



Code-barres génétique 101 – Feuille de réponses

Voici quelques suggestions de réponses aux questions de la **Fiche reproductible FR R3 : Devoir sur le code-barres génétique 101.**

1. Qu'est-ce qu'un code-barres génétique?

Le code-barres génétique désigne le processus d'identification sur le plan taxonomique d'une espèce en s'appuyant sur une courte séquence d'ADN mitochondrial (ADNmt).

2. Dressez la liste de certaines applications du code-barres génétique

- Capturer des ravageurs agricoles à la frontière (identification d'espèces envahissantes)
- Repérer les moustiques porteurs de maladies (biorestauration)
- Empêcher la fraude contre le consommateur en identifiant correctement les poissons
- Identifier les dépouilles d'oiseaux qui ont frappé des avions pour mieux comprendre leurs trajectoires et éviter les impacts d'oiseaux à l'avenir
- Permettre la taxonomie (l'identification des organismes est beaucoup plus efficace)
- Suivre la trace des ingrédients indésirables provenant de plantes et d'animaux dans la nourriture

3. Pourquoi les méthodes traditionnelles de classement des espèces ne sont-elles pas suffisantes?

Les méthodes traditionnelles :

- Exigent beaucoup de temps;
- Peuvent donner lieu à une identification d'espèces erronée;
- Négligent les taxons cryptiques sur le plan morphologique, soit les taxons qui sont extrêmement difficile à identifier en fonction de la seule morphologie;
- Ne permettent pas d'identifier certaines espèces, sauf si elles sont d'un genre particulier (p.ex. un mâle) ou à un stade précis du cycle de vie (p. ex. les adultes).

4. Énumérez les limites associées à l'utilisation de fragments d'ADN pour identifier certaines espèces

- Cette méthode pourrait ne pas fonctionner aussi bien pour certains groupes de plantes et d'animaux, comme le lichen, les champignons et les insectes parasites;
- Le code-barres génétique n'est pas aussi précis que promis.

5. Quelles sont les autres limites associées à cette technique?

- Il pourrait être difficile d'identifier certaines espèces, puisque les frontières entre les espèces peuvent devenir floues en raison de l'hybridation ou de l'introggression; par conséquent, il sera nécessaire de procéder à des analyses supplémentaires d'un ou plusieurs gènes nucléaires;
- Il pourrait être difficile d'identifier des espèces qui sont issues de la polyplœidisation.



6. Quelle est la fonction de la cytochrome c-oxydase 1 (COX-1) et d'où provient-elle?

La cytochrome c-oxydase 1 (COX-1) est une unité d'un vaste complexe protéique transmembranaire de bactéries et de mitochondries. Étape définitive de la chaîne de transport des électrons, la cytochrome c-oxydase 1 est essentielle pour la production d'énergie des mitochondries.

7. En quoi le gène COX-1 est-il lié à l'identification des espèces?

La COX-1 est une sous-unité fabriquée au sein de la mitochondrie, encodée par l'ADNmt. Le gène affiche une diversité de séquences suffisante pour être en mesure d'établir une distinction entre les espèces, mais assez de similitudes pour qu'une seule amorce puisse être utilisée, ce qui en fait une cible simple pour l'identification des espèces.

8. Pourquoi n'est-il pas pratique ou efficace d'établir le code-barres du génome entier d'un organisme : qu'utilise-t-on à la place?

Cibler le génome entier est inefficace et prendrait beaucoup trop de temps. En ciblant une petite zone, l'identification est beaucoup plus rapide. Le gène cible COX-1 de l'ADNmt est utilisé. Comme le gène encodant la COX-1 fait partie du génome mitochondrial, cela signifie que cette région de l'ADN, bien que nécessaire à la vie de tous les organismes, présentera la même variabilité inhérente dans tout l'ADNmt. Cette caractéristique donne à la région encodant la COX-1 une nature aussi répandue que variable – essentiellement, ce gène se trouve dans chaque cellule eucaryote et il varie fortement d'une espèce à l'autre. De plus, une cellule comprend un grand nombre de mitochondries et de nombreuses copies de l'ADNmt au sein de chaque mitochondrie, il est donc possible d'extraire une grande quantité de COX-1 même si l'échantillon est petit. En outre, le gène COX-1 est une meilleure cible que le génome nucléaire en raison de l'absence d'introns, de son exposition limitée à la recombinaison génétique et de son mode de transmission haploïde; il est aussi peu coûteux et prend moins de temps.

9. Combien d'espèces ont été identifiées à ce jour? Combien d'espèces restent-ils à identifier? Combien d'entre elles ont été identifiées au moyen du code-barres génétique?

Le code-barres génétique de seulement 1,7 million d'espèces a été identifié à ce jour – il reste donc à établir le code-barres génétique de plus de 28 millions d'autres espèces. Le code-barres génétique a été utilisé pour identifier 31 000 nouvelles espèces jusqu'à maintenant.

10. Quels sont les objectifs que les scientifiques souhaitent atteindre au moyen de cette technique?

Les scientifiques espèrent :

- Établir le code-barres génétique de 500 000 espèces au cours des 5 prochaines années;
- Trouver une façon d'établir le code-barres génétique des espèces végétales;
- Identifier toute la biodiversité.