



**GROUPE AD HOC SUR LE SÉQUENÇAGE À HAUT DÉBIT,
LA BIO-INFORMATIQUE ET LA GÉNOMIQUE COMPUTATIONNELLE¹**

Paris, 27-29 juin 2017

Le Groupe ad hoc sur le séquençage à haut débit, la bio-informatique et la génomique computationnelle (SHD-BGC) a tenu une réunion du 27 au 29 juin 2017 au siège de l'OIE.

Les termes de référence et l'ordre du jour de cette réunion du Groupe ad hoc ainsi que la liste des participants figurent respectivement aux annexes I et II du présent rapport.

1. Séance d'ouverture

Au nom de la Docteure Monique Eloit, Directrice générale de l'OIE, la Docteure Élisabeth Erlacher-Vindel, chef du service des Sciences et des nouvelles technologies de l'OIE a accueilli les membres du Groupe ad hoc sur le SHD-BGC (ci-après désigné « le Groupe »). La Docteure Erlacher-Vindel a décrit le projet de création d'une plate-forme génomique de l'OIE (désignée ci-après « la plate-forme »), à savoir un système en ligne permettant la collecte, l'archivage et la diffusion de données de séquençage relatives aux agents pathogènes ayant fait l'objet d'une notification auprès de l'OIE. La Docteure Erlacher-Vindel a également expliqué que le Groupe avait pour tâche spécifique de proposer des solutions pour faire avancer le projet et lancer la phase de mise en œuvre. Ces propositions devaient être accompagnées d'un budget prévisionnel et d'une liste de spécifications pour l'utilisateur.

2. Désignation du président et du rapporteur

Le Professeur Massimo Palmarini a présidé la réunion et le Docteur James Watson a été désigné rapporteur.

3. Contexte de la réunion et examen des termes de référence

Le Groupe a examiné les termes de référence à la lumière des récentes avancées technologiques dans le domaine du séquençage génomique, des mises à jour apportées au projet WAHIS⁺² et des nouvelles requêtes émanant de l'OIE. Après examen, le Groupe a souhaité pouvoir en élargir la portée ; les termes de référence modifiés proposés par le Groupe sont les suivants :

3.1. Termes de référence modifiés

1. Définir les spécifications de haut niveau traduisant les besoins des utilisateurs ;
2. Définir un ensemble minimum de métadonnées ainsi que les normes de qualité requises pour les séquences ;
3. Définir le flux d'informations à respecter pour soumettre des séquences ou pour les extraire du futur système WAHIS+, y compris les exigences d'authentification et d'autorisation d'accès et la gouvernance applicable aux données de séquençage ;
4. Proposer des stratégies pour le lancement et la pérennisation des activités de partage de données de séquençage, ce qui suppose la promotion d'une participation active des Centres de référence de l'OIE ;
5. Identifier les outils analytiques à intégrer dans la plate-forme ;

¹ Note : les points de vue et opinions exprimés dans le rapport du présent groupe ad hoc traduisent l'opinion des experts qui l'ont rédigé et ne reflètent pas nécessairement une prise de position de l'OIE. Ce rapport doit être lu parallèlement au rapport de la réunion de septembre 2017 de la Commission des Normes Biologiques, car il intègre les considérations et observations émanant de ladite Commission. Il est disponible en cliquant sur le lien suivant : <http://www.oie.int/fr/normes-internationales/commissions-specialisees-et-groupes/commission-des-laboratoires-et-rapports/rapports/>

² WAHIS : Système mondial d'information sanitaire de l'OIE

6. Proposer des modèles de maladies permettant de tester le système ;
7. Déterminer les prochaines étapes de la mise en œuvre ;
8. Réaliser une estimation des délais et du budget.

4. Définir les spécifications de haut niveau traduisant les besoins des utilisateurs

La plate-forme est un système permettant de collecter, d'archiver et d'analyser des données de séquençage sur les agents pathogènes en lien avec les maladies à déclaration obligatoire notifiées par les Pays membres. La plate-forme a pour objet de fournir un système centralisé au niveau de l'OIE, accessible et transparent, permettant d'intégrer ces données dans l'information fournie par WAHIS+.

Le Groupe a déterminé que les caractéristiques suivantes constituaient les spécifications fondamentales répondant aux besoins des utilisateurs de la plate-forme :

- La conception de la plate-forme devrait garantir une interopérabilité intégrale avec WAHIS+ ;
- La soumission des séquences ne devrait se faire qu'à l'occasion de la notification d'une maladie et en lien avec celle-ci ;
- Chaque donnée de séquençage devrait être dotée d'un identificateur unique généré par la plate-forme, relié soit à l'identificateur figurant dans le rapport WAHIS, soit au numéro d'enregistrement du foyer.
- La plate-forme devrait proposer un mécanisme simple de téléchargement des données de séquençage, y compris une fonctionnalité de téléchargement par lots ;
- L'accès et l'utilisation des fonctionnalités de la plate-forme devraient reposer sur un système d'authentification et d'autorisation ;
- L'approbation par le délégué auprès de l'OIE et, par la suite, la diffusion des données de séquençage devraient respecter le flux opérationnel proposé dans la procédure adoptée (voir le troisième terme de référence) ;
- La base de données de la plate-forme devrait inclure une série structurée de « séquences de référence de génomes d'agents pathogènes » (voir le cinquième terme de référence) pour les besoins des analyses comparatives ;
- La plate-forme devrait proposer des outils de téléchargement des séquences ;
- Il devrait être possible de soumettre des séquences génomiques complètes ou partielles d'agents pathogènes.
- La plate-forme devrait permettre de vérifier rétrospectivement l'utilisation des données ;
- La plate-forme devrait générer automatiquement des rapports analytiques et les faire parvenir aux laboratoires et aux Pays membres ayant fourni les séquences ;
- Conformément aux principes du [protocole de Nagoya](#), le Pays membre ayant soumis des données de séquençage demeure propriétaire de celles-ci ;
- Les utilisateurs des données de séquençage doivent accepter formellement les termes et conditions d'utilisation lors de leur enregistrement sur la plate-forme. Cette condition est particulièrement importante lorsque les données de séquençage font l'objet d'une distribution ou publication restreintes.

5. Définir un ensemble minimum de métadonnées ainsi que les normes de qualité requises pour les soumissions de séquences sur la plate-forme

La Docteure Natalja Lambergeon, chef de projet au sein du Service d'information et d'analyse de la santé animale mondiale de l'OIE s'est jointe au Groupe pour l'examen de ce point.

Les métadonnées de nature épidémiologique liées aux maladies notifiées doivent demeurer dans WAHIS+ et ne pas être reproduites dans la plate-forme. Le laboratoire d'origine des séquences proposées devra conserver des informations détaillées sur les méthodes utilisées pour générer les séquences et sur les contrôles qualité effectués. Néanmoins, toute soumission de séquence devra être accompagnée d'une déclaration de conformité aux normes définies dans le chapitre 1.1.7, Normes pour le séquençage à haut débit, la bio-informatique et la génomique computationnelle du *Manuel des tests de diagnostic et des vaccins pour les animaux terrestres* de l'OIE (ci-après désigné le *Manuel terrestre*).

Un exemple de structure de métadonnées est présenté à l'[annexe III](#).

6. Définir le flux d'informations à respecter pour soumettre des séquences ou pour les extraire du futur système WAHIS+, y compris les exigences d'authentification et d'autorisation d'accès et la gouvernance applicable aux données de séquençage

La notification, la validation et la diffusion d'informations épidémiologiques pertinentes pour la santé animale sont soumises à une procédure officielle instituée par l'OIE et approuvée par ses Pays membres. La soumission de séquences génomiques d'agents pathogènes sur la plate-forme fera l'objet d'une procédure similaire. Celle-ci comprendra une procédure opératoire normalisée prévoyant l'autorisation par le délégué de l'OIE (ou par le point focal) compétent du transfert de la séquence en question sur la plate-forme et de sa diffusion. Cette autorisation devra également préciser le niveau d'accessibilité des données de séquençage (par exemple, accès libre, accès restreint aux seuls partenaires éligibles, accès interdit).

Le schéma présenté à l'**annexe IV** résume le projet de procédure proposée pour la mise en réseau, la soumission et l'approbation des séquences transférées sur la plate-forme. Quatre parties prenantes pourraient intervenir dans cette procédure. Il pourrait s'agir (i) du Délégué auprès de l'OIE (ou du point focal) ; (ii) du Laboratoire de référence national ayant réalisé le diagnostic initial ; (iii) du Centre de référence de l'OIE ; (iv) des agents de l'OIE chargés de la gestion de la plate-forme. Les séquences sont soumises soit par le Laboratoire de référence national ayant réalisé le diagnostic, soit par un Centre de référence de l'OIE. La décision finale concernant la publication de la séquence relève des prérogatives du Délégué auprès de l'OIE (ou du point focal). Le diagramme montre la procédure de soumission d'une séquence sur la plate-forme. Il est important de souligner qu'une séquence ne peut être soumise qu'après confirmation par le délégué auprès de l'OIE de la maladie à déclaration obligatoire à laquelle cette séquence est reliée (sous forme de notification immédiate, de rapport semestriel ou de rapport annuel s'il s'agit d'une maladie affectant la faune sauvage).

Le Groupe n'a pas encore examiné la question des soumissions de séquences d'agents pathogènes liés aux rapports semestriels ou annuels relatifs à la faune sauvage, mais il prévoit de le faire prochainement.

7. Proposer des stratégies pour le lancement et la pérennisation des activités de partage de données de séquençage, en faisant notamment la promotion d'une participation active des Centres de référence de l'OIE

Les données de séquençage des agents pathogènes, en particulier les informations sur des parties du génome ou sur le génome entier offrent des possibilités diagnostiques sans précédent, comme le souligne le chapitre 1.1.7, Normes pour le séquençage à haut débit, la bio-informatique et la génomique computationnelle du *Manuel terrestre*, adopté par l'Assemblée mondiale des Délégués de l'OIE en mai 2016. Le Groupe a recommandé de recourir à une stratégie d'encouragement du partage de données afin de persuader les fournisseurs de séquences de la valeur ajoutée et des bénéfices mutuels apportés par ce partage. Par exemple, la plate-forme devrait :

- Fournir aux utilisateurs qui soumettent des séquences un minimum d'informations sur les données, par exemple concernant le typage des agents pathogènes ;
- Fournir un aperçu du contexte épidémiologique mondial de l'agent pathogène et de son histoire ;
- Autoriser la modification de réactifs afin que les variants émergents de l'agent pathogène puissent être identifiés ;
- Aller dans le sens d'une meilleure capacité à retracer les foyers de maladies ;
- Permettre la mise en place de meilleures stratégies nationales et internationales pour le diagnostic, le contrôle et la prévention des maladies ;
- Fournir des options avancées d'accès aux données de séquençage d'agents pathogènes qui ne sont pas disponibles dans le domaine public.

En outre, le partage de données permettra d'améliorer le contrôle des maladies animales et constituera un bien public international tout en contribuant aux Objectifs de développement durable des Nations Unies.

Le Groupe reconnaît l'existence de problèmes associés au partage de données, en particulier les droits de propriété intellectuelle, la propriété des données et leur publication. Le Groupe recommande que la soumission et l'utilisation des données soient effectuées en conformité avec les principes du protocole de Nagoya sur l'accès aux ressources génétiques et le partage juste et équitable des avantages découlant de leur utilisation à la Convention sur la diversité biologique, ainsi qu'avec les normes et les pratiques scientifiques courantes.

Afin de promouvoir la participation active à la plate-forme, le Groupe recommande que l'OIE prévoie d'inclure dans ses rapports annuels ou semestriels un relevé des données de séquences spécifiques d'agents pathogènes qui auront été transférées sur la plate-forme par les Pays membres. Cela permettra de souligner dans les rapports les contributions relatives aux tendances mondiales des maladies ainsi que les analyses approfondies réalisées par les Centres de référence de l'OIE et toute nouvelle découverte pertinente.

8. Identifier les outils analytiques à intégrer dans la plate-forme

Le Docteur Paolo Tizzani, épidémiologiste vétérinaire au sein du Service d'information et d'analyse de la santé animale mondiale s'est joint au Groupe pour l'examen de cette question.

La plate-forme devra être dotée de fonctionnalités et d'outils analytiques relativement simples permettant de faciliter la manipulation ultérieure des données et d'optimiser l'expérience de l'utilisateur. En particulier, le Groupe recommande les fonctionnalités suivantes :

8.1. Fonctionnalités obligatoires

- Vérification initiale de l'identité des séquences proposées. Cet outil vise à empêcher les erreurs au niveau des soumissions de séquences d'agents pathogènes (par exemple, le téléchargement par l'utilisateur de fichiers erronés ou la soumission de séquences fausses) ;
- Les résultats de la vérification d'identité seront communiqués à l'utilisateur avec des solutions pour corriger les erreurs. La notification par le système de la réussite ou de l'échec de l'identification constitue une étape particulièrement importante lorsque les utilisateurs transfèrent des lots de séquences ;
- Les utilisateurs devraient avoir la possibilité d'ignorer l'étape de vérification d'identité. En effet, il peut arriver que la séquence génétique d'un agent pathogène spécifique s'éloigne substantiellement des séquences connues au moment de la soumission. Une telle séquence devrait pouvoir être soumise malgré l'échec de la vérification de son identité. L'évaluation des niveaux d'autorisation permettant d'ignorer cette étape doit faire l'objet d'un examen attentif.

8.2. Fonctionnalités recommandées

- *Outil phylogénétique*

La plate-forme devrait être dotée d'un nombre représentatif de séquences pertinentes pour chaque agent pathogène spécifique (« séquences de référence »). Ces séquences vont probablement (mais pas exclusivement) représenter les « souches de référence » existantes de l'agent pathogène en question. L'outil va générer automatiquement un arbre phylogénétique dans lequel les séquences soumises seront comparées avec les séquences de référence pour l'agent pathogène considéré. D'autres outils d'épidémiologie moléculaires peuvent également être envisagés.

- Le Groupe a proposé que ces séquences de référence soient examinées par les groupes ad hoc constitués ou à venir en même temps que les tests diagnostiques et les vaccins, dans le cadre de la révision des chapitres consacrés à une maladie spécifique du *Manuel terrestre*.
- *Cartographie géographique des séquences soumises*

Chaque séquence soumise est reliée à un événement spécifique ayant fait l'objet d'une notification. De ce fait, il devrait être possible de visualiser la distribution géographique et temporelle de séquences similaires.

9. Proposer des modèles de maladies permettant de tester le système

Comme indiqué ci-dessus, le Groupe a recommandé que le développement de la plate-forme comporte deux phases. La première phase sera axée sur un petit nombre de maladies (3 ou 4). Compte tenu de la diversité de la structure génétique de chaque agent pathogène (par exemple, virus dotés d'un génome segmenté vs non segmenté) et des caractéristiques intrinsèques des différentes maladies, la plate-forme devra être dotée de caractéristiques « spécifiques à chaque agent pathogène ».

Le Groupe a recommandé que les compétences et les travaux effectués par le Centre collaborateur de l'OIE pour la génomique virale et la bio-informatique (Université de Glasgow, Centre for Virus Research, Écosse, Royaume-Uni), le Laboratoire de référence de l'OIE pour l'influenza aviaire et la maladie de Newcastle (Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Padoue, Italie), les Laboratoires de référence de l'OIE pour l'influenza aviaire et pour la fièvre catarrhale ovine (Australian Animal Health Laboratory, Geelong, Australie), le Laboratoire de référence de l'OIE pour la rage (Animal and Plant Health Agency, Weybridge, Royaume-Uni), ainsi que d'autres Centres de référence de l'OIE, si besoin, soient mis à contribution lors du lancement de la phase initiale du projet. En conséquence, le Groupe a recommandé d'axer cette phase initiale sur les maladies suivantes : influenza aviaire, fièvre catarrhale ovine et rage. Le Groupe a également recommandé d'envisager l'ajout de la peste des petits ruminants en tant qu'éventuelle maladie de référence. Ces maladies offrent l'avantage d'avoir pour agents étiologiques des virus dotés d'une structure génomique distincte et d'avoir une distribution géographique mondiale.

10. Déterminer les prochaines étapes de mise en œuvre de la plate-forme génomique de l'OIE

Le Groupe a examiné les étapes permettant d'avancer dans la mise en place de la plate-forme, en s'attachant à l'élaboration d'une version préliminaire, ou version bêta, du système, basée sur les modèles des maladies proposés dans le sixième terme de référence.

Ayant été informé des délais envisagés pour le développement de WAHIS+, le Groupe a proposé que la version bêta du système soit élaborée en même temps que l'étape 1 du projet WAHIS+. La phase pilote devrait être achevée au moment du lancement de l'étape 2 du projet WAHIS+. Les ressources humaines et le budget requis pour la mise en œuvre seront déterminés par la nature du système (suivant qu'il consiste en une création nouvelle ou en une adaptation d'un logiciel préexistant).

Le développement de la plate-forme et celui du projet WAHIS+ devront faire l'objet d'une coordination rigoureuse.

11. Délais et budget

11.1. Délais

Le projet de calendrier de la phase pilote est présenté à l'annexe V. Le calendrier définitif sera défini par l'analyste opérationnel désigné.

La plate-forme doit s'intégrer de manière fluide à WAHIS+. En ce qui concerne ses capacités opérationnelles, la plate-forme comporte deux composantes : une composante de gestion des données et de notification (architecture centrale) et une composante d'analyse des séquences (composante bio-informatique).

La liste des principales échéances du projet de calendrier figure à l'annexe V :

- Désignation de l'analyste opérationnel (temps 0) ;
- Conception et approbation de l'architecture centrale de la plate-forme en concertation avec les développeurs de WAHIS+ afin de garantir l'interopérabilité des deux systèmes (délai 3 mois) ;
- Mise en route de l'architecture centrale choisie (délai 12 mois) ;
- Définition de la composante bio-informatique par les développeurs de l'architecture centrale et les bio-informaticiens (le Groupe recommande une architecture de modules d'extension) (délai 6 mois) ;
- Intégration de la composante bio-informatique et de l'architecture centrale (délai 12 mois) ;
- Développement des modules dédiés à des maladies spécifiques, avec l'aide d'experts de l'OIE (délai 18 mois) ;
- Développement du module interface (interface utilisateur graphique) permettant l'accès en ligne (délai 12 mois) ;
- Mise en place d'un système de retour d'information pour l'utilisateur (délai 12 mois).

11.2. Budget de la phase pilote

Le Groupe a recommandé que les développeurs de la plate-forme puissent accéder à l'architecture centrale de WAHIS+ afin de concevoir une technologie compatible pour la plate-forme. Cela permettrait d'assurer l'interopérabilité des deux systèmes et leur garantirait la possibilité mutuelle d'échanger et d'utiliser leurs informations. En outre, dans la mesure du possible, les outils bio-informatiques existants seront adaptés pour la plate-forme.

Le budget de la phase pilote couvre les postes suivants (le cas échéant, la durée estimée de chaque poste budgété est indiquée) :

- Un coordinateur central du projet pour une durée de 18 mois (déjà désigné) ;
- Un analyste opérationnel (12 mois) ;
- Réunion d'un « groupe technique » restreint (coordinateur central du projet, analyste opérationnel et expert) afin de définir les spécifications techniques du système ;
- Un ingénieur informatique et un administrateur de systèmes à mi-temps pour une durée de 18 mois ;
- Au moins un bio-informaticien pour une durée de 18 mois ;
- Au moins quatre groupes ad hoc spécifiques chargés d'examiner le développement des modules pour les maladies choisies ;

- Au moins un consultant indépendant chargé de réviser et de budgétiser le projet dans son ensemble, y compris les étapes postérieures à la version bêta, pour une période de trois mois ;
- Frais de déplacements ;
- Autres coûts (matériels, logiciels, informatique en nuages, etc.).

Sur la base des coûts moyens, le budget estimé s'élève approximativement à 500 000 €, hors rémunération du coordinateur central du projet. L'analyste opérationnel pourra contribuer à produire un budget et un calendrier plus précis pour l'ensemble de la plate-forme.

12. Autres considérations

- Il conviendra de procéder régulièrement à la révision du chapitre 1.1.7, Normes pour le séquençage à haut débit, la bio-informatique et la génomique computationnelle du *Manuel terrestre*, compte tenu des avancées rapides des technologies du génome et de l'évolution des normes en la matière. En outre, les procédures de bio-informatique devront faire l'objet d'une validation ou d'une accréditation.
- Les chapitres du *Manuel terrestre* de l'OIE dédiés à des maladies spécifiques devront mentionner les méthodes et les recommandations liées à l'utilisation des technologies du séquençage à des fins diagnostiques.
- D'autres technologies non basées sur le séquençage génomique en tant que tel seront probablement introduites à l'avenir (par exemple, la spectrométrie de masse).
- Le Groupe a envisagé que les Centres de référence de l'OIE puissent contribuer à l'adoption de méthodes spécifiques de séquençage et de bio-informatique pour des agents pathogènes déterminés.
- La plate-forme pourrait être exploitée dans les pays en développement pour mobiliser les ressources et renforcer les capacités. Une sensibilisation à ce thème à l'échelle nationale peut être profitable pour la lutte contre les maladies animales, et devrait s'adresser, en plus des autorités en charge de l'agriculture, aux ministères des finances, des sciences et des technologies, et à d'autres parties prenantes.

13. Questions diverses.

Aucune.

14. Finalisation et adoption du projet de rapport

Le Groupe a finalisé et adopté le rapport de la réunion.

.../Annexes

RÉUNION DU GROUPE AD HOC SUR LE SÉQUENÇAGE À HAUT DÉBIT, LA BIO-INFORMATIQUE ET LA GÉNOMIQUE COMPUTATIONNELLE

Paris, 27-29 juin 2017

Contexte

En 2012, un Groupe ad hoc de réflexion s'est réuni au siège de l'OIE pour déterminer les enjeux et les perspectives liées aux nouvelles technologies du séquençage dans les domaines du diagnostic, de la surveillance et de la lutte contre les maladies animales listées par l'OIE.

En 2013, l'OIE a convoqué un premier Groupe ad hoc sur le séquençage à haut débit, la bio-informatique et la génomique computationnelle (SHD-BGC), qui a été chargé de tâches spécifiques telles que la rédaction d'un projet de normes de l'OIE relatives au SHD-BGC et du schéma directeur de la future plate-forme en ligne de l'OIE destinée à recueillir les données de séquençage d'agents pathogènes notifiés par les Pays membres. Les résultats à ce jour sont les suivants : (i) nouveau chapitre destiné au *Manuel des tests de diagnostic et des vaccins pour les animaux terrestres* sur les normes en matière de SHD-BGC ; (ii) définition des futures spécifications techniques de la plate-forme en ligne de l'OIE ; (iii) maquette de la plate-forme au format d'un site web déployant les principales fonctionnalités et les développements envisagés.

La réunion de juin 2017 du Groupe ad hoc a trois objectifs principaux : (i) déterminer quelles seront les métadonnées et les données de séquençage spécifiques destinées à être archivées sur la plate-forme en ligne de l'OIE ; (ii) définir la gouvernance des données de séquençage ; (iii) envisager les possibilités de promouvoir une culture du partage des données de séquençage parmi les Centres de référence de l'OIE.

Termes de référence

1. Définir un ensemble minimum de métadonnées ainsi que les normes de qualité requises pour les séquences ;
 2. Proposer des modèles de maladies permettant de tester le système ;
 3. Définir le flux d'informations à respecter pour soumettre des séquences ou pour les extraire du futur système de WAHIS+, y compris les exigences d'authentification et d'autorisation d'accès et une description de la gouvernance applicable aux données de séquençage ;
 4. Proposer des stratégies pour le lancement et la pérennisation des activités de partage de données de séquençage et la participation active au sein du réseau des Centres de référence de l'OIE ;
 5. Identifier les outils analytiques à intégrer dans la plate-forme ;
 6. Déterminer les prochaines étapes de la mise en œuvre.
-

Ordre du jour

1. Séance d'ouverture
 2. Désignation du président et du rapporteur
 3. Adoption de l'ordre du jour
 4. Examen des points prévus dans les Termes de référence
 5. Questions diverses
 6. Adoption du rapport
-

RÉUNION DU GROUPE AD HOC SUR LE SÉQUENÇAGE À HAUT DÉBIT, LA BIO-INFORMATIQUE ET LA GÉNOMIQUE COMPUTATIONNELLE

Paris, 27-29 juin 2017

Liste des participants

MEMBRES

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
ROYAUME-UNI
massimo.palmarini@glasgow.ac.uk

Prof. Gary Van Domselaar
Directeur de la bio-informatique
Laboratoire national de microbiologie
Agence de la santé publique du Canada
Centre scientifique canadien de santé
humaine et animale
Winnipeg R3E 3R2
CANADA
gary.vandomselaar@phac-aspc.gc.ca

Dre Isabella Monne
Istituto Zooprofilattico Sperimentale
delleVenezie (IZSVe)
Viale dell'Università, 10
35020 Legnaro (Padoue)
ITALIE
imonne@izsvenezie.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
KENYA
v.nene@cgiar.org

Dr Gabriele Casadei
Istituto Zooprofilattico Sperimentale
della Lombardia e dell'Emilia Romagna
"Bruno Ubertini" (IZSLER)
Via Bianchi, 9, 25124 Brescia
ITALIE
gabriele.casadei@izsler.it

Dr James Watson
Research Director - Diagnosis,
Surveillance and Response (Acting),
Veterinary Investigation Leader,
Australian Animal Health Laboratory
CSIRO
Private Bag 24 Geelong Victoria 3220
AUSTRALIE
james.watson@csiro.au

REPRÉSENTANT DE LA COMMISSION DES NORMES BIOLOGIQUES

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
ROYAUME-UNI
tony.fooks@apha.gsi.gov.uk

SIÈGE DE L'OIE

Dr Matthew Stone
Directeur général adjoint
Normes internationales et sciences
12, rue de Prony
75017 Paris
FRANCE
oie@oie.int

Dre Elisabeth Erlacher-Vindel
Chef du Service des Sciences et des
nouvelles technologies
e.erlacher-vindel@oie.int

Dr Antonino Caminiti
Chargé de mission
Service des Sciences et des nouvelles
technologies
a.caminiti@oie.int

Dre Natalja Lambergeon
Chef de projet
Service d'information et d'analyse de la
santé animale mondiale
n.lambergeon@oie.int

Dr Paolo Tizzani
Épidémiologiste vétérinaire
Service d'information et d'analyse de la
santé animale mondiale
n.lambergeon@oie.int

Structure de métadonnées pour les données de séquençage

	Nom	Description	Obligatoire	Répétabilité*	Entrées acceptées	Remarques
1	SourceLab	Laboratoire	Oui	Non	Identificateur OIE du laboratoire	
2	SourceID	Identificateur unique fourni par le laboratoire	Oui	Non	Identificateur unique pour l'échantillon biologique émanant de la base de données du laboratoire d'origine	
3	SampleSource	Origine de l'échantillon : clinique, environnemental, etc.	Oui	Non		
4	SampleType	Échantillon ou culture primaires	Oui	Non		
5	SampleHistory	Historique des passages de l'échantillon	Non	Non		
6	OIEDisease	Maladie de l'OIE (espèce, sous-type)	Oui	Non	Références aux Codes de l'OIE	
7	Taxon	Identificateur taxonomique	Oui	Non	À sélectionner dans une liste d'espèces prédéfinie pour toutes les maladies listées par l'OIE	
8	Strain	Souche / type	Non	Non	Identité de la souche spécifique du micro-organisme	
9	SubStrain	Sous-type/clade	Non	Non	Identité du sous-type de la souche spécifique du micro-organisme	
10	SeqDesc	Description générale de la séquence	Oui	Non	Champ de saisie de texte libre	
11	SeqType	Génome entier ou partiel	Oui	Non		
12	SeqQuality	Évaluation de la qualité	Oui	Non	Indicateur de la conformité de la séquence avec les lignes directrices du contrôle qualité	Trois niveaux d'indicateurs : - Conforme aux normes de l'OIE - En grande partie conforme aux normes de l'OIE - Non conforme aux normes de l'OIE
13	SeqContam	Vérification de l'absence de contamination	Oui	Non	Indicateur du contrôle effectué	
14	SeqHost	Espèces hôtes	Non	Non	Identificateur OIE de l'espèce d'où provient l'échantillon	
15	SeqDate	Date de la collecte	Oui	Non	Date de collecte de l'échantillon	
	SeqMethod	Méthode ou plateforme utilisées pour générer la séquence	Oui	Non		
	SeqLibrary	Méthode de préparation de la bibliothèque	Non	Non		
16	SeqRef	Séquence	Non	Oui	Lien(s) d'accès aux informations sur la séquence (par ex. GenBank)	Permet la saisie de références multiples
17	Reference	Bibliographie	Non	Oui	Citation(s) d'articles pertinents décrivant la séquence	Permet la saisie de références multiples
17,1	ReferenceDOI	Bibliographie	Non	Non	Identifiant d'objet numérique (DOI) de la référence	
17,2	ReferenceURL	Bibliographie	Non	Non	Adresse internet (URL) de la référence	

* Répétabilité : le champ accepte plus d'une entrée

Annexe IV

Projet de procédure pour la mise en réseau, la soumission et l'approbation des séquences transférées sur la plateforme de l'OIE sur les génomes



