

COMMUNICATION

Les empreintes génétique en pratique judiciaire

MOTS-CLÉS : MÉDECINE LÉGALE. PROFILAGE ADN. GÉNÉTIQUE LÉGALE

Legal implication of DNA profiling

KEY-WORDS (Index medicus) : FORENSIC MEDICINE. DNA FINGERPRINTING. FORENSIC GENETICS

L'auteur déclare diriger le Laboratoire d'Hématologie Médico Légale qui effectue ce travail d'analyses des scellés judiciaires à la demande des Magistrats ou des Officiers de Police Judiciaire.

Christian DOUTREMEPUICH *

RÉSUMÉ

Au cours de ces dernières années, les analyses ADN utilisées par la justice ont connu de nombreux développements : réduction du nombre des cellules nécessaires à l'analyse, méthodes d'extraction et de purification plus efficaces, méthodes de génotypage plus rapides. Ces analyses permettent aujourd'hui d'identifier rapidement un corps, une tache de sang, de sperme, de cellules épithéliales par comparaison avec des résultats issus d'une famille. Ces analyses sont effectuées uniquement dans le cadre d'une mission judiciaire.

SUMMARY

In recent years, DNA profiling has been used regularly by the justice system, and has seen a number of improvements, with the need for fewer cells, more efficient DNA extraction and purification, and more rapid genotyping. These methods can now identify an individual more rapidly, from a corpse, blood stain, sperm or epithelial cells, by comparison with familial profiles. In France, DNA profiling can only be ordered by a judge.

* Laboratoire d'hématologie médico-légale, 43 avenue de la République — 33073 Bordeaux cedex, et Université Victor Segalen Bordeaux II, e-mail : secretariat@adn-laboratoire.com

Tirés à part : Professeur Christian DOUTREMEPUICH, même adresse

Article reçu le 23 mai 2012, accepté le 4 juin 2012

INTRODUCTION

En 1985, Sir Alec Jeffreys démontra que l'ADN contenait des séquences qui se répétaient, et surtout, ce nombre de répétitions variait d'une personne à l'autre en étant transmis par voie mendélienne aux enfants. Cette découverte fut appliquée dès 1986 sur des prélèvements effectués sur deux scènes criminelles. Les résultats obtenus furent alors comparés à un suspect, et celui-ci fut exclu [1]. Après une étude sur des prélèvements effectués sur tous les hommes de la région, un profil identique à celui retrouvé sur la scène criminelle fut identifié.

L'analyse ADN est appelée alors DNA fingerprint ou Empreinte génétique [1]. Ce premier cas illustre bien l'intérêt de l'ADN en pratique judiciaire : exclusion d'un suspect, puis inclusion d'une autre personne.

Cette même année, une découverte majeure faite par K. Mullis, la PCR (Polymerase Chain Reaction), permit de développer cette analyse. La PCR permettait d'augmenter de façon considérable la quantité d'ADN analysée à partir de prélèvement contenant peu de matériel génétique grâce aux propriétés des DNA polymérase thermostables [2]. Cette technique remplaça les méthodes par restriction beaucoup moins sensibles, très longues et très fastidieuses. Aussi la PCR se développa très rapidement dans les laboratoires européens et américains (tableau n° 1), pour supplanter les méthodes de restriction [2].

TABLEAU 1. — Principales dates de développement de l'analyse ADN en pratique judiciaire

1985	Développement par Sir Alex Jeffreys des premières analyses d'identification
1987	Création de laboratoires pour les analyses de routine en Angleterre (Laboratoire Cellmark) et aux États-Unis (Laboratoire Lifecode)
1988	Développement d'une nouvelle méthode d'analyse de l'ADN grâce à des sondes (mono-locus)
1991	Développement des analyses des STR
1993	Mise en place du premier kit commercial d'analyses des STR
1995	Développement du premier analyseur de STR en fluorescence : ABI 310
1996	Développement de l'analyse de l'ADN mitochondrial
2000	Développement de kits commerciaux permettant l'analyse de 16 STR en simultané
2001	Développement de l'analyse du Chromosome Y
2002	Développement de la recherche sur les SNP
2005	Développement de kits commerciaux sur l'analyse du Chromosome Y
2010	Développement de séquenceurs de seconde génération

LES ANALYSES ADN DISPONIBLES

L'objectif des analyses est de pouvoir identifier une personne à partir d'une trace. Aussi, les analyses doivent s'attacher à retrouver des différences, au niveau :

- soit des unités répétitives (Short Tandem Repeat) présent au niveau de l'ADN nucléaire
- soit du séquençage (ADN mitochondrial)

Les analyses effectuées aujourd'hui comportent donc l'analyse de l'ADN nucléaire et/ou l'analyse de l'ADN mitochondrial.

L'analyse de l'ADN nucléaire

Le génome des cellules humaines comporte des séquences répétées qui varient selon leur taille. Ces unités répétitives comportent aujourd'hui 4 ou 5 pb. Ce nombre définit l'allèle [3, 4]. L'empreinte génétique est le résultat de l'étude de plusieurs loci. L'analyse de l'ADN autosomal repose sur l'étude de 15 loci (tableau n° 2 et figure n° 1). Cette analyse permet d'établir un génotype propre à chaque individu.

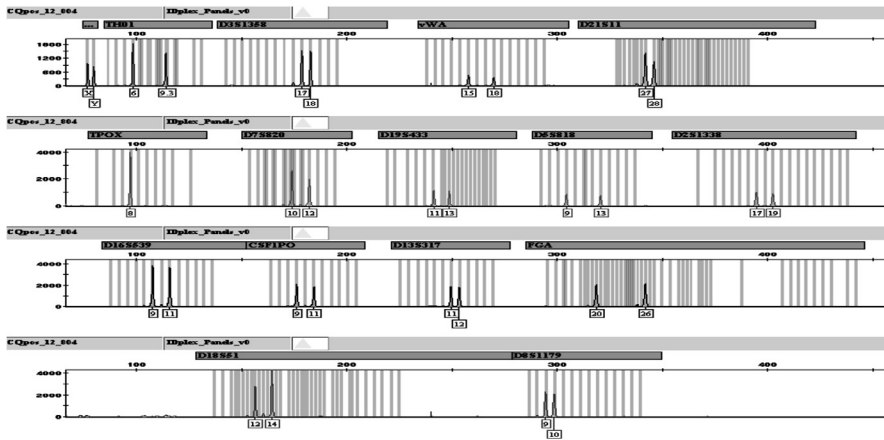


FIG. 1. — Analyse de l'ADN autosomal

Des analyses complémentaires peuvent être réalisées afin :

- d'augmenter le nombre de résultats sur des prélèvements d'ADN dégradé,
- d'établir une lignée paternelle dans l'identification de personne (découverte de cadavre, paternité)

TABLEAU 2. — Liste des loci analysés sur l'ADN autosomal

Locus	Chr	Position	Taille des fragments	Motif répété	Echelle allélique
D8S1179	8	8q	de 128 à 168 pb	(TCTR)n	entre 8 et 19
D21S11	21	21q11-q21	de 189 à 243 pb	(TCTA)n	entre 24.2 et 38
D7S820	7	7q11.21-q22	de 215 à 247 pb	(AGAT)n	entre 6 et 15
CSF1PO	5	q33.3-34 située dans le gène du récepteur cfms proto — oncogène pour le CSF1.	de 295 à 327 pb	(AGAT)n	entre 7 et 15
D3S1358	3	3p	de 114 et 142 pb	(TCTA)n	entre 9 et 19
THO1	11	11p15.5 située dans l'intron 1 du gène de la tyrosine hydrolase	de 154 pb à 178 pb	(TCAT)n	entre 5 et 11
D13S317	13	13q22-q31	de 165 à 197 pb	(AGAT)n	entre 5 et 15
D16S539	16	16q24-qter	de 264 à 304 pb	(AGAT)n	entre 5 et 15
D2S1338	2	2q35-37.1	de 289 à 341 pb	(TGCC)n	entre 15 et 28
D19S433	19	19q12-13.1	de 106 à 140 pb	(AAGG)n	entre 9 et 18.2
vWA	12	12p12 pter située dans l'intron 40 du gène humain VWA	de 135 à 167 pb	(TCTR)n	entre 11 et 22
TPOX	2	2p13 située dans le gène de la thyroïde-péroxydase	de 232 à 248pb	(AATG)n	entre 8 et 12
D18S51	18	18q21.3	de 273 à 341 pb	(AGAA)n	entre 9 et 26
D5S818	5	5q21-31	de 135 à 171 pb	(AGAT)n	entre 7 et 16
FGA	4	4q28	de 219 à 267 pb	(TTTC)n	entre 16.2 et 30

- identification d'individus masculins à partir de l'étude de 17 loci situés sur le chromosome sexuel Y (tableau n° 3 et figure n° 2),
- identification de personnes de sexe féminin à partir de l'analyse de 12 loci localisés sur le chromosome sexuel X (tableau n° 4 et figure n° 3).

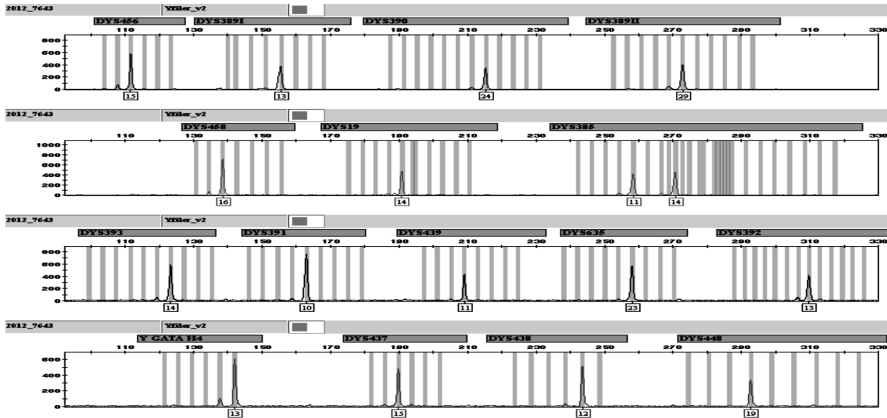


FIG. 2. — Analyse du chromosome Y

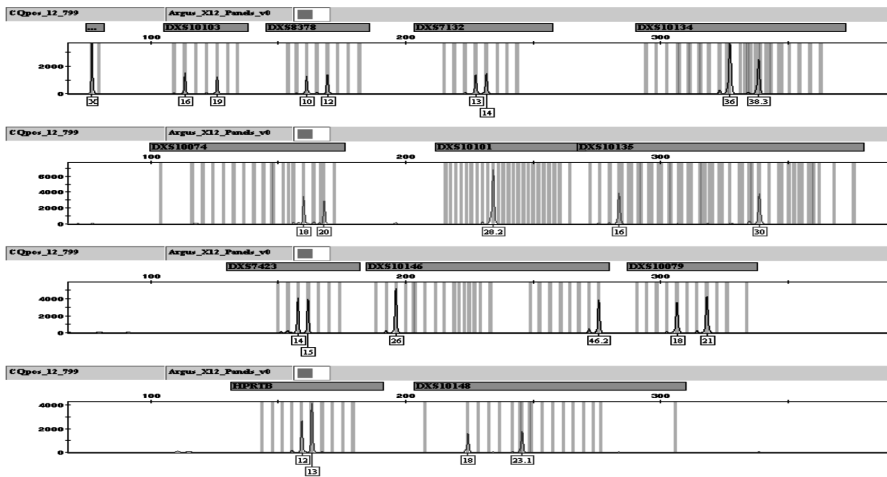


FIG. 3. — Analyse du chromosome X

L'analyse de l'ADN mitochondrial

L'analyse de cet ADN permet d'établir une lignée maternelle. Cet ADN ne possède pas d'unités répétitives. On étudie deux régions hypervariables HV1 et HV2 par séquençage, les résultats sont obtenus par comparaison avec une séquence de référence [5, 6]. Cette comparaison permet d'établir des différences entre les séquences analysées et la séquence de référence (Anderson).

TABLEAU 3. — Liste des loci analysés sur le chromosome Y

Locus	Chr	Position	Taille des fragments	Motif répété	Échelle allèlique
Amélogénine	Y	Yp11.2			
DY S393	Y		de 113 à 137 pb	(AGAT) _n	entre 11 et 17
DY S19	Y		de 182 à 201 pb	TAGA) _n	entre 12 et 17
DY S389 II	Y		de 294 à 320 pb	(TCTG et TCTA) _n	entre 27 et 33
DY S390	Y		de 179 à 199 pb	(TCTA et TCTG) _n	entre 20 et 25
DY S391	Y		de 245 à 257 pb	(TCTA) _n	entre 9 et 12
DY S385	Y		de 346 à 386 pb	(GAAA) _n	entre 8 et 19
DY S389 I	Y		de 243 à 259 pb	(TCTG et TCTA) _n	entre 11 et 15
DY S439	Y		de 238 à 254 bp	(GATA) _n	entre 10 et 14
DY S438	Y		de 131 à 158 bp	(TTTTTC) _n	entre 8 et 13
DY S392	Y		de 247 à 262 pb	(TAT) _n	entre 10 et 15
DY S437	Y		de 183 à 199 pb.	(TCTA et TCTG) _n	entre 13 et 17
DY S456	Y		de 100 à 127 pb.	(AGAT) _n	entre 13 et 18
DY S458	Y		de 133 à 165 bp.	(GAAA) _n	entre 14 et 20
DY S4635	Y		de 242 à 274 bp.	(TCTA et TGTA) _n	entre 20 et 26
Y GATA H4	Y		de 114 à 150 pb.	(TAGA) _n	entre 8 et 13
DY S448	Y		de 274 à 332 pb.	(AGAGAT) _n	entre 17 et 24

PROTOCOLE D'ANALYSE

Les analyses ADN sont réalisées :

- soit sur des prélèvements issus d'une personne vivante ou décédée,
- soit sur des prélèvements de traces biologiques provenant de différents supports.

Prélèvements issus d'une personne vivante ou décédée

Les prélèvements sur les personnes vivantes sont effectués au niveau de la muqueuse labiale à l'aide d'écouvillons et transférés sur un papier appelé FTA (Fast Technology for Analysis). Plus rarement des prélèvements sanguins peuvent être pratiqués.

TABLEAU 4. — Liste des loci analysés sur le chromosome X

Locus	Chr	Position	Taille des fragments	Motif répété	Échelle allélique
Amélogénine	X	Xp22.1 22.3			
DX S7132	X	Xq11.2	de 216 à 244 pb	(TCTA)n	entre 10 et 17
DX S7423	X	Xq28	de 154 à 174 pb	(TCCA)n TCTGTCCT (TCCA)m.	entre 13 et 18
DX S8378	X	Xp22.31	de 158 à 182 pb	(CTAT)n	entre 9 et 15
DX S10074	X	Xq12	de 104 à 172 pb	(AAGA)n	entre 4 et 21
DX S10079	X	Xq12	de 290 à 333 pb	(AGAG)n TGAAAGAG (AGAA)m AGAG (AGAA)p	entre 14 et 25
DX S10101	X	Xq26.2	de 216 à 261 pb	(AAAG)n GAAAGAAG (GAAA)m A (AAAG)p AAGA (AAAG)q AAAAAGAA (AAAG)o AA	entre 24 et 35
DX S10103	X	Xq26.2	de 109 à 135 pb	(TAGA)n CTGA (CAGA)(TAGA)m (CAGA)p (TAGA)	entre 15 et 21
DX S10134	X	Xq28	de 295 à 363 pb	(GAAA)n GAGA (GAAA) AA (GAAA) GAGA (GAAA)m GAGA (GACAGA)p (GAAA) GTAA (GAAA)q AAA (GAAA)o AAA (GAAA)r	entre 28 et 44.3
DX S10135	X	Xp22.31	de 273 à 375 pb	(AAGA)n GAAAG (GAAA)m	entre 13 et 39.2
DX S10146	X	Xq28	de 188 à 275 pb	(TTCC)n T (TTCC)m TTTC CTCCCTTCC (TTCC) (TCCC) TTCTTCTTTC (TTCC)p TTTCTT (CTTT)q CTTC (CTTT)o T (CTTT)r	entre 24 et 46.2
DX S10148	X	Xp22.31	de 207 à 305 pb	(GGAA)n (AAGA)m (AAAG)p N8 (AAGG)q.	entre 13.3 et 38.1
HPRTB	X	Xq26.2	de 148 à 180 pb	(AGAT)n	entre 9 et 17

Les prélèvements effectués sur les personnes décédées varient selon l'état de décomposition du corps :

- prélèvement sanguin sur EDTA ou prélèvement musculaire,
- prélèvement osseux d'un fragment de fémur pour les corps en état de décomposition avancée.

Ces prélèvements sont réalisés afin d'identifier les personnes ou de les comparer avec les résultats issus de traces.

Prélèvements de traces biologiques provenant de différents supports

L'ADN d'une personne peut être transféré par contact sur des objets ou sur des personnes. Cet ADN provient des cellules issues de différentes matrices, le sang, le sperme, les éléments pileux, les cellules épithéliales.

Ces matrices sont mises en évidence par :

des réactions chimiques :

- le sang par la réaction de Kastle Meyer ou par le Luminol,
- le sperme par la réaction à la Brentamine,

une recherche microscopique :

- les éléments pileux,
- les spermatozoïdes.

Les cellules épithéliales ne font pas l'objet d'une recherche chimique, un prélèvement est réalisé sur les zones supposées en contact.

Il existe trois protocoles de prélèvements :

L'échantillonnage consiste à prélever plusieurs taches présentant des caractéristiques morphologiques différentes et localisées dans différentes zones.

Le ciblage consiste à prélever des cellules épithéliales dans les zones les plus favorables à un contact d'une personne sur un objet ou d'une personne sur une autre personne.

Le quadrillage consiste à réaliser un quadrillage du support et d'effectuer un prélèvement de chacune des zones ainsi définies.

Les cellules épithéliales peuvent être également dans certains cas prélevées individuellement sur certains objets comme les munitions par la méthode de microdissection laser en utilisant un microscope inversé associé à un laser. Cette méthode permet d'analyser une cellule [12]. Plusieurs systèmes commerciaux existent.

PROTOCOLE D'EXTRACTION

L'extraction de l'ADN [7] est obtenue par des :

- *méthodes classiques* comme le phénol chloroforme ou le chelex,
- *méthodes récentes* sur billes magnétiques.

Ces protocoles sont réalisés avec des réactifs commerciaux.

PROTOCOLE D'AMPLIFICATION ET DE GÉNOTYPAGE

Ces protocoles sont bien codifiés par les laboratoires industriels qui élaborent les réactifs [7]. En 2012, la lecture des génotypes se réalise sur un seul type d'appareil

qui est un appareil de chromatographie capillaire associé à une détection en fluorescence des amplicons marqués à des fluorochromes.

LES APPLICATIONS

Les recherches de paternité

Les analyses sont effectuées sur des prélèvements buccaux issus du père, de l'enfant et de la mère. L'analyse de l'ADN autosomal est suffisante dans la plupart des dossiers et permet d'établir une filiation avec une probabilité d'inclusion de 99,999 %, ou une exclusion de paternité avec au moins deux exclusions. L'interdiction d'effectuer un prélèvement post-mortem pour une recherche en paternité a considérablement compliqué certains cas où il est nécessaire d'effectuer des analyses sur les grands-parents paternels, demi-frères, demi-sœurs.

Identification de corps

Les analyses sont effectuées sur un fragment de muscle ou d'os. Le fémur est l'os dans lequel l'ADN est mieux protégé en situation hostile (eau, chaleur). L'ADN analysé sera comparé aux résultats des analyses effectuées sur le père/la mère présumés du défunt ou ses présumés enfants.

Des analyses complémentaires sont réalisées si le calcul de la probabilité est insuffisant ($p < 99,999 \%$) :

- analyse des STR du chromosome Y,
- analyse des STR du chromosome X,
- analyse du séquençage des régions HV1 et HV2 de l'ADN mitochondrial.

Les identifications de corps peuvent être complexes lors des catastrophes aériennes, terrestres, maritimes, etc.

De nombreux prélèvements affluent alors et il convient de les traiter immédiatement pour répondre à la demande des autorités et des familles.

Identification des traces biologiques sur une scène criminelle ou délictuelle

L'ADN des cellules déposées sur un objet ou une personne est soumis à des agressions environnementales qui peuvent dégrader l'ADN. Ces principaux facteurs sont :

- l'humidité et l'eau,
- les acides humiques contenus dans la terre,
- la chaleur et le feu.

Malgré les agressions environnementales les techniques d'analyses permettent d'obtenir des résultats concluants sur :

- Des prélèvements ayant séjourné dans l'eau. Des analyses ont été réalisées avec succès sur des armes ayant séjourné dans l'eau douce durant différentes périodes (de 3 à 60 jours). L'ADN résiste également à l'eau additionnée de détergents chimiques. Aussi, il est possible de retrouver cet ADN sur des taches de sperme ou de sang lavées en machine à des températures variant de 30° C à 90° C.
- Des prélèvements ayant subi les effets de la chaleur. Il est possible d'analyser l'ADN qui a été chauffé à des températures supérieures à 100° C. Par conséquent, la décontamination des instruments métalliques servant aux analyses (pinces, ciseaux) sera effectuée pendant au moins deux heures à 120° C pour être efficace.
- Des prélèvements réalisés sur des pierres recouvertes de terre grâce aux méthodes d'extraction sur billes magnétiques qui permettent d'éliminer les inhibiteurs présents.

L'obtention d'un profil ADN ou empreinte génétique sur une trace biologique nécessite une comparaison avec des prélèvements effectués sur une personne témoin, suspecte ou victime afin d'identifier l'auteur.

Les profils ADN non identifiés sont alors transmis à une base de données appelée FNAEG « Fichier National Automatisé des Empreintes Génétiques ». Les profils ADN de traces enregistrés dans cette base sont comparés aux empreintes génétiques provenant de personnes condamnées ou suspects.

Les résultats peuvent aussi être transmis à Interpol sur demande du magistrat.

ÉVOLUTIONS SCIENTIFIQUES

Ces dernières années, les empreintes génétiques ont bénéficié d'évolutions dans l'amélioration des procédures d'extraction, l'augmentation de la performance des analyses, la durée des analyses.

En effet, l'emploi de billes magnétiques dans les techniques d'extraction a considérablement réduit la présence d'inhibiteurs de PCR :

- en 2010, sur 15 492 analyses, 55 % présentaient des inhibiteurs de PCR,
- en 2011, sur 16 899 analyses, aucun extrait ne présentait d'inhibiteur.

L'augmentation de la performance s'est observée sur l'analyse des cellules de contact :

- en 2010, 46 % des extraits analysés donnaient un profil ADN,
- en 2011, 65 % des extraits analysés donnaient un profil ADN.

Par ailleurs, sur l'ensemble des analyses, l'obtention de profils ADN est de :

- 55 % pour l'année 2010,
- 70 % pour l'année 2011.

L'ensemble de la procédure analytique a été considérablement réduite ces dernières années puisque les analyses d'extraction semi-automatisées, le dosage, l'amplification et le génotypage, se déroulent dans la même journée. Les recherches préliminaires qui permettent de mettre en évidence les traces biologiques et d'effectuer les prélèvements sont toujours aussi longues car ce sont des techniques manuelles, minutieuses et très importantes qui influent considérablement sur la qualité du résultat.

ASSURANCE QUALITÉ

L'établissement de système qualité permet d'assurer la traçabilité des analyses, important dans le résultat des comparaisons entre les profils ADN issus de traces et ceux issus de personnes.

L'accréditation ISO/CEI 17025 sera en 2013 obligatoire pour tous les laboratoires effectuant ces analyses en Europe. Notre laboratoire est accrédité depuis 2003.

La traçabilité et la compétence assurées par la mise en place d'un système qualité accrédité permettent de maîtriser les risques d'erreur et ainsi d'apporter une garantie aux requérants. Afin de garantir cette qualité, de très nombreux contrôles sont nécessaires pour prévenir et détecter les contaminations qui représentent un réel danger.

En janvier 2012, 42 % d'analyses contrôles ont été réalisées en plus des analyses.

ASPECT JURIDIQUE

La loi Bioéthique de 1994 impose pour effectuer toute analyse génétique d'identification :

- un agrément obligatoire pour les laboratoires (décret de février 1997) afin de réaliser ces analyses,
- une mission ou une réquisition judiciaire.

Ainsi, il n'est pas possible d'effectuer une recherche en paternité sans une décision judiciaire en utilisant les empreintes génétiques alors qu'une analyse par groupages sanguins est possible !

ANALYSES EN DEVELOPPEMENT : LES SNPs

L'analyse de la variation d'une seule base à un point précis du génome est appelé SNPs (Single Nucleotide Polymorphism) [8]. Les SNPs sont abondants dans le

génomique et leur méthode d'analyse est bien définie. Le développement de l'analyse des SNPs est dû à l'organisation du SNPs Consortium créé en 1999 entre les compagnies pharmaceutiques et des centres de séquençage du génome. Ce consortium a permis d'identifier plusieurs millions de SNPs et de développer de nouvelles technologies pour leur analyse telle que la spectrométrie de masse, les puces, le SNAP-SHOT [9].

Les applications de ces analyses sont :

- L'estimation de l'origine ethnique. Ces travaux essaient de mieux préciser l'origine ethnique d'une personne. Toutefois, l'intérêt dans l'identification d'une trace fait l'objet d'études et de polémiques [10].
- La détermination d'apparences morphologiques [figure n° 4]. Ces analyses représentent des aides à l'enquête car elles peuvent prédire :
 - La couleur de la peau [11],
 - La couleur des yeux,
 - La couleur des cheveux,
 - La présence du lobe de l'oreille décollé, etc.

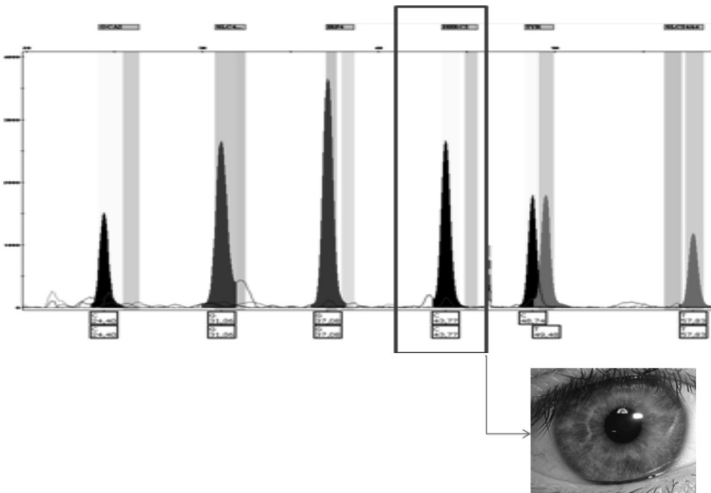


FIG. 4. — Analyse des SNPs dans la détermination des traits physiques d'une personne

La pigmentation humaine est un caractère polygénique qui peut être régulé par des interactions entre gènes. L'interaction du gène *HERC2* sur le gène *OCA2*, situés tous deux sur le chromosome 15, influence la couleur des yeux. L'allèle (C) au niveau du SNP rs12913832 du gène *HERC2* est responsable pour 99 % de la couleur bleue.

Plusieurs SNPs peuvent ainsi être étudiés afin d'établir les traits morphologiques d'une personne.

— L'analyse de l'ADN dégradé. L'analyse des SNPs permet alors l'obtention de résultats alors que l'analyse des STRs ne permet pas d'obtenir un profil [10], car les fragments d'ADN analysés sont en effet plus petits.

Toutefois, ces analyses ont une approche probabiliste.

CONCLUSION

Depuis les années 1990, les analyses génétiques ont évolué avec un nombre croissant de loci analysés, des améliorations continues des méthodes d'extraction, l'utilisation de séquenceurs de plus en plus rapides et sensibles. Ces analyses sont encadrées par de nombreux contrôles qui évitent les risques de contamination, source principale d'erreurs. Les nouvelles analyses sur les SNPs vont permettre d'aider les enquêteurs en leur fournissant des éléments du portrait-robot de deuxième génération.

BIBLIOGRAPHIE

- [1] JEFFREYS A.J., WILSON V., THEIN S.L. — Individual specific fringer prints of human ADN. *Nature*, 1985, 316, 76-79.
- [2] SAIKI R.R., SHARFT S., FALOONA F., MULLIS K.B., HORN G.T., ERLICH H.A., ARNHEIM N. — Enzymatic amplification of β globin genomic sequences and restriction sites analysis for diagnosis. *Science*, 1985, 230, 1351-1354.
- [3] DOUTREMEPUICH F., DOUTREMEPUICH C., BEAUFILS M., MORALES V. — Les Empreintes génétiques en pratique judiciaire. *Journal de la Société de Biologie*, 2003, 197, 329-332.
- [4] DOUTREMEPUICH C., MORLING N. — Progress in Forensic Genetic tome 10, 2004.
- [5] WILSON MR., DIZINNO J.A., POLANSKEY D., RERLOGLE J., BUDOWLE B. — Validation of mitochondrial DNA Sequencing for forensic case work analysis. *Int J Legal Med*, 1995, 108, 68-74.
- [6] PARSON W., DÜR A. — Empop: a forensic mtDNA database. *Forensic Science International genetics*, 2007, 1, 88-92.
- [7] BUTLER J.M. — Forensic DNA typing: biology, technology and genetics of STR markers. Elsevier Academic Press, 2005, Second Edition.
- [8] CHAKRAVARTI A. — Single nucleotide polymorphism to a future genetic medicine. *Nature*, 2011, 409, 822-823.
- [9] SOBRINO B., BRISON M., CARRADED A. — SNPs in forensic genetics: a review on SNP typing methodologies. *Forensic Science International*, 2005, 154, 181-194.
- [10] KIDD K.K., PAKSTIC A.J., SPEED W.E., GRIGORENTO E.L., KAJUMA S.L., KAROMA N.J., KURGUBLOS S. — Developing a SNP panel for forensic identification of individuals. *Forensic Science International*, 2006, 164, 20-22.
- [11] FRUDAKIS T.N. — Molecular photo fitting redacting ancestry and phenotype from DNA Academic Press Publisher Amsterdam, 2000.
- [12] DOUTREMEPUICH C., ROCA I., BEAUFILS M., ESPONDA A., SAID G. — Homicide Investigation: Anthropology and Genetic analysis for the crime scene in Forensic Genetic Research Progress Fabricio Gonzalez — Andrade Editor, Nova Publisher, 2010, 73-90.

DISCUSSION

M. Jacques-Louis BINET

Les empreintes digitales ne sont-elles plus utilisées dans la médecine légale ? L'ADN mitochondrial est-il plus sensible que celui des chromosomes ?

Les empreintes papillaires sont toujours très utilisées par les enquêteurs. Elles sont prélevées par les techniciens de la Police ou de la Gendarmerie puis transmises à leurs laboratoires respectifs. Les analyses de l'ADN autosomal est spécifique de la personne alors que l'ADN mitochondrial est seulement propre à la lignée maternelle. Aussi, l'analyse de l'ADN mitochondrial est réalisée en complément de l'analyse de l'ADN autosomal, dans les cas où les résultats de cette analyse sont incomplets, voire absents.

M. Claude DREUX

Comme pour les biologistes médicaux, est-il possible que vous soyez responsable des prélèvements qui vous sont adressés, après formation approfondie des préleveurs ?

Sur une scène criminelle, la Police ou la Gendarmerie envoie des personnels formés aux prélèvements. Bien que nous participions dans le cadre d'un Diplôme Universitaire (Université Bordeaux 2) à leur formation, nous ne pouvons être responsables de leurs prélèvements. Les techniciens sont soumis à une hiérarchie indépendante de l'expert qui effectue les analyses.

M. Yves JUILLET

Vous avez évoqué l'évolution des techniques et leurs résultats de plus en plus précis. Pourriez-vous nous donner des précisions quant au coût de ces techniques y compris le coût entraîné par les analyses.

Les méthodes d'analyses de l'ADN évoluent régulièrement : automates d'extraction ou séquenceurs. De plus, au fur et à mesure que les analyses sont de plus en plus sensibles, les contrôles doivent être de plus en plus nombreux afin de vérifier l'exactitude et la fiabilité du résultat ; les budgets varient aussi selon le type d'analyse.

M. Roger HENRION

Vous nous avez montré un corps carbonisé d'où vous avez pu extraire l'ADN. Mais lorsque le corps est réduit en cendres, pouvez-vous encore extraire l'ADN ?

L'analyse des cendres après crémation d'un corps ne donne pas de résultat. Par contre, un corps carbonisé peut laisser dans quelques os, comme le fémur, un peu d'ADN exploitable et quelques espoirs de résultat.