

Norme internationale

ISO 5354-1

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

Teh Standards

Partie 1:

Extraction d'ADN à partir de coton, 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 cotton, cottonseed and raw materials derived therefrom

Première édition 2025-06

0a-1e4a-4634-92a3-076449f6add6/iso-5354-1-2025

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

ISO 5354-1-2025

https://standards.itely.ai/catalog/standards/iso/7d38650a-1e4a-4634-92a3-076449f6add6/iso-5354-1-2025



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: <u>www.iso.org</u> Publié en Suisse

© ISO 2025 - Tous droits réservés

Sommaire			Page
Avar	nt-prop	OS	iv
Intro	oductio	n	v
1	Doma	aine d'application	1
2	Référ	ences normatives	1
3	Term	ies et définitions	2
4	Principe		3
5	Ident	ification d'un marqueur d'ADN endogène approprié du coton	3
6	Prép	aration de l'échantillon pour essai	4
7	Évaluation des méthodes d'extraction d'ADN pour différentes phases de production du coton		
	7.1 7.2 7.3	Généralités Résultats de l'analyse intralaboratoire des méthodes d'extraction d'ADN Conclusion	5
8	Stock	rage	5
9	Quan	tification de l'ADN	5
10	10.1 10.2 10.3 10.4	rôle de la qualité de l'ADN Généralités Utilisation du marqueur <i>SAH7</i> comme essai de contrôle de la qualité de l'ADN du coton Analyse des inhibiteurs de PCR Méthode de contrôle de matrice de coton 10.4.1 Résultats	6 6 6
11		ort d'essai	
Ann	e xe A (ii	nformative) Analyse des témoins endogènes du coton	8
Ann		nformative) Évaluation des méthodes d'extraction d'ADN pour différentes phases oduction du coton	10
Ann	exe C (in	nformative) Méthode de PCR pour détecter l'ADN cible du gène SAH7 dans le coton	202 1 4
Ann	d'ext	(informative) Évaluation de l'ADN extrait à l'aide d'un système commercial raction d'ADN sur colonne à centrifuger conçu pour l'extraction d'ADN à partir antillons de selles avec la méthode SAH7	17
Rihli	ingranh		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 tout ou partie 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*, souscomité 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*. 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 (WFSR), aux Pays-Bas.