguiente difusión de los datos de la secuencia deberá respetar el proceso propuesto y acordado (ver punto 3 del mandato).
- La base de datos de la plataforma deberá incluir un conjunto organizado de las secuencias de genomas de patógenos de referencia (ver punto 5 del mandato) a efectos de análisis comparativo.
- La plataforma deberá ofrecer herramientas para descargar las secuencias.
- La plataforma deberá permitir la presentación de las secuencias de genoma de patógenos, ya sean completas o parciales.
- La plataforma deberá ofrecer un seguimiento del uso de los datos.
- La plataforma deberá generar y distribuir automáticamente informes analíticos a los laboratorios y Países Miembros que aporten las secuencias.
- Los datos de secuencia pertenecen al País Miembro que los notifica, de conformidad con los principios del [Protocolo de Nagoya](#).
- Los usuarios de los datos de secuencia deberán aceptar de manera explícita los términos y condiciones de uso al registrarse en la plataforma. Aspecto esencial en cuanto a las restricciones de distribución y publicación de los datos de secuencia.

#### 5. Especificar el conjunto mínimo de metadatos y normas de calidad requeridas vinculadas con las secuencias

La Dra. Natalja Lambergeon, jefa de proyecto del Departamento de información y análisis de la sanidad animal, se unió al grupo en esta parte del encuentro.

Los metadatos asociados con la notificación de enfermedades deberán permanecer en WAHIS+ y no duplicarse en la plataforma. Los laboratorios a cargo de la generación de datos conservarán la información detallada sobre los métodos y controles de calidad asociados con la generación de las secuencias presentadas. No obstante, la presentación de la secuencia deberá ser conforme con las normas definidas en el Capítulo 1.1.7. *Normas aplicables a la secuenciación de alto rendimiento, la bioinformática y la genómica computacional del Manual de las Pruebas de Diagnóstico y de las Vacunas para los Animales Terrestres (Manual Terrestre)*.

Un ejemplo del modelo de presentación de metadatos se define en el [Apéndice III](#).

## **6. Definir el flujo de información para la transmisión y difusión de las secuencias desde el futuro sistema WAHIS+, incluyendo la autenticación, autorización y descripción de la gobernanza de los datos de secuencia**

La notificación, validación y difusión de información epidemiológica en materia de sanidad animal sigue un proceso formal establecido por la OIE y aprobado por los Países Miembros de la OIE.

La transmisión de secuencias genómicas de patógenos en la plataforma deberá seguir un proceso similar que incluye el desarrollo de un procedimiento operativo estándar que implique la aprobación para cargar y difundir secuencias por parte del Delegado de la OIE (o del punto focal). Además, la aprobación deberá especificar el nivel de difusión de los datos de secuencia (por ejemplo, libre acceso, restricción para algunos socios seleccionados o bloqueo completo).

El diagrama en el [Apéndice VI](#) muestra la propuesta para vincular, presentar y aprobar la inclusión de una secuencia en la plataforma. Existen cuatro posibles participantes en el proceso: (i) el Delegado de la OIE (o el punto focal), (ii) el laboratorio de referencia nacional que lleva a cabo el diagnóstico inicial, (iii) el centro de referencia de la OIE, y (iv) el personal de la OIE responsable de gestionar la plataforma. Al Delegado de la OIE (o punto focal) le corresponde la decisión final de divulgar la secuencia. El diagrama esquemático muestra el proceso de presentación de una secuencia en la plataforma. Es importante reiterar que el envío de la secuencia sólo es posible una vez que el delegado haya confirmado la enfermedad de declaración obligatoria (ya sea notificación inmediata, informe semestral o informe anual sobre la fauna silvestre).

El grupo todavía no ha considerado la presentación de secuencias de patógenos relacionadas con informes semestrales o anuales de la fauna silvestre, tema que estudiará en el futuro.

## **7. Proponer estrategias para iniciar y mantener el intercambio de datos, lo que exige promover el compromiso activo de los centros de referencia de la OIE**

Los datos de secuencias de patógenos, parciales o con información de la secuencia completa del genoma, ofrecen oportunidades de diagnóstico sin precedentes tal y como se consigna en el Capítulo 1.1.7. *Normas aplicables a la secuenciación de alto rendimiento, la bioinformática y la genómica computacional del Manual Terrestre*, adoptado por la Asamblea Mundial de Delegados en mayo de 2016. El grupo recomendó que la estrategia que fomente el intercambio de datos deberá demostrar a los proveedores de secuencia el valor añadido y los beneficios mutuos de tal intercambio. Por ejemplo, la plataforma deberá:

- brindar al proveedor de datos información mínima sobre los datos, por ejemplo, la tipificación del patógeno;
- ofrecer un panorama general del contexto epidemiológico y de su historia asociada;
- permitir que los reactivos de diagnóstico se modifiquen para identificar variantes de patógenos emergentes;
- mejorar la capacidad de rastrear brotes de enfermedad;
- posibilitar el desarrollo de mejores estrategias nacionales e internacionales para el diagnóstico, control y prevención de enfermedad;
- ofrecer un acceso avanzado a datos de secuencia de patógenos que no se encuentran disponibles al público.

Aún más, el intercambio de datos permitirá el control de enfermedades animales y contribuirá al concepto de bien público internacional como lo estipulan los Objetivos de Desarrollo Sostenible de las Naciones Unidas.

El grupo reconoce las preocupaciones en torno al intercambio de datos, como es el caso de los derechos de propiedad intelectual, la propiedad de los datos y la publicación. El grupo recomienda que todos los datos se presenten y utilicen de conformidad con los principios del [Protocolo de Nagoya](#) relativos al “Acceso a los recursos genéticos y participación justa y equitativa en los beneficios que se derivan de su utilización” del Convenio sobre la Diversidad Biológica y en cumplimiento con las normas y prácticas científicas comunes.

Con el fin de impulsar la participación activa en la plataforma, el grupo recomienda que los informes (anuales o semestrales a la OIE) incluyan disposiciones para que los Países Miembros suministren datos de secuencias de patógenos específicos. Esto incluirá la valorización de toda contribución a los informes sobre la tendencia de las enfermedades en el mundo, análisis exhaustivos de centros de referencia y todo descubrimiento reciente.

## 8. Identificar herramientas de análisis que se integrarán en la plataforma

El Dr. Paolo Tizzani, veterinario epidemiólogo del Departamento de información y análisis de la sanidad animal, se unió al grupo para esta parte del encuentro.

La plataforma deberá disponer de funciones relativamente sencillas y de herramientas analíticas que faciliten el tratamiento posterior de los datos y mejoren la experiencia del usuario. En particular, el grupo recomienda las siguientes disposiciones.

### 8.1. Funciones obligatorias

- la “verificación de la identidad” inicial de la secuencia presentada. Esta herramienta evitará errores en la presentación de secuencias de patógenos (por ejemplo, que el usuario cargue el fichero equivocado o secuencias falsas);
- los resultados de la verificación de identidad antes descritos deberán comunicarse al usuario que tendrá la opción de corregir los errores. El informe del sistema sobre el error o los problemas de identificación será de gran importancia cuando los usuarios carguen lotes de secuencias;
- los usuarios deberán tener la posibilidad de anular el control de identidad. Ocasionalmente, pueden existir casos en los que la secuencia genética de un patógeno específico difiera sustancialmente de los conocimientos que se tenían en el momento de la presentación. Esta secuencia deberá enviarse pese a los fallos de verificación de la identidad. Los niveles de autorización necesarios para cancelar los requisitos del sistema han de evaluarse cuidadosamente.

### 8.2. Funciones recomendadas

- *Herramienta filogenética*

La plataforma deberá contar con un número representativo de secuencias de patógenos pertinentes para cada agente patógeno específico (“secuencias de referencia”). Dichas secuencias probablemente podrán representar, aunque no exclusivamente, las “cepas de referencia” existente para cada patógeno. Esta herramienta creará automáticamente un árbol filogenético donde se comparan las secuencias presentadas con las de referencia para el patógeno en cuestión. Igualmente, deberán estudiarse otras herramientas epidemiológicas moleculares.

- El grupo sugirió que los grupos *ad hoc*, nuevos o existentes, revisen dichas secuencias de referencia de manera similar al examen que se hace de las pruebas de diagnóstico y vacunas en los capítulos específicos de enfermedad del *Manual Terrestre*.
- *Configuración geográfica de las secuencias presentadas*

Cada secuencia presentada se vincula con un evento específico notificado. Por lo tanto, deberá ser posible visualizar la distribución geográfica y temporal de secuencias similares.

## 9. Identificar posibles modelos de enfermedades para efectuar pruebas piloto del sistema

De acuerdo a lo mencionado, el grupo recomendó el desarrollo de la plataforma en dos etapas. La primera deberá concentrarse en un pequeño número de enfermedades (3–4). Debido a la diversidad de la estructura genética de cada patógeno (por ejemplo, virus con genomas segmentados o no), y a las características inherentes de las distintas enfermedades, la plataforma necesitará incluir las características “específicas del patógeno”.

El grupo recomendó que para acelerar la etapa inicial del proyecto se recurra a la pericia y a la labor actual del centro colaborador de la OIE para la genómica de virus y bioinformática (MRC-University of Glasgow, Centre for Virus Research, Escocia, Reino Unido), el laboratorio de referencia para la influenza aviar y la enfermedad de Newcastle (Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Padova, Italia), los laboratorios de referencia de la OIE para la influenza aviar y la enfermedad de la lengua azul (Australian Animal Health Laboratory, Geelong, Australia) y el laboratorio de referencia de la OIE para la rabia (Animal and Plant Health Agency, Weybridge, Reino Unido), al igual que a otros centros de referencia de la OIE si fuera necesario. Por lo tanto, el grupo aconsejó centrarse inicialmente en las siguientes enfermedades: influenza aviar, lengua azul y rabia e instó a que se tuviera en cuenta la peste de los pequeños rumiantes como un posible modelo adicional de enfermedad. Estas enfermedades tienen la ventaja adicional de ser causadas por virus con una estructura genómica distinta y una distribución geográfica mundial.

## 10. Fijar las próximas etapas para la implementación de la plataforma de la OIE

El grupo determinó las etapas necesarias para avanzar en el desarrollo de la plataforma, centrándose en la elaboración de una versión preliminar, o beta, del sistema a partir de los modelos de enfermedad propuestos en el punto 6 del mandato.

El grupo, al tanto del organigrama para el desarrollo de WAHIS+, propuso desarrollar la versión beta del sistema en paralelo con la Etapa 1 del proyecto WAHIS+. Esta fase piloto deberá completarse cuando se inicie la Etapa 2 del proyecto WAHIS+. Los recursos humanos y el presupuesto requerido para la implementación se definirán en función de la renovación total del sistema o de la adaptación del programa existente.

La plataforma y el proyecto WAHIS+ deberán desarrollarse en estrecha coordinación.

## 11. Calendario y presupuesto

### 11.1. Calendario

El proyecto de calendario de la fase piloto figura en el Apéndice V. El calendario final lo finalizará el analista designado.

La plataforma deberá integrarse con WAHIS+. Con fines operativos, deberá diseñarse para contar con dos componentes: un componente gestión de datos y notificación (arquitectura básica) y otro de análisis de la secuencia (componente bioinformático).

La lista de los objetivos principales en el proyecto de calendario figura en el Apéndice V:

- Designación del analista (inicio)
- Arquitectura básica de la plataforma diseñada y acordada junto con los programadores de WAHIS+, con el fin de garantizar la interoperabilidad de los dos sistemas (plazo: 3 meses)
- Implementación de la arquitectura básica planeada (plazo: 12 meses)
- Determinación del componente bioinformático de común acuerdo entre los programadores de la arquitectura básica y los bioinformáticos (el grupo recomienda una arquitectura plug-in) (plazo: 6 meses)
- Integración del componente bioinformático con la arquitectura básica (plazo: 12 meses)
- Desarrollo de módulos para las enfermedades específicas con el apoyo de expertos de la OIE (plazo: 18 meses)
- Desarrollo de un módulo (interfaz gráfica del usuario) para permitir un acceso en línea (plazo: 12 meses)
- Implementación de un sistema de información al usuario (plazo: 12 meses)

### 11.2. Presupuesto para la etapa piloto

El grupo recomendó que los programadores de la plataforma deberían tener acceso a la arquitectura básica de WAHIS+ con el fin de adoptar una tecnología compatible, lo que garantizará la interoperabilidad y asegurará que los dos sistemas intercambien y puedan consultar la misma información. Además, las herramientas bioinformáticas existentes deberán adaptarse en función de la plataforma, cuando esto sea posible.

El presupuesto para la fase piloto incluye los siguientes puntos (entre paréntesis el plazo estimado para la finalización de las tareas asignadas):

- un jefe de proyecto por 18 meses (*ya designado*);
- un analista (12 meses);
- reunión con un pequeño “grupo técnico (jefe del proyecto, analista y expertos) para desarrollar las características específicas del sistema;
- Al menos un ingeniero informático y un administrador del sistema a medio tiempo (0.5) durante 18 meses;
- al menos un bioinformático (18 meses);
- al menos un “grupo de reflexión” *ad hoc* para debatir el desarrollo de los módulos para las enfermedades seleccionadas;

- al menos un asesor independiente para revisar y presupuestar todo el proyecto incluyendo las etapas posteriores a la versión beta (3 meses);
- gastos de viaje;
- otros gastos (hardware, software, computación en la nube, etc.).

El presupuesto estimado es de aproximadamente 500 000 euros, sin contar el jefe de proyecto, a partir de una media de los costos. El analista podrá ayudar a establecer un presupuesto más exacto y los distintos calendarios para el desarrollo de toda la plataforma.

## 12. Otras consideraciones

- Se deberá prestar una atención particular a la revisión periódica del Capítulo 1.1.7 *Normas aplicables a la secuenciación de alto rendimiento, la bioinformática y la genómica computacional* del *Manual Terrestre*, habida cuenta de los rápidos progresos en las tecnologías genómicas y la evolución de las normas en la materia. Además, los procesos bioinformáticos requerirán una validación o acreditación.
- Los capítulos específicos de enfermedad del *Manual Terrestre* de la OIE necesitan incorporar los métodos y las recomendaciones que surjan del uso de las tecnologías de secuenciación para fines de diagnóstico.
- En el futuro, se pueden introducir otras tecnologías que no estén basadas en la secuenciación genómica *per se* (por ejemplo, la espectrometría de masa).
- El grupo evocó la posibilidad de que los centros de referencia de la OIE puedan facilitar la adopción de una secuenciación específica y enfoques bioinformáticos para determinados patógenos.
- La plataforma puede ser utilizada para la movilización de recursos y el desarrollo de capacidades en los países en desarrollo. Una promoción a nivel nacional que vaya más allá de las autoridades agrícolas, por ejemplo, los ministerios de finanzas, ciencias y tecnologías y otras partes interesadas, podría ser una ventaja para el control de las enfermedades animales.

## 13. Otros asuntos

Ninguno.

## 14. Finalización y adopción del proyecto de informe

El grupo finalizó y adoptó el proyecto de informe.

---

.../Apéndices

**GRUPO AD HOC SOBRE SECUENCIACIÓN DE ALTO RENDIMIENTO,  
BIOINFORMÁTICA Y GENÓMICA COMPUTACIONAL (SAR-BGC)**

**París, 27–29 de junio de 2017**

---

**Contexto**

En 2012, un grupo *ad hoc* de reflexión se reunió en la sede de la OIE con el fin de identificar las oportunidades y los desafíos que representan las nuevas tecnologías de secuenciación en el diagnóstico, la vigilancia y el control de las enfermedades animales de la lista de la OIE.

En 2013, el primer Grupo *ad hoc* sobre secuenciación de alto rendimiento, bioinformática y genómica computacional acordó tratar tareas específicas como la preparación de las normas en este campo y el programa de una plataforma electrónica destinada a la colecta de datos de secuencia de patógenos que son de declaración obligatoria para los Países Miembros. Hasta la fecha, los resultados de su labor incluyen (i) un nuevo capítulo del OIE *Manual de Pruebas de Diagnóstico y Vacunas para los Animales Terrestres* de la OIE sobre las normas para la secuenciación de alto rendimiento, bioinformática y genómica computacional, (ii) un esbozo de especificaciones técnicas de la plataforma electrónica de la OIE, y (iii) un sitio web con wireframe de la plataforma para visualizar las principales funciones y posibles desarrollos.

La reunión del grupo *ad hoc* en junio de 2017 debatirá tres temas principales, en particular: i) los metadatos específicos y datos de secuencia que se almacenarán en la plataforma electrónica de la OIE, (ii) la gobernanza de los datos de secuencia, y (iii) los medios para promover una cultura de intercambio de secuencia de datos entre los centros de referencia de la OIE.

---

**Mandato**

1. Definir el conjunto mínimo de metadatos y las normas de calidad requeridas que se adjuntarán a las secuencias.
2. Identificar posibles modelos de enfermedades para efectuar pruebas piloto del sistema.
3. Definir el flujo de información para la transmisión y la difusión de las secuencias desde el futuro sistema WAHIS+, incluyendo las etapas de autenticación, autorización y descripción de la gobernanza de los datos de secuencia.
4. Proponer estrategias para iniciar y mantener el intercambio de datos, lo que exige promover el compromiso activo de los centros de referencia de la OIE.
5. Identificar herramientas de análisis que se integrarán en la plataforma.
6. Fijar las próximas etapas para la implementación de la plataforma.

---

**Orden del día**

1. Apertura
  2. Designación del presidente y el relator
  3. Adopción del orden del día
  4. Análisis del mandato
  5. Otros asuntos
  6. Adopción del informe
-

**GRUPO AD HOC SOBRE SECUENCIACIÓN DE ALTO RENDIMIENTO,  
BIOINFORMÁTICA Y GENÓMICA COMPUTACIONAL (SAR-BGC)**

París, 27–29 de junio de 2017

**Lista participantes**

**MIEMBROS**

---

**Prof. Massimo Palmarini**

Director, Centre for Virus Research  
MRC - University of Glasgow  
OIE Collaborating Centre for Viral  
Genomics and Bioinformatics  
464 Bearsden Road, Glasgow G61  
1QH, Scotland  
REINO UNIDO  
[massimo.palmarini@glasgow.ac.uk](mailto:massimo.palmarini@glasgow.ac.uk)

**Prof. Gary Van Domselaar**

Chief Bioinformatics, National  
Microbiology Laboratory, Public Health  
Agency of Canada, Canadian Science  
Centre for Human and Animal Health,  
Winnipeg R3E 3R2  
CANADÁ  
[gary.vandomselaar@phac-aspc.gc.ca](mailto:gary.vandomselaar@phac-aspc.gc.ca)

**Dra. Isabella Monne**

Istituto Zooprofilattico Sperimentale  
delleVenezie (IZSVe)  
Viale dell'Università, 10  
35020 Legnaro (Padova)  
ITALIA  
[imonne@izsvenzie.it](mailto:imonne@izsvenzie.it)

**Dr. Vish Nene**

Director, Animal and Human Health  
Program, co-Leader (ILVAC),  
International Livestock Research  
Institute (ILRI)  
Old Naivasha Road, P. O. Bo 30709,  
Nairobi 00100  
KENIA  
[v.nene@cgiar.org](mailto:v.nene@cgiar.org)

**Dr. Gabriele Casadei**

Istituto Zooprofilattico Sperimentale  
della Lombardia e dell'Emilia Romagna  
"Bruno Ubertini" (IZSLER)  
Via Bianchi, 9, 25124 Brescia  
ITALIA  
[gabriele.casadei@izsler.it](mailto:gabriele.casadei@izsler.it)

**Dra. James Watson**

Research Director - Diagnosis,  
Surveillance and Response (Acting),  
Veterinary Investigation Leader,  
Australian Animal Health Laboratory  
CSIRO  
Private Bag 24 Geelong Victoria 3220  
AUSTRALIA  
[james.watson@csiro.au](mailto:james.watson@csiro.au)

**REPRESENTANTE DE LA COMISIÓN DE NORMAS BIOLÓGICAS**

---

**Prof. Anthony R. Fooks**

Head of Wildlife Zoonoses and Vector-Borne Diseases Research Group  
Virology Dept  
Animal and Plant Health Agency (APHA)  
Woodham Lane, New Haw  
Addlestone. Surrey. KT15 3NB  
REINO UNIDO  
[tony.fooks@apha.gsi.gov.uk](mailto:tony.fooks@apha.gsi.gov.uk)

**SEDE DE LA OIE**

---

**Dr. Matthew Stone**

Director general adjunto, Normas  
internacionales y ciencia  
12 rue de Prony, 75017 París  
FRANCIA  
[oi@oie.int](mailto:oi@oie.int)

**Dra. Elisabeth Erlacher-Vindel**

Jefa, Departamento de ciencias y nuevas  
tecnologías  
[e.erlacher-vindel@oie.int](mailto:e.erlacher-vindel@oie.int)

**Dra. Natalja Lambergeon**

Jefa de proyecto  
Departamento de información y  
análisis de la sanidad animal  
[n.lambergeon@oie.int](mailto:n.lambergeon@oie.int)

**Dr. Antonino Caminiti**

Comisionado  
Departamento de ciencias y nuevas  
tecnologías  
[a.caminiti@oie.int](mailto:a.caminiti@oie.int)

**Dr. Paolo Tizzani**

Epidemiólogo veterinario  
Departamento de información y  
análisis de la sanidad animal  
[n.lambergeon@oie.int](mailto:n.lambergeon@oie.int)

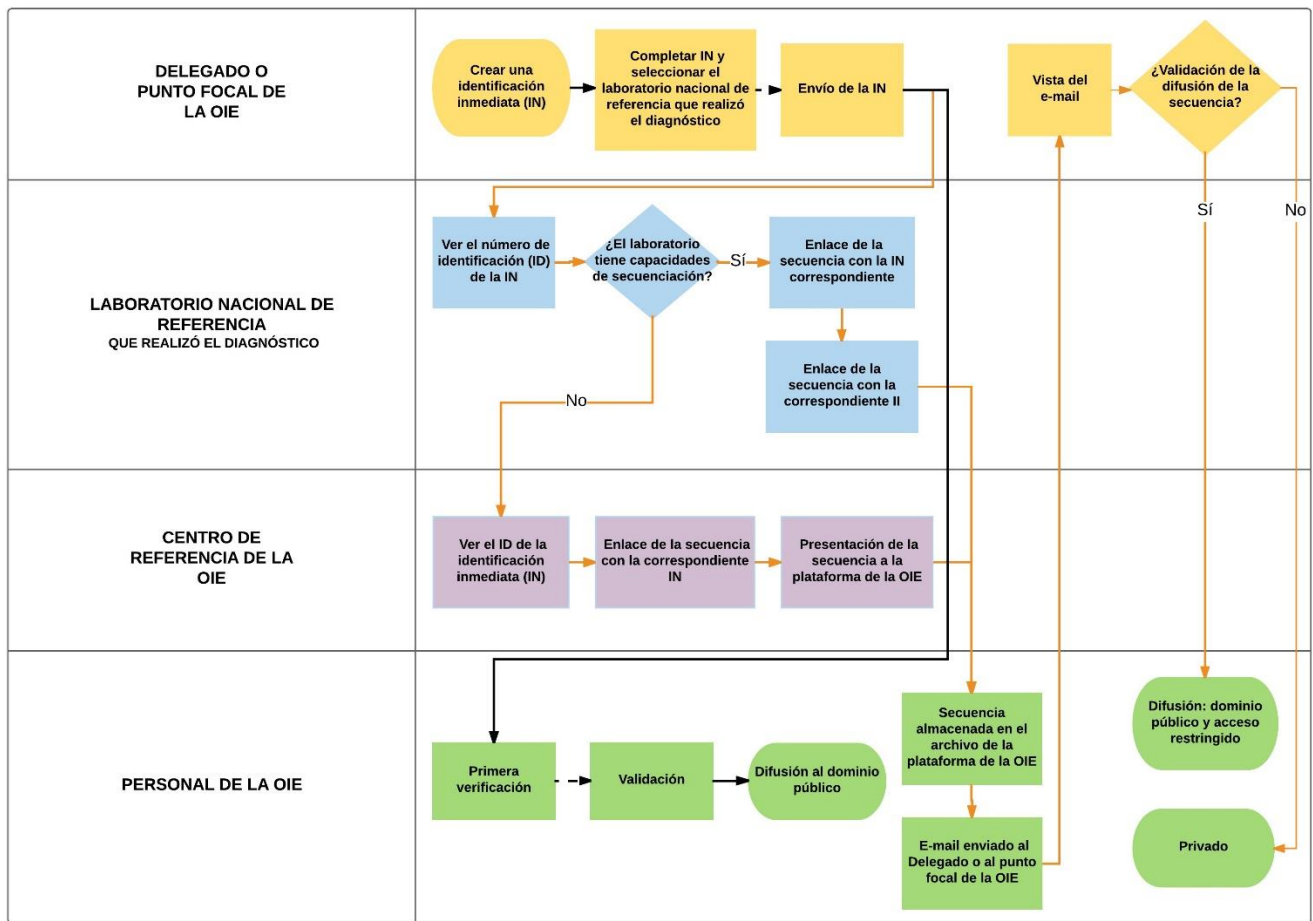


Esquema de metadatos para los datos de secuencia

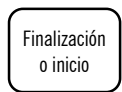
	Nombre	Descripción	Obligatorio	Replicable*	Entradas válidas	Notas
1	SourceLab	Laboratorio	S	N	Identificador del laboratorio de la OIE	
2	SourceID	Identificador único del laboratorio	S	N	Identificador único para la muestra biológica de la base de datos del laboratorio de origen	
3	SampleSource	Fuente de la muestra – clínica, medioambiental, etc.	S	N		
4	SampleType	Muestra o cultivo principal	S	N		
5	SampleHistory	Historial	N	N		
6	OIEDisease	Enfermedad de la OIE (especies, subtipo)	S	N	Referencia a los Códigos de la OIE	
7	Taxon	Identificador taxonómico	S	N	Selección de una lista predefinida de las especies que se deben definir para todas las enfermedades de la lista de la OIE	
8	Strain	Cepa / Tipo	N	N	ID de cepa específica a un organismo	
9	SubStrain	Subtipo / Clado	N	N	ID de subcepa específica a un organismo	
10	SeqDesc	Descripción general del material	S	N	Texto libre	
11	SeqType	Genoma parcial o completo	S	N		
12	SeqQuality	Evaluación de calidad	S	N	Bandera si la secuencia cumple con las recomendaciones de control de calidad	Tres banderas indicadoras de nivel: <ul style="list-style-type: none"> <li>- Cumple con las normas de la OIE</li> <li>- Cumple sustancialmente con las normas de la OIE</li> <li>- No cumple con las normas de la OIE</li> </ul>
13	SeqContam	Verificación de la contaminación	S	N	Etiqueta para mostrar la verificación	
14	SeqHost	Hospedador	N	N	Identificador de la OIE para las especies de las que se colectado la muestra	
15	SeqDate	Fecha de colecta	S	N	Fecha de colecta de la muestra	
	SeqMethod	Método o plataforma utilizada para generar la secuencia	S	N		
	SeqLibrary	Método de preparación de la biblioteca	N	N		
16	SeqRef	Secuencia	N	S	Vínculo/s con la información de la secuencia (por ejemplo, banco de genes)	Permite listar múltiples referencias
17	Reference	Literatura	N	S	Referencias pertinentes que describan la secuencia	Permite listar múltiples referencias
17,1	ReferenceDOI	Literatura	N	N	Identificador digital de objeto (DOI) para referencia	
17,2	ReferenceURL	Literatura	N	N	URL para referencia	

\* Replicable: el campo acepta más de una entrada

**Propuesta de proyecto para el vínculo, la presentación y la aprobación para la difusión de una secuencia en la plataforma genómica de la OIE**



Negro: proceso establecido



Muestra el inicio o la finalización del proceso

→ Conecta acciones establecidas

Naranja: proceso propuesto



Presenta una acción del proceso

- - → Conecta acciones establecidas e implica la presencia de acciones adicionales en el ínterin



Indica una decisión den el proceso

- - - → Conecta acciones propuestas



