

## Procès-verbal de l'Assemblée Générale du 19 mai 2016

---

L'AG annuelle de l'association a eu lieu au Musée d'Histoire Naturelle de Neuchâtel, qui a accueilli les 14 membres présents.

Le conférencier invité, Arjen Speksnijder, a présenté les activités de *DNA barcoding* développées en Hollande et en particulier dans son institution, Naturalis Biodiversity Center. En outre de plusieurs projets ciblés pour divers groupes taxonomiques, le centre offre des services d'identification des espèces à l'aide des code-barres génétiques dans différents contextes. Le centre développe, en plus, des projets d'analyse de la biodiversité environnementale à travers des techniques de *metabarcoding*.

Les deux présentations des membres invités ont abordé le thème général du *metabarcoding* comme outil d'estimation de la biodiversité et de monitoring environnemental.

Diatoms are widely used as bio-indicators for the assessment of water quality in rivers and streams. Classically, the diatom biotic indices are based on relative abundance of morphologically identified species weighted by their ecological value. The use of such indices is time-consuming, costly and requires a good taxonomic expertise, which is not always available. We tested the possibility to overcome these limitations by using next-generation sequencing approach to amplify diatoms DNA present in samples. We analyzed 87 river sites in Switzerland, mostly in Geneva basin. The traditional Swiss Diatom Index (DI-CH) uses two specific values for each species, which are used to calculate the index. The aim of our new index is to calculate new values not to species but directly to the sequences. We used the ecological status given by the DI-CH to calibrate the molecular index. Finally we compared the status given by the morphologic and the molecular index. The correlation between the two indexes was very good and the sequences that are assigned to a known species gave, in 75% of the case, the same ecological values with molecular and morphological approach. Despite the fact that further analysis are required to validate this method, this study opens new avenues for application of genetic tools for bioassessment and biomonitoring of aquatic ecosystems.



Laure Perret-Gentil Apothéloz



As many pollinators, wild bees are undergoing a major decline. However, our comprehension of the drivers of these losses is incomplete and diffuse. Until now, wild bee surveys were entirely based on morphological identification, which is both labour intensive and time consuming. To facilitate their monitoring and conservation, a high-throughput identification pipeline is needed. With the development of next generation sequencing, DNA barcoding has evolved rapidly and newly developed approaches could hold the promises for such pipelines. The development of adequate protocols facilitating the assessment of bee's diversity should foster our understanding of their stressors and factors shaping their distribution across Switzerland.

Morgan Gueuning

Sofia Wyler a rapporté à l'Assemblée les réflexions menées par le Comité depuis la formation de l'Association, notamment en ce qui concerne le besoin urgent de stabilisation de la cellule de coordination. Les membres se sont ainsi prononcés en faveur de la stratégie de développement de l'Association à travers la création d'un centre national de codes-barres ADN à travers un financement global des activités de coordination. Par conséquent, la façon dont l'Association pourrait soutenir le développement de « petits projets » par les membres qui manquent soit de soutien institutionnel soit d'infrastructure moléculaire a également été débattue sans que des décisions soient prises.

Le deuxième point important abordé concerne la banque ADN pour la biodiversité suisse. Face au manque de stabilité dans le stockage et de standardisation dans la documentation des extraits d'ADN (puisque la plus part de ces ADN sont liés aux chercheurs et non aux institutions), le Comité a proposé la création d'une infrastructure unique qui rassemble les informations liées aux ADN et qui permet de les mettre en lien avec les autres dimensions des codes-barres ADN. Les membres ont ainsi été d'accord d'étudier les implications et l'utilité de cette banque ADN nationale et de constituer un document officiel qui définit les standards du matériel, les conditions de stockage et qui établit un cadre avec des gardes-fous claires pour les échanges. Ce document serait ensuite proposé aux institutions d'hébergement partenaires qui s'engagent à respecter les principes et pratiques établis.

Pascal Tschudin (coordinateur du GBIF Swiss node (Global Biodiversity Information Facility)) a présenté aux membres le flux des données génétiques, depuis la saisie à la diffusion, en passant par les différentes étapes de validation. Une première mouture de comment ces données seraient visibles sur le portail [GBIF.ch](http://GBIF.ch) a été présentée.

**Natur-Museum Luzern**  
Entomologie

**NMLU-ENT000133**     *Trechus pertyi* Heer, 1837

Taxonomy | Image | Geospatial | Collection | Description | Extractions | Sequences | Association | References

**Sequence**

Type:	genomic
Locus:	COI-3P
Length:	788
SwissBOL:	swissbol:274
NCBI:	KU983154
BOLD:	COLAB133-16
ExtractionID:	MHNG-DNA-852

PCR

Forward primer name:	C1-J-2183
Forward primer sequence:	CAACATTTATTTGATTTTTGG
Reverse primer name:	TL2-N-3014
Reverse primer sequence:	TCCAATGCACTAATCTGCCATATTA

Seq.

Forward primer name:	C1-J-2183
Forward primer sequence:	CAACATTTATTTGATTTTTGGT
Reverse primer name:	L2-N-3014
Reverse primer sequence:	TCCAATGCACTAATCTGCCATATTA

SwissBOL Project Metadata:     Germann C., Bernasconi M. 2015. Swiss Endemic Beetles

mock-up

Sequence 1/1 ▶

**A**

**Natur-Museum Luzern**  
Entomologie

**NMLU-ENT000133**     *Trechus pertyi* Heer, 1837

Taxonomy | Image | Geospatial | Collection | Description | Extractions | Sequences | Association | References

**DNA Bank**

Institution:	MHNG
ExtractionID:	MHNG-DNA-852
Storage:	Science3.12

**Extraction details**

Date:	13.03.2014
Extraction method:	Dneasy Blood and Tissue Kit (Qiagen)
Extraction performed by:	Sofia Wylar (Université de Genève, Département de Génétique et Evolution)
Relation to voucher:	DNA taken from voucher specimen
Tissue type:	whole individual
Preservation:	alcohol

**Sequences obtained**

swissbol:274

mock-up

Extraction 1/1 ▶

**B**

L'Assemblée a donnée décharge au Comité pour le travail accompli et les décisions prises.