

L'analyse des aliments transgéniques avec les technologies « omiques » : le développement de la « foodomique »

Collaboration : Mme Aurélie Munger, coordonnatrice adjointe, Observatoire Transgène

L'innocuité d'une variété génétiquement modifiée (GM) est évaluée selon le principe d'équivalence substantielle. Ce principe largement appliqué dans le monde pour l'approbation des OGM a été développé par l'OCDE et propose de comparer la composition entre la variété GM et son équivalent non-GM. Ce processus requiert des méthodes de pointe afin de vérifier les effets pléiotropiques - les effets d'interférence inattendus chez la plante - d'une variété transgénique. Des techniques qui impliquent les sciences « omiques » la transcriptomique, la protéomique et la métabolomique, sont exposées dans un article de synthèse de *Valdés et al.* publié en 2013 dans *Trends in Analytical Chemistry*. L'utilisation de ces principales technologies pour caractériser les OGM est discutée d'un point de vue critique et des études d'équivalence sont citées.

La transcriptomique vérifie les profils d'expression des gènes en étudiant les ARNm avec des puces à ADN. Cette approche très préconisée auparavant permet d'analyser les sentiers métaboliques et les voies de signalisation. La protéomique permet d'étudier l'ensemble des protéines, qui sont importantes dans un contexte d'innocuité alimentaire puisqu'elles peuvent être des toxines, des allergènes ou des anti-nutriments. L'approche majoritairement utilisée est l'électrophorèse 2-D pour cibler les protéines qui varient significativement, suivie de leur identification par spectrométrie. La protéomique a permis de comprendre comment la transformation génétique a modifié l'abondance protéique, la structure et la fonction, des effets attendus à la suite d'une modification génétique.

Finalement, la métabolomique permet de détecter les effets sur le métabolisme de la plante modifiée, qui est souvent un objectif lors de la conception d'une nouvelle variété GM. L'exemple le plus connu est le *Golden Rice*, qui synthétise le β -carotène, une vitamine essentielle souvent déficiente dans l'alimentation infantile des pays en voie de développement. Cette science fait face à plusieurs défis attribués à la grande variabilité chimique des métabolites à l'étude. Les données obtenues à la suite des analyses sont nombreuses et l'application de la bioinformatique est essentielle pour établir un portrait métabolique clair.

Comme l'accessibilité à toutes ces techniques s'est accrue dans les dernières années, de plus en plus de données sont disponibles pour identifier les effets pléiotropiques potentiels dans une lignée transgénique. Les défis futurs face à toutes ces données seront de relier les bases de données entre elles et de comprendre les processus moléculaires.

Les résultats des recherches des auteurs ont mis en évidence que les différences entre les lignées non-GM conventionnelles sont plus prononcées que les différences entre les lignées GM et les lignées non-GM. Bref, les conditions environnementales créent davantage de variation des profils « omiques » que la transformation génétique elle-même. Ces variations sont observées de façon constante, peu importe la technique utilisée.

Référence :

VALDÉS, A., *et al.* (2013). Foodomics strategies for the analysis of transgenic foods. Trends in Analytical Chemistry. Sous presse.