

Les nouvelles techniques de génie génétique sont-elles traçable ?



Image : Google Gemini

La détection n'est qu'une décision politique.
L'obligation de fournir des méthodes de détection et du matériel de référence favorise le développement de méthodes de détection appropriées.

Actuellement, en vertu de la loi sur le génie génétique, les entreprises doivent fournir une méthode de détection pour les plantes issues des nouvelles techniques de génie génétique (NTGG) lorsqu'elles commercialisent leurs produits. Cela disparaîtrait avec la déréglementation prévue. L'argument selon lequel les modifications apportées par les NTGG ne sont pas détectables est toutefois erroné : la

Spendenkonto:
IBAN CH07 0900 0000 8000 0150 6

Hottingerstrasse 32, 8032 Zürich
T 044 262 25 63, info@gentechfrei.ch
www.gentechfrei.ch

détection est déjà possible pour une partie des plantes issues des NTGG, et des projets de recherche prometteurs sont en cours pour le reste.

Pourquoi des méthodes de détection sont-elles nécessaires ?

Les procédures de détection sont nécessaires pour **contrôler le respect des exigences légales et des obligations d'étiquetage, garantir des chaînes de production sans OGM et assurer la traçabilité des produits issus des NTGG**. Elles servent également à faire respecter les interdictions de culture, à surveiller les plantes issues des NTGG autorisées ou non autorisées et à faciliter le commerce international. Elles renforcent également la confiance du public dans les denrées alimentaires issues des NTGG.

Que doit pouvoir faire une méthode de détection ?

Une méthode de détection doit pouvoir **prouver** sans ambiguïté la modification induite par la NTGG, **identifier** la plante concernée comme produit NTGG et **quantifier** la quantité de matériel génétiquement modifié (GM) présent.

Quelles sont les méthodes de détection déjà disponibles ?

Il existe plusieurs méthodes analytiques modernes de détection. Les trois principales sont **les techniques de multiplication de l'ADN** (méthodes qui consistent à multiplier de manière ciblée un segment spécifique de l'ADN afin de pouvoir l'examiner plus précisément), telles que la qPCR (utilisée de manière routinière), la dPCR (plus précise), l'amplification en boucle LAMP ou l'amplification par recombinaison-polymérase RPA (adaptée aux tests portables sur site). **Les méthodes de séquençage** telles que le séquençage ciblé et le séquençage du génome entier permettent une analyse détaillée du génome, mais elles sont encore coûteuses et complexes. **Les méthodes basées sur CRISPR** avec les enzymes

Cas12 et Cas13 sont considérées comme de nouvelles méthodes de détection prometteuses et très sensibles.

Où en est le développement des méthodes de détection des plantes issues des NTGG ?

Pour certaines plantes GM, **la détection (D), l'identification (I) et la quantification (Q)** sont déjà possibles (par exemple pour le maïs cireux de Corteva et le soja Calyno de Calyxt). Pour d'autres (colza Falco/Cibus ou tomate GABA/Sanatech), **seules la détection et la quantification** sont actuellement réalisables. Des recherches intensives sont menées pour mettre au point des méthodes d'identification fiables, notamment en combinant des techniques analytiques modernes avec des approches non analytiques telles que la blockchain, les robots d'indexation ou l'intelligence artificielle. Les difficultés résident principalement dans les modifications génétiques mineures telles que les variants nucléotidiques simples (modifications d'un seul nucléotide de l'ADN) ou l'insertion ou la suppression de courtes séquences génétiques (insertions ou délétions, en abrégé : InDels), car celles-ci ressemblent à des mutations naturelles. **L'identification n'est toutefois pas impossible** : de nouvelles approches combinées sont considérées comme une solution prometteuse.

Quelles sont les approches actuellement testées pour l'identification des plantes issues des NTGG ?

Parmi les approches à l'étude figurent **les marqueurs génétiquement couplés**, qui permettent de détecter les modifications involontaires de l'ADN dans des régions non ciblées (off-target). **Les empreintes génétiques** utilisent des signatures ADN uniques, typiques d'une variété, pour distinguer et identifier une variété donnée parmi d'autres. La condition préalable est l'existence d'un « pan-génome », qui englobe toute la

diversité génétique naturelle d'une espèce et permet ainsi de distinguer les modifications naturelles des modifications génétiques à l'aide d'analyses bioinformatiques. **L'analyse probabiliste** utilise des modèles statistiques pour évaluer si une modification est susceptible d'être naturelle ou génétique. D'autres approches innovantes consistent à utiliser des **catalogues de variétés** pour vérifier les caractéristiques phénotypiques, à recourir à **l'intelligence artificielle** pour reconnaître les modèles génétiques et les produits NGT, à utiliser **les technologies blockchain** pour assurer la traçabilité transparente des chaînes d'approvisionnement et à utiliser **des robots d'indexation** qui collectent et analysent automatiquement les informations sur les NTGG.

Qui est responsable du développement des méthodes de détection des NTGG ?

En Suisse : plusieurs acteurs sont responsables de cette tâche. **Les développeurs** doivent présenter aux autorités des méthodes de détection appropriées s'ils souhaitent commercialiser ou mettre sur le marché leurs produits. **La Confédération et les cantons** surveillent le respect des prescriptions relatives aux OGM et veillent conjointement à ce que des méthodes de détection appropriées soient disponibles. **Les laboratoires de référence pour les OGM** assument des tâches de contrôle spécifiques : [METAS](#) pour les denrées alimentaires, [Agroscope](#) pour les aliments pour animaux ainsi que les semences et les plants, et le [laboratoire cantonal de Bâle-Ville](#) pour les échantillons environnementaux.

Dans l'UE : **les développeurs** doivent présenter aux autorités des méthodes de détection appropriées s'ils souhaitent disséminer ou commercialiser leurs produits. **Les autorités nationales des États membres de l'UE** sont responsables de la mise en œuvre des contrôles des OGM. Le **Réseau européen des laboratoires OGM** ([ENGL](#)) et le **Laboratoire de référence de l'UE pour les denrées alimentaires et les aliments pour animaux génétiquement modifiés** ([EURL GMFF](#))

jouent un rôle central dans le **développement, la normalisation et la validation** des méthodes de détection des NTGG.

Que font les autorités pour développer des méthodes de détection des plantes issues des NTGG ?

En Suisse, les autorités n'ont commencé à développer activement des méthodes de détection que dans les années 2020, car leur faisabilité était encore remise en question dans les années 2010.

Depuis, elles testent des approches analytiques et non analytiques innovantes. Ont activement contribué à ces développements : le **laboratoire cantonal de Bâle-Ville** (étude de faisabilité en 2018), **l'université de Neuchâtel** (2019-2023 : projet NGS, financé par l'OFAG) et **l'OSAV** (projet international visant à tester une méthode pour le colza Falco 2022-2024). Aucun projet correspondant n'a été soutenu jusqu'à présent dans le cadre du nouveau programme de recherche **PNR 84** (2025).

UE : la Belgique, la Norvège et l'Allemagne sont particulièrement actives dans le développement de méthodes de détection. Les autorités financent plusieurs projets sur les méthodes basées sur la qPCR, la dPCR et de séquençage de nouvelle génération (NGS : une méthode moderne permettant de lire très rapidement et précisément l'ADN ou l'ARN complet d'un organisme), tels que **Detect** et **RapsNMT** en Allemagne, qui testent des marqueurs génétiquement couplés pour l'identification, ainsi que des projets visant à développer des méthodes de détection déjà autorisées en dehors de l'UE. De grands projets tels que **Darwin** et **Detective** (lancement en 2024, financés par l'UE à hauteur de 11 millions d'euros) se concentrent sur les méthodes analytiques modernes et l'expérimentation d'approches non analytiques telles que l'IA, la blockchain et les robots d'indexation.

Les plantes non autorisées peuvent-elles être détectées ?

Si la commercialisation des plantes GM augmente à l'échelle mondiale, la probabilité que des plantes GM non autorisées entrent en Suisse par le biais d'importations augmente également. **En principe, les plantes non autorisées peuvent être détectées, même si elles sont importées sans autorisation officielle.** Pour ce faire, **les fabricants peuvent coopérer en fournissant des informations sur les séquences et du matériel de référence**, par exemple dans un registre mondial. Si les fabricants ne coopèrent pas, les informations sur les séquences peuvent être recherchées dans les fascicules de brevets ou les chaînes d'approvisionnement peuvent être retracées. En outre, la charge de la preuve peut être renversée, de sorte que **l'absence** de plantes GM doit également être prouvée et indiquée.

Comment détecter les résidus de gènes étrangers issus du processus de fabrication ?

Lors de la production de plantes GM avec des NTGG, de l'ADN étranger à l'espèce (transgène) est souvent introduit, par exemple des séquences codant pour l'enzyme de coupure (Cas) ou pour la molécule guide correspondante (gRNA). Ceux-ci doivent être éliminés avant la mise sur le marché. Leur absence doit ensuite être prouvée.

Les résidus de gènes étrangers issus du processus de fabrication sont en partie détectés à l'aide de méthodes standard telles que la PCR ciblée ou le séquençage de nouvelle génération (NGS). Cependant, l'absence totale d'ADN étranger ne peut être prouvée sans aucun doute. **De nouvelles méthodes de détection sont nécessaires pour identifier de manière fiable les séquences transgéniques dans le génome végétal.**

Existe-t-il des méthodes de détection pour les animaux et les microbes issus des NTGG ?

Certains produits animaux et microbiens issus des NTGG sont déjà autorisés dans des pays tels que le Japon, le Brésil et les États-Unis. De nouvelles méthodes de détection doivent également être mises au point pour ces organismes, notamment afin de pouvoir détecter les modifications les plus infimes.

Les premières études scientifiques sont en cours, par exemple sur une délétion dans le gène de la myostatine (un gène responsable de la régulation de la croissance musculaire) chez les bovins. Dans l'UE, le **groupe de travail ENGL « New Mutagenesis Techniques »** et le projet **Detective** (depuis 2024) travaillent sur des méthodes de détection, d'identification et de quantification des produits animaux issus des NGT.

En savoir plus :

[Étude sur la vérifiabilité](#)