

Assemblée Générale 2019 — 29 janvier 2020 — Procès-Verbal

L'AG 2019 a eu lieu à l'Hôtel Alpes & Lac à Neuchâtel. La location de la Salle des Lustres a été possible grâce à info Fauna qui a financé la totalité de cette rencontre. Treize membres étaient présents plus Glenn Litsios de l'OFEV. Début de la séance à 14h.



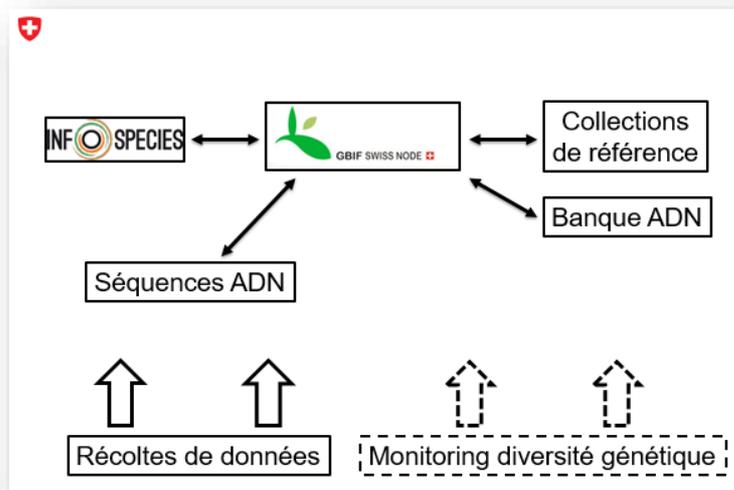
1. Le tissu international (J. Pawlowski)

- Introduction du but initial de SwissBOL en tant que projet d'inventaire génétique de la biodiversité et rappel du cadre international à l'origine de l'initiative en Suisse.
- Présentation de la nouvelle structure de iBOL qui est, depuis 2019, un consortium de nations partenaires. Le système de financement de iBOL basé sur des fonds privés a cessé et c'est le budget des divers projets développés dans les différentes nations de manière indépendante qui contribuent au montant global de iBOL.
- Explication du programme Bioscan – accès sur les écosystèmes plutôt que les espèces : scan de la globalité de la diversité des (éco) régions ; avantage de couvrir des groupes moins bien représentés (protistes, champignons, lichens).

2. Le contexte national (G. Litsios)

- Rappel des engagements de la confédération en termes de protection de la biodiversité et focus sur les difficultés rencontrées lors de la mise en pratique en ce qui concerne la diversité génétique.

- Présentation du GBIF et des relations du node suisse avec des partenaires clé, comme les centres de compétences info Species et les collections de référence des musées et conservatoires.
- Explication de la logique derrière l'ajout du volet génétique dans le programme GBIFCH en cours et insistance sur l'importance de la Banque ADN vis-à-vis du rôle qu'elle peut avoir pour le monitoring de la diversité génétique.



3. Activités et Perspectives (S. Wyler)

3.1 Historique et Financement

- Contextualisation des activités du SwissBOL et annonce de l'officialisation de la collaboration avec le GBIFCH pour ce qui est des données génétiques de la biodiversité suisse. Le contrat GBIFCH 2019-2022 inclut un poste de collaborateur scientifique à 60%, occupé par S. Wyler, qui a comme missions principales la gestion des données génétiques de référence et la promotion de l'utilisation de méthodes génétiques pour l'étude et le suivi de la biodiversité suisse.

3.2 Données

- Rappel de la situation générale autour des données de référence et des implications que cette définition a sur les besoins en termes de développements informatiques. Accent sur la complexité et les contraintes derrière la mise en place des flux et des procédures pour que le tout fonctionne.

- Présentation des activités au tour de la base de données génétique avec la définition des standards, le schéma d'échange avec les matrices de saisie, et les documents d'orientation qui réunissent les conseils méthodologiques et les recommandations concernant les données.
- Survol des besoins pour la gestion des données issues de l'ADN environnemental.
- Description des objectifs 2020 concernant la publication et diffusion des données, la définition de standards qui permettront d'accueillir les données issues de séquençage NGS et la révision du portail GBIFCH qui donnera accès aux informations génétiques complètes.

3.3 Développements

- Explication de l'incidence de la stabilisation du poste de coordinateur sur le réseautage auprès des partenaires nationaux.
- Aperçu des nouveaux projets en cours ou en état d'élaboration (Orthoptères, Trichoptères, Mollusques, Micromammifères, Hydracariens, Syrphidae, Fourmis, Biodiversité Aquatique Environnementale) et précisions sur le niveau d'implication du SwissBOL.
- Mémoration de l'importance de la Banque ADN dans le processus de référencement génétique avec focus sur la définition du matériel génétique à stocker : extrait ADN et échantillon organique (tissu, sang, feuille).
- Présentation des objectifs 2020 en ce qui regarde la continuité du réseautage avec un défis supplémentaire lié à l'approche de la communauté académique, le développement de nouveaux études associés aux projets nationaux ou en tant qu'études indépendants et l'établissement et la mise en place de la banque ADN. Un quatrième objectif concerne le développement d'un outil qui permette de mesurer le bilan carbone d'un projet génétique.

3.4 Stratégie

- Rappel de la mission d'assurer la continuité des travaux de référencement génétique des espèces et évocation de la logique défendue, qui associe un volet génétique supplémentaire aux projets nationaux de suivi de la biodiversité afin de profiter des travaux de terrain, à charge des centres info Species, pour récolter du matériel frais.
- Résumé du message transmis en séance plénière info Species au mois de novembre, qui consistait à avoir de la part des centres un positionnement vis-à-vis de la logique décrite ci-dessus et le cas échéant la demande d'implication dans sa mise en place. Mention des retours positifs de la majorité des centres et de D. Hoffman (OFEV), qui a incité à la déposition de nouvelles offres au cours de l'année.

- Définition de la stratégie adoptée par le comité qui vise à éviter l'éclatement et qui prévoit de travailler ensemble avec les centres et l'OFEV pour définir la meilleure façon de construire l'application de la logique décrite ci-dessus de manière homogène.
- Présentation des difficultés liées au développement de projets ponctuels qui ne sont pas en relation avec des projets nationaux. L'idéal serait de pouvoir compter sur une somme annuelle au sein de l'Association qui serait distribuée par les différents projets selon les besoins.
- Bilan des réflexions autour de la version 2.0 du référentiel génétique suisse qui consiste à développer de nouveaux projets sur la base d'une approche multi-locus. Annonce des échanges prévus avec des partenaires clé, dont l'OFEV, afin de définir le cadre général d'évolution.
- Description des objectifs 2020 issus de la définition du référentiel génétique 2.0 et des différentes discussions qui auront lieu ces prochains mois, le but étant d'établir une stratégie pour les 10 prochaines années et d'élaborer avec les partenaires associés un plan d'actions.

3.5 Interventions des membres

- Gestion des séquences ADN – A. Cibois et M. Perret pensent que le GBIFCH ne devrait pas s'occuper de la gestion des séquences et que le lien aux bases de données internationales devrait suffire. Une crainte que cette gestion retarde le processus de mise à disposition des données – développement de l'outil qui permettra l'enregistrement, révision du portail qui permettra la visualisation, diffusion dans les réseaux internationaux.
- Banque ADN – M. Perret exprime son scepticisme quant à sa mise en place si on ne fournit pas un outil commun « clé en main » qui permettrait de gérer les collections génétiques hébergées de manière éclatée. Il avance que l'effort pour la diffusion des données des collections classiques est déjà assez conséquent pour en rajouter une couche pour les données des collections génétiques. A. Cibois est d'avis que ce rôle appartient aux institutions qui s'engagent et que c'est aux institutions de dégager les moyens à l'interne pour gérer, physique et informatiquement, les échantillons génétiques. S. Wyler insiste sur le fait que GBIFCH permettra de trouver l'information minimale à propos des échantillons génétiques, mais que la gestion de ces échantillons est une affaire toute autre qui appartient aux institutions, au même titre que la gestion des *vouchers*.
- Implication des musées – M. Bernasconi questionne sur l'implication des musées et des collections dans la stratégie 2030. S. Wyler répond que ce sont des partenaires qui ont toute leur place, rien que pour l'hébergement des spécimens nouvellement récoltés. Par ailleurs, les nouvelles techniques moléculaires de capture (protocole appliqué aux orthoptères) ouvrent une voie pour l'utilisation de spécimens anciens dans l'inventaire génétique des espèces. J. Gautier confirme que cette approche amène une vraie plus-value aux collections et justifie ainsi l'implication des musées.

- Bilan carbone – T. Andriollo demande comment on va calculer le bilan carbone d'un projet. S. Wyler admet que pour le moment l'idée est à l'état embryonnaire et que à ce stade on va déjà commencer par comptabiliser les kg de plastiques, les litres de solvants, les heures d'utilisation des machines et essayer de traduire ça en empreinte écologique. Nous allons déjà faire cela pour deux projets en cours : Trichoptères (barcoding classique) et Orthoptères (barcoding multi-locus).

4. Partie statutaire (S. Wyler)

4.1 Nouveaux membres

- Annonce des nouveaux membres : Nadir Alvarez, Tommy Andriollo, Jean-Luc Gattolliat, Jérémy Gautier, Sonja Gerber, Nicolas Kramar, Beat Pfarrer, Heinrich Vicentini.
- L'Association compte aujourd'hui 43 membres.

4.2 Comité

- Rappel de la constitution du comité : Jan Pawlowski, Yves Gonseth, Michel Sartori, Edward Mitchell, Alice Cibois, Mathieu Perret, Andrin Gross et Sofia Wyler.
- Information du changement de présidence, qui sera dorénavant assurée par Mathieu Perret.

4.3 Organe de vérification des comptes

- Avec l'ouverture du compte Postfinance au printemps 2019, il est nécessaire d'avoir deux membres comme vérificateurs des comptes.
- Appel aux membres présents et acceptation de Laure Apothéloz et Tommy Andriollo.

4.4 iBOL

- Présentation du consortium iBOL et de l'appartenance officielle de SwissBOL en tant que membre scientifique depuis le printemps 2019 – signature MoU et paiement de la cotisation annuelle par le budget académique de J. Pawlowski.
- Information sur la demande à l'OFEV qui va provenir de l'Association pour couvrir les frais liés à la cotisation annuelle à iBOL – 12 000.- sur 3 ans.

5. Clôture

En l'absence de divers, la séance est levée à 15h45. La séance s'est poursuivie avec quatre présentations de la part de membres et un apéro convivial offert par info Fauna.

- Le barcode ADN chez les plantes: où en sommes-nous en Suisse? – Y. Naciri.



- Développement d'un nouveau barcode multi-locus pour identifier les taxons d'orthoptères, et estimer la diversité spécifique des communautés et la diversité génétique des espèces à travers l'espace et le temps – J. Gautier.
- Importance des données de référence Suisses dans le monitoring des milieux aquatiques basé sur l'ADN environnemental – L. Apothéloz.
- The potential for combined eDNA metabarcoding and DNA barcoding approaches to explore the taxonomic and functional diversity of soil organisms – E. Mitchell.