

BIBLIOMER

Veille bibliographique et réglementaire à l'intention des professionnels de la filière produits de la mer

Bibliomer n° : 24 – Février 1996

Thème : 3 – Qualité Sous-thème : 3 – 6 Méthodes analytiques spécifiques produits de la mer

Notice n° : 1996-0414

Identification d'espèce sur des produits carnés ayant subi des transformations technologiques, par séquençage de l'ADN mitochondrial

Identification of the species origin of highly processed meat products by mitochondrial DNA sequences

Unsel M., Beyermann B. Brandt P., Hiesel H.

Institut für Genbiologische Forschung, Ihnestr. 63, 14195 Berlin, Germany
PCR Methods and Applications, 1995, n° 4, p. 241-243 - *Texte en Anglais*

◆ Analyse

Une technique de biologie moléculaire qui permet d'authentifier le thon et les bonites en conserve appertisée est décrite. Elle est basée sur le séquençage d'un fragment d'ADN mitochondrial, celui du gène codant pour le cytochrome b qui est spécifique de l'espèce. Toutefois l'ADN extrait des conserves est trop dénaturé pour pouvoir être amplifié par la technique d'origine utilisant des "primers" universels servant à caractériser 402 pb (pairs de bases) les auteurs ont défini, à partir de séquences connues, des nouveaux "primers" qui permettent l'amplification de 59 pb. L'utilisation de ces "primers" sur 11 échantillons de référence dûment identifiés au préalable a mis en évidence 10 séquences distinctes : la séquence de *Thunnus albacares* s'étant révélée identique à celle de *Thunnus thynnus* 9 espèces ont pu être différenciées, il s'agit de 3 *Thunnus* (*T. obesus*, *T. alalunga* et *T. maccoyii*), du listao (*Katsuwonus pelamis*) et de 5 bonites (*Euthynnus affinis*, *Euthynnus alleteratus*, *Auxis thazard*, *Sarda sarda* et *Sarda chiliensis*).

La méthode a ensuite été validée sur 30 échantillons commerciaux, les résultats suivants ont été obtenus : 5 sont soit *Thunnus thynnus* soit *Thunnus albacares* non différenciables par cette technique, 4 sont *Euthynnus affinis*, 7 *Katsuwonus pelamis* et 2 *Sarda chiliensis* ; 4 ont donné des séquences d'ADN identiques à celle de l'*Auxis thazard* à 1 pb près (variation intraspécifique ou deux espèces proches non différenciées préalablement) et 8 échantillons sont des mélanges de 2 espèces (*E. affinis* + *A. thazard*).

Analyse réalisée par : Etienne M. / IFREMER