



**+ SwissBOL**



# Rapport Annuel 2019



# Association Swiss Barcode Of Life

L'Assemblée Générale a eu lieu le 29 janvier 2020 à Neuchâtel, laquelle a réuni une quinzaine de personnes. La rencontre a été rendue possible grâce à infoFauna-CSCF.

## Association – Membres & Comité

L'Association compte 43 membres dont 8 nouveaux : Nadir Alvarez, Jérémy Gautier, Tommy Andriollo (Muséum d'Histoire Naturelle de la ville de Genève), Jean-Luc Gattolliat (Musée Cantonal de Zoologie de Lausanne), Nicolas Kramar et Sonja Gerber (Musée de la Nature du Valais), Beat Pfarrer (Natur Historisches Museum Bern) et Heinrich Vicentini.

Le Comité constitué en 2018 par Alice Cibois (MHNG), Andrin Gross (WSL), Edward Mitchell (UniNe), Jan Pawlowski (UniGe), Mathieu Perret (CJBG), Michel Sartori (MZL), Sofia Wyler (CSCF) et Yves Gonseth (CSCF) s'est réuni deux fois au cours de l'année. Le comité reste inchangé pour 2020, mais la présidence sera dorénavant assurée par Mathieu Perret.

### 1 Futur & Consolidation

- Garantir la continuité
- Dégager des moyens

### 2 Objectifs & Evolution

- Définir une stratégie
- Élargir les activités

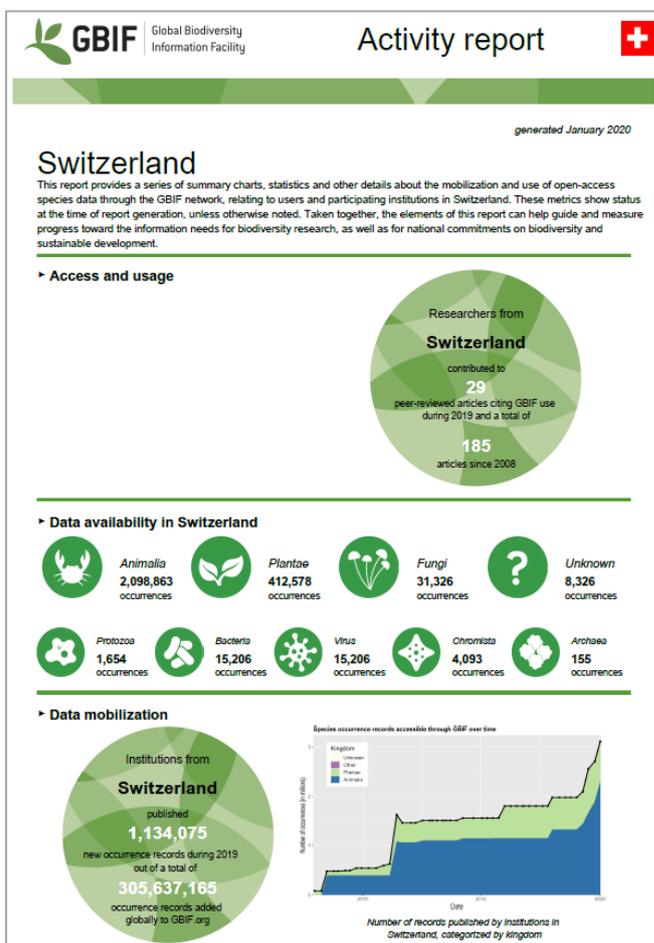
### 3 Rôle & Visibilité

- Renforcer le réseau
- Permettre l'accès

## Financement – Partenariat GBIF.ch

Le nouveau contrat de quatre ans (2019-2022) du Nœud Suisse GBIF avec l'Office Fédéral de l'Environnement (OFEV) comprend désormais la compilation, la validation et l'enregistrement des données génétiques d'origine suisse. Cette officialisation a eu un effet positif sur la reprise des travaux autour de l'inventaire génétique de la biodiversité suisse et la réactivation du réseau de l'association.

Une telle renaissance est le résultat de nombreuses discussions internes et négociations externes qui n'ont été possibles que par la persévérance et l'engagement constant des membres du Comité. De plus, sa composition actuelle rassemble différentes sensibilités et connaissances, renforçant ainsi les différents buts de l'Association. Il est maintenant temps de rétablir la mission principale de SwissBOL, qui est de promouvoir l'utilisation des méthodes génétiques pour l'étude et la surveillance de la biodiversité en Suisse.



# Projets – Recherche & Développement

Sous le chapeau du SwissBOL, deux nouveaux projets de recherche ont reçu un financement. Le premier, qui concerne le *DNA barcoding* classique des Trichoptères de Suisse, a pu être développé, grâce au soutien de la Fondation Schmidheiny (10'000 CHF). La collaboration entre le Musée Cantonal de Zoologie de Lausanne et l'Université de Genève a été essentielle dans l'élaboration de cette étude.



Le deuxième projet, sur les Orthoptères, a été financé par l'OFEV (41'390 CHF) et se développe en lien avec la réactualisation de la Liste Rouge. Les partenaires engagés sont infoFauna-CSCF et le Muséum d'Histoire Naturelle de Genève. Une approche multi-locus associée au séquençage massif est appliquée dans cette étude pilote pour le référencement génétique des espèces en Suisse. Ce projet garantit une rétrocompatibilité avec le Col, locus classiquement utilisé dans le référentiel génétique des espèces, et permet d'obtenir des séquences de la totalité du génome mitochondrial, ainsi que du génome nucléaire (ADN ribosomal et *ultra-conserved elements*; UCE).



Le projet Orthoptères teste à la fois deux choix stratégiques que nous aimerions consolider et généraliser. Le premier s'agit de profiter des travaux de terrain développés au sein des projets nationaux de suivi de la biodiversité, comme les réactualisations des Listes Rouges, pour récolter du matériel frais pour la génétique. Le deuxième choix est de développer une méthode qui soit transférable à d'autres groupes d'animaux, comme les Mollusques. L'année 2020, dans l'attente des premiers résultats du projet Orthoptères, sera une année de transition et les projets auront un format de *DNA barcoding* classique.



## Données – Gestion & Centralisation

PICT+ est le nom du système informatique qui permettra l'intégration des données relatives au matériel génétique et aux séquences ADN qui définissent le référentiel génétique de la biodiversité. En plus de gérer ces informations, le système en question permettra la centralisation de données passablement hétérogènes d'origines diverses, telles que les centres de données et les musées.

Le référentiel génétique prévoit des liens entre les dimensions génétiques et les registres des *vouchers* dans les musées et des observations des spécimens dans les centres. Les flux doivent ainsi être mis en place afin de faciliter la mise en lien de toutes ces dimensions, dans le but de garantir la non-redondance des entrées et l'exhaustivité des informations. Ces développements sont à charge du SITEL à l'Université de Neuchâtel.

Afin de préparer le système, la base de données du GBIF.ch a été complétée avec des tables qui reçoivent les données génétiques. Parallèlement, une matrice de saisie permettant l'échange des informations de manière structurée a été préparée. La matrice est à disposition des utilisateurs, ainsi qu'un document réunissant les recommandations sur les informations à partager avec le GBIF.ch.

En 2020, l'accent va être mis sur la publication des données, en ce qui concerne l'enregistrement et la diffusion, notamment dans BOLD. Les développements informatiques prévus par le SITEL pour PICT+ seront à la base de la révision du portail GBIF.ch qui va permettre la visualisation et l'accès aux données relatives au référentiel génétique.

## Projet



- Jeu de données

## ADN



- Extraction
- Extrait ADN
- Tissu d'origine

## Séquences



- Documentation
- Publication

## Sanger Files



- Séquençage
- Amplification

## Primers



- Documentation
- Publication

### A. EXTRACTION ADN

#### A.1 Indications sur l'échantillon organique

L'échantillon organique représente le matériel biologique dont l'ADN est extrait - feuille, sang, muscle, cheveux, écouvillon buccal. Elle est ci-après généralisée sous le nom de TISSUE.

#### INFORMATION REQUISE

- TISSUETYPE → Type de matériel organique utilisé pour l'extraction de l'ADN

En cas de disponibilité d'échantillon tissulaire, fournir aussi:

- TISSUEINS → Institution qui dispose encore de l'échantillon organique
- TISSUEID → Identifiant interne assigné par l'institution assurant actuellement le stockage de l'échantillon organique

#### A.2 Indications sur l'échantillon génétique

L'échantillon génétique représente le matériel biologique lié à l'ADN.

#### INFORMATION REQUISE

- DNATYPE → Type d'ADN extrait

En cas de disponibilité d'échantillon tissulaire, fournir aussi:

- DNAINS → Institution qui dispose encore de l'échantillon génétique
- DNAID → Identifiant interne assigné par l'institution assurant actuellement le stockage de l'échantillon génétique

#### A.3 Indications sur l'extraction de l'ADN

Cette section concerne la méthodologie et les protocoles utilisés dans le laboratoire pour l'obtention de l'ADN. Les informations se référant à ces zones sont regroupées sous le préfixe EXT.

#### INFORMATION REQUISE

- EXTID → Identifiant assigné temporairement par le labo à l'extrait ADN
- EXTINS → Institution /Compagnie ayant effectué l'extraction
- EXTCONTACT → E-Mail de la personne de contact concernant l'extraction
- EXTMETHOD → Kit commercial ou protocole utilisé pour extraire l'ADN
- EXTMETHODSUP → Fournisseur commercial du kit ou référence du protocole utilisé
- EXTSTAFF → Personne ayant procédé à l'extraction d'ADN
- EXTYEAR → Date à laquelle l'ADN a été extrait

# Réseau – Collaboration & Promotion

## CENTRES INFO SPECIES

- Nouveaux projets – Afin d'assurer la continuité des travaux de référencement génétique des espèces, le SwissBOL a suggéré de profiter des travaux de terrain à charge des centres de compétences pour récolter du matériel frais utilisable pour les analyses génétiques. Un volet supplémentaire serait donc affilié à ces projets pour couvrir les frais de labo pour l'acquisition des données génétiques. Cette logique a commencé à être mise en place pour la faune de manière concrète et infoFauna-CSCF soutient le développement de ces études. Face au positionnement soutenant de la majorité des autres centres, et de l'engouement de la part de l'OFEV, le SwissBOL va poursuivre le réseautage et développer ces nouvelles synergies, notamment auprès d'infoFlora, SwissBryophytes, SwissLichens et SwissFungi, au cours de l'année 2020.
- Gestion des données – Les données d'observation des espèces présentes à un endroit  $x$  à un moment  $t$  sont gérées par les centres de données. Certains centres, dont infoFlora, ont montré un intérêt particulier à utiliser ce qui a été mis en place par le GBIF.ch afin de mettre en lien les données observationnelles et ce qui se produit en termes d'informations génétiques. Le projet PhyloAlps ([www.phyloalps.org](http://www.phyloalps.org)) lancé en 2009 et qui prévoit de séquencer les

génomomes de 4'500 taxons de plantes à fleurs de l'arc alpin est un bon point de départ pour les plantes se trouvant sur le territoire suisse. Les premières analyses sur l'ensemble des données PhyloAlps verront le jour l'année 2020.

- ADN environnemental – Récemment, l'utilisation de l'ADN environnemental dans le suivi de la biodiversité a fait apparaître une nouvelle catégorie de données de recensement des espèces qui doivent être validées par les centres. Nous avons travaillé avec infoFauna-Karch afin d'incorporer dans la base de données PICT+ les concepts qui permettront d'enregistrer la présence ou l'absence d'espèces ciblées sur la base des informations issues de l'ADN environnemental. En 2020, l'OFEV publiera les nouvelles recommandations concernant l'application de l'ADN environnemental dans la bio-surveillance et la bio-évaluation des écosystèmes aquatiques et les centres concernés doivent pouvoir intégrer les données résultant de ces études dans leurs bases de données respectives.

## MUSEES & CONSERVATOIRES

- Collections – Ancré au développement de nouveaux projets, il y a le rôle des musées d'histoire naturelle et des conservatoires et jardins botaniques dans la conservation de ce matériel de référence pour les espèces suisses. Selon les groupes taxonomiques traités, différentes institutions sont ainsi ponctuellement mobilisées pour participer à cet élan général. Par ailleurs, les avancées techniques récentes en matière de capture par hybridation rendent les collections d'histoire naturelle particulièrement intéressantes du point de vue de source d'information génomique. En effet, ces approches moléculaires permettent d'analyser des échantillons anciens avec une faible teneur en ADN ou pour lesquels l'ADN est fortement fragmenté et biochimiquement dégradé et de pallier ainsi aux difficultés rencontrées jusqu'à maintenant pour l'utilisation de ces ressources extrêmement précieuses. Au cours de 2020, nous aurons accès aux premiers résultats du projet Orthoptères, calibré sur une approche de capture par hybridation, et pourrons ainsi envisager une généralisation de la méthode et de son application aux collections d'histoire naturelle d'importance nationale.
- Banque ADN – Une des dimensions associées au référentiel suisse est le matériel génétique stocké dans de bonnes conditions et de façon pérenne et accessible. Ce matériel concerne aussi bien l'ADN extrait comme le tissu à l'origine de l'extraction. Le SwissBOL s'efforce d'instaurer un réseau officiel d'institutions nationales qui participeront à la gestion de ce matériel de manière durable. Dès l'été 2020, les CJBG et le MHNG seront prêts à recevoir des échantillons pour du matériel de référence et le rôle de l'Association est de catalyser le processus auprès d'autres institutions potentiellement détentrices des conditions requises pour la gestion de cette collection. Le GBIF.ch garantit la mise en lien de ces données aux autres dimensions du référentiel et l'accès aux informations à travers la révision du portail suisse.

## IBOL – INTERNATIONAL BARCODE OF LIFE

- Consortium – Le SwissBOL est un membre officiel du comité scientifique et participe ainsi au nouveau programme Bioscan initié en Juin 2019. Ce projet cherche à « éclairer la biodiversité » en développant des systèmes basés sur l'ADN pour identifier les espèces et découvrir toute la vie multicellulaire. En 2020, il sera question de publier de nouvelles données SwissBOL et de contribuer aux discussions scientifiques.

