Zeitschrift: Domaine public
Herausgeber: Domaine public
Band: 31 (1994)
Heft: 1777 [i.e. 1177]

Artikel: Probabilité : votre voisin assassin a peut-être le même code génétique que vous

Autor: Escher, Gérard

DOI: https://doi.org/10.5169/seals-1009515

Nutzungsbedingungen
Die ETH-Bibliothek ist die Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften auf E-Periodica. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Zeitschriften und ist nicht verantwortlich für deren Inhalte. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern beziehungsweise den externen Rechteinhabern. Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen sowie auf Social Media-Kanälen oder Webseiten ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. Mehr erfahren

Conditions d'utilisation
L'ETH Library est le fournisseur des revues numérisées. Elle ne détient aucun droit d'auteur sur les revues et n'est pas responsable de leur contenu. En règle générale, les droits sont détenus par les éditeurs ou les détenteurs de droits externes. La reproduction d'images dans des publications imprimées ou en ligne ainsi que sur des canaux de médias sociaux ou des sites web n'est autorisée qu'avec l'accord préalable des détenteurs des droits. En savoir plus

Terms of use
The ETH Library is the provider of the digitised journals. It does not own any copyrights to the journals and is not responsible for their content. The rights usually lie with the publishers or the external rights holders. Publishing images in print and online publications, as well as on social media channels or websites, is only permitted with the prior consent of the rights holders. Find out more

Download PDF: 12.07.2025

ETH-Bibliothek Zürich, E-Periodica, https://www.e-periodica.ch

PROBABILITÉ

Votre voisin assassin a peut-être le même code génétique que vous

On croyait avoir trouvé, avec les empreintes génétiques, le moyen imparable de confondre un délinquant, grâce à l'analyse d'un cheveu, d'un fragment de peau, d'une trace de sang ou de sperme récolté sur la victime... Mais des jugements basés sur cette seule indication ont été cassés: il ne s'agit pas de certitude, comme pour les empreintes digitales, mais d'un calcul de probabilité, auquel la justice est mal préparée.

POUR EN SAVOIR PLUS

«Pour un défense enthousiaste des empreintes génétiques», *Science*, 20 décembre 1991, pp. 1735-1739; *Science*, 7 février 1992, pp. 717-720.

«Pour une critique des bases de données génétiques», *Science*, 20 décembre 1991, pp. 1745-1750 (certaines populations sont endogames, ce qui diminue drastiquement la variabilité des VNTR).

Les critiques probabilistes sont présentées dans *New Scientist*, 6 mars 1993, pp. 14-15; ibidem, 16 avril 1994; *Nature*, 24 mars 1994, pp. 285-286.

Les probabilités bayésiennes sont exposées dans Albert Jacquard, *Les Probabilités*, Que Sais-je ? nº 1571.

(*ge*) Après l'élimination de leur équipe de la *World Cup*, les Américains retourneront à leur feuilleton favori: l'ex grand footballeur O. J. Simmons pourrait-il être innocent du meurtre de sa femme ? On a trouvé, semble-t-il, du tissu suspect sur la victime: cheveux ou lambeaux de peau arrachés à l'agresseur. Autant dire que la comparaison de l'ADN de ce tissu et de celui d'O.J. jouera un rôle déterminant auprès du jury pour établir la culpabilité de l'accusé.

De prime abord, il peut sembler curieux que l'ADN de chacun de nous puisse différer de manière significative de celui de notre voisin; en effet, le rôle premier de notre «patrimoine génétique» n'est-il pas de faire de ce zygote un membre de l'espèce *homo sapiens*, plutôt qu'une laitue ou un lépidoptère ? Le génome devrait donc soit être invariable, soit comporter peu de variations: le projet du séquençage du génome humain est d'ailleurs réalisable sans solliciter un don d'ADN de chacun de nous.

Dans l'ADN on distingue deux sortes de séquences (imbriquées); et l'on trouve notamment des séquences hautement répétées dont une classe, les VNTR *(Variable Number of Tandem Repeat)* est utilisée dans l'établissement des empreintes ADN. Ces VNTR sont des bouts d'ADN composés d'une séquence fixe et courte de nucléotides répétée entre 20 et 100 fois; le nombre de répétitions détermine la longueur du VNTR, et l'analyse consistera à mesurer cette longueur. Ces VNTR existent sur plusieurs chromosomes et on peut, par individu, mesurer la répétition sur plusieurs (typiquement 5) *loci*. Chaque VNTR étudié produit deux bandes et l'analyse consiste à comparer la hauteur des bandes entre celles obtenues de l'accusé, de la victime et du tissu accroché à ses ongles par exemple. Deux problèmes méthodologiques : 1. la technique ne permet pas de distinguer des VNTR très proches, différant seulement d'une ou deux répétitions; il faut donc établir des règles arbitraires d'identité entre bandes; la variabilité tolérée est de 4% pour le FBI (mais toutes les bandes doivent être considérées), de 1,5% pour Scotland Yard (certaines bandes peuvent être ignorées). 2. Si l'on n'a pu prélever qu'un petit cheveu, il faut préalablement amplifier l'ADN, avec des risques de contamination; les laboratoires semblent néanmoins maintenant avoir maîtrisé ce dernier problème.

L'analyse faite, soit les bandes diffèrent entre l'accusé et le tissu suspect — le profil ADN a innocenté environ 20% des accusés soumis à cette analyse; soit les bandes correspondent et l'accusé est considéré comme coupable.

Pas si simple, hélas. Les empreintes ADN ne sont donc pas uniques à un individu comme les empreintes digitales; les cas de similitude sont simplement rares. Dans le cas d'une correspondance, il faut établir la probabilité que telle empreinte ADN puisse venir de quelqu'un d'autre que de l'accusé. Supposons que sur un *locus* VNTR, chaque bande a une fréquence dans la population de 1/30; si l'on analyse 5 *loci* sur des chromosomes différents, la probabilité de tirer un profil précis est de $(1/30)^5$, soit à peu près une chance sur 24 millions. Ces probabilités infimes (le record est à 1/714 milliards) impressionnent jurys et juges qui confondent deux questions: 1. quelle est la probabilité qu'un individu corresponde à l'empreinte, étant donné qu'il est innocent ? 2. quelle est la probabilité qu'un individu soit innocent, étant donné qu'il correspond à l'empreinte ? Le calcul des fréquences esquissé ci-dessus répond à la première question; mais le tribunal est bien sûr intéressé par la seconde. La confusion de la «probabilité d'innocence» avec la «probabilité de correspondance du profil», a provoqué une série d'appels en justice avec libération de l'accusé. Le profil ADN était typiquement la seule preuve directement incriminante. Intuitivement, on peut saisir que la probabilité de culpabilité *avant* le test doit influer celle *postérieure* au test; l'appareillage mathématique précis existe depuis deux siècles (les probabilités bayesiennes), mais il est généralement inconnu des juristes. Avec la croissance exponentielle des bases de données d'empreintes génétiques, l'interprétation statistique correcte (qui est possible) sera déterminante, à moins que les biologistes trouvent entre temps une empreinte génétique unique à chaque individu.

Pour l'heure, vous n'avez donc rien à craindre d'une empreinte ADN — sauf si votre avocat est mauvais mathématicien, ou si votre frère jumeau est un voyou. ■