

Comité technique

TC/55/7 Add. 2

**Cinquante-cinquième session
Genève, 28 et 29 octobre 2019**

**Original : anglais
Date : 21 octobre 2019**

SECOND ADDITIF AUX DOCUMENTS SUR LES TECHNIQUES MOLÉCULAIRES

Document établi par le Bureau de l'Union

Avertissement : le présent document ne représente pas les principes ou les orientations de l'UPOV

RÉSUMÉ

1. L'objet du présent second additif est de rendre compte des faits nouveaux survenus dans le domaine de l'utilisation des techniques biochimiques et moléculaires dans le cadre de l'examen DHS à la trente-septième session du Groupe de travail technique sur les systèmes d'automatisation et les programmes d'ordinateur (TWC) et à la dix-huitième session du Groupe de travail sur les techniques biochimiques et moléculaires, notamment les profils d'ADN (BMT).

2. Le présent document est structuré comme suit :

RÉSUMÉ 1

COOPERATION ENTRE ORGANISATIONS INTERNATIONALES 1

 Inventaire, par plante, de l'utilisation des techniques faisant intervenir des marqueurs moléculaires 1

 Listes d'initiatives conjointes possibles avec l'OCDE et l'ISTA dans le domaine des techniques moléculaires 2

 Document commun présentant les particularités des systèmes de l'OCDE, de l'UPOV et de l'ISTA 2

RÉUNION DESTINÉE À FAVORISER LA COOPÉRATION DANS L'UTILISATION DES TECHNIQUES MOLÉCULAIRES 7

EXAMEN DU DOCUMENT UPOV/INF/17 "DIRECTIVES CONCERNANT LES PROFILS D'ADN : CHOIX DES MARQUEURS MOLÉCULAIRES ET CONSTRUCTION D'UNE BASE DE DONNÉES Y RELATIVE ("DIRECTIVES BMT")" 12

COOPERATION ENTRE ORGANISATIONS INTERNATIONALES

Inventaire, par plante, de l'utilisation des techniques faisant intervenir des marqueurs moléculaires

3. Le Groupe de travail technique sur les systèmes d'automatisation et les programmes d'ordinateur (TWC), à sa trente-septième session tenue à Hangzhou (Chine) du 14 au 16 octobre 2019, et le BMT, à sa dix-huitième session, ont examiné les éléments ci-après, établis en concertation avec l'OCDE, relatifs à l'inventaire, par plante, de l'utilisation des techniques faisant intervenir des marqueurs moléculaires, indiqués au paragraphe 81 du document TWP/3/7 "Molecular techniques" et au paragraphe 25 du document BMT/18/4 :

Pays ou organisation intergouvernementale utilisant des techniques faisant intervenir des marqueurs moléculaires
Source [nom de l'administration] et coordonnées [adresse électronique]
Type de technique faisant intervenir des marqueurs moléculaires
Plantes pour lesquelles la technique faisant intervenir des marqueurs moléculaires est utilisée [noms botaniques et codes UPOV à indiquer]
Objet de l'utilisation de la technique moléculaire [modèle de l'UPOV "Marqueurs moléculaires propres aux caractères", modèle de l'UPOV "Combinaison de distances phénotypiques et moléculaires pour gérer des collections de variétés", pureté, identité, vérification d'hybridité]
La technique faisant intervenir des marqueurs moléculaires a-t-elle été utilisée dans le cadre de la certification des semences au cours des deux dernières années? [certification nationale, certification de l'OCDE] [pertinent pour les systèmes des semences de l'OCDE]

Au cours des deux dernières années, combien de fois l'administration a-t-elle utilisé la technique faisant intervenir des marqueurs moléculaires?
La technique faisant intervenir des marqueurs moléculaires est prévue par [les principes directeurs d'examen de l'UPOV, les documents TGP de l'UPOV, d'autres documents (veuillez préciser)]
La technique moléculaire est-elle validée? [Si oui, veuillez indiquer une organisation ou une administration particulière] [pertinent pour les systèmes des semences de l'OCDE]

4. Le TWC a approuvé les éléments ci-dessus pour l'inventaire, par plante, de l'utilisation des techniques faisant intervenir des marqueurs moléculaires (voir le paragraphe 80 du document TWC/37/12 "Report").
5. Le BMT est convenu que l'enquête devrait présenter les réponses de façon structurée de sorte que les résultats puissent être comparés. Par exemple, la question "Type de technique faisant intervenir des marqueurs moléculaires", devrait être accompagnée d'une liste de réponses possibles (voir les paragraphes 25 à 31 du document BMT/18/21 "Report").
6. Le BMT est convenu de proposer d'ajouter la question initiale ci-après : "Votre administration utilise-t-elle des techniques faisant intervenir des marqueurs moléculaires?"
7. Le BMT a convenu avec le TWA que la question "La technique moléculaire est-elle validée?" ne devrait pas figurer dans l'enquête.
8. Le BMT est convenu que l'enquête devrait permettre de fournir des informations sur l'utilisation de plusieurs techniques faisant intervenir des marqueurs moléculaires par plante (structure arborescente au niveau de la plante).
9. Le BMT est convenu avec le TWA que la question "Au cours des deux dernières années, combien de fois l'administration a-t-elle utilisé la technique faisant intervenir des marqueurs moléculaires?" devait préciser si la valeur fournie désigne une utilisation habituelle ou une utilisation exceptionnelle de la technique (par exemple pour la sélection de collections de variétés). Le BMT est convenu que cette question devrait être accompagnée de réponses structurées sous forme de fourchettes de valeurs (p. ex. "1 à 5"; "6 à 20"; "21 à 100").
10. Le BMT a fait sienne la proposition formulée par le TWA tendant à ajouter une question pour déterminer si les personnes ayant répondu avaient créé des bases de données avec des informations obtenues à partir des marqueurs moléculaires utilisés.
11. Le BMT est convenu qu'une enquête d'essai devrait être envisagée avant d'inviter les membres à y répondre.

Listes d'initiatives conjointes possibles avec l'OCDE et l'ISTA dans le domaine des techniques moléculaires

12. En réponse à la demande tendant à élaborer des listes d'initiatives conjointes possibles avec l'OCDE et l'ISTA dans le domaine des techniques moléculaires, le BMT, à sa dix-huitième session, est convenu d'organiser à nouveau des ateliers conjoints avec l'ISTA et l'OCDE à l'avenir. Le BMT est convenu de proposer que chaque organisation informe les autres organisations de l'utilisation, dans ses travaux, de techniques faisant intervenir des marqueurs moléculaires (voir le paragraphe 34 du document BMT/18/21 "Report").

Document commun présentant les particularités des systèmes de l'OCDE, de l'UPOV et de l'ISTA

13. À sa dix-huitième session tenue à Hangzhou (Chine) du 16 au 18 octobre 2019, le BMT a examiné le document BMT/18/4 "Cooperation between International Organizations" et est convenu que les éléments pertinents ci-après, tirés du Partenariat mondial sur les semences et de la réponse à la question fréquemment posée sur l'utilisation des techniques moléculaires dans le cadre de l'examen DHS, reproduits ci-dessous, constitueraient une base appropriée à partir de laquelle le Bureau international pourrait, en concertation avec l'OCDE, élaborer un projet de document commun présentant les particularités des systèmes de l'OCDE, de l'UPOV et de l'ISTA (voir les paragraphes 22 et 23 du document BMT/18/21 "Report").

Éléments pertinents tirés du Partenariat mondial sur les semences

Qu'est-ce que le Partenariat mondial sur les semences?

Le Partenariat mondial sur les semences regroupe des organisations internationales qui collaborent étroitement sur les systèmes semenciers pour une agriculture durable. On trouvera ci-après de brefs résumés ainsi que des profils détaillés des organisations qui participent à ce partenariat.

Organisation de coopération et de développement économiques (OCDE)

Type d'organisation
intergouvernementale

Systèmes de semences de l'OCDE
pays participants

Mission

Les systèmes de semences de l'OCDE fournissent un cadre international pour la certification des semences agricoles commercialisées. Les programmes ont été créés en 1958 en raison de plusieurs facteurs, dont un commerce des semences en forte croissance, une harmonisation de la réglementation en Europe, le développement de la production hors saison, la sélection des semences et le potentiel de production des grands pays exportateurs d'Amérique (Nord et Sud) et d'Europe et le soutien du secteur privé. L'adhésion aux programmes est volontaire et la participation varie. Il existe huit systèmes de semences agricoles.

Objectifs

- Encourager la production et l'utilisation de semences "de qualité garantie" dans les pays participants. Les systèmes autorisent l'utilisation d'étiquettes et de certificats pour les semences produites et transformées à des fins de commerce international conformément à des principes convenus garantissant l'identité et la pureté variétales.
- Faciliter l'importation et l'exportation de semences en supprimant les obstacles techniques au commerce et en assurant l'identification et l'origine par le biais d'étiquettes ("passeports") internationalement reconnues pour le commerce. Les systèmes établissent également des lignes directrices pour la multiplication des semences à l'étranger, ainsi que pour la délégation de certaines activités de contrôle au secteur privé ("autorisation"). La quantité de semences certifiées dans le cadre des systèmes de l'OCDE a augmenté rapidement ces dernières années et dépasse désormais le million de tonnes.

Comment fonctionnent les systèmes de semences de l'OCDE?

Le succès de la certification internationale dépend de la coopération étroite entre les conservateurs, les producteurs de semences, les négociants et l'administration désignée (désignée par le gouvernement) dans chaque pays participant. Des réunions fréquentes permettent un dialogue multipartite pour échanger des informations, discuter d'études de cas, réviser les règles et mettre à jour les systèmes. Un large éventail d'organisations internationales et d'organisations non gouvernementales, ainsi que des réseaux de l'industrie semencière, participent activement à ces systèmes.

Quels sont les avantages qu'offrent ces systèmes?

- Faciliter le commerce international en utilisant des procédures de certification harmonisées, des techniques d'inspection des cultures et l'utilisation de parcelles témoins. Les normes de pureté variétale pour les espèces appropriées sont également approuvées et normalisées par tous les États membres.
- Fournir un cadre pour développer la production de semences avec d'autres pays ou entreprises.
- Participer à l'élaboration de règles internationales pour la certification des semences.
- Renforcer la collaboration entre les secteurs public et privé.
- Bénéficier d'échanges réguliers d'informations avec d'autres organismes nationaux de certification et organisations observatrices.

La liste annuelle des variétés remplissant les conditions requises pour bénéficier de la certification de l'OCDE comprend les variétés qui sont officiellement reconnues comme étant distinctes, homogènes et stables et qui ont une valeur acceptable dans un ou plusieurs pays participants. Cette liste contient les variétés de semences commercialisées au niveau international au moyen des systèmes de semences de l'OCDE. Le nombre de variétés n'a cessé d'augmenter au cours de ces trente dernières années.

Union internationale pour la protection des obtentions végétales (UPOV)

Type d'organisation
intergouvernementale

Membres

Liste des membres de l'UPOV/Situation de l'UPOV

Qu'est-ce que l'UPOV?

L'Union internationale pour la protection des obtentions végétales (UPOV) est une organisation intergouvernementale qui a son siège à Genève (Suisse). L'UPOV a été créée en 1961 par la Convention internationale pour la protection des obtentions végétales (ci-après dénommée "Convention UPOV").

La mission de l'UPOV consiste à mettre en place et à promouvoir un système efficace de protection des variétés végétales afin d'encourager l'obtention de variétés, dans l'intérêt de tous.

La Convention UPOV fournit la base aux membres de l'Union pour encourager l'amélioration des plantes en octroyant aux obtenteurs de nouvelles variétés végétales un droit de propriété intellectuelle : le droit d'obteneur.

Que fait l'UPOV?

L'UPOV a pour mission de mettre en place et promouvoir un système efficace de protection des variétés végétales afin d'encourager l'obtention de variétés dans l'intérêt de tous. Conformément à la Convention UPOV, l'Union a pour principaux objectifs :

- de mettre en place et de perfectionner la base juridique, administrative et technique d'une coopération internationale en matière de protection des obtentions végétales;
- d'aider les États et les organisations à établir des lois et mettre en œuvre un système efficace de protection des variétés végétales; et
- de faire mieux connaître le système UPOV de protection des variétés végétales auprès du public.

Quels sont les avantages découlant de la protection des obtentions végétales et de l'adhésion à l'UPOV?

Le rapport de l'UPOV sur l'impact de la protection des obtentions végétales a clairement démontré que, pour tirer pleinement parti des avantages de la protection des obtentions végétales, il est important à la fois de mettre en œuvre la Convention UPOV et d'être membre de l'Union. Il a été estimé que la mise en place du système de protection des obtentions végétales de l'UPOV et l'adhésion à l'Union ont pour effet :

- a) de renforcer les activités d'amélioration des plantes;
- b) de donner accès à des variétés améliorées;
- c) d'augmenter le nombre de nouvelles variétés;
- d) de contribuer à la diversification des types d'obteneurs (particuliers, chercheurs);
- e) d'augmenter le nombre de nouvelles variétés étrangères;
- f) d'encourager une nouvelle compétitivité des entreprises sur les marchés étrangers; et
- g) de favoriser l'accès aux variétés végétales étrangères et d'améliorer les programmes de sélection nationaux.

Le Conseil de l'UPOV doit rendre un avis sur la conformité avec les dispositions de la Convention UPOV de la législation de tout État souhaitant devenir membre de l'Union. En elle-même, cette procédure permet d'harmoniser ces textes, ce qui facilite la coopération entre les membres dans le cadre de la mise en œuvre du système.

Association internationale d'essais de semences (ISTA)

Type d'organisation
Association à but non lucratif et apolitique

Profil de l'ISTA

L'ISTA est une association internationale qui représente les organisations et les laboratoires chargés de l'échantillonnage des semences et des essais de contrôle de la qualité des semences à l'échelle mondiale.

Membres de l'ISTA

Liste des membres de l'ISTA

Mission

Fondée en 1924, l'ISTA a pour objectif premier de développer et de publier des procédures standard dans le domaine des essais de semences. Les membres de l'ISTA œuvrent ensemble à l'harmonisation des procédures d'évaluation de la qualité des semences à l'échelle mondiale.

Tâches principales

1. Élaboration et mise à jour des règles internationales de l'ISTA pour les essais de semences
Les règles internationales de l'ISTA pour les essais de semences (règles de l'ISTA), adoptées et mises à jour chaque année, portent aujourd'hui sur les méthodes d'échantillonnage et d'analyse de la qualité des semences pour plus de 900 espèces agricoles, forestières, végétales et florales différentes. Les règles de l'ISTA sont révisées et mises à jour chaque année par 18 comités techniques. Ces comités techniques sont composés de scientifiques et de techniciens des secteurs public et privé du monde entier.
2. Accréditation des laboratoires chargés des essais de semences dans le monde entier
Le programme d'accréditation de l'ISTA garantit que les laboratoires chargés des essais de semences obtiennent des résultats précis et reproductibles dans leur travail quotidien d'analyse. La base du programme d'accréditation est la norme d'accréditation de l'ISTA. Tous les trois ans, un laboratoire accrédité fait l'objet d'un audit de la part de deux vérificateurs de l'ISTA. La surveillance du fonctionnement des laboratoires au moyen du programme d'essais de l'ISTA garantit que la qualité des laboratoires accrédités par l'ISTA demeure élevée entre les vérifications. Chaque année, cinq à 10 ateliers, animés par les comités techniques, assurent la formation et le développement professionnels des analystes de semences.
3. Délivrance de certificats relatifs aux résultats des essais de semences pour faciliter le commerce de semences à l'échelle internationale
Seuls les laboratoires agréés par l'ISTA sont autorisés à délivrer des certificats de l'ISTA pour l'analyse des semences. Les certificats de l'ISTA fournissent à l'utilisateur un résultat d'analyse de semence qu'il peut considérer comme reproductible et authentique. Le certificat international de lot de semences indique la qualité du lot de semences à partir duquel l'échantillon analysé a été prélevé.
4. Échange et diffusion des résultats de la recherche scientifique dans divers colloques, séminaires et revues scientifiques sur les semences
L'ISTA sert de plateforme pour les scientifiques semenciers du monde entier, où ils peuvent comparer les résultats de leurs recherches et discuter des faits nouveaux importants dans le domaine des sciences et des technologies semencières, à la fois dans le cadre de colloques sur les semences organisés régulièrement et de la revue scientifique Seed Science and Technology.

International Seed Federation (ISF)

Qu'est-ce que l'ISF?

L'ISF est une organisation non gouvernementale à but non lucratif qui représente les intérêts des associations nationales de semenciers et des entreprises semencières au niveau mondial. Fondée en 1924, l'ISF compte aujourd'hui plus de 7500 membres dans 70 pays. L'ISF, en travaillant en partenariat avec les organisations qui administrent les traités, les conventions et les accords internationaux ainsi que les organisations qui élaborent les politiques ayant une incidence sur l'industrie semencière, permet aux différents acteurs de l'industrie semencière de parler d'une seule voix.

Vision et mission

- Vision : "Un monde où les semences de la meilleure qualité sont accessibles à tous, favorisant ainsi une agriculture durable et la sécurité alimentaire."
- Mission : "Créer le meilleur environnement pour le mouvement mondial des semences et promouvoir la sélection végétale et l'innovation dans le domaine des semences."

Objectifs

Les objectifs stratégiques de l'ISF sont énoncés dans son plan stratégique quinquennal et se rapportent à ses principaux domaines d'activité.

1. Innovation

S'orienter vers des politiques plus cohérentes pour les produits élaborés à l'aide des méthodes de sélection végétale les plus récentes afin de permettre leur utilisation et d'assurer un commerce ininterrompu.

2. Circulation des semences et semences de qualité

- Promouvoir l'harmonisation des cadres techniques et scientifiques justifiés pour les mesures phytosanitaires et éviter qu'ils ne deviennent des barrières commerciales non tarifaires.
- Promouvoir l'harmonisation des réglementations régissant les techniques appliquées aux semences aux niveaux mondial et régional.
- Promouvoir l'utilisation de systèmes de certification des semences et de systèmes d'assurance de la qualité des semences.

3. Droits de propriété intellectuelle

- Faciliter la coopération entre les pays afin de simplifier les procédures de protection des obtentions végétales au niveau international.
- Aider les membres à mettre en œuvre des droits de propriété intellectuelle efficaces dans leur pays.
- Promouvoir le Traité international en tant qu'outil privilégié pour l'administration des ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture, en axant les efforts sur les entreprises et sur la convivialité.

4. Biodiversité

- Promouvoir le Traité international en tant qu'outil privilégié pour l'administration des ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture, en axant les efforts sur les entreprises et sur la convivialité.

5. Engagement

- S'engager avec les membres pour renforcer la coopération afin que l'industrie semencière parle d'une seule voix.
- S'engager avec toutes les parties prenantes de la chaîne de valeur pour favoriser la coopération.
- Faire mieux connaître et comprendre le fonctionnement de l'industrie semencière et les avantages qu'elle apporte à la société au niveau mondial.

Que fait l'ISF?

- L'ISF facilite la libre circulation des semences dans le cadre d'une réglementation juste, fondée sur la science, tout en servant les intérêts des agriculteurs, des producteurs, de l'industrie et des consommateurs.
- L'ISF promeut la mise en place d'un système de protection des droits de propriété intellectuelle pour les semences les variétés végétales et les techniques associées.
- L'ISF publie des règles relatives au commerce des semences et à la concession de licences techniques afin de clarifier et de normaliser les relations contractuelles entre acheteurs et vendeurs à l'échelle internationale.
- L'ISF prévoit le règlement des litiges par la médiation, la conciliation et l'arbitrage.
- L'ISF encourage la coopération et la collaboration dans le cadre de son calendrier de manifestations, permettant ainsi aux acteurs de l'industrie semencière d'identifier les problèmes, de stimuler la réflexion stratégique et d'accélérer l'adoption de positions communes.
- L'ISF travaille en partenariat avec les organisations qui administrent les traités, les conventions et les accords internationaux ainsi que les organisations qui élaborent les politiques ayant une incidence sur l'industrie semencière à l'échelle mondiale.

Source : <http://www.worldseedpartnership.org/>

Question fréquemment posée concernant l'utilisation de techniques moléculaires dans l'examen DHS

L'UPOV autorise-t-elle l'utilisation de techniques moléculaires (profils d'ADN) dans le cadre de l'examen DHS?

Il importe de noter que, dans certains cas, les variétés peuvent avoir un profil d'ADN différent tout en étant phénotypiquement identiques; dans d'autres cas, des variétés ayant une grande différence phénotypique peuvent présenter le même profil d'ADN pour un ensemble particulier de marqueurs moléculaires (dans le cas de certaines mutations, par exemple).

Dans le cas de marqueurs moléculaires qui ne sont pas liés à des différences phénotypiques, le problème est qu'il peut s'avérer possible d'utiliser un nombre illimité de marqueurs pour trouver des différences entre les variétés au niveau génétique, des différences qui n'apparaissent pas dans les caractères phénotypiques.

Compte tenu de ces observations, l'UPOV est convenue d'utiliser les marqueurs moléculaires dans les conditions suivantes aux fins de l'examen DHS :

- a) Les marqueurs moléculaires peuvent être utilisés pour examiner les caractères DHS qui répondent aux critères des caractères tels qu'ils sont indiqués dans l'Introduction générale s'il existe une corrélation fiable entre le marqueur et le caractère.
- b) Une combinaison de différences phénotypiques et de distances moléculaires peut être utilisée pour améliorer la sélection de variétés qu'il y a lieu de comparer dans l'essai de culture si les distances moléculaires sont suffisamment liées aux différences phénotypiques, et si la méthode

ne crée pas un risque accru de ne pas sélectionner une variété figurant dans la collection de variétés qu'il faut comparer aux variétés candidates dans l'essai de culture aux fins de l'examen DHS.

La position de l'UPOV est exposée dans les documents TGP/15 "Conseils en ce qui concerne l'utilisation des marqueurs biochimiques et moléculaires dans l'examen de la distinction, de l'homogénéité et de la stabilité (DHS)" et UPOV/INF/18 "Utilisation possible des marqueurs moléculaires dans l'examen de la distinction, de l'homogénéité et de la stabilité (DHS)".

<https://www.upov.int/about/fr/faq.html#QB80>

RÉUNION DESTINÉE À FAVORISER LA COOPÉRATION DANS L'UTILISATION DES TECHNIQUES MOLÉCULAIRES

Faits nouveaux intervenus à la trente-septième session du Groupe de travail technique sur les systèmes d'automatisation et les programmes d'ordinateur

14. À sa trente-septième session, le TWC a examiné le document TWP/3/7 "*Molecular Techniques*" et a constitué des groupes de discussion afin que les participants puissent échanger des informations sur leurs travaux concernant les techniques biochimiques et moléculaires et étudier les domaines de coopération possibles. Les informations ci-après ont été fournies par les participants du TWC (voir les paragraphes 73 et 92 du document TWC/37/12 "*Report*").

Synthèse des plantes et des services utilisant actuellement des techniques biochimiques et moléculaires

Argentine	Soja
Brésil	<i>Eucalyptus</i> , soja
Chine	Brocoli, chou-fleur, chou chinois, aubergine, laitue, maïs, poivron, riz, rosier, sorgho, fraiser, noyer, blé, arbres fruitiers, plantes ornementales, soja, cotonnier et 29 autres plantes
Danemark	Orge, avoine, seigle, blé, graminées fourragères
Fédération de Russie	Maïs, pomme de terre, soja, tournesol, blé
France	Maïs, colza oléagineux
Italie	Soja, riz
Japon	Riz, thé vert, fraiser, poirier japonais, haricot, cerisier doux, pommier, laitue
Pays-Bas	Haricot, <i>Phalaenopsis</i> , pomme de terre, rosier, tomate
République de Corée	Chou chinois, cornichon, laitue, melon, poivron, potiron, radis, riz, tomate
Royaume-Uni	Orge, pomme de terre, colza oléagineux
Union européenne	Laitue, maïs, pomme de terre, blé, légumes, orge, tournesol

Synthèse de l'utilisation qui est faite actuellement des techniques biochimiques et moléculaires

<u>Utilisation :</u>
Gestion des collections de variétés et sélection de variétés voisines
Validation de la stérilité mâle et de la résistance aux maladies
Validation d'échantillons DHS/VCU
Identification des variétés
Recherche
Sélection
<u>Techniques :</u>
ALFP (NL)
CAPS (JP)
MNP (CN)
OSR-SSR (FR)
PRG-SNP (NL)
RAPID – STS (JP)
SSR (BR, CN, DK, GB, IT, JP, KR, NL, QZ)
SNP (AR, CN, FR, DK, GB, NL, QZ)

Synthèse des bases de données sur les marqueurs moléculaires, par plante

Argentine	Soja (en cours d'élaboration)
Chine	Pommier, cotonnier, maïs (recherche), poivron, riz, rosier, sorgho, soja, noyer, blé, arbres fruitiers
Danemark	Orge, blé, graminées fourragères
France	Maïs
Italie	Soja
Pays-Bas	Haricot, <i>Phalaenopsis</i> , pomme de terre
Royaume-Uni	Recherche
Union européenne	Pomme de terre

Faits nouveaux survenus à la dix-huitième session du Groupe de travail sur les techniques biochimiques et moléculaires, notamment les profils d'ADN

15. À sa dix-huitième session, le BMT a examiné le document BMT/18/5 "Session to facilitate cooperation" et a constitué des groupes de discussion afin que les participants puissent échanger des informations sur leurs travaux concernant les techniques biochimiques et moléculaires et étudier les domaines de coopération possibles. Les informations ci-après ont été fournies par les participants (voir les paragraphes 38 et 41 du document BMT/18/21 "Report").

Maïs et soja

Résumé des plantes présentant un intérêt

Maïs	Allemagne, Chine, Fédération de Russie, Kenya, ISTA, SAA
Soja	Argentine, Brésil, Chine, ISTA

Plans de coopération

- L'Argentine va publier un ensemble de 4004 marqueurs SNP pour la gestion des collections de variétés de soja et va informer le Brésil et les États-Unis d'Amérique pour qu'ils testent le pouvoir de discrimination de cet ensemble.
- Le Brésil va examiner avec l'association des obtenteurs brésiliens la proposition relative à l'utilisation des marqueurs moléculaires dans le cadre de l'examen DHS du soja (analogue à l'étude entreprise en Argentine).
- La Chine va mettre à disposition la nouvelle puce SNP 6H-60 K pour le maïs pour qu'elle puisse être testée.

Synthèse de l'utilisation qui est faite actuellement des techniques biochimiques et moléculaires

Allemagne : isoenzymes pour la gestion des collections de variétés et l'examen DHS (maïs)
Chine : puce SNP 6H-60 K pour le maïs pour l'examen des variétés essentiellement dérivées; protocole d'identification des variétés de maïs et de soja; création d'une base de données et sélection de variétés voisines; protocole général d'identification des variétés par SSR
Argentine : SNP pour la gestion des collections de variétés et l'identification des variétés
Brésil : SSR pour l'identification des variétés
SAA : similarité génétique des variétés de soja
ISTA : électrophorèse, protéines de graines, SSR (règles de l'ISTA, chapitre 8)

Propositions relatives à la confidentialité et à l'accès aux données

- Les données relatives à l'empreinte d'ADN doivent être traitées de manière confidentielle;
- les données relatives à l'identification des variétés utilisant un nombre restreint de marqueurs SNP pourraient être mises à la disposition du public;
- l'obteneur devrait donner son consentement avant que des informations relatives à l'ADN soient partagées;
- les obtenteurs devraient être informés de la publication de l'identification de variétés au moyen de SNP;
- les informations relatives à la lignée parentale devraient être traitées de manière confidentielle.

Autres plantes agricoles

Résumé des plantes présentant un intérêt

Blé	Allemagne, Argentine, Chine, Estonie, Italie, Royaume-Uni, ISTA
<i>Cannabis sativa</i>	Estonie, Italie, Pays-Bas, Royaume-Uni
Cotonnier	Argentine, ISTA
Orge	Allemagne, Argentine, Estonie, Italie, Royaume-Uni, ISTA
Patate douce	Royaume-Uni
Pomme de terre	Allemagne, Estonie, Fédération de Russie, Pays-Bas, Royaume-Uni
Ray-grass anglais	Allemagne, Nouvelle-Zélande, Pays-Bas, Royaume-Uni
Riz	Argentine, Chine, Italie, Japon, ISTA
Tournesol	Fédération de Russie

Plans de coopération

- Ray-grass : la Belgique, les Pays-Bas et la République tchèque vont partager des informations sur leurs travaux et leurs projets.
- Colza oléagineux : l'Allemagne, la France, l'OCVV et le Royaume-Uni vont élaborer un ensemble de marqueurs moléculaires pour la gestion des collections de variétés.
- Les pays participant à INVITE et INNOVAR (10 plantes) vont élaborer des marqueurs pour l'examen des variétés végétales.
- L'Argentine va contacter les participants du BMT au sujet de certains ensembles de marqueurs pour le blé, le cotonnier, l'orge et le riz.

Synthèse de l'utilisation qui est faite actuellement des techniques biochimiques et moléculaires

Pays-Bas et Royaume-Uni : SNP pour la gestion des collections de variétés
Chine : puce SNP 90K pour le blé; élaboration d'une norme d'essai pour SSR pour le blé; création d'une base de données pour les variétés de blé; marqueurs SSR pour la sélection de variétés voisines et la pureté des variétés
Allemagne : électrophorèse pour l'orge, le blé et l'avoine, le ray-grass, la pomme de terre pour l'examen DHS
Italie : électrophorèse pour le maïs, le tournesol, le blé, l'orge pour l'examen DHS et l'identification des variétés; SSR pour l'hybridité des variétés pour le riz et l'identification des variétés
Japon : marqueurs RAPD-STs pour les affaires d'atteinte aux droits concernant le haricot et le riz
Fédération de Russie : SSR pour l'identification pour le tournesol et la pomme de terre.

Royaume-Uni : électrophorèse pour l'orge, le blé et l'avoine, le ray-grass pour l'examen DHS; SSR et SNP pour la validation des échantillons et l'identification des variétés
ISTA : maïs, blé et soja : SSR et électrophorèse; orge : SSR; autres plantes : électrophorèse

Propositions relatives à la confidentialité et à l'accès aux données

Les participants du groupe de discussion sur les autres plantes agricoles ont approuvé les propositions faites par le groupe de discussion concernant le maïs et le soja.

Plantes potagères

Résumé des plantes présentant un intérêt

Aubergine	Italie
Chou	Chine, République de Corée
Chou chinois	Chine, République de Corée
Concombre	Chine, Pays-Bas, République de Corée
Courgette	Italie
Échalote	Pays-Bas
Haricot	Pays-Bas
Laitue	Australie, Italie, Pays-Bas, République de Corée
Melon	Chine, Pays-Bas, République de Corée
Melon oriental	République de Corée
Oignon	Italie, Pays-Bas
Pastèque	Chine, Italie, République de Corée
Pois	Pays-Bas, Royaume-Uni
Poivron	Chine, Italie, Pays-Bas, République de Corée
Pâtisson	République de Corée
Radis	République de Corée
Tomate	Chine, France, Italie, Japon, Pays-Bas, République de Corée

Synthèse de l'utilisation qui est faite actuellement des techniques biochimiques et moléculaires

<u>Utilisation :</u>
Recherche (NL)
Modèle 1 TGP/15 (JP, NL, FR)
Exemple de haricot (NL)
Identification des variétés (CN, IT, NL)
<u>Techniques :</u>
AFLP (NL)
Analyse de fragments par électrophorèse capillaire (IT)
MNP (CN)
SNP (NL, CN, IT)
SSR (CN, IT)
Taqman (NL)
Séquençage de génome entier/GBS (CN, NL)

Propositions relatives à la confidentialité et à l'accès aux données

Le groupe de discussion sur les plantes potagères est convenu de proposer d'inviter les obtenteurs, les organisations observatrices et les autres participants à présenter des exposés sur les questions relatives à la propriété à l'occasion de la journée des obtenteurs, durant la dix-neuvième session du BMT.

Plantes ornementales

Résumé des plantes présentant un intérêt

<i>Bougainvillea</i>	Chine
<i>Camellia</i>	Chine
<i>Chrysanthemum</i>	Chine, Pays-Bas
<i>Gypsophila</i>	Pays-Bas
<i>Helleborus</i>	Pays-Bas
<i>Hibiscus</i>	Chine
<i>Hydrangea</i>	France
<i>Lilium</i>	Chine
<i>Phalaenopsis</i>	Pays-Bas
Rosier	Chine, Pays-Bas, CIOPORA
Pivoine arbustive	Chine

Plans de coopération

- Rosier : la Chine, les Pays-Bas et la CIOPORA vont examiner une méthode pour valider un ensemble de marqueurs moléculaires entre plusieurs laboratoires.
- Chrysanthème, pivoine arbustive, rosier : la Chine examine les possibilités de coopération concernant l'élaboration de marqueurs moléculaires avec d'autres membres de l'UPOV.

Synthèse de l'utilisation qui est faite actuellement des techniques biochimiques et moléculaires

<u>Utilisation :</u>
Identification des variétés (CN)
Recherche (CN, FR)
<u>Techniques :</u>
SSR (CN, FR)
SNP (CN)

Propositions relatives à la confidentialité et à l'accès aux données

- Élaborer un modèle d'accord avec les obtenteurs concernant l'utilisation des données moléculaires. Ce modèle devrait inclure une exigence relative à la description de l'utilisation prévue des données.

Plantes fruitières et arbres forestiers

Résumé des plantes présentant un intérêt

Agrumes	Chine, Espagne, Italie
Baie de goji	Chine
Fraisier	Espagne, Hongrie, Italie
Kaki	Espagne, République de Corée
Noyer	Chine
Pêcher	Espagne, Hongrie, Italie

Plans de coopération

Agrumes – en cours d'examen	L'Espagne va proposer un plan de coopération avec l'Italie
Fraisier – en cours d'examen	Hongrie, Italie
Kaki	Espagne, République de Corée
Pêcher	Hongrie, Italie

Synthèse de l'utilisation qui est faite actuellement des techniques biochimiques et moléculaires

Australie : utilisation possible de microsattellites dans certaines affaires d'application des droits.
Chine : marqueurs SSR pour l'identification de variétés de pommier, de jujube, d'agrumes, d'abricotier, de baie de goji et de frêne
Espagne : SSR pour l'identification des variétés; utilisation de SNP pour la recherche, y compris l'examen DHS.
Japon : examen de l'utilisation de SSR pour le raisin et de CAPS pour les agrumes.
République de Corée : SSR pour le pommier, le pêcher, le raisin, le poirier et le kaki.
Union européenne : collaboration sur les marqueurs épigénétiques pour le pommier;

Propositions relatives à la confidentialité et à l'accès aux données

La Nouvelle-Zélande a énoncé sa position sur la mise à disposition et sur l'utilisation du matériel végétal, y compris les données moléculaires. Par exemple, les données moléculaires seraient fournies uniquement sur autorisation de l'obteneur.

EXAMEN DU DOCUMENT UPOV/INF/17 "DIRECTIVES CONCERNANT LES PROFILS D'ADN : CHOIX DES MARQUEURS MOLÉCULAIRES ET CONSTRUCTION D'UNE BASE DE DONNÉES Y RELATIVE ('DIRECTIVES BMT')"

16. À sa dix-huitième session, le BMT a examiné les documents BMT/18/10 "Review of document UPOV/INF/17 "Guidelines for DNA-Profiling : Molecular Marker Selection and Database Construction ('BMT Guidelines)'" et UPOV/INF/17/2 Draft 2 "Guidelines for DNA-Profiling : Molecular marker selection and database construction ('BMT Guidelines)'" , comme base pour la révision du document UPOV/INF/17 "Directives concernant les profils d'ADN : choix des marqueurs moléculaires et construction d'une base de données y relative ('Directives BMT')", et est convenu d'apporter les modifications ci-après au document UPOV/INF/17/1 (voir les paragraphes 43 à 68 du document BMT/18/21 "Report").

Section A. Introduction

17. Le BMT est convenu de modifier le texte de l'introduction comme suit :

"Le présent document (Directives BMT) contient des directives en vue de l'élaboration sur des principes de méthodes harmonisées harmonisés relatifs à l'utilisation de marqueurs moléculaires qui serviront à produire des données moléculaires de haute qualité destinées à diverses applications. Seuls les marqueurs moléculaires d'ADN sont examinés dans le présent document.

"Les Directives BMT ont également pour but de permettre l'élaboration de bases de données contenant des profils moléculaires de variétés végétales, qui peuvent être produits dans différents laboratoires à l'aide de diverses techniques. En outre, l'objectif est de définir des exigences élevées en ce qui concerne la qualité des marqueurs et l'intérêt de générer des données reproductibles à l'aide de ces marqueurs dans des situations où le matériel ou les réactifs chimiques peuvent varier. Des précautions particulières doivent être prises pour assurer la qualité des données saisies dans la base de données."

Section B. Principes généraux

18. Le BMT est convenu d'ajouter le texte ci-après à la section B :

"Aux fins de l'établissement du profil d'ADN d'une variété végétale, un ensemble de marqueurs moléculaires et une méthode de détection des marqueurs sont requis. Deux ensembles distincts de marqueurs moléculaires détectés au moyen d'une même méthode donneront deux profils d'ADN distincts pour une variété donnée. En revanche, deux méthodes distinctes pour détecter les allèles spécifiques d'un marqueur moléculaire donné sont censées donner des profils d'ADN identiques. La normalisation de la méthode de détection et de la technologie n'est pas requise, dès lors que les résultats remplissent les critères de qualité et que les profils d'ADN résultants sont cohérents. Quelle que soit la technologie utilisée pour détecter les ensembles de marqueurs définis, le génotype d'une variété particulière ne devrait pas être affecté.

"Les ensembles de marqueurs moléculaires, les méthodes de détection de marqueurs et le processus ultérieur d'élaboration de bases de données peuvent être divisés en cinq phases distinctes :

1. Sélection des marqueurs moléculaires
2. Sélection de la méthode de détection
3. Validation et harmonisation de la méthode de détection
4. Construction de la base de données
5. Échange des données

“Le présent document décrit ces différentes phases de façon plus détaillée. Dans le présent document, il est considéré que ces phases sont indépendantes du stade de développement des technologies pour l'établissement de descriptions de génotypes et des améliorations futures en matière de séquençage à haut débit.”

19. Le BMT est convenu que la phase 5 “Échange des données” devrait être clarifiée dans le texte proposé.

Section 1. Sélection de la méthode à appliquer aux marqueurs moléculaires

20. Le BMT est convenu de supprimer la section 1 actuelle du document UPOV/INF/17/1.

Nouvelle section 1.1 Ensembles de variétés pour le processus de sélection

21. Le BMT est convenu d'ajouter une nouvelle section 1.1 “Ensembles de variétés pour le processus de sélection” libellée comme suit :

“Pour les profils d'ADN des variétés végétales et la construction de bases de données, les marqueurs moléculaires devraient être sélectionnés en fonction de l'objectif à atteindre. Pour débiter le processus de sélection des marqueurs, un nombre approprié de variétés (ensemble de développement) est nécessaire pour refléter la diversité observée au sein du groupe, de la plante, de l'espèce ou du type pour lequel les marqueurs doivent avoir un pouvoir de discrimination. Une nouvelle sélection est réalisée à partir des profils de variétés supplémentaires (ensemble de validation) pour mesurer la performance des marqueurs. Les critères pour le choix de l'ensemble de validation peuvent être :

- a) variétés ou lignées génétiquement très proches, NIL, RIL
- b) lignées parentales et descendance
- c) variétés génétiquement proches mais morphologiquement distinctes (p. ex. mutants)
- d) certaines variétés morphologiquement proches avec des généalogies différentes
- e) différents lots d'une même variété
- f) différentes origines de la même variété”

Nouvelle section 1.2 Marqueurs moléculaires – considérations relatives aux performances

22. Le BMT est convenu de modifier la nouvelle section 1.2 comme suit :

“Les critères généraux suivants utilisés pour ~~le choix d sélectionner~~ un marqueur spécifique ou ~~d'un ensemble~~ de marqueurs s'appliquent ~~aux marqueurs moléculaires~~ quelle que soit leur utilisation, même si certaines utilisations particulières peuvent imposer l'application de ~~critères/considérations~~ supplémentaires :

- a) ~~le niveau nécessaire de polymorphisme; le nombre de marqueurs devrait être équilibré par rapport à la précision du génotype requise pour atteindre l'objectif. Le nombre de marqueurs pour atteindre la résolution ou le pouvoir de discrimination requis dépend du type de marqueur (dominant/co-dominant; bi-/multi-allélique), de l'espèce et de la qualité de la performance du marqueur;~~
- b) la répétabilité au sein d'un laboratoire, ~~et~~ la reproductibilité ~~et la robustesse~~ d'un laboratoire à l'autre en terme de notation des données;
- c) ~~la répartition connue des marqueurs dans l'ensemble du génome (c'est-à-dire, la cartographie), information qui, bien que non indispensable, est utile pour éviter de choisir des marqueurs qui pourraient être liés. La couverture du génome et du déséquilibre de liaison devrait refléter les objectifs. Connaître la position physique ou génétique des marques sélectionnés sur le génome n'est pas indispensable, mais permet un bon choix des marqueurs; et~~
- d) sources possibles de marqueurs moléculaires
 - Marqueurs moléculaires tirés de ressources publiques
 - Marqueurs moléculaires tirés de ressources non publiques, présélection et sélection de puces et de matrices spécifiques d'une espèce disponibles dans le commerce.
 - Marqueurs moléculaires sélectionnés à partir de données relatives à la séquence nouvellement générées;
- e) éviter, dans la mesure du possible, des marqueurs avec des allèles “null” (c'est-à-dire des allèles dont l'effet se manifeste par une absence de produit PCR au niveau moléculaire), ce qui, à nouveau, n'est pas indispensable, mais conseillé;

f) permettre une notation aisée, objective et indiscutable des profils de marqueurs. Ces marqueurs performants sont préférables aux profils de marqueurs complexes qui sont délicats en termes d'interprétation. Des réponses claires et tranchées permettent également de faciliter l'harmonisation;

g) les marqueurs codominants sont généralement préférables aux marqueurs dominants du fait de leur pouvoir de discrimination plus élevé;

h) la durabilité du marqueur. Lorsqu'un marqueur est situé dans une région génomique qui n'est pas l'objet d'une sélection par les obtenteurs, il y a plus de chances que le marqueur fournisse des informations de façon durable;

i) les marqueurs peuvent être situés dans des régions codantes ou dans des régions non codantes; et

j) l'utilisation de marqueurs moléculaires est spécifique d'une espèce et devrait tenir compte des particularités de reproduction ou de multiplication de l'espèce."

Section 2.2 Critères applicables à certains types de marqueurs moléculaires

23. Le BMT est convenu de supprimer la section 2.2 actuelle du document UPOV/INF/17/1.

Nouvelle section 2.1 Méthodes relatives aux profils d'ADN – critères généraux

24. Le BMT est convenu d'ajouter une nouvelle section 2.1 dans la nouvelle section 2 "Choix de la méthode de détection", libellée comme suit :

"2.1 Méthodes relatives aux profils d'ADN – critères généraux

"2.1.1 Les critères ci-après sont importants dans la sélection des méthodes relatives aux profils d'ADN pour générer des données moléculaires de qualité :

- a) reproductibilité de la production de données entre laboratoires et plateformes de détection (différents types de matériel);
- b) possibilité de répétition dans le temps;
- c) pouvoir de discrimination de la méthode;
- d) temps et main d'œuvre requis;
- e) robustesse des performances dans le temps et les conditions (sensibilité aux changements subtils du protocole ou des conditions);
- f) flexibilité de la méthode, possibilité de faire varier le nombre d'échantillons ou le nombre de marqueurs;
- g) l'interprétation des données produites est indépendante du matériel;
- h) durabilité des bases de données;
- i) accessibilité de la méthode;
- j) indépendante d'un appareil spécifique, d'une composition chimique spécifique, d'un fournisseur spécifique, de partenaires spécifiques ou de produits spécifiques;
- k) possibilité d'automatisation;
- l) possibilité de multiplexage; et
- m) rentabilité; équilibre des coûts, du nombre d'échantillons et du nombre de marqueurs."

Nouvelle section 3. Validation et harmonisation d'un ensemble de marqueurs et d'une méthode de détection

25. Le BMT est convenu d'ajouter une nouvelle section 3, libellée comme suit :

"3.1 Validation et harmonisation – principes généraux

Le choix des marqueurs moléculaires et la description des méthodes de détection sont basés sur les performances : les marqueurs et les méthodes doivent être robustes et donner lieu à des profils d'ADN cohérents. Les performances des marqueurs moléculaires et des méthodes utilisées pour l'établissement de descriptions de génotypes est évaluée dans un processus de validation. Dans le cas de bases de données partagées, la cohérence des profils d'ADN dans les différents laboratoires est évaluée dans le processus d'harmonisation à l'aide de différents matériels et compositions chimiques. L'utilisation de marqueurs et de méthodes validés aboutira à des résultats harmonisés.

“3.2 *Considérations relatives aux performances – validation des marqueurs et des méthodes*

Il est nécessaire de déterminer dans quelle mesure l'ensemble de marqueurs sélectionné convient. Sa précision devrait être mesurée. Pour déterminer la pertinence d'une méthode et de l'ensemble de marqueurs d'ADN, plusieurs éléments doivent être pris en considération :

- a) pouvoir de discrimination/pouvoir informatif;
- b) possibilité de répétition;
- c) reproductibilité;
- d) robustesse; et
- e) taux d'erreur.

“3.3 *Considérations relatives à la cohérence – harmonisation des marqueurs et des méthodes entre les différents laboratoires dans le cas d'une base de données partagée – test d'étalonnage*

- a) Utiliser une collection de variétés définie représentant un large éventail d'allèles comme référence dans tous les laboratoires pour vérifier la cohérence entre les laboratoires
- b) Échantillons doubles, sous-échantillons, plantes individuelles d'une variété pour vérifier la cohérence des profils d'ADN et estimer le taux d'erreur entre les laboratoires
- c) Accords sur la notation des données moléculaires. La nécessité de mettre au point un protocole de notation des allèles/bandes entre les laboratoires dépend du type de marqueur utilisé (essentiel pour les SSR mais moins important pour les marqueurs SNP. Le protocole pourrait permettre de déterminer comment noter les éléments suivants :
 - i. allèles rares (c'est-à-dire allèles à locus spécifique apparaissant dans une population à une fréquence inférieure à un seuil convenu (habituellement 5 à 10%);
 - ii. allèles à fréquence nulle (un allèle dont l'effet consiste en l'absence d'un produit PCR à l'échelle moléculaire);
 - iii. bandes “faibles” (c'est-à-dire des bandes dont l'intensité est inférieure à un seuil de détection convenu, fixé soit empiriquement, soit automatiquement, et dont la notation peut être mise en question);
 - iv. données manquantes (c'est-à-dire tout locus pour lequel aucune donnée n'est enregistrée, pour quelque raison que ce soit, dans une ou plusieurs variétés);
 - v. bandes monomorphes ou notations d'allèles non informatives (allèles/bandes apparaissant dans chaque variété analysée, c'est-à-dire qui ne sont pas monomorphes dans une collection particulière de variétés).”

26. Le BMT est convenu que la France, les Pays-Bas et l'Union européenne devraient élaborer, sous forme de notes de bas de page, des définitions relatives à la terminologie employée dans la nouvelle section 3.2.

Section 5. Normalisation des protocoles analytiques

27. Le BMT est convenu de supprimer la section 5.

Nouvelle section 4. Construction d'une base de données spécifique d'une plante

28. Le BMT est convenu d'ajouter une nouvelle section 4, libellée comme suit :

“Les données qui sont stockées dans une base de données et la façon dont elles sont stockées doivent fournir des indications sur le processus de production des données. Par conséquent, la construction d'une base de données devrait tenir compte des différents niveaux de traitement des données (c.-à-d. données brutes, données séquentielles, etc.). La base de données devrait contenir : 1) les résultats finaux, p. ex. le profil d'ADN ainsi que des indications sur la façon dont il a été établi, avec 2) une description de la méthode employée par le laboratoire et 3) les étapes de calcul pour établir un profil d'ADN.”

Nouvelle section 4.1

29. Le BMT est convenu d'ajouter une nouvelle section 4.1, libellée comme suit :

“4.1 Recommandations pour la conception d'une base de données

Dans la conception de bases de données, il convient de tenir compte des éléments suivants :

- a) L'architecture de la base de données devrait être flexible, par exemple permettre de stocker à la fois des fichiers plats et des fichiers d'archives compressés.
- b) Doit contenir différents tableaux. Des tableaux et des entrées distincts sont nécessaires pour le travail expérimental en laboratoire, le traitement des données et la notation des allèles.
- c) Doit permettre de stocker des informations à différents niveaux (notations des allèles/façon dont les notations des allèles sont désignées (règles ou règles d'interprétation derrière une décision)/(liens) vers les données brutes (fichiers tiff, fichiers bam, fichiers générés par le matériel qui produisent les données qui sont les données qui étaient utilisées pour la notation des allèles et l'interprétation).
- d) Pour les données de séquençage, des fichiers de détection des variants au format VCF ou BCF correspondant à la version standard 4.2 ou à une version supérieure. Les entrées d'en-tête doivent contenir le nom et la version des différents scripts utilisés pour la cartographie des lectures, le filtrage des lectures, la détection des variants et le filtrage des variants, de sorte qu'un bioinformaticien puisse répéter l'analyse.
- e) Dans le cas d'échantillons répétés, une entrée de génotype peut être calculée et stockée au cas où les profils d'ADN des répétitions correspondent. Dans le cas de répétitions ne correspondant pas, l'enregistrement doit être marqué ou filtré, le cas échéant. Les règles appliquées dans ces cas doivent être documentées dans un référentiel de codes accessible au public, avec des références du fichier de détection des variants. Des fréquences pourraient également être utilisées pour des variétés hétérogènes.
- f) Validation des données VCF et BCF par rapport aux exigences pertinentes.
- g) Données faciles à partager, (p. ex. API).”

Nouvelle section 4.2

30. Le BMT est convenu de modifier la nouvelle section 4.2 “Conditions requises concernant le matériel végétal” comme suit :

“4.2 Conditions requises concernant le matériel végétal

“La source et le type de matériel ainsi que le nombre d'échantillons à analyser, stocker et partager dans la base de données sont les questions essentielles à se poser en ce qui concerne le matériel à analyser.

“4.2.1 Source du matériel végétal

“Le matériel végétal à analyser doit être un échantillon authentique et représentatif de la variété et, lorsque c'est possible, être obtenu à partir de l'échantillon de la variété utilisé pour l'examen aux fins de l'octroi des droits d'obtenteur et de l'enregistrement officiel. L'utilisation d'échantillons du matériel remis pour l'examen aux fins des droits d'obtenants ou de l'enregistrement officiel devra faire l'objet, selon le cas, d'une autorisation de l'autorité compétente, de l'obtenteur ou du conservateur. Les plantes sur lesquelles les échantillons sont prélevés devraient pouvoir être retrouvées dans le cas où il apparaîtrait par la suite que certaines d'entre elles ne sont pas représentatives de la variété.

“4.2.2 Type de matériel végétal

“Le type de matériel végétal à échantillonner et la procédure d'échantillonnage à suivre en vue de l'extraction d'ADN dépendront, dans une large mesure, de l'espèce végétale concernée. Ainsi, dans le cas des variétés reproduites par voie sexuée, la semence peut servir de source d'ADN, alors que, dans le cas des variétés multipliées par voie végétative, l'ADN peut être extrait à partir des feuilles. Quelle que soit la source du matériel végétal, la méthode d'échantillonnage et d'extraction de l'ADN devrait être normalisée et référencée. En outre, il conviendra de vérifier que les méthodes d'échantillonnage et d'extraction permettent d'obtenir des résultats d'analyse ADN stables.

4.2.3 Taille et type de l'échantillon (échantillons globaux ou individuels)

"Il est essentiel que les échantillons prélevés pour l'analyse soient représentatifs de la variété et bien documentés. En ce qui concerne la représentativité de la variété, il convient de prendre en considération les particularités de la reproduction ou multiplication de la variété (voir l'Introduction générale). La taille de l'échantillon doit être déterminée conformément à des procédures statistiques appropriées.

4.2.4 Échantillon d'ADN de référence

"Il est recommandé d'établir, conformément aux sections 4.1 à 4.3, uUne collection d'échantillons d'ADN de référence peut être établie à partir du matériel végétal échantillonné. Cela a pour avantage de permettre de stocker les échantillons d'ADN de référence et de les transmettre à d'autres laboratoires. La méthode d'échantillonnage devrait suivre les procédures recommandées et l'extraction d'ADN devrait répondre à certains critères de qualité. Tous deux doivent être documentés.

"Les échantillons d'ADN doivent être conservés dans des conditions empêchant leur dégradation (p. ex. stockage à -80°C). Le transfert d'échantillons d'ADN de référence est décrit dans la section 1 du document TGP/5."

Nouvelle section 4.3 Traitements des données relatives aux séquences

31. Le BMT est convenu d'ajouter une nouvelle section 4.3 "Traitement des données relatives aux séquences", libellée comme suit :

"Un journal détaillé du pipeline de traitement de données pourrait indiquer :

- a) le type et les versions des outils;
- b) la ligne de commande utilisée pour l'outil, y compris les seuils;
- c) reproductibilité (comptage);
- d) possibilités de partage des données et processus;
- e) les données d'alignement brutes (fichiers BAM ou CRAM) devraient être stockées si possible;
- f) un fichier VCF par variété doit être présent, les fichiers VCF multiéchantillons ne conviennent pas;
- g) si des fichiers VCF sont stockés, toutes les positions (variants et non variants) et leur profondeur devraient être stockées;
- h) des approches à la foi heuristiques et probabilistes devraient être envisagées et comparées pour les méthodes de détection;
- i) les bases de données devraient faciliter l'entrée et la sortie de données de détection des variants dans un format normalisé (VCF ou BCF);
- j) le pipeline de traitement des données devrait aboutir à un fichier journal détaillé qui devrait être stocké conjointement avec les données de détection des variants;
- k) si possible, les données brutes devraient être stockées de sorte que le traitement des données puisse être répété avec de nouveaux outils ou avec des outils mis à jour; et
- l) la valeur p ou l'incertitude pour un allèle donné devrait être stockée."

Nouvelle section 4.4 Type de base de données

32. Le BMT est convenu de modifier la nouvelle section 4.4 "Type de base de données" comme suit :

"Il existe de nombreux moyens de stockage des données moléculaires. C'est pourquoi il importe que la structure de la base de données soit élaborée de façon à s'appliquer à toutes les utilisations prévues des données. Pour les données moléculaires obtenues par séquençage de nouvelle génération (NGS), la norme VCFv4.2 peut être utilisée pour les fichiers de détection des variants."

Nouvelle section 4.5 Modèle de base de données

33. Le BMT est convenu de modifier le libellé de la nouvelle section 4.5 "Modèle de base de données" comme suit :

"Le modèle de base de données devrait être défini par des experts en bases de données informatiques, en liaison avec les utilisateurs. Chaque modèle devrait contenir au minimum six objets principaux : espèce, variété, technique méthode de détection de marqueur Error! Bookmark not defined., marqueur, locus et allèle. Pour les variants obtenus à partir de données de séquençage, les fichiers VCF peuvent être stockés dans une base de données relationnelle ou non-SQL. Dans ce cas, chaque enregistrement dans la base de données concernant un variant comprend une version de génome, un chromosome, une position et un allèle de référence."

Nouvelle section 4.6.1

34. Le BMT est convenu de modifier la nouvelle section 4.6.1 comme suit :

4.6.1 Dans une base de données, chacun des objets devient un tableau à l'intérieur duquel des champs sont définis. Par exemple :

- a) Code technique/marqueur Type de marqueur : indique le code ou le nom de la technique ou le type de marqueur utilisé, p. ex. SSR, SNP, etc.
- b) Position de génome de référence/Code locus : De préférence, une version d'assemblage de génome, un chromosome et une position devraient être fournis si un génome de référence est disponible pour l'espèce concernée, p. ex. SL2.50ch05:63309763 pour la tomate *Solanum lycopersicum*, version d'assemblage 2.50, en position 63309763 sur le chromosome 5. Si aucun génome de référence n'est disponible ou que l'emplacement est inconnu, indique le nom ou le code du locus pour les espèces concernées peut être utilisé, p. ex. *gwm 148*, *A2*, etc.
- c) Code allèle Génotype : pour les profils SNP, la composition allélique du SNP ou du MNP devrait être donnée, p. ex. A/T ou A/A. Pour les autres techniques, le génotype indique le nom ou le code de l'allèle d'un locus donné, pour les espèces concernées, p. ex. 1, 123, etc.
- d) Profondeurs de l'allèle/Valeur des données : Pour les SNP obtenus à partir de données de séquençage de nouvelle génération, la profondeur de la couverture des allèles devrait être indiquée (p. ex. 10/20 pour un allèle A/T, A étant couvert par 10 lectures et T par 20). Autrement, elle indique une valeur de données pour l'échantillon sur un locus-allèle déterminé, p. ex. 0 (absence), 1 (présence), 0,25 (fréquence), etc.
- e) Variété : dénomination de la variété ou référence de l'obteneur : la variété est l'objet pour lequel les données sont obtenues. Groupe Type de variété : p. ex. lignée endogame ou hybride
- f) Espèce : l'espèce est indiquée par le nom botanique ou le nom commun national, qui peut également renvoyer au type de variété (p. ex. utilisation, type hivernal/printanier, etc.). L'utilisation du code UPOV pourrait éviter les problèmes liés aux synonymes et serait avantageuse du point de vue de la coordination."

Section 6.

35. Le BMT est convenu de supprimer les sections 6.4, 6.5, 6.6, 6.7 et 6.8.

36. Le BMT est convenu que le texte de la section 6.6 "Accès aux données et propriété des données" devrait être rétabli.

Nouvelle section 5. Échange de données

37. Le BMT est convenu que les phrases générales de la nouvelle section 5 devraient être conservées dans le document principal et que le texte concernant les détails techniques dans cette section devrait être placé dans l'annexe d'un nouveau projet de document.

38. Le BMT est convenu que les méthodes de transfert de données devraient être mentionnées dans un nouveau projet de document. La Chine est invitée à soumettre un projet de document sur les méthodes de transfert de données assorti d'exemples à la France, aux Pays-Bas et à l'Union européenne.

Résumé

39. Le BMT est convenu de modifier le résumé comme suit :

"Un journal détaillé du pipeline de traitement de données pourrait indiquer :

"On trouvera ci-après un résumé de la méthode qu'il est recommandé de suivre en vue de l'obtention de profils d'ADN de qualité des variétés, y compris du choix et de l'utilisation des marqueurs moléculaires aux fins de et de l'élaboration la construction de bases de données moléculaires centrales partagées et durables des profils ADN des variétés (c'est-à-dire de bases de données pouvant être alimentées à l'avenir par des données provenant de plusieurs sources, indépendamment de la technique utilisée).

- a) choisir une méthode plante par plante;
- b) déterminer les types et les sources de marqueurs acceptables;
- c) déterminer les plateformes et l'équipement de détection acceptables;
- d) convenir des laboratoires qui participeront à l'essai;

- e) se mettre d'accord sur les questions de qualité (~~voir la section 5.2~~);
- f) vérifier la source du matériel végétal utilisé (~~voir la section 4~~);
- g) déterminer les marqueurs à utiliser lors de la phase préliminaire d'évaluation en commun, qui doit impliquer plusieurs laboratoires et des équipements de détection différents (~~voir la section 2~~);
- h) réaliser une évaluation (~~voir la section 5.3~~);
- i) mettre au point un protocole de notation des données moléculaires (~~voir la section 5.4~~);
- j) convenir de l'ensemble matériel/référence végétal(e) à analyser; et de la (des) source(s);
- k) analyser la collection de variétés retenue, dans différents laboratoires et au moyen d'équipements de détection différents, en utilisant des échantillons doubles et échangeant les échantillons/extraits d'ADN en cas de problème;
- l) utiliser dans toutes les analyses des variétés/échantillons d'ADN/allèles de référence;
- m) vérifier toutes les étapes (y compris la saisie des données) – automatiser les opérations au maximum;
- n) mener un essai "en aveugle" dans différents laboratoires à l'aide de la base de données;
- o) adopter les procédures relatives à l'adjonction de nouvelles données.

GLOSSAIRE

40. Le BMT est convenu de supprimer le glossaire.

Nouvelle section C LISTE DES SIGLES ET ACRONYMES

41. Le BMT est convenu d'ajouter la liste des sigles et acronymes ci-après :

"BAM	Binary Alignment Map
BCF	Binary Call Format
CRAM	Compressed Reference-oriented Alignment Map
MNP	Multiple Nucleotide Polymorphism
NIL	Near Isogenic Line
RIL	Recombinant Inbred Line
SAM	Sequence Alignment Map
SNP	Single Nucleotide Polymorphism
TIFF	Tagged Image File Format
VCF	Variant Call Format"

42. Le BMT est convenu de proposer au TC que la France, les Pays-Bas et l'Union européenne établissent un nouveau projet de document INF/17 pour examen à la dix-neuvième session du BMT (voir le paragraphe 69 du document BMT/18/21 "Report").

[Fin du document]