

Institut de France
Académie des sciences

Séance solennelle
Mardi 23 novembre 2004

Allocution de Nicole Le Douarin, Secrétaire perpétuelle

SCIENCE ET JUSTICE :
*Des empreintes digitales aux empreintes génétiques,
à la recherche de la preuve indiscutable.*

Le statut de la science et de ses pratiques face à la cour de justice n'est, et n'a d'ailleurs jamais été celui d'une confiance sereine. Même si la démarche scientifique offre des garanties de fiabilité rarement atteintes dans les autres activités humaines, il se trouve bien souvent au tribunal des voix qui s'élèvent pour en mettre en doute les conclusions.

La question de l'expertise scientifique dans un cadre juridique soulève de passionnants problèmes qui engagent aussi bien nos conceptions philosophiques de la vérité que notre penchant pour la résolution des énigmes policières. La science et la justice ont ceci en commun d'avoir pour vocation de relier des cas particuliers à des lois universelles. Elles le font par des voies évidemment différentes, mais la confrontation de leurs méthodes au cours d'un procès, les obligent, l'une et l'autre, à approfondir leurs techniques et leurs arguments : la justice doit intégrer toujours plus finement les critères scientifiques de la preuve ; la science doit apprendre à tenir compte d'objections qui ne viennent plus de la seule communauté des chercheurs, et mobilisent, par exemple, toute l'habileté des avocats.

Au XVII^e siècle, à la cour des Princes, le témoignage des savants dans les controverses "scientifiques" était soumis à l'approbation des membres du clergé. Rien d'étonnant à cela si l'on songe que la religion était alors tenue pour la source unique et suprême de la vérité, de l'universalité et du juste, donc de l'autorité. Aujourd'hui la science est, en principe, libre de toute tutelle idéologique dans sa pratique et ses débats. Dans les espaces limités où elle peut s'appliquer en matière de droit, la science offre la meilleure assurance de distinguer le vrai du faux car les conclusions qu'elle fournit sont vérifiables, c'est-à-dire reproductibles et contrôlables. Cependant, les résultats scientifiques sont le fruit de technologies conçues et mises en œuvre par des hommes et par là même sont sujettes à contestation. Il faut reconnaître que ces critiques ont été le moteur de progrès ininterrompus, notamment, dans les pratiques de la médecine légale depuis la fin du XVIII^e siècle. C'est en effet l'époque où l'expertise médicale et technique a été institutionnalisée par l'arrivée des médecins légistes dans les tribunaux. Déjà, on faisait appel à leur savoir pour juger par exemple de la santé mentale d'un accusé ou des causes et du moment d'un décès. Peu après, les organismes chargés de l'application de la loi se sont adjoints d'une manière permanente

des médecins légistes et des experts en criminologie disposant de leurs propres laboratoires d'analyse.

Si les technologies qu'ils utilisent ont évolué, ces experts, qui assistent les enquêteurs, poursuivent depuis lors les mêmes trois principaux objectifs.

- Le premier est de tenter d'identifier l'auteur d'un acte criminel en utilisant des traces ou des parties provenant du corps d'un individu, retrouvées sur le lieu du crime afin de voir s'il est possible d'établir un lien entre le crime et l'individu en question.

- Leur deuxième préoccupation est la constitution d'archives qui permettent de détecter les récidivistes.

- Leur troisième visée est plus complexe et plus problématique. Elle est basée sur l'idée tenace, mais jamais démontrée, qu'il existerait une étiologie de la criminalité. Certains traits comportementaux ou phénotypiques, innés, voire raciaux, familiaux et héréditaires seraient liés à une propension à accomplir des actes criminels. L'ambition est ici de détecter les malfaiteurs potentiels avant qu'ils n'entrent en action. Il s'agit donc d'une démarche de prévention plus que de punition du crime. Même si elle bénéficiait d'un quelconque support scientifique, ce qui n'est pas toujours le cas, cette démarche poserait de redoutables problèmes éthiques : comment pourrait-on en effet concilier l'idée de "criminel potentiel" avec les Droits de l'homme ?

Si l'on veut bien réfléchir aux rapports de la science et de la justice en ces domaines, il faut suivre le fil conducteur qui a guidé leurs progrès : d'une part la recherche de critères d'identification aussi évidents et peu nombreux que possible, d'autre part, le souhait d'aboutir à des méthodes fiables, aisément généralisables, rapides et peu coûteuses.

La première application notable des sciences dites exactes dans la reconnaissance des criminels a été l'entreprise du français Alphonse Bertillon, employé au bureau des archives de la Préfecture de Paris, à la fin du XIX^e siècle. Bertillon a créé un système "anthropométrique" qui a consisté à établir un vaste fichier dans lequel figuraient des caractéristiques corporelles systématiquement collectées à partir de tout individu ayant gravement enfreint la loi : il comportait des mesures de la tête, de l'oreille droite, du pied gauche et des doigts prises avec une précision millimétrique. A cela s'ajoutaient des informations sur la couleur des yeux, des cheveux et des photographies prises de face et de profil ; cette dernière pratique est utilisée encore aujourd'hui par les polices du monde entier.

C'est après avoir accumulé pendant plusieurs années les fiches de centaines de coupables (ou présumés tels) que Bertillon en vint à soumettre son idée à son supérieur hiérarchique. Il ne suscita qu'une absence totale d'intérêt. Quatre ans plus tard seulement, grâce au changement du directeur, Bertillon pût mettre sa méthode en pratique. En 1883 il identifiait son premier récidiviste. Et à la fin de l'année suivante, il en avait débusqué 241. Ses supérieurs étaient si satisfaits de ces résultats que la Police Parisienne s'est alors dotée d'un Département de l'Identité Judiciaire avec à sa tête, Alphonse Bertillon. Son système auquel on donna le nom de *Bertillonage* était alors reconnu dans la presse comme (je cite) "l'invention la plus intelligente que le siècle ait jamais produite dans le domaine de la criminologie".

L'anthropométrie devait pourtant être supplantée dans les tribunaux par une autre méthode d'identification beaucoup plus simple et qui a survécu jusqu'à nos jours : celle des "empreintes digitales".

Il est difficile de déterminer exactement quand l'idée est apparue d'identifier un individu en se basant sur les discrètes volutes dessinées par l'épiderme sur la face interne de ses doigts ; volutes qui sont aisées à collecter et à collectionner à partir de la simple empreinte laissée par l'extrémité encrée du doigt sur une feuille de papier.

Des empreintes digitales datant de plus de deux cents ans avant notre ère ont été retrouvées en Asie et en Europe sur d'anciennes poteries et sur des peintures murales où elles

correspondaient sans doute à des signatures. Peut-être avait-on déjà remarqué qu'elles étaient uniques pour chaque individu.

En Europe, l'anatomiste allemand J.C.A. Mayer a été le premier à clairement affirmer en 1788 que "l'arrangement des crêtes cutanées n'est jamais identique chez deux personnes".

L'utilisation des empreintes digitales comme système d'identification est généralement associé à Scotland Yard. Mais leur usage, s'il a bien été élaboré par les Anglais, l'a été en Inde, où les agents chargés de maintenir l'ordre avaient le plus grand mal à appliquer le système anthropométrique trop complexe de Bertillon.

La classification des empreintes fut entreprise par un médecin colonial anglais Henry Faulds en poste en Asie. Il publia en 1880 une lettre dans le magazine *Nature* (il existait déjà à cette époque) qui a beaucoup contribué à attirer l'attention sur sa méthode. Ensuite il écrivit à Charles Darwin pour avoir son avis sur la signification évolutive possible de ces structures présentes chez l'homme et les singes. Darwin considéra le sujet comme peu captivant et le confia à son cousin Francis Galton, l'un des chercheurs anglais les plus éclectiques, le père de l'eugénisme.

Galton s'y intéressa passionnément. Il perfectionna et systématisa la classification des empreintes et développa son propre système d'identification dans un livre intitulé "Fingerprints" paru en 1892.

Les mécanismes qui sous-tendent la formation des empreintes digitales ont été peu étudiés. Cependant, le physicien Vincent Fleury, chercheur au CNRS et son coauteur Tomoko Watanabe, se sont récemment intéressés à ce problème et ont publié en 2004 un article sur ce sujet dans les Comptes Rendus de l'Académie des Sciences. L'explication qu'ils en donnent est hautement pluridisciplinaire puisqu'elle relève à la fois de la physique, des mathématiques et de la biologie.

Du point de vue biologique, on sait que les sillons de l'épiderme responsables des empreintes commencent à se former chez le fœtus vers huit semaines de gestation .

Il est certain que la formation de ces volutes est une des manifestations du programme génétique global de développement commun à l'ensemble de l'espèce. Je n'en veux pour preuve que les empreintes existent chez tous les humains. Cependant, la génétique ne rend pas compte de la spécificité individuelle de leur tracé. Celui-ci est influencé par l'environnement qui agit sur la dynamique de leur formation ; il dépend donc du hasard. Suite à une petite perturbation, par exemple quand le fœtus se retourne ou suce son pouce, l'empreinte peut basculer d'une forme à une autre.

Cette influence **épigénétique forte** est attestée par le fait que les vrais jumeaux, issus d'un même œuf et donc génétiquement identiques, ont des empreintes digitales différentes. Mieux encore, les empreintes de la main gauche ne sont pas l'image inversée de celles de la main droite.

Malgré les recherches systématiques menées par Galton et par d'autres en Europe ou aux États-Unis, aucune corrélation n'a pu finalement être établie entre le tracé des empreintes digitales et l'origine ethnique des individus. **C'est bien leur caractère unique qui a fait le succès considérable et durable de ce mode d'identification.**

A la fin du XX^e siècle, c'est-à-dire quelque cent ans après la découverte du pouvoir discriminatoire des empreintes digitales, la révolution génétique a mis à la disposition de la justice un nouvel outil reposant sur la nature du matériel héréditaire, la molécule d'ADN et, désigné par analogie avec ces dernières "empreintes génétiques".

Depuis la découverte de la structure de la molécule d'ADN et de son mode de reproduction à l'identique par réplication semi-conservative, on peut apporter une explication aux mécanismes fondamentaux de la vie.

On sait que l'information responsable des caractères héréditaires fidèlement transmis de génération en génération par la reproduction sexuée est contenue sous la forme d'un code à quatre lettres imprimé dans la molécule d'ADN.

Celle-ci est une longue chaîne formée par la répétition d'unités, les nucléotides qui possèdent chacun une des quatre bases, adénine, thymine, cytosine, guanine qu'on désigne plus simplement par leurs initiales A, T, C, G, formant chacune l'une des lettres du code génétique. L'assemblage en codons de ces nucléotides correspond aux unités d'information, les gènes, dont l'existence avait été proposée par les biologistes, plus de cent ans avant que leur nature matérielle n'ait été révélée au début des années 1950.

L'ADN est contenu dans le noyau de nos cellules dans les chromosomes dont le nombre, fixe pour chaque espèce, est de quarante six chez l'homme. Lors de la formation des gamètes qui précède la reproduction sexuée, chaque spermatozoïde et chaque ovule n'en posséderont que vingt-trois car ils sont destinés à se rencontrer et à se fondre en une cellule fondatrice, l'œuf.

C'est lors de la division, dite méiose, qui permet la réduction du nombre de chromosomes dans les cellules sexuelles, que se produit un brassage génique amenant les gènes d'origine paternelle et maternelle à se répartir au hasard dans les différents gamètes produits.

Les gènes qui codent pour les protéines, qui constituent l'essentiel de ce que nous sommes, sont très semblables d'un individu à l'autre au sein d'une même espèce. Cependant, ils présentent des variations dues à des altérations de la molécule d'ADN au cours des innombrables phases où elle a été recopiée. Ces mutations génèrent des variants ou allèles, c'est-à-dire des gènes codant pour la même protéine mais avec des différences qui demeurent ou non compatibles avec leur fonctionnement. C'est ainsi que nous possédons tous nos caractéristiques et différences morphologiques faisant de chacun de nous un être unique. Seuls les vrais jumeaux issus du développement d'un même œuf sont génétiquement semblables.

On parvient donc à un paradoxe : la continuité du matériel génétique qui explique la production à travers les générations du semblable par le semblable, et en même temps, l'existence d'une diversité génétique introduite au cours du temps par les mutations et produisant l'infinie variété des individus d'une même espèce.

Les empreintes génétiques sont-elles basées sur la variabilité allélique des gènes ? Il n'en est rien. Détecter les variations entre individus sur la base de la variabilité allélique nécessiterait de connaître la séquence des bases de tous ou presque tous leurs gènes ce qui est inenvisageable compte tenu de l'état actuel de la technologie.

Cependant des découvertes réalisées dans les années 1980 ont montré que d'autres caractéristiques de notre patrimoine génétique sont à l'origine d'une diversité individuelle qu'il est beaucoup plus facile de mettre en évidence.

Contrairement à la situation observée chez les bactéries, le génome des êtres plus complexes, n'est pas constitué uniquement par les gènes eux-mêmes. Au cours de l'évolution des êtres pluricellulaires, de l'ADN non codant, c'est-à-dire sans signification pour la synthèse des protéines, s'est accumulé dans le génome par des mécanismes divers, au point de constituer une part considérable de l'ADN total du noyau.

On évalue, chez l'homme, le nombre de gènes à 25.000 - 30.000. Leur partie codante ne constitue que 1.5 à 3% du génome total. Lorsque des mutations se produisent dans les gènes eux-mêmes, elles peuvent, ou non, être éliminées par la sélection naturelle selon qu'elles sont, ou non, délétères. Par contre la plupart des mutations qui surviennent dans l'ADN non codant sont "neutres" car, n'ayant aucun effet sur les structures ou le fonctionnement de l'organisme, elles ne subissent pas de pression sélective : cela explique qu'elles puissent s'accumuler dans le génome. Il en résulte que les régions non codantes de l'ADN présentent des variations importantes d'un individu à l'autre.

30 à 40% de l'ADN non codant est constitué de séquences répétées les unes à la suite des autres (appelées *tandem repeat DNA*). Il en existe trois catégories selon le nombre de bases formant chaque séquence : "les microsatellites" (dont les séquences répétées sont les plus courtes : de 2 à 6 nucléotides) ; "les minisatellites" (intermédiaires 30 à 40) ; et l'ADN "satellite" dont les séquences répétées peuvent être de 300 à 400 bases.

C'est alors qu'entre en scène un jeune biologiste de l'Université de Leicester en Grande-Bretagne, Alex Jeffreys.

La publication de A.J. Jeffreys, V. Wilson et S.L. Thein parue dans la revue *Nature* en 1985¹ intitulée *Hypervariable minisatellite regions in human DNA*, a marqué le début de recherches intensives sur la variabilité de l'ADN non codant chez l'homme.

Jeffreys et ses collaborateurs ont fait une découverte décisive en montrant qu'une part importante de l'ADN non codant du génome humain (et aussi des mammifères) contient des séquences de nucléotides **répétées un nombre de fois très variable d'un individu à l'autre** et dispersées très largement dans le génome. Il a désigné ces séquences par le sigle VNTR pour *Variable Number of Tandem Repeats*. Ces séquences qui appartiennent aux minisatellites, sont le siège d'un taux de mutations particulièrement élevé, qui consistent dans un gain ou une perte d'un nombre important de ces répétitions et qui se produisent essentiellement dans les cellules de la lignée germinale lors de la formation des gamètes.

L'un des mécanismes proposés pour expliquer l'existence des VNTR est le suivant : au cours de la formation des cellules sexuelles, lorsque les chromosomes homologues échangent des fragments d'ADN, ceux-ci sont de longueur strictement identiques. Cependant, si les fragments à échanger sont constitués de longues répétitions du même motif, la machinerie de recombinaison ne détermine pas correctement la correspondance exacte entre les séquences des deux chromosomes. Il en résulte que les segments qui reviennent à chaque chromosome peuvent être de longueurs inégales. D'où la genèse d'une variabilité génétique. Ces mutations de longueur des minisatellites une fois dans le génome d'un individu seront transmises à sa descendance. Elles peuvent donc être utilisées dans des tests de filiation, jusqu'à ce que, évidemment, de nouvelles mutations ne les modifient à nouveau.

La publication princeps de Jeffreys et collaborateurs de 1985 montrait comment le polymorphisme dû à la variabilité des minisatellites pouvait être révélé d'une manière à la fois rapide et fiable.

L'idée était de repérer, au sein du génome total, les longueurs différentes de certains fragments d'ADN non codant particulièrement sujets à variabilité individuelle. La technique consiste tout d'abord à couper l'ADN par des enzymes dits "de restriction". Ensuite, les fragments d'ADN sont séparés sur un gel d'électrophorèse en fonction de leur taille, tandis que des sondes radioactives permettent d'identifier les microsatellites.

La possibilité de trouver deux individus identiques dans la population est très faible et se situe, selon Jeffreys, entre 1/100.000 (10^{-5}) et 1/100.000.000 (10^{-8}).

L'article de Jeffreys et al., paru en 1985 a suscité un très grand intérêt. Pour la première fois, il fournissait une méthode relativement simple pour identifier un grand nombre de régions hautement variables dans l'ADN humain. Elle permettait de disposer de marqueurs pour la recherche en génétique humaine et ouvrait en même temps le domaine du génotypage de l'ADN en médecine légale. On pouvait dès ce premier travail apercevoir les applications possibles de ce qui fut alors breveté sous le terme d'"empreintes digitales génétiques" (en anglais *DNA fingerprints*) pour l'identification des individus et pour l'établissement des relations de parenté.

¹ *Nature*, 1985, t.314, p.67-73 ; voir aussi, t.316, p. 76-79

La signature de chaque personne se présentait un peu comme un code-barre du commerce. Ce caractère n'a pas été étranger à la facilité avec laquelle le procédé a acquis une remarquable crédibilité. Cette méthode sortie directement des laboratoires où se pratiquaient les techniques les plus modernes de la biologie moléculaire fut d'emblée accueillie comme une révolution. Alec Jeffreys reçut les honneurs publics et fut fait Chevalier par la Reine.

A la Cour de Justice, l'accusation, la presse, les jurés étaient intimidés par les connaissances scientifiques sur lesquelles étaient basées ces identifications et ceci d'autant plus qu'ils ne les comprenaient pas, alors qu'en revanche, ils se sentaient tout à fait capables de reconnaître facilement deux codes-barres identiques.

Ils n'opposèrent donc aucune difficulté pour accepter le verdict de cette "preuve" qui se présentait comme un système sans faille apte à identifier, s'il le fallait, tous les individus de la planète. Pendant la fin des années 1980, les expertises ADN régnèrent en maître dans les prétoires.

Aux États-Unis, de nombreuses compagnies de biotechnologies se sont alors spécialisées dans l'application de la technique de Jeffreys. Elles espéraient faire l'essentiel de leur chiffre d'affaire en pratiquant des tests de paternité tout en réalisant aussi des expertises en médecine légale sur la commande des tribunaux.

Après une période où les preuves basées sur les empreintes génétiques n'ont soulevé aucune contestation, les avocats de la défense ont songé à s'entourer de scientifiques compétents capables de jeter un œil critique sur la validité de la preuve génétique. Dans un procès célèbre qui s'est tenu en 1988 aux États-Unis, les procureurs ont été confrontés à deux jeunes avocats que les empreintes génétiques n'intimidaient pas. Le cas en question concernait un certain José Castro accusé du meurtre de sa maîtresse et de leur fille dans leur appartement à New York. On trouva du sang sur la montre de Castro lors de son interrogatoire. L'analyse génétique, réalisée par l'un des laboratoires spécialisés dans ce type d'expertise, *Lifecodes* montra que le sang trouvé sur Castro appartenait à l'une des victimes. Les avocats de la défense firent appel à des chercheurs du célèbre Institut Whitehead du MIT à Boston afin qu'ils examinent en détail les preuves fournies par l'accusation. Les experts mirent en évidence plusieurs anomalies dans les pièces à conviction fournies par *Lifecodes* dont les conclusions étaient, selon eux, basées sur des expériences entachées d'erreurs méthodologiques. Ils conclurent que le laboratoire qui avait traité les prélèvements avait fait un travail d'amateur, sans soin et non crédible.

Deux autres généticiens venant du non moins célèbre laboratoire de Cold Spring Harbour, dirigé par J. Watson, furent appelés à témoigner au nom de l'accusation. La confusion était telle et les enjeux si importants que, fait unique en matière de justice légale, les experts des deux côtés adverses décidèrent de se réunir et d'examiner d'un point de vue purement scientifique la validité de la technique de Jeffreys en pratique légale. La conclusion fut que le génotypage de l'ADN était une méthode prometteuse mais qu'elle ne pouvait fournir des résultats sûrs que si elle était mise en œuvre d'une manière techniquement correcte. Son application par *Lifecodes* était suffisamment approximative pour que les résultats fournis soient inacceptables. Le juge décida de ne pas en tenir compte.

Le cas Castro a ouvert une brèche dans la confiance totale (aveugle ?) consentie jusque là aux résultats fournis par les empreintes génétiques.

La production d'empreintes fiables est possible dans un laboratoire de recherche ou d'analyse médicale lorsqu'on dispose de prélèvements obtenus en quantités suffisantes et dans de bonnes conditions. En pratique légale, les prélèvements peuvent être en trop faible quantité, altérés par digestion bactérienne ou contaminés par un ADN étranger. La lecture des gels n'est pas nécessairement facile et les conditions d'expérimentation doivent être très rigoureuses pour permettre une fiabilité totale des comparaisons entre différents gels.

Il est clair que dans un domaine aussi sensible que la médecine légale, l'erreur des techniciens chargés d'analyser les prélèvements est inadmissible et son éventualité est de nature à discréditer l'usage d'une méthode aussi sophistiquée soit elle.

En 1991, deux célèbres généticiens des populations, R.C Lewontin et Daniel L. Hartl respectivement professeurs à l'Université de Harvard et à celle de Washington à Saint-Louis aux États-Unis ont soulevé un autre problème au sujet des empreintes génétiques en contestant la méthode de calcul utilisée jusque là pour évaluer la probabilité que deux empreintes puissent être identiques par hasard. Les calculs consistaient à multiplier les fréquences de chaque VNTR répertoriées dans les banques de données sans tenir compte du groupe ethnique ou communautaire auquel ces fréquences se réfèrent.

Le nombre de répétitions des minisatellites est transmis héréditairement et le calcul supposait que tous individus de la planète avaient la même probabilité de se rencontrer et de fournir une descendance. Il est évident qu'il n'en est rien. Il est bien connu que les États-Unis notamment sont peuplés de communautés qui restent très largement séparées les unes des autres.

Les difficultés rencontrées par la mise en œuvre en médecine légale de routine de la méthode de Jeffreys ont amené, en dépit de sa fiabilité lorsqu'elle est bien conduite, à lui substituer un autre procédé basé sur le même principe des répétitions de séquences d'ADN non codant en tandem mais qui a l'avantage d'être beaucoup plus facile à pratiquer. Cette nouvelle méthode a bénéficié d'une découverte technologique due à Kary B. Mullis et qui a valu à son auteur d'obtenir le Prix Nobel de Chimie en 1993. Kary Mullis a mis au point les conditions expérimentales qui permettent d'amplifier, en le recopiant *in vitro* grâce à l'action de l'enzyme ADN-polymérase, n'importe quel fragment d'ADN d'une manière parfaitement fidèle. La méthode est désignée par le sigle PCR (pour *Polymerase Chain Reaction*).

Elle permet de produire des copies multiples de segments provenant de prélèvements qui peuvent être très réduits en volume, aussi ténus que 50 à 100 cellules. Par exemple, un seul cheveu peut suffire pour obtenir un résultat fiable.

Contrairement à la méthode de Jeffreys, celle-ci n'est pas basée sur l'analyse de l'ADN total d'un individu. On sélectionne un locus dont on sait qu'il présente une grande variabilité dans le nombre de séquences répétées qui sont ici des "microsatellites" et donc un niveau élevé de polymorphisme entre individus.

On prend, en général, 4 ou 5 locus connus pour un test, y compris un marqueur sur les chromosomes sexuels X et Y qui permet de déterminer le sexe de la personne. Ceux-ci sont ciblées et amplifiées autant que nécessaire. L'ADN ainsi obtenu est ensuite soumis à une électrophorèse consistant à faire passer un courant électrique dans un gel approprié : les allèles sont ainsi révélés par une différence de taille et donc de mobilité.

On comprend que la distinction entre individus est basée sur des critères moins exhaustifs lorsqu'on établit le "profil génétique" par la méthode de PCR que lorsqu'on fait une "empreinte génétique" par la méthode sur le génome entier par la méthode de Jeffreys. La sécurité de l'analyse est moindre. S'il est vrai que les chances que deux profils génétiques se révèlent identiques entre des individus sans liens de parenté sont pratiquement inexistantes, il n'en est pas de même à l'intérieur d'une même famille. Entre frères et sœurs, il peut - dans une proportion de 1 chance sur 1000 - se trouver que deux profils génétiques basés sur l'examen des allèles de cinq loci, se révèlent identiques.

La méthode du "profil génétique" par PCR s'est désormais substituée à celles des "empreintes génétiques" parce qu'elle est plus facile à mettre en œuvre, moins coûteuse et qu'elle a pu être standardisée tout en offrant une sensibilité remarquable. De plus elle est automatisée et la lecture des résultats est plus facile. En dehors du léger caractère d'incertitude dont elle souffre dans les cas particuliers des profils entre germains, elle est d'une fiabilité satisfaisante pour des individus dénués de liens de parenté. Elle présente dans

son application l'inconvénient important d'être susceptible de contamination par de l'ADN humain qui peut s'introduire dans la suspension d'ADN du suspect au cours de l'amplification. Des précautions rigoureuses doivent donc être mises en œuvre pour éviter ces problèmes.

Que peut-on dire aujourd'hui de l'avenir du génotypage comme "preuve" en Cour de Justice ?

Une grande part des débats qui ont lieu au cours des quinze dernières années sur la validité des méthodes de génotypage en matière de preuve juridique provient de ce qu'au début de leur application, les tests étaient réalisés dans des conditions techniques non fiables, variables d'un centre à l'autre et non validées.

Il est certain que le génotypage continuera à être un élément important pour aider la justice à établir culpabilité ou innocence. Considérer que les techniques d'analyse utilisées aujourd'hui sont définitivement établies est illusoire même si le système, basé sur la PCR, offre des résultats globalement satisfaisants. D'autres technologies plus performantes seront certainement introduites. Le problème de l'établissement de banques de données se pose alors d'une manière aiguë. En effet, lorsque des banques d'empreintes génétiques de milliers de personnes auront été établies sur la base d'une technologie donnée, ce qui est déjà le cas aux États-Unis et au Royaume Uni et qui est en cours en France, il sera difficile de s'en écarter sauf à se contraindre de refaire le typage de tous les cas répertoriés.

Or dans l'ère post-génomique que nous avons atteinte à la suite de séquençage du génome humain, des technologies nouvelles qui ont recours à la bioinformatique se développent rapidement. Elles aboutiront vraisemblablement à un typage automatisé de plus en plus performant de l'ADN, susceptible de révéler d'une manière encore plus précise les caractéristiques propres à chaque individu. Il ne fait aucun doute qu'elles trouveront leur application en médecine légale.

Les découvertes biologiques spectaculaires des cent dernières années seront sûrement suivies de nombreuses autres. Il faut souhaiter que l'homme saura en faire le meilleur usage. Celui qui consiste à assister la justice dans la révélation de la vérité en est sans doute l'un des plus nobles.