

Participation au projet MycoSeq

Règlement à l'usage des demandeurs

Le principe : le projet MycoSeq est un partenariat entre la Société Mycologique de France (SMF, Paris) et le Centre d'Ecologie Fonctionnelle et Evolutive (CEFE, Montpellier), visant à promouvoir la production de connaissances mycologiques via l'outil moléculaire, leur valorisation scientifique et leur diffusion grâce à une collaboration entre mycologues amateurs et académiques. Il propose aux membres de la SMF, sous la responsabilité de celle-ci, l'accès au séquençage de marqueurs ADN réalisé par le CEFE, à travers une convention signée le 13 décembre 2015.

Cette initiative répond à une demande croissante de la communauté d'accéder au séquençage de récoltes personnelles mais aussi d'être accompagnée vers l'intégration des approches phylogénétiques en taxinomie fongique. MycoSeq est conçu pour répondre à cette double demande, en grande partie sur la base du bénévolat de ses acteurs et sans recherche de profit pécuniaire, les sommes perçues auprès des demandeurs permettant juste de couvrir les frais d'analyse. Les conditions proposées aux membres demandeurs par la SMF sont détaillées ci-après.

Le pilotage du projet : il est assuré par la Commission des Partenariats Scientifiques de la SMF. Ses membres gèrent les demandes de séquençage, la programmation des analyses, et assurent auprès des demandeurs, à titre bénévole, l'aide à l'interprétation et à la valorisation des résultats selon leurs demandes et leurs besoins.

Les attendus : moyennant une participation aux frais de 12 euros (TTC) par séquence, les demandeurs obtiendront en retour une séquence ADN vérifiée au format FASTA et un chromatogramme au format pdf, par courrier électronique. Le demandeur pourra obtenir des conseils auprès de la Commission, avant la validation de sa demande de séquençage, et par la suite, une aide à l'analyse, l'interprétation et à la publication éventuelle de ses séquences.

Les cas d'échec : il est admis que toute opération de séquençage comporte un risque d'échec (impossibilité d'obtention de séquence interprétable) ou d'erreur (obtention d'une séquence ne correspondant pas à l'attente du Demandeur). Le CEFE s'engage à une obligation de moyens, correspondant aux protocoles d'extraction et d'amplification standard et à la sous-traitance du séquençage à ses partenaires habituels. L'échec moyen du protocole sur des échantillons d'origine variée est de 10 % au 15/1/2015. Le risque est supérieur à cette moyenne pour les échantillons de plus de 10 ans.

Le CEFE s'engage à réaliser les séquences sur des spécimens âgés de moins de 10 ans (date de récolte) à la date de réception, et à assumer le coût d'éventuels échecs ou erreurs sur ces spécimens. Il décline sa responsabilité sur des spécimens de plus de 10 ans, et facturera la prise en charge et l'amplification du matériel à hauteur de 6 euros TTC en cas d'échec d'amplification (pas de produit de PCR à la taille attendue) ou de 12 euros TTC en cas d'obtention de séquences ininterprétables (chromatogrammes illisibles) ou de contaminants manifestes (résultat hors famille attendue). En cas d'erreur de manipulation démontrée ou suspectée de la part du CEFE, un nouvel essai non facturé sera effectué.

Publication des résultats : la SMF encouragera vivement les demandeurs à publier leurs résultats sous forme d'articles dans le Bulletin de la Société Mycologique de France, sans décourager pour autant la valorisation de résultats ponctuels dans les autres bulletins associatifs. Le CEFE encouragera et soutiendra les initiatives de publication de résultats importants dans des journaux scientifiques à diffusion internationale. La Commission pourra être sollicitée pour aider à cette valorisation, et s'autorisera à orienter le demandeur vers les possibilités les mieux adaptées à ses résultats. Conforme aux exigences d'une approche scientifique, les demandeurs sont vivement encouragés à déposer au moins un duplicata des spécimens séquencés dans un herbier reconnu.

La propriété : selon les termes de ce partenariat, les séquences sont la propriété conjointe du demandeur, du CEFE et de la SMF. A ce titre chacun des partenaires possède des droits et des obligations sur ces séquences, répartis ainsi :

- 1) la SMF se porte garante du respect des termes du partenariat par le demandeur, un non-respect du règlement pouvant aboutir au rejet des demandes ultérieures sur décision de la Commission ; elle renonce au droit d'usage des séquences pour ses activités propres (sauf si elle agit elle-même en qualité de demandeur) ;
- 2) le CEFE garantit la qualité et la fiabilité du séquençage, et ne jouit d'un droit d'usage des séquences pour ses activités propres que sur autorisation expresse de la SMF et du demandeur ;
- 3) à partir du dépôt de la séquence dans une base de données publique (GenBank, UNITE...) ou dans une publication, les obligations liées à la propriété de la séquence deviennent caduques et le libre usage en est acquis par tous les partenaires. Cette publication peut être réalisée par chacun des partenaires, avec l'autorisation des autres. Elle est vivement encouragée, dès lors qu'elle ne porte pas préjudice à la confidentialité d'un projet associé ;
- 4) toutes les demandes de dépôt ou de publication doivent être soumises à la Commission ;
- 5) toute publication doit comporter dans les Remerciements la mention : « Les analyses moléculaires [préciser éventuellement : séquençage, phylogénie, interprétation] ont été réalisées [en partie/en totalité] dans le cadre du projet MycoSeq, Société Mycologique de France - Paris/CEFE UMR 5175, CNRS - Université de Montpellier - Université Paul-Valéry Montpellier – EPHE - INSERM ».
- 6) le demandeur, en renvoyant le formulaire associé signé, accepte les termes du Règlement exposés ici.

Soumettre une ou plusieurs récoltes au séquençage

Le matériel

Placer un fragment de sporophore (de préférence prélevé dans l'hymenium), ou un sporophore entier s'il est de petite taille (moins d'1 mm de diamètre sur exsiccatum), dans un sachet plastique à zip de dimensions égales ou inférieures à 10,5 x 6 cm.

Conseils : L'extraction d'ADN s'effectue sur une très faible quantité de matériel sec (quelques milligrammes de sporophore) ; il est inutile et non souhaitable d'en envoyer davantage. Pour limiter les risques de contaminations par d'autres champignons, éviter les parties altérées ou au contact direct du substrat (base du pied etc.). Choisir plutôt des spécimens jeunes, voire immatures (sauf en cas de risque de mauvaise identification). Pour de très petits échantillons (type *Orbilia*...) ne prélever qu'un sporophore en évitant le substrat autant que possible.

L'envoi

Votre envoi doit contenir, dans une enveloppe postale dûment affranchie :

- les spécimens à analyser, chacun étant isolé dans son sachet plastique fermé et étiqueté par un numéro d'identification unique ;
- le formulaire (téléchargeable sur le site de la SMF), rempli et signé ;
- le tableau reprenant la liste des spécimens avec leur numéro d'identification (téléchargeable sur le site de la SMF);
- le règlement correspondant à l'envoi (12 euros par séquence, par chèque à l'ordre de la SMF),

à l'adresse suivante :

Société Mycologique de France

projet MycoSeq

20 rue Rottembourg

75012 PARIS

Le formulaire et le tableau peuvent également être envoyés par courriel à MycoSeq

<mycoseq@mycofrance.fr>

En cas de règlement par virement bancaire, les échantillons ne seront pris en compte qu'à réception du règlement.

L'envoi du formulaire signé (ou envoyé par courriel) accompagné du règlement vaut acceptation des conditions précitées.

Les analyses

Les échantillons seront analysés semestriellement, à dates fixées par la Commission. La restitution des séquences aura lieu dans un délai maximum de 30 jours à compter de ces dates.

La Commission se réserve le droit de décider, parmi les demandes reçues, de l'ordre de passage des échantillons pour les analyses au cas où celles-ci excèderaient le quota prévu (96 séquences par semestre). Le demandeur sera directement contacté au cas où son envoi serait susceptible de ne pas pouvoir être analysé dans les conditions annoncées.