

Les empreintes génétiques en pratique judiciaire

par Françoise Doutremépuich*, Martine Beaufiles, Valérie Morales & Christian Doutremépuich*

*Experts près la Cour d'Appel de Bordeaux, Université Victor Ségalen Bordeaux 2, 146, rue Léo-Saignat, 33076 Bordeaux Cedex. Mail : adn.laboratoire@wanadoo.fr

Reçu le 6 juin 2003

RÉSUMÉ

Cet article reprend les principaux avantages et inconvénients des analyses génétiques utilisées par les magistrats et les policiers.

Analyser une trace cellulaire sur les lieux d'un crime, rechercher une paternité, identifier un corps ; telles sont quelques applications.

SUMMARY DNA profile in legal practice

This article shows the main advantages and drawbacks of the genetic analysis used by magistrates and police officers.

Analyze a cellular trace on the scene of a crime, seek a paternity are some applications.

INTRODUCTION

Depuis les années 1990, l'analyse de l'ADN a été de plus en plus utilisée par les magistrats et les enquêteurs afin d'identifier les cellules présentes sur une scène criminelle puis de les personnaliser par comparaison avec une personne.

Ces analyses ont donc fait évoluer l'enquête criminelle. La mise en place de bases de données dans de nombreux pays va révolutionner les pratiques professionnelles des magistrats. À partir d'une analyse, les magistrats pourront connaître immédiatement s'il existe des profils identiques en mémoire dans les bases de données.

Ces analyses dont l'importance est sans cesse reconnue doivent être exactes, fiables, reproductibles. Ces qualités sont bien sûr obligatoires pour justifier de la mise en place de bases de données.

Cette analyse permet donc d'identifier une cellule externe détachée d'une personne ou une cellule interne à une personne, et ainsi, d'en établir une relation ou non.

La molécule d'ADN comporte une partie codante et une partie non codante. Les empreintes génétiques vont comporter l'analyse d'unités répétitives composées de 4 à 5 paires de bases situées sur des locus bien déterminés en partie non codante. Il faut évidemment identifier une cellule uniquement dans cette partie et ne pas utiliser la partie codante, surtout avec la mise en place de bases de données.

CARACTÉRISTIQUES DES ANALYSES ADN

Chaque cellule comporte deux types d'ADN :

– L'ADN nucléaire réparti entre 22 paires de chromosomes autosomaux et 1 paire de chromosomes sexuels : l'homme possède un chromosome X et un chromosome Y, la femme possède 2 chromosomes X.

L'ADN autosomal est propre à l'individu, l'ADN Y est d'origine paternelle.

– L'ADN mitochondrial comporte de nombreuses copies par cellule. Cet ADN est exclusivement d'origine maternelle.

L'intérêt de l'analyse de l'ADN nucléaire, en l'état actuel de la science, réside dans le fait qu'il est propre à la personne, qu'il n'est pas facilement modifiable durant la vie, qu'il peut être analysé *ex vivo*, si les conditions sont satisfaisantes.

L'intérêt de l'analyse de l'ADN mitochondrial réside principalement dans le fait qu'un grand nombre de copies est présent dans chaque cellule ; cependant, il n'est pas propre à la personne mais à une lignée maternelle au sein d'une population identique.

Cette analyse nécessite un séquençage de deux régions HV1 et HV2 et une étude comparative avec une séquence de référence appelée séquence d'Anderson. L'analyse de l'ADN mitochondrial permet l'analyse du locus du cytochrome b dont la séquence est fonction de l'espèce animale. Cette analyse permet aussi d'identifier une tache

cellulaire ne donnant pas de résultats avec l'analyse classique

ANALYSE D'UNE EMPREINTE GÉNÉTIQUE

Cette analyse débute par l'extraction de l'ADN d'une tache cellulaire. Plusieurs méthodes sont possibles (Chelex, Phénol chloroforme).

Après séparation, l'ADN va être amplifié au minimum sur 10 locus.

Les principaux locus analysés sont :

– D3 S 1358, vWA, D16 S 539, D2 S 1338, D8 S 1179, D21 S 21, D18 S 51, D19 S 433, TH O1, FGA.

Le sexe est déterminé par l'étude du gène de l'amélogénine.

La séparation des produits amplifiés se fait à l'aide d'un appareil de chromatographie capillaire et la révélation par fluorescence avec un laser.

LES AVANTAGES DES EMPREINTES GÉNÉTIQUES

L'analyse des 10 segments d'ADN résulte en une fréquence de l'ordre de $1/10^{11}$ qui élimine théoriquement toute probabilité de rencontre fortuite sur d'autres individus identiques.

L'ensemble des pays européens effectuent aussi ces analyses ce qui permet des comparaisons inter-pays.

Cette analyse peut être réalisée rapidement. L'analyse d'un prélèvement de cellules buccales nécessite environ 10 heures. Il sera possible alors de comparer une analyse effectuée sur une tache cellulaire avec un prélèvement de comparaison dans la journée.

L'empreinte génétique d'une trace ou d'une personne pourra être placée dans une base de données afin d'y être comparée.

INCONVÉNIENTS D'UNE EMPREINTE GÉNÉTIQUE

L'analyse d'une empreinte génétique a quelques inconvénients :

– L'analyse requiert une quantité minimale d'ADN. Cette quantité d'ADN est très faible, mais toutes les analyses n'entraînent pas un résultat.

La présence de certaines substances biologiques issues notamment de la putréfaction ou de substances chimiques va inhiber certaines phases de l'analyse et empêcher toute obtention de résultats.

– L'analyse pourra être contaminée. Cette contamination peut être issue d'une mauvaise manipulation du technicien de la scène de crime, d'une mauvaise collecte des prélèvements, ou d'une mauvaise organisation du laboratoire.

En effet, l'apport d'un ADN étranger à un prélèvement à analyser est difficile à déceler.

Cet apport peut provenir d'un contact étroit entre deux prélèvements, d'un contact entre les cellules du technicien et un prélèvement à analyser, ou d'un transfert secondaire de cellules.

Dans un laboratoire, il faut une organisation rigoureuse avec des circuits d'analyse unidirectionnels qui vont éviter que les analyses de comparaison croisent les analyses de questions : les techniciens sont protégés de façon à éviter tout dépôt de leurs cellules, enfin, ces analyses doivent être entourées de témoins positifs et négatifs qui permettent de vérifier toute absence de contamination.

Il sera nécessaire d'en inclure un grand nombre : sur 10 analyses, 3 ou 4 doivent être des témoins.

LE COÛT

Ces analyses, effectuées dans le cadre des procédures ISO 9001 ou 17025, ont un coût très élevé, qu'il faut comparer à celui d'une journée d'enquête ou à une nuit en prison pour un suspect.

Il faudra estimer, dans l'avenir, les économies que les empreintes feront réaliser et que le Fichier National des Empreintes Génétiques va permettre lorsqu'il sera fonctionnel.

LES DIFFICULTÉS

L'analyse génétique a évolué en 10 ans.

Les loci analysés en 1993 ne sont plus les mêmes en 2003. Mais comment comparer une analyse effectuée dans un dossier criminel en 1993 avec celle d'un suspect en 2003 ? Ceci est impossible.

L'analyse génétique peut aussi s'effectuer avec des primers qui n'ont malheureusement pas tous la même séquence pour un même locus. Il peut y avoir des différences de résultats. Un résultat sur un locus peut apparaître homozygote avec un réactif alors qu'il est hétérozygote avec un autre réactif. Il est nécessaire de n'utiliser, aussi bien pour les comparaisons que pour les traces, que les amorces issues du même fabricant.

LES APPLICATIONS DES EMPREINTES GÉNÉTIQUES

L'empreinte génétique est obligatoirement réalisée sur réquisition ou mission judiciaire dans des laboratoires qui ont reçu un agrément (décret du 7 février 1997). Ces laboratoires devraient être certifiés ISO 9001 voire accrédités 17025.

Identification d'un père ou d'une mère

L'analyse nécessite un prélèvement cellulaire. Ce prélèvement s'effectue chez les personnes vivantes sous la

forme d'un prélèvement buccal et d'un prélèvement osseux (fémur par exemple) chez une personne décédée.

L'analyse statistique réalisée à partir des 15 segments ADN permet de calculer la probabilité d'inclusion à plus de 99,999 %.

Identification d'un corps ou d'un fragment

L'analyse comportera sur le prélèvement d'intérêt :

- l'analyse des 15 STR (Short Tandem Repeat) autosomiaux,
- l'analyse des 10 STR du chromosome Y,
- l'analyse de l'ADN mitochondrial.

Il sera alors plus aisé de comparer les résultats entre des membres présumés d'une famille et de rechercher une filiation.

Identification de l'ADN d'un agresseur

Tout contact d'un agresseur avec un objet, un habit et avec une personne, laisse des cellules qu'il faudra analyser.

L'ADN retrouvé pourrait alors être l'ADN de l'agresseur.

Personnalisation de l'ADN inconnu

L'ADN inconnu retrouvé sur une scène de crime sera comparée à des prélèvements dits de comparaison. Les résultats seront soit concordants, soit discordants (exclusion).

Ces prélèvements de comparaison proviennent directement de l'enquête judiciaire, mais aussi de bases de données.

CONCLUSION

Les empreintes génétiques permettent :

- l'identification de traces lors de l'enquête pénale,
- l'identification de paternité en procédure civile.

Ces deux applications représentent une aide à la décision très importante pour le magistrat chargé de rendre la justice. Mais ces analyses doivent obéir à des critères stricts et rigoureux pour être exactes, fiables et reproductibles.

BIBLIOGRAPHIE

- Luckey J. A., Norriss T. B. & Smith L. M., Analysis of resolution in DNA sequencing by capillary gel electrophoresis, *J. Phys. Chem.* 1993, 97, 3067-3075.
- Moretti T. R., Baumstark A. P., Defenbaugh D. A., Keys K. M., Brown A. L. & Berdowle B., Validation of STR typing by capillary electrophoresis, *J. Forensic Sci.*, 2001, 46, 661-676.
- Ruitberg C. M., Reeder D. & Butler J.M., STR base = a Short Tandem Repeat DNA database for the human identity listing community, *Nucl. Acid. Res.*, 2001, 29, 320-322.

INTRODUCTION

Présent en plusieurs exemplaires chez les individus de sexe masculin, le chromosome Y se caractérise par une transmission héréditaire passant de père en père. Situé sur chromosome à bras court, il est constitué à l'extrémité de deux parties répétées distales homologues du chromosome X, comportant respectivement un et deux copies du chromosome Y est constitué au niveau de séquences d'ADN qui lui sont associées (Fig. 1). De ce fait et contrairement aux autosomes, les chromosomes Y ont une transmission qui se fait de père en fils, sans être affectés par les recombinaisons de crossing-over.

Toutefois, cette transmission de père en fils n'est pas parfaite car, des échanges de gènes peuvent se produire au sein même de ce chromosome, ce qui est le cas pour les individus de sexe masculin. Les échanges de gènes entre chromosomes X et Y sont possibles au niveau de la région de répétition des STR (Short Tandem Repeat) (STR) (Fig. 2). Cette région est constituée de

(ATN)n dans la transmission de chromosomes masculins. Il permet d'expliquer des anomalies complémentaires à celles trouvées par l'ADN et est actuellement largement utilisé dans les études visant à retracer l'origine et l'évolution des populations humaines (Hollander et al., 1999; Underhill et al., 2000; Kayser et al., 2001), identifier un individu ou établir une filiation (Hollander et al., 1997), reconnaître des parentèles (Hollander et al., 1999; Jørgen, 2000) ou établir l'histoire de certaines maladies (Jørgen & Taylor-Smith, 2001).

Concernant l'ADN et, les études portant sur les variations de séquences du chromosome Y ont progressé assez rapidement car une de nombreuses polymorphismes ont été mis en évidence dans les premiers temps (Hollander et al., 1997). Depuis de nombreuses études ont été réalisées polymorphismes affectant à leur tour les régions répétées, et un nombre important de mutations nucléotidiques permettant d'élargir le champ des haplotypes ou haplogroupes (combinaisons de polymorphismes) caractéristiques d'un individu ou d'un groupe ethnique a été observé. Parmi ces mutations il en vient de distinguer : 1) les mutations nucléotidiques à faible taux de mutation tels les SNP (Single Nucleotide Polymorphism) (SNP) (Fig. 3) et