
**Méthodes horizontales d'analyse
moléculaire de biomarqueurs —
Méthodes d'analyse pour la détection
des organismes génétiquement
modifiés et des produits dérivés —**

**Partie 5:
Méthode de criblage par PCR en temps
réel pour la détection de la séquence
ADN du promoteur FMV (P-FMV)**

<https://standards.iteh.ai/catalog/standards/sist/4eadf37f-8548-4abc-8143-5a683c01a559/iso-ts-21569-5-2016>

*Horizontal methods for molecular biomarker analysis — Methods
of analysis for the detection of genetically modified organisms and
derived products —*

*Part 5: Real-time PCR based screening method for the detection of the
FMV promoter (P-FMV) DNA sequence*



iTeh STANDARD PREVIEW
(standards.iteh.ai)

ISO/TS 21569-5:2016
<https://standards.iteh.ai/catalog/standards/sist/4eadf37f-8548-4abc-8143-5a25f64ee05d/iso-ts-21569-5-2016>



DOCUMENT PROTÉGÉ PAR COPYRIGHT

© ISO 2016, Publié en Suisse

Droits de reproduction réservés. Sauf indication contraire, aucune partie de cette publication ne peut être reproduite ni utilisée sous quelque forme que ce soit et par aucun procédé, électronique ou mécanique, y compris la photocopie, l'affichage sur l'internet ou sur un Intranet, sans autorisation écrite préalable. Les demandes d'autorisation peuvent être adressées à l'ISO à l'adresse ci-après ou au comité membre de l'ISO dans le pays du demandeur.

ISO copyright office
Ch. de Blandonnet 8 • CP 401
CH-1214 Vernier, Geneva, Switzerland
Tel. +41 22 749 01 11
Fax +41 22 749 09 47
copyright@iso.org
www.iso.org

Sommaire

Page

Avant-propos.....	iv
1 Domaine d'application	1
2 Références normatives	1
3 Termes et définitions	1
4 Principe	2
5 Réactifs et matériaux	2
5.1 Généralités.....	2
5.2 Réactifs PCR.....	2
6 Appareillage	3
7 Mode opératoire	3
7.1 Préparation de l'échantillon pour essai.....	3
7.2 Préparation des extraits d'ADN.....	3
7.3 Réaction PCR.....	3
7.4 Programme d'amplification.....	4
8 Critères d'acceptation/rejet	4
8.1 Généralités.....	4
8.2 Identification.....	5
9 État de validation et critères de performance	5
9.1 Généralités.....	5
9.2 Robustesse.....	5
9.3 Essai interlaboratoires.....	5
9.4 Sensibilité.....	7
9.5 Spécificité.....	8
10 Rapport d'essai	9
Annexe A (informative) Détection du cadre ouvert de lecture VII du virus de la mosaïque de la scrofulaire (FMV)	10
Bibliographie	11

Avant-propos

L'ISO (Organisation internationale de normalisation) est une fédération mondiale d'organismes nationaux de normalisation (comités membres de l'ISO). L'élaboration des Normes internationales est en général confiée aux comités techniques de l'ISO. Chaque comité membre intéressé par une étude a le droit de faire partie du comité technique créé à cet effet. Les organisations internationales, gouvernementales et non gouvernementales, en liaison avec l'ISO participent également aux travaux. L'ISO collabore étroitement avec la Commission électrotechnique internationale (IEC) en ce qui concerne la normalisation électrotechnique.

Les procédures utilisées pour élaborer le présent document et celles destinées à sa mise à jour sont décrites dans les Directives ISO/IEC, Partie 1. Il convient, en particulier de prendre note des différents critères d'approbation requis pour les différents types de documents ISO. Le présent document a été rédigé conformément aux règles de rédaction données dans les Directives ISO/IEC, Partie 2 (voir www.iso.org/directives).

L'attention est appelée sur le fait que certains des éléments du présent document peuvent faire l'objet de droits de propriété intellectuelle ou de droits analogues. L'ISO ne saurait être tenue pour responsable de ne pas avoir identifié de tels droits de propriété et averti de leur existence. Les détails concernant les références aux droits de propriété intellectuelle ou autres droits analogues identifiés lors de l'élaboration du document sont indiqués dans l'Introduction et/ou dans la liste des déclarations de brevets reçues par l'ISO (voir www.iso.org/brevets).

Les appellations commerciales éventuellement mentionnées dans le présent document sont données pour information, par souci de commodité, à l'intention des utilisateurs et ne sauraient constituer un engagement.

Pour une explication de la signification des termes et expressions spécifiques de l'ISO liés à l'évaluation de la conformité, ou pour toute information au sujet de l'adhésion de l'ISO aux principes de l'Organisation mondiale du commerce (OMC) concernant les obstacles techniques au commerce (OTC), voir le lien suivant: www.iso.org/iso/fr/avant-propos.html

Le comité chargé de l'élaboration du présent document est l'ISO/TC 34, *Produits alimentaires*, sous-comité SC 16, *Méthodes horizontales pour l'analyse moléculaire de biomarqueurs*.

Une liste de toutes les parties de l'ISO/TS 21569 est disponible sur le site de l'ISO.

Méthodes horizontales d'analyse moléculaire de biomarqueurs — Méthodes d'analyse pour la détection des organismes génétiquement modifiés et des produits dérivés —

Partie 5:

Méthode de criblage par PCR en temps réel pour la détection de la séquence ADN du promoteur FMV (P-FMV)

1 Domaine d'application

Le présent document spécifie une méthode pour la détection d'une séquence d'ADN utilisée dans des plantes génétiquement modifiées, au moyen d'une PCR (réaction de polymérisation en chaîne) en temps réel. La méthode détecte un long segment comprenant 78 paires de bases de la séquence d'ADN du promoteur 34S du *virus de la mosaïque de la scrofulaire*. Ce segment est indiqué comme promoteur FMV (P-FMV) dans certaines plantes génétiquement modifiées, alors que dans d'autres plantes génétiquement modifiées, ce segment est indiqué comme amplificateur FMV (E-FMV).

La méthode a été élaborée et validée pour l'analyse de l'ADN extrait de produits alimentaires. Elle peut être également utilisée pour analyser d'autres produits tels que des aliments pour animaux et des semences. La méthode exige qu'une quantité adéquate d'ADN amplifiable de qualité appropriée soit extraite de l'échantillon pour essai.

<https://standards.iteh.ai/catalog/standards/sist/4eadf37f-8548-4abc-8143-122020202020/iso-ts-21569-5-2016>

La séquence d'ADN amplifiée par la méthode spécifique à l'élément P-FMV peut être détectée dans des échantillons contenant l'ADN du *virus de la mosaïque de la scrofulaire* présent dans la nature. Pour cette raison, il est nécessaire de confirmer un résultat positif de criblage. D'autres analyses sont nécessaires au moyen de méthodes spécifiques aux construits ou spécifiques aux événements.

2 Références normatives

Les documents suivants cités dans le texte constituent, pour tout ou partie de leur contenu, des exigences du présent document. Pour les références datées, seule l'édition citée s'applique. Pour les références non datées, la dernière édition du document de référence s'applique (y compris les éventuels amendements).

ISO 21569, *Produits alimentaires — Méthodes d'analyse pour la détection des organismes génétiquement modifiés et des produits dérivés — Méthodes qualitatives basées sur l'utilisation des acides nucléiques*

ISO 21570, *Produits alimentaires — Méthodes d'analyse pour la détection des organismes génétiquement modifiés et des produits dérivés — Méthodes quantitatives basées sur l'utilisation des acides nucléiques*

ISO 21571:2005, *Produits alimentaires — Méthodes d'analyse pour la détection des organismes génétiquement modifiés et des produits dérivés — Extraction des acides nucléiques*

ISO 24276, *Produits alimentaires — Méthodes d'analyse pour la détection des organismes génétiquement modifiés et des produits dérivés — Exigences générales et définitions*

3 Termes et définitions

Pour les besoins du présent document, les termes et définitions donnés dans l'ISO 16577 s'appliquent.

L'ISO et l'IEC tiennent à jour des bases de données terminologiques destinées à être utilisées en normalisation, consultables aux adresses suivantes:

- IEC Electropedia: disponible à l'adresse <http://www.electropedia.org/>
- ISO Online browsing platform: disponible à l'adresse <http://www.iso.org/obp>

4 Principe

L'ADN est extrait de la prise d'essai en appliquant une méthode appropriée (voir l'ISO 21571). L'analyse de l'ADN comprend deux parties:

- a) vérification de la quantité, de la qualité et de l'amplificabilité de l'ADN extrait, par exemple au moyen d'une PCR spécifique pour un taxon (conformément à l'ISO 21569 et à l'ISO 21570), voir également la Référence [1];
- b) détection de la séquence d'ADN P-FMV par une PCR en temps réel, voir la Référence [2].

5 Réactifs et matériaux

5.1 Généralités

Pour les besoins du présent document, seules des substances chimiques et de l'eau de qualité analytique reconnue, appropriées pour la biologie moléculaire, doivent être utilisées. Sauf indication contraire, il convient de préparer les solutions par dissolution des réactifs correspondants dans l'eau et par traitement à l'autoclave. Pour toutes les opérations nécessitant le port de gants, il convient de s'assurer que ceux-ci ne sont pas poudrés. Pour éviter toute contamination croisée, il est recommandé d'utiliser des embouts de pipette protégés contre les aérosols.

[ISO/TS 21569-5:2016](https://standards.iteh.ai/catalog/standards/sist/4eadf37f-8548-4abc-8143-5a25f64ee05d/iso-ts-21569-5-2016)

5.2 Réactifs PCR

<https://standards.iteh.ai/catalog/standards/sist/4eadf37f-8548-4abc-8143-5a25f64ee05d/iso-ts-21569-5-2016>

5.2.1 ADN polymérase thermostable (pour PCR «à démarrage à chaud»).

5.2.2 Solution tampon pour PCR (contenant du chlorure de magnésium et des désoxyribonucléosides triphosphates, dNTP).

Il est possible d'utiliser des mélanges de réactifs ou des mélanges de composants individuels prêts à l'emploi. Des réactifs et des polymérases conduisant à des résultats équivalents ou meilleurs peuvent être également utilisés.

5.2.3 Oligonucléotides (voir [Tableau 1](#))¹⁾.

1) Lors de l'essai interlaboratoires réalisé pour la séquence P-FMV, les participants ont reçu des aliquotes séchées (par 50 réactions) de mélanges d'amorces/sondes (devant être conservés dans l'obscurité jusqu'au démarrage de l'essai interlaboratoires). Pour chaque aliquote, on a ajouté 375 µl d'eau de qualité PCR et laissé décanter.

Tableau 1 — Oligonucléotides

Nom	Séquence d'ADN de l'oligonucléotide	Concentration finale dans la PCR
P-FMV en tant que séquence cible (dans la base de données GenBank, numéro de référence X06166[2][3]):		
pFMV-F	5'-CAA AAT AAC GTG GAA AAG AGC T-3'	340 nmol/l
pFMV-R	5'-TCT TTT GTG GTC GTC ACT GC-3'	340 nmol/l
Sonde pFMV	5'-(FAM)-CTG ACA GCC CAC TCA CTA ATG C-(BHQ1)-3' ^a	120 nmol/l
^a FAM: carboxy-6-fluorescéine, BHQ-1: Black Hole Quencher®-1 (chromophore non fluorescent). Cette information est donnée à l'intention des utilisateurs du présent document et ne signifie nullement que l'ISO approuve ou recommande l'emploi exclusif du produit ainsi désigné. Des produits équivalents commercialisés par d'autres fabricants peuvent être utilisés s'il peut être démontré qu'ils donnent des résultats similaires ou meilleurs.		

6 Appareillage

Les exigences concernant l'appareillage et les matériaux doivent être conformes à l'ISO 21569. Outre le matériel courant de laboratoire, l'équipement suivant est requis.

6.1 Appareil de PCR en temps réel, approprié pour l'excitation des molécules fluorescentes et pour la détection des signaux de fluorescence générés pendant la PCR.

7 Mode opératoire

7.1 Préparation de l'échantillon pour essai

Il convient de s'assurer que l'échantillon pour essai utilisé pour l'extraction de l'ADN est représentatif de l'échantillon pour laboratoire, par exemple en broyant ou homogénéisant l'échantillon pour laboratoire. Les mesures et étapes opératoires à prendre en considération doivent être telles que décrites dans l'ISO 21571 et l'ISO 24276.

7.2 Préparation des extraits d'ADN

Concernant la préparation d'ADN à partir de la prise d'essai, il convient de suivre les instructions générales et les mesures spécifiées dans l'ISO 21571. Il est recommandé de choisir l'une des méthodes d'extraction d'ADN décrites dans l'ISO 21571:2005, Annexe A.

7.3 Réaction PCR

La méthode décrite s'applique pour un volume total de 25 µl par réaction PCR. Le mélange réactionnel est indiqué dans le [Tableau 2](#).

Les réactifs sont totalement décongelés à température ambiante. Il convient de s'assurer que chaque réactif est soigneusement mélangé et brièvement centrifugé juste avant d'être pipeté. Un mélange de réactifs pour PCR, contenant tous les composants, sauf l'ADN échantillon, est préparé. La quantité nécessaire de mélange de réactifs pour PCR dépend du nombre de réactions à réaliser, en incluant au moins une réaction supplémentaire comme réserve de pipetage. Ajouter 5 µl d'ADN échantillon à chaque réaction.

Tableau 2 — Mélange réactionnel pour l'amplification

Volume réactionnel total	25 µl
ADN échantillon (jusqu'à 200 ng) ou témoins	5 µl
Solution tampon pour PCR ^a (contenant du MgCl ₂ , des dNTPs et de l'ADN polymérase à « démarrage à chaud »)	12,5 µl
Amorce pFMV-F et pFMV-R	voir Tableau 1
Sonde pFMV	voir Tableau 1
Eau	complément à 25 µl

^a Le kit QuantiTect Multiplex PCR NoROX Kit (Qiagen GmbH, Hilden/Allemagne) a été utilisé lors de l'essai interlaboratoires. Cette information est donnée à l'intention des utilisateurs du présent document et ne signifie nullement que l'ISO approuve ou recommande l'emploi exclusif du produit ainsi désigné. Des produits équivalents commercialisés par d'autres fabricants peuvent être utilisés s'ils donnent des résultats similaires ou meilleurs. Si nécessaire, adapter les quantités de réactifs ainsi que le programme d'amplification.

Agiter le mélange de réactifs pour PCR, le centrifuger brièvement et introduire à l'aide d'une pipette 20 µl dans chaque tube de réaction. Pour le témoin de réactif pour amplification, ajouter 5 µl d'eau au mélange réactionnel correspondant. À l'aide d'une pipette, ajouter 5 µl d'ADN échantillon ou 5 µl de la solution témoin correspondante (témoin de blanc d'extraction, témoin positif d'ADN cible). Si nécessaire, préparer un témoin d'inhibition de PCR tel que décrit dans l'ISO 24276.

Transférer les mélanges réactionnels dans le thermocycleur et lancer le programme d'amplification.

7.4 Programme d'amplification

Le programme d'amplification indiqué dans le [Tableau 3](#) a été utilisé pour l'étude de validation. L'utilisation de diverses conditions de réaction et de divers cycleurs pour PCR en temps réel peut nécessiter une optimisation spécifique. Le temps nécessaire pour la dénaturation initiale dépend du mélange maître utilisé.

ISO/TS 21569-5:2016

<https://standards.iteh.ai/catalog/standards/sist/4eadf37f-8548-4abc-8143-5a2774a0541a/iso-ts-21569-5-2016>

Tableau 3 — Programme d'amplification

Étape	Paramètre		Température	Durée	Mesurage de la fluorescence	Cycles
1	Activation de l'UNG (facultatif)		50 °C	2 min	non	1
2	Dénaturation initiale		95 °C	15 min	non	1
3	Amplification	Dénaturation	95 °C	15 s	non	45
		Hybridation et élongation	60 °C	60 s	oui	

8 Critères d'acceptation/rejet

8.1 Généralités

Un programme d'analyse des données spécifique à l'appareil de PCR en temps réel correspondant est utilisé pour l'identification des produits de PCR. Les résultats de l'amplification peuvent être exprimés d'une manière différente, selon l'appareil utilisé. En l'absence de produits de PCR détectables (par exemple, témoins négatifs), le résultat peut être exprimé comme suit: «indéterminé», «pas d'amp.» ou nombre maximal de cycles de réaction effectués. Si l'amplification de la séquence cible d'ADN se produit dans un échantillon (par exemple, témoins positifs), il convient qu'une courbe d'amplification de forme sigmoïde soit observée. Le nombre de cycles au point de franchissement de la courbe d'amplification et du seuil de fluorescence est calculé (valeur C_t ou valeur C_p).

Si, en raison de données de fluorescence mesurée atypiques, l'interprétation automatique ne fournit pas un résultat probant, il peut être nécessaire de fixer manuellement la ligne de base et le seuil avant

l'interprétation des données. Dans ce cas, il convient de suivre les instructions spécifiques à l'appareil données dans le manuel concernant l'utilisation du logiciel d'interprétation.

Un résultat positif peut être également obtenu si l'échantillon contient de l'ADN provenant du *virus de la mosaïque de la scrofulaire*, qui infecte les plantes dans la nature. Pour prouver la présence d'un produit provenant d'une plante génétiquement modifiée, des essais supplémentaires employant des méthodes spécifiques aux construits ou spécifiques aux événements doivent être effectués pour la confirmation.

8.2 Identification

La séquence cible est considérée comme détectée si:

- en utilisant les amorces spécifiques à la séquence P-FMV, pFMV-F et pFMV-R, et la sonde pFMV, une courbe d'amplification de forme sigmoïde est observée et une valeur C_t ou une valeur C_p est calculée;
- dans les réactions PCR témoins sans ADN ajouté (témoin de réactif pour PCR, témoin négatif d'extraction), aucune amplification ne s'est produite; et
- dans les réactions pour les témoins d'amplification (témoin positif d'ADN cible, témoin d'inhibition de PCR), les valeurs C_t (ou les valeurs C_p) attendues sont obtenues.

9 État de validation et critères de performance

9.1 Généralités

La validation s'est déroulée selon un processus en deux parties:

- a) validation en interne suivie d'un essai interlaboratoires pilote;
- b) validation par un essai interlaboratoires.

9.2 Robustesse

La robustesse de la méthode a été évaluée par rapport à de faibles modifications des facteurs suivants: instruments de PCR en temps réel²⁾ (ABI7500, Rotor-Gene Q, Stratagene MX 3005P); kits de mélanges maîtres pour PCR (QuantiTect Multiplex PCR NoROX Kit, SureMaster Probe Kit); mélange maître de volumes 19 µl ou 21 µl, plus 5 µl d'ADN échantillon; températures d'hybridation (59 °C et 61 °C), et concentration d'amorce et de sonde (réduites de 30 % respectivement). Pour chaque facteur évalué, trois répétitions de PCR ont été analysées, chacune avec 20 copies de la séquence cible. Dans la mesure où, au cours de ces essais, la méthode a donné des résultats positifs dans les conditions modifiées dans toutes les réactions PCR prévues, la méthode peut être considérée comme robuste.

9.3 Essai interlaboratoires

La fiabilité de la méthode a été vérifiée dans le cadre d'un essai interlaboratoires auquel ont pris part 16 participants et qui a été organisé par le CVUA (Fribourg/Allemagne) conformément au protocole de l'IUPAC^[4]. Les participants ont reçu 18 échantillons d'ADN pour l'analyse. Les échantillons contenaient la séquence cible P-FMV à diverses concentrations, ou ne contenaient pas la séquence cible. Tous les échantillons étaient marqués avec des numéros de code aléatoires. Chaque participant a reçu 3 flacons (échantillons en aveugle, en trois exemplaires) contenant les solutions d'ADN suivantes:

- colza non génétiquement modifié;
- soja non génétiquement modifié;

2) Cette information est donnée à l'intention des utilisateurs du présent document et ne signifie nullement que l'ISO approuve ou recommande l'emploi exclusif du produit ainsi désigné. Des produits équivalents peuvent être utilisés s'il est démontré qu'ils permettent d'obtenir les mêmes résultats.