



Plateforme d'analyse ABRomics:

Un service pour l'analyse de la résistance microbiennes aux antibiotiques dans un contexte une "seule santé"

Charte des Utilisateurs

10/01/2025

Version 1.0

Portail Web d'ABRomics: www.abromics.fr

Application Web de la PF ABRomics: <https://analysis.abromics.fr/>

Table des matières

Temps forts de la charte des utilisateurs	3
Objectifs de la plateforme ABRomics	4
Qui sont les utilisateurs de la plateforme ABRomics ?	4
Inscription et gestion des comptes utilisateur.trice.s	5
Ouverture d'un compte	5
Fermeture d'un compte	5
Création de projets, dépôts de données et collaborations entre utilisateurs ABRomics	6
Les données biologiques gérées par ABRomics	6
Les données utilisateurs.trice.s	6
Les données issues des pipelines d'analyses de la PF ABRomics	7
Accessibilité des données et confidentialité	8
Statut d'accessibilité de la donnée séquence et des métadonnées associées	8
Ouverture de certaines métadonnées et résultats de méthodes d'analyses	8
Mode de fonctionnement d'ABRomics (services offerts par la PF)	9
Organisation et administration de la plateforme ABRomics	10
Sécurisation des données	10
Sauvegarde des données	10
Confidentialité des données personnelles (RGPD)	10
Responsabilités de la plateforme ABRomics	11
Engagement du déposant de séquences	11
Valorisation scientifique	11

Temps forts de la charte des utilisateurs.trices

ABRomics est une plateforme numérique multi-omiques dédiée au **stockage, au partage et à l'analyse de données** de (méta)génomiques bactériennes pour la recherche et la surveillance sur la résistance aux antibiotiques. Elle est destinée aux chercheurs et aux cliniciens dans les domaines de la santé humaine, animale et de l'environnement. La version v1.0 de la charte porte sur les données génomiques.

La création d'un compte utilisateur.trice suppose d'avoir une adresse e-mél institutionnelle française. En cas de défaut d'une adresse référencée, l'utilisateur doit contacter l'équipe support d'ABRomics: abromics-support@groupes.france-bioinformatique.fr.

Soumission : à l'ouverture de la PF ABRomics début janvier 2025 (version 1.0), les séquences sont soumises au format paillé FASTQ. Dans une prochaine version de la plateforme (v1.x), des soumissions au format FASTA seront possibles sous certaines conditions. À ces fichiers FASTQ sont associés des métadonnées qui correspondent notamment aux données requises pour une soumission dans les entrepôts internationaux (ENA / EMBL et NCBI). Aucune donnée patient n'est demandée. Suite à la vérification de la cohérence des données soumises, les séquences sont automatiquement analysées avec une suite d'outils organisés en un unique pipeline. Les résultats de ces analyses sont stockés dans la base de données et accessibles dans l'interface de visualisation de l'application et sous différents formats.

Notion de projet : les données sont soumises dans le cadre d'un projet qui peut être partagé par différents utilisateurs ayant un compte ABRomics. Le créateur du projet (ou propriétaire) attribue différents niveaux de droits aux membres d'un projet.

Confidentialité des données : après la soumission et la première analyse par défaut, le propriétaire des données peut choisir de les rendre public au sein d'ABRomics (désactivé pour la 1.0) ou de les conserver confidentielles pour une durée d'un an, renouvelable deux fois (3 ans de confidentialité), et dans des cas exceptionnels jusqu'à quatre fois (5 ans de confidentialité). Lorsque les données sont ouvertes au sein d'ABRomics, le propriétaire aura la possibilité de demander leur téléversement à l'ENA (European Nucleotide *Archive*, EMBL) et aux bases de données de typage BigsDB ou Enterobase (non fonctionnel dans la v1 d'ABRomics).

Partage des données : afin de favoriser les interactions entre équipes et d'identifier les liens épidémiologiques, certaines données sur les souches et les résultats d'analyses informatiques sont accessibles à l'ensemble des utilisateurs de la PF ABRomics (cf. section "Accessibilité des données et confidentialité"). Les données de séquence des souches non publiques ne sont pas accessibles. Les données sur les souches interrogeables restent la propriété du propriétaire et ne peuvent être utilisées dans une publication sans son autorisation écrite.

Objectifs de la plateforme ABRomics

ABRomics est une plateforme numérique intersectorielle (One Health), disponible sur le web, hébergée en France, sécurisée et dédiée à l'antibiorésistance (ABR). Elle facilite l'accès aux données (méta)génomiques des maladies infectieuses bactériennes et leurs métadonnées. Le consortium ABRomics est associé à une large communauté de scientifiques, épidémiologistes, et microbiologistes cliniques.

La plateforme répond à trois objectifs principaux :

- Établir un référentiel de données microbiologiques multi-omiques structurées, interopérables, standardisées et bien annotées d'origine humaine, animale et environnementale
- Offrir un ensemble de pipelines d'analyses standards pour le typage et la prédiction de gènes de résistance de souches bactériennes, mais aussi des outils mathématiques et bioinformatiques, qui permettront de répondre aux questions de recherche liées à l'antibiorésistance qui ne pourraient pas être abordées sans une telle plateforme.
- Établir une plateforme partagée pour faciliter la surveillance épidémiologique en ABR en médecine humaine et vétérinaire, mais également dans les isolats environnementaux et alimentaires : ABRomics doit permettre la surveillance de la transmission et des épidémies de bactéries multirésistantes en temps quasi réel, en livrant des résultats qui seront aussi exploitables par les autorités de santé publique. Les procédures de gestion des données FAIR (*Findable, Accessible, Interoperable and Reusable*) permettront des études rétrospectives.

Qui sont les utilisateurs de la plateforme ABRomics ?

- Les microbiologistes qui séquent des souches "naturelles" (*i.e.* non issues d'expériences d'évolution/biologie synthétique), et déposent dans la base de données d'ABRomics des données en relation avec la résistance antimicrobienne (sans distinction humaine, vétérinaire et environnementale), par exemple :
 - Microbiologiste clinique
 - Chercheur(se)
 - Microbiologiste clinique et chercheur(se)
- Epidémiologiste / professionnel de la santé publique souhaitant avoir accès aux données pour la surveillance
- Chercheur(se)s souhaitant avoir accès aux données sans en déposer pour des questions de recherche. Dans ce cas, la publication en accès libre des articles utilisant les données ouvertes en provenance de la plateforme ABRomics doivent explicitement faire référence au projet et à son financement (cf. section "Valorisation scientifique").

Les utilisateurs d'entreprises privées (laboratoires et industriels) souhaitant utiliser la plateforme à des fins d'analyse et/ou d'exploitation de la base de données de la plateforme sont invités à prendre contact avec l'équipe support de la plateforme (abromics-support@groupes.france-bioinformatique.fr).

La soumission de séquences et/ou souches dans le cadre de projets de recherche n'est pas soumise à une procédure de sélection de projets. Dans le cas de projet dont l'espace de stockage et donc les temps de calcul sont conséquents (*i.e.*, projets d'analyse de plusieurs

milliers de génomes ou projets de métagénomique), une étude de faisabilité sera réalisée avec les administrateurs de la PF ABRomics puis la prise en charge du projet sera validée en réunion de pilotage (Steering Committee).

Quels que soient les objectifs de mise en œuvre de la plateforme ABRomics, c'est-à-dire :

- **créer et/ou utiliser des espaces projets spécifiques** dans ABRomics, déposer des séquences et lancer des analyses
- **explorer/télécharger les données publiques et certaines données “ouvertes”** (voir ci-dessous) de la base de données ABRomics-DB, sans déposer de séquences

les utilisateur.trice.s doivent, au préalable, disposer d'un compte personnel sécurisé et avoir accepté la présente charte.

Le portail Web ABRomics (www.abromics.fr) présente une synthèse des données gérées dans ABRomics (sous forme textuelle ou graphique) pour les visiteurs du site qui n'ont pas de compte sécurisé. Par ailleurs, le manuel utilisateur.trice de la PF ABRomics est aussi disponible sur le portail Web : <https://www.abromics.fr/abromics-platform/user-tutorial/>

Cette charte des utilisateurs s'adresse à des personnes physiques qui possèdent un compte sécurisé sur la plateforme ABRomics.

Inscription et gestion des utilisateurs

L'interface Web de l'application ABRomics (en langue Anglaise pour anticiper une ouverture/utilisation future au niveau internationale) est accessible à cette adresse :

<https://analysis.abromics.fr/>

Ouverture d'un compte utilisateur

L'inscription à la PF ABRomics permet à l'utilisateur de renseigner les informations suivantes :

- Nom, Prénom
- e-mél : la valeur saisie doit appartenir à une liste blanche de noms de domaine qui couvre tous les organismes et instituts de recherche français. La demande d'ajout d'un nouveau domaine peut être adressée aux administrateurs de la plateforme
- ORCID (non obligatoire)
- Institution (non obligatoire)
- Mot de passe à créer (12 caractères minimum, au moins 1 majuscule, au moins 1 chiffre et au moins un caractère spécial)

Après validation du formulaire, l'utilisateur reçoit un e-mél l'invitant à activer son compte. L'identifiant sur la PF ABRomics utilise l'e-mél de l'utilisateur. Les comptes informatiques sont nominatifs et ne doivent en aucun cas être cédés à un tiers. Les ressources mises à la disposition d'un utilisateur sont destinées à être utilisées uniquement pour mener à bien son activité professionnelle.

Dans un premier temps, la PF ABRomics est ouverte à des équipes étrangères uniquement dans le cadre de consortium sous l'ombrelle d'un utilisateur d'un organisme de recherche français. L'accès à la PF ABRomics pour des partenaires privés doit passer par une demande explicite qui sera discutée entre les membres du comité de pilotage.

L'utilisateur.trice peut modifier et/ou supprimer à tout moment les informations de son profil, sauf son adresse e-mél. Si son e-mél change, il doit contacter les administrateurs ABRomics pour que la modification soit réalisée.

Fermeture d'un compte utilisateur

- À l'initiative d'un utilisateur, la suppression d'un compte supprime automatiquement les données des *projets privés* dont l'utilisateur est le superviseur (FASTQ, résultats, analyses). Les projets déjà rendus publics sont conservés.
- À l'initiative des administrateurs d'ABRomics, si un compte utilisateur est resté *inactif pendant quatre années civiles*.

Création de projets, dépôts de données et collaborations entre utilisateurs ABRomics

La création d'un compte utilisateur et la signature de la charte des utilisateur.trice.s sont **obligatoires pour créer des projets, déposer des séquences, faire des analyses** dans la PF ABRomics et/ou **explorer les données** de la base ABRomics.

À la création d'un projet au sein de l'interface web de l'application ABRomics, **l'utilisateur devient automatiquement superviseur** de cet espace projet. Il peut alors :

- déposer des données de séquences (méta)génomiques (et/ou MAGs), privées ou publiques,
- déposer les fichiers de métadonnées en utilisant le référentiel de métadonnées d'ABRomics (génomique et métagénomique)
- lancer les workflows d'analyses d'ABRomics
- inviter des collaborateurs, qui auront au préalable fait une demande de compte sécurisé personnel sur ABRomics. Il définit des droits d'accès associés au projet et aux séquences déposées dans l'espace projet pour ses collaborateurs.

Un collaborateur :

- dispose nécessairement d'un compte utilisateur sécurisé ABRomics
- peut lancer les workflows d'analyses d'ABRomics
- ne peut pas inviter d'autres collaborateurs dans cet espace projet (il doit passer par le superviseur)

Les données associées aux échantillons gérées par ABRomics

Les données fournies par l'utilisateur

La base de données et l'espace de stockage des fichiers de la PF ABRomics permettent de stocker des données associées aux échantillons de différents types :

- les données fournies par les "déposants" c'est-à-dire les fichiers de séquences génomiques (séquences brutes) et les métadonnées associées aux échantillons biologiques et aux séquences.
- Les données de séquences de génomes de référence pour ABRomics (déjà publiés) avec leurs métadonnées (quand elles existent dans les banques publiques)

ABRomics dispose d'un **référentiel de métadonnées** qui permet à l'utilisateur de renseigner les données biologiques des projets créées (les données avec un astérisque (*) sont obligatoires) :

- **Métadonnées de l'échantillon :**

- Sample type (human, animal, environment)*
- Host species (animal species)*
- Sample source (for human : stool, urine, blood, lung etc.)*
- Location (Country Region Place)*
- Collected date (at least the year)*
- Sample ID (Sample name for the user)
- Travel countries (Countries visited in the three months prior to sampling)
- Sample comment (Free-form comment on the sample)
- Microorganism scientific name (Bacterial species)*
- Strain ID or name (may be identical to sample ID)*
- Accession number (Accession numbers associated with the sample if the sequence has already been submitted to public sequence database)
- **Données techniques**
 - Instrument model (Illumina HiSeq 2000, MinION, etc...)*
- **Données de séquence**
 - données brutes des *reads* : ces données sont téléchargées dans l'espace fichiers de la PF ABRomics sous la forme de lectures courtes (Illumina) ou longues (Nanopore ou Pacbio)

Un tableau détaillé des métadonnées est disponible sur le portail Web d'ABRomics : <https://www.abromics.fr/abromics-platform/metadata-referential/>

À l'exception des séquences (méta)génomiques des souches analysées, ces données (biologiques, temporelles, de lieux...) sont intégrées à la base de données ABRomics (dans plusieurs tables relationnelles). Pour chaque échantillon intégré à ABRomics (métadonnées et séquences) un identifiant est généré automatiquement et reste interne à la base de données.

Les données relatives aux échantillons biologiques et les données techniques pourront être utilisées dans le cadre de requêtes sur la base de données : par exemple, "nombre de souches par département", "nombre de souches qui présentent une résistance X et qui sont issues d'un échantillon Y" etc.

Les données issues des pipelines d'analyses de la PF ABRomics

Après vérification de la qualité des séquences FASTQ, ces dernières sont tout d'abord assemblées en séquences d'ADN plus longues dans un fichier au format FASTA. Le chargement de séquence au format FASTA (*i.e.*, assemblées hors de la PF ABRomics) sera disponible dans une version v1.x de la PF ABRomics. Ces séquences seront analysées uniquement si elles passent l'étape de vérification de la qualité (contamination puis assemblage).

Les séquences sont analysées par les pipelines développés dans le cadre du projet ABRomics pour obtenir des informations telles que :

- L'identification de l'espèce
- L'identification des gènes de résistance aux antibiotiques
- L'identification de mutations responsables de la résistance aux antibiotiques
- L'identification de gènes de virulence
- Le typage moléculaire par multi-locus sequence typing (MLST) et core-genome MLST (cgMLST) pour identifier les relations entre les souches.

Les résultats des pipelines d'analyses sont stockés dans des tableaux relationnels de la base de données ABRomics.

Accessibilité des données et confidentialité

La plateforme ABRomics repose sur l'infrastructure de l'Institut Français de Bioinformatique (IFB) et les procédures mises en place dans le cadre de la gestion du cycle de la donnée et de la Science Ouverte. Ces procédures s'appuient sur le principe **“aussi ouvert que possible, aussi fermé que nécessaire”**.

Toutes les données et métadonnées associées provenant de ressources publiques intégrées à ABRomics sont ouvertes et donc en accès libre.

Statut d'accessibilité de la donnée séquence et des métadonnées associées

Le superviseur définit un:

- **accès public** soit dès le dépôt dans ABRomics ou à n'importe quel moment avant la fin de la durée d'embargo (voir ci-dessous). Les données (*i.e.*, métadonnées et résultats d'analyses) sont ouvertes et accessibles à tous les utilisateurs inscrit.e.s sur la PF ABRomics (compte professionnel sécurisé avec mot de passe)
- **accès privé**: les données sensibles (fichiers brutes de séquences et certaines métadonnées, voir ci-dessous) ne seront accessibles qu'à des collaborateurs référencé.e.s par le superviseur d'un espace projet. Le statut privé des données est spécifié par le superviseur après la soumission des données de séquences et des métadonnées.
 - Les données restent confidentielles pendant un an, renouvelable deux fois maximum. Un e-mél est envoyé au déposant un mois, puis une semaine, avant l'échéance du changement de statut.
 - **Cette durée d'embargo ne peut pas dépasser trois ans**
 - Toutefois, la **prolongation de cette durée d'embargo à cinq ans** peut être discutée en réunion du comité de Pilotage

À l'issue de la période d'embargo, une séquence qui était en accès privé doit devenir libre d'accès. ABRomics proposera au déposant un dépôt automatique dans les banques de données publiques (ENA de l'EBI). Les identifiants ENA sont stockés dans la base de données ABRomics.

Ouverture de certaines métadonnées et résultats de méthodes d'analyses

Certaines informations stockées dans la base de données ABRomics sont extrêmement utiles à la communauté des microbiologistes car elles permettent non seulement de faire émerger des analyses conjointes et des collaborations, mais aussi d'apporter des éléments précieux en cas d'émergence de nouvelles résistances.

Aussi, quel que soit le statut des séquences et des métadonnées déposées dans ABRomics, **certaines données (listées ci-dessous) resteront en accès libre.**

Les règles suivantes ont donc été définies en accord avec l'ensemble du consortium ABRomics :

- Les séquences assemblées (FASTA) et les lectures brutes des séquences (FASTQ) sous embargo, ne sont accessibles qu'au déposant et ses partenaires, en fonction des droits définis par le superviseur ou la superviseuse.
- **Certaines métadonnées de séquences sous embargo seront partagées** avec les

utilisateur.trice.s qui disposent d'un compte ABRomics (sans droit particulier sur ces séquences) :

- origine, humaine, animale, environnement (autres), de l'échantillon
- nom scientifique de l'espèce hôte
- nom scientifique de la souche (données génomiques)
- localisation (pays, ville, département,...)
- **Certains résultats d'analyses de séquences sous embargo seront partagés** avec les utilisateurs qui disposent d'un compte ABRomics (sans droit particulier sur ces séquences) :
 - taxonomie MLST et cgMLST
 - AMR gènes de résistance prédits
 - AMR, mutations prédites et familles d'antibiotiques ciblées par la résistance prédite

Mode de fonctionnement d'ABRomics (services offerts par la PF)

- Utilisateur de la PF :
 - Interface pour la création de compte utilisateur.trice.s et de la gestion de ces données ;
 - Interface pour la création d'un espace projet et l'invitation de collaborateur.trice.s avec des droits spécifiques sur l'espace projet ;
 - Soumission des séquences et des métadonnées renseignées dans le formulaire du référentiel des métadonnées ABRomics ou bien saisies directement dans l'interface web de l'application ;
 - Les workflows d'analyse peuvent être exécutés sur des données auxquelles l'utilisateur a accès ;
 - Les workflows actuels (et des versions futures) ont été paramétrés de façon optimale (une documentation décrit le mode de fonctionnement des workflows et le choix des paramètres par défaut).
- ABRomics fournit :
 - Des espaces projets spécifiques, qui seront accessibles uniquement aux personnes autorisées par le superviseur de l'espace projet ;
 - Des outils et un environnement pour réaliser les analyses : il n'y a pas de notion d'allocation d'espace mémoire pour l'exécution des pipelines, ni d'espace disque par projet pour le stockage des séquences et des résultats ;
 - Des résultats d'analyses automatiques (validation des données, assemblage, ARG, ST, cgMLST,...) ;
 - Des outils de visualisation et d'interrogation des résultats d'analyse – en intégrant les données à accès libre, mais aussi les données privées de la base pour lesquelles l'utilisateur.trice a un droit d'accès ;
 - Des outils de gestion des données ;
 - Des outils et des interfaces pour réaliser la curation des gènes de résistance à terme ;
 - Un environnement pour faciliter les collaborations et les échanges de données par les accès

Organisation et administration de la plateforme ABRomics

Sécurisation des données

- a. L'application ABRomics est hébergée sur l'infrastructure de calcul nationale pour les sciences de la vie, l'IFB Core Cluster. Ce cluster *High Performance Computing* (HPC) est lui-même hébergé au sein du Datacenter (DC) de l'Institut du Développement et des Ressources en Informatique Scientifique (IDRIS - CNRS). L'institut et son bâtiment sont en Zone à Régime Restrictif (ZRR). À ce titre, l'accès n'est autorisé qu'aux personnes habilitées ZRR. Au-delà d'un contrôle d'accès strict, les personnes extérieures sont accompagnées par le personnel du DC.
- b. Au sein de l'IFB Core Cluster, l'accès aux données est limité à un nombre d'administrateur.trice.s restreint (4 personnes) et aux développeur.se.s de l'application ABRomics. Les administrateurs suivent la déontologie inhérente à cette mission et n'accèdent aux données qu'après accord explicite du superviseur desdites-données.
- c. La plateforme d'analyses ABRomics et toutes ses couches logicielles (API, framework Galaxy, interface Web) sont elles-mêmes sécurisées par des identifiants et mots de passe individuels.

Sauvegarde des données

- a. La machine virtuelle hébergeant l'application est sauvegardée sur un stockage interne à l'IFB Core Cluster (IDRIS) selon le plan suivant :
 - un *backup* par jour, rétention 7 sauvegardes
 - un *backup* par semaine, rétention 4 sauvegardes
 - un *backup* par mois, rétention 3 sauvegardes
- b. Une sauvegarde journalière de la base de données (sous forme de *dump*) est chiffrée et téléversée sur un site distant au sein du réseau des plateformes IFB (7 copies gardées).
- c. Une sauvegarde journalière des données de type fichier (séquences brutes, résultats d'analyse) sont chiffrées et téléversées sur un site distant au sein du réseau des plateformes IFB (3 copies gardées)

Confidentialité des données personnelles (RGPD)

- a. L'ouverture d'un compte, pour accéder à l'IFB Core Cluster, pour utiliser l'une des instances web (ici, le site de l'application ABRomics) ou l'une des bases de données hébergées par l'infrastructure IFB (ici ABRomics-DB), nécessite la collecte des informations personnelles suivantes : nom, prénom, affiliation, adresse e-mél et identifiant ORCID.
- b. Ces données, ainsi que celles qui sont déposées dans l'espace de stockage attribué à l'utilisateur, ne sont en aucune manière ouvertes ou communiquées à des tiers.
- c. Les logs de connexion sur les serveurs de l'IFB sont conservés pour des raisons légales durant un an.

Responsabilités de la plateforme ABRomics

- Les développeurs et porteurs du projet s'engagent à suivre et à appliquer *a minima* les mises à jour de sécurité des différentes couches logicielles mises en œuvre (stabilité et confidentialité)

- Les administrateurs de la PF ABRomics assurent la sauvegarde des données des projets sur site (cf. section “Organisation et administration de la PF ABRomics), mais ils ne sont pas responsables de l’archivage des données brutes. L’utilisateur doit conserver une copie de ses données tant que ces dernières ne sont pas publiées dans l’un des entrepôts internationaux (*i.e.*, l’ENA).
- Les développeurs de la PF ABRomics vérifient la qualité des séquences fournies par l’utilisateur avant de lancer les workflows d’analyses : la PF ABRomics délivre un rapport qualité dont le résultat conditionne la présentation des résultats du pipeline d’analyses (*i.e.*, ABRomics utilisera des “warnings” sur des résultats obtenus avec des séquences de qualité moyenne ou mauvaise).
- La PF ABRomics s’engage à ne pas communiquer les données ou les résultats “confidentiels” sans l’autorisation des propriétaires des données par le jeu des accès.
- La PF ABRomics s’engage à actualiser régulièrement les bases de données de référence qui sont utilisées par les pipelines d’analyses.
- LA PF ABRomics s’engage à conserver les données brutes de séquences (format FASTQ) sur l’infrastructure d’hébergement pendant une **durée minimale de trois ans** après le dépôt initial dans la plateforme ABRomics ou après soumission à l’EBI-ENA. Les fichiers de séquence au format FASTA seront, par contre, conservés sur les serveurs de l’infrastructure d’hébergement sans date limite.
- Les développeurs de la PF ABRomics s’engagent à soumettre à l’EBI-ENA les fichiers FASTQ sous réserve de l’accord du déposant.

Engagement du déposant de séquences

- S’assurer de la propriété du matériel déposé
- S’assurer de la validité des métadonnées
- S’assurer de la qualité des séquences déposées : ABRomics n’est pas responsable de résultats incorrects liés à une mauvaise qualité des séquences
- Gérer les droits d’accès à ses données pour les collaborateurs de ses projets
- Accepter les règles de mise à disposition des données
- Préserver la confidentialité de l’accès à la PF ABRomics (identifiant et mot de passe)
- Pour les métagénomiques, vérifier l’absence de séquences humaines ou autres espèces animales.

Valorisation scientifique

Remercier la PF ABRomics pour toute communication orale et écrite en utilisant les termes suivants :

“The present study used the ABRomics platform which is financially supported by the French Priority Research Programme on Antimicrobial Resistance (PPR Antibiorésistance), coordinated by Inserm and funded by the Secretariat Général Pour l’Investissement (SGPI)”