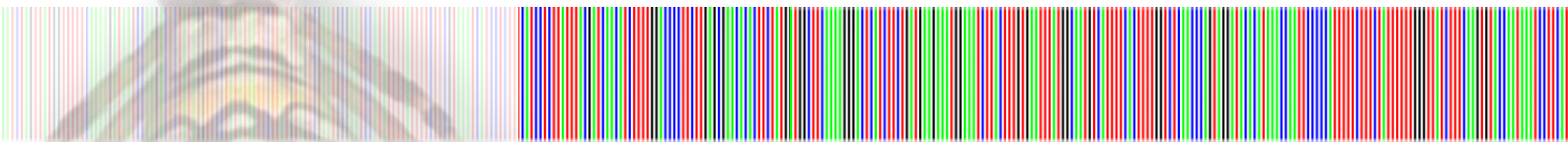




Rapport Annuel 2018



Association – Membres & Comité

L'Assemblée générale a eu lieu à Berne le 8 novembre, organisée en collaboration avec la Société Suisse de Systématique dans le cadre du workshop réalisé pendant le premier jour du meeting annuel de la Société.

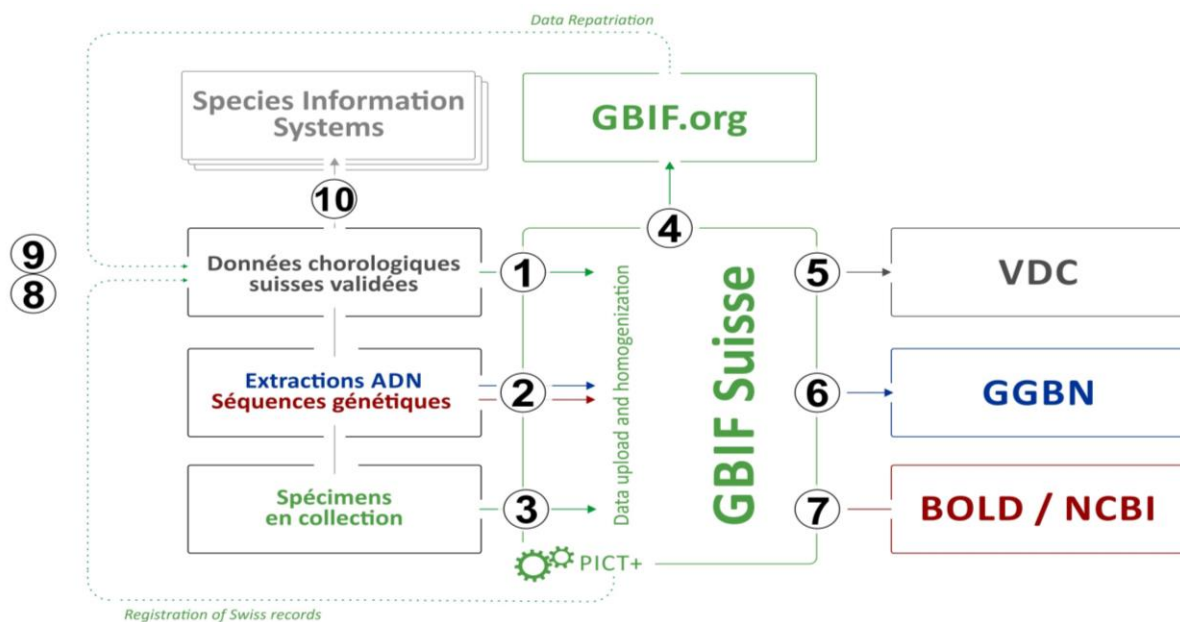
L'Association compte 35 membres dont 4 nouveaux : Andrin Gross (de la WSL), Jean-Louis Berthoud (étudiant à l'Université de Fribourg), Mathieu Perret et Michelle Price (du Conservatoire et jardin botaniques de Genève).

Le Comité constitué en 2015 par Christoph Scheidegger (WSL), Michel Sartori (MZL), Jan Pawlowski (UniGe), Sofia Wyler (CSCF) et Yves Gonseth (CSCF) s'est réuni deux fois au cours de l'année. Au mois de novembre Christoph quitte le comité et d'autres membres l'intègrent : Alice Cibois (MHNG), Andrin Gross (WSL), Edward Mitchell (UniNe) et Mathieu Perret (CJBG).

Financement – Coordination & Informatique

Le salaire pour la coordination a été entièrement pris en charge par info fauna – CSCF. Les locaux à l'Université de Genève dans le groupe de Jan Pawlowski mis à disposition de la coordinatrice ont pu être maintenus.

Les développements informatiques prévus par le Service informatique et télématique, SITEL, de l'Université de Neuchâtel de la plateforme PICT+ ont été initiés en automne. Cette plateforme permettra, entre autres, une extension de la structure actuelle de façon à intégrer les données moléculaires. Les informations sur le matériel génétique et les séquences ADN relatifs aux spécimens déposés dans les collections suisses pourront ainsi être enregistrées à travers une interface accessible. Ces données seront rendues disponibles sur le portail suisse et les liens aux Bases de Données internationales seront également facilités.



1. Agrégation et homogénéisation des données chorologiques des centres nationaux de données Info Species
2. Enregistrement et validation des séquences ADN relatives aux spécimens d'origine suisse ou étrangère déposés dans les collections des institutions muséales suisses et gestion du lien entre séquences, matériel génétique déposé et spécimens précités
3. Agrégation et homogénéisation des données chorologiques liées aux spécimens d'origine suisse et étrangère déposés dans les collections des institutions muséales suisses
4. Publication de l'ensemble des données suisses sur la biodiversité sur la plateforme GBIF internationale
5. Mise à disposition de la Confédération, des cantons et des espaces protégés, via le Virtual Data Center, des données suisses de haute précision validées par Info Species
6. Connection des banques ADN suisses au Global Genome Biodiversity Network
7. Etablissement des liens entre séquences publiées au niveau international et matériel déposé dans les collections des institutions muséales suisses
8. Mise à disposition des données de spécimens d'origine suisse ou étrangère déposés dans les collections des institutions muséales suisses sur la plateforme GBIF.org pour validation
9. Mise à disposition des données suisses publiées sur la plateforme GBIF.org par des institutions étrangères aux centres nationaux de données Info Species pour validation (rapatriement)
10. Publication des liens existants entre le matériel génétique, séquence et données chorologiques relatives aux spécimens de référence des espèces de la faune, de la flore vasculaire et cryptogamique de Suisse (encyclopédie de la biodiversité suisse)

En fin d'année, les activités concernant les développements informatiques ont pris tout une autre dimension avec la mise à disposition par info fauna – CSCF des ressources nécessaires pour le développement de scripts qui permettront une simplification de la récupération et mise à niveau des données génétiques.

Activités – Collaboration & Promotion

En début d'année, le SwissBOL a été invité à participer à la Cost Action DNAqua-Net, qui a pour but d'identifier des outils génomiques et de nouveaux indices et paramètres écologiques et génomiques, destinés à être utilisés de manière courante dans les évaluations de la biodiversité et le suivi biologique des masses d'eau européennes.

Le SwissBOL est impliqué dans deux groupes de travail – *DNA Barcode References* avec la participation de S. Wyler et *Biotic Indices & Metrics* dans lequel J. Pawlowski et L. Apothéloz-Perret-Gentil participent.

Dans le contexte international, le SwissBOL a également été invité à participer à iBOL. Cette structure a changé de fonctionnement et est devenu une corporation avec laquelle les partenaires sont invités à signer un Memorandum of Understanding et payer une cotisation annuelle. Cela permettra aux partenaires une participation plus active aux discussions stratégiques et garantira un droit de vote aux décisions. Le SwissBOL a été invité par Paul Hebert à devenir membre partenaire et le Comité a étudié plusieurs voies pour le financement et la signature officielle du MoU, notamment auprès de la SCNAT. Ce sujet sera un des points à développer en 2019.

Communication – Site Web & Protocoles

Le Site Web du SwissBOL, www.swissbol.ch, a fait peu de nouveautés avec une simplification de la structure et une actualisation des contenus, surtout en ce qui concerne la description des différents projets. Avec la mise à disposition des ressources d'info fauna – CSCF, la traduction des



contenus en allemand est envisagée pour le début de l'année prochaine et une réactualisation plus régulière est prévue. Le Site Web étant l'unique fenêtre publique des activités du SwissBOL, un soin particulier doit être donné.

Afin de mieux diffuser les bonnes pratiques pour aboutir à des données valides, des protocoles ont été établis pour les différentes phases de l'acquisition. Ces protocoles ont pour but de faciliter l'accès aux standards requis et familiariser les partenaires avec des procédures qui assurent la bonne qualité des informations. Les protocoles seront mis à disposition sur le Site Web en trois langues – français, anglais et allemand.

Projets – Données & Publications

Les résultats de plusieurs projets ont été publiés en tant qu'articles scientifiques avec les données mis à disposition dans BOLD SYSTEMS et/ou Genbank.

- Elateridae – *In Press* Vuataz L, Sanchez A, Wyler S, Blanc M, Chittaro Y. Diversity and relationships of Ampedini Gistel, 1848 (Coleoptera, Elateridae) in Switzerland and Europe. *Invertebrate Systematics*.
- Nebella – *European Journal of Protistology*
- Lepidoptera – *Plos One*



Available online at www.sciencedirect.com

ScienceDirect

European Journal of Protistology 66 (2018) 174–165

European Journal of
PROTISTOLOGY

www.elsevier.com/locate/jprot

En garde! Redefinition of *Nebela militaris* (Arcellinida, Hyalospheniidae) and erection of *Alabasta* gen. nov.

Clément Duckert^{a,1}, Quentin Blandinier^{a,b,3,4,1}, Fanny A.L. Kupferschmid^a, Anush Kosakyan^a, Edward A.D. Mitchell^{a,6}, Enrique Lara³, David Singer^{a,6}

^a Laboratory of Soil Biodiversity, Institute of Biology, University of Neuchâtel, Rue Emile-Argand 11, Neuchâtel CH-2000, Switzerland

^b Real Jardín Botánico, CSIC, Plaza de Murillo 2, Madrid 28014, Spain

³ Institute of Parasitology, Biology Centre, Czech Academy of Sciences, Branišovská 31, České Budějovice 37005 Czech Republic

⁴ Jardin Botanique de Neuchâtel, Chemin du Perrotin-du-Saint-28, Neuchâtel CH-2000, Switzerland

⁵ Department of Zoology, Institute of Biosciences, University of São Paulo, Brazil

Received 30 May 2018; received in revised form 14 August 2018; accepted 17 August 2018
Available online 23 August 2018

Abstract

Molecular data have considerably contributed to building the taxonomy of protists. Recently, the systematics of Hyalospheniidae (Arcellinida, Arcellinida) has been widely revised, with implications extending to ecological, biogeographical and evolutionary investigations. Certain taxa, however, still have an uncertain phylogenetic position, including the common and conspicuous species *Nebela militaris*. A phylogenetic reconstruction of the Hyalospheniidae using partial sequences of the mitochondrial Cytochrome Oxidase Subunit 1 (COI) gene shows that *N. militaris* does not belong to genus *Nebela*, but should be placed in its own genus. The morphological singularities (strongly curved pseudonome and a reached notch in lateral view) and phylogenetic placement of our isolates motivated the creation of a new genus: *Alabasta* gen. nov. Based on their morphology, we include in this genus *Nebela khavrusae* and *Nebela longicollis*. We discuss the position of genus *Alabasta* within Hyalospheniidae, and the species that could integrate this new genus based on their morphological characteristics.

© 2018 Published by Elsevier GmbH.

Keywords: Amoebozoa; Biomery; DNA barcoding; Molecular phylogeny; Protist; Taxonomic revision

Introduction

Testate amoebae are ubiquitous microorganisms in many terrestrial and freshwater to brackish aquatic environments (Meyerfeldt 2002; Trypanov et al. 2016). Their ecological sensitivity, key functional role in microbial food-webs (Toney

et al. 2012), and the good preservation of their test in sediments and peat designates them as excellent bioindicators for present and past environmental conditions (Auerbach et al. 2016; Mitchell et al. 2003), ecotoxicology (Auerbach et al. 2013), and even forensic science (Soggey et al. 2016). Clear taxonomy is a prerequisite for sound ecological work. However, most original descriptions of testate amoeba species were based only on morphological characters (e.g. test composition, test and pseudonome dimensions) and the validity and phylogenetic position of many taxa are currently unclear. On one hand, several studies have revealed cases of cryptic

¹ Corresponding authors at: Laboratory of Soil Biodiversity, Institute of Biology, University of Neuchâtel, Rue Emile-Argand 11, Neuchâtel CH-2000, Switzerland.
E-mail address: clement.duckert@unine.ch (C. Duckert).

² These authors contributed equally to the paper.

<https://doi.org/10.1016/j.ploone.2018.08.005>

0924-6460/2018 Published by Elsevier GmbH.



OPEN ACCESS

Citation: Litzman J, Chittaro Y, Birrer S, Praz C, Wermelle E, Hart M, et al. (2018) A DNA barcode reference library for Swiss butterflies and forester moths as a tool for species identification, systematics and conservation. PLoS ONE 13(12): e0208259. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0208259>

Editor: Feng ZHANG, Nanjing Agricultural University, CHINA

Received: August 6, 2018

Accepted: November 20, 2018

Published: December 21, 2018

Copyright: © 2018 Litzman et al. This is an open access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License, which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original author and source are credited.

Data Availability Statement: All sequences are available from the BOLD Systems database under the following accession numbers: LEPAM001-16, LEPAM002-16, LEPAM003-16, LEPAM004-16, LEPAM005-16, LEPAM006-16, LEPAM007-16, LEPAM008-16, LEPAM009-16, LEPAM010-16, LEPAM011-16, LEPAM012-16, LEPAM013-16, LEPAM014-16, LEPAM015-16, LEPAM017-16, LEPAM018-16, LEPAM019-16, LEPAM020-16, LEPAM021-16, LEPAM022-16, LEPAM023-16, LEPAM024-16, LEPAM025-16.

RESEARCH ARTICLE

A DNA barcode reference library for Swiss butterflies and forester moths as a tool for species identification, systematics and conservation

Jessica Litzman^{1,2}, Yannick Chittaro³, Stefan Birrer^{4,5}, Christophe Praz², Emmanuel Wermelle⁶, Markus Fluri^{4,5}, Thomas Stilling^{4,5}, Sarah Schmid⁴, Sofia Wyley⁷, Yves Genseth²

¹ Museum of Natural History of Neuchâtel, Neuchâtel, Switzerland, ² info fauna – CSCF, Neuchâtel, Switzerland, ³ Hiltnermann & Weber AG, Rheinach, Switzerland, ⁴ Biodiversity Monitoring Switzerland, Bern, Switzerland, ⁵ Laboratory of Evolutionary Entomology, Institute of Biology, University of Neuchâtel, Neuchâtel, Switzerland, ⁶ Frodoanco biologist, Villiers, Switzerland, ⁷ Department of Computational Biology, University of Lausanne, Lausanne, Switzerland

* jessica.litzman@unine.ch

Abstract

Butterfly monitoring and Red List programs in Switzerland rely on a combination of observations and collection records to document changes in species distributions through time. While most butterflies can be identified using morphology, some taxa remain challenging, making it difficult to accurately map their distributions and develop appropriate conservation measures. In this paper, we explore the use of the DNA barcode (a fragment of the mitochondrial gene COI) as a tool for the identification of Swiss butterflies and forester moths (Rhopalocera and Zygaenidae). We present a national DNA barcode reference library including 868 sequences representing 217 out of 224 resident species, or 96.9% of Swiss fauna. DNA barcodes were diagnostic for nearly 90% of Swiss species. The remaining 10% represent cases of para- and polytomy likely involving introgression or incomplete lineage sorting among closely related taxa. We demonstrate that integrative taxonomic methods incorporating a combination of morphological and genetic techniques result in a rate of species identification of over 96% in females and over 88% in males, higher than either morphology or DNA barcodes alone. We explore the use of the DNA barcode for exploring boundaries among taxa, understanding the geographical distribution of cryptic diversity and evaluating the status of purportedly endemic taxa. Finally, we discuss how DNA barcodes may be used to improve field practices and ultimately enhance conservation strategies.

Introduction

Butterflies, particularly sensitive to changes in the environment and thus often used as indicators of habitat quality, are among the most closely monitored insects. Dramatic losses have

Stratégie – Objectifs & Activités

En accord avec les démarches entreprises ces dernières années pour l'établissement au niveau suisse d'un centre de données génétiques, le GBIF nœud suisse, dans le cadre du nouveau contrat avec l'OFEV (2019-2022), prend officiellement en charge la gestion et manutention des données génétiques. Dans ce sens, la plateforme informatique permettant l'inclusion de ces données doit voir le jour au printemps 2019.

Deux nouveaux projets seront développés en 2019 avec des demandes de financement spécifiques :

1. Le projet sur les Trichoptères sera développé entre le Musée de Zoologie de Lausanne et l'Université de Genève. Ce projet vise à combler les données de référence sur les EPT, souvent utilisés comme indicateurs dans les suivis de la biodiversité aquatique.
2. Le projet sur les Orthoptères sera développé en lien avec la Liste Rouge entre le centre info fauna – CSCF et le Muséum d'Histoire Naturelle de la ville de Genève. Cette étude fera l'objet d'un projet exploratoire au niveau des techniques de séquençage pour l'inventaire de la biodiversité.

Un inventaire des projets en cours générateurs de données génétiques utiles à l'élaboration de l'encyclopédie suisse de la biodiversité sera dressé avec une estimation pour chaque projet de l'effort nécessaire pour la mise à niveau des informations. Les procédures de gestion du matériel et données génétiques en lien avec des spécimens de référence mis en collection seront actualisées et promues auprès des chercheurs suisses.

