



**GRUPO AD HOC SOBRE SECUENCIACIÓN DE ALTO RENDIMIENTO,
BIOINFORMÁTICA Y GENÓMICA COMPUTACIONAL (SAR-BGC)¹**

París, 25–27 de noviembre de 2013

El Grupo *ad hoc* sobre secuenciación de alto rendimiento, bioinformática y genómica aplicada (SAR-BGC) (en adelante, el GAH) se reunió en la sede de la OIE, en París, del 25 al 27 de noviembre de 2013.

El orden del día y la lista de participantes figuran en los Anexos I y II, respectivamente.

1. Bienvenida

La Dra. Elisabeth Erlacher-Vindel, Jefa en funciones del Departamento Científico y Técnico, dio la bienvenida a los participantes en nombre del Dr. Bernard Vallat, Director General de la OIE. Explicó que la tarea específica que se encomendaba al grupo consistía en elaborar una estrategia de la OIE sobre el tema, para uso de la propia OIE, de la red de Laboratorios de Referencia y Centros Colaboradores de la OIE (Centros de Referencia) y de los Países Miembros.

2. Designación del presidente y del redactor

La reunión fue presidida por el Prof. Massimo Palmarini, y el Dr. Peter Daniels se encargó de redactar el informe.

3. Términos de referencia para la reunión del grupo *ad hoc*

Los términos de referencia (TdR), que se aprobaron con mínimas modificaciones, figuran en el Anexo III.

4. Síntesis de las principales recomendaciones

- 4.1. La secuencia genómica de los agentes infecciosos y su correspondiente análisis son componentes esenciales de la investigación de las enfermedades, hoy en día y previsiblemente también en el futuro.
- 4.2. La OIE tiene la ventaja de contar con un sistema de información zoonosanitaria y una red de 284 Centros de Referencia. Los datos de la secuencia genómica de los agentes infecciosos deberán formar parte de los informes sobre las enfermedades de los animales y su vigilancia y, en consecuencia, la OIE deberá adaptar sus sistemas de información zoonosanitaria para incluirlos.
- 4.3. La SAR-BGC irá convirtiéndose en un importante instrumento de generación de datos de secuencia genómica, y la OIE deberá formular normas que rijan la utilización de esta tecnología en los laboratorios e incorporen los procedimientos de esta a los métodos de laboratorio para enfermedades animales específicas. Estas cuestiones deberán impulsarse urgentemente aplicando proyectos piloto que aborden las cuestiones relativas a una posible base de datos; elaborando normas destinadas al *Manual de las Pruebas de Diagnóstico y de las Vacunas para los Animales Terrestres (Manual Terrestre)* de la OIE; iniciando el trabajo en red entre Centros de Referencia debidamente cualificados; y produciendo conjuntos de datos estándar que puedan usarse en programas de aseguramiento de la calidad.

¹ 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 febrero de 2014 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/>

5. Seguimiento de los términos de referencia

5.1. TdR 1. Globalización del diagnóstico microbiano en el ámbito de la sanidad animal

El GAH señaló que la información sobre secuencias genómicas está adquiriendo un papel cada vez más relevante en el diagnóstico y el control de las infecciones microbianas, entre otras, para la caracterización de agentes infecciosos, sus posibles fenotipos y la probable distribución de su propagación en el espacio y en el tiempo. Por ello, el GAH recomienda a la OIE establecer una estrategia, y adoptar políticas y prácticas de análisis y gestión de la información relativa a las secuencias genómicas de los microorganismos, que están tornándose esenciales para entender y controlar las enfermedades infecciosas.

El GAH estima que, tanto en el entorno científico actual como en el futuro, no puede considerarse que un microorganismo se ha identificado satisfactoriamente si no se han descrito las principales características de su genoma. Para los virus, esto puede atañer al genoma completo, mientras que para las bacterias y los parásitos puede tratarse tan solo de secuencias parciales. La tecnología está avanzando tan rápidamente que, a corto plazo, quizá puedan generarse rutinariamente secuencias del genoma completo incluso de esos microorganismos más grandes.

La OIE tiene la responsabilidad de liderar las cuestiones zoonositarias a escala internacional y, a tal efecto, deberá asumir una función directiva y central en la gestión, la interpretación y el uso de la información sobre secuencias en materia de sanidad animal. Esto deberá traducirse, entre otras cosas, en la formulación de normas que rijan la generación de esos datos durante la investigación de infecciones de animales aislados, de poblaciones de animales y de su entorno inmediato en cualquier punto de la “cadena” que une la producción animal con sus beneficiarios últimos.

El GAH indicó que la clara tendencia a generar y utilizar cada vez más información de secuencias para el estudio de agentes infecciosos no solo tiene implicaciones en la producción, la gestión y el empleo de dicha información, así como en la consiguiente necesidad de contar con normas y servicios conexos, sino también, en última instancia, en el diseño y el funcionamiento de los laboratorios veterinarios. En este sentido, podría ser necesario, por ejemplo, contar con dispositivos y sistemas de generación de datos de secuencias que no estén en los laboratorios y se hallen más cerca de los lugares de toma de muestras, en las explotaciones pecuarias o en otros puntos de la “cadena” de sanidad animal y seguridad sanitaria de los alimentos. Esta evolución precisará de normas que garanticen la supervisión por parte de los servicios veterinarios y el adecuado aseguramiento de la calidad.

5.2. TdR 2. Red mundial de Centros de Referencia de la OIE para adoptar un enfoque internacional coordinado de aplicación de la SAR-BGC

Gracias a sus Centros de Referencia designados y a la posibilidad de recurrir a otros expertos nacionales a través de las oficinas de los Delegados de los Países Miembros, la OIE tiene a su disposición gran parte de la pericia necesaria para entender científicamente cómo usar la información de secuencias de microorganismos en el ámbito de la sanidad animal. El GAH recomienda que la OIE, en respuesta a su mandato, se valga de toda esa pericia para definir sus políticas y prácticas en cuanto a la gestión y el uso de la información de secuencias.

En un primer momento, podrá recabarse la participación de científicos cualificados de la red mundial de Centros de Referencia para abordar cuestiones específicas para las que se requiera tan solo un asesoramiento puntual. En el punto 5.5. del presente informe, se ofrece una perspectiva más detallada para evaluar el alcance y la determinación de dicha pericia.

5.3. TdR 3. Coordinación de la gestión de datos y posible papel de la OIE en la organización de una base de datos específica

El GAH recomienda que la OIE adopte una óptica más global a la hora de recopilar y conservar información de secuencias relativas a enfermedades animales, y que ofrezca un acceso abierto a dicha información.

El GAH considera que los datos de secuencias de microorganismos generados por técnicas de tipo SAR y metagenómicas constituyen solo uno de los medios, aunque uno poderoso, de investigar las cuestiones inherentes a la sanidad animal y la seguridad sanitaria de los alimentos. En consecuencia, el proceso completo de interpretación de esos datos en relación con la investigación de una enfermedad deberá estar dirigido por veterinarios debidamente cualificados de acuerdo con los requisitos habituales aplicados al diagnóstico de las enfermedades animales. Para resaltar el hecho de que, en el futuro, el análisis de secuencias formará parte de cualquier toma de decisiones en el ámbito de la sanidad animal, el GAH recomienda que las secuencias y el análisis de secuencias procedentes de infecciones asociadas a casos, brotes o investigaciones de enfermedades animales se consignen junto al resto de la información en los informes y registros dedicados a esos casos y brotes, y que se consideren parte necesaria de estos.

Por consiguiente, el GAH recomienda a la OIE pedir que se incluya información genómica en los informes formales que se presenten a la Organización, e instaurar los debidos sistemas para recibir, conservar, consultar y compartir esa información.

La Dras. Paola Cáceres y Lina Awada, del Departamento de Información Sanitaria de la OIE, se sumaron a la reunión para ayudar al GAH a barajar vías prácticas y estrategias para aplicar este concepto.

El GAH estima que el almacenamiento de información de secuencias de microorganismos pertinentes para la sanidad animal está algo fragmentado. Aunque GenBank se considera el depósito por excelencia de tal información, el GAH es consciente de que existen otras bases de datos, tales como las de algunos Centros de Referencia destinadas a agentes específicos o ciertas bases de datos público-privadas dedicadas a otros agentes, como los virus de la influenza. Más importante si cabe, los organismos públicos de financiación suelen exigir que las secuencias halladas gracias a sus fondos se introduzcan oportunamente en bases de datos de acceso abierto. El GAH está al corriente asimismo de que se han entablado conversaciones internacionales con la finalidad de consolidar la información sobre los microorganismos y los metadatos asociados, incluida la información epidemiológica.

En este contexto innegablemente complejo, el GAH examinó el papel de la OIE y la estabilidad que brinda. La OIE es una organización a la que han adherido voluntariamente la mayoría de los países comprometidos con la sanidad y la producción animal en el mundo. La pertenencia a la OIE es oficial, en el sentido en que se basa en acuerdos ratificados a nivel estatal. Además, en la esfera internacional, se ha otorgado explícitamente a la OIE la función oficial de árbitro en todas aquellas cuestiones y normas relativas a la sanidad animal en el marco de otros procesos internacionales, tales como la OMC. Por ende, el GAH considera adecuado, e incluso necesario, que la OIE asuma la dirección internacional de la gestión de la información de secuencias derivadas de infecciones de los animales. La OIE ofrece una base estable y duradera para tal compromiso.

La OIE ya dispone de una base de datos de informes sobre los episodios de enfermedades animales en sus Países Miembros. Por eso, y a tenor de las anteriores recomendaciones y consideraciones, el GAH propone que se exija la incorporación de información de secuencias en dichos informes, y que la OIE evalúe los requisitos técnicos que serán necesarios para expandir su papel informador y registrador en ese sentido.

Para secundar esta propuesta, el GAH aduce que la OIE cuenta ya con un marco de presentación de informes instaurado, avalado no solo por la autoridad y la obligación legal, sino también por una red de laboratorios a través de la cual cabe esperar que se genere gran parte de la correspondiente información de secuencias.

Un posible efecto negativo, que la OIE deberá tener en cuenta a la hora de diseñar un plan para responder a esta propuesta, es el de la duplicación de bases de datos y de sus respectivas funciones. Será necesaria una estrategia para identificar las meras percepciones y los solapamientos reales en esta área. También deberán tenerse en cuenta las implicaciones que puede tener, en términos de gastos y recursos, el crear y manejar una base de datos de secuencias. Para que la comunidad científica internacional considere que una base de secuencias de la OIE es útil, esta deberá ser fácil de usar, funcionar eficazmente y estar bien gestionada.

Aunque el GAH prefiera dejar las consideraciones más técnicas a quienes cuenten con la debida experiencia, se registró cierto debate en el seno del grupo sobre las posibilidades de vincular la actual base de datos de la OIE, WAHIS, con otras bases, en lugar de que esta constituya el depósito de datos principal. El GAH tendió a considerar que una estrategia en que la base de datos de la OIE sea una simple pasarela que remita a datos de otros lugares podría ser incoherente con la recomendación de que la OIE expanda sus actividades para seguir siendo la principal fuente fiable de información zoonosanitaria en el mundo.

5.4. TdR 4. Aspectos de los sistemas de prueba por SAR para los que cabría elaborar normas

5.4.1. Diversidad de propósitos de la SAR-BGC

La SAR-BGC es una herramienta poderosa y versátil que puede utilizarse para diversidad de propósitos en la detección y caracterización de agentes infecciosos, ya sea en material biológico -como especímenes de diagnóstico o vigilancia-, ya sea en cultivos o aislados. Por esta razón, los usuarios de esta tecnología deberán tener en cuenta los propósitos deseados de sus pruebas en relación con los habituales definidos en el Capítulo 1.1.5., *Principios y métodos de validación de las pruebas de diagnóstico de las enfermedades infecciosas* del *Manual Terrestre* de la OIE.

Pero, además de esos propósitos generales, la SAR-BGC presenta posibilidades específicas para:

- detectar, identificar y caracterizar microorganismos desconocidos con anterioridad;
- obtener mejores diagnósticos de enfermedades ya conocidas;
- diagnosticar mejor enfermedades emergentes o reemergentes con una etiología conocida o desconocida;
- establecer ensayos de diagnóstico únicos y “universales”, capaces de identificar cualquier posible agente patógeno, que pueden desarrollarse de acuerdo con enfoques de diagnóstico establecidos;
- detectar múltiples agentes simultánea y rápidamente en enfermedades con etiologías multifactoriales;
- incrementar la capacidad de estudio de la dinámica evolutiva de los agentes patógenos, en las propias explotaciones o a nivel local, nacional o mundial;
- entender más exactamente la epidemiología de las enfermedades infecciosas y la filogeografía de los agentes infecciosos;
- mejorar la trazabilidad de las enfermedades infecciosas y de las vías de transmisión de los agentes patógenos, incluidas aplicaciones en epidemiología forense;
- caracterizar más extensamente a los grupos de agentes patógenos conocidos (p. ej., cepas minoritarias pertinentes, mutantes de escape), lo que, a su vez, facilita el diseño de mejores vacunas, antivirales, etc.;
- vincular más adecuadamente el genotipo y los fenotipos de un agente patógeno mediante la secuencia del genoma completo de múltiples cepas (incluidas las cepas de referencia) de un único agente.

5.4.2. Muestreo, muestras y preparación de muestras

La SAR-BGC es una nueva herramienta tecnológica para el control de las enfermedades de los animales, cuya utilización deberá enmarcarse en los procesos probados y aceptados de control zoonosanitario. En los laboratorios en que se recurra a ella, deberá emplearse dentro del proceso habitual de investigación veterinaria y del sistema general de aseguramiento de la calidad. El uso de cualquiera de las posibilidades que ofrece esta tecnología deberá adecuarse al propósito de la investigación, y tanto la estrategia de muestreo como las muestras deberán ser apropiadas para dicha investigación y basarse en la comprensión de la patogénesis y la epidemiología de la infección objeto de estudio o en la probable patogénesis y epidemiología de cualquier sospecha de nuevo agente infeccioso. Tales investigaciones deberán llevarse a cabo bajo la supervisión de veterinarios debidamente cualificados.

De igual modo, los resultados de la SAR-BGC deberán interpretarse en el contexto de la patogénesis y la epidemiología de la infección de la especie animal estudiada. Los resultados deberán ser comunicados por veterinarios debidamente cualificados a la autoridad encargada de diagnosticar las enfermedades animales, respetando el sistema de aseguramiento de la calidad del laboratorio y en el lugar en que se lleve a cabo la investigación.

Las muestras deberán recogerse y presentarse al laboratorio de acuerdo con las normas contempladas en el Capítulo 1.1.1., Recogida, presentación y almacenamiento de muestras para el diagnóstico, del *Manual Terrestre* de la OIE. Se facilitará asimismo la información habitual sobre el animal y el caso o la razón del muestreo, así como toda información epidemiológica pertinente que el proceso de registro del laboratorio requiera para cualquier aceptación de muestras.

Como en todos los procesos de laboratorio, especialmente los que implican técnicas moleculares, será indispensable garantizar la integridad del animal y de las muestras que vayan a someterse a la tecnología de SAR-BGC, que pueden resultar contaminadas en el proceso de preparación de la muestra o en el examen inicial. Será indispensable separar las áreas de trabajo para evitar la posibilidad de contaminación cruzada con ácido nucleico de otras investigaciones moleculares.

5.4.3. Dispositivos de secuenciación disponibles en el comercio

En el comercio, existe un cierto número de dispositivos o servicios secuenciación destinados a generar información de secuencias a partir de muestras de pruebas. La elección del dispositivo deberá basarse en el propósito deseado o en una combinación de propósitos, tal y como se ha indicado en el apartado 5.4.1.

De especial interés será el que la técnica elegida se adecue al propósito pretendido, es decir, que sea apropiada para extraer información de secuencia de los tipos de genoma sometidos a estudio. Además, cabrá tener en cuenta el tiempo necesario para realizar un pase de secuenciación, incluyendo la preparación de la muestra; el equipamiento complementario que se necesitará además del dispositivo de secuenciación; el coste de la adquisición e instalación de todo el material necesario, así como el coste de las licencias anuales o los contratos de servicio; la disponibilidad de apoyo técnico por parte del proveedor; el coste de los reactivos para un pase de secuenciación y la probabilidad de que estos estén disponibles en el país en cuestión; las exigencias de personal para manejar el equipo, llevar a cabo los análisis bioinformáticos asociados y cumplir las condiciones de la gestión de datos. Belák *et al.* han pasado revista a los sistemas actuales existentes (Revista Científica y Técnica de la OIE, 32(3)), pero es previsible que surjan nuevos modelos y tecnologías con frecuencia.

5.4.4. Bioinformática

Un requisito indispensable para cualquier laboratorio que pretenda establecer un sistema de SAR-BGC es contar con competencias bioinformáticas especializadas. En el futuro, puede que los proveedores académicos o comerciales comercialicen dispositivos con programas informáticos de apoyo para análisis específicos en situaciones clínicas determinadas, pero el uso de esos paquetes no eximirá al laboratorio de la responsabilidad de ser capaz de analizar competentemente sus propios datos, y el hecho de delegar en capacidades analíticas ya creadas de ese tipo limitaría muy seriamente las posibilidades de que esa tecnología pueda emplearse para más aplicaciones.

La bioinformática, que ensambla la secuencia genómica a partir de los datos brutos, y el subsiguiente análisis son elementos decisivos de la SAR-BGC. Por lo tanto, los enfoques que se utilicen deberán ser transparentes, y en todo informe de análisis de secuencia deberá constar la indicación de los paquetes de programas informáticos empleados. Los programas informáticos usados para esos análisis deberán estar disponibles (comercializados o de libre acceso) para que la comunidad internacional pueda evaluarlos.

Como en todos los procesos de laboratorio, deberá prestarse atención al aseguramiento de la calidad. Todo pase de secuenciación deberá contar con controles positivos y negativos adecuados a la investigación, que se hayan incorporado tanto a la preparación de la muestra destinada al pase de secuenciación como al pase real en el dispositivo tecnológico. El método de prueba deberá incluir criterios de aceptación o rechazo de cada pase basados en el análisis satisfactorio de los controles.

La adecuación del programa bioinformático elegido para análisis particulares puede evaluarse probando su rendimiento en conjuntos de datos estándar que contengan información sobre los agentes que se espera encontrar en las muestras sometidas a prueba (véase el punto 5.5.).

5.4.5. Gestión de datos

Los datos obtenidos en las operaciones de SAR-BGC son esenciales para lograr un diagnóstico u otro propósito científico de la investigación y, por lo tanto, forman parte integrante del proceso. Por ello, los laboratorios deberán contar con políticas, procesos y sistemas de apoyo para organizar, gestionar y conservar los datos obtenidos.

Varios dispositivos SAR producen datos brutos de diferentes formatos y estadios de preanálisis, por lo que los laboratorios tendrán que disponer de políticas y procesos específicos para el dispositivo que usen. Los sistemas de gestión de los datos deberán prever aspectos tales como qué datos se conservan y durante cuánto tiempo, así como estrategias de salvaguardia para evitar pérdidas accidentales o supresiones deliberadas.

Cuando un análisis de secuencia arroje un resultado significativo para la sanidad animal, especialmente uno de relevancia comercial o de alcance internacional, es absolutamente indispensable que los datos en los que se haya basado dicho análisis se mantengan disponibles para una auditoría o un análisis de confirmación durante un lapso de tiempo acorde con la envergadura del hallazgo. Esto será particularmente importante cuando el hallazgo pueda ser controvertido. La imposibilidad de presentar los datos necesarios para someterlos a un estudio independiente podría conllevar la invalidación de la prueba.

Los datos de secuencia deberán almacenarse claramente vinculados a los metadatos inherentes al animal que fue objeto del análisis. Al igual que en otras investigaciones de laboratorio, esos metadatos comprenden información sobre el animal sometido a muestreo, su titular y su ubicación, así como información clínica y epidemiológica conexa sobre la población animal de la que procede.

5.4.6. Validación de los sistemas de prueba para los propósitos definidos

Los principios de validación contemplados en el Capítulo 1.1.5. del *Manual Terrestre* de la OIE son aplicables en su conjunto a la SAR-BGC. En la fase 1, deben desarrollarse datos de validación para confirmar la sensibilidad y la especificidad analíticas de la técnica, así como su repetibilidad. Se reconoce que puede no resultar práctico producir grandes conjuntos de datos sobre las características de rendimiento de la prueba, como los que permitirían calcular normalmente la sensibilidad y la especificidad de la prueba de diagnóstico, pero sí deberán sopesarse otros aspectos de la validación, tales como la demostración de la reproducibilidad de la prueba entre laboratorios que lleven a cabo investigaciones similares. Cuando se hayan establecido pruebas de validez, los laboratorios que empleen la SAR-BGC deberían participar en ellas.

5.5. TdR 5. Formación, aseguramiento de la calidad y difusión de conocimientos

El GAH consideró que un punto de partida útil sería hacer balance del nivel de uso y pericia existente actualmente en la red de Laboratorios de Referencia y Centros Colaboradores (Centros de Referencia) de la OIE. En consecuencia, se recomendó que la OIE, a través de la Comisión de Normas Biológicas, pidiese información a los Centros de Referencia mediante un cuestionario. Entre otras cosas, cabrá recabar la siguiente información:

- si los laboratorios utilizan actualmente la SAR-BGC;
- si los laboratorios tienen capacidad de secuenciación propia o externalizan la secuenciación;
- si los laboratorios tienen capacidad bioinformática interna o externalizan los análisis bioinformáticos;
- para qué investigaciones de enfermedades u otros fines utilizan la SAR-BGC;
- una lista de publicaciones con los resultados de su trabajo o de su colaboración con otros.

Esta encuesta a los Centros de Referencia dará cuenta de la capacidad de base de la red de la OIE, facilitará la identificación de centros de pericia que puedan participar en las actividades de la red y contribuirá a concienciar sobre el interés que la OIE tiene en esta tecnología.

En cuanto a la formación, se apuntó que la forma más útil de impartirla sería en el marco de las normas de la OIE sobre SAR-BGC, cuyos fundamentos se han esbozado en el punto 5.4.4. de este informe.

En relación con el aseguramiento de la calidad, se indicó que resultaría pertinente contar con conjuntos de datos estándar con los que poder comprobar la validez de los paquetes de programas bioinformáticos. El GAH propuso reunir una selección de Centros de Referencia con la pertinente pericia y los necesarios recursos de datos para que desarrollen este concepto y combinen sus medios con el fin de crear conjuntos de datos estándar. También aconsejó que esos conjuntos de información se consideren normas de la OIE y se conserven a disposición de los Países Miembros de la Organización.

Una vez identificada una red de usuarios y acordadas normas de SAR-BGC, convendrá realizar pruebas de validez. Podrá contactarse a un Centro de Referencia debidamente cualificado para que coordine a los demás Centros de Referencia de la red, aporte la correspondiente pericia y permita el acceso al material biológico preciso, con el fin de elaborar una estrategia para las pruebas de validez apta para una o más finalidades de las pruebas realizadas por técnicas de SAR-BGC y crear paneles de pruebas de validez en consonancia.

Por último, en lo que a la difusión de conocimientos se refiere, se recordó la oportunidad que ofrecía la reunión de los Centros de Referencia prevista para octubre de 2014. El GAH sugirió que el programa de la reunión incluyese sesiones informativas sobre la SAR-BGC y sobre el estado de formulación de normas de la OIE relativas a esta tecnología; las recomendaciones para incorporar, en su caso, los métodos de prueba en el *Manual Terrestre* de la OIE; y las actividades de la red de SAR-BGC de Centros de Referencia de la OIE.

6. Conclusiones

El GAH recomienda que se progrese rápidamente en las cuestiones abordadas en este informe. Para ello, podrían llevarse a cabo proyectos piloto en cuanto a los requisitos de la base de datos, crearse conjuntos de datos estándar, y enviarse el cuestionario a los Centros de Referencia. La Comisión de Normas Biológicas deberá considerar la posibilidad de elaborar las normas recomendadas en el presente informe como un proyecto de capítulo para el *Manual Terrestre* de la OIE.

7. Finalización y aprobación del proyecto de informe

EL GAH finalizó y aprobó el proyecto de informe.

.../Anexos

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

París, 25–27 de noviembre de 2013

Orden del día

1. Bienvenida
 2. Designación del presidente y del redactor
 3. Términos de referencia para la reunión del grupo *ad hoc*
 4. Síntesis de las principales recomendaciones
 5. Seguimiento de los términos de referencia
 6. Conclusiones
 7. Finalización y aprobación del proyecto de informe
-

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

París, 25–27 de noviembre de 2013

Lista de participantes

MIEMBROS

Prof. Vincenzo Caporale

*(Presidente, Comisión de Normas
Biológicas de la OIE),*
Colleaterrato Alto, 64100 Teramo
ITALIA
Tel.: (+39-348) 79.78.711 / (+39-0861)
210.900
v.caporale@oie.int
caporalevincenzo@gmail.com

Prof. Massimo Palmarini

(Presidente de reunión)
Director, MRC - University of Glasgow
Centre for Virus Research and
Professor of Virology, Institute of
Infection, Immunity and Inflammation,
College of Medical, Veterinary and Life
Sciences, University of Glasgow, 464
Bearsden Road, Glasgow G61 1QH,
Escocia, REINO UNIDO
Tel.: (+44-141) 330.2541 (or 4645)
massimo.palmarini@glasgow.ac.uk

Dr. Sándor Belak

Swedish University of Agricultural
Sciences, Department of Biomedical
Sciences and Veterinary Public Health
P.O. Box 7036,
750 07 Uppsala
SUECIA
Tel.: (+46-18) 67.41.35
Fax: (+46-18) 30.91.62
sandor.belak@slu.se

Dr. Carlos Borroto

Vice-Director, Centro de Ingeniería
Genética y Biotecnología
P.O. Box 6162
Av. 31 e/ 158 y 190
Rpto. Cubanacán, Playa
Marianao, La Habana 10600
CUBA
Tel.: (+53-7) 250.42.01
carlos.borroto@cigb.edu.cu

Dr. Peter Daniels

*(Miembro, Comisión de Normas
Biológicas de la OIE)*
(Redactor)
Australian Animal Health Laboratory
PMB 24, Geelong 3220 X
AUSTRALIA
Tel.: (+61-3) 5227.5014
Fax: (+61-3) 5227.5555
peter.daniels@csiro.au

Dr. Jean-Charles Cavitte

(Invitado, pero no pudo asistir)
European Commission, Research
Directorate-General, Biotechnology,
Agriculture and Food Research, Unit
E.4: Agriculture, Forestry, Fisheries,
SDME 08/17, BE-1049 Brussels,
BÉLGICA
Tel.: (+32 [02] 29) 96.796
Fax: (+32[02] 29) 66.608
Jean-Charles.Cavitte@ec.europa.eu

SEDE DE LA OIE

Dr. Bernard Vallat

Director General
OIE 12 rue de Prony
75017 Paris, FRANCIA
Tel.: (33-1) 44.15.18.88
Fax: (33-1) 42.67.09.87
oie@oie.int

Dra. Elisabeth Erlacher-Vindel

Jefa en funciones
Departamento Científico y Técnico
(DCT)
e.erlacher-vindel@oie.int

Dña. Sara Linnane

Editora científica, DCT
s.linnane@oie.int

Dña. Barbara Freischem

Comisionada, DCT
b.freischem@oie.int

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

París, 25–27 de noviembre de 2013

Términos de Referencia

Elaborar una estrategia de la OIE en cuanto a:

1. La globalización del diagnóstico microbiano en el ámbito de la sanidad animal.
2. La posibilidad de crear una red mundial de Centros de Referencia de la OIE para adoptar un enfoque internacional coordinado de aplicación de la SAR-BGC.
3. La coordinación de la gestión de datos, en particular, el posible papel de la OIE en la organización de una base de datos específica.
4. La necesidad de elaborar normas para el *Manual de las Pruebas de Diagnóstico y de las Vacunas para los Animales Terrestres (Manual Terrestre)* sobre los siguientes aspectos de los sistemas de prueba por SAR:
 - 4.1. La diversidad de propósitos de la SAR-BGC
 - 4.2. El muestreo, las muestras y la preparación de muestras
 - 4.3. Los dispositivos de secuenciación disponibles en el comercio
 - 4.4. La bioinformática
 - 4.5. La gestión de datos
 - 4.6. La validación de los sistemas de prueba para los propósitos definidos.
5. La formación, el aseguramiento de la calidad y la difusión de conocimientos sobre el uso de ese nuevo conjunto de herramientas.