



**GRUPE AD HOC DE L'OIE SUR LE SÉQUENÇAGE À HAUT DÉBIT,
LA BIO-INFORMATIQUE ET LA GÉNOMIQUE COMPUTATIONNELLE (SHD-BGC)¹**

Siège de l'OIE, Paris, 25–27 novembre 2013

Le Groupe ad hoc de l'OIE sur le séquençage à haut débit, la bio-informatique et la génomique computationnelle (SHD-BGC) (ci-après désigné le « Groupe ») s'est réuni au Siège de l'OIE du 25 au 27 novembre 2013.

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

1. Ouverture de la réunion

La Docteure Elisabeth Erlacher-Vindel, Chef par intérim du Service scientifique et technique, a accueilli les participants de la réunion au nom du Docteur Bernard Vallat, Directeur général de l'OIE. Elle a expliqué que la tâche confiée au Groupe consistait à développer une stratégie de l'OIE en matière de SHD-BGC qui pourra ensuite être appliquée par l'OIE, le réseau de Laboratoires de référence et de Centres collaborateurs (ci-après désignés « Centres de référence ») de l'OIE et les Pays Membres.

2. Désignation du président et du rapporteur

La réunion était présidée par le Professeur Massimo Palmarini et le Docteur Peter Daniels a été désigné rapporteur.

3. Termes de référence pour la réunion du Groupe ad hoc

Les termes de référence (ci-après désignés « TR ») ont été adoptés avec quelques légères modifications ; ils figurent à l'annexe III.

4. Résumé des principales recommandations

- 4.1. La séquence du génome des agents infectieux et son analyse ultérieure font partie intégrante de toute enquête menée aujourd'hui et à l'avenir sur une maladie.
- 4.2. Le système d'information sanitaire de l'OIE et son réseau de 284 Centres de référence comptent parmi les atouts de l'Organisation. Par conséquent, l'inclusion de données sur la séquence génomique des agents infectieux devrait faire partie intégrante des rapports sur les maladies animales et leur surveillance. L'OIE se doit d'adapter son système d'information sanitaire afin d'inclure ces données.
- 4.3 Le SHD-BGC est amené à devenir un outil majeur dans la génération de données sur les séquences génomiques. L'OIE devrait donc développer des normes sur la gestion de cette technologie dans les laboratoires ainsi que sur l'inclusion des procédures afférentes au SHD-BGC dans les méthodes de laboratoires utilisées pour des maladies animales données. Il convient d'obtenir rapidement des progrès en la matière en développant des projets pilotes qui : porteront sur les questions relatives aux bases de données ; développeront des normes appelées à être incluses dans le *Manuel des tests de diagnostic et des vaccins pour les animaux terrestres (Manuel terrestre)* de l'OIE ; mettront en réseau les Centres de référence dûment qualifiés ; et produiront des séries de données standard qui seront utilisées dans les programmes d'assurance qualité.

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 janvier 2015 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/>

5. Examen des termes de référence

5.1. TR 1 : Mondialisation des diagnostics microbiens en santé animale

Le Groupe ad hoc a noté l'importance croissante des informations obtenues sur les séquences génomiques dans le diagnostic et la gestion des infections microbiennes, notamment dans la caractérisation des agents infectieux, leurs éventuelles caractéristiques phénotypiques et la probable répartition de leur propagation d'un endroit à un autre au fil du temps. Le Groupe a recommandé que l'OIE développe une stratégie et adopte des politiques et des pratiques afférentes à l'analyse et la gestion des données obtenues sur la séquence génomique des micro-organismes car celles-ci s'avèrent indispensables à la compréhension et au contrôle des maladies infectieuses.

Le Groupe estime que, dans le contexte scientifique actuel et futur, il est impossible d'identifier de manière satisfaisante un micro-organisme à moins d'avoir à disposition les principales caractéristiques de son génome. Pour les virus, il peut s'agir de l'intégralité du génome. Pour les bactéries et les parasites, en revanche, des séquences partielles suffisent. Cependant, la technologie progresse si vite que, sous peu, on pourra systématiquement obtenir l'intégralité de la séquence génomique de ces micro-organismes plus grands.

L'OIE a la responsabilité de tenir, au niveau international, le rôle de chef de fil pour les questions relatives à la santé animale. Par conséquent, pour que l'OIE puisse exécuter son mandat, elle devra jouer un rôle central et de premier plan dans la gestion, l'interprétation et l'emploi des informations glanées sur les séquences génomiques dans le cadre de questions relevant de la santé animale. Son rôle comprendra, sans toutefois s'y limiter, l'élaboration de normes sur la génération de telles données au cours d'enquêtes menées sur les infections contractées par un animal, des populations animales et leur environnement immédiat ainsi qu'à tout stade de la « chaîne de valeur » reliant la production animale aux bénéficiaires ultimes.

Le Groupe a noté que la très nette tendance à reposer toujours davantage sur la génération et l'utilisation des informations obtenues sur les séquences génomiques pour étudier les agents infectieux a une incidence non seulement sur la génération, la gestion et l'emploi de telles données, ainsi que sur la nécessité de disposer de normes et de services connexes, mais également, à terme, sur la conception et la gestion des laboratoires vétérinaires. Ceci peut aboutir à la mise en place de dispositifs et de systèmes permettant de générer des données sur les séquences génomiques en dehors des laboratoires, plus près du lieu où sont effectués les prélèvements, à savoir dans l'exploitation ou à tout autre stade de la « chaîne de valeur » couvrant la santé animale et la sécurité sanitaire des aliments. De telles évolutions requerront l'élaboration de normes afin de garantir une supervision adéquate par les Services vétérinaires et une assurance qualité appropriée.

5.2. TR 2 : Un réseau mondial de Centres de référence de l'OIE pour parvenir à une approche internationale coordonnée permettant de mettre en œuvre le SHD-BGC

Grâce à ses Centres de référence désignés et à son accès à d'autres expertises nationales par le biais des bureaux des Délégués officiels des Pays Membres, l'OIE dispose d'une bonne partie des compétences nécessaires pour étayer la compréhension scientifique relative à l'utilisation des données obtenues sur les séquences des micro-organismes dans le cadre de la santé animale. Le Groupe recommande d'exploiter ces compétences afin d'aider l'OIE à développer sa politique et ses pratiques en ce qui concerne la gestion et l'utilisation des informations obtenues sur les séquences génomiques et pouvoir ainsi s'acquitter de son mandat.

Il conviendrait, en un premier temps, d'inviter de temps à autre des experts scientifiques dûment qualifiés, issus du réseau mondial de Centres de référence en place, à donner leur avis sur des questions précises. Le paragraphe 5.5 ci-dessous du rapport du Groupe propose une approche détaillée pour évaluer l'ampleur et la nature de l'expertise requise.

5.3. TR 3 : Coordination de la gestion des données et rôle de l'OIE dans la gestion d'une base de données spécialisée

Le Groupe recommande que l'OIE développe une approche plus globale en ce qui concerne la collecte et le stockage des informations recueillies sur les séquences génomiques, dans le cadre de maladies animales, et les possibilités de donner libre accès à ces informations.

Le Groupe estime que les données sur les séquences génomiques des micro-organismes, telles celles générées par séquençage à haut débit (approche métagénomique), ne sont qu'un outil, puissant certes, qui permet d'étudier les questions soulevées dans les domaines de la santé animale et de la sécurité sanitaire des aliments. Par conséquent, l'ensemble du processus propre à l'interprétation des données sur les séquences qui s'inscrit dans une enquête zoonositaire doit être mené par des vétérinaires dûment qualifiés, conformément aux exigences généralement requises pour diagnostiquer une maladie animale. Afin d'insister une fois encore sur le fait que le résultat de l'analyse des séquences fera partie intégrante à l'avenir de toute prise de décision en matière de santé animale, le Groupe recommande que la séquence et l'analyse de la séquence des infections associées aux cas, aux foyers et aux enquêtes menées sur des maladies animales soient consignées avec toutes les autres informations afférentes à la notification et l'enregistrement de ces cas et foyers, et considérées comme un élément indispensable de ces notifications et enregistrements.

Le Groupe recommande donc à l'OIE d'exiger l'inclusion des informations génomiques dans les rapports officiels qu'elle reçoit, et de développer des systèmes permettant de recevoir, stocker, rendre accessible et partager ces informations.

La Docteure Paola Caceres et la Docteure Lina Awada du Service de l'information sanitaire de l'OIE ont rejoint la réunion afin d'aider le Groupe à examiner plus en profondeur les modalités pratiques et les stratégies à adopter pour mettre en œuvre ce concept.

Le Groupe a cru comprendre que, pour l'heure, les informations sur les séquences génomiques des micro-organismes, relevant de la santé animale, n'étaient pas stockées de manière centralisée. Bien que GenBank soit actuellement le principal dépositaire de telles informations, il en existe d'autres. Le Groupe a connaissance de bases de données consacrées à des agents spécifiques qui sont gérées par certains Centres de référence, ainsi que de bases de données couvrant d'autres agents, tels les virus de l'influenza, gérés par des organismes publics et privés. De surcroît, il est fréquent que les organismes de financement public exigent la mise à disposition en temps voulu des séquences générées grâce à leur financement dans des bases de données à libre accès. Le Groupe est également informé des discussions internationales entamées afin de consolider les informations afférentes aux micro-organismes et aux métadonnées connexes, notamment les informations épidémiologiques.

Dans un tel contexte, et reconnaissant la complexité de ce dernier, le Groupe a discuté du rôle de l'OIE et de la stabilité qu'elle offre cette dernière. L'OIE est une organisation fondée sur le principe de libre adhésion qu'ont rejointe la plupart des pays engagés dans les domaines de la santé animale et de la production animale. L'adhésion à l'OIE est formelle : celle-ci n'accepte que les gouvernements officiellement reconnus. De plus, le rôle de l'OIE en qualité d'arbitre officiel sur les questions et les normes relatives à la santé animale lors de processus internationaux, à l'instar de l'OMC, a été officiellement ratifié à l'échelle internationale. C'est la raison pour laquelle, le Groupe suggère qu'il serait approprié, voire nécessaire, que l'OIE joue un rôle international de premier plan dans la gestion des informations obtenues sur les séquences génomiques lors d'infections contractées par des animaux. L'OIE offre une base stable et durable pour un tel engagement.

L'OIE gère déjà une base de données sur les rapports qui lui sont transmis par les Pays Membres concernant leur situation zoonositaire. Conformément aux recommandations et aux considérations susmentionnées, le Groupe recommande que l'OIE exige l'inclusion d'informations sur les séquences génomiques dans ces rapports et que l'Organisation revoie les exigences techniques connexes de manière à étendre son rôle en ce qui concerne la notification et l'enregistrement de ces informations.

Afin d'étayer cette recommandation, le Groupe note que l'OIE dispose d'un cadre de notification bien établi qui repose sur son autorité légale et les obligations incombant aux Pays Membres, ainsi que sur un réseau de laboratoires qui devrait contribuer à générer la majeure partie des informations sur les séquences.

Lors de l'élaboration d'un plan d'action en vue de mettre en œuvre cette recommandation, l'OIE devra éventuellement traiter le problème posé par les duplications générées par les différentes bases de données et leurs conséquences. Il sera nécessaire de développer une stratégie permettant de gérer les chevauchements perçus et les chevauchements réels dans ce domaine. Il faudra également se pencher sur les coûts et les répercussions en termes de ressources liés à la création et la gestion d'une base de données sur les séquences génomiques. Pour qu'une base de données sur les séquences gérée par l'OIE soit considérée utile par la communauté scientifique internationale, celle-ci devra être facile à utiliser et fonctionner et être gérée de manière efficace.

Le Groupe préfère laisser à d'autres, dotés de l'expertise requise, le soin de se pencher sur des considérations techniques approfondies. Il a toutefois pris acte des discussions qu'il a menées sur les stratégies relatives à la mise en relation de l'actuelle base de données de l'OIE, WAHIS, avec d'autres bases de données afin de ne plus servir de principal dépositaire de données. Le Groupe avait tendance à considérer qu'une stratégie consistant à n'être qu'une passerelle permettant d'accéder à des données stockées ailleurs n'était pas conforme à la recommandation selon laquelle l'OIE devait développer ses propres opérations afin de continuer à offrir une source primaire fiable d'informations zoonitaires à l'échelle internationale.

5.4. TR 4 : Aspects des systèmes de SHD pour lesquels il conviendrait de développer des normes

5.4.1. Éventail de finalités pour le SHD-BGC

Le SHD-BGC est une technologie à la fois puissante et polyvalente qui peut être déployée à diverses fins lors de la détection d'agents infectieux et de leur caractérisation à partir de matériels biologiques, tels les spécimens utilisés pour établir un diagnostic ou mener une surveillance, de cultures ou d'isolats. En tant que tels, les utilisateurs de cette technologie doivent réfléchir aux finalités des épreuves qu'ils pratiquent en les comparant aux finalités habituelles des épreuves, telles qu'énoncées au chapitre 1.1.5 *Principes de la validation des épreuves de diagnostic des maladies infectieuses* du *Manuel terrestre* de l'OIE.

Outres les objectifs généraux associés à ces épreuves, le SHD-BGC offre les possibilités suivantes :

- la détection, l'identification et la caractérisation des micro-organismes non identifiés précédemment ;
- un meilleur diagnostic des maladies connues ;
- un meilleur diagnostic des maladies émergentes et réémergentes dont l'étiologie est connue ou non ;
- des épreuves de diagnostic « universelles », permettant d'identifier tout agent pathogène potentiel, qui peuvent être développées de concert avec des méthodes de diagnostic établies ;
- de nombreux agents qui peuvent être détectés simultanément et rapidement dans les maladies présentant une étiologie multifactorielle ;
- la capacité croissante à étudier la dynamique évolutive des agents pathogènes dans une exploitation, aux niveaux local, national et mondial ;
- une meilleure compréhension de l'épidémiologie des maladies infectieuses et de la phylogéographie des agents infectieux ;
- une traçabilité accrue des maladies infectieuses et des modes de transmission des agents pathogènes, ce qui comprend les diverses applications en épidémiologie médico-légale ;
- une caractérisation plus poussée des « populations » d'agents pathogènes connus (par ex., les souches minoritaires concernées, les mutants fuyants) qui facilite, à son tour, la conception de meilleurs vaccins, antiviraux, etc. ;
- une meilleure corrélation entre le génotype et les phénotypes des agents pathogènes grâce à la mise à disposition de l'intégralité de la séquence du génome de nombreuses souches (dont les souches de référence) d'un seul agent.

5.4.2. Échantillonnage, spécimens et préparation des échantillons

Le SHD-BGC est un nouvel outil technologique appliqué à la gestion des maladies animales qu'il conviendrait d'utiliser dans le cadre de procédures éprouvées et entérinées pour la gestion de la santé animale. Dans les laboratoires où il est utilisé, sa gestion doit s'inscrire dans la procédure d'enquête vétérinaire habituelle et dans le système d'assurance qualité en place. L'usage qui est fait de cette technologie doit correspondre à l'objectif de l'enquête. Quant à la stratégie d'échantillonnage et aux spécimens prélevés, ils doivent être adaptés à l'enquête. Un tel usage et une telle stratégie doivent reposer sur la compréhension de la pathogenèse et de l'épidémiologie de l'infection étudiée ou de la pathogenèse et de l'épidémiologie probables de tout nouvel agent infectieux dont on soupçonne la présence. De telles enquêtes doivent être menées sous la surveillance de vétérinaires dûment qualifiés.

De même, les résultats du SHD-BGC doivent être interprétés dans le cadre de la pathogenèse et de l'épidémiologie de l'infection observée chez l'espèce étudiée. Les résultats doivent être rapportés par des enquêteurs vétérinaires dûment qualifiés, habilités à diagnostiquer les maladies animales, dans le cadre du système assurance qualité du laboratoire et sur les lieux où l'enquête est menée.

Les spécimens seront recueillis et soumis au laboratoire effectuant les tests, conformément aux normes énoncées par le chapitre 1.1.1 *Collection, submission and storage of diagnostic specimens* du *Manuel terrestre* de l'OIE. À l'instar de toute soumission au laboratoire, les échantillons seront accompagnés des informations complètes habituelles afférentes à l'animal, au cas ou au motif de l'échantillonnage ainsi que des informations épidémiologiques pertinentes consignées au cours du processus suivi par le laboratoire pour obtenir des accessions.

À l'instar des autres méthodes de laboratoire, en particulier des techniques moléculaires, il est essentiel de veiller à l'intégrité du spécimen et des échantillons à tester. Les échantillons utilisés lors du SHD-BGC peuvent être contaminés lors de leur préparation et de leur traitement initial. Il est donc impératif de veiller à ce que les surfaces de travail utilisées n'induisent aucune contamination croisée avec les acides nucléiques employés lors d'autres enquêtes moléculaires.

5.4.3. Plateformes de séquençage disponibles dans le commerce

Il existe un certain nombre de plateformes ou de services de séquençage disponibles dans le commerce afin de générer des informations sur les séquences génomiques à partir des échantillons utilisés pour les épreuves. Le choix de la plateforme doit reposer sur la finalité prévue ou un ensemble de finalités comme indiqué au paragraphe 5.4.1 ci-dessus.

La première priorité consiste à s'assurer que la technologie choisie est apte à l'emploi prévu, autrement dit qu'elle permet de générer des informations sur les séquences issues des types de génome à l'étude. Parmi les autres considérations à prendre en compte figurent : le temps requis pour effectuer un séquençage, ce qui comprend la préparation des échantillons ; le matériel auxiliaire nécessaire en plus du dispositif de séquençage ; le coût d'investissement de l'achat et de l'installation de tout le matériel nécessaire et le coût annuel des licences d'exploitation ou des contrats de service ; la mise à disposition par le fournisseur d'une assistance ; le coût des réactifs nécessaires à l'exécution du séquençage et la disponibilité probable des réactifs dans le pays concerné ; les besoins en personnel pour faire fonctionner le matériel et effectuer les analyses bio-informatiques connexes ainsi que les besoins en termes de gestion des données. Les systèmes actuellement disponibles ont été passés en revue (Belák *et al.*, 2013, *Rev. Sci. Tech.* de l'OIE). On prévoit toutefois l'arrivée régulière de nouveaux modèles et de nouvelles technologies sur le marché.

5.4.4. Bio-informatique

Tout laboratoire souhaitant se doter d'une capacité SHD-BGC doit impérativement employer du personnel spécialisé en bio-informatique. À l'avenir, les fournisseurs universitaires ou commerciaux proposeront très probablement des plateformes accompagnées d'un logiciel de soutien pour effectuer des analyses spécifiques correspondant à des situations cliniques précises. Toutefois, le laboratoire doit être capable d'analyser ses propres données de manière compétente nonobstant l'emploi de tels packages. Le fait de se reposer sur l'une quelconque de ces capacités analytiques intégrées risque de limiter sérieusement le potentiel de cette technologie à être utilisée dans une plus grande gamme d'applications.

La bio-informatique, qui permet d'assembler la séquence génomique à partir de données brutes, et l'analyse qui s'en suit sont des composantes essentielles du SHD-BGC. Par conséquent, les approches utilisées doivent être transparentes et chaque rapport transmis sur l'analyse d'une séquence doit indiquer les logiciels utilisés. De plus, les logiciels employés pour effectuer ces analyses doivent être disponibles (dans le commerce ou en libre accès) afin de pouvoir être évalués par la communauté internationale.

À l'instar de toute méthode de laboratoire, il convient d'accorder une attention particulière à l'assurance qualité. Chaque séquençage doit inclure des témoins positifs et négatifs adéquats pour l'enquête, qui auront été incorporés au cours de la préparation des échantillons utilisés pour le séquençage et dans la plateforme technologique. La méthode utilisée doit inclure des critères d'approbation ou de rejet de chaque séquençage exécuté en s'appuyant sur des analyses satisfaisantes des témoins.

Le caractère approprié du logiciel de bio-informatique choisi pour effectuer certaines analyses données peut être évalué en comparant ses performances avec les séries de données standard contenant des données relatives aux agents que l'on prévoit de trouver dans les échantillons à tester (voir le paragraphe 5.5. ci-dessous).

5.4.5. Gestion des données

Les données générées à partir des opérations de SHD-BGC sont essentielles pour établir le diagnostic ou réaliser les autres finalités scientifiques de l'enquête. Par conséquent, elles font partie intégrante du processus. En soi, il est impératif que les laboratoires disposent de politiques, de procédures et de systèmes de soutien pour organiser, gérer et stocker les données générées.

Différentes plateformes technologiques SHD produisent des données brutes sous différents formats et lors de différents stades précédant l'analyse. Par conséquent, les laboratoires doivent impérativement disposer de politiques et de procédures spécifiques à la plateforme technologique utilisée. Les systèmes de gestion des données permettront de déterminer quelles données sauvegarder et la durée au cours de laquelle celles-ci seront conservées, et incluront des stratégies de backup destinées à se prémunir contre toute perte accidentelle ou suppression délibérée de données.

Lorsque l'analyse d'une séquence se traduit par un résultat significatif pour la santé animale, en particulier sur le plan commercial ou international, les données utilisées pour effectuer l'analyse doivent impérativement être conservées, pendant une période proportionnelle à l'importance du résultat, en vue d'un audit ou d'une analyse de confirmation. Cette mesure est particulièrement importante lorsque le résultat peut être contesté. L'incapacité à produire les données requises pour effectuer une analyse indépendante risque d'infirmer le résultat.

Les données sur les séquences doivent être conservées de manière à ce qu'il existe un lien clair avec les métadonnées associées à l'échantillon analysé. Comme pour les autres enquêtes de laboratoire, ces métadonnées doivent comprendre des informations relatives à l'animal sur lequel les échantillons ont été prélevés, son propriétaire et son emplacement, ainsi que des informations cliniques et épidémiologiques sur la population animale.

5.4.6. Validation des systèmes d'épreuves aux fins prévues

Les concepts de validation des épreuves, énoncés dans le chapitre 1.1.5 du *Manuel terrestre* de l'OIE, s'appliquent de manière générale au SHD-BGC. Il convient d'élaborer des données de validation de l'étape 1 afin de confirmer la sensibilité et la spécificité analytiques de la technique, ainsi que sa répétabilité. Il est admis que la production de gros fichiers de données sur les performances des épreuves, telles celles permettant habituellement de calculer la sensibilité et la spécificité des épreuves de diagnostic, est difficile à obtenir. Toutefois, il convient d'inclure d'autres aspects de la validation, telle la démonstration de la reproductibilité d'une épreuve dans les différents laboratoires menant des enquêtes similaires. Les laboratoires utilisant le SHD-BGC doivent participer aux contrôles des compétences lorsque des stratégies en la matière ont été développées.

5.5. **TR 5 : Formation, gestion de la qualité et diffusion du savoir**

Le Groupe a estimé que l'inventaire du taux d'utilisation et du niveau de compétence actuellement présents au sein du réseau de Laboratoires de référence et de Centres collaborateurs (ci-après désignés « Centres de référence ») de l'OIE offrait un bon point de départ. Par conséquent, il a été recommandé que l'OIE adresse, par le biais de sa Commission des normes biologiques, un questionnaire aux Centres de référence afin de solliciter notamment les informations suivantes :

- Est-ce que les laboratoires utilisent actuellement le SHD-BGC ;
- Est-ce que les laboratoires effectuent eux-mêmes le séquençage ou est-ce qu'ils le sous-traitent ;
- Est-ce que les laboratoires effectuent eux-mêmes les analyses bio-informatiques ou est-ce qu'ils les sous-traitent ;
- Pour quelles enquêtes sanitaires ou à quelles autres fins ils utilisent le SHD-BGC ;
- Une liste des publications découlant de leur travail ou de leurs collaborations avec d'autres.

La conduite d'une telle enquête auprès des Centres de référence permettrait de déterminer les capacités de base du réseau de l'OIE, de faciliter l'identification des centres d'expertise en vue de leur participation aux activités du réseau et de sensibiliser davantage à l'intérêt que l'OIE porte pour cette technologie.

En ce qui concerne la formation, il a été noté que, pour être la plus utile possible, celle-ci serait dispensée conformément aux normes de l'OIE adoptées pour le SHD-BGC, dont les fondements ont été soulignés dans le paragraphe 4.4 susvisé.

Concernant l'assurance qualité, il a été pris note de l'intérêt des séries de données standard utilisées pour vérifier l'utilité des progiciels de bio-informatique. Le Groupe a recommandé que les Centres de référence sélectionnés, possédant les compétences et les ressources en matière de données requises, se réunissent afin de développer ce concept et qu'ils mettent leurs ressources en commun afin d'ériger des séries de données standard. Il a également recommandé d'octroyer à ces séries de données le statut de normes de l'OIE et qu'elles soient gérées par cette dernière qui les mettra à disposition de ses Pays Membres.

Lorsqu'un réseau d'utilisateurs aura été défini et des normes relatives au SHD-BGC approuvées, on pourra alors développer un contrôle des compétences. On peut envisager de contacter un Centre de référence dûment qualifié afin de lui proposer de coordonner le réseau des Centres de référence possédant l'expertise requise et l'accès aux matériels biologiques appropriés afin de développer une stratégie en matière de contrôle des compétences adaptée à une ou plusieurs des finalités des épreuves utilisant le SHD-BGC et de mettre sur pied un Groupe d'experts supervisant le contrôle des compétences.

Concernant la diffusion du savoir, il a été pris acte de la réunion des Centres de référence prévue en octobre 2014 qui offrira une excellente occasion de partager les connaissances acquises. Le Groupe a recommandé d'inclure dans le programme des séances d'information sur le SHD-BGC et l'état d'avancement du projet de normes de l'OIE afférent à cette technologie, sur les recommandations relatives à l'inclusion dans le *Manuel terrestre* de l'OIE des méthodes d'analyse, le cas échéant, et sur les activités du réseau des Centres de référence de l'OIE pour le SHD-BGC.

6. Conclusions

Le Groupe recommande d'obtenir rapidement des progrès sur les points abordés dans le présent rapport. On peut envisager, à cet effet, de mener des projets pilotes couvrant les exigences en termes de base de données, le développement de séries de données standard ainsi que le questionnaire destiné aux Centres de référence. La Commission des normes biologiques doit envisager de développer les normes recommandées par le présent rapport sous la forme d'un projet de chapitre destiné au *Manuel terrestre* de l'OIE.

7. Finalisation et adoption du projet de rapport

Le Groupe a finalisé et adopté le projet de rapport.

.../Annexes

**GROUPE AD HOC DE L'OIE SUR LE SÉQUENÇAGE À HAUT DÉBIT,
LA BIO-INFORMATIQUE ET LA GÉNOMIQUE COMPUTATIONNELLE (SHD-BGC)**

Siège de l'OIE, Paris, 25–27 novembre 2013

Ordre du jour

1. Ouverture de la réunion
 2. Désignation du président et du rapporteur
 3. Termes de référence pour la réunion du Groupe ad hoc
 4. Résumé des principales recommandations
 5. Examen des termes de référence
 6. Conclusions
 7. Finalisation et adoption du projet de rapport
-

**GROUPE AD HOC DE L'OIE SUR LE SÉQUENÇAGE À HAUT DÉBIT,
LA BIO-INFORMATIQUE ET LA GÉNOMIQUE COMPUTATIONNELLE (SHD-BGC)**

Siège de l'OIE, Paris, 25–27 novembre 2013

Liste des participants

MEMBRES

Professeur Vincenzo Caporale

(Président, Commission des normes biologiques de l'OIE),

Colleaterrato Alto, 64100 Teramo

ITALIE

Tél. : (+39-348) 79.78.711 / (+39-0861) 210.900

v.caporale@oie.int

caporalevincenzo@gmail.com

Docteur Sándor Belak

Swedish University of Agricultural Sciences, Department of Biomedical Sciences and Veterinary Public Health
P.O. Box 7036,
750 07 Uppsala

SUÈDE

Tél. : (+46-18) 67.41.35

Fax : (+46-18) 30.91.62

sandor.belak@slu.se

Docteur Peter Daniels

(Membre, Commission des normes biologiques)

(Rapporteur)

Australian Animal Health Laboratory

PMB 24, Geelong 3220 X

AUSTRALIE

Tél. : (+61-3) 5227.5014

Fax : (+61-3) 5227.5555

peter.daniels@csiro.au

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 Carlos Borroto

Vice-Directeur, Centro de Ingeniería

Genética y Biotecnología

P.O. Box 6162

Av. 31 e/ 158 y 190

Rpto. Cubanacán, Playa

Marianao, La Habana 10600

CUBA

Tél. : (+53-7) 250.42.01

carlos.borroto@cigb.edu.cu

Docteur Jean-Charles Cavitte

(Invité excusé)

Commission européenne, Direction

générale Recherche, Unité E.4 Recherche

en Biotechnologie, Agriculture et Denrées

alimentaires : Agriculture, Sylviculture et

Pêche, SDME 08/17, BE-1049 Bruxelles,

BELGIQUE

Tél. : (+32 [02] 29) 96.796

Fax : (+32[02] 29) 66.608

Jean-Charles.Cavitte@ec.europa.eu

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

Docteure Elisabeth Erlacher-Vindel

Chef par intérim, Service scientifique et

technique de l'OIE (STD)

e.erlacher-vindel@oie.int

Mme Sara Linnane

Secrétaire de rédaction scientifique, STD

s.linnane@oie.int

Mme Barbara Freischem

Chargée de mission, STD

b.freischem@oie.int

**GROUPE AD HOC DE L'OIE SUR LE SÉQUENÇAGE À HAUT DÉBIT,
LA BIO-INFORMATIQUE ET LA GÉNOMIQUE COMPUTATIONNELLE (SHD-BGC)**

Siège de l'OIE, Paris, 25–27 novembre 2013

Termes de référence

Développer une stratégie de l'OIE en tenant compte de :

1. La mondialisation des diagnostics microbiens en santé animale.
2. La possibilité de créer un réseau mondial de Centres de référence de l'OIE afin de parvenir à une approche internationale coordonnée pour la mise en œuvre du SHD-BGC.
3. La coordination de la gestion des données, en particulier le rôle éventuel de l'OIE dans la gestion d'une base de données spécialisée.
4. La nécessité de développer des normes à inclure dans le *Manuel des tests de diagnostic et des vaccins pour les animaux terrestres (Manuel terrestre)* de l'OIE couvrant les aspects suivants des systèmes d'épreuves SHD :
 - 4.1. La portée et les objectifs du SHD-BGC
 - 4.2. Échantillonnage, échantillons et préparation des échantillons
 - 4.3. Plateformes de séquençage disponibles dans le commerce
 - 4.4. Bio-informatique
 - 4.5. Gestion des données
 - 4.6. Validation des systèmes d'épreuves aux fins prévues.
5. La formation, la gestion de la qualité et la diffusion du savoir concernant l'utilisation de ces nouveaux outils.