



PROJET FINAL

Norme internationale

ISO/FDIS 5354-1

Biomarqueurs moléculaires — Détection d'ADN dans le coton utilisé pour la production textile —

Partie 1: Extraction d'ADN à partir de graines de coton et de matières premières issues de celles-ci

*Molecular biomarkers — Detection of DNA in cotton used for
textile production —*

*Part 1: Extraction of DNA from cottonseed and raw materials
derived therefrom*

ISO/TC 34/SC 16

Secrétariat: **ANSI**

Début de vote:
2025-03-12

Vote clos le:
2025-05-07

LES DESTINATAIRES DU PRÉSENT PROJET SONT
INVITÉS À PRÉSENTER, AVEC LEURS OBSERVATIONS,
NOTIFICATION DES DROITS DE PROPRIÉTÉ DONT ILS
AURAIENT ÉVENTUELLEMENT CONNAISSANCE ET À
FOURNIR UNE DOCUMENTATION EXPLICATIVE.

OUTRE LE FAIT D'ÊTRE EXAMINÉS POUR
ÉTABLIR S'ILS SONT ACCEPTABLES À DES FINS
INDUSTRIELLES, TECHNOLOGIQUES ET COM-MERCIALES,
AINSI QUE DU POINT DE VUE DES UTILISATEURS, LES
PROJETS DE NORMES
INTERNATIONALES DOIVENT PARFOIS ÊTRE CONSIDÉRÉS
DU POINT DE VUE DE LEUR POSSIBILITÉ DE DEVENIR DES
NORMES POUVANT
SERVIR DE RÉFÉRENCE DANS LA RÉGLEMENTATION
NATIONALE.

iTeh Standards
(<https://standards.iteh.ai>)
Document Preview

ISO/FDIS 5354-1

<https://standards.iteh.ai/catalog/standards/iso/7d38650a-1e4a-4634-92a3-076449f6add6/iso-fdis-5354-1>



DOCUMENT PROTÉGÉ PAR COPYRIGHT

© ISO 2025

Tous droits réservés. Sauf prescription différente ou nécessité dans le contexte de sa mise en œuvre, 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, ou la diffusion sur l'internet ou sur un intranet, sans autorisation écrite préalable. Une autorisation peut être demandée à l'ISO à l'adresse ci-après ou au comité membre de l'ISO dans le pays du demandeur.

ISO copyright office
Case postale 401 • Ch. de Blandonnet 8
CH-1214 Vernier, Genève
Tél.: +41 22 749 01 11
E-mail: copyright@iso.org
Web: www.iso.org

Publié en Suisse

Sommaire

Page

Avant-propos	iv
Introduction	v
1 Domaine d'application	1
2 Références normatives	1
3 Termes et définitions	2
4 Principe	3
5 Identification d'un marqueur d'ADN endogène approprié du coton	3
6 Préparation de l'échantillon pour essai	4
7 Évaluation des méthodes d'extraction d'ADN pour différentes phases de production du coton	4
7.1 Généralités	4
7.2 Résultats de l'analyse intralaboratoire des méthodes d'extraction d'ADN	5
7.3 Conclusion	5
8 Stockage	5
9 Quantification de l'ADN	5
10 Contrôle de la qualité de l'ADN	6
10.1 Généralités	6
10.2 Utilisation du marqueur SAH7 comme essai de contrôle de la qualité de l'ADN du coton	6
10.3 Analyse des inhibiteurs de PCR	6
10.4 Méthode de contrôle de matrice de coton	6
10.4.1 Résultats	6
11 Rapport d'essai	7
Annexe A (informative) Analyse des témoins endogènes du coton	8
Annexe B (informative) Évaluation des méthodes d'extraction d'ADN pour différentes phases de production du coton	10
Annexe C (informative) Méthode de PCR pour détecter l'ADN cible du gène SAH 7 dans le coton	14
Annexe D (informative) Évaluation de l'ADN extrait à l'aide d'un système commercial d'extraction d'ADN sur colonne à centrifuger conçu pour l'extraction d'ADN à partir d'échantillons de selles avec la méthode SAH 7	17
Bibliographie	22

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'ISO attire l'attention sur le fait que la mise en application du présent document peut entraîner l'utilisation d'un ou de plusieurs brevets. L'ISO ne prend pas position quant à la preuve, à la validité et à l'applicabilité de tout droit de brevet revendiqué à cet égard. À la date de publication du présent document, l'ISO n'avait pas reçu notification qu'un ou plusieurs brevets pouvaient être nécessaires à sa mise en application. Toutefois, il y a lieu d'avertir les responsables de la mise en application du présent document que des informations plus récentes sont susceptibles de figurer dans la base de données de brevets, disponible à l'adresse www.iso.org/brevets. L'ISO ne saurait être tenue pour responsable de ne pas avoir identifié de tels droits de propriété.

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 nature volontaire des normes, 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 www.iso.org/avant-propos.

Le présent document a été élaboré par le comité technique ISO/TC 34, *Produits alimentaires*, sous-comité SC 16, *Méthodes horizontales pour l'analyse de biomarqueurs moléculaires*.

Cette première édition, conjointement avec l'ISO/TS 5354-2:2024, annule et remplace l'IWA 32:2019, qui a fait l'objet d'une révision technique complète.

Une liste de toutes les parties de la série ISO 5354 se trouve sur le site web de l'ISO.

Il convient que l'utilisateur adresse tout retour d'information ou toute question concernant le présent document à l'organisme national de normalisation de son pays. Une liste exhaustive desdits organismes se trouve à l'adresse www.iso.org/fr/members.html.

Introduction

Le présent document vise à fournir des recommandations pour évaluer si du coton, des fibres de coton et/ou des matériaux dérivés du coton contiennent une ou plusieurs séquences d'ADN spécifiques. Ce document d'orientation peut être appliqué à la détection de coton génétiquement modifié (GM) pur dans la production textile, à la détection d'une séquence cible particulière de coton dans un autre type de coton GM et pour confirmer ou tracer une espèce ou une variété donnée ou un marqueur génétique particulier.

À l'heure actuelle, la culture du coton GM représente un pourcentage important de la production mondiale de coton^[1]. Toutefois, dans certains pays, la culture du coton GM est interdite par la loi ainsi que par des normes publiques et privées de nature volontaire qui interdisent l'usage intentionnel d'organismes génétiquement modifiés (OGM) dans le cadre du processus de production de coton et de textile ou exigent un étiquetage en conséquence. Du fait de la nature asynchrone des autorisations réglementaires, une variété de coton GM dont la culture et l'importation sont autorisées dans un pays peut ne pas être autorisée ou devoir être étiquetée en conséquence dans un autre pays. Il a été nécessaire de détecter un événement de coton GM spécifique dans le coton GM (ou non GM). Les méthodes de détection soumises et approuvées par les organismes de réglementation internationaux sont disponibles à cette fin. Cette méthode ne remplace ni ces méthodes, ni les résultats de ces analyses.

Les producteurs de coton non GM peuvent fournir une traçabilité et une certification des graines de coton pour garantir que les graines entrant dans un principe de culture certifiée ne sont pas GM. Si la graine de départ est conventionnelle (non GM), ce qui peut être déterminé avec exactitude selon la disponibilité de méthodes, et si les producteurs suivent leur processus de certification, la fibre égrenée peut alors être certifiée non GM sans induire les consommateurs en erreur. Le présent document démontre que les méthodes d'extraction d'ADN ne sont efficaces et exactes que pour les graines et les feuilles. Même s'il est possible de détecter le coton GM pur au stade de coton égrené et potentiellement au stade de fil grège, un coton pour lequel un résultat négatif est obtenu ne peut pas être déclaré non GM en raison du risque significatif de résultat faussement négatif dû à une insuffisance d'ADN de qualité PCR (réaction de polymérisation en chaîne).

L'approche de criblage de séquence d'ADN décrite dans le présent document repose sur des méthodes PCR. Les méthodes décrites dans le présent document sont conçues pour être applicables aux quatre principales espèces de coton du commerce: *Gossypium hirsutum*, *G. barbadense*, *G. arboreum* et *G. herbaceum*.

Le coton (*Gossypium* spp.) est cultivé pour ses fibres depuis plus de 8 000 ans. Il existe plus de 50 espèces du genre *Gossypium*^[2]. Le génome *Gossypium* est complexe et contient de 2,25 à 2,43 giga paires de bases^[3].

Le présent document décrit les facteurs clés nécessaires pour cribler les échantillons de graines, de feuilles de coton et de fibres de coton à différentes phases de fabrication de textile au sein de la chaîne de production du coton permettant de déceler l'éventuelle présence d'éléments d'ADN spécifiques. Le protocole décrit deux étapes majeures:

- a) une méthode effective d'extraction d'ADN à partir de matériaux de coton;
- b) une méthode de confirmation que l'ADN extrait est de l'ADN de qualité PCR, c'est-à-dire adapté à la PCR (les marqueurs conseillés choisis à cette fin seront nucléaires et présenteront un faible nombre de copies).

Le criblage d'éléments GM est décrit dans l'ISO/TS 5354-2^[4].

L'étude de validation intralaboratoire décrite dans le présent document couvrant la mise au point de la méthode a été réalisée par le Wageningen University and Research Institute (RIKILT), aux Pays-Bas.

Biomarqueurs moléculaires — Détection d'ADN dans le coton utilisé pour la production textile —

Partie 1:

Extraction d'ADN à partir de graines de coton et de matières premières issues de celles-ci

1 Domaine d'application

Le présent document spécifie des exigences et des recommandations destinées aux laboratoires qui réalisent l'extraction d'acide désoxyribonucléique (ADN) de qualité PCR à partir de graines de coton, de feuilles de coton ainsi que de matières premières issues de celles-ci, de manière suffisante pour une analyse par réaction de polymérisation en chaîne (PCR).

Le présent document est applicable à:

- l'identification de matières premières de coton à partir desquelles de l'ADN de qualité PCR peut être extrait;
- la spécification d'une méthode d'extraction effective d'ADN à partir de coton et de matières premières issues du coton;
- la spécification du ou des marqueurs spécifiques du coton à utiliser en tant que témoins pour l'amplification par PCR de l'ADN.

La seule conclusion qu'il est possible de tirer d'un résultat d'analyse PCR de graines de coton, de feuilles de coton et, dans une certaine mesure, de matières premières issues de celles-ci est qu'il ne s'agit pas de coton GM pur. Les adjuvants de coton GM ne peuvent pas être détectés pour les fibres de coton et les matières issues des fibres de coton.

Le présent document ne s'applique pas à l'échantillonnage de lots constitués de graines, de balles, d'étoffes traitées ou de fils traités. Une méthode d'échantillonnage recommandée est donnée dans l'ISO 6497^[5]. Des recommandations générales pour l'échantillonnage des matériaux en vrac ou des produits à base de coton sont disponibles dans les normes telles que l'ASTM D1441-12^[6] et la CEN/TS 15568^[7].

2 Références normatives

Les documents suivants sont cités dans le texte de sorte qu'ils 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 16577, *Analyse de biomarqueurs moléculaires — Vocabulaire pour les méthodes d'analyse de biomarqueurs moléculaires dans l'agriculture et la production agroalimentaire*

ISO 21570:2005, *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, *Produits alimentaires — Méthodes d'analyse pour la détection des organismes génétiquement modifiés et des produits dérivés — Extraction des acides nucléiques*

ISO 24276:2006, *Produits alimentaires — Méthodes d'analyse pour la détection des organismes génétiquement modifiés et des produits dérivés — Exigences générales et définitions*

ISO 24276:2006/A1:2013, *Produits alimentaires — Méthodes d'analyse pour la détection des organismes génétiquement modifiés et des produits dérivés — Exigences générales et définitions — Amendement 1*

3 Termes et définitions

Pour les besoins du présent document, les termes et les définitions de l'ISO 16577 ainsi que les suivants 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:

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

3.1 textile

étoffe tissée, tricotée, etc., formée par l'entrelacement de fibres et de fils ayant une certaine cohésion et qui est généralement destinée à l'habillement ou à l'ameublement

Note 1 à l'article: Les textiles incluent souvent certains types d'étoffes en non-tissés.

[SOURCE: ISO 16373-3:2014, [\[8\]](#) 2.1]

3.2 graine de coton graine du cotonnier

3.3 feuille de coton feuille du cotonnier

3.4 coton-graine graine pelucheuse coton brut qui contient à la fois des graines et des fibres avant d'être égrené

3.5 bourre de coton fibre brute obtenue après égrenage

3.6 fil grège grande longueur continue non traitée de *bourre de coton* ([3.5](#)) entrelacée, obtenue après nettoyage puis filage de la bourre de coton

3.7 étoffe grège *textiles* ([3.1](#)) non traités formés pas tissage, tricotage ou crochetage de fil et d'étoffe non tissée

3.8 fil traité fil obtenu après avoir subi un traitement lui permettant d'atteindre son plein potentiel textile

3.9 étoffe traitée étoffe obtenue après avoir subi un traitement lui permettant d'atteindre son plein potentiel textile

3.10

acide désoxyribonucléique de qualité pour réaction de polymérisation en chaîne

ADN de qualité PCR

matrice d'ADN de longueur, de pureté chimique et d'intégrité structurale suffisantes pour être amplifiée par la PCR

[SOURCE: ISO 24276:2006, 3.2.3]

3.11

témoin de matrice de coton

échantillon pouvant être identifié comme issu du coton par amplification par PCR et détection du gène SAH7 dans son ADN extrait

3.12

cycle de quantification

Cq

dans une réaction de polymérisation en chaîne en temps réel, cycle auquel le signal de fluorescence dû à la réaction atteint un niveau de seuil auquel le signal peut être distingué des niveaux de bruit de fond

[SOURCE: ISO 16577:2022, modifiée — D'autres termes et la note à l'article ont été supprimés.]

4 Principe

Le présent document décrit les exigences relatives à la préparation et au criblage d'ADN spécifique présent dans le coton et les textiles. Il décrit les conditions d'obtention d'ADN pour la détection d'un élément d'ADN spécifique et un schéma de détection d'un gène endogène du coton (témoin positif). L'amplification et la détection de séquences d'ADN endogènes du coton sont précédées par des méthodes d'extraction qui donnent de l'ADN de qualité PCR. Dans le cas des échantillons de coton, l'ADN de qualité PCR permet la détection de séquences spécifiques d'ADN de coton. Aucun adjuvant de coton GM n'a été analysé.

De l'ADN de qualité PCR peut être extrait pour les phases de production allant des graines de coton jusqu'aux fils et étoffes grèges inclus. La seule conclusion qu'il est possible de tirer d'un résultat d'analyse PCR de fibres de coton et de matières issues de fibres de coton est qu'il ne s'agit pas de coton GM pur. Les adjuvants de coton GM ne peuvent pas être détectés pour les fibres de coton et les matières issues des fibres de coton.

Un fil traité et une étoffe traitée ont été examinés dans le cadre de l'élaboration du présent document, 54-1 mais il a été constaté qu'il n'est pas possible d'extraire de l'ADN de qualité PCR à partir de ces matériaux.

Un autre criblage de contenu GM reposant sur des méthodes de PCR en temps réel est décrit dans l'ISO/TS 5354-2^[4].

5 Identification d'un marqueur d'ADN endogène approprié du coton

L'identification d'un marqueur d'ADN endogène approprié pour la détection des quatre espèces de coton du commerce (*Gossypium hirsutum*, *G. barbadense*, *G. arboreum* et *G. herbaceum*) a été entreprise dans le cadre d'une étude du RIKILT (Pays-Bas). Trois marqueurs d'ADN possibles ont été comparés:

- a) gène de la protéine porteuse d'acyle spécifique de la fibre de coton (ACP1);
- b) alcool déshydrogénase C (AdhC);
- c) homologue 7 de *Sinapsis arabidopsis* (SAH7)^[9].

Le SAH7 a obtenu de meilleurs résultats que l'AdhC et l'ACP1, montrant une amplification plus précoce et cohérente des quatre espèces de coton du commerce (*G. hirsutum*, *G. barbadense*, *G. arboreum* et *G. herbaceum*). Les données étayant cette conclusion figurent dans l'Annexe A^{[10][11]}. Dans certains cas, aucun signal n'a été obtenu en partant de la plus grande quantité d'ADN et aucune analyse supplémentaire n'a été réalisée pour élucider la cause de l'inhibition de la PCR.

6 Préparation de l'échantillon pour essai

Il convient d'homogénéiser l'échantillon pour essai au moyen de méthodes adaptées et en évitant tout chauffage excessif. La préparation de l'échantillon dépend du type d'échantillon. Préparer les échantillons en utilisant l'une des techniques suivantes: arrachage, découpe, broyage ou déchiquetage.

Préparer au moins deux réplicats par échantillon. Inclure des témoins négatifs et positifs appropriés, comme spécifié dans l'ISO 21571 relative à l'extraction de l'ADN.

Les méthodes appropriées de préparation des échantillons pour essai pour différents types de matériau sont les suivantes:

- graines de coton: broyer soigneusement les graines en utilisant une méthode adaptée. En utiliser 100 mg pour le mode opératoire d'extraction de l'ADN. S'assurer que les graines sont exemptes de petites fibres/bourre, c'est-à-dire qu'elles sont délintées;
- feuille de coton: broyer soigneusement les feuilles en utilisant une méthode adaptée. En utiliser 100 mg pour le mode opératoire d'extraction de l'ADN;
- coton-graine: séparer les graines des longues fibres et broyer soigneusement les graines en utilisant une méthode adaptée. En utiliser 100 mg pour le mode opératoire d'extraction de l'ADN;
- bourre de coton: le matériau fibreux peut être séparé de la graine et arraché soigneusement en utilisant une méthode adaptée. En utiliser 100 mg pour le mode opératoire d'extraction de l'ADN;
- fil grège: découper le fil en petits morceaux d'environ 0,5 cm de longueur au maximum en utilisant une méthode adaptée. En utiliser 100 mg pour le mode opératoire d'extraction de l'ADN;
- étoffe grège: découper l'étoffe en petits morceaux d'environ 0,5 cm × 0,5 cm au maximum en utilisant une méthode adaptée. En utiliser 100 mg pour le mode opératoire d'extraction de l'ADN.

7 Évaluation des méthodes d'extraction d'ADN pour différentes phases de production du coton

7.1 Généralités

ISO/FDIS 5354-1

Plusieurs méthodes d'extraction permettant d'obtenir de l'ADN de qualité PCR à partir de différents matériaux de coton utilisés dans le processus de production, de la graine de coton aux textiles, ont été soumises à essai afin de déterminer si l'une d'elles donnait de meilleurs résultats dans des matrices spécifiées. La matrice de graines de coton, dont les essais ont été les plus constants, a donné les meilleurs rendements avec des méthodes à extraits multiples. Dans le cadre de l'étude du WFSR, des échantillons de coton provenant du processus de production du coton ont été utilisés pour comparer cinq méthodes d'extraction d'ADN. Les échantillons ont été obtenus auprès de sources aux États-Unis, en Turquie et en Inde. Pour confirmer la présence et la qualité PCR de l'ADN extrait, chaque ADN extrait a été soumis à une PCR quantitative pour le témoin endogène SAH7^[11]. Les essais de PCR quantitative ont été réalisés deux fois sur l'ADN non dilué. Les cinq méthodes d'extraction d'ADN examinées étaient:

- a) une méthode au bromure de cetyltriméthylammonium (CTAB);
- b) un kit commercial d'extraction par billes magnétiques;
- c) une méthode au CTAB combinée à un kit d'extraction d'ADN végétal^[12];
- d) une méthode au CTAB utilisée par le laboratoire communautaire de référence VL-14/05XP;

- e) un système commercial d'extraction d'ADN sur colonne à centrifuger conçu pour l'extraction d'ADN à partir d'échantillons de selles (QIAamp Fast DNA Stool Mini Kit^{®1)})^[13].

Les résultats de cette étude sont fournis à l'[Annexe B](#).

7.2 Résultats de l'analyse intralaboratoire des méthodes d'extraction d'ADN

Les extraits de graines de coton ont produit de manière constante les meilleures amplifications, tandis qu'une amplification beaucoup plus faible ou nulle a été observée sur d'autres matrices selon la méthode. Le système commercial d'extraction d'ADN sur colonne à centrifuger conçu pour l'extraction d'ADN à partir d'échantillons de selles a permis l'extraction d'ADN de qualité PCR (ADN amplifiable en utilisant la méthode pour le SAH7 endogène) à partir d'échantillons de graines de coton, de feuilles de coton, de bourre de coton, de fil grège et d'étoffe grège. Les données pour l'évaluation de l'ADN extrait à l'aide de ce système commercial d'extraction d'ADN sur colonne à centrifuger conçu pour l'extraction d'ADN à partir d'échantillons de selles avec la méthode SAH7 sont fournies à l'[Annexe D](#). Pour le fil grège et l'étoffe grège, seule une très petite quantité d'ADN a pu être extraite à la limite de détection de l'essai de PCR. Le fil traité et l'étoffe traitée n'ont pas donné d'ADN de qualité PCR. Cet ADN n'a pas été amplifié avec succès avec la méthode PCR pour la cible endogène SAH7. L'extraction d'ADN à partir de fil traité et d'étoffe traitée ne produit pas d'ADN pouvant être utilisé dans le criblage d'OGM. Les autres méthodes d'extraction d'ADN utilisées dans l'étude n'ont donné que peu voire pas d'ADN de qualité PCR avec le fil traité et l'étoffe traitée, et la PCR quantitative ultérieure avec le témoin endogène n'a pas abouti. Les résultats sont fournis à l'[Annexe B](#).

7.3 Conclusion

Pour les méthodes d'extraction d'ADN et les phases de production de coton évaluées, les résultats ont montré que le système commercial d'extraction d'ADN sur colonne à centrifuger conçu pour l'extraction d'ADN à partir d'échantillons de selles était la seule méthode d'extraction d'ADN qui produisait de l'ADN de qualité PCR à partir de graines de coton, de bourre de coton, de fil grège et d'étoffe grège. Cependant, la méthode des selles (voir [Annexe D](#)), la méthode au CTAB avec kit d'extraction d'ADN végétal^[12] (voir [B.1.1](#)) et la méthode au CTAB sur colonne à centrifuger (voir [B.1.4](#)) ont donné des résultats similaires sur les graines de coton. En raison de la très faible quantité d'ADN de qualité extractible à partir de bourre de coton, de fil grège et d'étoffe grège ($C_q > 34$), la limite de détection pratique du contenu GM dans les adjuvants de coton est très élevée. La seule conclusion qu'il est possible de tirer d'un résultat d'analyse PCR de fibres de coton et de matières issues de fibres de coton en utilisant les méthodes de criblage d'OGM décrites dans l'ISO/TS 5354-2:2024^[4] est qu'il ne s'agit pas de coton GM pur. Les adjuvants de coton GM ne peuvent pas être détectés pour la bourre de coton, le fil grège et l'étoffe grège.

La cible SAH7 n'était pas détectable dans l'ADN extrait des matériaux des phases finales de production: fil traité et étoffe traitée. D'autres méthodes d'extraction d'ADN n'ont donné que peu voire pas d'ADN pour ces produits, et la PCR quantitative ultérieure avec le témoin endogène n'a pas abouti.

8 Stockage

L'ADN extrait peut être conservé à 4 °C pendant une semaine au maximum ou à -20 °C indéfiniment.

9 Quantification de l'ADN

Une quantification de l'ADN extrait peut se faire soit à l'aide de méthodes physiques (par exemple, par mesurage de l'absorbance à 230/260/280 nm), chimico-physiques (par exemple, par emploi de marqueurs fluorescents intercalants ou de liaison) ou enzymatiques (par exemple, par détection de bioluminescence), soit en procédant à une PCR quantitative. Ces méthodes sont décrites dans l'ISO 21571:2005, Annexe B.

1) QIAamp FastDNA Stool Mini Kit[®] est l'appellation commerciale d'un produit fourni par Qiagen GMBH. Cette information est donnée à l'intention des utilisateurs du présent document et ne signifie nullement que l'ISO approuve l'emploi du produit ainsi désigné. Des produits équivalents peuvent être utilisés s'il est démontré qu'ils aboutissent aux mêmes résultats.