IDENTIFICATION DE POISSONS PAR BARCODING

PRINCIPE

L'identification d'un organisme vivant peut se faire selon des caractéristiques physiques ou biochimiques grâce aux méthodes phénotypique ou selon la séquence nucléotidique de certains gènes, avec les méthodes de biologie moléculaire.
Le barcoding est une technique de biologie moléculaire qui consiste à aligner les séquences nucléotidique de certains gènes (marqueurs) afin d'identifier les organismes par comparaison avec des séquences nucléotidiques de référence qui constituent les bases de données.

L'identification des poissons a plusieurs objectifs :

- suivre l'évolution de certaines espèces
- vérifier l'identité de certains spécimens
- gérer les ressources de poisson pour adapter les quotas de pêche
- lutter contre la fraude sur les espèces de poissons.

L'identification repose sur le séquençage d'un gène qui sert de marqueur moléculaire et qui, pour la plupart des animaux, est celui de la cytochrome c oxydase I ou COI. Ce gène mitochondrial code pour une enzyme de la chaîne respiratoire, indispensable au transport des électrons et donc à la synthèse d'ATP (monnaie énergétique de la cellule).
On suppose que les individus d'une même espèce auront une séquence COI plus proche que celle des individus d'autres espèces.

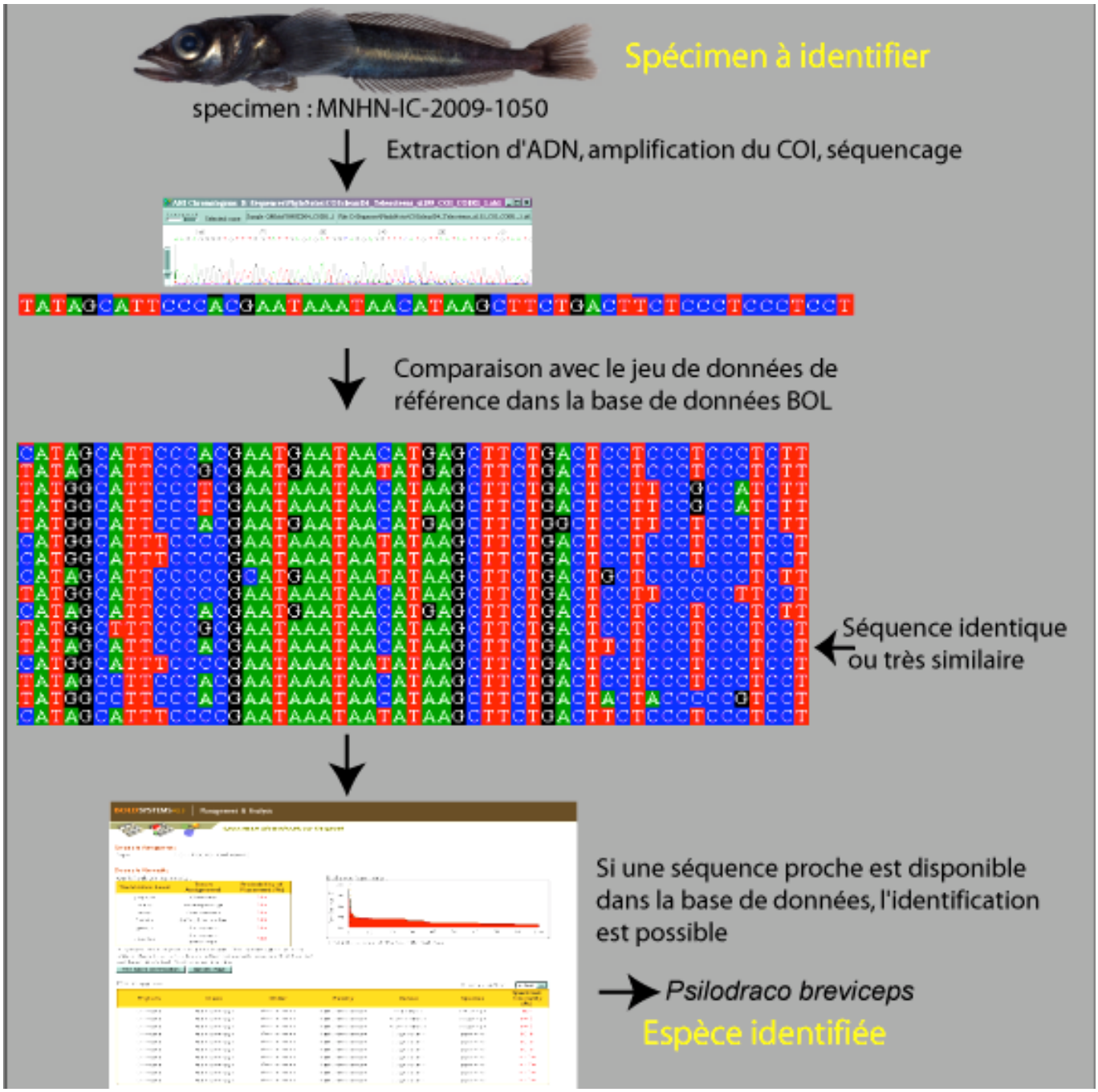
En 2003, Hebert et al. Proposent d'aligner les séquences nucléotidique comme les traits d'un code-barres, ce qui permettra de lancer le projet *Barcode of Life* qui a pour objectif d'identifier les séquences du plus grand nombre d'êtres vivants possibles.
Pour que ce projet puisse aboutir, il faut un nombre limité de marqueurs moléculaires pour permettre une standardisation des séquences.
Une base de données a été mise en place avec les séquences des espèces pour lesquelles des spécimens sont conservés pour servir de référence.

Cette méthode a ses limites :

- risque d'erreur dans la délimitation des espèces : les marqueurs mitochondriaux n'étant transmis que par la mère, ils ne permettent pas de refléter les flux de gènes possibles quand il y a fusion du noyau du spermatozoïde et de celui de l'ovule
- différenciation du niveau de divergence entre individus d'une même espèce et ceux d'espèces proches difficile
- caractère incomplet des bases de données qui ne permet pas d'identifier les espèces s'il n'existe pas de séquences d'espèces proches.

Le *barcoding* a mis en lumière des incohérences dans les délimitations des espèces, dans la description de certaines espèces. Il est évident que cette technique ne suffit pas à résoudre des cas douteux ou complexes.

ETAPES DE L'IDENTIFICATION :



- Extraction de l'ADN du spécimen de poisson cru, cuit, séché, broyé
- Amplification du COI
- Séquençage des échantillons PCR
- Comparaison des séquences avec les bases de données pour identification.