

Variations spatio-temporelles de la biodiversité capturées par l'ADNe

Dominique A. Cowart¹, Anne-Elise Nieblas¹, Thomas Chevrier¹, Jérémie Chanut¹, Serge Bernard², Mervyn Ravitchandirane³, Victor Illien³, Magali Duval³, Sylvain Bonhommeau³



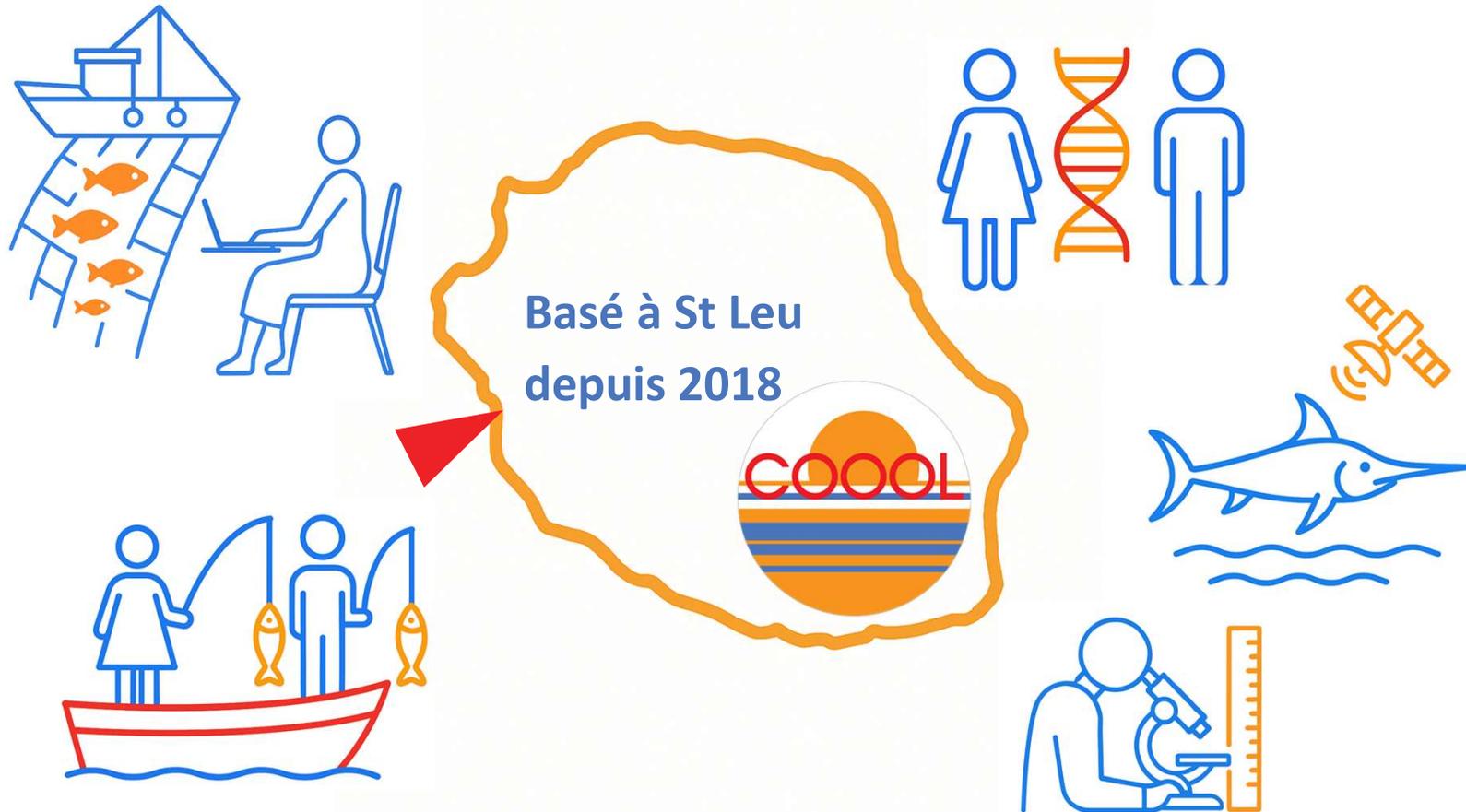
Gaby Barathieu

Plan

1. Qui est COOOL?
2. Résumé des projets
3. Qu'est-ce que l'ADN environnemental (ADNe)?
4. Projet PUMP-IT (pilote)
5. Prochaines étapes

Qui est COOOL ?

Company for Open Ocean Observations and Logging





Ecosystem monitoring

Biodiversity surveys
Coastal environment
Bathymetric mapping

Traditional data collection

Innovative scientific instrumentation

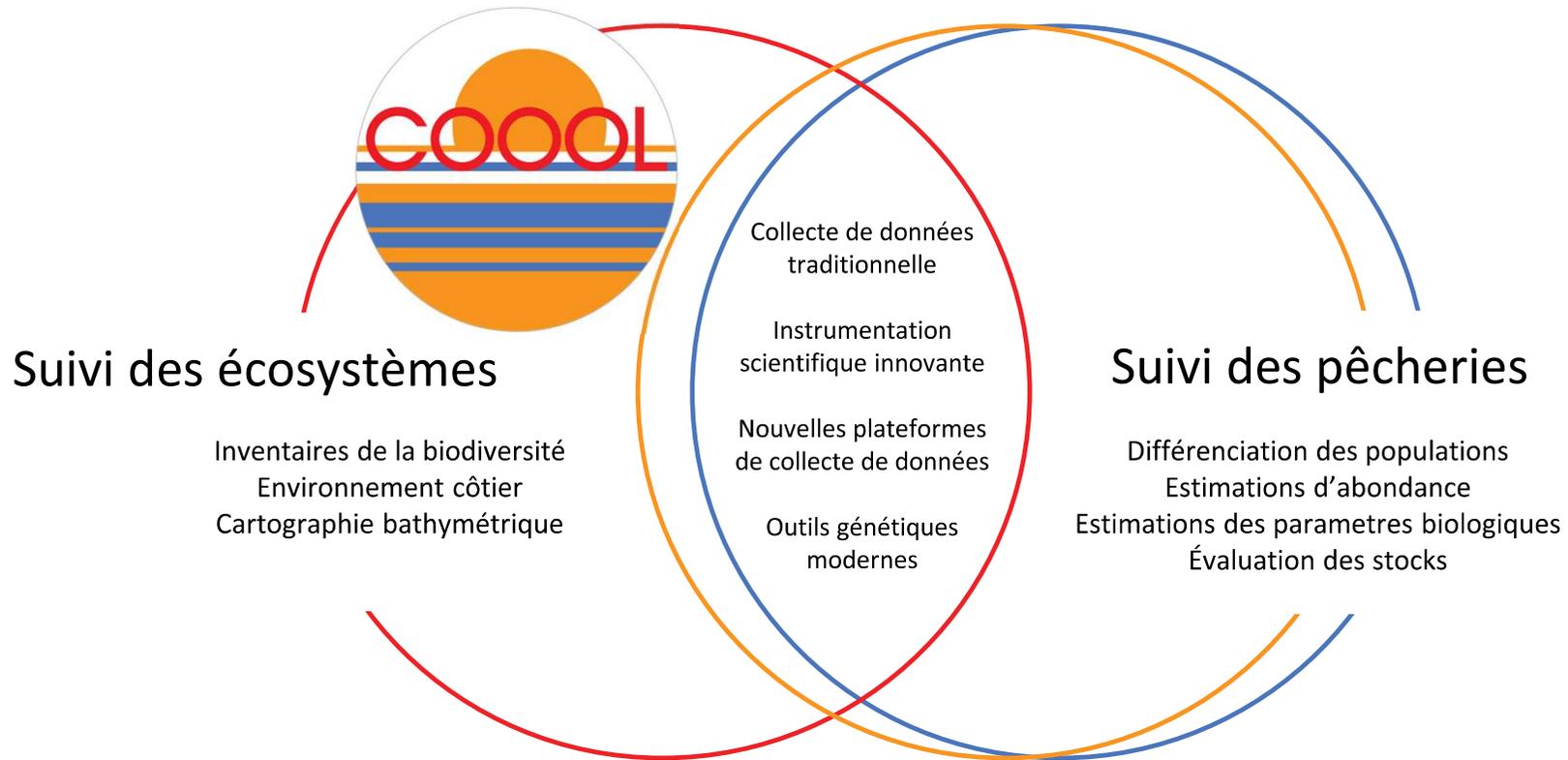
Novel data collection platforms

Modern genetic tools

Fisheries monitoring

Population discrimination
Abundance estimates
Estimates of biological parameters
Stock assessment

Que fait COOOL?



www.company-cool.io

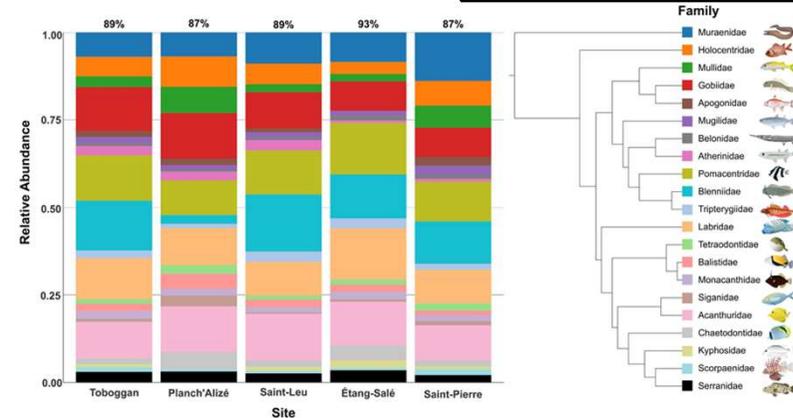
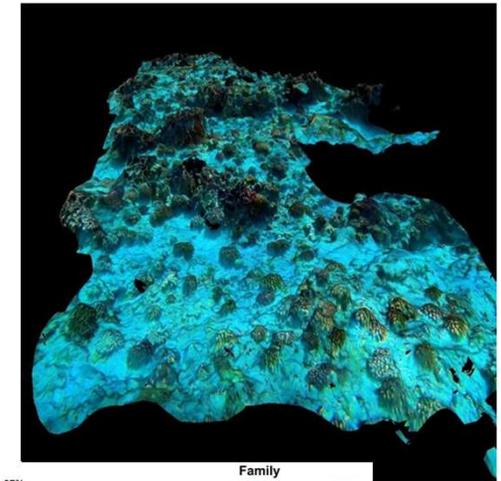
Système de collecte de données développé sur mesure



PLANCHIA



Orthophotographie/
Photogrammetrie
Apprentissage profond
Biodiversité basée sur l'ADNe



Contini, M., Illien, V., Julien, M. *et al.* Seatizen Atlas: a collaborative dataset of underwater and aerial marine imagery. *Sci Data* 12, 67 (2025).
<https://doi.org/10.1038/s41597-024-04267-z>

Gogendeau, P., Bonhommeau, S., Fourati, H. *et al.* An open-source Autonomous Surface Vehicle for Acoustic Tracking, Bathymetric and Photogrammetric Surveys. *Ocean Engineering*. (in press)

Cowart, DA., Chevrier, T., Nieblas, A.-E., *et al.* Detecting local variations across metazoan communities in back-reef depressions of Reunion Island (Mascarene Archipelago) through environmental DNA survey. *Frontiers in Marine Science* (2024)
<https://www.frontiersin.org/journals/marine-science/articles/10.3389/fmars.2024.1423676>

Cowart et al. Coral reef eDNA data provides taxa-specific insights into community differences across Reunion Island lagoons. (*En prep*)

Diapositive 6

1

I was thinking to introduce the projects we've done briefly and then move on to Pump-it, so I guess it is OK here. I was wondering about transitions between too...

Dominique Cowart; 25/04/2025

1

how to make the transition from plancha to p-pumpit - worth another slide? should we put this slide further down?

COOOL Research; 25/04/2025

2

I'm wondering if "what is eDNA" slides should be moved after COOOL slides and before this one - to introduce the audience to it before stating all of this stuff. Then Ppump-it can follow after this slide...

Dominique Cowart; 25/04/2025

1

Not sure to understand this ? It's to explain what we did in Plancha ?

It's a detail, but for me the photo at top right is not an orthophoto but a photogrammetry. You can do both with the catamaran.

Thomas Chevrier; 28/04/2025

Qu'est-ce que l'ADN environnemental (ADNe) ?

ADN extrait d'échantillon environnementale (sol, eau, air ...) sans collection d'un organisme cible

Approche de biologie moléculaire non-invasive utilisée pour l'identification d'espèces

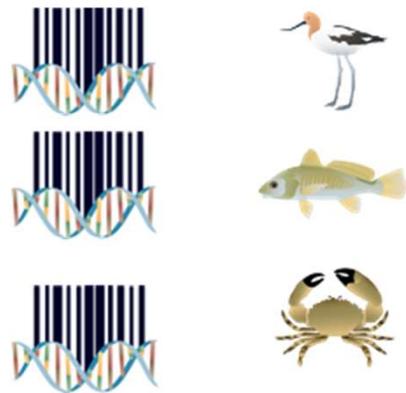


```
>Taxon_1
GGTGCCGAGCCGGCATAGTAGGAACAGCCCTCAGCCTGCTTATTCGAGCCGAGCTAAGC
CAACCAGGAGCCTTGCTCGGTGACGATCAAACTATAATGTAATTGTGACAGCACATGCT
TTCGTAATAATTTCTTTATAGTAATACCAATCATGATTGGAGGCTTCGGAACCTGACTT
ATCCCGCTTATGATCGGGCCCCAGATATGGCATTCCCTCGAATGAACAACATGAGCTTC
TGACTTCTCCCCATCATTCTGCTCCTCTGGCTTCTTCGGAGTAGAAGCTGGAGCC
GGTACCGGCTGAACAGTTTATCCACCCCTAGCTGGAACCTGGCCACGCAAGTGGCTCC
GTAGATTTAACCATTTCTCACTTCACCTAGCGGGTGTCTCATCAATCTGGGGGCAATT
AATTTCAACAACCATCAACAATAAAACCCCTGCCATCTCTCAGTACCAAAACCC
CTATTGATGAGCTGACTAATTACAGCAGTACTCTACTCTCTCCCTTCTGCTCTT
GCCGCGGTATTACAATGCTTCAACAGATCGTAACCTCAATACTACTCTTTGACCCA
GCCGGAGGAGATCCATTCTTACCAACT
```

```
>Taxon_2
GGTGCCGAGCCGGCATAGTAGGAACAGCCCTCAGCCTGCTTATTCGAGCCGAGCTAAGC
CAACCAGGAGCCTTGCTCGGTGACGATCAAACTATAATGTAATTGTGACAGCACATGCT
TTCGTAATAATTTCTTTATAGTAATACCAATCATGATTGGAGGCTTCGGAACCTGACTT
ATCCCGCTTATGATCGGGCCCCAGATATGGCATTCCCTCGAATGAACAACATGAGCTTC
TGACTTCTCCCCATCATTCTGCTCCTCTGGCTTCTTCGGAGTAGAAGCTGGAGCC
GGTACCGGCTGAACAGTTTATCCACCCCTAGCTGGAACCTGGCCACGCAAGTGGCTCC
GTAGATTTAACCATTTCTCACTTCACCTAGCGGGTGTCTCATCAATCTGGGGGCAATT
AATTTCAACAACCATCAACAATAAAACCCCTGCCATCTCTCAGTACCAAAACCC
CTATTGATGAGCTGACTAATTACAGCAGTACTCTACTCTCTCCCTTCTGCTCTT
GCCGCGGTATTACAATGCTTCAACAGATCGTAACCTCAATACTACTCTTTGACCCA
GCCGGAGGAGATCCATTCTTACCAACT
```

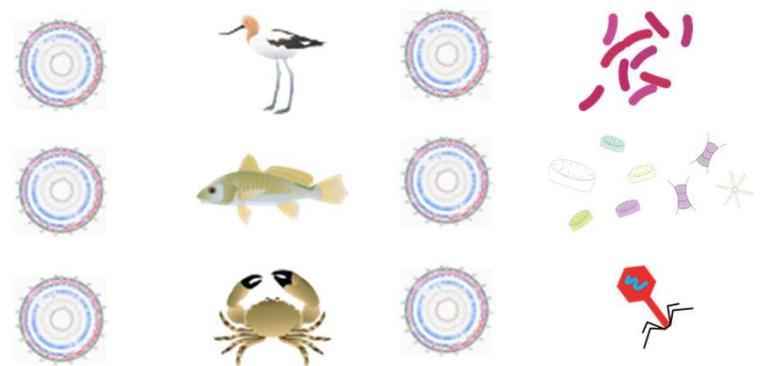
Comment détecter les communautés ?

Métabarcoding



Cibler plusieurs espèces en utilisant un ou plusieurs barcodes

Métagénomique



Surveillance complète des communautés en capturant tout l'ADN présent

Flux de travail

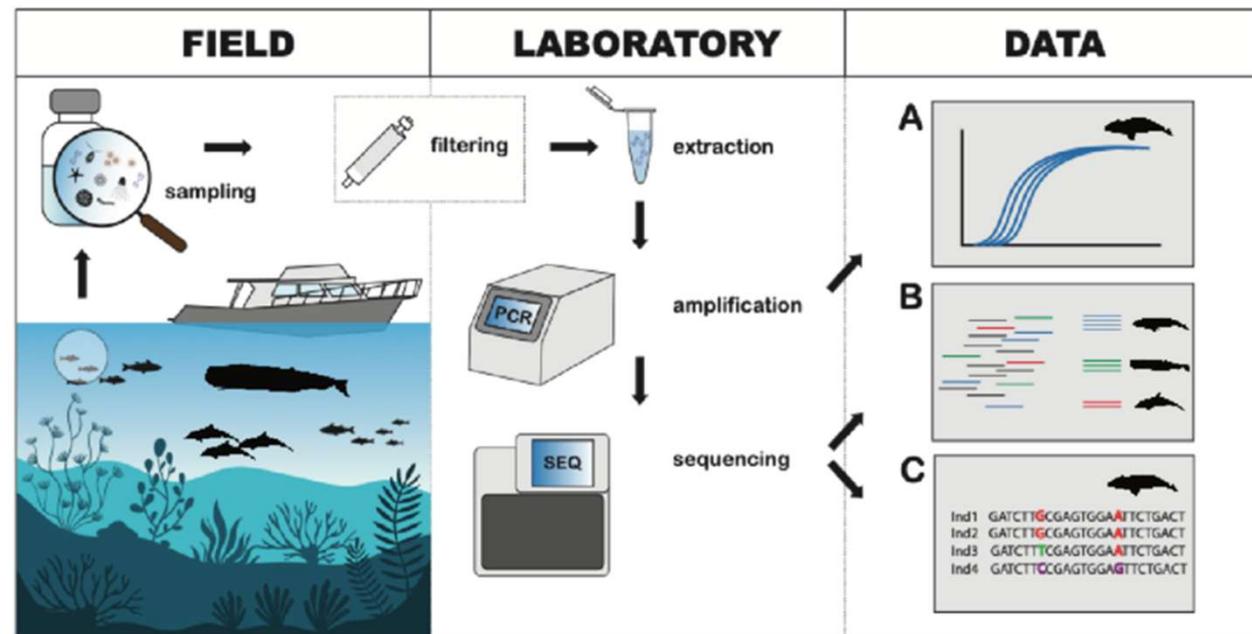
Étape 1 : Collecte des échantillons

Étape 2 : Extraction d'ADN à partir des filtres

Étape 3 : Amplification d'ADN

Étape 4 : Préparation de l'ADN pour le séquençage

Étape 5 : Analyse bio-informatique



Székely et al. 2022
NAMMCO Scientific Publications

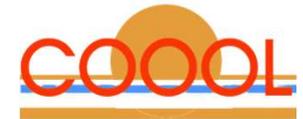
PUmp in Marine Protected areas for Insights in Tropical reef biodiversity (Pump-It)

Projet pilote : la passe de l'Hermitage

Suivre les changements spatiaux et temporels de la biodiversité:

- Caractériser le degré de variation biologique existant entre les stations
- Identifier les sites optimaux pour une surveillance en continu de la biodiversité
- Déployer des véhicules autonomes de surface pour l'échantillonnage automatique

Véhicules autonomes de surface (catamarans)



- Construction des véhicules autonomes pour l'échantillonnage dans les zones difficiles d'accès
- Pompe *Smith-Root* intégrée avec un catamaran *BlueRobotics BlueBoat*
- La boîte étanche située sur le catamaran contient la pompe *Smith-Root* et des tubes connectés aux filtres

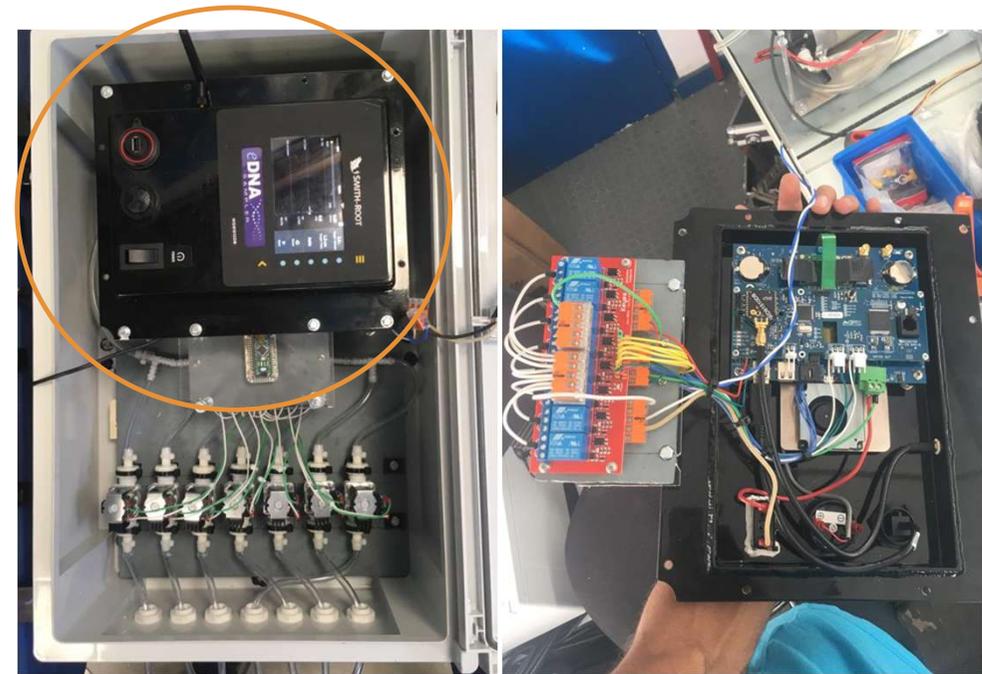


Véhicules autonomes de surface (catamarans)

Électrovannes contrôlées par des relais pour permettre la filtration sur plusieurs stations

Développement d'un « dashboard » pour le contrôle:

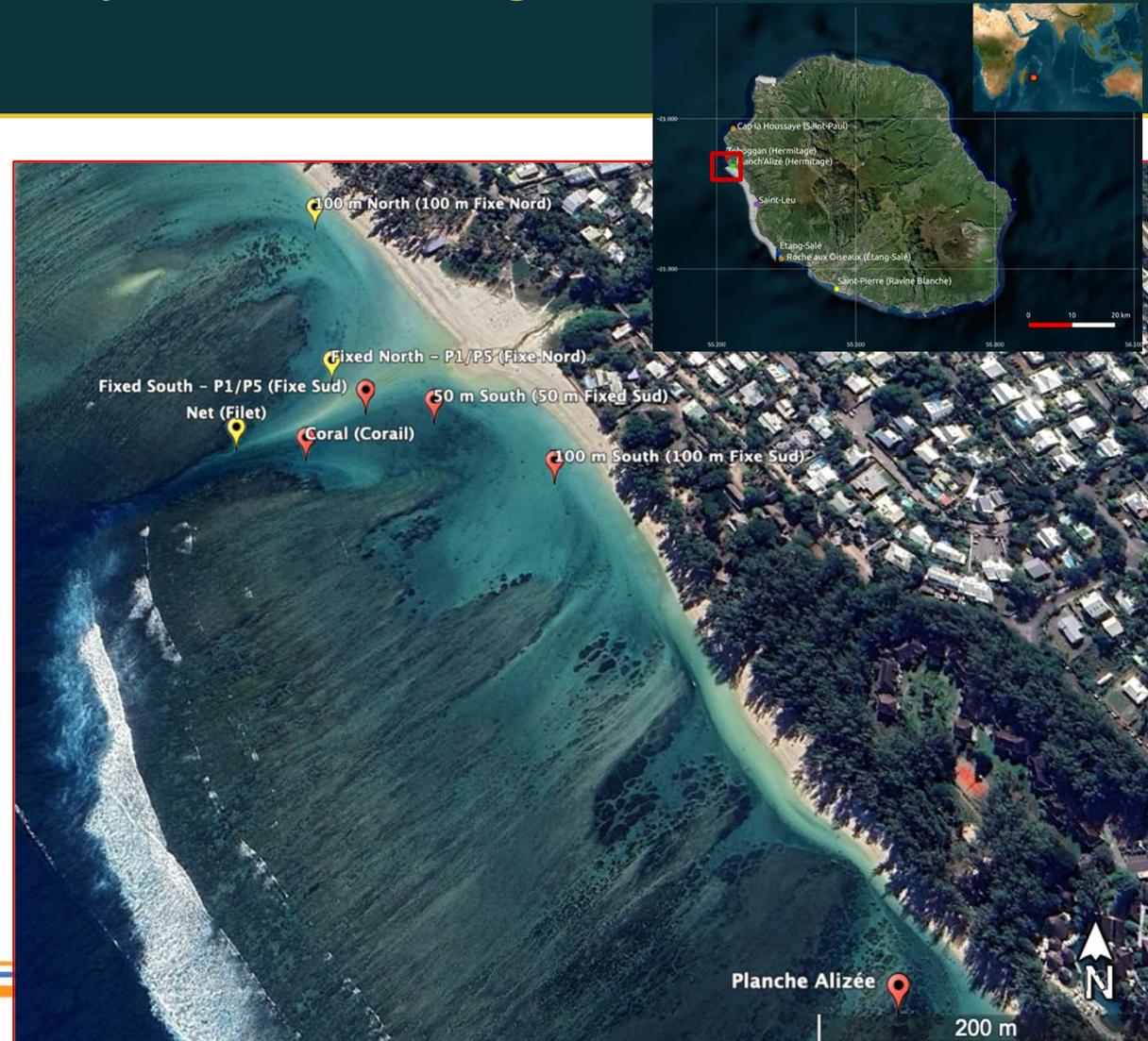
- Déclenchement de la pompe à distance
- Contrôle des électrovannes
- Retour vidéo de l'écran de supervision de la pompe
- Flux des données des capteurs de la pompe



Échantillonnage à la passe de l'Hermitage

Échantillonnage en février 2024

- Spatial : prélèvements sur 8 stations
 - Zones nord et sud de la passe
- Temporel : collecte pendant 4 jours
- Échantillonnage pendant la nuit (période 1) et le jour (période 2)
- Prélèvements de surface
- 1 triplicat par station



Échantillonnage à la passe de l'Hermitage

- Processus de stérilisation fait avant la connexion des filtres et le déploiement
- Les catamarans se rendent à leurs destinations et restent stationnaires pendant le pompage
- Retour à la plage pour récupérer les échantillons

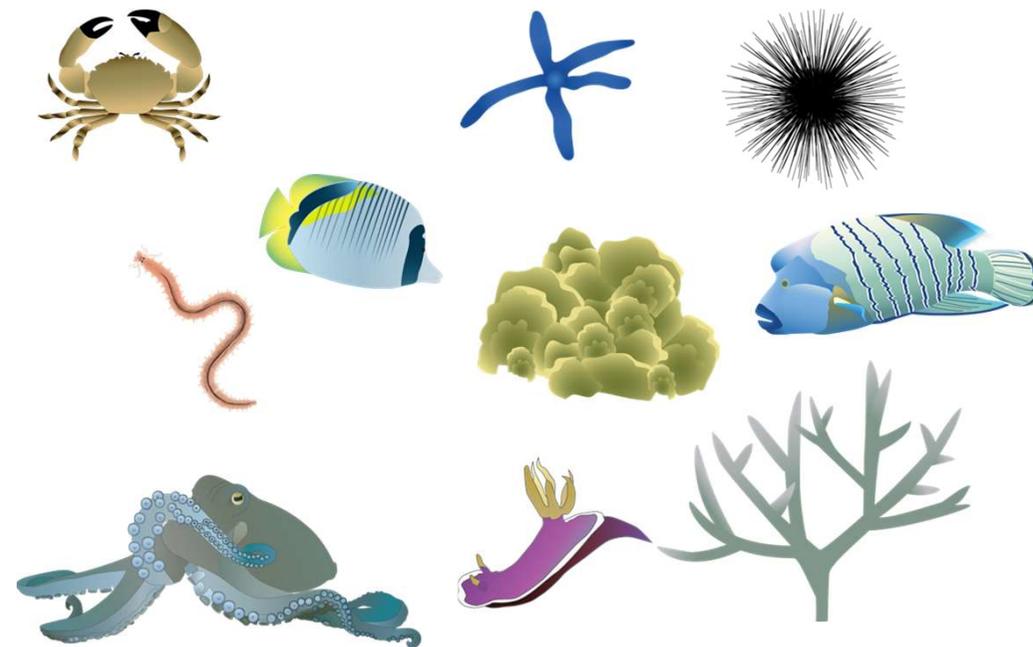


Métabarcoding

Code-barre: COI

Plusieurs types d'organismes ciblés :

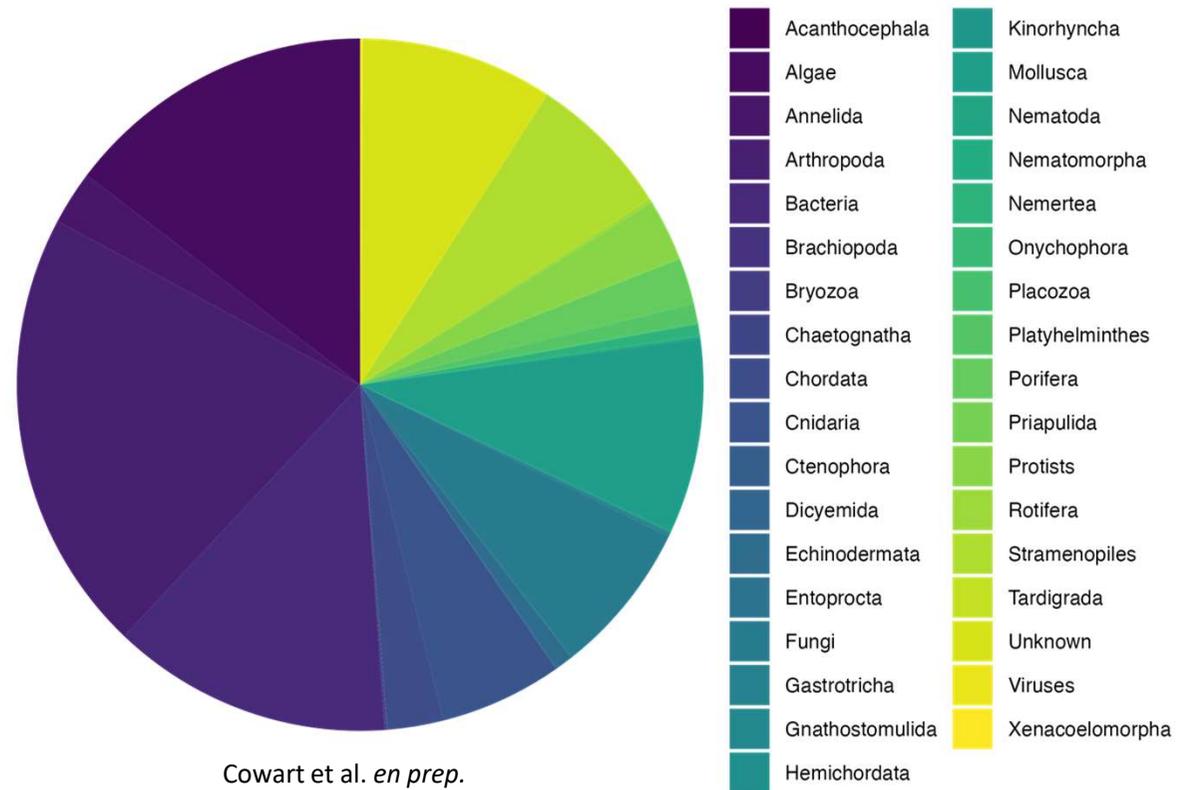
- Barcode sélectionné pour étudier la biodiversité totale
- COI a été amplifié pour chaque échantillon
- Traitements en laboratoire réalisés par ADNid
- Analyses des données brutes effectuées par COOOL



Données globale

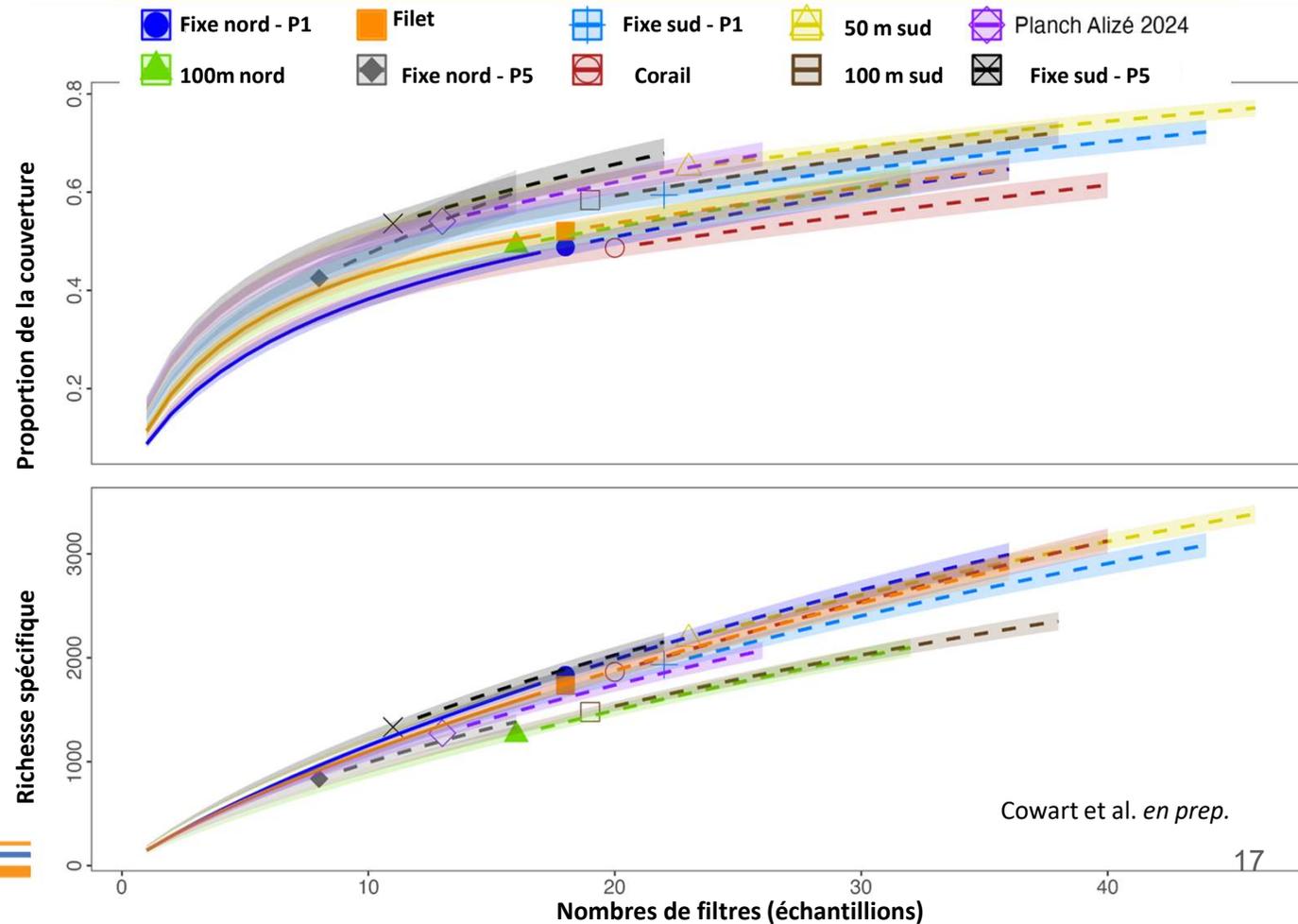
- Collecte et séquençage de 205 échantillons
- Données pour 12 millions de séquences
- 30 800 + ASVs récupérées
- On obtient 34 groupes taxonomiques
- 28 phyla animaux identifiés
- 700 - 2 200 taxons trouvés pour chaque station

ASVs (« Amplicon Sequence Variants ») :
séquence unique, souvent associée à un taxon ou individu

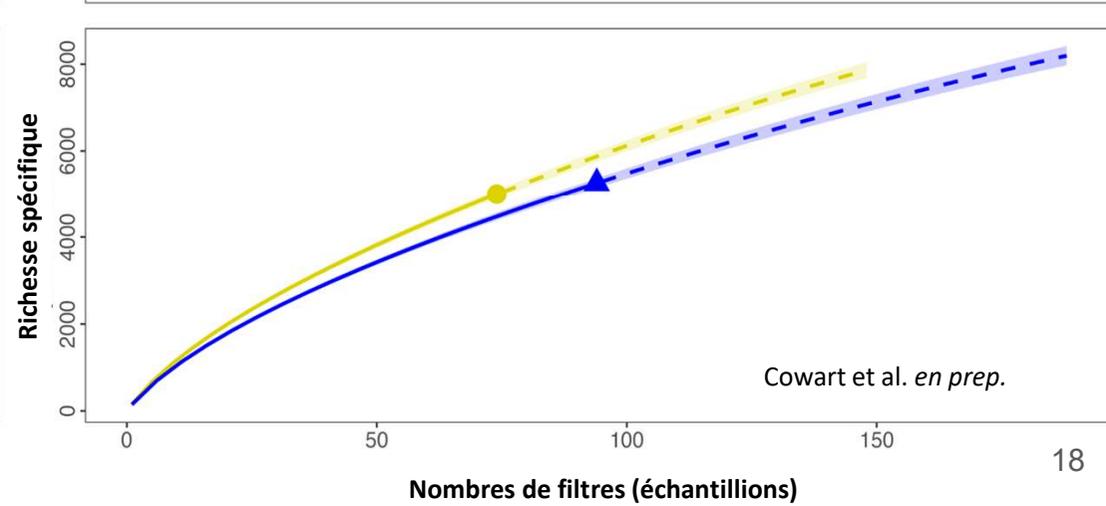
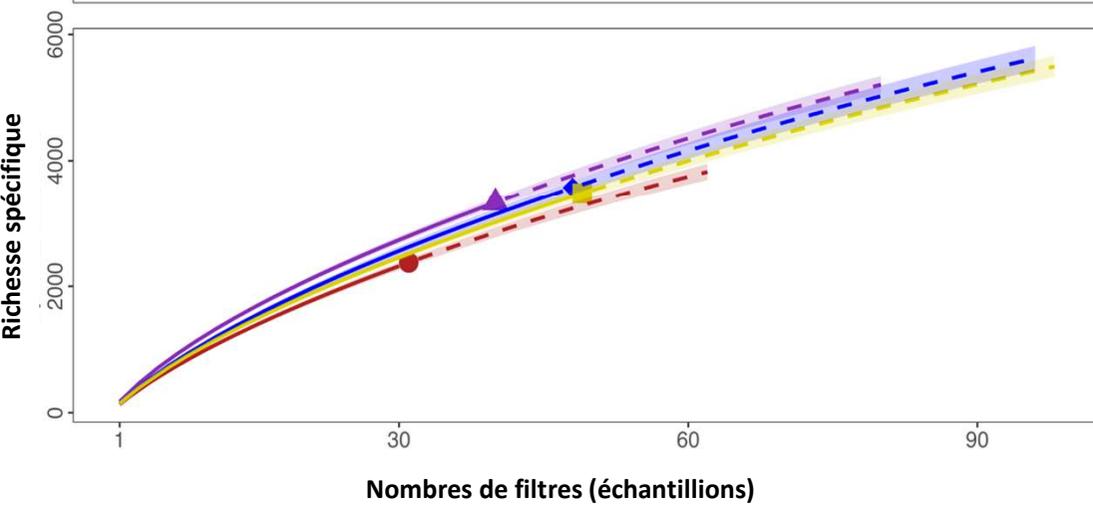
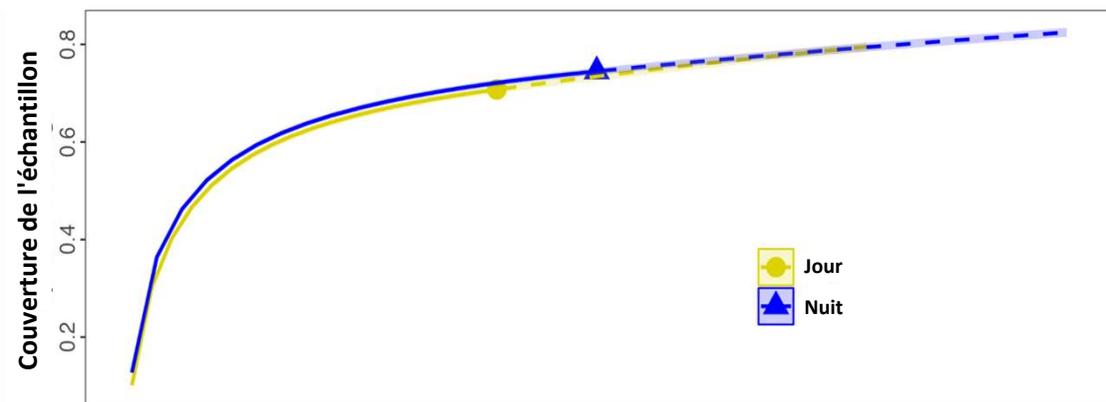
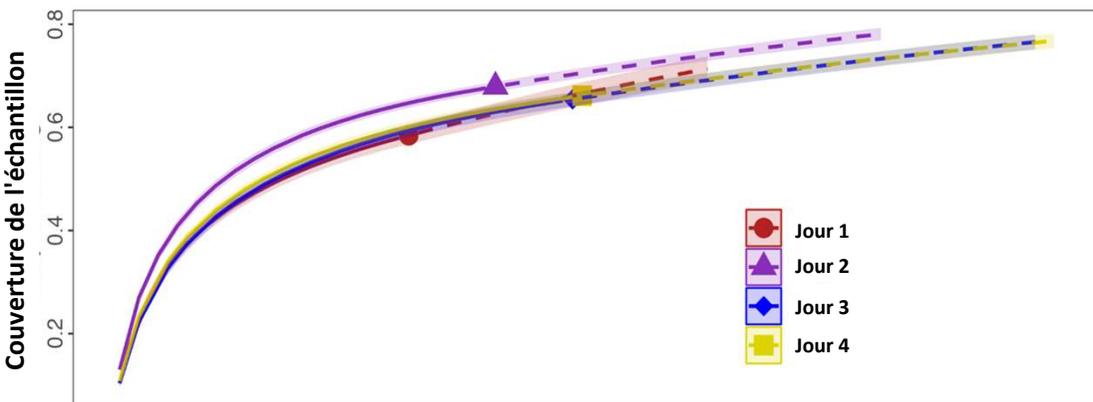


Évolution de la richesse spécifique

- Les courbes montrent la couverture des communautés et la richesse en espèces par échantillon, pour chaque station
- Les échantillons ont atteint une couverture moyenne des communautés
- La richesse en espèces était élevée mais les courbes n'atteignait pas de plateaux



Évolution de la richesse spécifique

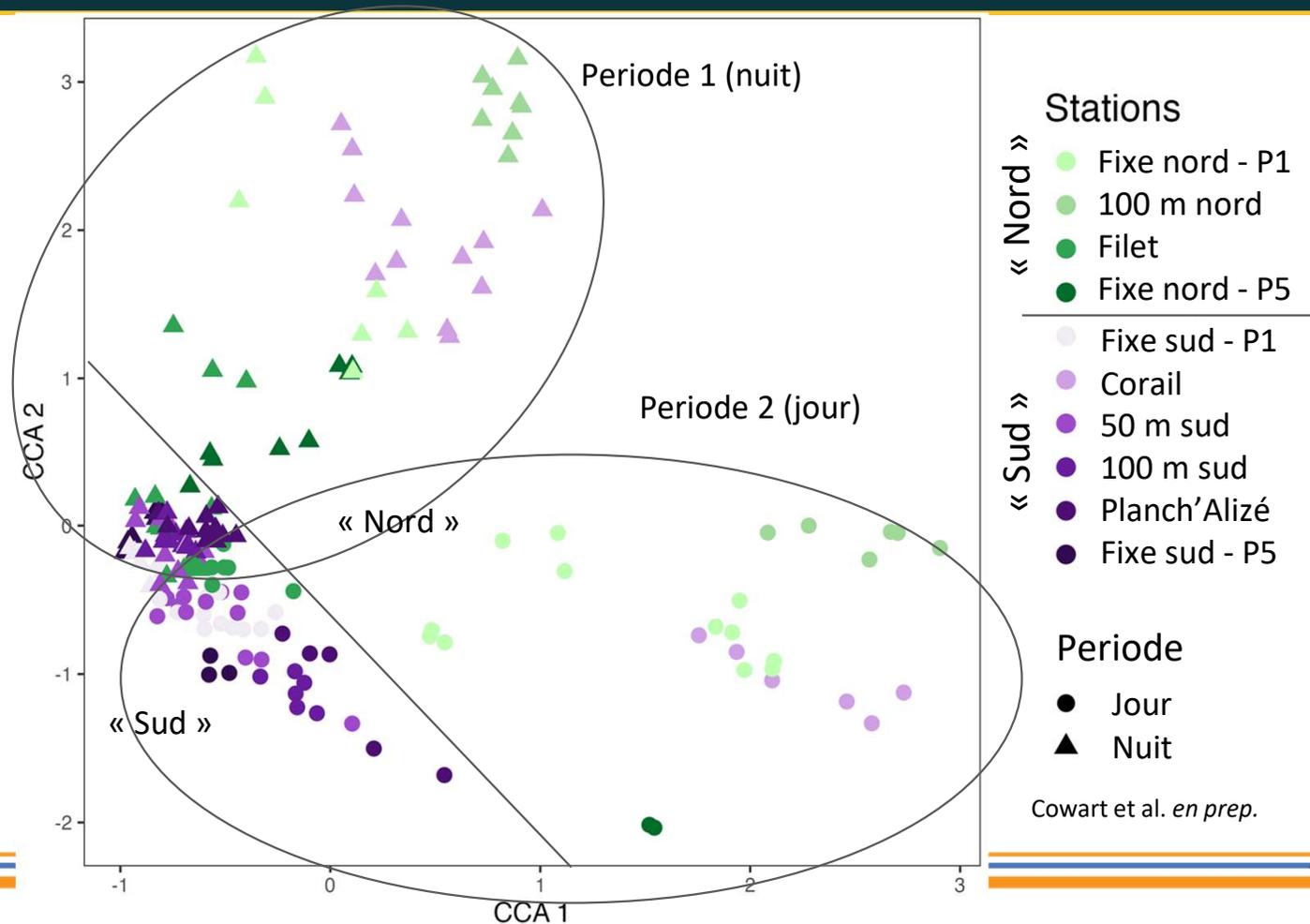


Comparaisons des communautés animales:

Periodes et zones

Les communautés étaient significativement différentes:

- Entre la nuit (période 1) et le jour (période 2)
- Entre le nord et le sud de la passe, en général

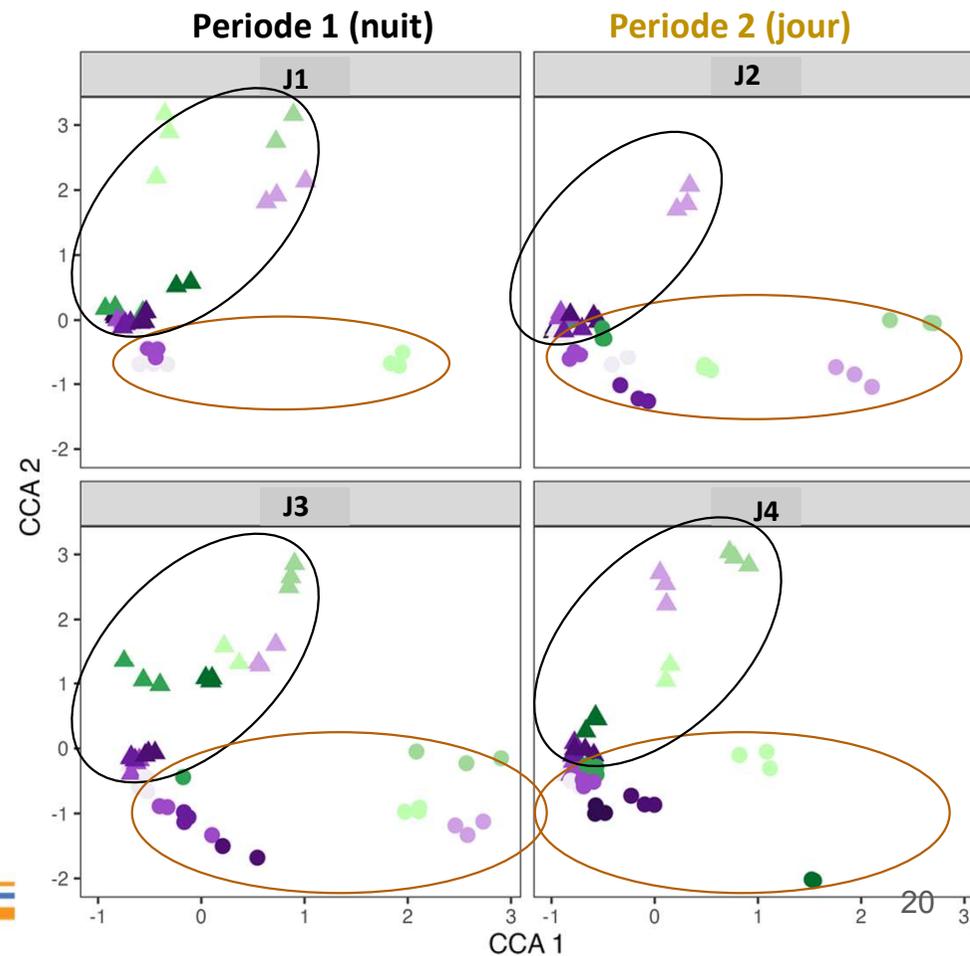


Comparaisons des communautés animales

Pendant 4 jours

- Chaque jour, on observe également une différenciation significative entre les périodes
- La station « Filet » montrait des variations dans les communautés d'un jour à l'autre

Cowart et al. *en prep.*



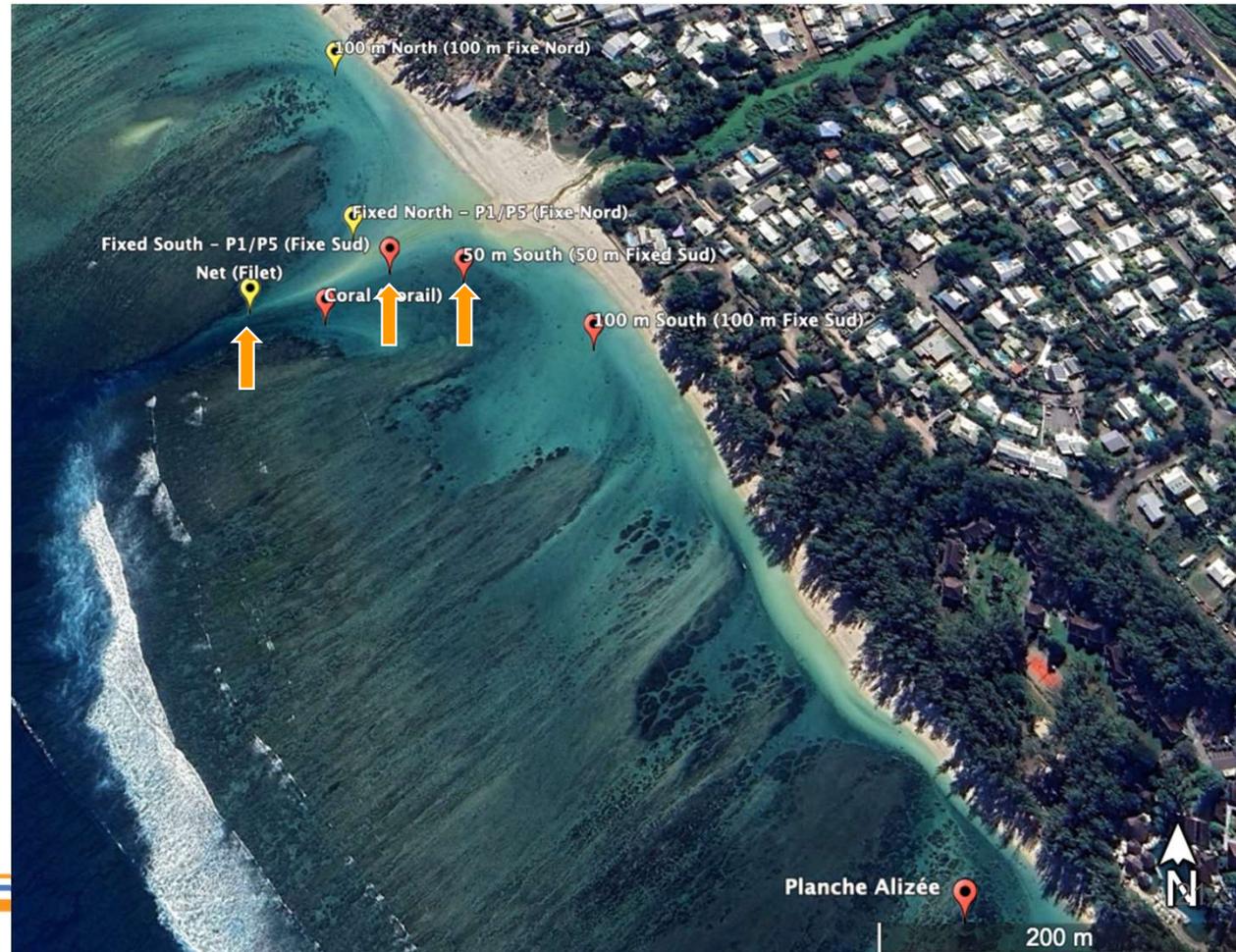
Comparaisons des communautés animales

Stations

La comparaison entre toutes les stations a révélé que la plupart présentaient des communautés significativement distinctes, sauf:

↑ **Fixe sud, 50 m sud, et filet**

qui ne différaient pas significativement entre elles



Les communautés sont-elles influencées par les courants ?

Les courants dans l'arrière-récif se dirigent vers la Ravine Hermitage, puis s'écoulent hors du lagon

Les stations au sud, près de la passe, présentent des communautés similaires

Les courants pourraient relier ces communautés par:

- Transport de jeunes stades d'animaux (larves, juvéniles)
- Échanges d'espèces mobiles entre microhabitats similaires
- Transport de l'ADNe

Kolasinski et al. 2015

Communications in Mass Spectrometry

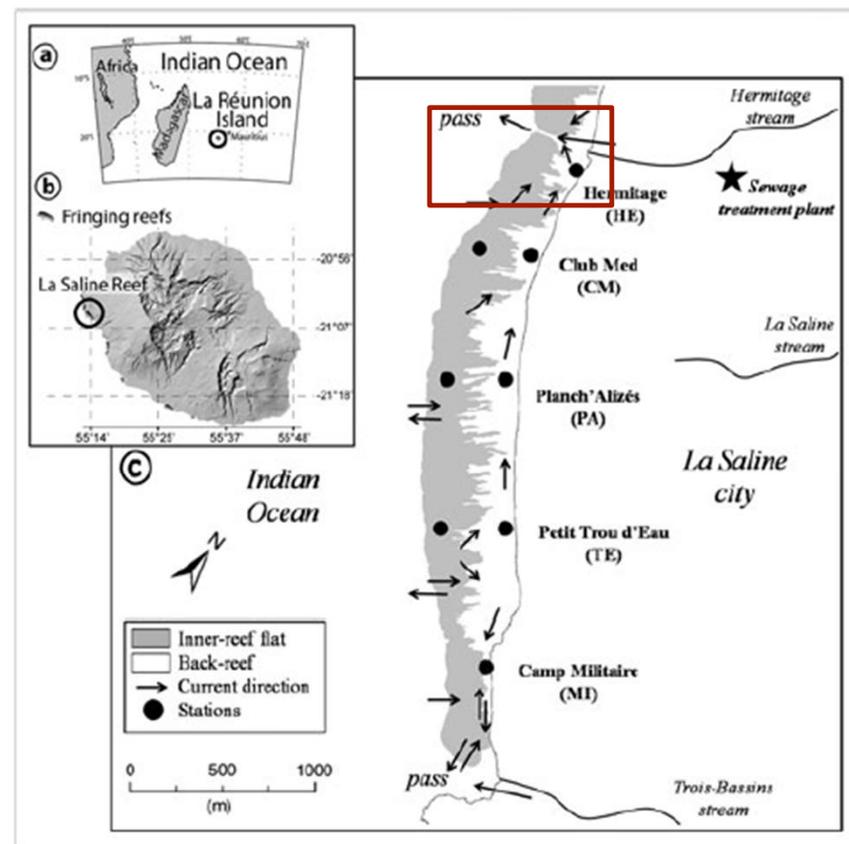


Figure 1. Location map of sampling stations on La Saline fringing reef showing the main current directions.

Un habitat dynamique d'une superficie < 1 km²

Les catamarans sont des plateformes efficaces pour collecter des échantillons ADNe dans les zones difficiles d'accès

- Communautés différentes entre les périodes, jours et zones
 - L'échantillonnage a eu lieu pendant les transitions nuit/jour
 - Ces différences pourraient être dues au temps :
 - Le temps entre les périodes étaient de 5 à 8 heures
- Les courants pourraient relier les communautés et transporter l'ADNe
 - Plus de données sont nécessaires pour expliquer la similarité des communautés
 - Les comparaisons entre stations orientent l'emplacement des plateformes de surveillance



Prochains étapes

Continued development of data collection platform

Continued development of data analysis workflow, integration of suite of environmental and ecosystem indicators

Regular, high frequency collection at fixed stations off Reunion

- Baseline biodiversity
- Temporal variability: diurnal, interannual, intrannual variability
- Impacts of extreme events (cyclones, bleaching)

Regional, western Indian Ocean collection

- Spatial variability

Prochaines étapes

Poursuite du développement de la plateforme de collecte de données

- Catamaran avec plus de capteurs, station fixe avec pompe automatisée sur le long-terme

Poursuite du développement du flux de publication et d'analyse des données, avec intégration d'un ensemble d'indicateurs environnementaux et écosystémiques

- Données ouvertes et disponibles sur Zenodo, GBIF à venir

Collecte régulière et à haute fréquence depuis des stations fixes sur la côte de La Réunion (FEDER-FIESTA)

- Biodiversité de référence
- Variabilité temporelle : journalière, interannuelle, intra-annuelle
- Impacts des événements extrêmes (cyclones, blanchissement corallien)
 - E.g. détection des zooxanthelles après événement de blanchissement, et développement algal

Collecte régionale dans l'ouest de l'océan Indien avec cette approche (INTERREG-NET-IT)



Publications d'ADNe

2022 – Environmental DNA from marine waters and substrates: protocols for sampling and eDNA extraction. In: Verde, C, Giordano, D, (eds), **Cowart DA, Murphy KR, Cheng, CHC**, *Marine Genomics. Methods in Molecular Biology*

2023 – A preliminary study into the detection of fish environmental DNA in selected South African estuaries. **Thekiso K, Miya T, Cowart, DA**, *African Journal of Aquatic Science*

2024 – Detecting local variations across metazoan communities in backreef depressions of Reunion Island (Mascarene Archipelago) through environmental DNA survey, **Cowart DA, Chevrier T, Nieblas A.-E. et al.**, *Frontiers in Marine Science*

En prep – Coral reef eDNA data provides taxa-specific insights into community differences across Reunion Island lagoons, **Cowart DA, Chevrier T, Nieblas A.-E. et al.**

En prep – Environmental DNA collected by Unmanned Surface Vehicles reveals spatio-temporal shifts in animal communities around Hermitage Pass, Reunion Island, **Cowart DA, Chevrier T, Nieblas A.-E. et al.**



Remerciements

Équipe Ifremer-DOI (Elorri Barbier, Mohan Julien, Arthur Lazennec and Victor Russias), stagiaire 3ème (Yago Ezan-DeAna), Équipe ADNid, SeBiMER; Équipe de la Réserve, Financement DEAL