

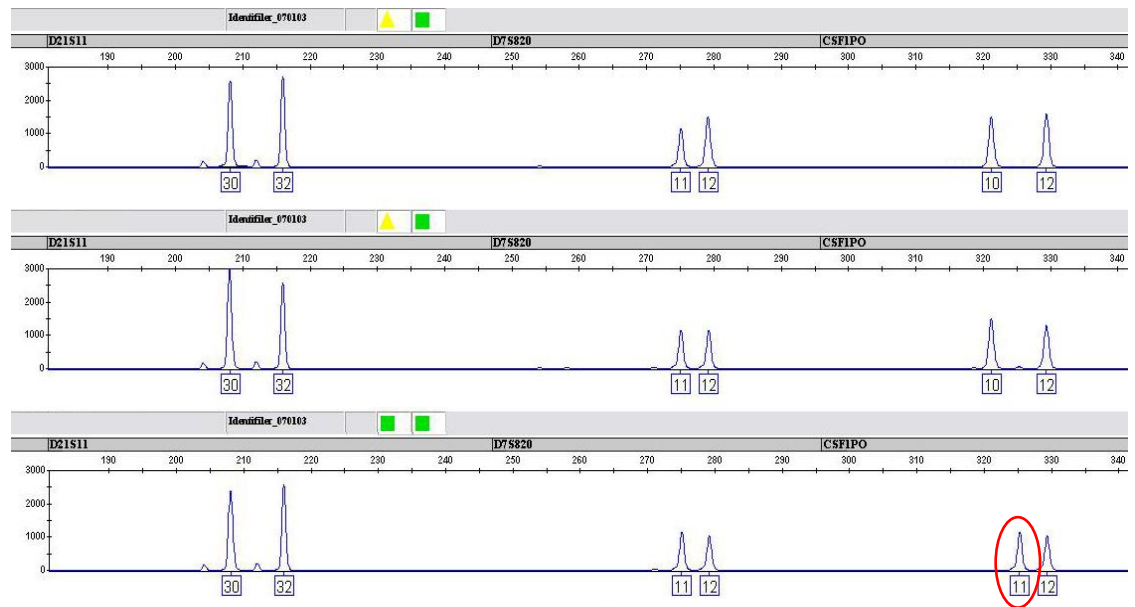
# PRINCIPES DE L'IDENTIFICATION GENETIQUE

**Vocabulaire essentiel** : correspondance fortuite, probabilité d'observation d'un génotype

trace relevée sur les lieux du crime

suspect 1 (allèles tous identiques à la trace analysée)

suspect 2 (le STR CSF1PO présente un allèle différent)



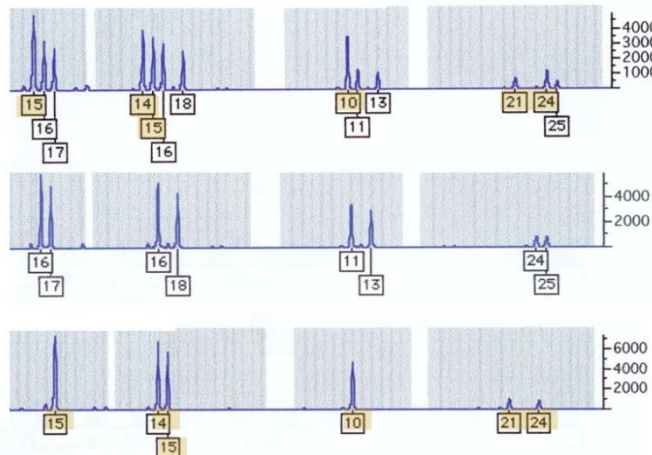
## PRINCIPES GENERAUX

Dans le cas où deux individus sont suspectés d'avoir été présents sur les lieux d'un crime, on peut comparer les profils entre eux (figure ci-dessus). Si on observe une différence entre la trace et un suspect (en rouge), on doit conclure qu'il n'est pas à l'origine de la trace. S'il y a mélange d'ADN (par exemple dans un cas de viol, figure ci-dessous), on cherche à déterminer l'origine des allèles observés. Si tous les allèles qui ne proviennent pas de la victime sont observés chez le suspect, on ne peut pas exclure que ce soit bien son ADN qui a été retrouvé (c'est le cas ci-dessous).

prélèvement vaginal

suspect

victime



## QUEL RISQUE D'ERREUR ?

Il ne suffit pas de conclure qu'un ADN pourrait provenir d'un individu connu. Lorsque deux profils d'origines différentes (une trace et un suspect par exemple) sont identiques, il est nécessaire de calculer le risque de **correspondance fortuite**, c'est-à-dire le risque qu'un autre individu dans la population présente par hasard tous les allèles observés. Pour cela, on doit calculer la probabilité (ou fréquence) du profil génétique dans la population. On calcule donc la **probabilité du génotype** à chaque locus (figure ci-dessous), et la probabilité du profil est le produit des probabilités de tous les loci pour un individu. Les lois de l'hérédité nous permettent de dire qu'à un locus hétérozygote, la probabilité du génotype est la suivante :  $\Pr(G=a/b) = 2p_a p_b$  où  $p_a$  est la fréquence de l'allèle « a » et  $p_b$  la fréquence de l'allèle « b ». A un locus homozygote, on a :  $\Pr(G=a/a) = p_a^2$

## APPLICATION DU RISQUE DE CORRESPONDANCE FORTUITE

Si la fréquence/probabilité d'un profil est de 0,000001 ou une chance sur un million et que ce profil est strictement identique chez un suspect et à partir d'une trace retrouvée sur les lieux du crime, on peut exprimer le résultat de la manière suivante : soit le suspect est à l'origine de la trace, soit une coïncidence rare (1 fois sur 1 million) a eu lieu et un autre individu possède le même profil génétique et est à l'origine de la trace.

