

# forumpoenale

## Herausgeber ·

Editeurs · Editori

Jürg-Beat Ackermann

Roy Garré

Gunhild Godenzi

Yvan Jeanneret

Konrad Jeker

Bernhard Sträuli

Wolfgang Wohlers

## Schriftleitung ·

Direction de revue ·

Direzione della rivista

Sandra Hadorn

---

RECHTSPRECHUNG | JURISPRUDENCE | GIURISPRUDENZA 2

---



---

AUFSÄTZE | ARTICLES | ARTICOLI 40

---

**Beat Oppliger/Corinne Bouvard:** In dubio pro duriore –  
Anklage à contrecœur 40

**Annamaria Astrologo:** L'art. 102 CP: un'analisi delle recenti vicende  
giurisprudenziali e della realtà applicativa 46

**Philippe Vladimir Boss:** Manipulation de compétitions sportives (*match fixing*):  
aspects pénaux de la nouvelle Loi fédérale sur les jeux d'argent 52

**Joëlle Vuille/Alex Biedermann:** Correspondances partielles d'ADN  
et identifications erronées 58

**Niklaus Ruckstuhl:** Art. 329 Abs. 2 und 333 Abs. 1 StPO: Kombination  
von (verbindlicher) Rückweisung der Anklage und Einladung  
zur (fakultativen) Änderung? 65

**Angela Giger:** Die Unverwertbarkeit der Erklärungen nach Art. 362 Abs. 4 StPO:  
Rückschluss auf das Strafmassermessen der Staatsanwaltschaft  
im abgekürzten Verfahren? – Besprechung von BGE 144 IV 189 73

---

DOKUMENTATION | DOCUMENTATION | DOCUMENTAZIONE 80

---

Authors' post-print:

Vuille J., Biedermann A. (2019), *Correspondances partielles d'ADN et identifications erronées*, *Forumpoenale*, 12 (1), 58–64.



**Authors' post-print:**

Vuille J., Biedermann A. (2019), Correspondances partielles d'ADN et identifications erronées, *Forum poénale*, 12 (1), 58–64.

## Correspondances partielles d'ADN et identifications erronées

Joëlle Vuille\* & Alex Biedermann<sup>+</sup>

**Mots-clé :**

Indice ADN, bases de données, expertise, appréciation des preuves.

**Résumé :**

Une affaire suisse récente nous rappelle qu'une correspondance entre le profil ADN d'une trace trouvée sur les lieux d'une infraction et le profil d'une personne enregistré dans une base de données ne suffit pas à conclure que cette personne est la source de la trace, en particulier dans le cas d'une correspondance dite « partielle ». La présente contribution explicite la problématique et propose une façon de se prémunir contre des conclusions erronées.

### *Table des matières*

- I. *Introduction*
- II. *Qu'entend-on exactement par « correspondance d'ADN » ?*
- III. *Une correspondance fortuite*
- IV. *Et si la correspondance est « partielle » ?*
- V. *Comment a-t-on trouvé le suspect ?*
- VI. *Des correspondances ADN erronées*
- VII. *Etudes statistiques*
- VIII. *Un remède possible: contextualiser la correspondance*
- IX. *Conclusion*

### **I. Introduction**

Au mois de décembre 2017, le Kreisgericht de St-Gall a acquitté une résidente de Genève poursuivie pour plusieurs cambriolages et condamnée par ordonnance pénale quelques mois auparavant à une peine de 180 jours-amendes et à une amende. Le ministère public s'était basé sur une correspondance partielle entre son profil d'ADN et celui d'une trace trouvée sur les lieux de l'un des cambriolages. La femme avait alors fait opposition contre l'ordonnance pénale, et avait produit une quittance de pharmacie suggérant qu'elle se trouvait à Genève le jour où le délit avait été commis, ainsi que le témoignage de deux amies qu'elle avait accompagnées à la gare car l'une d'elles partait en voyage ce jour-là<sup>1</sup>. Si cette affaire a causé la surprise dans les milieux concernés et auprès du grand public, elle n'a pas étonné certains experts en ADN. Dans cette contribution, nous discuterons de la valeur probante des correspondances partielles d'ADN et de ce que l'affaire st-galloise nous enseigne sur l'appréciation de ce type de preuve en procédure pénale. Après avoir rappelé quelques notions de base en lien avec la comparaison d'ADN à des fins forensiques, nous discuterons de la possibilité qu'une personne corresponde à une trace trouvée sur les lieux d'une infraction

---

\* Professeure Assistante, Faculté de droit, Université de Fribourg. Les auteurs remercient le Fonds national suisse pour son soutien financier (bourse BSSGI0\_155809).

<sup>+</sup> Professeur associé, Ecole des sciences criminelles, Université de Lausanne.

<sup>1</sup> « Unschuldige verhaftet, weil sie ähnliche DNA wie Verbrecherin hat », *Der Landbote*, 19.12.2017 ; « St.Galler Staatsanwaltschaft lässt unschuldige Frau verhaften », *St.Galler Tagblatt*, 19.12.2017.

alors qu'elle n'en est pas la source. Nous terminerons avec quelques recommandations afin d'éviter certains types d'erreur dans l'appréciation d'un indice ADN.

## II. Qu'entend-on exactement par « correspondance d'ADN » ?

L'ADN est une molécule en forme de double hélice située dans le noyau des cellules, entortillée dans 23 paires de chromosomes (pour l'être humain) et qui contient le plan de construction et de fonctionnement de l'organisme<sup>2</sup>. Si la très grande partie de l'ADN est semblable chez chacun d'entre nous, certains segments de l'ADN sont très variables d'un individu à l'autre, et peuvent ainsi aider à différencier des personnes ou identifier l'origine d'une trace. Les instruments d'analyse ADN les plus souvent utilisés actuellement en Suisse ciblent 16 segments de la molécule (appelés *locus* au singulier, *loci* au pluriel). Lorsqu'une trace ADN est de bonne qualité, c'est-à-dire qu'elle n'est pas dégradée ou mélangée avec l'ADN d'une (ou de plusieurs) autre(s) source(s), les résultats d'analyse fournissent les caractéristiques génétiques de la personne qui est la source de la trace pour ces 16 loci<sup>3</sup>. Puisque nous héritons la moitié de notre ADN de notre père et la moitié de notre mère, nous avons sur chaque locus deux caractéristiques génétiques, appelées allèles. Au total, il y a donc 32 caractéristiques génétiques dans un profil d'ADN conventionnel. Le profil d'ADN d'une personne ou d'une trace rend compte de ces caractéristiques génétiques et de leur emplacement, comme l'illustre la figure 1

Locus	Personne A	Personne B	Trace
TH01	4, 5	4, 7	4, 5
FGA	17, 18	18, 18	17, 18
D21S11	24, 30	32, 36	24, 30
D2S1338	17, 19	17, 19	17, 19

Figure 1: Exemple d'allèles présents sur 4 loci pour deux personnes A et B différentes, et profil de la trace trouvée sur la scène d'une infraction. Le profil de la trace, pour les 4 loci considérés ici, est le même que celui de la personne A.

Si le profil d'une personne présente des allèles différents de ceux de la trace, cette personne ne peut pas en être la source, et est donc considérée comme exclue comme contributeur (c'est le cas de la personne B dans la figure 1)<sup>4</sup>. A l'inverse, on dit qu'une personne et une trace (ou deux traces, ou deux personnes) ont des profils qui correspondent si les allèles à chaque locus sont les mêmes (c'est le cas de la personne A et de la trace dans la figure 1). Cependant, le génome humain contient des milliards de caractéristiques génétiques et, comme nous l'avons vu, les analyses ADN actuelles ne ciblent que 16 paires parmi elles ; un profil ADN correspondant ne signifie donc pas qu'une personne et une trace (ou deux traces, ou deux

<sup>2</sup> Sur l'ADN en général, voir COQUOZ/COMTE/HALL/HICKS/TARONI, *Preuve par l'ADN, La génétique au service de la justice*, 3ème éd., Lausanne 2013.

<sup>3</sup> Pour la suite de l'exposé, nous partirons du principe que l'analyse de l'ADN et l'interprétation des résultats ont permis de mettre correctement en évidence les allèles présents à chaque locus pour un ADN donné. Pour différentes raisons dont il ne sera pas question ici, des erreurs et/ou artefacts d'analyse peuvent survenir dans ce cadre, et dans un cas concret, il pourra parfois être utile de se demander si les résultats de l'analyse reflètent correctement le profil du matériel biologique analysé. Sur ces questions, voir not. BIEDERMANN/VUILLE, *Bewertung von DNA-Untersuchungsergebnissen aus der Sicht von Gerichten und Sachverständigen: Wie viel von unserer Wahrnehmung können wir "für wahr nehmen"?*, RPS 129 (2011), 278, 280.

<sup>4</sup> Dans notre exemple, on suppose que la trace contient l'ADN d'une seule personne (puisque'il y a deux allèles au maximum à chaque locus). En cas de mélange, le raisonnement est plus complexe et il n'en sera pas question ici. Sur les traces de mélanges, voir BUCKLETON/BRIGHT/TAYLOR, *Forensic DNA evidence interpretation*, Boca Raton, 2ème éd., 2016, 229.

personnes) ont *intégralement* le même ADN<sup>5</sup>. A cet égard, il est fallacieux de parler de correspondance « parfaite » ou « complète », car à moins d'analyser l'ADN dans son intégralité (ce qui est impossible dans une procédure pénale), toute correspondance d'ADN est toujours partielle.

Ensuite, affirmer que deux profils correspondent ne permet pas de conclure qu'elles ont la même source. Cela reviendrait à confondre un constat descriptif (c'est-à-dire une observation) avec une conclusion sur une hypothèse d'intérêt (c'est-à-dire une opinion concernant la cause probable de l'observation en question). Pour passer d'une observation ou, de manière plus générale, du résultat d'un examen comparatif entre une trace et une source potentielle, à une conclusion sur une hypothèse d'intérêt, des informations supplémentaires sont nécessaires. Ainsi, une trace ADN ne possède pas de valeur signalétique absolue ou par défaut : elle ne prend de sens que si elle est considérée dans le contexte d'une affaire donnée, en fonction des positions respectives des parties et des faits allégués<sup>6</sup>.

### III. Une correspondance fortuite

Dans une population donnée, les individus ont des caractéristiques génétiques très variables les uns des autres, comme nous l'avons vu plus haut. La rareté d'un certain allèle pour un locus donné peut être évaluée à l'aide de bases de données recensant les profils ADN de personnes représentatives de la population d'intérêt<sup>7</sup>. En combinant les probabilités d'apparition de tous les allèles constituant un profil selon des méthodes de calculs biostatistiques, on parviendra à un chiffre représentant la probabilité qu'une personne donnée, dans la population d'intérêt, possède le profil ADN en question. Si l'analyse a permis de mettre en évidence les 32 allèles recherchés, il n'est pas rare de se retrouver, au final, avec une probabilité – parfois dite « de correspondance fortuite » – extrêmement faible, par exemple de l'ordre de 1 sur plusieurs milliers de milliards<sup>8</sup>.

En Suisse, les résultats d'une analyse ADN sont souvent exprimés sous forme de rapport de vraisemblance, qui reflète le degré de soutien que la correspondance ADN mise en évidence dans le cas d'espèce apporte à l'hypothèse selon laquelle le suspect est la source de la trace,

---

<sup>5</sup> Seuls les jumeaux univitellins ont un ADN identique, puisqu'ils sont issus de la fécondation d'un seul ovule par un seul spermatozoïde.

<sup>6</sup> Par exemple, si une personne est agressée par un inconnu et raconte que son agresseur portait des chaussures d'une certaine marque et d'un certain modèle, le fait qu'un suspect potentiel possède des chaussures de même marque et de même modèle sera plus ou moins incriminant selon qu'il s'agit d'un modèle de chaussures très commun ou très rare dans la région en question.

<sup>7</sup> A cause de sous-structures dans les populations humaines, les fréquences alléliques sont données séparément pour les différents groupes ethniques ; certains allèles sont en effet plus fréquents dans certains groupes ethniques.

<sup>8</sup> COQUOZ ET AL. (note 2), 131-132. Il est devenu usuel, dans le milieu de la génétique forensique, de rapporter des chiffres astronomiques concernant les probabilités de rencontrer un profil ADN donné, du type 1 sur 1 trillion (soit 1 sur  $10^{18}$ ) ou 1 sur 1 quintillion (soit 1 sur  $10^{30}$ ). De tels ordres de grandeur n'ont aucun sens, car leur validité ne peut pas être empiriquement démontrée. Les probabilités alléliques sont tirées de bases de données contenant seulement quelques centaines d'individus par groupe ethnique. Savoir si les calculs effectués reflètent la réalité de manière appropriée nécessiterait, à l'extrême, de compter les caractéristiques génétiques des habitants de plusieurs planètes Terre. Certains régulateurs forensiques interdisent d'ailleurs de rapporter les chiffres inférieurs à certains seuils; le régulateur britannique, par exemple, a mis la limite à 1 sur 1 milliard. Voir FORENSIC SCIENCE REGULATOR, Codes of Practice and Conduct, Guidance : Allele frequency databases and reporting guidance for the DNA (Short Tandem Repeat) profiling, FSR-G-213, Issue 1, 2014. Par ailleurs, ces chiffres ne tiennent pas compte des possibilités d'erreur, par exemple la possibilité que deux échantillons aient été échangés (sur ce point, voir aussi la note 20).

versus l'hypothèse selon laquelle quelqu'un d'autre que le suspect, dans la population d'intérêt, est la source de la trace<sup>9</sup>. Par exemple, un rapport de vraisemblance d'un million signifie que la concordance mise en évidence entre la suspect et la trace trouvée sur la scène de crime est un million de fois plus probable si le suspect est la source de la trace que si quelqu'un d'autre que le suspect, dans la population d'intérêt, en est la source.

#### **IV. Et si la correspondance est « partielle » ?**

On l'aura compris, une correspondance ne peut être parfaite ou complète dans l'absolu, mais seulement par rapport à un critère défini par convention, c'est-à-dire un profil ADN constitué d'un certain nombre de loci. Toutefois, il peut parfois arriver qu'une trace trouvée sur une scène de crime ne présente pas (plus) toutes les caractéristiques génétiques que l'on souhaiterait analyser, parce que l'ADN a été exposé à des facteurs environnementaux et s'est dégradé, par exemple. Il y a quelques années, il avait été estimé que 8-10% des traces analysées en Suisse étaient des traces partielles issues d'un seul ADN (plutôt qu'un mélange)<sup>10</sup>. Dans ce cas, on ne connaîtra pas les allèles présents à certains loci<sup>11</sup>. En conséquence, il y aura moins d'informations alléliques à combiner et on parviendra à un risque de correspondance fortuite beaucoup plus grand. L'indice ADN sera donc moins incriminant pour le suspect.

Une trace dégradée ne peut toutefois pas toujours être comparée aux profils contenus dans la base de données ADN ; seules les traces d'une certaine qualité peuvent l'être<sup>12</sup>. En effet, seules les traces dans lesquelles un certain nombre d'allèles (ou de loci) ont pu être déterminés peuvent être insérées dans la base de données<sup>13</sup>. Ce seuil existe précisément pour limiter le risque qu'une trace produise une correspondance avec le profil d'une personne qui n'en est pas la source<sup>14</sup>. En Suisse, une trace ne peut être comparée à la base de données

---

<sup>9</sup> Le rapport de vraisemblance se calcule en divisant la probabilité d'observer la correspondance si le suspect est la source de la trace par la probabilité d'observer la correspondance si quelqu'un d'autre que le suspect est la source de la trace. Dans ce cadre, le dénominateur peut être interprété comme étant la probabilité de rencontrer le profil ADN d'intérêt auprès d'une personne autre que le suspect. Sur ces notions, voir CHAMPOD/TARONI, Les préjugés de l'accusation ou de la défense dans l'évaluation de la preuve technique, RPS 111 (1993), 223, 227 ; CHAMPOD/TARONI, Probabilités au procès pénal - risques et solutions, RPS 112 (1994), 194, 210.

<sup>10</sup> HICKS ET AL., Use of DNA profiles for investigation using a simulated national DNA database: Part I. Partial SGM Plus® profiles, *Forensic Science International: Genetics*, 2010, 4, 232-238.

<sup>11</sup> Ce cas ne doit pas être confondu avec le cas dans lequel l'analyse a permis de mettre en évidence les 32 allèles de la trace, mais certains allèles ne correspondent pas au suspect. Dans ce cas, le suspect doit être exclu comme source potentielle de la trace. Selon le nombre d'allèles correspondant, l'information peut tout de même être utilisée afin de procéder à une recherche familiale. Sur ce sujet, voir VUILLE/HICKS/KUHN, Les recherches familiales basées sur les profils d'ADN (ou recherches en parentèle) en droit suisse, RPS 131 (2013), 1-37. Bien que non prévue par la loi, la recherche d'ADN familiale a été autorisée par le Tribunal pénal fédéral dans une affaire genevoise il y a quelques années (TPF, arrêt du 6 octobre 2015, BB 2015.17). Pour une critique (à notre sens justifiée) de cet arrêt, voir HANSJAKOB, Nr 23, Tribunal pénal fédéral, Cour des plaintes, Décision du 6 octobre 2015 dans la cause Ministère public du canton de Genève contre Office fédéral de la police, fedpol, BB.2015.17, FP 2016, 154.

<sup>12</sup> Cette question ne se pose que pour les traces puisque les profils de suspects ne posent en général pas de problèmes de qualité.

<sup>13</sup> Ce seuil varie dans le temps et d'un pays à l'autre, et, en sus du nombre d'allèles ou de loci nécessaires, des conditions supplémentaires peuvent encore être posées, comme la capacité à analyser, dans une certaine trace, certains loci très discriminants.

<sup>14</sup> Ce seuil a été décidé alors même qu'aucune donnée empirique ne soutient cette idée. Voir HICKS ET AL., Use of DNA profiles for investigation using a simulated national DNA database: Part I. Partial SGM Plus® profiles, *Forensic Science International: Genetics*, 2010, 4, 232-238.

nationale que s'il a été possible de déterminer les allèles présents sur six loci au minimum<sup>15</sup>. Même sans avoir connaissance du dossier, nous pouvons donc supposer que, dans l'affaire st-galloise, au moins 6 loci en commun avaient été mis en évidence entre le profil ADN de la trace trouvée sur les lieux du cambriolage et le profil de référence contenu dans la base de données.

Mais quelle est la probabilité qu'une personne donnée corresponde sur 6 loci au moins à trace trouvée sur les lieux ? La réponse à cette question dépend des allèles précis mis en évidence dans la trace en question. On ne peut donc pas répondre avec précision à cette question sans avoir connaissance des résultats de l'analyse dans ce cas précis. De façon générale, on peut toutefois donner un ordre de grandeur : l'observation d'une configuration génétique donnée, sur 6 loci, est un événement auquel on peut s'attendre avec une probabilité d'au moins 1 sur 1 million environ. Cela signifie qu'une personne prise au hasard dans la population d'intérêt présentera les allèles observés dans la trace sur les 6 loci considérés avec une probabilité de 1 sur 1 million, voire avec une probabilité plus petite encore. Un tel chiffre signifie que la trace est informative si la question est de savoir si le suspect ou si quelqu'un d'autre dans la population d'intérêt est la source de la trace<sup>16</sup>. Mais comme il y a en Suisse environ 8 millions d'habitants<sup>17</sup>, la suspecte de l'affaire st-galloise ne serait que l'une parmi environ 8 personnes dont le profil pourrait également correspondre avec celui de la trace sur les 6 loci considérés. Alors est-elle un suspect plus ou moins prometteur que les 7 autres candidats hypothétiques ? A ce stade, il convient de se demander comment la suspecte est apparue dans le collimateur des enquêteurs, car cela aura un impact important sur l'appréciation globale que l'on fera de cette correspondance ADN<sup>18</sup>.

## V. Comment a-t-on trouvé le suspect ?

Lorsqu'une trace d'ADN est mise en évidence sur une scène de crime, elle peut être comparée aux individus contenus dans une base de données ADN, ou à un suspect identifié par les enquêteurs au cours d'une enquête traditionnelle. Ces deux constellations doivent être distinguées pour la suite du raisonnement car elles posent des défis très différents en matière d'interprétation de la correspondance ADN. On pourrait croire, intuitivement, qu'un suspect identifié grâce à une base de données est un « bon client » pour les enquêteurs, puisque son inscription dans la base de données démontre qu'il a des antécédents judiciaires. Cette évaluation a priori de la culpabilité du suspect dans l'affaire n'aura toutefois pas la même valeur selon la politique d'enregistrement de l'ADN en vigueur dans l'Etat en question. Ainsi, si la loi autorise les autorités à récolter l'ADN des personnes arrêtées par la police, et qu'elle n'oblige pas la police à effacer le profil en question si la personne n'est finalement pas poursuivie, la composition de la base de données reflétera plus les pratiques policières (y compris certains préjugés sociaux) que la véritable criminalité<sup>19</sup>. Savoir qu'une personne a été sélectionnée sur la base de son ADN, et par le biais d'une base de données, a donc une valeur

---

<sup>15</sup> COQUOZ ET AL. (note 2), 434.

<sup>16</sup> A l'inverse, la trace sera considérée comme étant peu/pas informative si la question est de savoir si la suspecte a commis le cambriolage ou si elle s'est rendue sur les lieux à l'occasion d'une fête d'anniversaire, par exemple, puisque, dans les deux cas, la suspecte aura pu laisser son ADN sur place.

<sup>17</sup> Le fait de limiter la réflexion à la Suisse est un choix ; nous savons que la criminalité est de plus en plus souvent transfrontalière, et que le groupe de personnes possiblement impliquées dépasse les frontières helvétiques. Le chiffre de 8 évoqué ici est donc un minimum.

<sup>18</sup> Même si la valeur probante de la correspondance elle-même reste la même dans les deux cas (en général).

<sup>19</sup> A l'extrême, une base de données ADN universelle n'aurait aucune valeur informative quant à la propension à la criminalité des personnes qui y sont fichées.

limitée en soi. En fait, on pourrait argumenter que le fait de devenir suspect dans une affaire criminelle par le biais d'une recherche dans une base de données est plutôt à mettre au crédit de la personne. En effet, dans ce cas, il n'y a, a priori, aucun autre indice contre elle à part cette correspondance.

La situation est différente si on compare la trace à un suspect qui est déjà dans le collimateur des enquêteurs pour d'autres raisons, par exemple parce qu'il est le voisin de la victime, son ex-amant ou son associé en affaires. Si une correspondance ADN est mise en évidence entre une trace trouvée sur les lieux et une personne qui a une proximité géographique, relationnelle ou autre avec la victime, la valeur probante de la correspondance ne change pas, mais l'appréciation globale que l'on fait de la probabilité que la personne soit la source de la trace au vu du fait que son ADN correspond est tout autre. On parle de probabilités a priori pour désigner les éléments du cas d'espèce qui ne concernent pas la correspondance ADN et qui aident le magistrat instructeur à former son appréciation de la probabilité que le suspect soit la source de la trace *avant* d'avoir connaissance des résultats d'analyse. Plus les probabilités a priori sont élevées dans un cas donné, moins la valeur probante de la correspondance ADN sera déterminante, relativement parlant. En revanche, lorsque les probabilités a priori sont très basses (comme lorsque la personne a été identifiée au moyen d'une base de données et que rien d'autre ne semble la lier au cas), il faut mettre un soin particulier à comprendre les tenants et les aboutissants de la correspondance et du risque de correspondance fortuite.

## **VI. Exemples de conclusions erronées à partir de correspondances ADN**

Plusieurs cas avérés de conclusions erronées faites à partir de correspondances ADN sont documentés dans la littérature scientifique et juridique<sup>20</sup>. En 1999, le britannique Raymond Easton, âgé de 49 ans et cloué à sa chaise roulante par la maladie de Parkinson, a été placé en détention provisoire pour avoir soi-disant commis un cambriolage à environ 300 kilomètres de son lieu de résidence. Son profil ADN se trouvait dans la base de données ADN britannique à cause d'une dispute familiale survenue quelques années auparavant<sup>21</sup>. Il correspondait au profil de la trace trouvée sur les lieux de l'infraction sur 6 loci, et une probabilité de rencontrer ce profil auprès d'une personne donnée, dans la population d'intérêt, avait été évaluée à 1 sur 37 millions<sup>22</sup>. Easton fut libéré après que des analyses supplémentaires permirent de mettre en évidence que, sur 4 loci, ses allèles ne correspondaient pas à la trace trouvée sur les lieux du cambriolage. Quant à David Butler, chauffeur de taxi retraité, il fut mis en cause pour un meurtre commis en 2005<sup>23</sup> ; son profil ADN était dans la base de données britannique depuis 1998 parce que sa mère avait été cambriolée et qu'il avait donné son ADN volontairement afin de permettre le tri des traces sur la scène et ainsi isoler l'ADN du cambrioleur. Il passa huit mois en prison ; la police s'était intéressée à lui sur la base d'une correspondance partielle entre son profil et de l'ADN trouvé

---

<sup>20</sup> Nous n'envisageons ici que les correspondances fortuites, soit due au hasard, et non les cas dans lesquels des erreurs sont à l'origine de la confusion (échanges d'échantillon, étiquetage erroné de prélèvement, contamination, etc.).

<sup>21</sup> FOWLER, DNA, The second revolution, The Guardian, 27.4.2003; voir ég. THOMPSON, Forensic DNA Evidence, The myth of infallibility, in : KRIMSKY/GRUBER (éds.), Genetic Explanations: Sense and Nonsense, Harvard 2012, 227, 245.

<sup>22</sup> Guilty by a handshake ? Crime-scene DNA tests may not be as accurate as we are led to believe, The Herald, 2.5.2006.

<sup>23</sup> BARNES, DNA test jailed innocent man for murder, BBC News, 31.8.2012 ; DAVIS, DNA in the dock : how flawed techniques send innocent people to prison, The Guardian, 2.10.2017.

sous les ongles de la victime<sup>24</sup>. Dans l'affaire de l'attentat de Omagh (Irlande du Nord), un garçon de 14 ans habitant à Nottingham fut identifié comme suspect ; même si on ne sait pas exactement à quoi cette correspondance est due, certains spécialistes l'attribuent au hasard<sup>25</sup>. Enfin, dans l'affaire Jayden Leskie, un petit garçon avait été enlevé et assassiné en Australie en 1997 à l'âge d'une année. Au cours de l'enquête, il apparut qu'une correspondance ADN avait été trouvée entre une trace mise en évidence sur un sac trouvé à côté du corps de l'enfant et l'ADN d'une femme victime d'un viol à la même période et dont le profil avait été enregistré dans une base de données locale. Comme un lien entre cette victime de viol et Jayden Leskie fut exclu, de même qu'une possible contamination entre les deux cas, les enquêteurs conclurent à une correspondance fortuite entre les deux profils<sup>26</sup>.

## VII. Etudes statistiques

La révélation de ces cas anecdotiques de correspondances d'ADN erronées a poussé certains scientifiques à investiguer systématiquement la probabilité qu'une personne présente par hasard un certain nombre de caractéristiques génétiques en commun avec une autre personne. Dans une base de données d'un laboratoire forensique américain (Arizona state crime laboratory) contenant les profils de 65'493 personnes<sup>27</sup>, on a constaté les correspondances suivantes<sup>28</sup> :

- deux personnes (non apparentées et d'ethnies différentes) partageant 22 allèles sur 26<sup>29</sup>;
- 20 paires de personnes ayant les mêmes allèles sur 10 loci, soit 20 allèles ;
- 122 paires de personnes ayant les mêmes allèles sur 9 loci, soit 18 allèles;
- 1 paire de frères ayant les mêmes allèles sur 11 loci (soit 22 allèles) et 1 paire de frères ayant les mêmes allèles sur 12 loci (soit 24 allèles en commun)<sup>30</sup>.

Dans le premier cas évoqué (22 allèles communs sur 26), une probabilité de coïncidence fortuite avait été calculée. Il en ressortait qu'il y avait une probabilité de 1 sur 754 millions qu'une personne prise au hasard dans une population caucasienne présente les mêmes caractéristiques que la première personne; et de 1 sur 561 milliards parmi les afro-américains.

En fait, il n'est pas étonnant de trouver dans une base de données contenant environ 65'000 profils des personnes correspondant sur un certains nombres de loci. Cela est dû au fait que, lors de ce type d'exercice, tous les profils contenus dans la base de données sont comparés avec tous les autres profils contenus dans la même base de données. Ce qui revient à faire un

---

<sup>24</sup> Le cas étant rendu encore plus complexe par le fait que l'ADN retrouvé sous les ongles de la victime était en réalité un mélange de plusieurs personnes. Or, une trace d'ADN de mélanges peut être plus compliquée à interpréter qu'une trace n'ayant qu'une seule source.

<sup>25</sup> THOMPSON, *The Potential for Error in Forensic DNA Testing (and How That Complicates the Use of DNA Databases for Criminal Identification)*, Council for Responsible Genetics, 2008, p. 33.

<sup>26</sup> STATE CORONER OF VICTORIA, *Inquest into the death of Jaidyn Raymond Leskie*, Coroner's case number 007/98, Melbourne 2006, 65.

<sup>27</sup> Il arrive qu'on procède à des comparaisons systématiques de tous les profils dans une base de données afin, par exemple, de repérer les personnes qui donnent de l'ADN sous un faux nom. A titre d'information, à la fin de l'année 2016, la base de données suisse contenait environ 185'000 profils de personnes et 71'000 profils de traces (voir [https://www.fedpol.admin.ch/fedpol/fr/home/sicherheit/personenidentifikation/dna-profile/die\\_datenbank\\_codis.html](https://www.fedpol.admin.ch/fedpol/fr/home/sicherheit/personenidentifikation/dna-profile/die_datenbank_codis.html), dernière visite le 13.2.2018).

<sup>28</sup> MURPHY, *Inside the cell, The dark side of forensic DNA*, New York 2015, 106-108.

<sup>29</sup> 2 allèles en commun sur 9 loci, et 1 allèle commun sur 4 loci.

<sup>30</sup> MURPHY (note 28), 106-108.

très grand nombre de comparaisons (environ 2 milliards<sup>31</sup>). D'un point de vue statistique, le fait que de telles coïncidences se produisent est normal et ne remet pas en cause la validité des résultats d'analyse. COQUOZ ET AL. illustrent le phénomène de la façon suivante<sup>32</sup>: admettons que, au niveau européen, les bases de données ADN exploitées par les différents pays contiennent 5% de la population, soit 20 millions de personnes environ. Si le nombre de délits commis sur tout le territoire européen atteint 20 millions de cas en une année, et que 2.5% de ces cas font l'objet d'une recherche de correspondance dans la base de données ADN, les bases de données ADN seront consultées 500'000 fois par année. Même si la probabilité d'occurrence d'un profil ADN est de l'ordre de 1 sur 1 milliard, le nombre moyen de correspondances fortuites dans un fichier de 20 millions de personnes atteindra 1 sur 50<sup>33</sup>. En une année, et sur 500'000 consultations du fichier, cela représente potentiellement 10'000 correspondances entre des personnes et une trace dont elles ne sont pas la source (correspondance fortuite). Le problème n'est donc pas dans le phénomène statistique, qui est connu et compris, mais dans l'usage que les enquêteurs font des correspondances ADN sachant que des correspondances fortuites se produiront à intervalle régulier.

### VIII. Un remède possible: contextualiser la correspondance

Attribuer une trace à un suspect par le seul biais d'une base de données est risqué car une personne peut être mise en relation avec une trace, et donc avec un cas, en l'absence de tout contexte. Or, comme nous l'avons vu, une correspondance observée entre une trace et un suspect, surtout en matière de profils ADN partiels, peut s'avérer fortuite<sup>34</sup>. Dans un tel cas, considérer la personne d'intérêt comme étant la source de la trace est une erreur. Afin de se prémunir contre cette dernière, il est important de remettre l'indice ADN dans son contexte et de le considérer en combinaison avec les autres éléments du cas d'espèce<sup>35</sup>. A l'inverse, si la correspondance ADN entre une trace et un suspect est un élément parmi d'autres dans le cas en question, et que tous les indices soutiennent l'hypothèse selon laquelle le suspect est la source de la trace, la possibilité d'une erreur devra être considérée, mais sera moins critique pour l'appréciation du cas dans son ensemble.

Dans le cas st-gallois évoqué précédemment, la correspondance semble n'avoir été contextualisée qu'imparfaitement. L'ADN avait pointé vers une femme âgée de 55 ans et habitant la région genevoise, et un nombre limité d'actes d'enquête avaient apparemment été entrepris afin d'infirmer ou de confirmer l'implication de cette suspecte a priori improbable. Après que l'ordonnance pénale avait été rendue, il s'est avéré que la condamnée avait un alibi solide. Le seul élément allant dans le sens de l'accusation était finalement que la condamnée se trouvait déjà dans la base de données ADN, ce qui suggère un antécédent que tout citoyen lambda n'a pas. Il paraît toutefois imprudent de ne pas chercher à confirmer ou infirmer une

---

<sup>31</sup> Si  $N = 65'493$ , alors  $[N(N - 1)]/2 = 2'144'633'778$ . Voir CURRAN, Are DNA profiles as rare as we think ? Or can we trust DNA statistics, *Significance* 2010, 62, 64.

<sup>32</sup> COQUOZ ET AL. (note 2), 430.

<sup>33</sup> Car  $[20 * 10^6] / 10^9 = 0.02 = 1/50$ .

<sup>34</sup> Cette problématique est encore plus importante lorsqu'il est question de traces ADN contenant les mélanges de plusieurs contributeurs (complication que nous n'avons pas abordée dans cet article). De telles traces peuvent présenter des allèles multiples à certains loci, ce qui rend difficile la détermination des profils des différents contributeurs et donc la comparaison avec des éventuelles personnes d'intérêt.

<sup>35</sup> En effet, selon l'un des principes fondamentaux de l'interprétation forensique, l'évaluation d'un indice n'est pas seulement conditionnée par les hypothèses d'intérêt, mais également par les circonstances plus générales du cas d'espèce. Voir sur ce point EVETT/WEIR, *Interpreting DNA Evidence: Statistical Genetics for Forensic Scientists*, Sunderland, 1998, 241.

correspondance ADN simplement parce que la personne en question a des antécédents judiciaires.

La nécessité de contextualiser une correspondance ADN existe en tout temps, que la correspondance ADN soit « complète » ou « partielle » ; en effet, même en cas de correspondance « complète », une erreur est possible<sup>36</sup>. Par ailleurs, à l'heure où les instruments de d'analyse deviennent toujours plus sensibles et sont capables de détecter des quantités infimes de matériel génétique prélevé sur la scène d'une infraction, évaluer les traces en relation avec des hypothèses de source n'est plus suffisant ; une évaluation des résultats à la lumière des activités alléguées est essentielle<sup>37</sup>, et elle doit être accomplie par les scientifiques, non par le tribunal<sup>38</sup>. Sans connaissances spécialisées, il est en effet impossible d'apprécier la probabilité d'observer quelques cellules de peau ou quelques gouttelettes de salive sur les lieux d'une infraction, à l'endroit où le prélèvement a été effectué, en fonction des différentes versions des faits avancées par les parties. Au vu des développements scientifiques actuels, considérer que la seule présence de l'ADN correspondant à celle d'une personne donnée en un certain lieu est indicative de l'implication de celle-ci dans la commission d'une infraction n'est pas satisfaisant, et pourrait constituer une appréciation arbitraire des faits.

## IX. Conclusion

On lit souvent dans la littérature juridique et scientifique que les analyses ADN produisent des résultats univoques, et qu'il n'est pas nécessaire de les interpréter. Des phrases telles que « l'ADN *du suspect* a été trouvé sur la scène de crime » sont également courantes dans les médias, l'attribution d'un ADN à une personne précise étant faite sans réserve. Nuancer de telles affirmations est souvent perçu comme une précaution purement théorique. Pourtant, attribuer une trace d'ADN à une personne simplement parce que ses allèles correspondent sur un certain nombre de loci est logiquement faux, et peut mener à des erreurs dans des cas réels, comme l'affaire st-galloise précédemment évoquée le montre. Il peut effectivement arriver qu'une personne semblant correspondre à une trace ADN trouvée sur le lieu d'une infraction n'en soit pas la source, et de telles correspondances fortuites deviendront de plus en plus probables à mesure que les bases de données s'étendent et que le nombre de comparaisons effectuées augmente. Les arguments statistiques que nous avons présentés dans cette contribution ne remettent pas en cause la plus-value que l'analyse ADN peut apporter à une enquête pénale ; mais ils permettent de souligner que qu'une condamnation ne devrait en principe pas reposer uniquement sur une concordance génétique.

---

<sup>36</sup> BIEDERMANN/VUILLE/TARONI, Apprécier le risque d'erreur lors d'une analyse ADN : de la nécessité d'être concret, PJA 8 (2013), 1217.

<sup>37</sup> Il s'agit de se demander quelles activités ont mené au dépôt de la trace : transfert direct lors de la commission de l'infraction, transfert direct lors d'une activité innocente, transfert indirect par le biais d'un tiers ou d'un objet, contamination, etc.

<sup>38</sup> Une évaluation des résultats au niveau des activités nécessite la prise en compte de phénomènes tels que le transfert et la persistance du matériel génétique. Seules des personnes spécialisées possèdent les connaissances nécessaires pour procéder à une telle évaluation. Sur la nécessité d'évaluer les traces au niveau des activités, voir EUROPEAN NETWORK OF FORENSIC SCIENCE INSTITUTES, Guideline for evaluative reporting in forensic science, 2015, 11 (téléchargeable sur <http://enfsi.eu/news/enfsi-guideline-evaluative-reporting-forensic-science/>; dernière consultation le 13.2.2018). Voir ég. TARONI/BIEDERMANN/VUILLE/MORLING, Whose DNA is this ? How relevant a question ? (A note for forensic scientists), Forensic Science International, Genetics, 2013, 7, 467-470 ; BIEDERMANN/CHAMPOD/JACKSON/GILL/TAYLOR/BUTLER/MORLING/HICKS/VUILLE/TARONI, Evaluation of forensic DNA traces when propositions of interest relate to activities: analysis and discussion of recurrent concerns, Frontiers in Genetics, 2016, 7, article 215.

Une manière efficace de se prémunir contre une appréciation erronée de l'indice ADN est de considérer la correspondance ADN à la lumière des circonstances du cas d'espèce, et de former une conclusion sur la base de tous les indices et éléments d'information pertinents présents au dossier. Cela est vrai dans tous les cas, mais c'est d'autant plus important si le dossier d'instruction ne contient rien d'autre que l'ADN, ou contient des éléments qui soutiennent l'hypothèse selon laquelle le suspect pourrait être innocent. Dans de telles constellations, le magistrat doit absolument investiguer la possibilité d'une correspondance fortuite entre le suspect et la trace, et la possibilité qu'une erreur ait été commise dans l'exploitation de l'ADN.

Enfin, s'il n'est pas possible de faire des investigations complémentaires, le magistrat instructeur (respectivement, le tribunal) devra tout de même prendre une décision et accepter le risque de commettre une erreur : faussement considérer une personne comme étant la source d'un ADN qui lui est en réalité étranger, ou, au contraire, faussement écarter une personne qui est bien la source de cet ADN. Cette décision sera prise sur la base des probabilités en jeu, et en fonction de la gravité relative des deux types d'erreurs possibles. Dans tous les cas, c'est bien au magistrat qu'il revient de porter la responsabilité de cette décision et de ses conséquences, et non à l'expert.