

Barcoding



Coût*

* aucune donnée disponible quant au coût

Délai

Une semaine*

*délai de réponse du laboratoire : 15 à 20 jours ouvrés

Fiabilité

5*

*établie selon une échelle relative en fonction des autres techniques

AVANTAGES

- Identification massive et rapide
- Identification d'individus non identifiables morphologiquement (oeufs, larves...)

INCONVÉNIENTS

- Nécessite une base de données des barcodes et de moyens de séquençage
- Peu utilisé en pathologie végétale

PRINCIPE

Le barcoding de l'ADN est une méthode de diagnostic générique qui utilise un fragment standard de l'ADN d'un organisme. Elle repose sur le séquençage de ce fragment, lequel est quasiment identique chez des individus de la même espèce. Le séquençage est précédé par une extraction d'ADN et une PCR. Il est ainsi possible d'identifier un individu en connaissant uniquement la séquence de ce fragment d'ADN.

La lecture du barcode de l'individu mène à une bibliothèque de références où sont associées séquences d'ADN et identification fiable (taxonomique, morphologique). Un non spécialiste en systématique peut identifier une espèce qu'il ne connaît pas, sous réserve d'une bonne maîtrise de la technique.

CHAMPIGNONS

ARTHROPODES

NÉMATODES

BACTÉRIES

VIRUS

Projet Qbol

Le projet QBOL (Quarantine organism Barcoding Of Life) est un projet international financé par l'Union Européenne. Il a pour objectif de développer le barcoding afin d'identifier les organismes de quarantaine en protection des plantes.

Ce projet regroupe 20 organisations (universités, instituts de recherche, firmes phytosanitaires) dans 15 pays différents.

L'objectif de QBOL est d'élaborer une base de données des codes-barres ADN (ou empreintes génétiques) des organismes de quarantaines nuisibles aux cultures. Chaque code-barre ADN est associé à une description des caractéristiques morphologiques et/ou taxonomiques de l'organisme concerné. Ils sont associés à des données géographiques et des données sur l'hôte.

Pourquoi développer le barcoding ?

- Diminution des connaissances taxonomiques pour identifier les organismes de quarantaine
- Propagation des organismes nuisibles par le biais des échanges internationaux et complication de leur identification

Nécessité d'une technique qui renforce le lien entre taxonomie classique et moléculaire

