

L'application des outils de génomique aux enjeux de la traçabilité en agriculture et agroalimentaire

– DOCUMENT D'ORIENTATION POLITIQUE –



Raynald Dupras¹, Ann Lévesque^{1,2}, Jérôme Dupras^{1,2}

¹ Centre de la science de la biodiversité du Québec (CSBQ)

² Université du Québec en Outaouais (UQO)

Montréal – Octobre 2019

Génome Québec

Génome Québec est un organisme privé à but non lucratif, ayant pour mission de catalyser le développement et l'excellence de la recherche en génomique, son intégration et sa démocratisation. Pilier de la bioéconomie, l'organisme contribue également au développement social et durable, ainsi qu'au rayonnement du Québec.

Centre de la science de la biodiversité du Québec (CSBQ)

Le Centre des sciences de la biodiversité du Québec (CSBQ) regroupe plus de 120 chercheurs d'avant-garde tant au niveau national qu'international. Le CSBQ apporte une valeur ajoutée à la recherche en biodiversité.

Les trois mandats du CSBQ sont de : 1) favoriser et promouvoir un programme de recherche de niveau international à tous les cycles universitaires (baccalauréat, cycles supérieurs, postdoctoral, professoral) en science de la biodiversité; 2) faciliter la coopération scientifique multidisciplinaire au sein de différents groupes de chercheurs québécois en science de la biodiversité et ainsi promouvoir la recherche faite au Québec à des niveaux nationaux et internationaux et 3) faciliter le développement de politiques pour la biodiversité, et contribuer au débat académique et public sur la perte de biodiversité au Québec, au Canada et ailleurs dans le monde.

Objectifs du mandat confié au CSBQ par Génome Québec

Dans le but de favoriser une meilleure connaissance et prise de décision concernant les enjeux relatifs à la traçabilité alimentaire, Génome Québec a confié au Centre de la science de la biodiversité du Québec (CSBQ) le mandat de produire un document d'orientation politique sur le sujet. Ce document est le fruit d'une analyse documentaire et d'une réflexion issue d'un groupe de discussion entre cinq chercheurs du milieu académique et d'agence gouvernementale, et n'engage en rien Génome Québec.

TABLE DES MATIÈRES

1. Résumé exécutif	3
2. Contexte.....	5
2.1. La traçabilité et ses applications à l'agriculture et à l'agroalimentaire.....	5
2.2. Les outils génomiques : des alliés pour le secteur agricole et agroalimentaire.....	5
3. Enjeux relatifs à la traçabilité alimentaire et la santé des agroécosystèmes	10
3.1. La fraude alimentaire : garantir l'authenticité du produit pour protéger le consommateur et l'industrie agroalimentaire.....	10
3.2. Sécurité alimentaire : assurer l'innocuité des aliments et mieux agir en cas de contaminations diverses	12
3.3. Santé des agroécosystèmes : génotyper les agroécosystèmes pour mieux les comprendre	13
4. Barrières réglementaires et sociales à l'utilisation des outils génomiques à des fins de traçabilité alimentaire et de santé des agroécosystèmes.....	14
5. Conclusion	16
5.1. Vers des approches intégrées pour accroître la traçabilité alimentaire et la santé des agroécosystèmes.....	17
6. Liste des références.....	19

1. Résumé exécutif

Selon les prévisions actuelles, nous serons entre 9 et 10 milliards d'êtres humains en 2050. Pour nourrir toutes ces bouches, il faut non seulement mettre en place des systèmes agricoles durables et innovants, mais aussi un système de traçabilité alimentaire. Avec l'accroissement des échanges commerciaux à l'échelle de la planète, il devient important plus que jamais de s'assurer que les denrées alimentaires qui voyagent d'un pays à l'autre soient à la fois sécuritaires pour la santé et facilement retraçables en cas de contaminations, et ce, tout au long de la chaîne d'approvisionnement.

La génomique peut aider à accroître la sécurité des aliments. Par exemple, les codes à barres ADN peuvent être utiles pour vérifier l'identité génétique des matières premières, mais aussi pour évaluer la salubrité des aliments en identifiant les microorganismes pathogènes présents dans un produit végétal ou animal. La génomique propose des méthodes d'analyse non biaisées puisque les résultats reposent sur l'identification d'un marqueur génétique spécifique à chaque espèce animale ou végétale contenue dans un produit. La rapidité et la fiabilité avec laquelle certains outils génomiques fonctionnent leur confèrent également un avantage indéniable par rapport aux approches traditionnelles pour identifier et suivre l'éventail des denrées agricoles et leurs dérivés (Galimberti *et al.*, 2013), et répondre aux événements de contamination ou de fraude alimentaires.

Les outils issus de la génomique sont également très efficaces pour caractériser de façon précise l'ADN d'organismes nuisibles, de parasites et d'espèces envahissantes qui causent des dommages économiques, environnementaux et sociaux non négligeables. Ils pourraient donc devenir des alliés pour, notamment, suivre de proche la dynamique de certaines maladies parasitaires au niveau du bétail et caractériser les organismes nuisibles présents dans les sols et les milieux aquatiques.

Les technologies génomiques sont considérées comme un système de contrôle non invasif pouvant être facilement intégré à d'autres procédures de traçabilité, dont la chaîne de blocs et les systèmes de certification déjà mis en place ou à venir. Par ailleurs, les résultats fiables des analyses génomiques répondent à la nécessité d'offrir une information alimentaire crédible aux yeux de toutes les parties prenantes, incluant les consommateurs.

Malgré toutes les possibilités qu'offre la génomique en matière de traçabilité alimentaire, certains défis demeurent en ce qui a trait à la réglementation, la validation des analyses expérimentales et l'acceptabilité sociale des technologies auprès des consommateurs et de l'industrie.

Ce document décrit les besoins récents en matière de traçabilité alimentaire et présente les outils génomiques disponibles pour répondre aux défis identifiés. Il propose également, pour les décideurs politiques, des recommandations pour accroître la traçabilité alimentaire au Québec et positionner la province comme un des leaders mondiaux dans ce domaine.

Recommandations aux décideurs¹

1. Instaurer un système d'échantillonnage et d'analyses aléatoires en utilisant des outils génomiques pour garantir l'authenticité des aliments consommés au pays, notamment pour les produits de la mer et leurs dérivés (p. 12).
2. Développer des législations sur l'étiquetage qui permettront d'améliorer la traçabilité par la diffusion d'informations précises, tout au long de la chaîne de distribution. Des aides financières devraient être prévues pour diminuer les répercussions économiques, principalement au niveau du secteur primaire (p. 12).
3. Établir un système de rappel efficace, basé sur les nouvelles technologies d'analyse d'ADN afin d'éviter le rappel de produits sains (p. 13).
4. Promulguer l'instauration d'un système de traçabilité permettant d'évaluer la biodiversité en milieu agricole pour favoriser des pratiques agricoles durables et la santé des écosystèmes (p. 14).
5. Investir dans des bases de données d'ADN hautement validées par une instance compétente et indépendante pour caractériser les espèces locales et l'environnement agricole (p. 14).
6. Favoriser la collaboration entre les différents experts (universitaire, secteur privé et gouvernemental), afin de tester la reproductibilité des résultats et viser la normalisation (p. 15).
7. Instaurer un réseau de laboratoires standardisés et accrédités par un organisme indépendant et crédible pour l'analyse d'échantillons fournis par différents intervenants du système (p. 15).
8. Développer un cadre légal (avec consultation au préalable) pour que la validation des résultats découlant de l'utilisation des outils génomiques soit prise en compte lors de débats juridiques (p. 16).
9. Développer un système intégré en ciblant les endroits où il y a des lacunes dans les méthodes traditionnelles de traçabilité pour y incorporer différents outils génomiques, afin de permettre l'identification précise d'un aliment en cas de doute relié à la fraude ou à l'innocuité des aliments (p. 16).
10. Identifier, auprès de la population et de l'industrie agricole et agroalimentaire, les freins et les opportunités à l'intégration d'outils génomiques dans les systèmes de traçabilité (p. 16).
11. Mettre sur pied un comité pour réfléchir sur les conséquences économiques de l'implantation des outils génomiques sur l'industrie agricole et agroalimentaire, et ce, tout au long de la chaîne d'approvisionnement (p. 18).

¹ La séquence dans laquelle les recommandations sont présentées ne constitue pas un ordre de priorité.

2. Contexte

2.1. La traçabilité et ses applications à l'agriculture et à l'agroalimentaire

La traçabilité est une procédure permettant de suivre un produit à travers les différents stades de sa production, de sa transformation et de sa distribution (Dabbene *et al.*, 2016), et de récolter des informations pertinentes tout au long de la chaîne de distribution.

Il existe deux techniques de traçabilité, soit le *tracking* et le *tracing*. Le *tracking* est un suivi quantitatif qui permet de localiser un produit et d'en déterminer l'origine et les destinations. Le *tracing* offre plutôt un suivi qualitatif utilisé pour identifier, notamment, les causes d'un problème de qualité (Ruiz-Garcia *et al.*, 2010).

Dans le secteur agricole et agroalimentaire, les principaux objectifs d'un système de traçabilité efficace sont les suivants (Charlebois *et al.*, 2014) :

- 1) Assurer l'innocuité des aliments.
- 2) Garantir l'authenticité des produits.
- 3) Fournir des informations crédibles au consommateur sur la composition d'un produit.

Le concept de la traçabilité s'applique également à l'évaluation et au suivi de la biodiversité des agroécosystèmes (Cristescu, 2014), soit des écosystèmes exploités à des fins agricoles. Dans une perspective de développement durable et pour relever le défi de nourrir la population mondiale en croissance, le secteur agricole et agroalimentaire doit maintenir le bon fonctionnement de ces écosystèmes. Il doit faire face à de nombreux défis issus de pressions anthropogéniques, des perturbations climatiques et des changements biotiques, comme le mouvement des organismes nuisibles (Littlefair et Clare, 2016), tout en produisant une nourriture sécuritaire et retraçable du lieu de production jusqu'à l'assiette.

2.2. Les outils génomiques : des alliés pour le secteur agricole et agroalimentaire

La transformation industrielle déguise les caractéristiques premières des aliments, ce qui implique qu'ils ne peuvent plus être identifiés sur une base morphologique. Dans ce cas, l'analyse de la molécule d'ADN permet d'identifier de façon précise les différents constituants d'un produit. En effet, la molécule d'ADN est détectable dans chacune des cellules d'un organisme (animal, végétal, microbien, etc.), elle est stable durant tous les cycles de vie et résistante à la plupart des traitements de transformation (Gianni *et al.*, 2015).

Les outils issus de la génomique utilisent l'analyse de la molécule d'ADN pour caractériser le code génétique des organismes vivants et ainsi mieux les comprendre et en faire leur suivi. Les résultats de cette analyse sont non biaisés puisqu'ils reposent sur l'identification d'un marqueur génétique spécifique à chacune des espèces animales ou végétales qui composent un produit. Ces outils peuvent donc être utiles tout au long de la chaîne de distribution, jusqu'au consommateur (Littlefair et Clare, 2016).

Des doutes sur l'authenticité d'un produit? La **technique de la PCR multiplex**², notamment, peut être utilisée pour identifier différentes espèces animales (ciblées ou inconnues) dans un produit carné comme la saucisse ou la viande hachée. Contrairement à certaines approches analytiques traditionnelles, comme la chromatographie, la spectrométrie de masse, la microscopie et le dosage enzymatique (pour ne nommer que celles-là), qui doivent utiliser des équipements et outils très sophistiqués, cette méthode se veut simple, rapide et peu coûteuse (Mehrnaz, 2018; Ballin, 2010).

Le **code à barres ADN** est efficace pour valider l'innocuité des aliments en identifiant les organismes pathogènes par l'amplification d'un petit segment d'ADN (Gianni *et al.*, 2015). Avec cette technologie moléculaire, certains contaminants biologiques pathogènes comme *E. coli* ou *Salmonella* peuvent être identifiés rapidement et de façon précise. Cet outil peut s'appliquer également à la recherche de parasites. L'identification peut se faire à différents stades de leur développement (c.-à-d. œuf, larve, adulte) et en une seule étape (Elsasser *et al.*, 2009). Cette approche constitue un net avantage par rapport à certaines méthodes traditionnelles : par exemple, la recherche taxonomique par la mise en culture de larves du parasite jusqu'au stade adulte s'effectue sur une longue période et exige des conditions environnementales spéciales comme des espaces à température contrôlée (Littlefair et Clare, 2016).

Pour identifier de façon précise et rapide toutes les espèces présentes dans un même échantillon, le **metabarcoding** est de mise. Le potentiel de cette technique d'analyse d'ADN, qui s'appuie sur la capacité de séquençages parallèles, est considérable. Lorsque couplé à l'utilisation de bibliothèques de références de code à barres ADN, le **metabarcoding** permet d'obtenir en une seule analyse l'identité de l'ensemble des espèces présentes dans un échantillon, et ce, de façon beaucoup plus rapide qu'avec les identifications morphologiques classiques (Cristescu et Herbert, 2018), dont plusieurs bases de données de références sont encore incomplètes et demandent à être bonifiées.

De plus, le **metabarcoding** peut utiliser des marqueurs d'ADN courts ou à l'état de traces que les organismes laissent dans l'environnement tout au long de leur cycle de vie. Ces traces proviennent d'individus morts à différents stades de leur développement ou de matières fécales. Il est ainsi possible de détecter un organisme même si celui-ci n'est plus actif dans le milieu puisque son ADN environnemental³ (ADNe) peut y persister longtemps (Littlefair et Clare, 2016). Le **metabarcoding** permet ainsi d'évaluer avec précision la biodiversité d'un agroécosystème et d'en suivre son évolution.

² La PCR multiplex se définit comme étant une amplification simultanée de plusieurs régions d'une matrice d'ADN en utilisant des *amorces* spécifiques aux organismes recherchés.

³ L'ADN environnemental provient de matériel cellulaire libéré par des organismes (via la peau, les excréments, etc.) dans des environnements aquatiques ou terrestres pouvant être échantillonnés et surveillés à l'aide d'outils moléculaires, dont le metabarcoding.

Voici quelques exemples d'interventions au niveau des agroécosystèmes pouvant être effectués avec l'aide du *metabarcoding* :

1. Biodiversité et interactions trophiques

- L'ADNe peut être extrait à partir de l'eau ou du sol à l'intérieur des agroécosystèmes (Taberlet *et al.*, 2012). Son utilisation peut servir de complément à d'autres études pour mesurer l'impact de l'agriculture sur la diversité des espèces et pour mieux connaître ces systèmes (Orgiazzi *et al.*, 2015).
- Les chercheurs peuvent évaluer les interactions trophiques à l'intérieur d'un agroécosystème (Pinol *et al.*, 2014). Par exemple, l'analyse des matières fécales de plusieurs espèces d'oiseaux permet d'identifier le principal prédateur des organismes nuisibles dans un écosystème donné. Les informations recueillies à ce niveau peuvent être utilisées pour attirer et retenir les prédateurs dans le but d'exercer un biocontrôle efficace (Karp *et al.*, 2014).

2. Identification d'espèces nuisibles

- Les dommages aux récoltes, causés par les organismes nuisibles, impliquent des pertes de revenus importantes et menacent la sécurité alimentaire (Godfray *et al.*, 2010). L'identification des invertébrés et des vertébrés nuisibles ainsi que des mauvaises herbes est d'une grande importance, autant pour le commerce extérieur que pour l'utilisation domestique, dans le but de contrôler une invasion potentielle (Littlefair et Clare, 2016).

3. Identification de parasites

- Plusieurs maladies du bétail découlent directement d'infections parasitaires (p. ex., coccidiose, cestodes et nématodes). En identifiant les parasites et leur mode de transmission, un traitement efficace peut alors être instauré (Littlefair et Clare, 2016). Par exemple le parasite *Neospora caninum* est une cause fréquente d'avortement chez les bovins partout dans le monde (Dubey, 2003). Les hôtes définitifs de ce parasite sont les chiens et quelques autres canidés, comme le renard et le coyote (Mc Allister *et al.*, 1998; Gondim *et al.*, 2004). Le contact de ces derniers avec les bovins peut déclencher la maladie. Avec les outils génomiques, on peut facilement déterminer d'où provient la contamination en analysant les matières fécales des canidés en contact avec les bovins et, ainsi, mettre en place des mesures pour corriger la situation.

2.3. L'utilisation des outils de traçabilité au Québec et ailleurs

L'Université Guelph a évalué des systèmes de traçabilité au niveau de 21 pays de l'Organisation de coopération et de développement économique (OCDE), en tenant compte des réglementations en vigueur dans chacun des pays. Les chercheurs ont établi un classement qui se divise en trois catégories, selon la qualité du système de traçabilité. Les pays de l'Union européenne, la Norvège et la Suède se classent dans la catégorie supérieure. L'Australie, le

Canada, le Japon, le Brésil, la Nouvelle-Zélande et les États-Unis sont dans la moyenne, tandis que la Chine a un système de traçabilité faible (Charlebois *et al.*, 2014).

Malgré leurs nombreux avantages, les outils génomiques restent peu utilisés à l'intérieur des systèmes de traçabilité en vigueur, du moins au Québec et au Canada, où on utilise plutôt des registres de renseignements pertinents. Si des tests doivent être effectués, l'utilisation de méthodes classiques est souvent privilégiée, telle la culture de bactéries dans des boîtes de Pétri, ou l'identification morphologique des espèces envahissantes ou des pathogènes. Celles-ci requièrent une grande expertise taxonomique et exigent beaucoup de temps. Parfois, seulement les stades immatures de l'organisme sont retrouvés dans les échantillons. Il faut alors procéder à l'élevage jusqu'au stade adulte pour identifier l'espèce. Le même problème subsiste lorsque l'identification s'effectue par la dissection de l'adulte (Littlefair et Clare, 2016).

La génomique fait toutefois tranquillement sa place dans les systèmes de traçabilité.

Notamment, l'Agence canadienne d'inspection des aliments (ACIA) utilise des outils génomiques en marge du règlement sur la salubrité des aliments (RSAC) dans les situations suivantes :

1. Surveiller les éclosions de maladies d'origine alimentaire en analysant l'ADN des bactéries susceptibles de causer des maladies. Des souches précises de bactéries peuvent ainsi être reliées à une contamination.
2. Détecter efficacement les espèces envahissantes qui peuvent détruire rapidement un écosystème. En effet, les technologies de l'ADN permettent d'identifier de façon précise un insecte morphologiquement identique ou presque à d'autres insectes.
3. Identifier les produits alimentaires contrefaits, car les codes à barres ADN permettent de vérifier les renseignements inscrits sur l'étiquette, mais aussi déterminer si d'autres ingrédients ont été ajoutés.

Le RSAC est entré en vigueur le 19 janvier 2019. Il respecte les normes internationales reconnues en matière de salubrité des aliments et de protection des consommateurs, dont le Codex Alimentarius (ACIA, 2019). Ces normes s'appliquent aux personnes qui importent ou exportent des aliments et à celles cultivant ou récoltant des fruits et légumes frais destinés à l'exportation ou au commerce interprovincial. Dorénavant, il est obligatoire de créer et conserver les documents électroniques ou papiers permettant de faire un suivi efficace des aliments. Ce règlement permet de réduire le temps nécessaire pour retirer des tablettes de magasins les produits insalubres. Les entreprises doivent donc mettre en place des mesures de traçabilité leur permettant de remonter en amont jusqu'à leurs fournisseurs et de garder, en aval, la trace des consommateurs qui ont acheté les produits (ACIA, 2019).

Au Québec, les différents programmes de traçabilité sont pilotés par Agri-traçabilité Québec⁴. Différents projets pilotes sur la traçabilité ont été mis en œuvre par cet organisme. Par exemple, pour les fraises, le système vise principalement une amélioration de la capacité de retraçage et le retrait des produits en cas de crises en effectuant un suivi électronique rapide et efficace. Ce

⁴ <https://www.atq.qc.ca/fr/>

principe s'applique également à d'autres produits comme la pomme de terre et la tomate. En ce qui a trait à la traçabilité de la viande, Agri-traçabilité Québec dispose d'identifiants qui se composent d'une boucle électronique de type RFID et d'un panneau visuel avec le code à barres reconnu par l'Agence canadienne d'identification du bétail. Cet outil de traçabilité permet de suivre l'animal de sa naissance jusqu'à l'abattage en fournissant différentes informations (ex. : identification des sites d'élevage et les déplacements) tout au long de sa vie. Dans ce système, toutefois, la traçabilité s'arrête à l'abattage (Agri-Traçabilité Québec, 2011).

Un projet pilote sur la traçabilité de la viande bovine au Québec a vu le jour en janvier 2014 pour proposer, tester et valider un modèle qui intègre des informations harmonisées permettant de faire le lien entre les produits de la viande bovine achetés et vendus entre chaque maillon de la chaîne de commercialisation de la viande bovine. Cette approche de type amont-aval vise la responsabilisation de chaque entreprise dans l'échange et la conservation d'un certain nombre d'informations avec ses partenaires commerciaux. Cependant, ce projet nécessite l'implication de nombreux intervenants de l'industrie. Actuellement, les entreprises hésitent à s'investir dans le suivi de ces informations. Il semble qu'elles s'engageront lorsque les opportunités ou les obligations du marché ou les réglementations justifieront les investissements nécessaires. Il a été démontré que plusieurs solutions techniques pouvant répondre aux besoins des entreprises existent, mais que celles-ci sont souvent démunies lorsque vient le temps d'implanter un système de traçabilité (Blais *et al.*, 2014).

Plus récemment, un autre projet pilote initié par la compagnie Cargill vise à fournir des informations au consommateur sur le parcours exact du bœuf, de la ferme au consommateur. Parmi les technologies utilisées, Cargill mentionne des tests d'ADN ainsi que la chaîne de blocs, un outil de base de données Internet considéré comme bien adapté à la traçabilité (Bédard, 2017).

En 2013, l'*Ontario Cattle Feeders Association* a introduit un programme de traçabilité basé sur l'ADN en utilisant la puce à ADN (SNP chip⁵) comme outil. Ils ont créé une base de données des différents profils SNP pour chaque animal abattu. Ce programme permet d'assurer que toute pièce de viande identifiée *Ontario corn-fed beef* peut être identifiée à un animal en particulier via son profil génétique (SNP Profil), ce qui augmente la confiance du consommateur envers le produit (Science Media Centre of Canada, 2014).

En Europe, l'ADNe est accepté comme une écoévidence (c.-à-d. preuve basée sur l'identification moléculaire pour démontrer la présence d'organismes dans un environnement donné) lors de dossiers judiciaires. Il existe des réglementations autour des prélèvements et des laboratoires certifiés à cet effet. En octobre 2000, une directive-cadre sur l'eau (2000/60/CE) a été adoptée par le Parlement européen. Cette initiative vise entre autres à protéger l'environnement et à améliorer l'état des écosystèmes aquatiques (Council European, 2000). Cette directive recommande l'utilisation du *metabarcoding* comme outil d'identification (Civade *et al.*, 2016).

⁵ Le SNP (*Single Nucleotide polymorphism*) se définit comme le type de variation le plus commun entre deux individus. Chaque SNP représente une variation d'un nucléotide sur un segment d'ADN.

3. Enjeux relatifs à la traçabilité alimentaire et la santé des agroécosystèmes

3.1. La fraude alimentaire : garantir l'authenticité du produit pour protéger le consommateur et l'industrie agroalimentaire

La fraude alimentaire se définit comme le remplacement partiel ou complet, l'addition, le retrait ou l'omission d'ingrédients dans un produit (Van Ruth *et al.*, 2017). Elle peut impliquer également de fausses déclarations sur l'origine de l'aliment ou des ingrédients alimentaires. La fraude s'effectue de manière délibérée et intentionnelle à des fins de gains économiques (Spink *et al.*, 2011), pour réduire les coûts de production. La substitution volontaire permet de mettre en valeur des sous-produits de la production industrielle ou d'utiliser des matières premières importées à faible coût (Cordella, 2013) à tous les niveaux de la chaîne d'approvisionnement. Elle a lieu principalement à partir de l'abattoir ou de l'usine de transformation, ce qui fait que les détaillants et les consommateurs en sont victimes.

Au Canada, les trafiquants misent surtout sur les produits pouvant passer le contrôle des autorités publiques et des entreprises. Les agences réglementaires un peu partout dans le monde sont souvent démunies par rapport aux fraudeurs, car les lois en place ne leur confèrent généralement aucun pouvoir d'enquête (Borde, 2018). C'est ainsi que la fraude alimentaire au niveau des poissons et des fruits de mer est omniprésente au Canada. En raison de l'amélioration du transport, de l'entreposage et des techniques de conservation, la demande s'est accrue pour ces produits et fait en sorte qu'il y a eu prolifération de pratiques illégales (Costa Leal *et al.*, 2015). Des tests d'ADN effectués par le laboratoire génétique de l'Université Laval en 2013 sur des produits du poisson ont révélé que 47 % des 167 échantillons récoltés dans les restaurants et les poissonneries affichaient un étiquetage fautif. Une vingtaine de variétés de poisson ont été testées, dont celles suspectées d'être remplacées par une autre variété moins chère ou de moindre qualité en occurrence la morue, l'omble, le thon, la sole, le rouget, le vivaneau et la goberge (Dussault, 2017). Dans des restaurants de sushi, sur 41 échantillons de thon rouge, un seul en était vraiment, les autres étant remplacés par de l'escolier ou par des espèces de thon de moindre valeur comme le thon albacore ou le thon obèse. Ces derniers ont une chaire rouge qui permet de les confondre avec du vrai thon rouge, le *bluefin*, dont le coût est deux fois supérieur. L'analyse de 15 échantillons de sole dans les restaurants a révélé que 14 d'entre eux avaient été remplacés par de la plie ou de la limande (Dussault, 2017). Selon certains auteurs, de 13 à 67 % du flétan sur le marché est en réalité remplacé par des poissons plats (*Pleuronectidés*) (Willette *et al.*, 2017). Le consommateur en est la principale victime puisque morphologiquement, il ne verra pas la différence.

Dans une moindre mesure, tous les produits alimentaires pour lesquels il existe une forte demande sont confrontés au problème de fraude alimentaire. Cette pratique provoque des pertes de qualité nutritionnelles ou fonctionnelles. La substitution de produits peut aussi causer de sérieux problèmes comme des allergies ou des interactions avec des médicaments ou des suppléments. Par exemple, des investigations faites sur les produits commerciaux à base d'herbes ont révélé que 59 % d'entre eux contenaient des ingrédients ne figurant pas sur l'étiquette, ce qui contrevient avec la réglementation en vigueur (Newmaster *et al.*, 2013).

Selon cette même étude, cette constatation a des répercussions entre autres au niveau de la médecine alternative où la demande pour les herbes médicinales est en forte croissance, principalement en Amérique du Nord. Les composantes de certains de ces produits peuvent être contaminées ou substituées par d'autres espèces végétales ou d'autres constituants comme du riz, du soya ou du blé. L'Organisation mondiale de la Santé (OMS) considère que la fraude au niveau de ces produits peut être une menace à la sécurité des consommateurs. Les outils génomiques peuvent, de façon précise, valider l'intégrité de ces produits.

RECOMMANDATION 1

Instaurer un système d'échantillonnage et d'analyses aléatoires en utilisant des outils génomiques pour garantir l'authenticité des aliments consommés au pays, notamment pour les produits de la mer et leurs dérivés.

En plus des risques sanitaires reliés à la fraude, il y a un impact économique : le client paie pour un produit substitué habituellement de moindre valeur. La fraude alimentaire est fortement corrélée avec le prix que le consommateur est prêt à payer pour se procurer un aliment (Gianni *et al.*, 2015). Plus le produit est dispendieux, plus la substitution avec des composantes de moindre valeur est probable. Au Québec, il y a eu quelques cas isolés au niveau de la viande rouge ou de la vente illégale de viande sauvage, mais le principal risque de fraude se situe au niveau des produits importés dont l'aspect morphologique ne sera pas touché par la substitution.

Le principe de base pour contrer la fraude repose sur l'identification du produit introduit frauduleusement, que ce soit dans un produit contenant un aliment unique ou un mélange d'aliments. Étant donné que les outils génomiques sont sensibles et précis pour l'identification d'une espèce végétale ou animale à l'intérieur d'un produit, leur utilisation dans les cas de fraude s'avère une opportunité à saisir.

Toutefois, trouver l'empreinte digitale qui garantit l'authenticité d'un aliment n'est pas une mince affaire. Malgré les avantages indéniables reliés à leur utilisation, les outils génomiques présentent également des limites. Ils ne seront pas utiles si la fraude implique la dilution d'un produit ou le remplacement d'un poisson sauvage par un poisson d'élevage, plutôt qu'une substitution. Dans ce cas précis, la sécurité de l'aliment n'est pas remise en cause, mais le consommateur paie pour un produit qui ne correspond pas à l'étiquette et qu'il n'a pas choisi.

RECOMMANDATION 2

Développer des législations sur l'étiquetage qui permettront d'améliorer la traçabilité par la diffusion d'informations précises, tout au long de la chaîne de distribution. Des aides financières devraient être prévues pour diminuer les répercussions économiques, principalement au niveau du secteur primaire.

3.2. Sécurité alimentaire : assurer l'innocuité des aliments et mieux agir en cas de contaminations diverses

Le concept de sécurité alimentaire se définit comme la possibilité pour chaque individu d'avoir un accès physique, social et économique à une quantité suffisante d'aliments sécuritaires et nutritifs afin de combler leurs besoins nutritionnels et de satisfaire leurs préférences (El Bilali, 2019).

Le secteur alimentaire est périodiquement sujet à des scandales reliés à la consommation d'aliments contaminés. Cette situation est due soit à la falsification intentionnelle d'un produit (par exemple, de la viande de cheval dans les produits du bœuf), comme discuté à la section 3.1, ou à un incident non intentionnel comme la présence de microorganismes (*Listeria*, *Salmonella*, *E. coli*) dans un produit (Barnett, 2016). Les problèmes de santé reliés aux aliments contaminés sont fréquents et sous-estimés. Les toxi-infections peuvent affecter un grand nombre de personnes. La documentation scientifique à ce sujet mentionne que moins de 5 % des cas de maladie sont répertoriés ou signalés aux organismes de contrôle par les consommateurs ou les intervenants en santé publique. En 2012-2013, les signalements de toxi-infection au MAPAQ concernaient 4 313 personnes présentant des symptômes de gastro-entérite possiblement liés à la consommation d'aliments contaminés (Ramsay et Delisle, 2013). L'identification taxonomique de certains pathogènes par des outils génomiques lors de scandales, comme celui de l'influenza aviaire, peut être d'une grande utilité pour éviter l'apparition de zoonoses (maladie provenant d'un animal transmissible aux humains) (Mehnaz *et al.*, 2018).

RECOMMANDATION 3

Établir un système de rappel efficace, basé sur les nouvelles technologies d'analyse d'ADN afin d'éviter le rappel de produits sains.

Les outils génomiques sont également utiles pour détecter et quantifier dans les produits transformés des composants allergènes potentiellement néfastes sur la santé. Par exemple, le code à barres ADN peut identifier les espèces d'arbres à noix pouvant déclencher des allergies (Madesis *et al.*, 2012) et causer des problèmes respiratoires importants même si l'allergène est souvent retrouvé en très petite quantité (Gianni *et al.*, 2015).

La génomique peut aussi servir à identifier la provenance géographique d'un produit. Des technologies telles que les empreintes PCR et le séquençage des populations bactériennes sur un échantillon peuvent servir à cet effet. Il est possible de compléter l'analyse avec des outils géochimiques comme le TEF (*trace element finger printing*) qui distingue différentes populations en étudiant le profil de leur composition minérale. L'analyse des acides gras peut être également effectuée, car la composition en lipides d'une espèce est tributaire de l'environnement dans lequel elle évolue (Costa Leal *et al.*, 2015). D'autres outils non génomiques sont aussi disponibles pour la géolocalisation comme l'analyse d'isotope radiogénique du strontium (Sr) (Desrochers, 2012).

3.3. Santé des agroécosystèmes : génotyper les agroécosystèmes pour mieux les comprendre

Parmi les organismes présents dans les agroécosystèmes, certains se distinguent par leur capacité à s'attaquer aux cultures ou à véhiculer des pathogènes transmissibles à l'être humain. Malgré leur importance écologique et économique, il semble que la connaissance systématique (taxonomique) de ces organismes au sein des agroécosystème est encore insuffisante. Cet important déficit taxonomique freine considérablement notre capacité à décrire la biodiversité en milieu agricole et à prédire l'évolution de ces communautés d'organismes en réponse aux changements globaux (Janzen, 2004; Condon *et al.*, 2008; Janzen, 2010).

RECOMMANDATION 4

Promulguer l'instauration d'un système de traçabilité permettant d'évaluer la biodiversité en milieu agricole pour favoriser des pratiques agricoles durables et la santé des écosystèmes.

Les dommages causés aux récoltes par les espèces envahissantes sont responsables de pertes économiques significatives et menacent la sécurité alimentaire des collectivités plus vulnérables. Selon les données d'Environnement Canada, les espèces envahissantes qui affectent l'agriculture et la foresterie causent des pertes de revenu de 7,5 milliards de dollars par année (*Canadian council on invasive species, 2018*).

Le meilleur moyen de se prémunir contre ces espèces envahissantes est de les détecter à leur arrivée. Cependant, différentes espèces d'insectes peuvent se ressembler à s'y méprendre et leur identification au microscope exige une grande expertise. Le travail devient encore plus ardu lorsque des pathogènes microscopiques sont impliqués puisque le processus d'identification peut s'échelonner sur plusieurs jours, mettant en péril la cargaison d'où ils proviennent (GRDI, 2015).

Il est aussi important de s'assurer que nos produits destinés à l'exportation soient exempts d'organismes nuisibles. Avec les nouvelles technologies de séquençage, il est possible d'identifier, de façon simultanée, au sein d'échantillons mixtes, plusieurs espèces différentes, même si elles présentent des caractéristiques morphologiques identiques, et ce, en un temps très court comparativement à l'utilisation de méthodes traditionnelles (GRDI, 2015). Le code à barres ADN favorise l'identification rapide et précise des espèces envahissantes (Comtet *et al.*, 2015). La principale embuche à cette procédure se situe au niveau des bases de données qui sont souvent incomplètes.

RECOMMANDATION 5

Investir dans des bases de données d'ADN hautement validées par une instance compétente et indépendante pour caractériser les espèces locales et l'environnement agricole.

4. Barrières réglementaires et sociales à l'utilisation des outils génomiques à des fins de traçabilité alimentaire et de santé des agroécosystèmes

Au Canada, le développement d'un cadre légal serait nécessaire pour que les preuves moléculaires soient retenues lors de la prise de décisions. Pour ce faire, les intervenants doivent travailler avec de bonnes bases de données, bien validées, dans des laboratoires certifiés.

La communauté scientifique doit trouver un consensus sur l'utilisation de protocoles communs pour uniformiser les normes d'échantillonnage, de préservation, de réplication et de validation de la méthodologie de laboratoire avec des marqueurs standardisés (Cristescu et Herbert, 2018). La possibilité d'interpréter les résultats dépend principalement de la disponibilité des bases de données qui contiennent les références des espèces d'intérêts. Celles-ci sont en développement-constant. Les méthodes s'améliorent, les outils se perfectionnent, mais il est difficile de créer des standards dans un secteur en mouvance.

RECOMMANDATION 6

Favoriser la collaboration entre les différents experts (universitaire, secteur privé et gouvernemental), afin de tester la reproductibilité des résultats et viser la normalisation.

Malgré leur rapidité, l'analyse et l'interprétation du séquençage demandent beaucoup de temps, du personnel hautement qualifié, des ressources computationnelles et des bases de données performantes. Il y a aussi les protocoles stricts à respecter qui sont souvent spécifiques à chacun des équipements. La technologie génomique se développe rapidement et les employés n'ont pas toujours la formation nécessaire pour effectuer ces analyses. De plus, la résistance des équipes de laboratoires à se tourner vers la nouvelle technologie est bien réelle.

RECOMMANDATION 7

Instaurer un réseau de laboratoires standardisés et accrédités par un organisme indépendant et crédible pour l'analyse d'échantillons fournis par différents intervenants du système.

Pour arriver à produire des résultats parfaitement fiables, il faut s'appuyer sur de vastes banques de données, dont le partage se fait parfois difficilement. Les références sont parfois incomplètes et la possibilité d'être en présence de séquences provenant de spécimens mal identifiés peut créer une incertitude quant à l'identité précise de l'espèce cible (Cristescu et Hebert, 2018). Il faut également s'assurer que ces données respectent nos conditions d'élevage et de culture et que les méthodes d'échantillonnage et d'analyse soient standardisées.

Même si les progrès sont bien réels, il demeure difficile de traduire les résultats obtenus avec les nouvelles technologies génomiques en des interprétations incontestables, nécessaires pour confondre les fraudeurs devant les tribunaux. Les contestations juridiques peuvent se situer à plusieurs niveaux à savoir les normes d'échantillonnage, de préservation, de réplication, de validation de la méthodologie et finalement de l'interprétation.

RECOMMANDATION 8

Développer un cadre légal (avec consultation au préalable) pour que la validation des résultats découlant de l'utilisation des outils génomiques soit prise en compte lors de débats juridiques.

Lors de la rencontre avec les experts, il a été mentionné que l'utilisation des outils génomiques doit être complémentaire aux systèmes de traçabilité en place. En ce moment, l'utilisation de cahiers des charges homologués conformément à la *Loi sur les appellations réservées et les termes valorisants* est le seul moyen pour assurer l'appartenance à une appellation du produit. La mise en place d'un projet pilote avec quelques industries du secteur agricole ou agroalimentaire pour caractériser les microbiomes de certains aliments (comme les fromages fins) en vue de valoriser et de mieux comprendre leur relation avec le terroir du Québec pourrait s'avérer une opportunité intéressante pour développer une expertise unique. Il y a cependant des embûches à l'implantation des technologies génomiques. Même si la procédure en elle-même est rapide, le traitement des données peut parfois s'avérer fastidieux. Les outils génomiques ne sont pas tous au point et le développement du séquençage peut prendre beaucoup de temps.

RECOMMANDATION 9

Développer un système intégré en ciblant les endroits où il y a des lacunes dans les méthodes traditionnelles de traçabilité pour y incorporer différents outils génomiques, afin de permettre l'identification précise d'un aliment en cas de doute relié à la fraude ou à l'innocuité des aliments.

L'intérêt du public envers l'alimentation et la santé des agroécosystèmes est un levier important pour trouver des solutions pour accroître la traçabilité alimentaire au pays. Cependant, la mise en place de nouveaux outils demande la collaboration du secteur agricole et agroalimentaire. Mieux connaître les perceptions et les préoccupations des acteurs de l'industrie de la chaîne agroalimentaire et celles du grand public à l'égard de l'utilisation des outils génomiques s'avère essentiel.

Les consommateurs sont-ils prêts à payer un coût supplémentaire pour que les produits qu'ils consomment soient plus facilement traçables? Il semble que oui, si le système de traçabilité en place garantit la qualité des produits (Hobbs, 2005). Il sera alors primordial de bien leur expliquer, à l'avance, la justification et les avantages de la nouvelle technologie par rapport aux autres outils disponibles, ainsi que les coûts additionnels liés à un système de traçabilité intégré visant à accroître l'innocuité des aliments.

RECOMMANDATION 10

Identifier, auprès de la population et de l'industrie agricole et agroalimentaire, les freins et les opportunités à l'intégration d'outils génomiques dans les systèmes de traçabilité.

5. Conclusion

5.1. Vers des approches intégrées pour accroître la traçabilité alimentaire et la santé des agroécosystèmes

Un système de traçabilité désuet compromet la possibilité pour le consommateur de combler les besoins d'une diète précise ou de faire des choix alimentaires personnels éclairés. En effet, la population veut savoir comment, où et quand un item alimentaire a été récolté ou produit (Gianni *et al.*, 2015). Les consommateurs s'inquiètent de plus en plus de l'authenticité du produit, craignant les fraudes alimentaires possibles sur le marché (Charlebois *et al.*, 2017). Ces préoccupations citoyennes sont le moteur pour l'établissement de lois et de procédures fiables, afin d'évaluer la qualité des produits tout au long de la chaîne d'approvisionnement.

Le développement d'une approche intégrée en traçabilité s'avère une opportunité intéressante pour la protection des consommateurs. Cette forme de traçabilité doit interpeler et rassembler les divers intervenants du secteur agricole et agroalimentaire pour trouver des solutions adaptées aux réalités d'aujourd'hui (Blissett, 2007), tout en tenant compte de la dynamique des chaînes d'approvisionnement en produits et en informations.

La chaîne de blocs se veut un système de traçabilité alimentaire dont le but est de restaurer la confiance du consommateur envers différents produits. Ce système fournit transparence, sécurité et authenticité. Chaque intervenant enregistre ses données, celles-ci sont ensuite validées puis cryptées donc presque impossibles à effacer. Chaque bloc d'informations est référencé au précédent, ce qui assure la fiabilité de l'ensemble des données en formant une séquence d'événements immuables. Tous les intervenants ont accès à l'ensemble du système, ce qui implique que toute fausse déclaration sera rapidement détectée. Étant donné que les informations à l'intérieur des blocs sont interreliées, toutes tentatives d'interférences avec les données inscrites dans les blocs feront en sorte que l'ensemble de la chaîne sera invalidé. C'est un système décentralisé qui ne fait pas appel à un tiers pour le contrôle des données. La chaîne de blocs permet de garder, dans un système informatique infalsifiable, des transactions sur des aliments ou des ingrédients tout au long d'une chaîne d'approvisionnement (Denuit, 2018). Les outils génomiques pourraient facilement s'incorporer à l'intérieur d'un tel système pour en augmenter l'efficacité et la fiabilité. Des tests aléatoires ou des analyses à la suite d'un doute sur la qualité du produit pourraient être effectués pour contrôler et valider l'efficacité de la chaîne de blocs.

La technologie du *metabarcoding* est une avenue prometteuse pour l'évaluation et le suivi de la santé des écosystèmes et l'avancement de la recherche sur la biodiversité. Avec l'accroissement de la population, les agrosystèmes sont de plus en plus sollicités pour produire davantage d'aliments de qualité dans le respect des limites planétaires et des ressources naturelles du milieu. Un suivi s'impose pour préserver les sols et restaurer ceux qui sont dégradés. En plus d'accroître l'adoption de pratiques agroenvironnementales durables auprès des producteurs agricoles, un système de biosurveillance sur la santé des écosystèmes pourrait être mis en place pour mesurer la perte de la biodiversité en zone agricole intensive et caractériser la partie microbienne impliquée dans l'écosystème agricole. Les outils génomiques

peuvent aider à mieux comprendre et trouver des solutions aux enjeux alimentaires et environnementaux d'aujourd'hui et de demain.

Pour conclure, un système de traçabilité doit offrir des mesures incitatives tangibles et appropriées, et non pas coercitives, pour s'assurer que les parties concernées s'y conforment. Si le programme n'est pas conçu de manière à obtenir l'assentiment de tous les intervenants, il sera inefficace, peu importe sa structure (Sanderson *et al.*, 2006). Il sera alors important de bien connaître les répercussions d'un tel système intégré sur l'industrie, particulièrement sur les coûts associés à son implantation tout au long de la filière alimentaire (producteur, transformateur, détaillant, consommateur), afin d'établir un partage équitable des responsabilités.

RECOMMANDATION 11

Mettre sur pied un comité pour réfléchir sur les conséquences économiques de l'implantation des outils génomiques sur l'industrie agricole et agroalimentaire, et ce, tout au long de la chaîne d'approvisionnement.

6. Liste des références

ACIA (2019). Comprendre le projet de Règlement sur la salubrité des aliments au Canada. Guide à l'intention des entreprises alimentaires. Agence canadienne d'inspection des aliments (ACIA), P0965F-18, ISBN : 978-0-660-26986-3.

Agri-Tracabilité Québec (2011). Guide Agri-stabilité Québec, mars 2011. Récupéré le 11 mars de <http://guide.atq.qc.ca/fr/>

Ballin, N.Z. (2010). Authentication of meat and meat products. *Meat science*, 86(3), 577-587

Barnett, J., Begen, F., Howes, S., Regan, A., McConnon, A., Marcu, A., Rowntree, W. et Verbeke, W. (2016). Consumers' confidence, reflections and response strategies following the horsemeat incident. *Food Control*, 59, 721-730.

Bédard, D., (2017). Cattle traceability to pay off in Cargill pilot. Récupéré le 10 mars 2019 de : Agcanada.com

Blais, J., Rioux, J.S., Bédard-Hinse, A., Ravary, L. (2014). Projet pilote de la traçabilité de la viande bovine : De l'abattoir au détaillant, phase 2, Programme canadien d'adaptation agricole (PCCA).

Biggs, J., Ewald, N., Valentini, A., Gaboriaud, C., Dejean, T., Griffiths, R. A. *et al.* (2014). Using eDNA to develop a national Citizen science-based monitoring programme for the great crested newt (*Triturus cristatus*). *Biol. Conserv.* 183, 19-28.

Blissett, G. (2007). Establishing Trust Through Traceability. IBM Institute for Business Value. Borde, V. (2018). Fraude au menu. *Revue l'Actualité*, 7 juin 2018.

Borde, V. (2018). Fraude au menu, *L'actualité*, 7 juin 2018. Récupéré le 17 janvier 2019 de <https://lactualite.com/societe/fraude-au-menu>

Canadian Council on Invasive Species (2018) Impacts. Récupéré le 18 mai 2019 de <http://canadainvasives.ca/invasive-species/what-are-they>

Charlebois, S., Brian S., Sanaz H. and Sandi K. N., (2014). Comparison off Global Food Traceability Regulations and Requirements. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*, 13, 1104-1123.

Charlebois, S., Bryson J. (2017). Dalhousie-led study finds that majority of Canadians concerned about food fraud. **Media Centre**, February 21, 2017. Récupéré le 11 mars 2019 de <https://www.dal.ca/news/media/media-releases/2017/02/21/dalhousie-led-study-finds-that-majority-of-canadians-concerned-about-food-fraud.html>

Civade, R., Dejean, T., Valentini, A., Roset, N., Raymond, C., Bonin, A., Taberlet, P. et Pont, D. (2016). Spatial representativeness of environmental DNA metabarcoding signal for fish biodiversity assessment in a natural freshwater system. *Plos One*, June, 1-19.

Comtet, T., Sandiongi, A., Viard, F., et Casiraghi, M. (2015). DNA (meta)barcoding of biological invasions: a powerful tool to elucidate invasion processes and help managing aliens. *Biol. invasions*, 17(3), 905-922.

Cordella, C. (2013). Adulteration, contaminations des aliments : un risque pour la santé, mais surtout un problème économique. *Société des Experts Chimistes de France*. 979, 2^e semestre, 23-31.

Council European (2000). Establishing a framework for community action in the field of water policy. Directive 2000/60/EC of the European Parliament and of the council of 23 October 2000.

Costa Leal, M., Pimentel, T., Ricardo, F., Rosa, R. et Calado, R. (2015). Seafood Traceability: Current needs, available tools, and biotechnological challenges for origin certification. *Trends in biotechnology*, 33(6), 331-335.

Cristescu, M.E. (2014). From barcoding single individuals to metabarcoding biological communities: towards an integrative approach to the study of biodiversity. *Trends in Ecology & Evolution*, 29(10) 566-571

Cristescu, M. E., et Hebert, P. D. N. (2018). Uses and Misuses of Environmental DNA in Biodiversity Science and Conservation, Annual Review of Ecology, *Evolution and Systematics*, 49, 209-230.

Dabbene, F., Paolo G., Critina T. (2016). Safety and traceability Dans *Supply chain management for sustainable Foods Networks*, Wiley. 159-181.

Denuit, D., Boussard A. (2018). Carrefour permet de tracer ses poulets fermiers grâce à la Blockchain. *Le Parisien*, 6 mars 2018.

Desrochers, S. (2012). Utilisation des isotopes stables (HOCN) et radiogéniques (Sr) comme indicateur pour déterminer la provenance des fromages fins du Québec. Mémoire de maîtrise en science de la terre, Université du Québec à Montréal.

Dubey, J. P. (2003). Review of *Neospora caninum* and Neoprosis in animal, *Korean J. Parasitol.*, 41: 1-16

Dussault, S. (2017). Dans la moitié des cas, on nous a refilé un poisson d'une autre espèce et de moins bonne qualité. *Journal de Montréal*. 4 oct 2017.

El Bilali, H., (2019). Research on agro-food sustainability transitions: where are food security and nutrition? *Food security*, 1-20.

Elsasser, S.C., Floyd, R., Hebert, PDN., and Schulte-Hostedde, A.I. (2009). Species identification of North American Guinea worms with DNA Barcoding. *Molecular Ecology*, 9(3), 707-712.

Galimberti A., Labra, M., Sandionigi, A. Antonia Bruno, A., Mezzasalma, V. et De Mattia, F. (2013). DNA Barcoding for Minor Crops and Food Traceability. *Food Research International*, 50, 55-63.

Gianni, B., Lucchin, M. et Cassandro, M. (2015). DNA Barcoding as a Molecular Tool to Track Down Mislabeling and Food Piracy, *Diversity*, Dec 1-16.

Godfray, H.C.J., Beddington, J.R., Crute, I.R., Hadad, L., Lawrence, D., Muir, J.F., *et al.* (2010). The Challenge of Feeding 9 Billion people., *Science*, 327, 812-818.

Gondim, LFP., McAlliset, MM., Pitt, W.C., and Zemlicka, D.E. (2004)., Coyotes (*canis latrans*) are definitive hosts of *Neospora caninum*., *International Journal of Parasitology*, 34(2), 159-161.

GRDI (2015). Genomics Research and Development Initiative, Government of Canada. Récupéré le 14 mai 2019 de http://grdi-irdg.collaboratia/eng/success_stories/dna_bar_codes.html

Gullan, P.J. et Cranston P.S. (2010). *The Insects: An Outline of Entomology*. Wiley-Blackwell.
Christian, C. H., Pezzei, C. P. et Huck-Pezzei, V. A. C, (2016). An industry perspective of food fraud. *Current Opinion in Food Science*, 10, 32–37.

Hobbs, J. E., Bailey, D., Dickinson, D. L., Haghiri, M (2005). Traceability in the Canadian Red Meat Sector:Do consumers care? *Canadian Journal of Agricultural Economics*, 53, 47-65.

Janzen, D. H. (2004). Now is the time. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London Series B-Biological Sciences*, 359, 731-732.

Janzen, D. H. (2010). Hope for tropical biodiversity through true bioliteracy. *Biotropica*, 42, 540-542.

Karp, D. S., Judson, S., Daily, G. C., and Hadly, E. A. (2014). Molecular diagnosis of bird-mediated pest consumption in tropical farmland. *Springerplus*, 3, 630.

Kearns, C. A., Inouye, D. W., and Waser, N. M. (1998). Endangered mutualisms: the conservation of plant–pollinator interactions. *Annu. Rev. Ecol. Syst.* 29, 83–112.

Kleijn, D., Kohler, F., Baldi, A., Batary, P., Conception, E.D., Clough, Y., *et al.* (2009). On the relationship between farmland biodiversity and land-use intensity in Europe. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*. 276(1658), 903-909.

Littlefair, J. et Clare E. L. (2016). Barcoding the food chain: from Sanger to high-throughput sequencing. *Genome*, 59, 946-958.

Madesis, P., Ganopoulos, I., Bosmali, I., Tsaftaris, A. (2012). Barcode High resolution melting analysis for forensic uses in nuts. A case study on allergenic Hazelnuts (*Corylus avellana*). *Food Research International*. 50, 351-360.

McAllister, M. M., Dubey, J. P., Lindsay, D. S., Jolley, W. R., Wills, R. A., McGuire, A. M. (1998). Dogs are definitive hosts of *Neospora caninum*, *International Journal of Parasitology*, 28, 1473-1478.

Mehrnaz, I., Nazarin M., Zahra E. G., Parvaneh F., Faezeh V. (2018). Simple and fast multiplex PCR method for detection of species origin in meat products. *Journal of Food Science and Technology*, 55(2), 698-703.

Newmaster, S. G., Grguric, M., Shanmughanandhan, D., Ramalingam, S., and Ragupaty, S. (2013). DNA barcoding detects contamination and substitution in North American herbal products. *BMC Medicine*, 11, 222.

- Orgiazzi, A., Dunbar, M.B., Panagos, P., de Grott, C., Lemanceau, P. (2015). Soil biodiversity and DNA barcodes: opportunities and challenges. *Soil. Biol. Biochem*, 80, 244-250
- Piñol, J., San Andrés, V., Clare, E. L., Mir, G., and Symondson, W. O. C. (2014). A pragmatic approach to the analysis of diets of generalist predators: the use of next-generation sequencing with no blocking probes. *Mol. Ecol. Resour.* 14, 18–26.
- Ramsay, D. et Delisle M. F. (2013). *Toxi-infections alimentaires - Bilan - 1er mars 2012 au 31 avril 2013*, Québec, ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec, sous-ministériat de la santé animale et de l'inspection des aliments, 41 p. Récupéré en ligne le 22 octobre 2019 de : https://www.mapaq.gouv.qc.ca/fr/Publications/Bilan_Toxi-infection.pdf
- 12Ruiz-Garcia, L., Steinberger, G., Rothmund, M. (2010). A model and prototype implementation for tracking and tracing agricultural batch products along the food chain. *Food control.* 21(2): 112–121.
- Sanderson, K. et Hobbs. J. (2006). Traceability and Process Verification in the Canadian Beef Industry. *Rapport préparé pour Canfax Research Services*, Octobre 2006.
- Science Media Centre of Canada (2004). Tracing livestock with genomics, May 2014, récupéré le 11 mars 2019 de <http://www.sciencemediacentre.ca/smc/docs/SSMC-TracingLivestock-Web.pdf>
- Spink, J. et Moyer, D.C. (2011). Defining the public health threat of food fraud. *J Food SCI*, 76, 157-163.
- Taberlet, P., Coissac, E., Pompanon, F. F., Brochmann, C., Willerslev, E. (2012). Environmental DNA. *Mol. Ecol.* 21(8), 1789-1793.
- Valentini, A., Taberlet, P., Miaud, C., Civade, R., Herder, J., Thomsen, P. F., *et al.* (2016). Next generation monitoring of aquatic biodiversity using environmental DNA metabarcoding. *Mol. Ecol.*, 25, 929-942
- Van Ruth, S. M., Huisman, W., Lunning, P. A. (2017). Food fraud vulnerability and its key factors. *Trends in Food Science & Technology*, 67, 70-75.
- Willette, D. A., Simmonds, S. E., Cheng S., Estevez, S., Kane T.L., Nuetzel, H. Kane, Nuetzel, H. Pilaud, N., Rachmawati, R., Barber, P. H. (2017). Using barcoding to track seafood mislabeling in Los Angeles restaurants. *Conservation biology*, 31(5), 1076-1085.