



Projet ODIN – Tanzanie

**Co-organisateurs : Laboratoire national de santé publique (NPHL) et
Institut national de recherche médicale (NIMR)**

RAPPORT

Titre de l'atelier :

**Renforcement des capacités de séquençage de nouvelle génération pour
la surveillance des agents pathogènes d'origine hydrique et des menaces
émergentes dans les eaux usées en Tanzanie**

Dates : du 21 au 29 juillet 2025

Lieux :

Formation en génomique et bio-informatique en laboratoire humide :
Laboratoire national de santé publique (NPHL), Mabibo, Dar es Salaam

Institutions co-organisatrices : Laboratoire national de santé publique
(NPHL) et Institut national de recherche médicale (NIMR), Tanga





Contexte

L'accès à l'eau potable reste un défi majeur en matière de santé publique dans les pays à revenu faible et intermédiaire (PRFI). Les sources d'eau contaminées contribuent de manière significative au fardeau mondial des maladies d'origine hydrique, entraînant environ 1,7 million de décès et une morbidité généralisée chaque année. En Afrique subsaharienne, les épidémies récurrentes de choléra et d'autres maladies diarrhéiques causées par des agents pathogènes tels que *Vibrio cholerae*, *E. coli* et d'autres agents pathogènes émergents sont fréquentes et aggravées par un assainissement inadéquat, le changement climatique et la fragilité des systèmes de santé.

En outre, l'émergence et la propagation de la résistance aux antimicrobiens (RAM) chez les agents pathogènes d'origine hydrique constituent une menace croissante pour l'efficacité des traitements et la lutte contre les maladies, alimentées par des facteurs tels que la gestion inadéquate de l'assainissement et les résidus d'antibiotiques dans les eaux usées. Le consortium ODIN vise à relever ces défis.

Le projet ODIN est mis en œuvre en Tanzanie par l'Institut national de recherche médicale (NIMR) et le Laboratoire national de santé publique (NPHL-Tanzanie), en collaboration avec des partenaires internationaux d'Europe et d'Afrique.

Le projet vise à renforcer les capacités nationales de surveillance génomique en développant l'expertise locale grâce à des formations ciblées sur le séquençage de nouvelle génération (NGS) et la bio-informatique. Cela permet aux scientifiques tanzaniens d'améliorer la détection précoce, la surveillance et la réponse aux épidémies de maladies d'origine hydrique et aux menaces de résistance aux antimicrobiens, tout en tenant compte des effets du changement climatique sur l'émergence et la transmission des agents pathogènes dans le contexte de One Health.

Cette initiative soutient directement la réalisation de l'objectif de développement durable n° 6 (eau propre et assainissement) et favorise la résilience des systèmes de santé, contribuant ainsi à la réalisation des ODD interdépendants liés à la santé (ODD 3), à l'action climatique (ODD 13) et à la réduction de la pauvreté (ODD 1) en Tanzanie.

Le consortium ODIN est financé par l'Union européenne dans le cadre du Partenariat mondial pour la santé (EDCTP3) au titre de la convention de subvention n° 101103253 (DOI : 10.3030/101103253).





Objectif général

Renforcer les capacités nationales de la Tanzanie en matière de préparation et de réponse aux épidémies en donnant aux scientifiques locaux les moyens d'agir grâce à une formation pratique aux technologies de séquençage de nouvelle génération (NGS) et à l'analyse bioinformatique pour la surveillance génomique des agents pathogènes d'origine hydrique dans les eaux usées.

Objectifs spécifiques

- i. Former les scientifiques de laboratoire aux processus théoriques et pratiques de séquençage sur toutes les plateformes disponibles.
- ii. Renforcer les connaissances en techniques moléculaires telles que le traitement des échantillons, l'extraction d'ADN/ARN et la préparation de bibliothèques.
- iii. Développer les capacités techniques en matière d'assemblage génomique de base, d'analyse des variants, d'identification des gènes de résistance aux antimicrobiens (RAM) et de phylogénétique.

Modules de formation

Formation en génomique au laboratoire humide

Dates: 21-24 juillet 2025 | **Lieu:** NPHL Mabibo

Thèmes abordés :

- I. Aperçu des flux de travail NGS complets, des avancées technologiques et des considérations relatives à la conception expérimentale
- II. Extraction d'ADN à partir d'isolats d'eaux usées, synthèse d'ADNc pour les agents pathogènes à ARN
- III. Préparation de la bibliothèque (tagmentation, amplification, nettoyage)
- IV. Quantification de l'ADN à l'aide de Qubit et NanoDrop
- V. Regroupement, normalisation et dénaturation des échantillons
- VI. Chargement du Flow cell et fonctionnement du séquenceur (MiSeq)
- VII. Dépannage et maintenance en temps réel



Formation en bio-informatique (laboratoire sec)

Thèmes abordés:

- VIII. Introduction à Linux et aux interfaces en ligne de commande
 - IX. Formats de données (FASTQ, FASTA, SAM/BAM, VCF)
 - X. Contrôle qualité (FastQC, MultiQC), rognage (FastP, Trimmomatic) et alignement (BWA, Bowtie2)
 - XI. Pipelines d'assemblage du génome bactérien (spades)
 - XII. Annotation fonctionnelle (SnpEff, Prokka)
 - XIII. Détection des gènes de résistance aux antimicrobiens et de virulence, typage multilocus (MLST) (outil abricate, ResFinder, CARD)
 - XIV. Introduction aux pipelines automatisés pour l'analyse (bactopia)
-

Résultats de la formation

- a) Amélioration de la capacité des laboratoires locaux à effectuer une surveillance génomique de nouvelle génération des agents pathogènes d'origine hydrique et des menaces émergentes.
 - b) Renforcement de la capacité à détecter, analyser et signaler les agents pathogènes émergents et la résistance aux antimicrobiens à partir d'échantillons d'eaux usées.
 - c) Renforcement de la préparation régionale aux épidémies de maladies d'origine hydrique et aux menaces émergentes grâce à des outils de détection précoce.
 - d) Les participants ont acquis des compétences dans l'utilisation du système d'exploitation Linux et dans l'exécution de tâches bioinformatiques à partir de la ligne de commande.
 - e) Acquisition de compétences dans l'utilisation d'outils bioinformatiques pour l'analyse des données de séquençage génomique générées à partir d'isolats bactériens.
 - f) Traitement, analyse et interprétation des données de séquençage bactérien.
-

Participants ciblés

La formation s'adressait aux scientifiques de laboratoire, aux génomiciens et aux biologistes moléculaires, aux professionnels biomédicaux, aux microbiologistes et aux bioinformaticiens des organismes suivants:

Laboratoire national de santé publique (NPHL)





Institut national de recherche médicale (NIMR)





Coordination et facilitateurs

1. Ambele Eliah Mwfulango (Directeur, NPHL)
 2. Athuman Masesa (NPHL)
 3. Vito Baraka (NIMR Tanga)
 4. Eric Lyimo (NIMR Tanga)
 5. Jackson Peter Claver (NPHL)
 6. Dennis Mrosso Kado (NPHL)
 7. Edna Ereneus Mgimba (NPHL)
 8. Lawrence Amon Mapunda (NPHL)
 9. Monica Fredrick Francis (NPHL)
 10. Zulfa Nzali (ScieX)
-

Stagiaires

11. Felician Paschal Mgassa (NPHL)
 12. Ramadhani Libenanga (NPHL)
 13. Hamisi Swalehe (NPHL)
 14. Modest Chuwa (NPHL)
 15. Steven Mnyawonga (NIMR)
 16. Edward Msoma
 17. Dick Msuha (NIMR)
 18. Renatha Akili (NIMR)
 19. Omega Machange (NPHL)
-

Défis

Manque d'ordinateurs portables dédiés à la formation: les ordinateurs peu performants ont entravé le bon déroulement des pipelines bioinformatiques, retardant les sessions pratiques.

Durée limitée de la formation: la période de 10 jours n'était pas suffisante pour couvrir de manière exhaustive tous les sujets liés au laboratoire humide (NGS) et à la bio-informatique afin d'offrir une pratique adéquate aux stagiaires.

Petit groupe de participants: le nombre de personnes formées reste limité par rapport à la demande nationale croissante en matière d'expertise NGS et bio-informatique.



Recommandations / Perspectives d'avenir

Ordinateurs portables haute performance pour la formation: afin d'améliorer l'efficacité future de la formation, il convient de fournir des ordinateurs portables dédiés dotés d'une capacité de calcul suffisante.

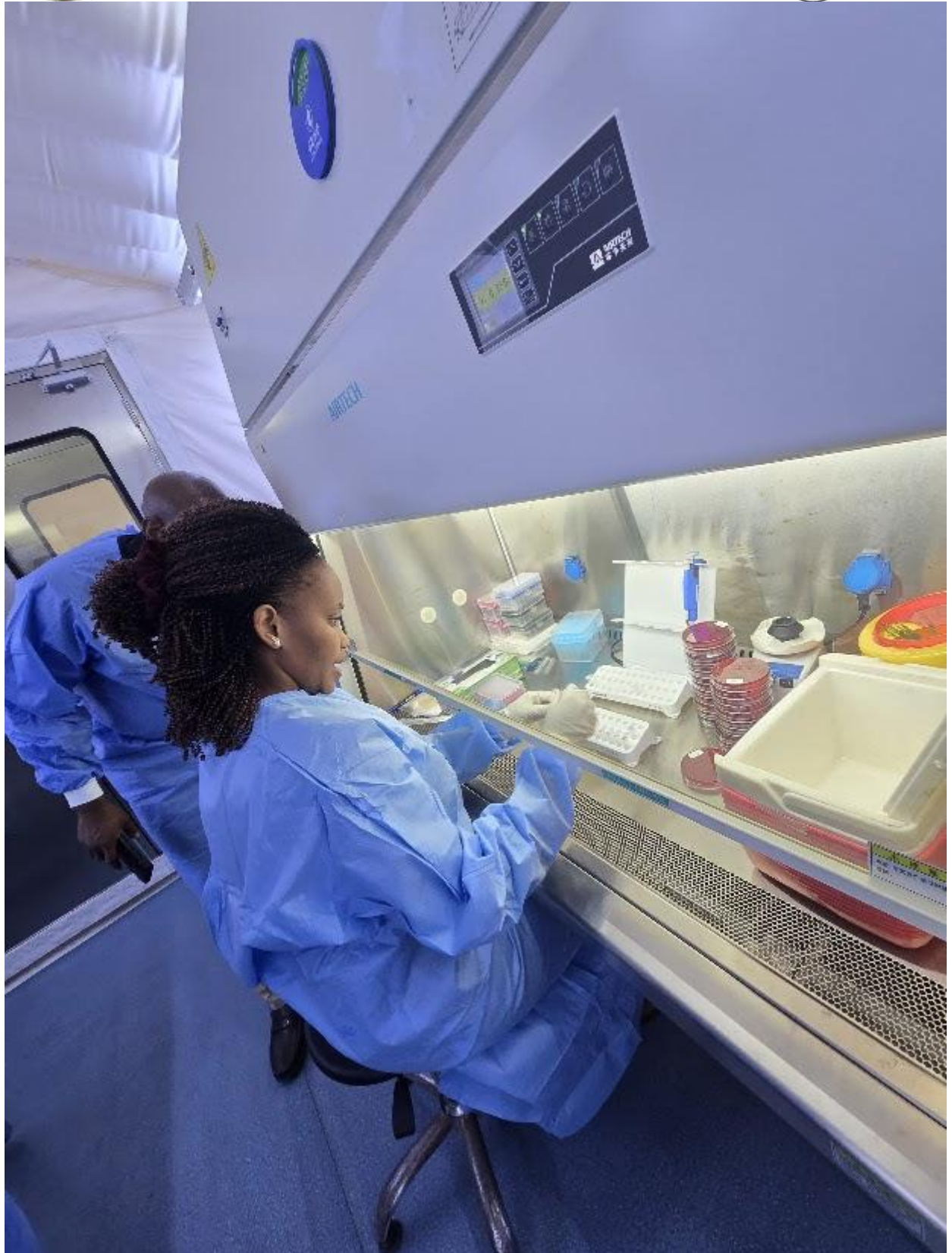
Allongement de la durée de la formation: à l'avenir, les ateliers devraient être prolongés à au moins deux semaines afin de permettre une couverture complète du contenu et une participation pratique.

Photos



Photos de groupe des stagiaires et des animateurs.









Activités au laboratoire humide (formation théorique, extraction d'ADN à partir d'isolats bactériens, quantification, préparation de bibliothèques et séquençage)



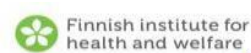


Introduction to Bioinformatics & Next-Generation Sequencing (NGS)

for GENOMICS INCOUNTRY TRAINING FOR WET LAB SEQUENCING AND BIONFORMATICS

21st April – 03rd May 2025
National Public Health Laboratory, Dar-es-Salaam, Tanzania

Monica Fredrick Francis (MSc.)
ToT – Bioinformatics





Sessions de bioinformatique (opérations de base en ligne de commande dans un environnement Linux, contrôle qualité, assemblage du génome, alignement/cartographie, identification des variants, annotation et détection des gènes de résistance aux antimicrobiens (RAM) à l'aide de ResFinder, identification des facteurs de virulence et typage multilocus (MLST))

Conclusion

Cet atelier a joué un rôle essentiel dans l'amélioration du paysage sanitaire public du pays, en renforçant considérablement ses capacités en matière de système d'alerte précoce, de préparation et de réponse, en mettant l'accent sur les épidémies de maladies d'origine hydrique et les menaces sanitaires émergentes telles que la résistance aux antimicrobiens (RAM). Cet atelier, entièrement ancré et soutenu par le projet ODIN, démontre la capacité à mettre en œuvre efficacement le manuel de laboratoire ODIN, dans tous les domaines de la surveillance épidémiologique des eaux usées (WES), depuis le prélèvement d'échantillons jusqu'à l'analyse au laboratoire, en passant par le séquençage NGS et l'analyse bioinformatique de base.



En formant le personnel technique local à des compétences complètes, allant des techniques de laboratoire NGS à la bio-informatique, l'atelier a favorisé des améliorations durables des systèmes nationaux de surveillance et de santé publique. Le renforcement des capacités est essentiel pour mettre en place des systèmes d'alerte précoce (EWS) robustes, capables de réagir aux épidémies, de détecter les agents pathogènes, la résistance aux antimicrobiens (RAM) et les agents pathogènes émergents dans les WES, permettant ainsi des interventions et des réponses rapides en matière de santé publique. L'atelier a eu un impact sur le renforcement des compétences des scientifiques tanzaniens, qui sont désormais parfaitement équipés pour mener une surveillance basée sur les eaux usées ciblant les maladies infectieuses prioritaires (*Vibrio*, *Salmonella*, *E. coli* et les cibles RAM), un facteur essentiel dans la lutte locale, régionale et mondiale contre les épidémies et les agents pathogènes résistants.

Dans les prochaines étapes, le projet ODIN envisage un programme national durable et à long terme d'épidémiologie génomique des eaux usées intégrant une approche multipathogène et « One Health » en Tanzanie. Le programme peut être institutionnalisé au sein du NPHL et de réseaux de laboratoires stratégiques capables d'assurer la surveillance des eaux usées au sein du système de santé national, garantissant ainsi une surveillance continue et une capacité de réponse rapide aux menaces infectieuses et émergentes.

De plus, les experts et scientifiques locaux formés dans le cadre de cet atelier devraient diriger la création d'un centre national de connaissances et d'une communauté de pratique locale. Cette plateforme centralisera les données génomiques issues des eaux usées, permettra l'analyse des données en temps réel et soutiendra la prise de décision fondée sur des preuves afin d'améliorer les systèmes d'alerte précoce (EWS), la préparation aux épidémies et la réponse à celles-ci. L'intégration du WES dans la surveillance de routine, associée aux données cliniques, renforce non seulement la résilience face aux menaces connues et émergentes, mais positionne également le pays comme un centre d'excellence régional en matière de surveillance environnementale, de santé unique et d'innovation dans la région.

Pour consolider ces acquis, la prochaine étape consiste à mettre l'accent sur l'amélioration des pipelines d'analyse de données et de bio-informatique, en particulier pour les données de séquençage du génome entier (WGS) et la métagénomique. En se concentrant sur les pipelines bio-informatiques avancés pour le WGS et la métagénomique dans le cadre d'une approche « One Health », on garantira une utilisation efficace des données, un système de surveillance solide et des réponses proactives et coordonnées en matière de santé publique qui préserveront la sécurité sanitaire tant au niveau local que régional.