PRISES DE POSITION DU GHIC

Authentification du miel par ADN

Profils biologiques, preuves orthogonales et décisions solides

Résumé exécutif

L’analyse de l’ADN apporte au contrôle du miel une dimension biologique supplémentaire. Elle renseigne sur les plantes, les abeilles et les microorganismes, informations que les mesures centrées sur les sucres ne fournissent pas de la même manière. Le GHIC préconise leur intégration dans les enquêtes d’authenticité, les achats et les contrôles officiels, avec la protéomique, la chimie et des documents de production vérifiables.

> **Position du GHIC :** Les résultats ADN pertinents méritent une évaluation de fond et un suivi adapté. Un résultat négatif obtenu par une autre méthode ne justifie pas d’écarter les preuves biologiques lorsque les méthodes répondent à des questions différentes.

La paire de cas fournie illustre cet apport. D339H a été classé non authentique par ADN, avec deux enzymes étrangères ciblées détectées et des résultats atypiques pour les protéines d’abeille. D340H a été classé authentique et a satisfait aux paramètres protéiques examinés. Ce sont des observations concrètes et compatibles sur des plans moléculaires différents. [7]

Le contrôle du miel doit utiliser cette information pour résoudre plus efficacement les alertes. Il ne doit ni dépendre d’un test unique ni exiger qu’une nouvelle méthode détecte toute manipulation imaginable avant de considérer ses résultats utiles.

- Reconnaître l’évaluation du profil biologique comme une tâche distincte de la recherche ciblée d’additifs.
- Relier les résultats pertinents par un échantillonnage contrôlé, des rapports transparents et un suivi adapté au cas.
- Appliquer les mêmes exigences de qualité, d’interprétation équitable et de références représentatives à l’ADN, à la protéomique et à la chimie.
- Développer un programme commun de références et de comparaisons tout en poursuivant les enquêtes concrètes.

Ce document présente la base scientifique, les résultats orthogonaux et leur utilisation pratique.

1 · Ce que les différentes méthodes ADN établissent

Approche	Question utile	Portée
PCR, qPCR, ddPCR	Une cible ADN définie est-elle présente, et parfois en quelle quantité ?	Marqueur adapté nécessaire ; les produits très raffinés peuvent contenir trop peu d’ADN récupérable.
Métabarcoding	Quels organismes sont représentés dans les régions codes-barres amplifiées ?	Amorces, nombre de copies et références influencent les proportions observées.
Métagénomique shotgun	Quels fragments ADN sont récupérés dans le mélange biologique ?	Extraction, profondeur de séquençage et couverture des bases limitent détection et identification.
Classificateur d’authenticité	Le profil correspond-il à la population authentique de référence évaluée ?	La performance appartient au protocole complet et à la version du modèle, non à « l’ADN » en général.

Définir la question avant de commander l’analyse

Composition botanique, plausibilité géographique, additif précis et classification globale d’authenticité constituent des tâches différentes. Une méthode évaluée pour l’une ne bénéficie pas automatiquement de la même portée pour les autres. Le pollen aide à répondre aux questions botaniques, mais ne résume pas les informations sur les abeilles et les microorganismes.

Paluoja et ses collègues ont étudié 369 miels, dont 266 estoniens et 103 étrangers, et montré des applications à la composition biologique et aux agents pathogènes des abeilles. Cela étaye la valeur informative de la métagénomique du miel, sans constituer une évaluation indépendante du classificateur commercial MDA v2. [1]

Une accréditation techniquement significative et délimitée

ISO/IEC 17025 concerne la compétence, l’impartialité et la cohérence du fonctionnement. Il faut examiner la méthode, la matrice et la version dans la portée d’accréditation, ainsi que la conclusion effectivement rapportée. L’accréditation n’est ni une norme analytique universelle ni une garantie de détection de toute adultération. [13]

2 · Pourquoi intégrer une dimension biologique

L’action européenne « From the Hives » a considéré 147 des 320 lots importés examinés comme suspects selon l’approche appliquée. Ces résultats d’une action de contrôle ciblée ne représentent pas un taux de fraude pour tout le marché. Ils montrent néanmoins le besoin d’enquêtes efficaces et d’outils complémentaires. [12]

Chaque méthode éclaire un aspect du produit

Les méthodes portant sur les sucres ou les isotopes examinent certaines caractéristiques chimiques. Les profils ADN renseignent sur la composition biologique. La protéomique identifie des cibles enzymatiques pertinentes. Les documents de production et de commerce expliquent l’origine des matières et les mélanges de lots. Leur intérêt est de traiter des questions reliées, sans demander à une seule méthode de résoudre tous les aspects de l’authenticité.

La publication métagénomique de Paluoja et ses collègues montre l’accès à des informations sur la composition du miel et les pathogènes des abeilles. Le commentaire scientifique de Pellegrin et ses collègues, publié en 2026, propose des travaux coordonnés sur les références et les comparaisons pour l’authentification. Le GHIC soutient un programme commun aux méthodes participantes, intégrant dès le départ les cas pratiques. [1, 2]

Un résultat adapté à sa finalité reste utile

Détecter directement un sirop nommé et évaluer un profil biologique sont des tâches distinctes. Une classification qualitative peut être informative sans mesurer un pourcentage de sirop. À l’inverse, un ajout très raffiné, pratiquement dépourvu d’ADN, peut laisser inchangées les proportions relatives d’ADN. Cette délimitation justifie une chimie complémentaire ; elle ne rend pas les autres observations biologiques inutiles.

Appliquer le même niveau d’exigence

Le statut de routine, le prix des équipements ou la familiarité d’une méthode ne doivent pas déterminer quelles preuves sont entendues. Il faut examiner la question, l’échantillon, la méthode et le résultat. Le GHIC demande une intégration fondée sur les preuves et un examen équitable des cas concordants comme discordants.

3 · La paire de cas orthogonaux fournie

Les identifiants suivants relient les documents Celvia et Eurofins. Les abréviations internes diffèrent ; identifiants et liens de lots sont plus fiables qu'une désignation « BG » répétée. Les classifications sont des résultats analytiques rapportés, non des certificats délivrés par le GHIC. [7]

Paramètre rapporté	D339H	D340H
Échantillon Eurofins	296-2026-00011503	296-2026-00011501
Lot	L25032026-1	L2207 / 2207
Celvia MDA v2, 10.07.2026	NON-AUTHENTIC	AUTHENTIC
Séquences brutes / objets étudiés	10 059 764 / 273	3 627 744 / 284
α-amylase : A. oryzae	Positif	Négatif
Invertase : S. cerevisiae	Positif	Négatif
Cinq autres cibles étrangères	Négatif	Négatif
MRJP1	LOW	PASSED
α-amylase / α-glucosidase d'abeille	ABSENT / ABSENT	PASSED / PASSED
Rapport protéique, 23.07.2026	AR-26-TH-012014-01-THPP1	AR-26-TH-012007-01-THPP1

Protéomique : ICS SOP 520-33 (2026-02), THPP1. Les rapports délivrés indiquent expressément que ce test est accrédité. Ils concluent à la non-conformité de D339H et à la conformité de D340H pour les paramètres examinés. « Négatif » ou « ABSENT » signifie non détecté dans les conditions du test, non une absence absolue.

Les rapports ADN décrivent deux modèles : au moins un score est inférieur au seuil de décision pour D339H ; les deux le dépassent pour D340H. Les scores précis n'ont pas été fournis. Sensibilité de 89,5 % et spécificité de 99,6 % sont des chiffres déclarés par le laboratoire, non des estimations GHIC indépendantes ni la probabilité d'adultération d'un échantillon donné.

> **Évaluation :** Un cas préoccupant et un cas sans anomalie montrent des résultats ADN et protéiques compatibles. Deux échantillons ne définissent pas une sensibilité, une spécificité ou une prévalence générale. La concordance ne précise ni la proportion d'ajout, ni sa voie d'entrée, ni une intention frauduleuse.

4 · L’apport des résultats orthogonaux

Un ensemble cohérent sur plusieurs plans moléculaires

Chez D339H, la classification ADN non authentique accompagne deux enzymes étrangères ciblées et des protéines d’abeille atypiques. Chez D340H, les deux dimensions analytiques sont compatibles avec les conclusions respectives d’authenticité et de conformité. Cet ensemble appuie l’utilité des profils biologiques dans les enquêtes. Il mérite un suivi scientifique et ne se réduit pas à une sortie de modèle isolée. [7]

L’analyse GHIC rapporte les proportions relatives Krona pour D339H / D340H : Apis 0,0179 % / 3,3207 % ; groupes bactériens 0,3073 % / 18,4978 % ; Viridiplantae 57,8216 % / 33,0828 %. Elles se rapportent au dénominateur du profil indiqué, non à des concentrations absolues d’ADN, des pourcentages de sirop ou des scores de modèle. Les niveaux taxonomiques emboîtés ne doivent pas être additionnés sans discernement. [7]

D339H a produit davantage de séquences brutes que D340H. Une explication se limitant à « moins de lectures » est donc insuffisante. Récupération, profondeur utilisable et transformation restent des variables utiles pour examiner ces différences marquées.

Complémentaire ne signifie pas identique

ADN et protéines décrivent des plans moléculaires distincts. Une préparation enzymatique purifiée peut conserver une protéine détectable sans ADN détectable de l’organisme producteur. Inversement, l’ADN microbien seul ne démontre pas la préparation enzymatique correspondante. Les résultats n’ont pas à coïncider molécule par molécule pour contribuer à une enquête cohérente.

Un suivi conjoint ciblé

- Employer des fractions contrôlées des échantillons conservés pour de nouvelles extractions et confirmations pertinentes.
- Comparer à profondeur utilisable équivalente et documenter les versions des références et modèles.
- Confronter l’interprétation à des miels authentiques documentés, des mélanges légitimes et des matériaux de transformation ou d’ajout connus.

Interpréter les observations ensemble. Des effets communs d’échantillonnage ou de transformation empêchent de multiplier les taux d’erreur comme si les tests étaient indépendants. La valeur de cette paire réside dans sa concordance concrète entre méthodes.

5 · Enquêter et comparer en pratique

Combinaison de résultats	Suite nécessaire
ADN préoccupant + marqueur protéique ou chimique pertinent confirmé	Vérifier identité et qualité ; examiner l’hypothèse commune et l’historique du lot. Transmettre à l’autorité compétente si les preuves le justifient.
ADN préoccupant + panel ciblé négatif	Maintenir la question ouverte : le panel peut manquer la manipulation. Examiner extraction, traitement, références et chimie complémentaire.
ADN compatible + marqueur étranger pertinent confirmé	Examiner le marqueur séparément. Le modèle ADN ne lève pas une contradiction hors de sa capacité de détection.
Deux résultats compatibles ou un résultat indéterminé	Limiter la conclusion aux méthodes utilisées. Une indétermination appelle un suivi ou une conclusion restreinte, pas une libération forcée.

Un historique d’échantillon commun

Définir lot et plan de prélèvement ; documenter achat ou prélèvement officiel, scellés, homogénéisation, fractionnement, conservation et chaque transfert. Prévoir des fractions analytiques et un contre-échantillon. Un même nom de produit ou code de lot ne prouve pas que les laboratoires ont reçu des fractions du même échantillon physique.

Un programme de comparaison avec des références solides

Établir les références authentiques par une production et un traitement documentés indépendamment : pays, espèces d’abeilles lorsqu’elles relèvent du champ, saisons, origines florales, miellats, mélanges et traitements. Ne pas étiqueter tout import « faux » ni tout résultat négatif « authentique ». Séparer apprentissage et évaluation externe par producteur et lot d’origine pour éviter les fuites d’information.

Inclure des mélanges de sirops préparés de manière traçable et testés à l’aveugle, des ajouts enzymatiques, des scénarios de nourrissement et des témoins inchangés. Définir à l’avance champ, objectifs de faux résultats, intervalles de confiance, indéterminations, répétabilité, reproductibilité et robustesse. Présenter la sensibilité par scénario et concentration. Toute modification de modèle appelle un suivi documenté et une nouvelle vérification pertinente.

Choisir les compléments selon l’hypothèse : isotopes adaptés, RMN, LC-HRMS, protéines ou pollen. Un test négatif centré sur le C4 n’exclut pas tous les sirops issus de plantes C3. [12]

6 · Position publique, droit et mise en œuvre

Agir dans un cadre probatoire et juridique défini

La directive européenne sur le miel définit le produit et interdit les ajouts autres que du miel. Un résultat de routine conforme ne supprime pas cette définition. L'article 4 prévoit des actes d'exécution sur les méthodes au plus tard le 14 juin 2028 ; les contrôles actuels ne sont pas suspendus. Le choix des méthodes doit respecter la hiérarchie et les exigences d'aptitude applicables. [9, 10]

Les articles 34–35 du règlement (UE) 2017/625 portent sur les méthodes et le droit à un deuxième avis d'expert ; l'article 37 concerne les laboratoires officiels. Les articles 137–138 distinguent l'enquête sur un soupçon des mesures après non-conformité établie. Toute mesure nécessite une justification propre au cas ; un signal privé ou un logo d'accréditation ne tranche pas automatiquement le litige. [10]

Les opérateurs sont responsables de la conformité et de la traçabilité. Les obligations de retrait et d'information liées à la sécurité, prévues à l'article 19 du règlement (CE) 178/2002, dépendent de leurs conditions légales. Un problème d'authenticité ne démontre pas automatiquement un danger sanitaire. La fraude intentionnelle nécessite d'autres preuves de tromperie et de responsabilité. [11]

Une proposition concrète du GHIC

- Jours 1–30 : laboratoires, autorités, producteurs et acheteurs conviennent des questions, prélèvements, données, confidentialité et garanties d'indépendance.
- Jours 31–60 : fractions contrôlées, références et essais en aveugle constituent un jeu pilote vérifiable ; les problèmes d'identité ou de qualité restent visibles.
- Jours 61–90 : examiner concordances et divergences, publier un rapport méthodologique préliminaire et définir une comparaison interlaboratoires plus large. Un pilote de 90 jours n'est pas une validation achevée.

Garanties d'intérêt public

Séparer les résultats analytiques des intérêts commerciaux et du plaidoyer sur les cas. Déclarer financements et conflits, préserver contre-échantillons et historique des corrections, permettre un accès scientifique contrôlé aux données nécessaires et protéger les secrets légitimes. Communiquer proportionnellement et éviter les accusations publiques non étayées.

Réussir signifie résoudre plus vite les alertes crédibles, réduire les accusations infondées, protéger les apiculteurs honnêtes et améliorer les décisions d'achat et de contrôle. Toutes les origines et tous les modèles économiques doivent être soumis au même niveau de preuve.

Sources et base éditoriale

État de la recherche : 17 septembre 2026. Analyse ciblée de recherches primaires, du droit européen et des rapports fournis ; ce n’est pas une revue systématique. [1, 3, 5] ont été examinés à partir des résumés indexés et des notices bibliographiques ; [2] est un commentaire scientifique, non une validation expérimentale. [8] est une publication de prestataire. Titres des sources conservés dans leur langue originale ; liens cliquables.

[1] Paluoja et al. (2025). Honey bulk DNA metagenomic analysis to identify honey biological composition and monitor honey bee pathogens. npj Science of Food 9, 91. DOI ↗

[2] Pellegrin, Linsinger & Alvarellos (2026). Of bees and buzz: towards validated NGS-based methods in honey authentication. npj Science of Food 10, 129. DOI ↗

[3] Erban et al. (2021). A single honey proteome dataset for identifying adulteration by foreign amylases and mining various protein markers natural to honey. Journal of Proteomics 239, 104157. DOI ↗

[4] Takahashi et al. (2023). Investigation of Foreign Amylase Adulteration in Honey Distributed in Japan by Rapid and Improved Native PAGE Activity Staining Method. Journal of Applied Glycoscience 70, 67–73. DOI ↗

[5] Erban et al. (2026). Mining foreign proteins in honey by shotgun label-free proteomics: Implications for quality and authenticity. Journal of Proteomics, 105657. DOI ↗

[6] Wang et al. (2025). Bacillus subtilis Contributes to Amylase Production in the Honey Sac of Apis mellifera. Insects 16, 221. DOI ↗

[7] GHIC (24.07.2026). GHIC–Celvia Orthogonal Concordance Report, ET/EN. Supplied case analysis and embedded Celvia / Eurofins reports; D339H and D340H.

[8] Eurofins / Witt & Kunert. Proteomics: a new method for the detection of honey adulteration. White paper, update 21.02.2026. Source ↗

[9] European Union. Directive 2001/110/EC relating to honey, consolidated 14.06.2026; Article 4 and Annexes I–II. Source ↗

[10] European Union. Regulation (EU) 2017/625 on official controls; Articles 34–35, 37, 137–138. Source ↗

[11] European Union. Regulation (EC) 178/2002; Articles 17–19. Source ↗

[12] European Commission. EU coordinated action “From the Hives” (2021–2022): results and questions and answers. Source ↗

[13] ISO. ISO/IEC 17025:2017: General requirements for the competence of testing and calibration laboratories. Public standard overview. Source ↗

> Éditeur : Global Honey Integrity Council (GHIC). Nouvelles positions du GHIC en cinq versions linguistiques équivalentes. L’ancien document ADN de l’EPBA constitue un contexte historique, sans approbation actuelle de l’EPBA. [7] est une analyse GHIC non publiée portant sur deux échantillons ; les résultats sont reformulés sans reproduire les images confidentielles ni les données personnelles. Les recommandations sont des propositions du GHIC, non des obligations juridiques ou analytiques déjà établies.