

## RAPPORT D'ACTIVITÉS 2016 - 2017



### Mission du SwissBOL

Le SwissBOL a pour but de rassembler l'information génétique utile pour la création d'une bibliothèque des codes-barres ADN de référence pour la biodiversité suisse. Sa mission principale est donc d'assurer les liens et les flux entre les quatre dimensions liées aux codes-barres ADN en Suisse (observation-collection-ADN-séquences).

Le SwissBOL doit en outre assurer la cohérence de toutes les informations fournies avec les standards définis et offrir aux partenaires

une structure et des services informatiques performants de gestion et d'intégration de leurs informations dans le réseau mondial.

À travers la mise en place d'une infrastructure unique pour la Suisse, le SwissBOL vise à combler certains manques observés dans les bases de données internationales et à donner pleine satisfaction aux différents utilisateurs dans l'objectif principal de diffuser des données de qualité et de permettre que l'inventaire génétique de la biodiversité suisse soit aussi fiable que complet.

### ASSEMBLÉE GÉNÉRALE 2017

Vous êtes cordialement invités à l'Assemblée générale 2017 de l'Association SwissBOL le 1er décembre au Musée d'Histoire Naturelle de Berne (Bernastrasse 15).

Au programme nous vous proposons d'échanger sur les bonnes pratiques pour l'utilisation et le transfert efficace des informations relatives aux données génétiques utiles pour l'inventaire de la biodiversité suisse.

Pour la partie statutaire:

1. Rapport d'activités 2016 - 2017
2. Plan d'activités 2018
3. Nouveaux membres
4. Élection du comité
5. Propositions individuelles

La participation de chaque membre est essentielle pour le développement des activités de l'Association. Le Comité compte sur votre présence et invite les membres à contribuer avec leurs idées.

Ce meeting est organisé conjointement avec la SCNAT à qui nous remercions la collaboration.

[www.sciencesnaturelles.ch/collections](http://www.sciencesnaturelles.ch/collections)

## Activités 2016

Pour cette année, les activités du SwissBOL ont été financées à 40% par le budget académique alloué au laboratoire de J. Pawlowski (Université de Genève).

Depuis la constitution de l'Association (mai 2015), le comité élu (Y. Gonseth - CSCF; J. Pawlowski - Université de Genève; M. Sartori - Musée de Zoologie de Lausanne; C. Scheidegger - WSL; S. Wyler - Université de Genève) s'est réuni cinq fois, quatre en 2016. Pour cette première année d'existence, le comité avait trois missions principales:

1. Établir les standards requis liés aux codes-barres ADN;
2. Réfléchir à comment valoriser les données codes-barres
3. Proposer une stratégie qui assure la durabilité du SwissBOL.

Un code-barre génétique est valable que s'il comporte quatre dimensions: la séquence ADN du locus choisi; le *voucher* du spécimen déposé dans une collection muséale; les données

chorologiques enregistrées dans un centre de données (InfoSpecies); l'extrait ADN déposé dans une banque.

Pour ce qui est de la banque ADN, nous sommes face à un manque de standardisation de la documentation et l'absence de stabilité dans le stockage à long terme. Il devient primordial de: a) créer 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 génétiques; et b) proposer aux partenaires des institutions d'hébergement pérennes qui s'engagent à respecter les standards établis.

Dans ce sens, les directeurs du Muséum d'Histoire Naturelle de Genève et des Conservatoires et jardin botaniques de Genève ont engagé leurs instituts respectifs en tant que institutions nationales d'hébergement des extraits ADN pour la biodiversité suisse.

Donner une meilleure visibilité aux codes-barres génétiques suisses est une préoccupation du

comité. Ainsi, la restructuration du site web du SwissBOL est un des objectifs ces prochaines années, mais cela dépendra des moyens à disposition.

La priorité principale du comité a été d'établir une stratégie de développement de l'Association et d'ainsi assurer sa durabilité à travers une coordination stable. Le scénario privilégié a été l'implémentation d'un centre national de codes-barres ADN à travers un financement global des activités de coordination. Par ce biais, l'Association gagne en visibilité tout en développant une vision stratégique d'ensemble au niveau national, qui d'ailleurs est une logique en lien avec le réseau national des centres de données - InfoSpecies.

En ce qui concerne la plateforme moléculaire à l'Université de Genève, la majorité des projets développés pendant les premières années a été bouclée et les données restituées aux scientifiques responsables pour analyse et/ou publication. Pour mémoire, 12 des 27 projets-pilote ont été réalisés par cette plateforme moléculaire.



## Assemblée Générale 2016

L'AG annuelle de l'association a eu lieu le 19 mai 2016 au Musée d'Histoire Naturelle de Neuchâtel, qui a accueilli les 14 membres présents.

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

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*.

Pendant la partie statutaire les membres se sont prononcés en faveur de la stratégie de développement de l'Association et

de la nécessité de pérennisation de la coordination.

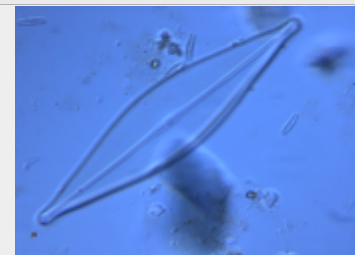
La façon dont l'Association pourrait soutenir le développement de « petits projets » par les membres qui manquent soit de soutien institutionnel soit d'infrastructure moléculaire a également été débattue.



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

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

## Projet Biolink

Au cours de l'été 2016, nous (Y. Gonseth et J. Pawlowski) avons présenté au FNS une lettre d'intention à participer au programme Biolink. Celui-ci s'adresse à la mise en réseau de biobanques à travers le développement technique et l'implémentation des systèmes IT.

Suite à une réponse positive et encourageante de la part du FNS, en automne le projet Swiss Biodiversity Banks Network (SBBN) a été déposé. Face aux lacunes actuelles existantes, le projet proposait des solutions techniques de mise en lien pour la capture, le partage et l'exploitation des données chorologiques,

écologiques et génétiques sur la biodiversité suisse.

La requête a été refusée (réponse datant du 21 décembre 2016), notamment parce que l'institution du premier requérant (CSCF) n'est pas considérée comme un institut de recherche.

*Background* - Scientific studies worldwide are documenting the advanced state of biodiversity loss. In the last few years, Switzerland ratified numerous international programs and implemented legal measures in an effort to stop the current tendency of biodiversity decline. Yet, the ability to monitor the effectiveness of these governmental decisions depends primarily upon a robust knowledge of biodiversity. Despite increased efforts to share and connect information on biodiversity, further data mobilization is still needed. Numerous Swiss biodiversity banks (data centres Info Species network - observations; natural history museums; herbaria; botanical gardens – specimen and genomic collections; Swiss Barcode of Life network - DNA sequences) generate huge amounts of reliable data and host valuable resources that are unique tools for assessing the world's biological diversity. In this project, we propose to unify chorological (geo-referenced data for species observed in the field), ecological and genetic data generated by these institutions within a centralized platform that will incorporate and diffuse relevant worldwide biodiversity information available in Switzerland. The project will increase accessibility to Swiss biodiversity banks, improve the visibility of data and biological collections, and contribute to the development of biodiversity research by raising new scientific questions and deepening the knowledge about biodiversity on Earth.

*Objectives* - The Swiss Biodiversity Banks Network (SBBN) aims to establish and ensure long-term data sharing system between the biological banks in Switzerland through the connection and diffusion of Swiss biodiversity data and resources. The main goals of the project are: (1) to mobilize and share the data and resources hosted and generated in Switzerland; (2) to fill in the gaps in data at both national and international levels; (3) to encourage and sustain the cooperation and knowledge-sharing across dispersed biobanks; (4) to promote scientific research and initiate new studies for the collection of high-quality relevant data. The project will develop new IT solutions for the capture, sharing and exploitation of data in order to improve the technical infrastructure already deployed and issued from the efforts taken since 2004 within the Swiss GBIF initiative. Three major actions are foreseen: the automatic transfer to GBIF.org of all occurrence data originating from the Swiss national biodiversity data banks (Info Species); the setup of automated procedures for data upload from Swiss collection banks (museal facilities); the extension of the present tools to incorporate relevant genetic information associated with existing data.

*Added value* - As the result of an approach that promotes and facilitates open-access to data, the project will contribute to bridge current gaps in biodiversity information addressing the needs of governmental decision-makers at the regional, national and international levels. We will assist the political commitment to the Convention on Biological Diversity in the achievement of the Aichi targets for 2020 and help to generate specific policy instruments in the implementation of agreements such as the Nagoya Protocol. Moreover, because we aim to share high quality data, the project will promote the emergence of cross-border research projects related to biodiversity assessment, conservation and management. In particular, the SBBN will facilitate the studies that evaluate the risks of extinction and determine the extent and nature of the threats against biodiversity, as well as it will help predicting and anticipating effective conservation measures. In sum, the SBBN will contribute to building collaborative solutions and resources and guiding data management and scientific work that will contribute to the maintenance and protection of biodiversity all over the world.

## Liste des publications 2016

### Articles publiés

Blanckenhorn WU, Rohner PT, Bernasconi MV, Haugstetter J, Buser A. 2016. Is qualitative and quantitative metabarcoding of dung fauna biodiversity feasible? *Environmental Toxicology and Chemistry* 35(8): 1970-1977. Doi: 10.1002/etc.3275

Gattolliat J-L, Vinçon G, Wyler S, Pawlowski J, Sartori M. 2016. Toward a comprehensive COI DNA barcode library for Swiss Stoneflies (Insecta: Plecoptera) with special emphasis on the genus *Leuctra*. *Zoosymposia* 11:135-155. Doi: 10.11646/zoosymposia.11.1.15

Hawlitsek O, Morinière J, Lehmann GUC, Lehmann AW, Kropf M, Dunz A, Glaw F, Detcharoen M, Schmidt S, Hausmann A, Szucsich NU, Caetano-Wyler SA, Haszprunar G. 2016. DNA barcoding of crickets, katydids and grasshoppers (Orthoptera) from Central Europe with focus on Austria, Germany and Switzerland. *Molecular Ecology Resources*. Doi: 10.1111/1755-0998.12638

Kosakyan A, Lahr DJG, Mulot M, Meisterfeld R, Mitchell EAD, Lara E. 2016. Phylogenetic reconstruction based on COI reshuffles the taxonomy of hyalosphenid shelled testate amoebae and reveals the convoluted evolution of shell plate shapes. *Cladistics* 32: 606-623. Doi: 10.1111/cla.12167

Mark K, Cornejo C, Keller C, Flück D, Scheidegger C. 2016. Barcoding lichen-forming fungi using 454 pyrosequencing is challenged by artifactual and biological sequence variation. *NRC Research Press. Genome*. Doi: 0.1139/gen-2015-0189

Qin Y, Man B, Kosakyan A, Lara E, Heger TJ, Gu Y, Wang H, Mitchell EAD. 2016. Description of *Nebela jiuhuensis* nov.sp. (Amoebozoa; Arcellinida; Hyalospheniidae; *Nebela ansata-hippocrepsis-saccifera* clade) from Sphagnum peatlands in south central China. *Journal of Eukaryotic Microbiology* 63(5): 558-566. Doi: 10.1111/jeu.12300

### Articles sous presse

Blandenier Q, Lara E, Mitchell EAD, Alcantara DMC, Siemensma FJ, Todorov M, Lahr DJG. (*in press*) NAD9/NAD7 (mitochondrial nicotinamide adenine dinucleotide dehydrogenase gene) - a new "Holy Grail" phylogenetic and DNA-barcoding marker for Arcellinida (Amoebozoa) ? *European Journal of Protistology*

Blandenier Q, Seppey CVW, Singer D, Vlimant M, Simon A, Duckert C, Lara E. (*in press*) *Mycamoeba gemmipara* nov. gen., nov. sp., the First Cultured Member of the Environmental Dermamoebidae Clade LKM74 and its Unusual Life Cycle. *Journal of Eukaryotic Microbiology*, Doi: 10.1111/jeu.12357

Germann. C., Wyler S. & Bernasconi M. V. (*in press*). DNA barcoding of selected alpine beetles with focus on Curculionoidea (Coleoptera). *Revue Suisse de Zoologie*

Singer D, Lara E, Steciow MM, Seppey CVW, Paredes N, Pillonel A, Oszako T, Belbahri L. (*in press*) High-throughput sequencing reveals diverse oomycete communities in oligotrophic peat bog micro-habitat. *Fungal Ecology*, Doi: 10.1016/j.funeco.2016.05.009

### Articles soumis

Kosakyan A, Lara E, Meisterfeld R, Mitchell EAD. (*submitted*). Monograph "Family Hyalospheniidae". *Protozoological Monographs*

## Activités 2017

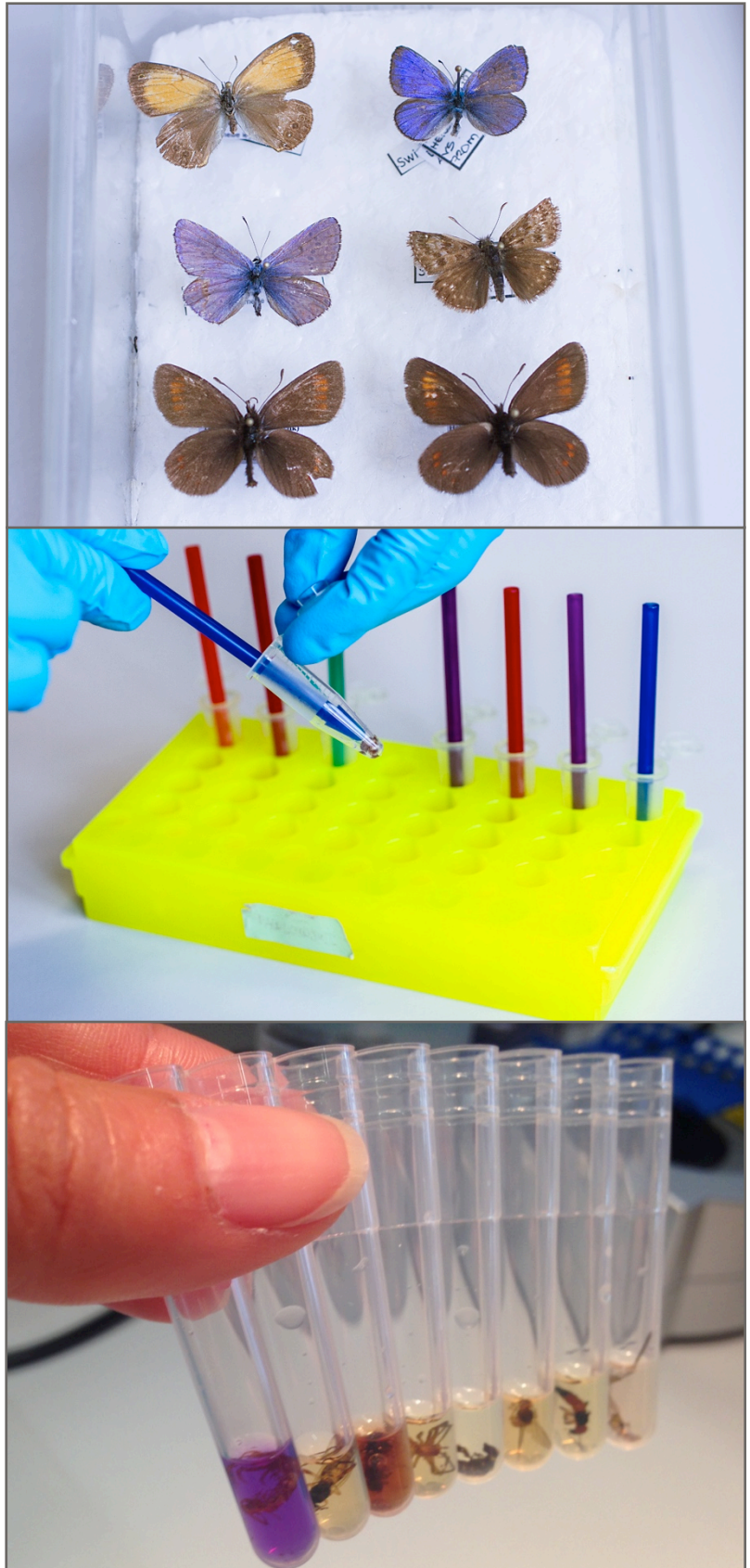
2017 a été définie comme une année de transition, occupée majoritairement par les négociations pour la pérennisation de la coordination du SwissBOL.

Les activités de coordination ont été financées à 30%, répartis inégalement au cours de l'année. Le CSCF a contribué pour la moitié de ce budget et l'autre moitié provient d'une subvention de la Fondation Ernst et Lucie Schmidheiny (bourse allouée à S. Wyler).

Toujours dans le but de mettre en application la volonté d'implémentation d'un centre national de codes-barres ADN, le comité (Y. Gonseth et C. Scheigedder) a fortement discuté des différentes possibilités de soutien financier auprès d'InfoSpecies et de l'OFEV.

Du point de vue opérationnel, les activités se sont surtout centrées autour de la base de données:

- élaboration des tables de saisie ADN, Séquences et Traces
- définition des champs documentant les données dans chacune des tables
- établissement des degrés d'information requise pour des données — obligatoire, recommandé, possible.

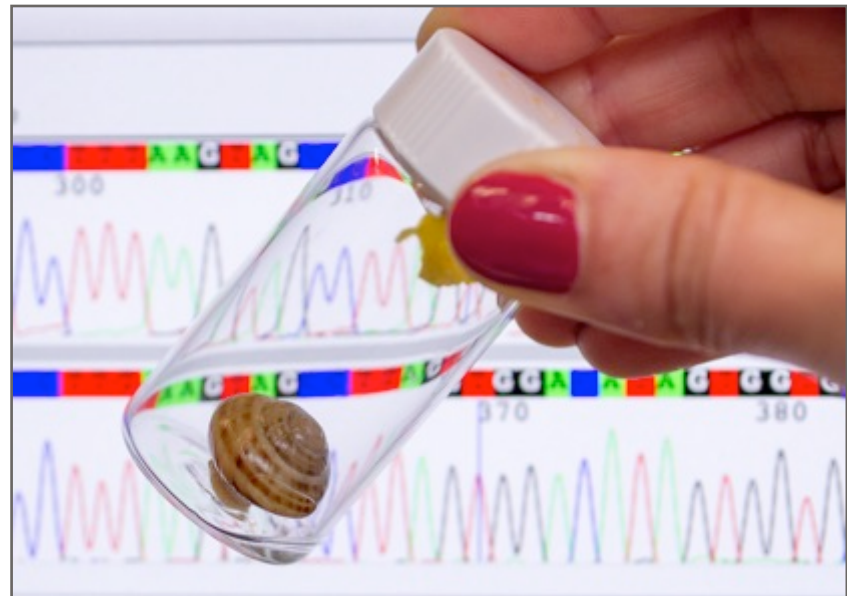


## Base de données

L'extension de la plateforme informatique actuelle (GBIF+) offrira non seulement d'autres possibilités de chargement et de partage des données sur la biodiversité, mais aussi de nouvelles fonctionnalités qui améliorent la qualité des données injectées dans le réseau. Le projet BioLink a permis de définir le cahier des charges pour les différents développements à prévoir :

- Modifications de la base de données et des outils de chargement pour accueillir les données d'extractions et de séquences ADN
- Modification du portail de données GBIF Suisse afin de permettre l'accès à l'information moléculaire (onglets séquences, extractions)
- Mise à niveau de l'interface GBIF.ch - GBIF.org afin de pouvoir transmettre l'ensemble de l'information disponible.

Ces développements seront assurés par le Service informatique et télématique de l'Université de Neuchâtel et s'insèrent dans un projet plus large d'amélioration de la plateforme actuelle. Les travaux concernant GBIF+ ont débuté à l'automne 2017.



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:	KU981354
BOLD:	COLAR133-16
ExtractionID:	MixNG-DNA-852
PCR:	
Forward primer name:	C1-I-2183
Forward primer sequence:	CAACATTATTTTGAFTTTTGG
Reverse primer name:	TL2-N-3054
Reverse primer sequence:	TCCAATGCACAACTGCCATATTA
Seq.:	
Forward primer name:	C1-I-2183
Forward primer sequence:	CAACATTATTTTGAFTTTTGGT
Reverse primer name:	TL2-N-3054
Reverse primer sequence:	TCCAATGCACAACTGCCATATTA
SwissBOL Project Metadata:	Germann C., Bernasconi M. 2015. Swiss Endemic Beetles

mock-up

A

Sequence 1/1

Natur-Museum Luzern  
Entomologie

NMLU-ENT000133 *Trechus pertyi* Heer, 1837

Taxonomy Image Geospatial Collection Description Extractions Sequences Association References

DNA Bank	
Institution:	MixNG
ExtractionID:	MixNG-DNA-852
Storage:	Science3.12
Extraction details	
Date:	13.03.2014
Extraction method:	Dneasy Blood and Tissue Kit (Qiagen)
Extraction performed by:	Sofia Wyler (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

B

Extraction 1/1

## Les données suisses dans BOLD international

Les projets internes au SwissBOL, c'est-à-dire ceux qui ont été développés au sein de la structure moléculaire à l'Université de Genève, ont été pour la plus part soumis à BOLD. Certains projets externes ont également été publiés. Pour des questions de « confidentialité » dues aux publications en préparation, certains données ne sont pas publiques.

Parmi les 15 projets ouverts, 9 contiennent des données, ce qui correspond à un total de 1649 spécimens et 590 espèces. Pour les restants projets la soumission des données est en cours de préparation.

La stratégie adoptée, qui est celle de procéder par projet pour la soumission des données, nous permet de mieux cerner les difficultés rencontrées et d'améliorer les procédures d'échange. Le but final étant

une automatisation fiable qui assure les liens de façon univoque et permet l'extraction et l'utilisation des données en toute confiance.

### Welcome to BOLD Systems

Home / Project List

Unselect All

#### My Projects

Barcoding Applications\* (Use of Reference Library Only) 16 Projects, 1547 Specimens

Code	Title	Public	Specimens	Species	Species with Sequences Markers (stats)	Sequences Markers (stats)	Project Tags
<input type="checkbox"/> SWBOL	Swiss Barcode of Life (SwissBOL)		1649	590	COI-5P[265], ITS2[60], rbcL[178], matK[167], Rho[0], COI-3P[84]	COI-5P[983], ITS2[103], rbcL[188], matK[176], ITS[0], Rho[0], COI-3P[162]	
<input type="checkbox"/> COLAB	Swiss endemic beetles		187	98	ITS2[60], COI-3P[84]	ITS2[103], COI-3P[162]	
<input type="checkbox"/> PLGE	Plants of Geneva	←	145	139	rbcL[136], matK[129]	rbcL[142], matK[134]	
<input type="checkbox"/> UGEAA	Code My Bug	←	63	44	COI-5P[44]	COI-5P[63]	
<input type="checkbox"/> DUNAA	DNA-barcoding of dung insects		2	2	COI-5P[2]	COI-5P[2]	
<input type="checkbox"/> ELAAA	Biodiversity of click beetles (Coleoptera, Elateridae) in Switzerland		129	28	COI-5P[27], ITS2[24]	COI-5P[111], ITS2[101]	
<input type="checkbox"/> EUMAB	Eumenes of Switzerland	←	41	10	COI-5P[10]	COI-5P[41]	
<input type="checkbox"/> FRMAA	Ants of the southern Alps		0	0	COI-5P[0]	COI-5P[0]	
<input type="checkbox"/> HYDRA	Swiss Hydrozoa	←	28	5	COI-5P[5]	COI-5P[28]	
<input type="checkbox"/> HYMAA	Wild bees of Switzerland		0	0	COI-5P[0], Rho[0]	COI-5P[0], Rho[0]	
<input type="checkbox"/> LEPAA	Swiss Rhopalocera and Zygaenidae (CSCF, BDM)	←	906	222	COI-5P[204]	COI-5P[747]	
<input type="checkbox"/> LEPAB	Swiss Zygaenidae		0	0	COI-5P[0]	COI-5P[0]	
<input type="checkbox"/> MAMAA	Castor sp. - preliminary results		0	0	COI-5P[0]	COI-5P[0]	
<input type="checkbox"/> OLGAA	Aquatic oligochaetes as freshwater bioindicators		0	0	COI-5P[0]	COI-5P[0]	
<input type="checkbox"/> PLEAA	Plecoptera of Switzerland	←	0	0	COI-5P[0]	COI-5P[0]	
<input type="checkbox"/> UGEAB	Code My Plant	←	46	44	rbcL[44], matK[40]	rbcL[46], matK[42]	

Feedback