

LES EMPREINTES GÉNÉTIQUES DES CRIMINELS

Marie-Hélène Cherpin

L'empreinte génétique permet l'identification de criminels aussi fréquemment, et peut-être plus sûrement que l'empreinte digitale. Nous pouvons recourir à la biologie moléculaire dès lors qu'un criminel laisse du matériel génétique, c'est-à-dire des cellules qui ont un noyau. Les empreintes génétiques sont particulièrement utiles pour les viols, car, dans ce cas, les empreintes digitales sont rarement exploitables.

Les analyses biologiques sont effectuées à la demande d'une autorité, selon deux modes de saisine : la réquisition du procureur de la République ou des enquêteurs et l'expertise ordonnée par le juge d'instruction. La fiabilité des résultats

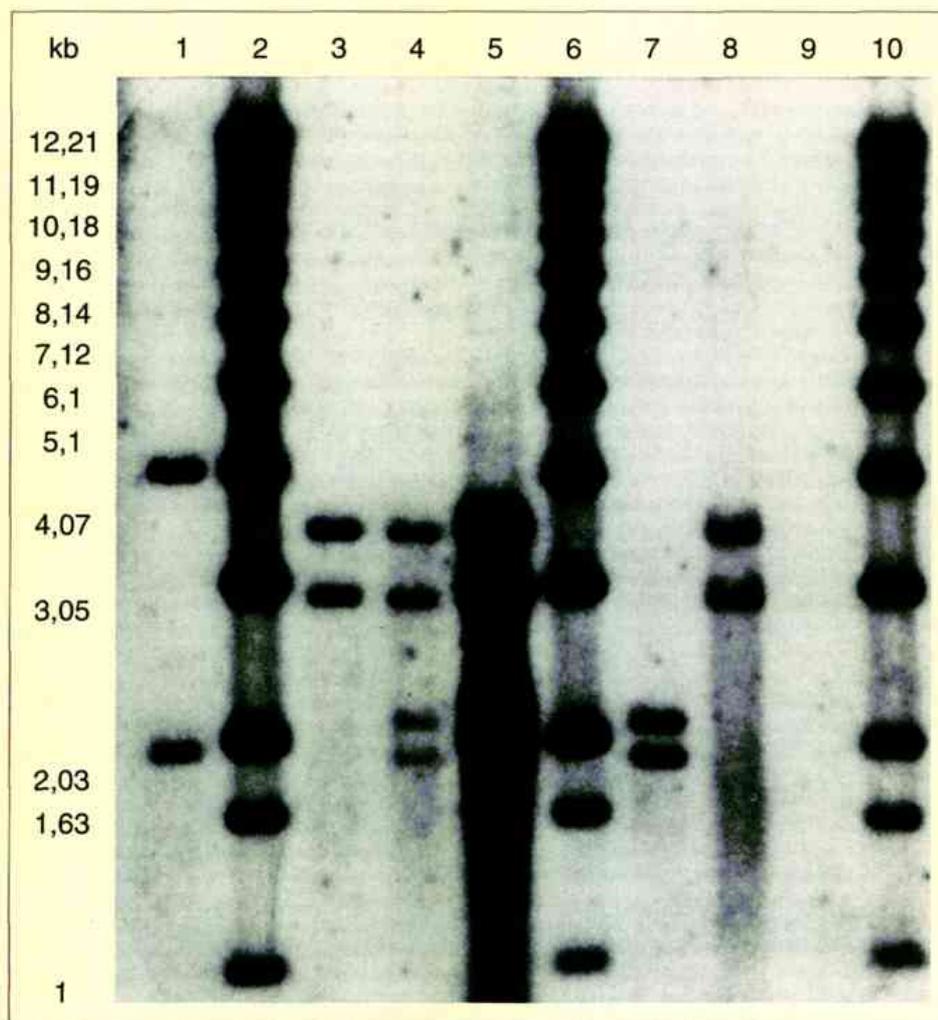
dépend surtout du soin avec lequel les échantillons sont prélevés sur le lieu du crime et transportés jusqu'au laboratoire sans être contaminés ou dégradés.

Les échantillons sont recueillis à partir de taches de sang ou de sperme par des inspecteurs de l'identité judiciaire, formés aux techniques de prélèvements : ce sont les «techniciens de la scène du crime» ; les quantités sont souvent faibles, et l'état de conservation parfois mauvais. Lorsque l'indice prélevé est censé être du sang, nous vérifions d'abord qu'il s'agit bien de sang, par des réactions chimiques simples, et que ce sang est humain. Puis nous déterminons son groupe sanguin (A, B, AB, ou O) et son groupe Rhésus (positif

ou négatif). Ces analyses sont rapides et peu coûteuses ; elles suffisent parfois à exclure un suspect. Les prélèvements sur les personnes vivantes (la victime d'un viol et les suspects) sont effectués par des personnes du milieu médical.

L'ADN est extrait des noyaux des cellules (des globules blancs du sang ou des spermatozoïdes). Si on nous demande un résultat rapide (dans le cas d'une garde à vue), nous amplifions (par la technique d'amplification des gènes, dite PCR) les gènes codant le système HLA (c'est-à-dire codant les antigènes de surface des globules blancs) et nous déterminons leur groupe (A, B, C ou D) ; il nous arrive ainsi de disculper un suspect. Pour une identification plus précise, nous analysons le «polymorphisme de longueur des fragments de restriction» (RFLP).

Le principe de cette technique repose sur l'existence, dans la molécule d'ADN, de régions non codantes formées par la répétition d'une séquence nucléotidique particulière, en un nombre d'exemplaires qui varie selon les individus. Chacun de nous possède deux versions (ou allèles) de ces portions d'ADN ; ces allèles, hérités des parents, ne contiennent pas le même nombre de séquences répétitives (polymorphisme) et sont donc de longueurs différentes. Deux êtres humains, qui ne sont pas jumeaux homozygotes, n'ont pratiquement aucune chance d'avoir les mêmes empreintes génétiques pour l'ensemble des séquences testées. La spécificité de ces



Ces empreintes génétiques visent à identifier l'auteur d'un viol. Les graduations indiquent la longueur des fragments d'ADN, en kilobases (kb), du plus long (en haut) au plus court (en bas). Les colonnes 2, 6 et 10 contiennent des marqueurs de tailles. Les autres colonnes comportent des échantillons d'ADN différents : un ADN témoin dans la première colonne, l'ADN du sang de la victime dans les colonnes 3 et 8, un mélange de deux ADN (celui de la victime et celui de son agresseur) provenant de prélèvements vaginaux de la victime dans les colonnes 4 et 5, et l'ADN du sang du suspect dans la colonne 7. Parmi les quatre bandes observées dans le prélèvement vaginal, on reconnaît les deux allèles de la victime par comparaison avec son sang ; les deux autres allèles sont comparés à ceux du suspect, qui sont identiques. Les soupçons se confirment. (Cliché fourni par P. Fannardjan, ingénieur de la Police scientifique).

séquences répétitives constitue le fondement de nos examens.

Avant toute analyse de RFLP, nous vérifions la qualité de l'ADN : si l'ADN est dégradé, c'est-à-dire fractionné par des micro-organismes ou divers facteurs physiques (soleil) ou chimiques (détergents), nous ne pouvons rien conclure sur les longueurs des fragments. En revanche, si l'échantillon est de bonne qualité, nous fragmentons l'ADN grâce à une enzyme de restriction, qui coupe la molécule en des régions spécifiques.

Nous séparons ces fragments en fonction de leur longueur, par électrophorèse. Ces fragments d'ADN sont ensuite dénaturés et fixés sur une membrane de nylon. On ajoute alors une sonde spécifique : un brin d'ADN de séquence connue, marqué par un élément radioactif ; la sonde s'hybride aux segments d'ADN complémentaires. Une autoradiographie révèle la position des fragments qui incluent la séquence sondée. Si la sonde est «monolocus», c'est-à-dire si elle s'hybride à une séquence présente en un site unique, on obtient, sur un film photographique, deux bandes au plus (les deux allèles). Nous comparons ensuite les deux bandes du suspect aux deux bandes du criminel.

La première méthode d'empreinte génétique, mise au point en 1987 par l'Anglais A. Jeffreys, utilisait des sondes multilocus, dont la séquence correspond à plusieurs sites ; on obtenait une multitude de bandes. Les scientifiques préfèrent aujourd'hui les sondes monolocus :

les résultats sont plus faciles à interpréter, notamment en cas de mélange de matériels génétiques (viol par exemple). Les techniques évoluent au rythme des progrès de la génétique moléculaire. Ainsi l'amplification des gènes est un outil intéressant lorsque l'on a peu de matériel : on a obtenu des empreintes génétiques à partir de quelques cellules de la bouche relevées sur des mégots. Les prochains progrès du séquençage procureront encore de nouvelles possibilités.

La méthode monolocus est utilisée en France depuis 1990 ; les laboratoires de police français ont ainsi traité quelque 600 cas, entre 1991 et 1993. Nous réalisons plusieurs empreintes génétiques sur une même plaque d'électrophorèse : l'ADN du criminel et celui des suspects subissent les mêmes opérations, ce qui facilite la comparaison ; un ADN témoin connu permet de vérifier le bon déroulement de l'analyse ; des marqueurs de tailles servent à étalonner les empreintes : ce sont des segments d'ADN de longueurs connues, marqués radioactivement, permettant de relier la taille d'un fragment à sa distance de migration lors de l'électrophorèse.

La probabilité pour que deux personnes prises au hasard possèdent un allèle de même longueur est calculée à partir d'études statistiques d'apparition de ces allèles dans la population mondiale : cette probabilité est d'un millionième. Lors d'une identification, nous employons en moyenne cinq sondes successives, de façon à comparer environ dix allèles du suspect avec ceux du crimi-

nel. Trouver deux individus de même profil d'ADN devient alors fort improbable (un cas sur un nombre supérieur à la population mondiale).

Toutefois nous n'interprétons jamais nos résultats : désigner un coupable n'est pas notre rôle. Un tribunal peut rejeter une expertise dans le cas, par exemple, d'un décalage (*band shift*) entre l'empreinte du criminel et celle de l'accusé. Nous tentons d'éviter ces décalages, propres à la technique d'électrophorèse, en traitant dans les mêmes conditions et au même moment les deux ADN du criminel et du suspect.

La réalisation, par cette technique, de fichiers d'empreintes génétiques souffre d'une incertitude quand les échantillons ne sont pas étudiés simultanément. Les Anglais produisent des bases de données pour comparer à tout moment les empreintes génétiques enregistrées à celles d'un criminel ; ils introduisent des barres d'erreur autour de la bande à analyser (plus ou moins trois pour cent). Néanmoins, la création d'un tel fichier systématique représente un gros investissement, sans doute disproportionné par rapport aux résultats attendus. À mon avis, la seule manière de fabriquer un fichier fiable sera d'utiliser le séquençage du génome ; la question est donc prématurée, car le génome n'est pas entièrement exploré. Quand cela sera, il faudra ouvrir un nouveau débat éthique, politique et juridique.

Marie-Hélène CHERPIN coordonne les laboratoires de la Police scientifique.

L'HÉRITAGE GÉNÉTIQUE DE L'ITALIE ANTIQUE

Alberto Piazza

L'Italie est un creuset de cultures différentes, résultant de mouvements de populations aux origines très diverses. Nous avons examiné l'histoire de l'identité italienne à travers un point de vue original : celui de la structure génétique. Cette étude a été réalisée au sein du département de génétique, de biologie et de chimie médicale de l'Université de Turin, et elle a confirmé combien l'empreinte génétique est liée à l'histoire d'un peuple, caractérisée notamment par la langue.

Avant d'évoquer des différences génétiques entre individus ou entre populations, il convient de faire table rase des préjugés. Si nous examinons les patrimoines génétiques de deux individus choisis au hasard, nous constatons, de manière quasi certaine, qu'ils sont différents. Dans le monde biologique, la diversité constitue la règle et l'uniformité l'exception. Par conséquent, la distinction de « races » est un préjugé culturel, sans fondement biologique. Nous distinguons

les personnes selon leurs caractères visibles : la couleur de peau, la forme et la dimension du visage, la stature, etc., qui constituent les caractères anthropométriques ; or les gènes qui déterminent ces caractères représentent une proportion dérisoire de l'ensemble des gènes d'une personne. En outre, les caractères anthropométriques dépendent de l'environnement et, par conséquent, varient plus selon la géographie que selon l'histoire d'un peuple.

Nous avons choisi d'étudier un caractère invisible tel que le groupe sanguin, de manière à éviter tout préjugé culturel. Toutefois, la fréquence d'un groupe sanguin, de même que les caractères anthropométriques, peut être influencée par des facteurs de l'environnement tels que le climat ou la propagation d'une maladie. Ces facteurs « sélectifs » n'ont pas le même effet sur tous les