



**GROUPE AD HOC SUR LE SÉQUENÇAGE À HAUT DÉBIT,  
LA BIOINFORMATIQUE ET LA GÉNOMIQUE COMPUTATIONNELLE (SHD-BGC)<sup>1</sup>**  
**Paris, 7–9 décembre 2015**

Le Groupe ad hoc de l'OIE sur le séquençage à haut débit, la bioinformatique et la génomique computationnelle (SHD-BGC) s'est réuni pour la troisième fois au Siège de l'OIE du 7 au 9 décembre 2015.

L'ordre du jour et la liste des participants figurent respectivement aux annexes I et II du présent rapport.

### **1. Ouverture de la réunion**

La Docteure Elisabeth Erlacher-Vindel, Adjointe au Chef du Service scientifique et technique, a accueilli les participants au nom du Docteur Bernard Vallat, Directeur général de l'OIE, et de la Docteure Monique Eloit, future Directrice générale qui entamera son quinquennat en janvier 2016. La Docteure Erlacher-Vindel a expliqué que la tâche spécifique confiée au Groupe consistait à développer un plan clair et détaillé sur la manière de mettre en œuvre le projet de plateforme de l'OIE intitulé *Création d'une Plateforme de l'OIE pour la collecte et la gestion des séquences génomiques en santé animale* qui viendra compléter la base de données épidémiologiques au sein de WAHIS<sup>2</sup>.

### **2. Désignation du président et du rapporteur**

La réunion était présidée par le Professeur Massimo Palmarini et le Docteur Antonino Caminiti a fait office de rapporteur.

### **3. Le point sur les actions menées depuis la dernière réunion du Groupe ad hoc**

Lors de sa dernière réunion en novembre 2014, le Groupe a convenu qu'il serait intéressant de développer des normes spécifiques pour le SHD-BGC en vue de leur inclusion dans le *Manuel des tests de diagnostic et des vaccins pour les animaux terrestres* (ci-après désigné « *Manuel terrestre* ») de l'OIE et guider ainsi les utilisateurs potentiels de cette technologie pour les besoins de la santé animale. À cette fin, un chapitre introductif intitulé *Normes pour le séquençage à haut débit, la bioinformatique et la génomique computationnelle* a été rédigé et adressé aux Pays Membres de l'OIE en octobre 2015 afin de recevoir une première série de commentaires. Si le chapitre est bien accueilli, il pourrait être proposé pour adoption à l'Assemblée en mai 2016.

En outre, le Groupe avait précédemment contribué au programme du séminaire sur une journée de l'OIE intitulé *Nouvelles technologies de diagnostic et établissement de normes internationales* qui s'est tenu le 17 juin 2015 à Saskatoon (Canada) dans le cadre du Symposium de la WAVLD<sup>3</sup>. Les onze présentations ont mis en exergue une panoplie de nouveaux outils, y compris le SHD-BGC, ainsi que les problèmes et les défis susceptibles de les accompagner. Lorsque ces nouvelles technologies sont associées aux informations épidémiologiques, elles gagnent en robustesse. Les participants ont trouvé le séminaire très enrichissant, utile, opportun et important sur le plan scientifique. Les présentations PowerPoint et les extraits du séminaire de l'OIE sont disponibles sur le site Web de l'OIE à l'adresse suivante : <http://www.oie.int/eng/WAVLD2015/presentations.htm>.

<sup>1</sup> 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 février 2016 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/>

<sup>2</sup> WAHIS : Système mondial d'information sanitaire

<sup>3</sup> WAVLD : Association mondiale des spécialistes des laboratoires de diagnostic vétérinaire

#### **4. Examen du projet de programme de travail et évaluation de ce qui a été accompli ainsi que des étapes à mettre en place afin d'exécuter le projet de plateforme**

Le Groupe a pris note de la recommandation n° 2 de la Résolution n° 33, adoptée par l'Assemblée mondiale de l'OIE en mai 2015, qui stipule que : « L'OIE établit une plateforme destinée à recueillir et à gérer les séquences génomiques partielles et complètes (y compris l'attribution du génotype) en vue d'intégrer les données relatives aux séquences génomiques dans le système WAHIS (World Animal Health Information System) de l'OIE avec le soutien collectif des Centres de référence de l'OIE et l'implication de tous les Pays Membres de l'OIE. »

Conformément à cette recommandation, le Groupe a proposé que le modèle initial pour la plateforme de l'OIE repose sur la création d'un système centralisé et non décentralisé.

L'inclusion dans WAHIS de la base de données de l'OIE sur le séquençage vise à mettre à disposition, de manière permanente et officielle, des informations sur les séquences génétiques (de préférence sur les séquences de génome entier) des agents pathogènes et infectieux qui ont été rapportés dans WAHIS par les Pays Membres, que ce soit dans le cadre de rapports de notification immédiate ou de rapports semestriels. (NB : l'objectif de cette base de données NE consiste PAS à offrir des renseignements exhaustifs et complets sur les séquences des agents infectieux détectés dans les populations animales, mais plutôt à fournir des informations sur les agents pathogènes et infectieux impliqués dans les événements de santé animale rapportés par les Pays Membres.)

Le Groupe a proposé que l'OIE se concentre prioritairement sur la création de cette plateforme génomique qu'elle gèrera par la suite. La mise sur pied de bases de données institutionnelles connexes ainsi que de bases de données plus vastes sur les agents pathogènes associées à la plateforme constitue également un objectif souhaitable qui sera poursuivi à une étape ultérieure une fois la plateforme établie. Ceci nécessitera la pleine participation des Centres de référence de l'OIE et des autres communautés d'experts.

La création de modules accompagnés d'outils d'analyse sera également utile mais non indispensable au stade initial du projet. Il conviendrait, toutefois, d'envisager de développer des modules à la fois pour faciliter le téléchargement en amont de séquences organisées au niveau local, dans le cadre de ce projet, et contribuer à la mise en œuvre du projet lorsqu'il en sera à ce stade.

Cette approche répond au mieux aux dispositions de la Résolution n° 33 et permettra également d'aboutir à un projet réalisable et ciblé.

#### **5. Évaluation du projet pilote et présentation détaillée des étapes nécessaires à son exécution**

Le Groupe s'est appuyé sur les termes de référence pour fixer les deux objectifs du projet de plateforme de l'OIE :

1. Création d'une plateforme génomique des agents pathogènes
  - a) Affiner la vision pour la plateforme ;
  - b) Proposer les étapes suivantes pour sa mise en œuvre.
2. Définition des normes à suivre en ce qui concerne les données relatives aux séquences qui seront téléchargées vers la plateforme.

Le Groupe a convenu que la principale tâche de la présente réunion consisterait à réviser l'esquisse du projet pilote. Ce document (voir [annexe III](#)) présente en détail les objectifs, la stratégie et l'architecture de la plateforme de l'OIE. La seconde tâche consisterait à formuler, d'un commun accord, des remarques sur le projet de chapitre à inclure dans le *Manuel terrestre*. Ces commentaires, ainsi que ceux soumis par les Pays Membres de l'OIE, seront examinés par la Commission des normes biologiques de l'OIE.

Les recommandations pratiques quant à la création de la plateforme génomique sont les suivantes :

1. La désignation d'un Responsable de projet à temps plein qui travaillera dans le cadre de la prochaine version de WAHIS. Sa tâche consistera à définir les spécifications techniques de la plateforme génomique, y compris la connectivité du système dans un premier temps. Le Responsable de projet doit être basé au Siège de l'OIE afin de collaborer étroitement avec le Service de l'administration, de la logistique et des publications, le Service d'information et d'analyse de la santé animale mondiale et le Service scientifique et technique.

2. Le Groupe ad hoc pourrait offrir ses conseils et son appui au Responsable de projet et se réunir régulièrement afin de suivre la mise en œuvre du projet. Ceci permettrait de renforcer les liens avec la Commission des normes biologiques et de faire preuve de transparence à l'égard des Pays Membres.
3. Une fois les spécifications techniques du projet finalisées, il conviendrait de lancer un appel d'offres dans le cadre du projet WAHIS.

Les membres du Groupe ont discuté du projet de chapitre du *Manuel terrestre* et ont aidé à identifier les étapes du processus qui n'étaient pas pleinement couvertes par le libellé. Le Groupe a formulé des recommandations en conséquence, qui seront examinées lors de la révision globale du chapitre. Parmi celles-ci figuraient la nécessité d'identifier clairement la finalité de l'application de cette technologie, les spécimens considérés comme appropriés à cette fin et les préparations correspondantes des échantillons qui seront analysés, ainsi que la préparation et le contrôle qualité des données sur les séquences. Une version consolidée du chapitre sera transmise à la Commission des normes biologiques afin qu'elle l'examine de concert avec les commentaires des Pays Membres.

## **6. Questions diverses**

Aucunes

## **7. Finalisation et adoption du projet de rapport**

Le Groupe ad hoc a finalisé et adopté le projet de rapport.

---

.../Annexes

**GROUPE AD HOC SUR LE SÉQUENÇAGE À HAUT DÉBIT,  
LA BIOINFORMATIQUE ET LA GÉNOMIQUE COMPUTATIONNELLE (SHD-BGC)  
Paris, 7–9 Décembre 2015**

---

**Ordre du jour**

1. Ouverture de la réunion
  2. Désignation du président et du rapporteur
  3. Le point sur les actions menées depuis la dernière réunion du Groupe ad hoc
  4. Examen du projet de programme de travail et évaluation de ce qui a été accompli ainsi que des étapes à mettre en place afin d'exécuter le projet de plateforme
  5. Évaluation du projet pilote et présentation détaillée des étapes nécessaires à son exécution
  6. Questions diverses
  7. Finalisation et adoption du projet de rapport
-

**GROUPE AD HOC SUR LE SÉQUENÇAGE À HAUT DÉBIT,  
LA BIOINFORMATIQUE ET LA GÉNOMIQUE COMPUTATIONNELLE (SHD-BGC)  
Paris, 7–9 Décembre 2015**

**Liste des participants**

**MEMBRES**

**Professeur Massimo Palmarini**  
(*Président*)  
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, Scotland, ROYAUME-UNI  
Tél. : (+44-141) 330.2541 (or 4645)  
massimo.palmarini@glasgow.ac.uk

**Docteur Fredrik Granberg**  
Swedish University of Agricultural  
Sciences, Department of Biomedical  
Sciences and Veterinary Public Health  
P.O. Box 7036, 750 07 Uppsala  
SUÈDE  
Tel: (+46-18) 67.41.35  
Fax: (+46-18) 30.91.62  
fredrik.granberg@slu.se

**Docteur 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

**Docteur Gary Van Domselaar**  
Chief Bioinformatics, National  
Microbiology Laboratory, Public  
Health Agency of Canada, Canadian  
Science Centre for Human and Animal  
Health, Winnipeg R3E 3R2, CANADA  
Gary.VanDomselaar@phac-aspc.gc.ca

**Docteur Antonino Caminiti**  
Istituto Zooprofilattico Sperimentale  
della Lombardia e Dell'Emilia  
Romagna (IZSLER), Via Antonio  
Bianchi, 7/9, 25124 Brescia BS,  
ITALIE  
antonino.caminiti@izsler.it

**REPRÉSENTANT DE LA  
COMMISSION DES NORMES  
BIOLOGIQUES DE L'OIE**

**AUTRES PARTICIPANTS**

**Docteur Peter Daniels**  
25 Hermitage Road  
Geelong, Victoria3220  
AUSTRALIE  
danielspeter19@gmail.com

**Professeur Jean-Louis Romette**  
(*Invité excusé*)  
Emergence des pathologies virales  
(EPV), UMR 190 Aix-Marseille  
Université-IRD, Coordinateur de  
European Virus Archive goes Global  
(EVAg), AMU-POLYTECH Marseille,  
Case 925, 163 Avenue de Luminy  
13288 Marseille Cedex09, FRANCE  
jean-louis.romette@univ-amu.fr

**Docteur Anthony Fooks**  
(*Invité excusé*)  
Rabies and Wildlife Zoonoses Group  
Virology Department, Animal and Plant  
Health Agency, New Haw, Addlestone  
Surrey KT15 3NB, ROYAUME-UNI  
Tél. : (44-1932) 35.78.40  
Fax : (44-1932) 35.72.39  
tony.fooks@apha.gsi.gov.uk

**SIÈGE DE L'OIE**

**Docteur Bernard Vallat**  
Directeur général  
OIE 12 rue de Prony  
75017 Paris, FRANCE  
Tél. : (33-1) 44.15.18.88  
Fax : (33-1) 42.67.09.87  
oie@oie.int

**Docteur Neo Joel Mapitse**  
Adjoint au Chef du Service  
d'information et d'analyse de la santé  
animale mondiale  
n.mapitse@oie.int

**Docteure Adeline Bichet**  
Chef de projet informatique, Service de  
l'administration, de la logistique et des  
publications  
a.bichet@oie.int

**Docteure Elisabeth Erlacher-Vindel**  
Adjointe au Chef du Service  
scientifique et technique de l'OIE  
(SST)  
e.erlacher-vindel@oie.int

**Docteure Lina Awada**  
Vétérinaire épidémiologiste, Service  
d'information et d'analyse de la santé  
animale mondiale; l.awada@oie.int

**Docteure Maria Szabo**  
Chargée de mission, SST  
m.szabo@oie.int

**Mme Sara Linnane**  
Secrétaire de rédaction scientifique,  
SST  
s.linnane@oie.int

**GROUPE AD HOC SUR LE SÉQUENÇAGE À HAUT DÉBIT,  
LA BIOINFORMATIQUE ET LA GÉNOMIQUE COMPUTATIONNELLE (SHD-BGC)**

**Paris, 7–9 Décembre 2015**

---

**Termes de référence**

1. Examiner le projet de programme de travail et évaluer ce qui a été accompli ainsi que les étapes à mettre en place afin d'exécuter le projet de plateforme
  2. Évaluer le projet pilote et présenter en détail les étapes nécessaires à son exécution
-

## PLATEFORME GÉNOMIQUE DES AGENTS PATHOGÈNES DE L'OIE

### CRÉATION D'UNE PLATEFORME DE L'OIE POUR LA COLLECTE ET LE GESTION DES SÉQUENCES GÉNOMIQUES EN SANTÉ ANIMALE

#### 1. INTRODUCTION

L'utilisation du séquençage à haut débit (SHD), de la bioinformatique, de la génomique computationnelle (BGC) et de la métagénomique dans le domaine vétérinaire est en pleine croissance. Les données sur les séquences jouent donc un rôle accru dans le diagnostic et la gestion des infections microbiennes, dans la caractérisation des agents infectieux et la traçabilité de leur dissémination dans le temps.

La dépendance croissante observée à l'égard de la génération et de l'utilisation de données sur les séquences, ainsi que la tendance concomitante sans cesse accrue aux systèmes mondiaux d'information ouverts auront des répercussions considérables pour les laboratoires vétérinaires, y compris en ce qui concerne la notification et la gestion traditionnelles des maladies infectieuses et des maladies d'origine alimentaire.

L'OIE joue un rôle central et de chef de file dans la gestion, l'interprétation et l'utilisation des informations de santé animale. Elle élabore aussi des normes pour la génération de données au cours d'enquêtes menées sur des infections animales observées au niveau de l'exploitation et à tout instant le long de la « chaîne de valeur » reliant les animaux aux consommateurs.

L'OIE estime que les séquences génomiques des agents pathogènes et les données connexes issues de l'analyse des séquences sont indispensables et doivent faire partie intégrantes de la notification des cas et des foyers de maladies à l'échelle internationale. Il conviendrait donc d'introduire et d'utiliser les nouveaux outils technologiques, y compris le SHD-BGC et la métagénomique, dans le cadre des pratiques reconnues en matière de diagnostic et de contrôle des maladies animales, y compris dans les systèmes d'assurance qualité des laboratoires.

Les données sur les séquences, en particulier celles se référant au génome entier des agents pathogènes, s'avèrent très pertinentes tant dans le contexte épidémiologique que dans l'amélioration de la compréhension de la pathogenèse des maladies et des réponses de l'hôte. Il est dès lors possible d'envisager que les bases de données sur les séquences des principaux agents pathogènes vétérinaires joueront un rôle croissant dans la santé animale, surtout si elles sont enrichies par les métadonnées connexes.

Les stratégies, politiques et pratiques relatives à l'analyse et la gestion des séquences génomiques et des métadonnées connexes figurent, par conséquent, en priorité dans le programme de l'OIE. L'objectif premier consiste à développer une approche globale et une base de données en *libre accès* au sein du Système mondial d'information sanitaire (WAHIS) de l'OIE afin de recueillir, stocker et partager des informations sur les séquences ayant trait aux événements zoonosaires et leur maîtrise. Il faudra, en outre, développer des normes pour la génération, le stockage, la gestion et l'interprétation des séquences et des données épidémiologiques qui leur sont associées.

L'OIE compte exploiter pleinement les compétences et l'expertise de son réseau international de Centres de référence lors de l'élaboration de politiques et de pratiques pour la gestion et l'utilisation des données sur les séquences. L'OIE développe à cette fin des normes pour la gestion du SHD-BGC à inclure dans le *Manuel des tests de diagnostic et des vaccins pour les animaux terrestres (Manuel terrestre)* de l'OIE. À l'avenir, les données sur les séquences seront intégrées dans WAHIS et le réseau de Centres de référence de l'OIE jouera un rôle clé dans ce projet.

#### 2. DÉFINITION DE LA STRATÉGIE DE L'OIE

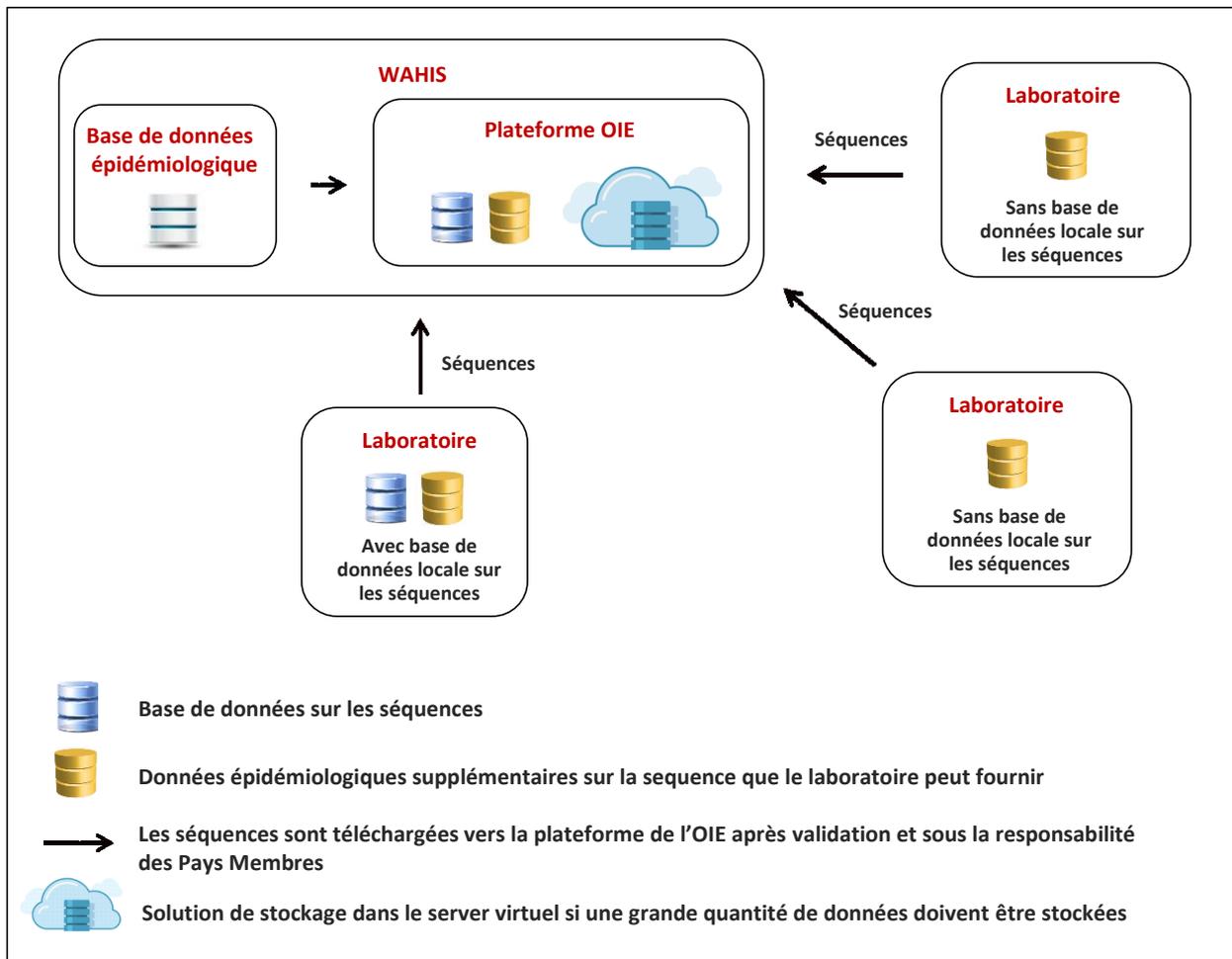
La stratégie de l'OIE consiste à mettre à disposition de manière permanente et officielle des informations sur les séquences génétiques (de préférence sur les séquences de génome entier) des agents pathogènes qui ont été rapportés à l'OIE par les Pays Membres (que ce soit dans le cadre de rapports de notification immédiate ou de rapports semestriels). L'OIE ne prévoit pas de fournir une base de données complète sur les séquences des agents infectieux dans les populations animales. Elle vise plutôt d'offrir des renseignements sur les agents pathogènes et infectieux impliqués dans les événements zoonosaires rapportés à l'OIE par les Pays Membres.

Il conviendrait de stocker les informations sur les séquences dans WAHIS, qui serait alors constitué de deux composantes : (i) la base de données épidémiologiques ; et (ii) la plateforme génomique des agents pathogènes de l'OIE (ci-après désignée « Plateforme de l'OIE »). Chaque séquence sera systématiquement reliée aux informations épidémiologiques correspondantes dans WAHIS.

Il conviendrait d'inclure dans la stratégie globale un processus consistant à définir des normes pour la production, l'assemblage et le stockage des séquences génomiques appelées à être intégrées dans le *Manuel terrestre* de l'OIE et le *Manuel des tests de diagnostic pour les animaux aquatiques* (ci-après désigné « *Manuel aquatique* »).

### 3. PRÉSENTATION DE LA PLATEFORME DE L'OIE

La plateforme de l'OIE offrira un système centralisé ouvert et transparent dans lequel les Laboratoires de référence de l'OIE ou les laboratoires de référence nationaux généreront et fourniront des informations sur les séquences génétiques (modèle en étoile) sous la responsabilité du Délégué de l'OIE (Figure 1).



**Figure 1. Présentation de la plateforme de l'OIE**

Selon ce modèle, les laboratoires peuvent ou non héberger des bases de données locales et peuvent ou non disposer de l'infrastructure nécessaire pour télécharger les séquences vers la plateforme de l'OIE. Par conséquent, l'OIE fournira des interfaces Web pour télécharger des séquences vers la plateforme de l'OIE, qui se veut souple et permet de soumettre les séquences de plusieurs manières différentes.

WAHIS établira un lien entre les données épidémiologiques et les séquences pathogènes correspondantes. Toutefois, sur un plan structurel, la base de données épidémiologiques et la plateforme de l'OIE seront séparées afin d'accroître la souplesse de l'ensemble du système.

La soumission des séquences sur la plateforme de l'OIE reviendra aux Pays Membres.

Conformément à l'objectif de l'OIE qui consiste à garantir la transparence de la situation zoonositaire mondiale et le libre accès des données stockées dans WAHIS, les données sur les séquences stockées dans la plateforme de l'OIE devront être tout aussi accessibles.

L'adoption de ce modèle pour la plateforme de l'OIE n'exclut pas :

- i) la création de bases de données locales distinctes ou de bases de données sur les agents pathogènes gérées par les Centres de référence de l'OIE. En effet, l'OIE encourage ses Centres de référence à prendre part à des activités de développement de réseau, qui couvriraient également de telles bases de données ;
- ii) la possibilité que la plateforme de l'OIE puisse, à l'avenir, fournir des services de différentes natures (par ex. des modules pour l'analyse des données fournies par les Centres de référence de l'OIE ou des liens vers d'autres ressources du réseau de l'OIE).

La conception du système doit être stable et robuste mais également adaptable à l'évolution des méthodologies et des technologies.

#### 4. ARCHITECTURE DE LA PLATEFORME DE L'OIE

La structure de la plateforme de l'OIE (Figure 2) sera constituée des composantes suivantes :

- i) une base de données sur les séquences génomiques liée à la composante épidémiologique de WAHIS, mais distincte de cette dernière sur le plan structurel ;
- ii) un module d'interface pour télécharger en amont les données sur les séquences ;
- iii) un module de connexion pour établir un lien entre les séquences génomiques et les données épidémiologiques correspondantes stockées dans WAHIS ;
- iv) un module d'administration pour la gestion des données, la restriction d'accès aux utilisateurs et le flux de données.

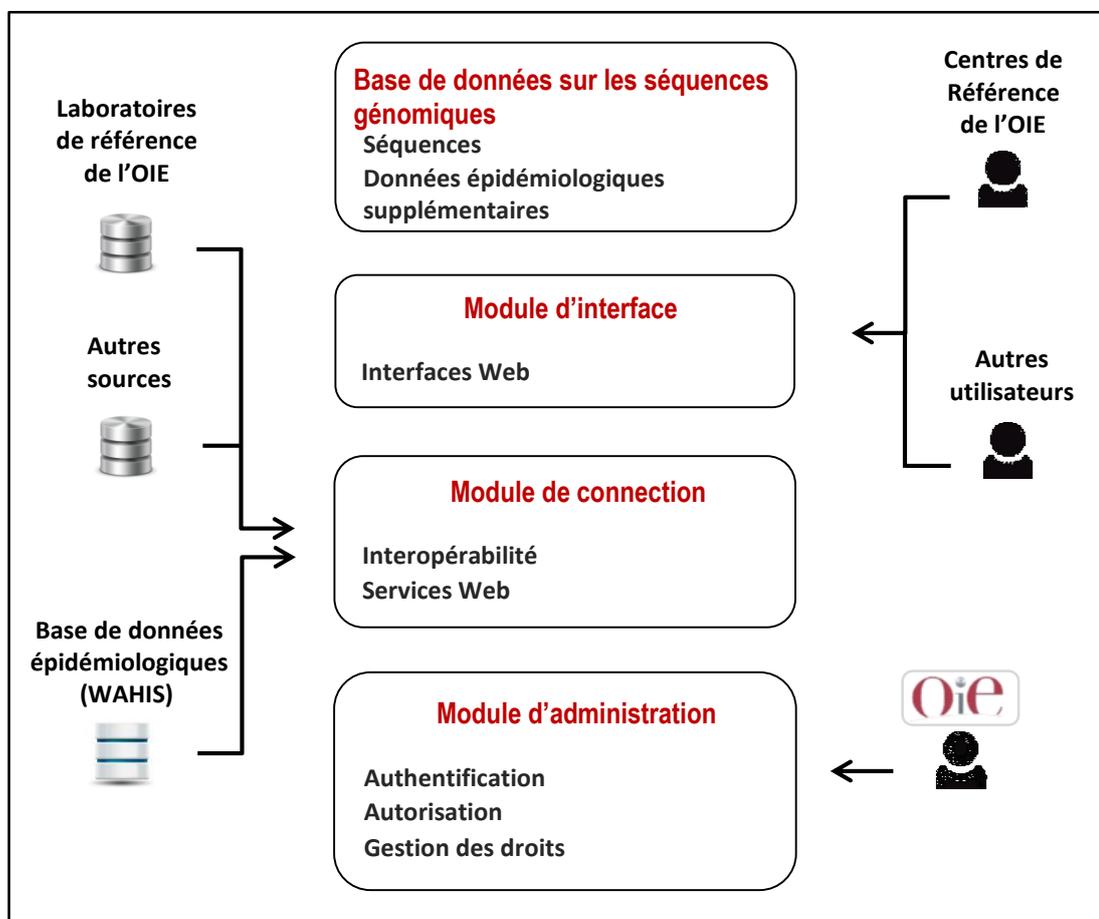


Figure 2. Architecture de la plateforme de l'OIE.

## 5. COMPOSANTES

### 5.1. Base de données sur les séquences génomiques

La base de données génomiques est la principale composante de la plateforme de l'OIE. Elle permettra de stocker, répertorier, chercher et mettre à disposition les séquences génomiques.

La base de données doit étayer la série, à la fois complexe et évolutive, de données associées aux séquences et aux informations sur les séquences. Les dossiers sur les séquences sont stockés sous un format de dossier plat.

Pour chaque séquence génomique, la base de données recueillera et stockera des métadonnées sur la technologie et la méthodologie utilisées pour générer les données sur les séquences, et sur toute donnée épidémiologique supplémentaire que le laboratoire soumettant les données décide de fournir.

Les données doivent être recueillies et stockées conformément aux normes édictées dans le chapitre 1.1.11 du *Manuel terrestre* intitulé *Normes pour le séquençage à haut débit, la bioinformatique et la génomique computationnelle*.

### 5.2. Module d'interface

Le module d'interface permettra au laboratoire de télécharger en amont les données sur les séquences. Les deux conditions préalables au téléchargement d'une séquence vers la plateforme sont i) la création d'un lien entre la plateforme et WAHIS, et ii) le respect des normes fixées par l'OIE.

### 5.3. Module de connexion

Le module de connexion est un module d'interopérabilité qui garantit la connectivité entre la base de données sur les séquences génomiques et les données épidémiologiques stockées dans WAHIS.

### 5.4. Module d'administration

À l'instar de la composante épidémiologique de WAHIS, la plateforme de l'OIE recueillera et stockera des informations potentiellement sensibles. Ceci représente un véritable défi en matière de sécurité pour la plateforme de l'OIE. C'est pour cette raison qu'il est important de mettre en œuvre un module d'administration et des normes adéquates pour la gestion des données à différents niveaux ainsi que pour différentes activités, telles que le téléchargement en amont des séquences génomiques et l'accès à ces séquences.

Ce module permettra de garantir le respect des exigences en matière de qualité édictées dans le chapitre 1.1.11 du *Manuel terrestre* en ce qui concerne le téléchargement en amont des séquences, de gérer la visibilité et l'accès des données, et de tracer les informations sur l'utilisation des données. L'OIE doit se pencher sur les problèmes soulevés par les droits de propriété intellectuelle. Il convient également de définir une politique commune en la matière.

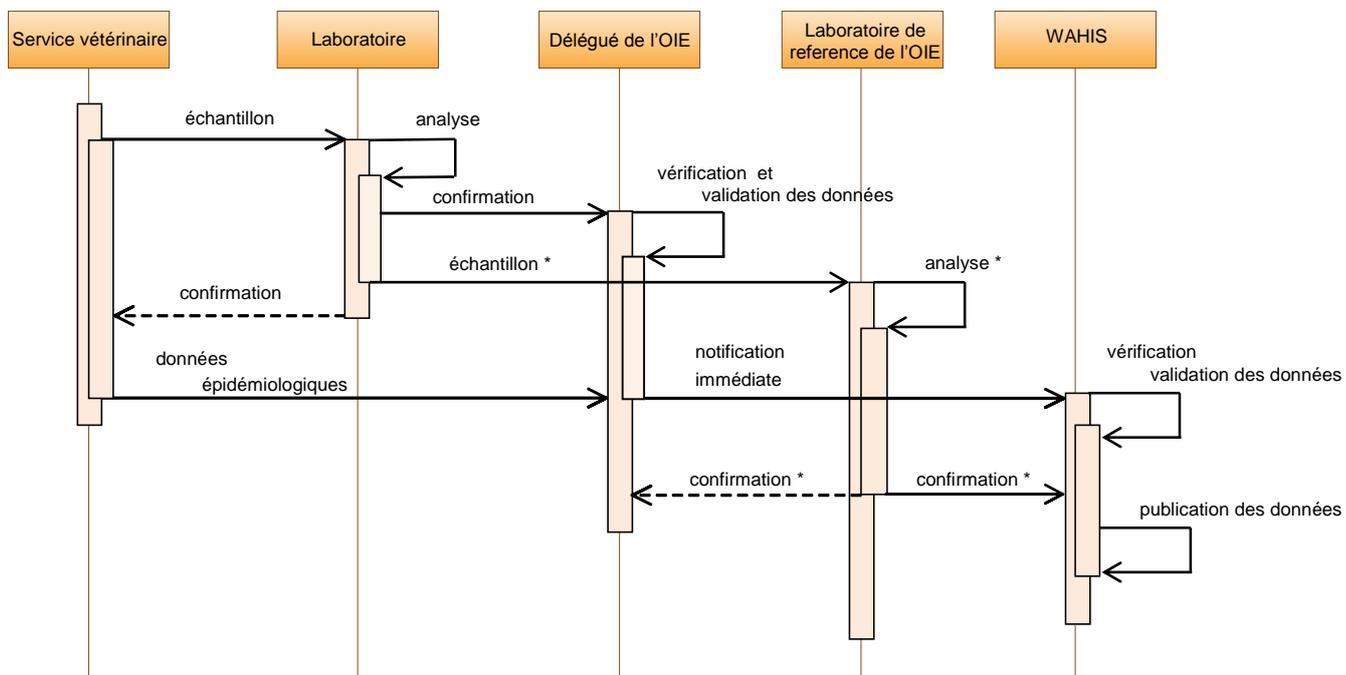
La quantité d'informations sur les séquences étant amenée à croître dans le temps, la plateforme de l'OIE se doit d'être souple.

## 6. FLUX DES DONNÉES

L'OIE requiert de ses Pays Membres qu'ils lui notifient tout événement revêtant une importance épidémiologique (notifications immédiates et suivies) et transmettent des rapports périodiques sur la présence ou l'absence de maladies listées par l'OIE (rapports semestriels). Les communications officielles entre les Pays Membres et l'OIE sont soumises à des procédures strictes, et la publication de données suit une série d'étapes avant que l'information ne puisse être rendue publique.

La figure 3 montre le flux actuel des données lors d'une notification immédiate.

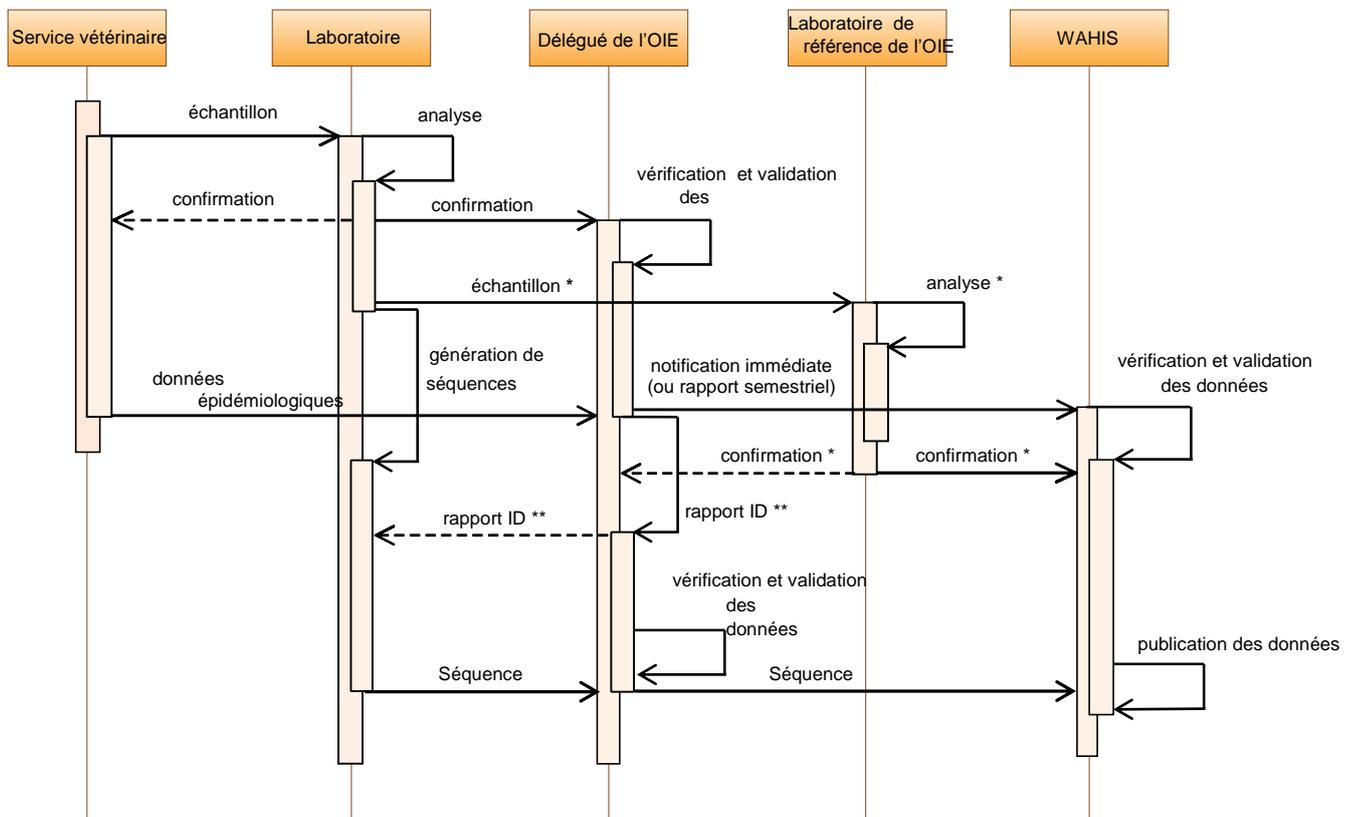
À la suite d'une notification immédiate, il sera demandé aux Pays Membres de l'OIE de télécharger vers la plateforme les séquences des agents pathogène isolés dans le foyer (ou le groupe de foyers) rapporté dans la notification. L'obligation de fournir des informations sur les séquences ne doit pas retarder la notification immédiate initiale.



\* La confirmation d'un Laboratoire de référence de l'OIE n'est pas toujours requise

**Figure 3. Flux actuel des données lors d'une notification immédiate à l'OIE.**

La figure 4 indique le flux possible des données lors du téléchargement en amont des séquences à la suite d'une notification immédiate ou dans le cadre d'un rapport semestriel. Les informations sur les séquences doivent être transmises par le biais de la plateforme de l'OIE et liées aux données épidémiologiques correspondantes dans WAHIS (dans le diagramme, l'encadré WAHIS comprend la nouvelle plateforme de l'OIE).



\* La confirmation d'un Laboratoire de référence de l'OIE n'est pas toujours requise

\*\* Ou tout autre moyen d'établir un lien entre la séquence et les données épidémiologiques correspondantes stockées dans WAHIS

**Figure 4. Flux de données suggéré dans le système proposé pour le téléchargement de séquences génomiques d'agents pathogènes à la suite d'une notification immédiate (ou dans le cadre d'un rapport semestriel)**