



UNIL | Université de Lausanne

Unicentre

CH-1015 Lausanne

<http://serval.unil.ch>

Year : 2016

Interprétation des profils génétiques obtenus à partir des traces d'ADNN de contact

Pun Ka-Man

Pun Ka-Man, 2016, Interprétation des profils génétiques obtenus à partir des traces d'ADNN de contact

Originally published at : Thesis, University of Lausanne

Posted at the University of Lausanne Open Archive <http://serval.unil.ch>

Document URN : urn:nbn:ch:serval-BIB_DA835C64B1177

Droits d'auteur

L'Université de Lausanne attire expressément l'attention des utilisateurs sur le fait que tous les documents publiés dans l'Archive SERVAL sont protégés par le droit d'auteur, conformément à la loi fédérale sur le droit d'auteur et les droits voisins (LDA). A ce titre, il est indispensable d'obtenir le consentement préalable de l'auteur et/ou de l'éditeur avant toute utilisation d'une oeuvre ou d'une partie d'une oeuvre ne relevant pas d'une utilisation à des fins personnelles au sens de la LDA (art. 19, al. 1 lettre a). A défaut, tout contrevenant s'expose aux sanctions prévues par cette loi. Nous déclinons toute responsabilité en la matière.

Copyright

The University of Lausanne expressly draws the attention of users to the fact that all documents published in the SERVAL Archive are protected by copyright in accordance with federal law on copyright and similar rights (LDA). Accordingly it is indispensable to obtain prior consent from the author and/or publisher before any use of a work or part of a work for purposes other than personal use within the meaning of LDA (art. 19, para. 1 letter a). Failure to do so will expose offenders to the sanctions laid down by this law. We accept no liability in this respect.

Interprétation des profils génétiques obtenus à partir des traces d'ADN de contact

Thèse de doctorat

présentée à l'Ecole des sciences criminelles

Faculté de droit, des sciences criminelles et d'administration publique de l'Université de Lausanne

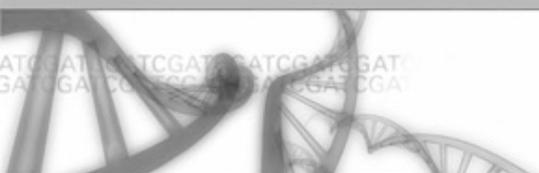
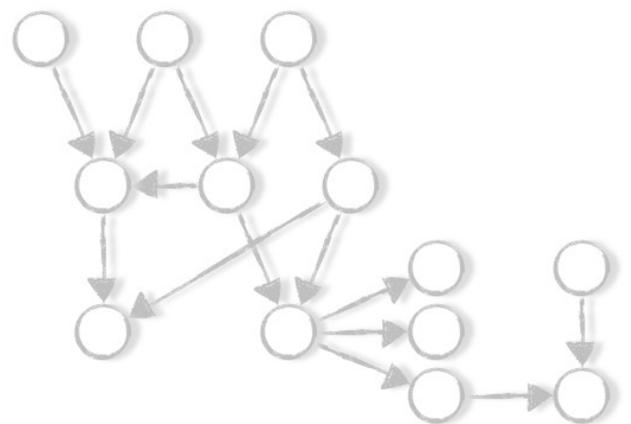
en 2016

par

Ka-Man Pun

licenciée en sciences forensiques de l'Université de Lausanne

ISBN 2-940098-82-4



Unil

UNIL | Université de Lausanne
Ecole des sciences criminelles
bâtiment Batochime
CH-1015 Lausanne

IMPRIMATUR

A l'issue de la soutenance de thèse, le Jury autorise l'impression de la thèse de
Mme Ka-Man Pun, candidate au doctorat en science forensique, intitulée

« Interprétation des profils génétiques obtenus à partir des traces de contact »

Le Président du Jury

A handwritten signature in black ink, consisting of a long horizontal line with a loop and a small flourish at the end.

Professeur Pierre Esseiva

Lausanne, le 10 juin 2016

*À qui j'ai aimé, j'aime et j'aimerai
de façon inconditionnée.*

Cette recherche doctorale a été réalisée à l'Institut de Police Scientifique de l'Ecole des Sciences Criminelles auprès de l'Université de Lausanne, sous la direction du Monsieur le Professeur Christophe Champod.

Le jury de thèse était composé du:

- Monsieur le Professeur Pierre Esseiva, vice-directeur à l'Institut de Police Scientifique de l'Ecole des Sciences Criminelles de Lausanne - président du jury;
- Monsieur le Professeur Franco Taroni, professeur à l'Institut de Police Scientifique de l'Ecole des Sciences Criminelles de Lausanne - expert;
- Monsieur le Professeur Raphaël Coquoz, généticien forensique et ancien professeur associé à l'Institut de Police Scientifique de l'Ecole des Sciences Criminelles de Lausanne - expert;
- Monsieur le Docteur Vincent Castella, MER, généticien forensique et responsable auprès l'Unité de Génétique Forensique du Centre Universitaire Romand de Médecine Légale - expert.

Je tiens à exprimer ici mon immense gratitude et mes vives remerciements à différentes personnes et institutions. Leurs connaissances, leur soutien ainsi que leur amitié ont été des facteurs *sine qua non* qui ont contribué de loin et de près à la réalisation de ce travail de thèse.

Je remercie tout particulièrement:

Mon directeur de thèse Christophe Champod qui m'a soutenu pendant toutes ces années en animant passionnément nos discussions. Il m'a fait redécouvrir les réseaux bayesiens après les premiers amuse-bouches lors des cours d'interprétation goûtés pendant la période scolaire à l'institut et il a su me transmettre tout son enthousiasme pour la recherche. C'est vraiment grâce à lui si j'ai eu la force et la détermination pour terminer ma thèse de doctorat à côté de mon travail à temps plein en Tessin.

Le professeur honoraire Pierre Margot pour toute la confiance qu'il m'a accordé en m'offrant la possibilité d'effectuer ce travail de thèse et de devenir assistante à l'institut. Le connaître a été une de mes plus grandes chances de la vie.

L'expert Franco Taroni qui m'a toujours encouragée à travers sa gentillesse et ses attentions.

L'expert Raphaël Coquoz, duquel je n'arrêterai jamais d'apprendre.

L'expert Vincent Castella et son équipe qui m'ont accueilli durant l'été du 2006 dans leurs laboratoires de génétique forensique et m'ont permis d'apprendre les techniques de l'ana-

lyse et les connaissances nécessaires pour l'installation des laboratoires génétiques à l'IPS.

Les collègues du jeune groupe d'ADN de l'IPS: in primis, Cathy qui a donné vie aux laboratoires de génétique forensique à l'IPS avec moi, puis Jenny, Marie-Pierre, Sarah et Lara avec lesquelles j'ai la chance de travailler.

Tous les autres collègues et amis de l'IPS qui ont dû tolérer mes sauts de humeur pendant la thèse, en particulier Alex et Tacha pour tous les conseils d'interprétation et Anne qui a toujours adouci tout le monde avec son sourire et sa immense gentillesse.

Les anciens étudiants de l'IPS Jenny, Séverine, Marie-Pierre, Alban, Gaëlle, Magalie, Caterina, Yann, Lara et Isa, qui ont su produire des excellents travaux de recherche dans le domaine en ADN. Chacune de ces études a été pour moi source d'inspiration du point de vue scientifique et établissement d'amitié et de respect du côté humain.

Les collègues et amis de la Scientifica et de la Police Cantonale du Canton Tessin qui probablement n'ont jamais cru voir la fin de ma thèse.

Mes amis Marina, Ricky, Luckins, Raffy, Sheila, Marko, Gianna, Jeff, Dede, Nina, Coco, Dani, Chicken, Fabienne, Nani, Ariane, Sophie, Daphné, Nat, Gaëlle, Bé, Lorenzo, Danilo, Myriam, Giorgia, Tata, Liv, Stefi, Giulia, Annika, Anna, Spagnola, Nana, Toby, Keisuke et Ami.

Mon ami Tito et toute sa famille qui m'ont m'ont accueilli dans leur vie pendant huit magnifiques ans, durant lesquels ils m'ont offert tout leur confort et soutien.

Mes 'frères' et 'soeurs' Jean-Mi, Dadou, Andy, Dada, Mari, Tiz et Ci, qui ont toujours été prêts à mes côtés soit pour partager de beaux moments soit pour me conforter dans les périodes de crise. C'est grâce à ces formidables personnes que je me suis relevée debout chaque fois que je me trouvais à terre.

Mon âme soeur Ila pour tout ce qui représente dans ma vie. Un proverbe dit 'qui trouve un ami, trouve un trésor' .. et il y a 17 ans j'ai décidément trouvé un grand trésor!

Mon ancienne étudiante, collègue, colocataire et surtout amie Jenny pour une marée de raisons. Tout d'abord pour la relecture de mon manuscrit: trouver du temps à côté de son travail pour corriger les millions de fautes d'une italophone n'a sûrement pas été facile. Elle m'a également aidé dans la partie expérimentale de la recherche doctorale et surtout ... elle m'a nourrit de kit kat quand je passais mes entières journées dans les laboratoires.

Mon amie Petra pour tous les sourires qu'elle a su imprimer sur mon visage en me faisant oublier les difficultés de terminer une thèse en parallèle à un travail à temps plein.

Ma famille, en particulier mes parents, ma soeur Omiga et Joey, qui représentent tout pour moi.

Table des matières

INTRODUCTION	1
CHAPITRE 1	
Approche bayésienne: un outil pour l'évaluation de l'indice scientifique en criminalistique	6
1.1 Introduction	7
1.2 Les probabilités	7
1.3 L'approche bayésienne et le rapport de vraisemblance	8
1.4 La formulation des hypothèses d'intérêt	10
1.5 Le rapport de vraisemblance selon le niveau des hypothèses envisagées	11
1.5.1 Le sous-niveau 1 "sous-source" et le niveau 1 "source"	11
1.5.2 Le niveau 2 "activité"	14
1.5.3 Le niveau 3 "crime"	20
CHAPITRE 2	
Représentation schématique du phénomène: architecture du réseau bayésien	22
2.1 Introduction	23
2.2 Choix d'un scénario offrant une capacité de généralisation	23
2.3 Choix de l'outil	26
2.4 Explication des composants génériques	28
2.5 Description qualitative des dépendances entre les variables	30
2.6 Description des probabilités associées aux états des noeuds	37
CHAPITRE 3	
Paramétrisation initiale et évaluation de l'impact des paramètres sur la valeur indiciale	44
3.1 Introduction	45
3.2 Description quantitative des dépendances entre les variables	46
3.2.1 Les variables relatives au propriétaire du véhicule	46
3.2.2 Les variables relatives au phénomène de l'activité	49
3.2.3 Les variables relatives au bruit de fond	52
3.2.4 Les variables relatives aux contaminations	52
3.2.5 La variable relative au profil génétique résultant de la trace indiciaire	53
3.3 Etude de l'impact des variables sur la valeur d'indice du profil résultant de la trace au niveau des activités	55

CHAPITRE 4

Partie expérimentale - Acquisition des données 62

Section 4.1

Etablissement du plan de travail de la partie expérimentale 64

- 4.1.1 Introduction 65
- 4.1.2 Variables à étudier 65
- 4.1.3 Prélèvement des traces 66
- 4.1.4 Analyse en laboratoire 67

Section 4.2

Transfert des traces d'ADN de contact 70

- 4.2.1 Introduction 71
- 4.2.2 Transfert des cellules épithéliales 72
 - 4.2.2.1 Types de transfert 72
 - 4.2.2.2 Qualité du donneur 73
 - 4.2.2.3 Nature du contact 74
 - 4.2.2.4 Qualité du récepteur 75
 - 4.2.2.5 Qualité de l'intermédiaire 76
- 4.2.3 Partie expérimentale 77
 - 4.2.3.1 Matériels et méthodes 77
 - 4.2.3.1.1 Echantillonnage 77
 - 4.2.3.1.2 Prélèvement des blancs 77
 - 4.2.3.1.3 Déroulement des expériences 78
 - 4.2.3.1.4 Prélèvement des échantillons 78
 - 4.2.3.1.5 Analyses en laboratoire 78
 - 4.2.3.2 Résultats 79

Section 4.3

Qualité du donneur en ADN 84

- 4.3.1 Concepts théoriques 85
 - 4.3.1.1 Lavage des mains 87
 - 4.3.1.2 Nombre de contacts successifs 89
 - 4.3.1.3 Main de saisie 89
 - 4.3.1.4 Sexe et âge du donneur 90
 - 4.3.1.5 Conditions environnementales 90
- 4.3.2 Partie expérimentale 92
- 4.3.3 Etude de population - Classification des personnes selon leur qualité en tant que donneurs en ADN 93
 - 4.3.3.1 Matériels et méthodes 93
 - 4.3.3.2 Résultats 94
 - 4.3.3.3 Différenciation des bons et des mauvais donneurs en ADN 96
 - 4.3.3.4 Fréquence d'apparition des bons et mauvais donneurs 98
 - 4.3.3.5 Comparaison des résultats obtenus avec ceux présentés dans la littérature 99
- 4.3.4 Etude de la variation intra-individuelle 101
 - 4.3.4.1 Matériels et méthodes 101
 - 4.3.4.2 Variation entre les deux mains d'un donneur 102

4.3.4.3	Variation entre les jours pour un même donneur	104
4.3.5	Rôle de la sueur dans le processus du transfert de l'ADN de contact	107
4.3.5.1	Matériels et méthodes	107
4.3.5.2	Sueur comme vecteur d'ADN	108
4.3.5.2.1	Sueur prélevée sur le visage	109
4.3.5.2.2	Sueur prélevée sur les mains	110

Section 4.4

Etude de la persistance des traces d'ADN de contact 114

4.4.1	Introduction	115
4.4.2	Concepts théoriques	116
4.4.2.1	Qualité du récepteur ou de l'intermédiaire	116
4.4.2.2	Temps écoulé entre la déposition et le prélèvement de la trace	116
4.4.2.3	Activité entreprise par le récepteur après la déposition de la trace	118
4.4.2.4	Facteurs exogènes environnementaux	118
4.4.3	Partie expérimentale	119
4.4.3.1	Matériels et méthodes	120
4.4.3.1.1	Echantillonnage	120
4.4.3.1.2	Prélèvement des blancs	120
4.4.3.1.3	Analyse en laboratoire	121
4.4.3.2	Etude préliminaire sur la variation entre les quantités d'ADN déposées par les dix doigts des mains	121
4.4.3.3	Etude préliminaire sur l'homogénéité de la quantité d'ADN contenue dans une trace papillaire	123
4.4.3.4	Activité entreprise par le récepteur entre la déposition et le prélèvement de la trace	125
4.4.3.5	Facteurs exogènes	128
4.4.3.5.1	Température et humidité relative	128
4.4.3.5.2	Lumière du jour	135
4.4.3.5.3	Influence des facteurs environnementaux sur la qualité des profils	135
4.4.4	Discussion	136

Section 4.5

Etude du bruit de fond des traces d'ADN de contact 138

4.5.1	Introduction	139
4.5.2	Partie expérimentale	140
4.5.2.1	Matériels et méthodes	140
4.5.2.2	Résultats expérimentaux	140
4.5.3	Discussion	142

Section 4.6

Contacts légitimes avec les surfaces cibles 144

4.6.1	Introduction	145
4.6.2	Conducteurs légitimes d'un véhicule	145
4.6.3	Passagers légitimes d'un véhicule	153

Section 4.7	
Transfert secondaire des traces d'ADN de contact	156
4.7.1	Introduction 157
4.7.2	Concepts théoriques 157
4.7.3	Partie expérimentale 159
4.7.3.1	Matériels et méthodes 159
4.7.3.1.1	Choix des donneurs d'ADN 159
4.7.3.1.2	Prélèvement des blancs 160
4.7.3.1.3	Déroulement des expériences 160
4.7.3.1.4	Analyse en laboratoire 161
4.7.3.2	Résultats expérimentaux 161
4.7.4	Discussion 166
Section 4.8	
Influence du port des gants dans les phénomènes de transfert en ADN	169
4.8.1	Introduction 170
4.8.2	Concepts théoriques 170
4.8.3	Transfert primaire en portant des gants 170
4.8.3.1	Matériels et méthodes 170
4.8.3.1.1	Choix du donneur d'ADN 170
4.8.3.1.2	Choix des types de gants 171
4.8.3.1.3	Prélèvement des blancs 171
4.8.3.1.4	Technique du prélèvement 171
4.8.3.1.5	Déroulement des expériences 172
4.8.3.1.6	Analyse en laboratoire 172
4.8.3.2	Résultats expérimentaux et discussion 173
4.8.4	Diffusion de l'ADN à travers les gants 174
4.8.4.1	Matériels et méthodes 174
4.8.4.2	Résultats expérimentaux et discussion 174
4.8.5	Transfert secondaire en portant des gants 175
4.8.5.1	Matériels et méthodes 176
4.8.5.2	Résultats expérimentaux et discussion 176
4.8.6	Transfert secondaire en portant des gants appartenant à une tierce personne 177
4.8.6.1	Matériels et méthodes 178
4.8.6.2	Résultats expérimentaux et discussion 178
4.8.7	Transfert tertiaire en portant des gants et en touchant des objets manipulés par une tierce personne 179
4.8.7.1	Matériels et méthodes 179
4.8.7.2	Résultats expérimentaux et discussion 180
4.8.8	Discussion 180
Section 4.9	
Question des contaminations lors du prélèvement des traces d'ADN de contact	183
4.9.1	Introduction 184
4.9.2	Concepts théoriques 184

CHAPITRE 5	
Paramétrisation à la lumière des données acquises et validation du réseau bayésien	189
5.1 Introduction	190
5.2 Modifications apportées à la structure initiale du réseau bayésien	190
5.3 Paramétrisation du réseau bayésien	200
5.3.1 Les variables concernant le propriétaire du véhicule	200
5.3.2 Les variables concernant l'activité: le suspect et l'auteur du vol	210
5.3.3 Les variables concernant le bruit de fond	214
5.3.4 Les variables concernant les contaminations	216
5.3.5 La variable concernant le profil génétique résultant de la trace indiciaire	217
5.4 Validation du réseau bayésien	222
CHAPITRE 6	
Analyse de la sensibilité	227
6.1 Introduction	228
6.2 Etat initial du réseau bayésien	229
6.3 Simulation sur un seul noeud: illustration du principe	234
6.4 Simulation sur plusieurs noeuds (ou variables)	239
CHAPITRE 7	
Perspectives pour le futur	245
CHAPITRE 8	
Conclusion	265
CHAPITRE 9	
Bibliographie	271
ANNEXES	301

Introduction

Ces dernières années, l'attention du monde forensique s'est beaucoup concentrée sur l'ADN. Le nombre de traces de contact prélevées sur les lieux de délit et analysées dans les laboratoires de génétique forensique est en forte augmentation depuis ces dix dernières années.

Aujourd'hui, grâce à la performance des technologies actuelles, si une trace a été correctement prélevée et bien conservée, l'obtention d'un profil à partir de celle-ci ne devrait pas constituer une étape insurmontable pour les laboratoires de génétique forensique.

Le point délicat intervient lors de l'interprétation des résultats obtenus: la trace est-elle vraiment liée à l'acte délictueux ou a-t-elle été déposée par une personne non impliquée dans l'affaire? Et si la personne mise en cause fournit pendant l'enquête une explication plausible quant à la présence de son ADN sur le support indiciaire, que faire de cette information?

En 2004, Raymond a publié avec ses collaborateurs un article intitulé "Trace DNA: an underutilized resource or Pandora's box? a review of the use of trace DNA analysis in the investigation of volume crime" (Raymond et al, 2004). Cette publication met en exergue la problématique de l'ADN de contact, question qui a, ces dernières années, intéressé le monde scientifique (van Oorschot et al, 2010; Meakin et Jamieson, 2013). Le potentiel de ce genre de traces n'a jamais été pleinement discuté. L'ADN, comme les traces papillaires et d'autres traces dites de personnes, constitue le type d'indice matériel permettant de lier un individu en particulier avec une trace révélée sur une scène de crime ou sur un objet prélevé sur les lieux. Toutefois, cet indéniable potentiel s'accompagne d'une série de problématiques, d'où la très juste comparaison avec la boîte de Pandore. L'ouverture métaphorique de ce coffre a libéré une multitude d'interrogations, telles que la détermination de la nature du fluide biologique, l'éventualité de transferts indirects, la difficulté d'analyse des traces pauvres en ADN et l'interprétation des profils génétiques dérivant de ce type de trace.

Le concept du transfert des cellules épithéliales est extrêmement fascinant, même s'il reste encore assez inexpliqué: la façon avec laquelle ce matériel biologique migre de la surface des mains d'une personne sur un support, l'influence des paramètres intervenant au cours de ce processus et l'impact de ceux-ci sur la persistance des traces jusqu'à leurs prélèvements, sont encore des phénomènes peu connus des scientifiques. De nombreux chercheurs ont essayé de combler ces lacunes, mais leurs résultats sont souvent contradictoires et la ligne d'arrivée semble encore être très loin ou même inatteignable. Il semblerait en effet que le phénomène de transfert des traces de contact ne soit pas reproductible même quand les conditions ont été standardisées au maximum.

Il existe de nombreux paramètres pouvant intervenir lors de l'exploitation d'un indice de nature biologique. L'intérêt forensique se focalise sur le matériel biologique transféré pendant

l'activité d'intérêt (souvent délictueuse dans le cadre présent) et ayant persisté sur la surface indiciaire avant que le prélèvement n'ait eu lieu: cet ADN est représenté par la case nommée activité dans la figure 1. Cependant, il faut également garder à l'esprit deux autres phénomènes pouvant influencer le résultat final, à savoir le bruit de fond et la contamination. En effet, il est toujours possible de retrouver de l'ADN non lié à l'activité délictueuse mais déjà présent sur notre surface d'intérêt (comme du bruit de fond) ou résultant d'éventuelles contaminations dues aux activités du personnel de travail lors du prélèvement de la trace sur les lieux de crime ou encore en laboratoire (contamination).

Le modèle graphique suivant illustre schématiquement le concept exposé:

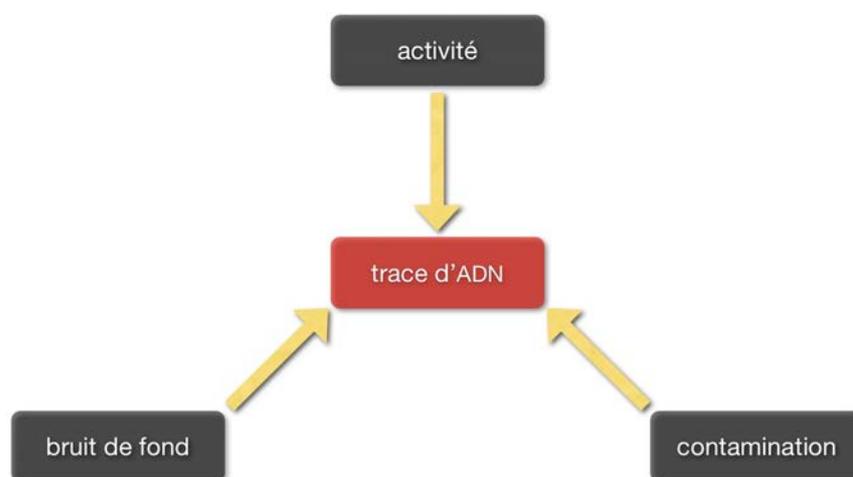


Figure 1 : Schéma illustrant les paramètres pouvant influencer les résultats de l'analyse d'une trace d'ADN

Ces différents phénomènes dictent donc la complexité du domaine de l'exploitation des traces biologiques. Chacun de ces paramètres est caractérisé par une série de variables, illustrées dans la figure 2, qui à leur tour peuvent être influencées par d'autres éléments représentés dans la figure 3.

Étudier en détail chacun de ces éléments peut être bien sûr très intéressant du point de vue de la connaissance du phénomène, mais que peut nous apporter concrètement ce genre d'informations? Et sans être trop pessimistes, est-il vraiment possible d'établir avec précision tous les liens existant entre ces éléments? Imaginons d'avoir déjà dans les mains une correspondance entre le profil génétique obtenu par l'analyse d'une trace et le profil de référence d'un individu, quelle est la première question qui nous viendrait à l'esprit? Est-ce que la personne est un bon donneur d'ADN? Est-ce qu'il faisait froid lorsque la trace a été déposée? Quelle est notre priorité face à cette non différenciation: reconstruire tous les détails de l'historique de la déposition de la trace, ou plutôt extrapoler toutes sortes d'informations utiles afin de déterminer sa valeur indiciale?

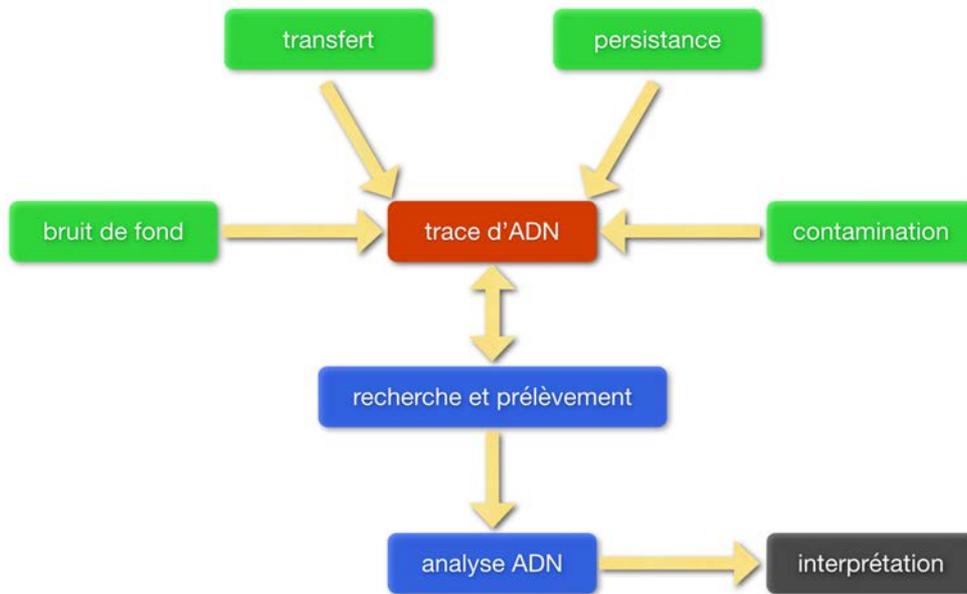


Figure 2 : Schéma illustrant les paramètres à prendre en considération lors de l'interprétation des résultats de l'analyse ADN d'une trace de nature biologique

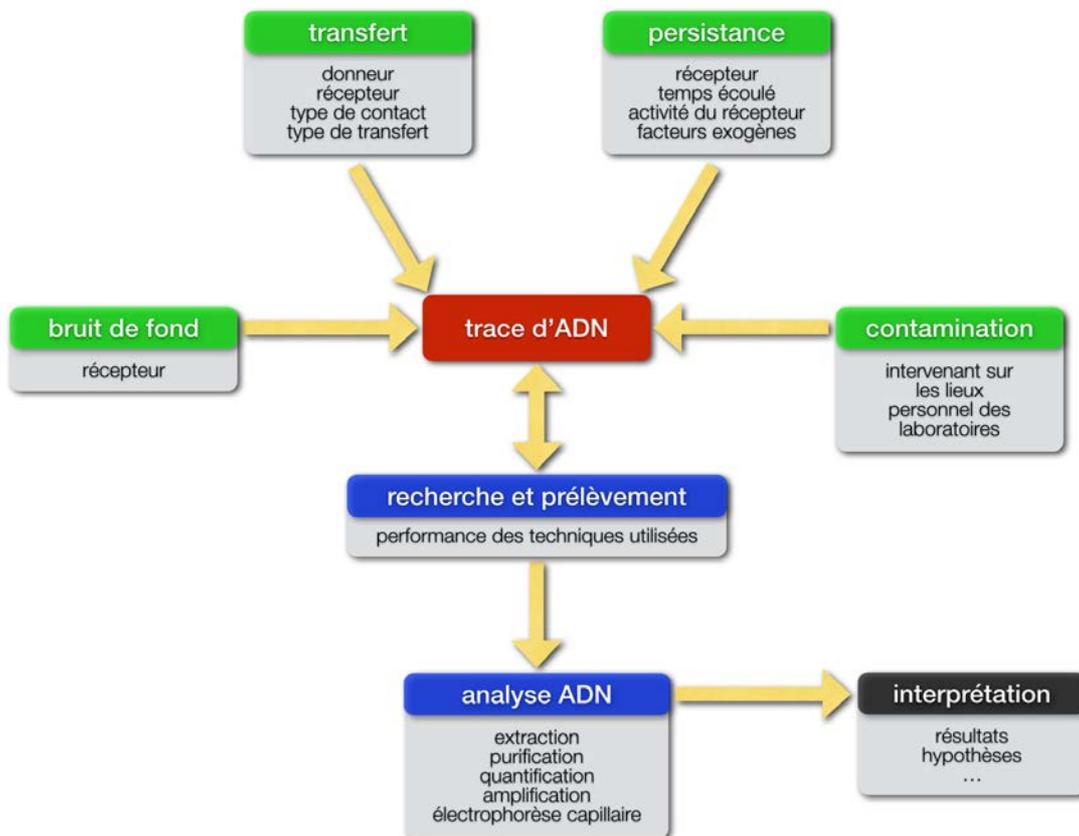
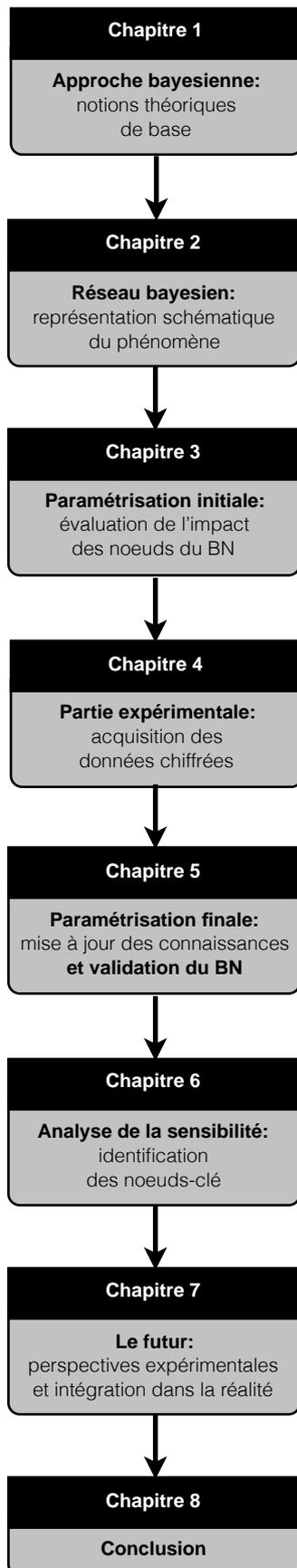


Figure 3 : Schéma plus détaillé illustrant les paramètres à prendre en considération lors de l'interprétation des résultats de l'analyse ADN d'une trace de nature biologique



Au final, la question d'intérêt serait plutôt "quelle est l'utilité de savoir précisément dans quelles conditions la trace indiciare a été déposée?". Il est primordial de garder à l'esprit que parfois, face à une combinaison de paramètres défavorables, une trace laissée par une personne ne permettra pas l'obtention d'un profil ADN exploitable. Cependant, du moment que les analyses d'ADN nous ont déjà fourni un profil génétique exploitable à partir de la trace indiciare, est-il vraiment nécessaire de déterminer l'historique de la trace? ne serait-ce pas mieux de pouvoir interpréter les résultats obtenus en tenant compte des incertitudes liées à son dépôt?

Cette problématique englobe une multitude de variables dépendantes l'unes des autres, et identifier celles ayant un impact majeur sur notre résultat final représente peut-être la tâche la plus complexe pour l'interprétation des traces. Comment choisir les paramètres d'étude et comment justifier ce choix? Cette décision ne pourra pas être prise facilement sans disposer d'une aide supplémentaire, un outil capable de simplifier notre vision dans ce processus complexe qui implique de nombreuses incertitudes. Par conséquent, avant de s'immerger dans une étude approfondie de l'ensemble des paramètres cités jusqu'à présent, il serait pertinent de comprendre leur rôle dans l'entièreté du processus.

L'objectif de cette recherche doctorale consiste donc à représenter graphiquement les paramètres intervenant dans l'exploitation d'une trace biologique à l'aide d'un réseau bayésien. Ce moyen nous permettra non seulement de visualiser la problématique dans sa globalité, mais il nous fournira également la possibilité de tracer des liens entre les différents éléments pris en considération. Grâce à une étude détaillée sur les influences de telles variables, il sera alors possible de focaliser la partie expérimentale sur les paramètres et les situations ayant le plus d'impact sur la valeur d'indice de la trace, en laissant de côté d'autres ceux ne présentant qu'un poids minimal sur notre évaluation finale. Enfin, après la paramétrisation du réseau bayésien par les données expérimentales, il s'agira de consacrer la dernière partie du projet à l'analyse de la sensibilité. Le schéma ci-reporté parcourt les thèmes des chapitres permettant ainsi de mieux comprendre la structure du manuscrit.

Chapitre 1

Approche Bayésienne: un outil pour l'évaluation de l'indice scientifique en criminalistique

Adam Osborne

*"Only taking the best evidence available at the present time, interpreting it as best you can,
and leaving your mind open to the fact that new evidence will appear tomorrow."*

1.1 INTRODUCTION

Il est évident que tous les éléments de preuve technique nécessitent d'être interprétés dans le dessein de déterminer leur poids et leur signification dans le contexte d'une affaire. L'objectif de ce chapitre est d'illustrer brièvement l'évaluation de l'indice scientifique, plus particulièrement des traces biologiques, à l'aide de l'approche Bayésienne dans le cadre des scénarios forensiques.

Dans le cadre de l'interprétation en police scientifique, les experts et les juristes devraient en effet abandonner l'idée de l'existence d'une certitude absolue si l'évaluation de l'indice matérielle veut s'effectuer d'une façon cohérente. Par conséquent, si on admet que rien n'est absolument certain, la nécessité d'établir un degré de confiance - et donc une probabilité - à attribuer à chaque élément indicial s'impose d'elle-même (Kirk et Kingston, 1964).

Généralement les criminalistes observent des *effets*, à savoir les caractéristiques des traces, cependant il existe une incertitude entourant les *causes* ayant pu produire ces effets. L'utilisation d'un modèle probabiliste dans ce contexte permettra alors de formaliser l'intégration de l'incertitude susmentionnée inhérente à toute situation dans le domaine de la police scientifique.

1.2 LES PROBABILITES

L'assignation de probabilités intervient dans notre vie de tous les jours: nous prenons régulièrement des décisions sans nous rendre compte que derrière ces dernières se cachent souvent des incertitudes et des probabilités. Pour illustrer ce concept, les questions que l'on se pose telles que "est-ce que cet après-midi il va pleuvoir?" ou "qui sait si j'arriverai à l'heure pour mon rendez-vous?" illustrent bien ce concept. Dans tous les cas, nous ne pouvons jamais prévoir avec une certitude absolue les réponses à nos questions. La notion des probabilités intervient lorsque nous devons faire face à des situations d'incertitude.

Nous utilisons des termes comme *probabilité*, *improbable* ou *probablement* dans notre langage quotidien, mais sans leur accorder une signification particulière. Le mot probabilité connaît plusieurs définitions. Dans le monde scientifique, il s'agit d'un terme technique employé lorsque l'on cherche à fournir un degré de connaissance à un événement qui entraîne une part de chance (qu'il soit passé ou futur). Selon Lindley (1985): "*Our aim is to describe the concept of uncertainty numerically: for number is the essence of the scientific method and it is by measuring things that we know them*".

1.3 L'APPROCHE BAYÉSIENNE ET LE RAPPORT DE VRAISEMBLANCE

Utilisé dans l'inférence statistique, l'*approche bayésienne* permet une mise à jour des croyances initiales (ou *a priori*) sur la base de nouvelles informations à disposition en obtenant ainsi les croyances *a posteriori* (Aitken et Taroni, 2004).

En considérant que dans le contexte forensique l'évaluation de tout élément de preuve se fait en prenant en considération deux hypothèses alternatives¹, le canevas Bayésien peut se traduire comme suit sous forme de "chances" (dans le sens du terme anglo-saxon *odds*):

$$\underbrace{\frac{P(H_p | E, I)}{P(H_d | E, I)}}_{\text{a posteriori}} = \underbrace{\frac{P(E | H_p, I)}{P(E | H_d, I)}}_{\text{rapport de vraisemblance}} \cdot \underbrace{\frac{P(H_p | I)}{P(H_d | I)}}_{\text{a priori}}$$

- où:
- H_p = hypothèse avancée par l'avocat de l'accusation, le procureur
 - H_d = hypothèse envisagée par l'avocat de la défense
 - E = résultats forensiques pris en considération, par exemple la non différenciation entre les caractéristiques de la trace indiciariaire et celles de comparaison
 - I = informations circonstancielles

Le théorème de Bayes s'intègre parfaitement dans un processus judiciaire en proposant une évaluation sous l'angle de deux hypothèses en concurrence, celle de la défense et celle de l'accusation (Champod et Taroni, 1993). Le premier terme figurant à gauche dans la formule ci-dessus se réfère aux *croyances a posteriori* (en anglais *prior odds*). Il représente le rapport entre la probabilité que l'hypothèse de l'accusation soit vraie en sachant les caractéristiques de la trace analysée et du matériel de référence ainsi que les informations circonstancielles et la probabilité que l'hypothèse de la défense soit vraie en tenant compte des observations effectuées sur l'indice et des informations sur le cas à disposition.

Si les *chances* représentent des rapports de probabilités de deux événements complémentaires, eux-même conditionnés ou pas par d'autres événements, le *rapport de vraisemblance* (en anglais *likelihood ratio*, abrégé *LR*) est aussi un rapport de probabilités (dont les valeurs sont incluses dans un intervalle allant de 0 jusqu'à l'infini) mais d'un même événement conditionné par deux événements mutuellement exclusifs. Le rapport de vraisemblance représente la probabilité d'observer les caractéristiques de la trace et du contrôle si l'hypothèse du procureur est vraie et en prenant en considération les informations circonstancielles divisée par

¹ Par exemple: "le suspect est à l'origine des traces de sperme retrouvées sur les habits de la victime" et "une autre personne inconnue est à l'origine des traces de sperme retrouvées sur les habits de la victime".

la probabilité d'effectuer les mêmes observations sous l'hypothèse alternative. Par conséquent, plus la valeur du rapport de vraisemblance est élevée, plus l'élément de preuve soutiendra l'hypothèse de l'accusation par rapport à celle de la défense. Et lorsque le rapport de vraisemblance est égal à 1, l'élément de preuve pris en considération peut être déclaré comme neutre car il ne soutiendra ni l'une ni l'autre des deux hypothèses.

Le dernier rapport présenté concerne les probabilités *a priori*, à savoir le degré de confiance que l'une ou l'autre hypothèse d'intérêt soit vraie sur la seule base des informations circonstancielles sans disposer encore des observations et résultats forensiques.

Les experts forensiques s'intéressent généralement uniquement à l'évaluation du rapport de vraisemblance et laissent aux juristes l'évaluation des probabilités *a priori* et par conséquent des probabilités *a posteriori* car ces dernières sortent des compétences des scientifiques.

Le canevas logique d'interprétation de l'indice technique se base donc sur le concept du rapport de vraisemblance. Ce rapport de probabilités traduit le degré avec lequel les observations techniques effectuées à partir des analyses vont à l'appui de l'une ou de l'autre hypothèse mises en jeu. Il s'agit de la "seule démarche correcte et logique connue aujourd'hui pour exprimer de façon explicite et complète la signification d'un résultat de police scientifique" (Coquoz et al, 2013).

Cependant, fournir des données chiffrées pour l'interprétation d'une trace et l'évaluation de sa force indicielle ne constitue peut-être pas la manière la plus facile pour communiquer avec les hommes de loi. La conversion numérique du rapport de vraisemblance en une appréciation verbale s'avère par certains utile (Evet, 1990; Nordgaard et al, 2012; ENFSI, 2015).

La communauté ENFSI (2015) a illustré un exemple d'échelle verbale pour les valeurs des rapports de vraisemblance:

1	do not support one proposition over the other
2 - 10	provide weak support for the first proposition relative to the alternative
10 - 100	provide moderate support for the first proposition relative to the alternative
100 - 1'000	provide moderately strong support for the first proposition relative to the alternative
1'000 - 10'000	provide strong support for the first proposition relative to the alternative
10'000 - 1'000'000	provide very strong support for the first proposition relative to the alternative
> 1'000'000	provide extremely strong support for the first proposition relative to the alternative

1.4 LA FORMULATION DES HYPOTHESES D'INTERET

Jouant un rôle-clé lors de l'évaluation de résultats forensiques, les hypothèses peuvent se situer à différents niveaux selon les informations à disposition et les besoins du cas en question (ENFSI, 2015; Gittelson et al, 2016). Trois classes² de propositions ont été proposées par Cook et ses collaborateurs en 1998 (Cook et al, 1998; Gill, 2014):

- Au niveau 1, dit de la *source*, les experts se limitent à se poser des questions sur l'origine de la trace indiciaire dont la nature a été définie ou admise³:
 - Hp: le suspect est à l'origine du sperme retrouvé dans la voiture
 - Hd: une autre personne inconnue est à l'origine du sperme retrouvé dans la voiture
- Au niveau 2, dit de l'*activité*, l'attention des experts se focalise sur une activité ou une action commise:
 - Hp: le suspect a conduit le véhicule
 - Hd: le suspect n'a pas conduit le véhicule, mais une autre personne inconnue l'a conduit
- Au niveau 3, dit du *crime*, les experts s'interrogent sur l'implication de la personne mise en cause dans le délit en investigation en question (quelle que soit sa qualification juridique):
 - Hp: le suspect a volé le véhicule
 - Hd: le suspect n'a pas volé le véhicule, mais une autre personne inconnue l'a volé

Dans le cadre des traces biologiques, une nouvelle classe d'hypothèses a été introduite (Evelt et al, 2000 et 2002; Gill, 2014) en rendant compte des difficultés d'attribuer les profils obtenus à un fluide biologique donné, comme typiquement dans le cas des traces de contact:

- Au sous-niveau 1, dit de la *sous-source*, où ne pouvant pas se prononcer sur la nature de la trace, les experts se limitent à gérer des questions sur l'origine de l'ADN retrouvé sans spécifier la nature du fluide biologique:
 - Hp: le suspect est à l'origine de l'ADN retrouvé dans la voiture
 - Hd: une autre personne inconnue est à l'origine de l'ADN retrouvé dans la voiture

² Défini également comme "hiérarchie des propositions".

³ Par exemple: confirmation de la présence de spermatozoïdes grâce à des tests de coloration et immunochromatographiques.

1.5 LES RAPPORTS DE VRAISEMBLANCE SELON LE NIVEAU DES HYPOTHESES ENVISAGEES

En fonction du niveau d'hypothèse envisagée, l'évaluation des résultats nécessite la connaissance et l'utilisation de paramètres différents. Cette progression dans la hiérarchie des hypothèses, recommandée par les guidelines publiées par l'ENFSI, offre une valeur ajoutée (Champod, 2013) mais s'accompagne parallèlement d'un besoin accru d'informations du contexte de l'affaire.

Cette section a pour but d'illustrer la formalisation du rapport de vraisemblance sous chacun des niveaux auxquels les hypothèses peuvent se formuler.

1.5.1 Le sous-niveau 1 "sous-source" et le niveau 1 "source"

L'évaluation effectuée à ce niveau d'hypothèses se base sur les informations analytiques obtenues lors des analyses.

Prenons comme exemple un cas d'agression sexuelle ayant eu lieu dans le véhicule de la victime. Les frottis vaginaux de la victime ainsi qu'un prélèvement d'une tâche blanchâtre (donnant un résultat positif au test immunochromatographique PSA) sur les sièges du véhicule ont été transmis au laboratoire de génétique forensique. Suite aux analyses, les frottis présentent un profil ADN correspondant à la victime, alors que le prélèvement effectué dans la voiture a fourni un profil masculin dont les caractéristiques génétiques, notées par G_{trace} , sont caractérisés par un ensemble de marqueurs, eux-mêmes composés par deux allèles A_1 et A_2 ⁴. Un suspect a été arrêté pendant l'enquête et son profil de référence, appelé dans ce cas $G_{suspect}$, a été établi. D'après la comparaison, les deux profils ne sont pas différenciables pour l'ensemble des marqueurs.

L'observation de cette concordance, notée E , est alors évaluée sous deux hypothèses mutuellement exclusives formulées au niveau de la source:

- H_p : le suspect est à l'origine du sperme retrouvé dans la voiture
- H_d : une personne inconnue est à l'origine du sperme retrouvé dans la voiture

Le rapport de vraisemblance, noté LR , est alors obtenu par le développement:

⁴ Pour simplifier la lecture et la compréhension, seuls deux allèles sont illustrés dans le cadre de cet exemple.

$$\begin{aligned}
 LR &= \frac{P(E | H_p, I)}{P(E | H_d, I)} = \\
 &= \frac{P(G_{\text{trace}}, G_{\text{suspect}} | H_p, I)}{P(G_{\text{trace}}, G_{\text{suspect}} | H_d, I)} = \\
 &= \frac{P(G_{\text{trace}} | G_{\text{suspect}}, H_p, I)}{P(G_{\text{trace}} | G_{\text{suspect}}, H_d, I)} \cdot \frac{P(G_{\text{suspect}} | H_p, I)}{P(G_{\text{suspect}} | H_d, I)}
 \end{aligned}$$

En considérant le fait que les caractéristiques génétiques du suspect ne dépendent pas des hypothèses formulées, la deuxième partie du LR vaut donc 1. Notre résultat final est donc présenté par la formule suivante (Evet et Weir, 1998):

$$LR = \frac{P(G_{\text{trace}} | G_{\text{suspect}}, H_p, I)}{P(G_{\text{trace}} | G_{\text{suspect}}, H_d, I)}$$

Étudions d'abord le numérateur de ce rapport. On s'intéresse à la probabilité d'observer les caractéristiques génétiques de la trace indiciaire sous l'hypothèse que le suspect en soit effectivement à la source tout en connaissant son génotype et les informations circonstanciées de l'affaire. Cette probabilité n'atteint juste pas un, mais très proche de cette valeur, si l'on tient compte des performances des techniques d'analyse et des éventuelles erreurs de laboratoire. Cependant, pour faciliter la lecture, on attribuera la valeur de 1.

Le dénominateur quant à lui, représente la probabilité d'observer les caractéristiques génétiques de la trace sachant qu'une autre personne inconnue est à l'origine de l'indice matériel. Si on considère que le génotype de la trace ne dépend pas de celui du suspect dans le cas où il n'est pas impliqué dans l'affaire, le dénominateur du rapport de vraisemblance se traduira par la probabilité de coïncidence fortuite des caractéristiques génétiques observées pour la trace dans la population d'intérêt, notée f . On obtiendra par conséquent:

$$LR = \frac{P(G_{\text{trace}} | G_{\text{suspect}}, H_p, I)}{P(G_{\text{trace}} | G_{\text{suspect}}, H_d, I)} = \frac{P(G_{\text{trace}} | G_{\text{suspect}}, H_p, I)}{P(G_{\text{trace}} | H_d, I)} \cong \frac{1}{f}$$

$$\text{où: } f = 2 \cdot p_1 \cdot p_2 \quad \text{si } A_1 \neq A_2$$

$$f = p_1^2 \quad \text{si } A_1 = A_2$$

p_1 et p_2 représentent respectivement les probabilités de coïncidence fortuite des allèles A_1 et A_2 dans la population d'intérêt

Cependant, $P(G_{\text{trace}} | G_{\text{suspect}}, H_d, I)$ n'équivaut pas forcément à $P(G_{\text{trace}} | H_d, I)$ comme nous l'avons présupposé dans la formule précédente. Il faut en effet prendre en considération le phénomène des corrélations génétiques dues au *shared ancestry*, en effet le degré de

consanguinité entre le suspect et la personne inconnue n'est jamais totalement nul. Par conséquent, la probabilité d'observer les caractéristiques génétiques de la trace indiciaire sachant le profil du suspect doit également prendre en compte le génotype du suspect en question, $G_{suspect}$.

Le fait d'observer un individu présentant lesdites caractéristiques génétiques joue également un rôle dans nos calculs, en augmentant ainsi les chances de rencontrer dans la même sous-population un deuxième individu possédant les mêmes caractéristiques que celles de la trace indiciaire. Un *facteur de consanguinité* (noté F_{st}) est intégré dans les calculs traditionnels, afin de considérer les risques d'hériter d'allèles identiques à cause de la structure de la population d'intérêt ou d'autres dépendances comme les liens familiaux (Balding et Nichols, 1994; Evett et Weir, 1998; Taroni et al, 2014). Les formules suivantes s'appliquent donc pour le calcul du dénominateur de la formule précitée:

si $A_1 \neq A_2$ (hétérozygote)

$$P(G_{trace} | G_{suspect}, H_d, I) = 2 \cdot \frac{[F_{st} + (1 - F_{st}) \cdot p_1] \cdot [F_{st} + (1 - F_{st}) \cdot p_2]}{(1 + F_{st}) \cdot (1 + 2F_{st})}$$

si $A_1 = A_2$ (homozygote)

$$P(G_{trace} | G_{suspect}, H_d, I) = \frac{[2F_{st} + (1 - F_{st}) \cdot p_1] \cdot [3F_{st} + (1 - F_{st}) \cdot p_1]}{(1 + F_{st}) \cdot (1 + 2F_{st})}$$

L'introduction du facteur de consanguinité a un impact sur le rapport de vraisemblance calculé sans tenir compte des risques de héritage commun. L'augmentation de la valeur du coefficient de consanguinité implique une diminution de la valeur du rapport de vraisemblance.

La connaissance de la nature biologique constitue l'unique différence entre l'évaluation de l'indice scientifique sous le sous-niveau 1 et le niveau 1 (Oosterman et al, 2015; Taylor et al, 2016). L'incertitude sur la nature du fluide impacte en effet sur le rapport de vraisemblance. Cependant, la détermination de la nature du fluide biologique reste une problématique dans le monde forensique. Il existe différents types de tests indicatifs permettant de guider quant à la probable présence de fluides, tels que le sang, le sperme, les sécrétions vaginales, la salive, l'urine ou encore les fèces (Cox, 1991; Miskelly et Kelderman, 2001; Gartside et al, 2003; Scott et Milne, 2005; Milon, 2007; Tobe et al, 2007; Haas et al, 2008; Hurley et al, 2009; Virkler et Lednev, 2009a et 2009b; Bitzer, 2010; Frumkin et al, 2010; Boyd et al, 2011; De Moors et al, 2011; Haas et al, 2011; Hedman et al, 2011; Giampaoli et al, 2012; Lennard Richard et al, 2012; Old et al, 2012; Wang et al, 2012; Park et al, 2013; Wang et al, 2013; Wasserstrom et al, 2013). Cependant, à l'heure actuelle, les scientifiques sont encore en train de développer des

techniques valides pour ce qui concerne les traces de contact en ADN (French et al, 2008; Sakurada et al, 2010; Elkins, 2011; Frumkin et al, 2011; Gomes et al, 2011; Hanson et al, 2011 et 2012; Wobst et al, 2011; Lindenbergh et al, 2012; Sikirzhyskaya et al, 2012; Sikirzhyski et al, 2012; Edelman et al, 2012; Harteveld et al, 2013; De Moors et al, 2013; Petersen et, 2013; Afolabi et al, 2015; Kader et Ghai, 2015; van der Meer et Williams, 2015; Orphanou, 2015).

1.5.2 Le niveau 2 “activité”

Ce niveau implique qu'il y a forcément eu une activité. Afin de formuler des hypothèses au niveau de l'activité, l'expert forensique doit être en possession de certaines informations sur les circonstances de l'affaire et disposer des données lui permettant une évaluation de l'indice sous cette classe d'hypothèse dans un canevas de circonstances.

Des connaissances concernant les phénomènes du transfert, de la persistance et du bruit de fond doivent impérativement être disponibles. Contrairement aux niveaux précédents (niveau de source et sous-niveau 1) l'évaluation de l'indice au niveau de l'activité ne dépend pas uniquement des caractéristiques analytiques de l'élément de preuve forensique (Gittelson et al, 2016). Cet avantage est important lorsque par exemple aucune fibre, aucun fragment de verre ou aucun picogramme d'ADN n'a été retrouvé sur les lieux, car l'absence d'indice peut être tout autant signifiant que la présence.

Imaginons le cas d'un vol de véhicule. Quelques heures plus tard, la voiture abandonnée a été retrouvée par la police. Des prélèvements ont été effectués à l'intérieur du véhicule et l'analyse en laboratoire a permis d'extraire à partir du prélèvement effectué sur le volant plus que 5 ng d'ADN. Pendant l'enquête, un suspect a été appréhendé. Suite à une comparaison effectuée entre le profil simple résultant de la trace indiciaire et le profil de comparaison du suspect, il s'avère que les deux profils ne sont pas différentiables pour l'ensemble des marqueurs analysés.

L'observation de cette concordance, notée E , est alors évaluée sous deux hypothèses mutuellement exclusives formulées au niveau de l'activité:

H_p : le suspect a conduit la voiture

H_d : le suspect n'a pas conduit la voiture, mais cette-ci a été conduite par un tiers

À préciser que l'hypothèse de la défense, H_d , implique par conséquent qu'une autre personne s'est assise dans la voiture volée et l'a conduite. D'autres scénarios amenant à différentes évaluations du rapport de vraisemblance seront présentés dans les prochains chapitres. Le développement de la formule du rapport de vraisemblance au niveau de l'activité (Aitken et

Taroni, 2004) est ici nécessaire en vue de la comparaison plus loin dans la thèse des résultats théoriques (calculés à l'aide des formules) avec ceux obtenus par le réseau bayésien aux fins de validation du modèle graphique.

Le rapport de vraisemblance, noté LR , est alors obtenu par la formule suivante:

$$LR = \frac{P(y, x | H_p, I)}{P(y, x | H_d, I)}$$

où:

- y , les caractéristiques intrinsèques et extrinsèques de la trace indiciaire
- x , les caractéristiques intrinsèques du profil de référence
- I , les informations circonstancielles

À noter que les caractéristiques *intrinsèques* décrivent les résultats obtenus à partir de l'échantillon analysé (comme les allèles détectés) alors que les caractéristiques *extrinsèques* se réfèrent aux propriétés physiques comme par exemple la quantité d'ADN retrouvé, la position de la trace, ...

En appliquant la troisième loi des probabilités, l'équation précédente prend alors la forme suivante:

$$LR = \frac{P(y, x | H_p, I)}{P(y, x | H_d, I)} = \frac{P(y | x, H_p, I)}{P(y | x, H_d, I)} \cdot \frac{P(x | H_p, I)}{P(x | H_d, I)}$$

En admettant que la probabilité que le suspect possède les caractéristiques de son profil, x , ne dépend pas des hypothèses envisagées⁵, on pourra donc simplifier la formule de notre rapport de vraisemblance de la façon suivante:

$$LR = \frac{P(y, x | H_p, I)}{P(y, x | H_d, I)} = \frac{P(y | x, H_p, I)}{P(y | x, H_d, I)}$$

Il s'agit donc de déterminer:

- le numérateur du rapport de vraisemblance, à savoir la probabilité d'observer les caractéristiques de la trace indiciaire, y , sachant que le suspect appréhendé a conduit la voiture et que son profil génétique, x , partage les mêmes allèles que ceux obtenus à partir de la trace indiciaire; et
- le dénominateur du rapport de vraisemblance, c'est-à-dire la probabilité d'observer les caractéristiques de la trace indiciaire, y , sachant que le

⁵ En d'autres termes: que le suspect ait ou n'ait pas conduit la voiture, la probabilité associée à son profil génétique restera inchangé.

suspect appréhendé n'a jamais conduit la voiture en question mais que son profil génétique, x , partage les mêmes allèles que ceux obtenus à partir de la trace indiciaire.

Le fait d'avoir conduit le véhicule implique que la personne soit *entrée en contact* avec les parties de l'habitacle (soit à mains nues soit en portant des gants), et par conséquent, on admet que l'ADN du conducteur a eu la possibilité de se transférer sur les surfaces cibles pendant ce contact.

Dans le dessein de retrouver et d'analyser ensuite ce matériel biologique, il est nécessaire que cet ADN ait persisté dans le véhicule jusqu'à l'arrivée des inspecteurs.

Deux explications quant à la présence de la trace sur le volant peuvent être considérées:

- Une quantité supérieure à 5 ng a été transférée lors du vol, a persisté et a été retrouvée sur le volant: sous cette explication, le volant de la voiture volée ne présentait pas ce matériel biologique avant la commission du délit. Notons cet événement T_n (dans le cadre de cet exemple, $T_{>5ng}$).
- La quantité supérieure à 5 ng n'a pas été transférée pendant le vol: sous cette explication, l'ADN retrouvé n'est pas consécutif à l'acte délictueux en question. Le volant de la voiture volée présentait donc déjà ce matériel biologique avant les faits et rien n'a été transféré du contact sous examen. Notons cet événement T_0 .

En considérant ces deux événements et en omettant de la notation la contribution des informations circonstancielles / pour simplifier la lecture, le rapport de vraisemblance prendra la forme suivante:

$$LR = \frac{P(y | x, H_p, T_{>5ng}) \cdot P(T_{>5ng} | x, H_p) + P(y | x, H_p, T_0) \cdot P(T_0 | x, H_p)}{P(y | x, H_d, T_{>5ng}) \cdot P(T_{>5ng} | x, H_d) + P(y | x, H_d, T_0) \cdot P(T_0 | x, H_d)}$$

Comme illustré, cette formule comporte donc huit probabilités conditionnelles. En ce qui concerne le **numérateur** de ce rapport:

- $P(y | x, H_p, T_{>5ng})$ représente la probabilité d'observer les caractéristiques de la trace indiciaire (> 5 ng d'ADN sur le volant), connaissant les caractéristiques du profil de référence du suspect, sachant que celui-ci s'est assis au volant du véhicule volé et que le matériel biologique transféré pendant cette activité a persisté et a été retrouvé avec succès par les inspecteurs.

Dans le cas où le suspect a effectivement conduit le véhicule et que la quantité d'ADN en question a été transférée au moment du vol, cela implique que ces cellules épithéliales n'étaient pas présentes sur le volant avant le délit.

Il en résulte donc que $P(y|x, H_p, T_{>5ng}) = 1 \cdot b_0$, où 1 représente la probabilité de correspondance et b_0 la probabilité de ne pas retrouver de l'ADN par présence fortuite.

- $P(T_{>5ng}|x, H_p)$ représente la probabilité qu'une quantité supérieure à 5 ng soit transférée, ait persisté et soit retrouvée avec succès sur le volant, connaissant les caractéristiques du profil de référence du suspect et sachant que celui-ci s'est assis au volant du véhicule volé.

En d'autres termes, il s'agit de la probabilité qu'une quantité supérieure à 5 ng provenant du conducteur de la voiture soit transférée, persistée et retrouvée avec succès sur le volant.

Cette probabilité dépend logiquement des propriétés du conducteur, à savoir sa qualité de donneur en ADN (bon ou mauvais donneur), ainsi que de la qualité du récepteur de la surface cible (dans notre exemple, du volant de la voiture). Elle sera symbolisée par $t_{>5ng}$.

- $P(y|x, H_p, T_0)$ représente la probabilité d'observer les caractéristiques de la trace indiciaire (> 5 ng d'ADN sur le volant), connaissant les caractéristiques du profil de référence du suspect, sachant que celui-ci s'est assis au volant du véhicule volé mais que pendant cette activité aucun matériel biologique n'a été transféré.

Si cette quantité d'ADN n'a pas été transférée pendant l'acte délictueux, cela signifie que ce matériel biologique était déjà présent sur le volant. Il en résulte donc que $P(y|x, H_p, T_0) = b_{>5ng} \cdot \gamma$.

Dans cette équation, $b_{>5ng}$ représente la probabilité qu'une quantité supérieure à 5 ng soit présente par présence fortuite sur le volant du véhicule et γ la probabilité de coïncidence fortuite des caractéristiques y de la trace dans la population d'intérêt.

- $P(T_0|x, H_p)$ représente la probabilité qu'aucun matériel biologique ne soit transféré pendant l'acte délictueux, connaissant les caractéristiques du profil de référence du suspect et sachant que celui-ci s'est assis au volant du véhicule volé.

En d'autres termes, il s'agit de la probabilité que pendant le contact entre le volant et le conducteur, celui-ci ne dépose pas d'ADN: aucune cellule épithéliale n'a donc été transférée, ni persistée, ni retrouvée avec succès sur le volant.

Cette probabilité dépend encore une fois des propriétés du conducteur, à savoir sa qualité de donneur en ADN (bon ou mauvais donneur), ainsi que de la qualité du récepteur (dans notre exemple, du volant de la voiture). Elle sera symbolisée par t_0 .

Concernant le **dénominateur** du rapport de vraisemblance:

- $P(y|x, H_d, T_{>5ng})$ représente la probabilité d'observer les caractéristiques de la trace indiciaire (> 5 ng d'ADN sur le volant), connaissant les caractéristiques du profil de référence du suspect, sachant que celui-ci ne s'est jamais assis au volant du véhicule volé et que le matériel biologique transféré pendant l'acte criminel a persisté et a été retrouvé avec succès par les inspecteurs.

Dans le cas où le suspect n'a effectivement pas conduit le véhicule et que la quantité d'ADN en question a été transférée pendant l'acte criminel, cela implique que ces cellules épithéliales n'étaient pas présentes sur le volant auparavant.

Il en résulte donc que $P(y|x, H_d, T_{>5ng}) = b_0 \cdot \gamma$, où b_0 est la probabilité de ne pas retrouver de l'ADN (0 ng) par présence fortuite et γ représente la probabilité de coïncidence fortuite des caractéristiques y de la trace dans la population d'intérêt.

- $P(T_{>5ng}|x, H_d)$ représente la probabilité qu'une quantité supérieure à 5 ng soit transférée, ait persisté et soit retrouvée avec succès sur le volant, connaissant les caractéristiques du profil de référence du suspect et sachant que celui-ci ne s'est jamais assis au volant du véhicule volé.

En d'autres termes, il s'agit de la probabilité qu'une quantité supérieure à 5 ng provenant du vrai auteur du vol de la voiture soit transférée, ait persisté et soit retrouvée avec succès sur le volant.

Cette probabilité dépend logiquement des propriétés de l'auteur inconnu, à savoir sa qualité de donneur en ADN (bon ou mauvais donneur), ainsi que de la qualité du récepteur (dans notre exemple, du volant de la voiture). Elle sera symbolisée par $t'_{>5ng}$.

La désignation «'» est nécessaire afin de distinguer $t_{>5\text{ng}}$ de $t'_{>5\text{ng}}$: la première probabilité décrit la probabilité de transfert d'une personne connue (à savoir la personne mise en cause), alors que la deuxième probabilité se réfère à une personne inconnue pas à disposition de l'enquête (à savoir le vrai auteur du vol, donc l'hypothèse de la défense).

- $P(y|x, H_d, T_0)$ représente la probabilité d'observer les caractéristiques de la trace indiciaire (> 5 ng d'ADN sur le volant), connaissant les caractéristiques du profil de référence du suspect et sachant que celui-ci n'a jamais conduit le véhicule volé et que pendant l'activité délictueuse aucun matériel biologique n'a été transféré.

Si cette quantité d'ADN n'a pas été transférée pendant l'acte délictueux, cela signifie que ce matériel biologique était déjà présent sur le volant. Il en résulte donc que $P(y|x, H_d, T_0) = b_{>5\text{ng}} \cdot \gamma$.

Dans cette équation, $b_{>5\text{ng}}$ représente la probabilité qu'une quantité supérieure à 5 ng soit présente par présence fortuite sur le volant du véhicule et γ la fréquence d'apparition des caractéristiques intrinsèques et extrinsèques de la trace, y .

- $P(T_0|x, H_d)$ représente la probabilité qu'aucun matériel biologique ne soit transféré, ait persisté et soit retrouvé avec succès sur le volant, connaissant les caractéristiques du profil de référence du suspect et sachant que celui-ci ne s'est pas assis au volant du véhicule volé.

En d'autres termes, il s'agit de la probabilité que pendant le contact entre le volant et le vrai auteur du vol, celui-ci ne dépose pas d'ADN: aucune cellule épithéliale n'a donc été transférée.

Cette probabilité dépend encore une fois des propriétés du vrai donneur, à savoir sa qualité de donneur en ADN (bon ou mauvais donneur), ainsi que de la qualité du récepteur (dans notre exemple, du volant de la voiture).

Elle sera symbolisée par t'_0 , et comme pour le cas précédent, afin de distinguer cette probabilité de celle du t_0 , une «'» a été introduite. Elle ne dépend pas de x .

En considérant l'ensemble de ces facteurs, le rapport de vraisemblance sus-mentionné pourra être réécrit de la façon suivante:

$$\begin{aligned}
LR &= \frac{P(E | H_p, I)}{P(E | H_d, I)} = \\
&= \frac{P(y | x, H_p, T_{>5ng}) \cdot P(T_{>5ng} | x, H_p) + P(y | x, H_p, T_0) \cdot P(T_0 | x, H_p)}{P(y | x, H_d, T_{>5ng}) \cdot P(T_{>5ng} | x, H_d) + P(y | x, H_d, T_0) \cdot P(T_0 | x, H_d)} = \\
&= \frac{b_0 \cdot t_{>5ng} + b_{>5ng} \cdot \gamma \cdot t_0}{b_0 \cdot \gamma \cdot t'_{>5ng} + b_{>5ng} \cdot \gamma \cdot t'_0}
\end{aligned}$$

Comme illustré dans cette dernière formule, afin d'évaluer l'élément de preuve au niveau de l'activité, l'expert doit donc disposer de nombreuses connaissances concernant:

- les probabilités de *transfert*, à savoir les chances que lors du contact aucune cellule épithéliale (t_0) ou une certaine quantité d'ADN ($t_{>5ng}$) soit transférée, persistée et détectée sur la surface;
- les probabilités de *bruit de fond*, c'est-à-dire les chances de ne pas retrouver de matériel biologique (b_0) ou de retrouver une certaine quantité d'ADN ($b_{>5ng}$) par présence fortuite;
- la probabilité de coïncidence fortuite des caractéristiques de la trace (γ) avec un individu pris de la population d'intérêt.

1.5.3 Le niveau 3 "crime"

À ce niveau-ci, les propositions sont formulées pour répondre aux questions d'intérêt posées par le tribunal. Elles concernent la culpabilité d'une personne et incluent bien souvent la qualification juridique. Afin d'évaluer l'élément technique à ce niveau d'hypothèse, il est nécessaire d'intégrer dans la formule paramètres (Taroni et al, 2014) comme la *pertinence* de la trace⁶, déterminer par exemple si l'indice récolté n'est pas consécutif à l'affaire et donc "précipité" sur la scène de crime par des raisons innocentes.

Cependant, afin de pouvoir formuler les hypothèses au niveau crime, l'expert doit avoir à sa disposition tout un ensemble d'informations qui ne rentre pas forcément dans son cadre de compétences. Ces informations peuvent concerner par exemple la fiabilité d'un témoignage, la pertinence de l'élément de preuve pris en considération, etc.

⁶ Par définition (Stoney, 1991), le matériel indiciaire est défini pertinent lorsqu'il provient de l'auteur du délit ou d'un objet lui appartenant, par opposition au matériel provenant du suspect arrivé sur la scène du crime pour des raisons innocentes.

Dans ce premier chapitre, nous avons offert un aperçu des formules théoriques utilisées actuellement par les scientifiques pour exprimer le rapport de vraisemblance.

De manière générale, les rapports d'analyse génétique se limitent à évaluer les résultats au niveau de la source, ou même de sous-source. Avec la volonté de monter au niveau de l'activité, il est nécessaire disposer des connaissances sur les probabilités de transfert et de bruit de fond, telles que t_0 et b_0 (aucune cellule épithéliale) et $t_{>5ng}$ et $b_{>5ng}$ (une certaine quantité d'ADN) pour pouvoir développer le rapport de vraisemblance. Les calculs pourraient devenir vite très laborieux, comme dans les cas des profils de mélange. Les modèles graphiques mettant en relation tous les différents phénomènes affectant sur l'interprétation des traces permettraient d'éviter tous ces formulations compliquées. Au-delà de cet avantage, ils permet d'établir un plan de travail expérimental ciblé sur les paramètres fondamentaux comme déjà expliqué dans l'introduction. L'architecture d'un tel modèle sera présenté dans le prochain chapitre.

Chapitre 2

Représentation schématique
du phénomène:
architecture
du réseau bayésien

2.1 INTRODUCTION

Les phénomènes pouvant entrer en jeu lors de l'étude des scénarios impliquant la présence de traces biologiques ont été brièvement illustrés dans l'introduction de cette recherche doctorale.

Il est clair que leur multitude ainsi que leur mise en relation rend encore plus complexes les tâches de réflexion du scientifique lors de l'évaluation de ce type d'indice au niveau des activités en jeu. Comment pouvons-nous identifier les paramètres-clé d'un processus si complexe?

Le premier objectif de cette recherche sera donc:



Représenter graphiquement
l'ensemble des variables intervenant
lors de l'évaluation de scénarios
incluant la présence d'une trace de contact.

2.2 CHOIX D'UN SCÉNARIO OFFRANT UNE CAPACITÉ DE GÉNÉRALISATION

Du point de vue forensique, il est possible d'envisager une multitude de scénarios différents invoquant la présence de traces d'ADN de contact.

Pour en citer quelques exemples:

- traces consécutives aux vols de véhicules ou d'autres types d'objets;
- indices de nature biologique laissées par les malfaiteurs sur les lieux des cambriolages;
- traces définissant le porteur de vêtements et le manipulateur d'autres types d'objets lors d'activités criminelles;
- transfert d'ADN de l'auteur sur la victime et vice-versa lors de cas d'agressions, ...

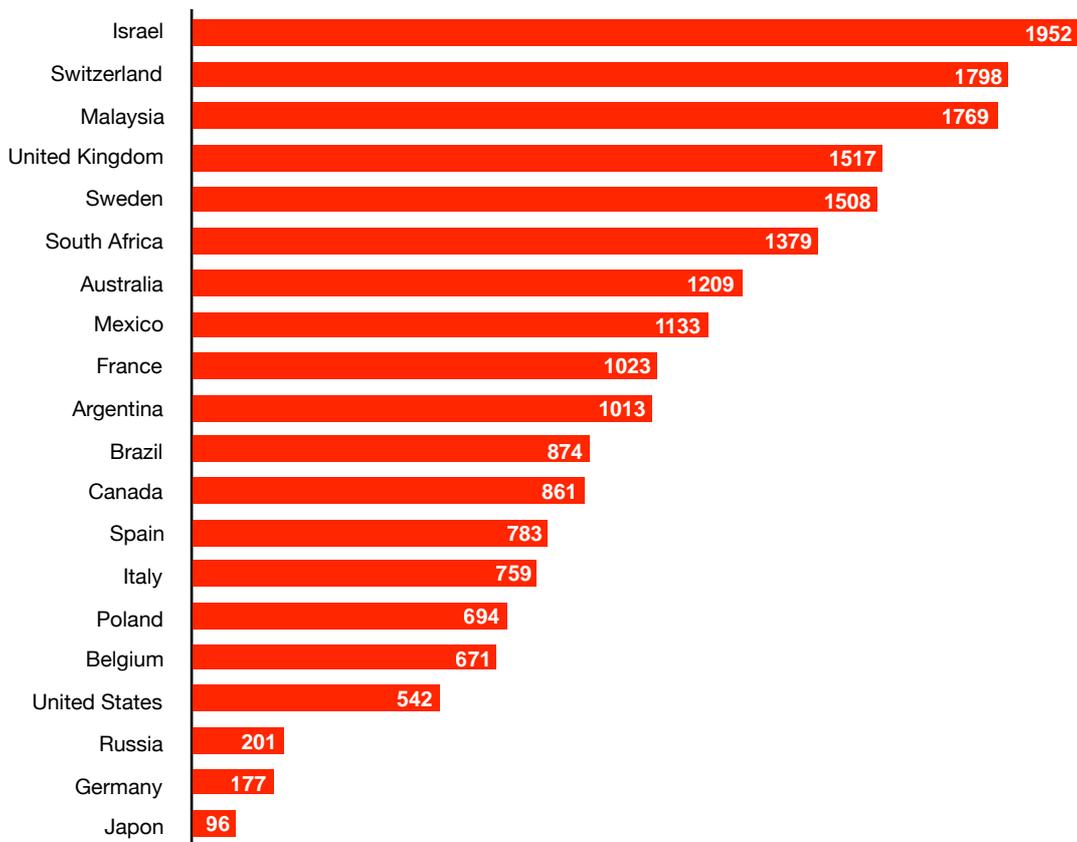
Il s'agit donc de déterminer lequel des scénarios mentionnés ci-dessus permet de représenter au mieux la problématique du domaine dans sa totalité offrant ainsi une capacité de généralisation. Il paraît évident qu'il est nécessaire de considérer une situation impliquant la présence d'un lésé.

En analysant les différents scénarios, le choix s'est porté sur les cas de vol de véhicules

car ils semblent bien satisfaire aux exigences citées pour la mise en pratique du modèle graphique. En effet, au-delà de la présence d'une victime (propriétaire de la voiture volée ou conducteur habituel), ce type de scénario nous permet de disposer de toute une série de circonstances susceptibles à correspondre aux hypothèses alternatives pouvant être légitimement offertes par la défense, à savoir:

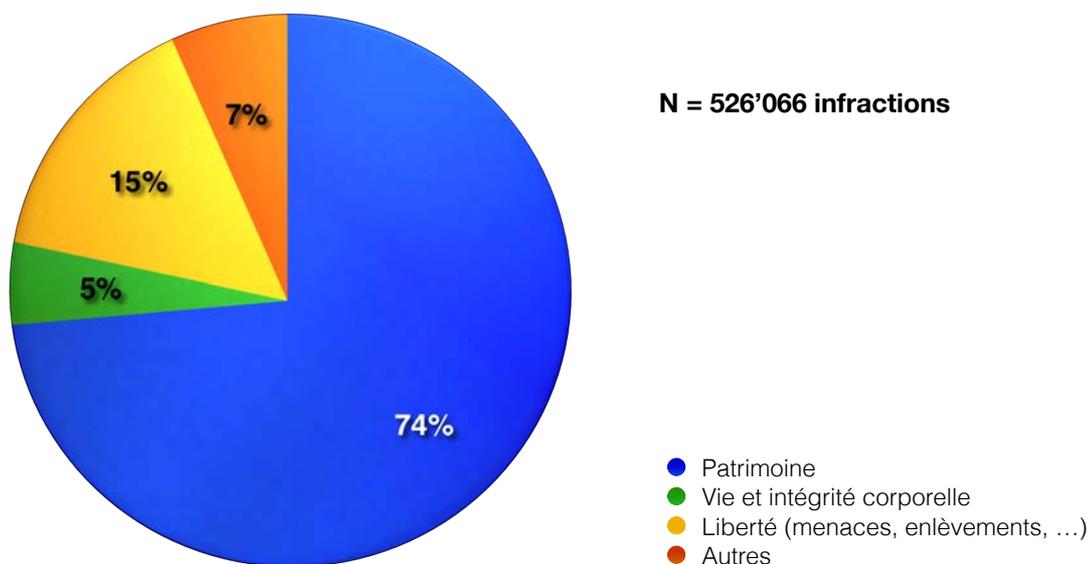
- la personne mise en cause avait déjà conduit le véhicule en question avant l'acte criminel;
- elle s'est assise dans le véhicule mais seulement en tant que passager;
- elle connaissait le propriétaire du véhicule ou l'auteur du vol, par conséquent son ADN a été transporté dans la voiture par mécanismes indirectes.

De plus, ce type de criminalité mérite d'être étudiée plus en détail car il s'agit d'une activité illicite qui touche toutes les régions du monde. Le Graphique 1 montre le nombre de véhicules volés par 100'000 véhicules immatriculés pour vingt pays en 2003. La Suisse est le deuxième pays le plus touché au monde (Stauffer et Bonfanti, 2006).



Graphique 1 (tiré de Stauffer et Bonfanti, 2006) : Nombre de véhicules volés par 100'000 véhicules immatriculés en 2003 pour vingt pays dans le monde

Les statistiques internes (Office Fédéral de la Statistique, 2015) soulignent également l'importance de cette forme de criminalité organisée: parmi les infractions contre le patrimoine (couvrant le 74% des infractions ayant eu lieu en Suisse en 2014), environ 13% des biens ciblés sont des véhicules (cf. Graphique 2 et Tableau 1). En outre, ce genre d'infraction a vu une augmentation de 8% par rapport au 2013.



Graphique 2 : Répartition des infractions commises en Suisse en 2014

Répartition des infractions contre le patrimoine					
Titres du Code pénal	2013	élucidations	2014	élucidations	différence
art. 139 vol	21'7978	16.2%	18'6708	17.8%	-14%
art. 139 vol de véhicule	4'4079	2.9%	4'7762	3.8%	+8%
art. 140 brigandage	3196	33.8%	2367	37.0%	-26%
art. 144 dommage à la propriété	4'8130	17.1%	4'6942	17.8%	-2%
art. 146 escroquerie	9304	66.3%	9563	67.8%	+3%
art. 156 extorsion et chantage	647	38.5%	773	36.1%	+19%
art. 163-171 infract. ds faillite, pours. pr dettes	830	98.1%	1005	98.1%	+21%
Total patrimoine	41'3166	17.2%	37'0445	18.4%	-10%

Tableau 1 (tiré du rapport annuel 2014 issu par l'Office Fédéral de la Statistique, 2015, page 13): Extrait des données concernant l'évolution et le taux d'élucidation des infractions contre le patrimoine

La gravité de cette infraction est bien connue, au point que le Secrétariat Général d'Interpol a créé une base de données sur les véhicules automobiles volés afin d'apporter un soutien important aux services de police des 128 pays membres dans la lutte contre le vol et le trafic international de véhicules. À la fin de l'année 2014, cette base de données contenant plus de 7.2 millions d'enregistrements avait déjà permis de retrouver plus de 132'000 véhicules automobiles déclarés volés (Interpol, 2015).

2.3 CHOIX DE L'OUTIL

Pour réaliser ce projet, il est indispensable de disposer d'un outil pouvant satisfaire deux conditions simultanément: d'un côté, il doit permettre la reconstruction du processus sous forme d'une représentation graphique, et parallèlement, il doit offrir la possibilité d'évaluer l'influence de chaque paramètre au sein du phénomène.

Le choix s'est porté sur les réseaux bayésiens, dont les avantages apportés aux différentes applications du domaine forensique sont bien connus depuis des années (Jensen, 2001; Taroni et al, 2004; Biedermann et al, 2005a et 2005b; Coquoz et al, 2013; Biedermann, 2007; Biedermann et al, 2009; Biederman et Taroni, 2012; Taroni et al, 2012; Taroni et al, 2014). Les réseaux bayésiens sont des modèles graphiques qui combinent la théorie des probabilités et la théorie des graphes (Coquoz et al, 2013). Ils présentent un potentiel indiscutable lorsqu'il s'agit d'effectuer des raisonnements de façon transparente dans des affaires complexes et caractérisées par un degré d'incertitude. Comme le nom "réseau bayésien" le suggère, le théorème de Bayes est l'outil de base sur lequel se fondent les inférences composant ce genre de modèle graphique. Les *réseaux bayésiens* (en anglais Bayesian Networks ou Bayes Nets) permettent de représenter sous forme graphique les liens de causalité et d'influence existant entre plusieurs événements. Communément appelés *variables* et décrits graphiquement par des *noeuds*, les événements peuvent prendre plusieurs valeurs, appelées *états*. Leur mise en relation s'effectue à l'aide de *flèches* ou *arcs*, dont les directions nous précisent le lien de dépendance entre les variables. Derrière chaque noeud se cache une *table de probabilités* associées à chacun des états et conditionnées en fonction des dépendances.

Pour résumer, un réseau bayésien est formé d'un ensemble de variables et de flèches qui mettent en connexion les différentes variables. Ce modèle graphique se distingue par deux niveaux de paramètres: les probabilités conditionnelles associées à chacun des noeuds du réseau représentent des paramètres de type quantitatif, alors que les arcs de connexion entre les différents noeuds ne sont rien d'autre que les paramètres qualitatifs. L'ensemble de tous les paramètres cités forment la structure d'un réseau bayésien.

Il existe deux types de noeuds. Les *noeuds parents* représentent les variables dont les probabilités sont associés aux états sans conditionnement, alors que les *noeuds enfants* sont caractérisés par des tableaux de probabilités conditionnelles en fonction des états des noeuds parents.

Comme cité précédemment, les variables sont liées entre elles à travers des connexions, représentées par des flèches orientées. Il existent trois types de connexions entre les noeuds composant un réseau bayésien:

- Connexion *sérielle*, lorsqu'une variable A influence une autre variable B qui à son tour influence une autre variable C:



Figure 4 : Exemple de connexion sérielle d'un réseau bayésien

Dans ce genre de connexion, lorsque A et C sont indépendants conditionnellement à B. En d'autres termes, si la probabilité de B est connue, alors C et A deviennent indépendantes l'une de l'autre. L'information de A passe donc uniquement si l'état de la variable B n'est pas connu.

- Connexion *divergente*, lorsqu'un noeud parent A possède plusieurs noeuds enfants B et C:

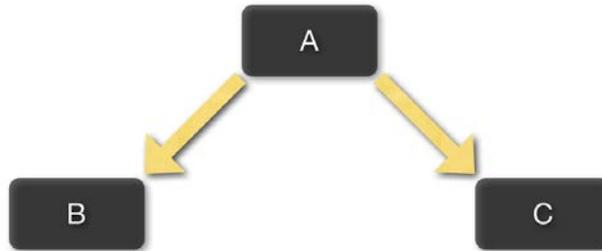


Figure 5 : Exemple de connexion divergente d'un réseau bayésien

Dans ce deuxième type de connexion, B et C sont indépendants conditionnellement à A. En d'autres termes, si la probabilité de A est connue, alors B et C deviennent indépendantes l'une de l'autre. L'échange d'information entre B et C a lieu uniquement si l'état de la variable parent A est inconnu.

- Connexion *convergente*, lorsque plusieurs variables, par exemple B et C, peuvent produire le même effet A.

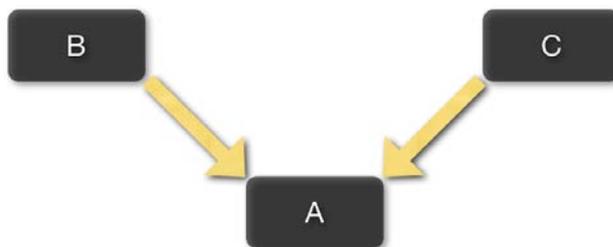


Figure 6 : Exemple de connexion convergente d'un réseau bayésien

À travers ce type de connexion, contrairement aux cas précédents, la transmission d'informations entre les noeuds parents s'effectue uniquement quand l'état de la variable réglant l'effet (A) est connu, les noeuds parents seront donc dépendants entre eux. Dans le cas contraire, les variables B et C restent indépendantes entre elles. Ce type de raisonnement, appelé *explaining away*, caractérise la connexion convergente.

2.4 EXPLICATION DES COMPOSANTS GÉNÉRIQUES

Considérons donc le scénario du vol d'un véhicule.

Quelques jours après le vol, le véhicule en question a été retrouvé et des prélèvements biologiques sont réalisés à l'intérieur de l'habitacle afin de déterminer le profil génétique de l'auteur du délit. Parallèlement, une personne est mise en cause par l'enquête.

Si la personne, noté S, est véritablement l'auteur du vol, alors il n'est pas surprenant, vu le faible délai écoulé que le profil génétique résultant de la trace indiciaire concorde avec son profil, étant donné qu'il peut être à l'origine de la trace dans la mesure où il peut transférer ce type de matériel biologique.

Parallèlement, si la personne arrêtée n'est pas impliquée dans l'affaire, cela signifie que la trace indiciaire a été déposée par une autre personne à savoir le vrai conducteur du véhicule au moment du vol, noté X, et que par coïncidence fortuite, le profil indiciaire n'est pas différentiable de celui de notre individu.

Par conséquent, en admettant la présence d'un seul auteur, il est évident que le nombre des personnes à considérer varie entre un et deux selon l'implication de la personne mise en cause: une seule personne si le suspect est véritablement la personne qui a volé et conduit le véhicule, deux personnes si le suspect est innocent et qu'un inconnu est responsable du vol.

Maintenant, il s'agit d'aborder la problématique sous une autre optique.

À l'exception des cas où la surface d'intérêt est entrée en contact uniquement avec l'auteur du vol, l'espoir de retrouver uniquement les allèles de notre auteur non mélangés à d'autres allèles étrangers est assez illusoire. Surtout si on considère le fait que dans la plupart des scénarios une victime est présente. Qu'il s'agisse d'un cas d'agression ou d'un cas de vol par effraction, il est légitime de toujours envisager la contribution de l'ADN provenant du lésé ou des lésés. Dans notre cas, il s'agit du propriétaire du véhicule volé, noté V pour victime. Par conséquent, en admettant la présence d'un seul conducteur habituel, il en résulte que le nombre de personnes à considérer peut varier entre deux et trois, selon l'implication de S.

Les schémas suivants illustrent le type de traces obtenues selon les hypothèses formulées.

La Figure 7 se réfère à deux situations distinctes, où soit le suspect S est vraiment impliqué dans l'affaire, soit il ne l'est pas. En présence d'un lésé, la trace indiciaire devrait présenter un profil de mélange composé par les allèles de la victime et ceux provenant de la source de la trace déposée lors de l'acte criminel.

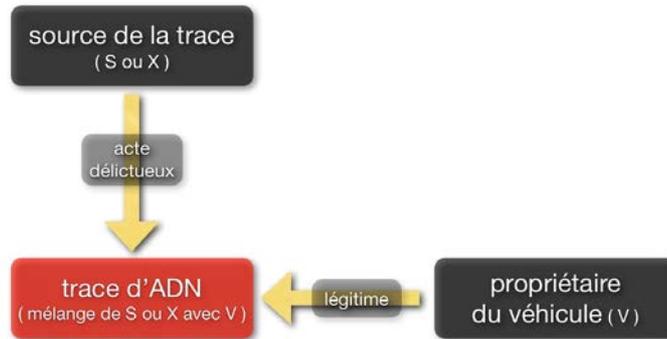


Figure 7 : Schéma illustrant le type de profil potentiel de la trace selon l'implication du suspect

Le prochain schéma (cf. Figure 8) se réfère à toutes les situations dans lesquelles S se déclare non impliqué dans les faits en examen et présente une justification quant à la présence de son ADN sur la surface. Dans ce scénario, la trace indiciaire présenterait potentiellement un profil de mélange dont les contributeurs seraient la victime, le suspect et le vrai auteur du vol.

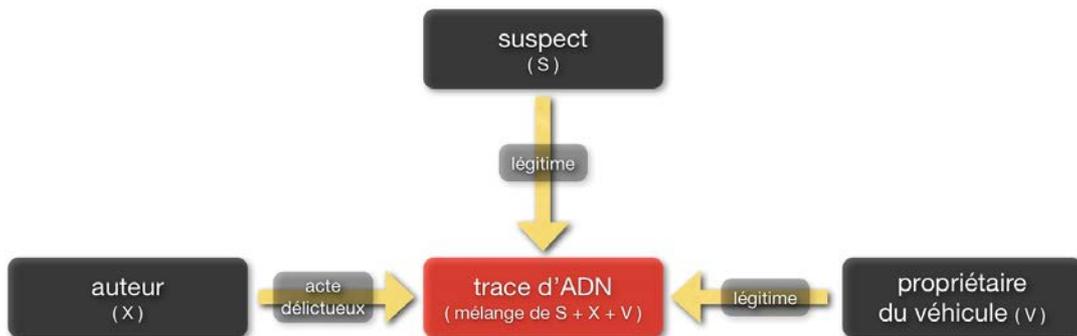


Figure 8 : Schéma illustrant le type de profil potentiel de la trace lorsque le suspect a une explication quant à la présence de son ADN dans l'habitacle

2.5 DESCRIPTION QUALITATIVE DES DEPENDANCES ENTRE LES VARIABLES

L'architecture du réseau bayésien sera donc basée sur une série de noeuds liés entre eux afin de reproduire fidèlement leur influence et leur lien réciproque (cf. Figures 9 et 10). Les noeuds à intégrer dans le modèle graphique ont été choisis selon les paramètres pris en considération de la formule utilisée pour évaluer le rapport de vraisemblance au niveau de l'activité (cf. Chapitre 1.5.2).

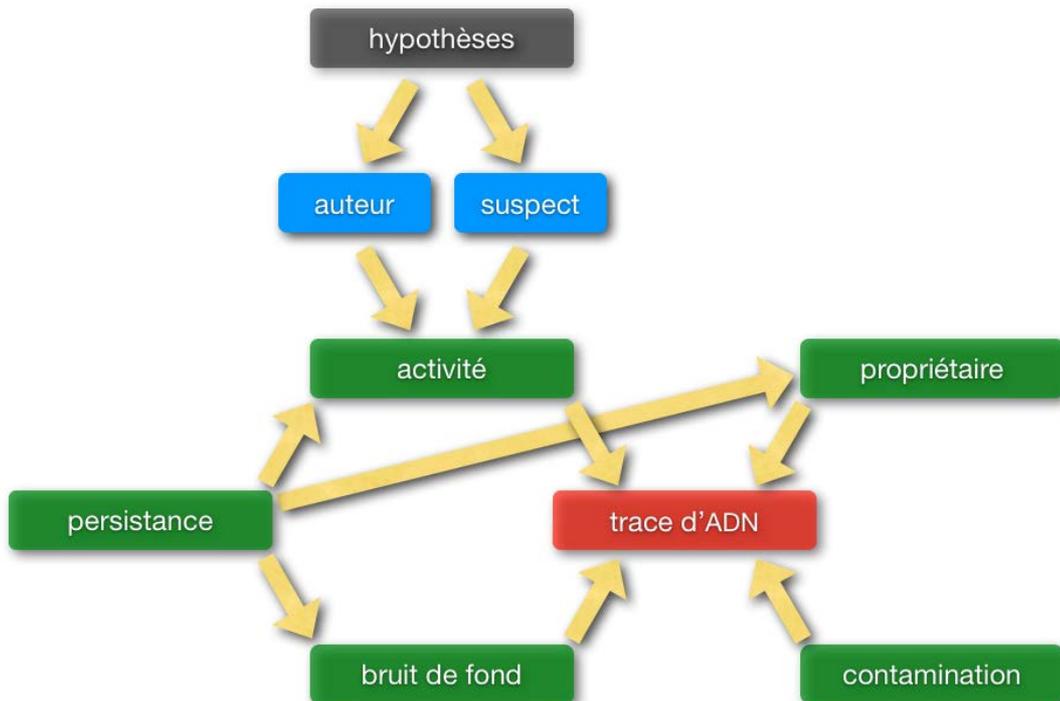


Figure 9 : Schéma illustrant la structure de base du réseau bayésien⁷

Les noeuds clé du modèle graphique comprennent:

- *Bruit de fond* ③

Il s'agit de l'ADN déjà présent sur la surface d'intérêt avant l'acte criminel, et donc avant la déposition de la trace indiciare.

- *Contamination* ④

Ceci concerne le matériel biologique déposé suite à une manipulation de la part de l'enquêteur qui a prélevé la trace sur les lieux ou du personnel travaillant dans les laboratoires de génétique forensique ou encore dans les chaînes de production des consommables.

⁷ L'utilisation des couleurs des noeuds permet de mieux visualiser le niveau des noeuds d'intérêt.

- *Propriétaire ou victime* (V)

Ce noeud représentant l'éventuelle présence de matériel biologique provenant du lésé dans l'affaire.

- *Activité* (A)

Cette variable comporte deux noeuds-parent: le conducteur du véhicule au moment du vol (X) et le suspect (S), dont la contribution à la trace finale dépendra de l'implication du suspect et donc des hypothèses formulées au départ.

En d'autres termes, ce noeud symbolise le transfert du matériel biologique ayant eu lieu pendant l'activité en investigation.

- *Persistence* (P)

Le noeud règle les conditions de stockage de la trace, entre sa déposition et son prélèvement.

Ce noeud sera lié à l'ADN transféré pendant l'activité criminelle ou non criminelle, au matériel biologique déposé par le conducteur habituel du véhicule volé ainsi qu'à l'ADN présent par hasard comme bruit de fond sur la surface du prélèvement.

- *Trace d'ADN* (E)

Ce dernier noeud représente le point d'arrivée où tous les noeuds des paramètres ayant une influence sur le type et la qualité du profil génétique de la trace convergent.

Pour simplifier la lecture, les noeuds seront symbolisés dorénavant de la façon suivante (cf. Tableau 2):

Noeud	Description des variables
H	Jeu des hypothèses à envisager
A	ADN déposé suite à l'activité
S	contribution d'ADN provenant de la personne mise en cause
X	contribution d'ADN provenant de l'auteur inconnu du vol
V	contribution d'ADN provenant du propriétaire du véhicule volé (victime)
P	ADN ayant persisté entre la déposition des traces et leur prélèvement
B	ADN présent dû au bruit de fond
C	ADN provenant des contaminations
E	Profil génétique obtenu pour la trace indiciaire

Tableau 2 : Définition des noeuds clé du réseau bayésien

Le modèle graphique prend donc cette forme simplifiée:

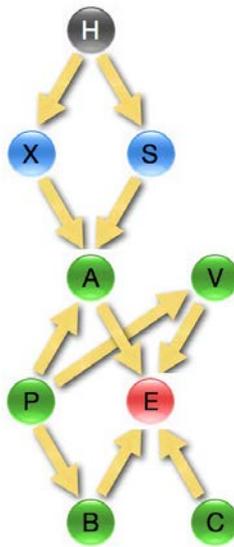


Figure 10 : Schéma illustrant la structure de base simplifiée du réseau bayésien

Il est évident que les techniques de recherche et de prélèvement de la trace ainsi que chacune des étapes caractérisant les analyses d'ADN en laboratoire ont un impact sur notre résultat final. En général, ce choix est dicté par les conditions particulières du cas et par le type de trace à analyser. En supposant que les meilleurs moyens soient toujours envisagés par les spécialistes lors d'une enquête, il semblerait que l'intégration de ces paramètres ne soit pas nécessaire et surchargerait trop le réseau bayésien. Bien évidemment, l'ajout d'un noeud supplémentaire réglant les éventuels degrés d'incertitude associés à chacune des étapes des analyses de laboratoire peut toujours être envisagé dans un second temps.

Le noeud *trace d'ADN* (E) est conditionné par quatre noeuds parents: les variables (C), (B) et (A) ainsi que la contribution d'ADN provenant de la victime du vol (V).

Etant donné que le phénomène de la persistance peut affecter le matériel biologique déposé sur les surfaces avant le prélèvement, (P) est imposé comme noeud parent à (B), (A) et (V). (C) n'est pas considéré comme un noeud enfant de (P) du moment que les éventuelles contaminations interviennent sur la trace biologiques uniquement à partir de l'instant où les premiers enquêteurs arrivent sur les lieux et recherchent les indices.

Vers le noeud (A) convergent deux noeuds, (S) et (X), représentant respectivement les contributions d'ADN provenant du suspect et du vrai auteur du vol si la personne appréhendée suite à l'enquête est innocente. Le flux d'information et donc du transfert des traces d'ADN de contact est réglé par un dernier noeud parent (H) qui représente l'ensemble des hypothèses en

jeu pour l'interprétation des éléments de preuve.

À l'exception des noeuds dédiés au jeu des hypothèses \textcircled{H} , à la cible finale \textcircled{E} et à la persistance \textcircled{P} , chacun des autres noeuds clé listés regroupe à la fois une autre série de variables. Les prochains chapitres seront consacrés à la modélisation de ces phénomènes. Dorénavant, les noeuds seront caractérisés par différentes couleurs selon leur nature, dont voici la description (cf. Tableau 3):

Couleur	Description des variables
	point de départ des différents phénomènes
	variable connue
	variable non connue
	probabilité de coïncidence fortuite associée au profil ADN
	cible finale

Tableau 3 : Définition des couleurs des noeuds du réseau bayésien

Comme mentionné précédemment, le réseau bayésien sera donc basé sur quatre parties distinctes, chacune réglant une problématique différente lors de l'exploitation des traces biologiques de contact: le bruit de fond \textcircled{B} , la contamination \textcircled{C} , la contribution d'ADN provenant de la victime \textcircled{V} ainsi que celle dérivant de l'acte criminel \textcircled{X} et \textcircled{S} .

Les parties du réseau bayésien dédiées aux phénomènes précités suivent la même structure de base. Le dernier noeud enfant nommé *matching profile* sera directement lié au noeud target final, à savoir la *trace d'ADN* \textcircled{E} .

La structure de base est représentée dans le modèle graphique suivant (cf. Figure 11):

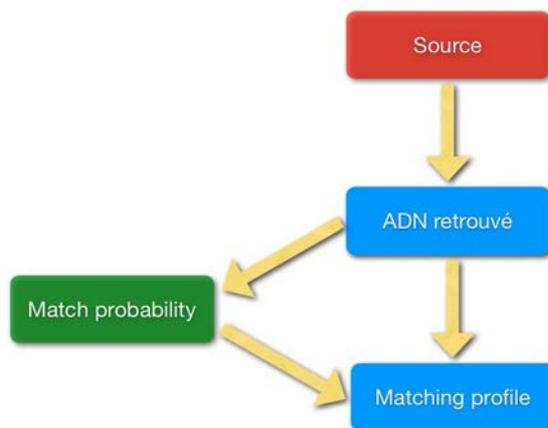


Figure 11 : Schéma illustrant la structure de base du réseau bayésien

Pour la partie consacrée à l'influence des contaminations la structure du réseau reste inchangée, l'architecture pour les autres phénomènes diffère légèrement à cause de l'ajout d'autres variables à prendre en considération: en effet, pour le matériel biologique provenant d'un événement de transfert, il est important d'intégrer également les noeuds décrivant la qualité des donneurs, l'ADN transféré lors du contact ainsi que la zone du prélèvement.

Comme illustré dans la Figure 12, les variables connues ne sont pas nombreuses et dépendent des informations circonstancielles à disposition. Les indications concernant la zone de prélèvement et le temps écoulé entre la déposition des indices et leurs prélèvements (persistance) sont normalement mises à disposition. Alors que la qualité du donneur en ADN à l'origine de la trace biologique est rarement connue.

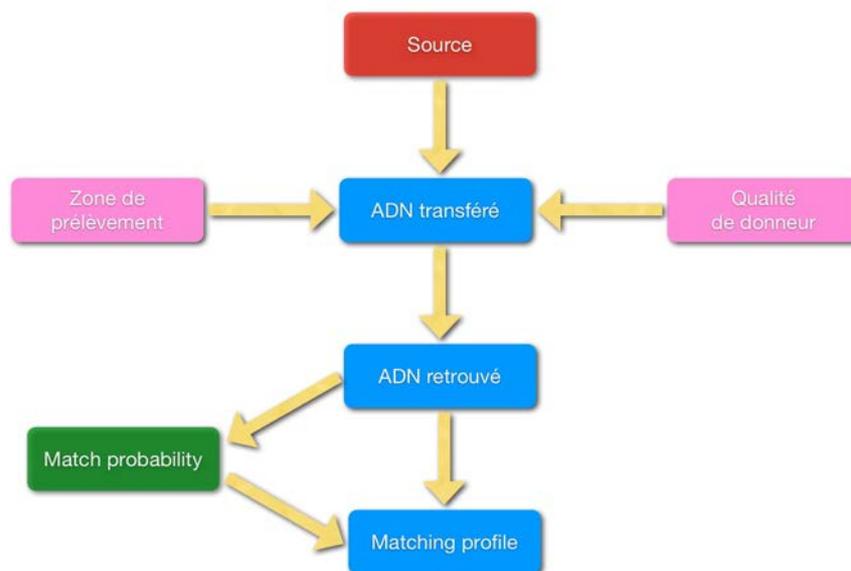


Figure 12 : Schéma illustrant la structure pour les phénomènes impliquant un transfert d'ADN

La combinaison de toutes les parties décrites jusqu'à présent permet ainsi de construire le modèle du réseau bayésien suivant (cf. Figure 13). Dans le réseau présenté, pour des soucis de clarté, ont été dessinés trois noeuds représentant la persistance © des traces. Il s'agit en réalité d'une même variable.

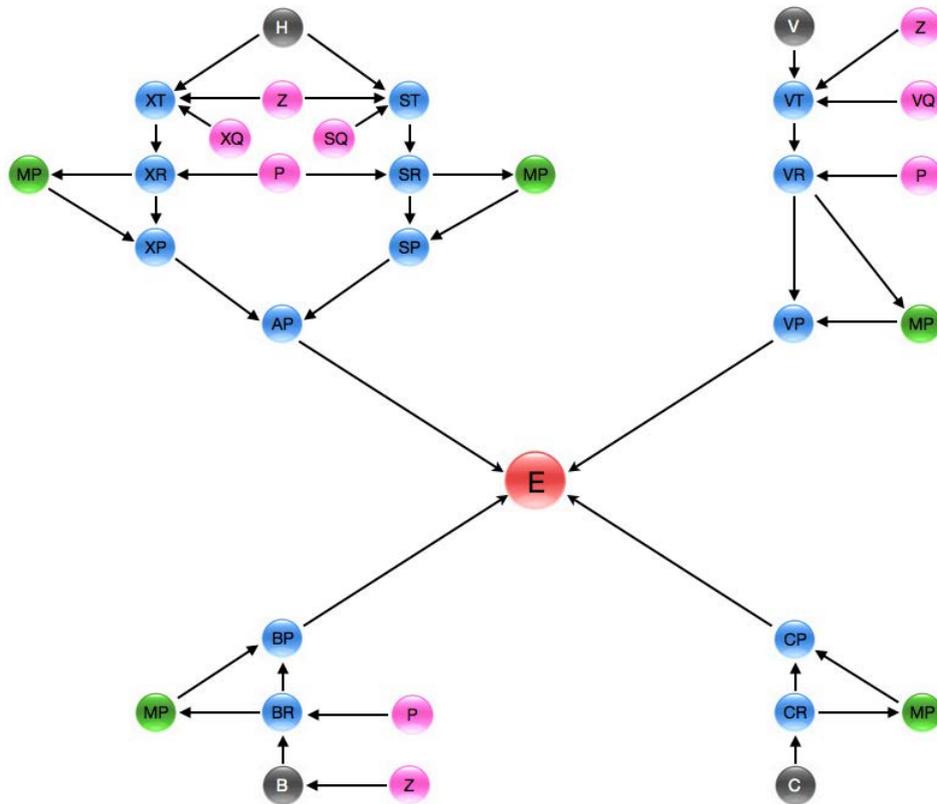


Figure 13 : Schéma illustrant le réseau bayésien pour l'exploitation des traces biologiques de contact

L'ensemble de la définition des nœuds et des états des variables est reporté dans le Tableau 4.

Noeud	Description des variables	Etats	Abrév.
H	Jeu des hypothèses à envisager concernant l'implication du suspect appréhendé	le suspect a conduit le véhicule le suspect a été un conducteur légitime le suspect a été un passager légitime une personne autre que le suspect a déposé l'ADN de ce dernier de manière indirecte le suspect n'a jamais été dans le véhicule et une autre personne inconnue l'a conduit	h ₁ h ₂ h ₃ h ₄ h ₅
ST	ADN transféré par le suspect dans le véhicule lors du contact	profil complet profil partiel CODIS profil partiel aucun profil	st ₁ st ₂ st ₃ st ₄
SR	ADN transféré par le suspect dans le véhicule lors du contact, ayant persisté et prélevé par les enquêteurs	profil complet profil partiel CODIS profil partiel aucun profil	sr ₁ sr ₂ sr ₃ sr ₄
SP	ADN transféré par le suspect dans le véhicule lors du contact, ayant persisté, prélevé par les enquêteurs et comparé avec son propre profil génétique	profil complet concordant avec S profil partiel concordant avec S profil discordant avec S aucun profil	sp ₁ sp ₂ sp ₃ sp ₄
SQ	Qualité en tant que donneur en ADN concernant le suspect	bon donneur moyen donneur mauvais donneur	sq ₁ sq ₂ sq ₃

Représentation schématique du phénomène: architecture du réseau bayésien

Noeud	Description des variables	Etats	Abrév.
XT	ADN transféré par l'auteur du vol dans le véhicule lors du contact	profil complet profil partiel CODIS profil partiel aucun profil	xt ₁ xt ₂ xt ₃ xt ₄
XR	ADN transféré par l'auteur du vol dans le véhicule lors du contact, ayant persisté et prélevé par les enquêteurs	profil complet profil partiel CODIS profil partiel aucun profil	xr ₁ xr ₂ xr ₃ xr ₄
XP	ADN transféré par l'auteur du vol dans le véhicule lors du contact, ayant persisté, prélevé par les enquêteurs et comparé avec le profil génétique du suspect	profil complet concordant avec S profil partiel concordant avec S profil discordant avec S aucun profil	xp ₁ xp ₂ xp ₃ xp ₄
XQ	Qualité en tant que donneur en ADN concernant l'auteur du vol	bon donneur moyen donneur mauvais donneur	xq ₁ xq ₂ xq ₃
AP	combinaison de l'ADN dû à l'activité, transféré par le suspect et/ou l'auteur du vol, ayant persisté, prélevé par les enquêteurs et comparé avec le profil génétique du suspect	profil complet concordant avec S profil partiel concordant avec S profil de mélange concordant avec S profil discordant avec S aucun profil	ap ₁ ap ₂ ap ₃ ap ₄ ap ₅
V	Présence d'une victime	oui non	v ₁ v ₂
VT	ADN transféré par le propriétaire dans le véhicule lors du contact	profil complet profil partiel CODIS profil partiel aucun profil	vt ₁ vt ₂ vt ₃ vt ₄
VR	ADN transféré par le propriétaire dans le véhicule lors du contact, ayant persisté et prélevé par les enquêteurs	profil complet profil partiel CODIS profil partiel aucun profil	vr ₁ vr ₂ vr ₃ vr ₄
VP	ADN transféré par le propriétaire dans le véhicule lors du contact, ayant persisté, prélevé par les enquêteurs et comparé avec le profil génétique du suspect	profil complet concordant avec S profil partiel concordant avec S profil discordant avec S aucun profil	vp ₁ vp ₂ vp ₃ vp ₄
VQ	Qualité en tant que donneur en ADN concernant le propriétaire du véhicule	bon donneur moyen donneur mauvais donneur	vq ₁ vq ₂ vq ₃
B	Présence d'ADN dû au bruit de fond	oui non	b ₁ b ₂
BR	ADN dû au bruit de fond persisté, retrouvé et prélevé avec la trace par les enquêteurs	profil complet profil partiel CODIS profil partiel aucun profil	br ₁ br ₂ br ₃ br ₄
BP	ADN dû au bruit de fond persisté, retrouvé et prélevé avec la trace, comparé avec le profil génétique du suspect	profil complet concordant avec S profil partiel concordant avec S profil discordant avec S aucun profil	bp ₁ bp ₂ bp ₃ bp ₄
C	Présence d'ADN dû aux contaminations	oui non	c ₁ c ₂
CR	ADN dû aux contaminations retrouvé dans la trace analysée	profil complet profil partiel CODIS profil partiel aucun profil	cr ₁ cr ₂ cr ₃ cr ₄
CP	ADN dû aux contaminations retrouvé dans la trace analysée et comparé avec le profil génétique du suspect	profil complet concordant avec S profil partiel concordant avec S profil discordant avec S aucun profil	cp ₁ cp ₂ cp ₃ cp ₄

Noeud	Description des variables	Etats	Abrév.
Z	Zone du prélèvement de la trace	appui-tête vitre de la fenêtre (côté du conducteur) frein à main levier de vitesse poignée de porte (côté du conducteur) volant	Z ₁ Z ₂ Z ₃ Z ₄ Z ₅ Z ₆
P	Persistence de la trace: entre la déposition et le prélèvement de la trace	situation favorable situation défavorable	p ₁ p ₂
MP	Probabilité de coïncidence fortuite	match non match	mp ₁ mp ₂
E	ADN de la trace indiciaire	profil complet concordant avec S profil partiel concordant avec S mélange S + X + V mélange S + X mélange S + V mélange S + <i>fraction inconnue</i> mélange S + X + V + <i>fraction inconnue</i> mélange S + X + <i>fraction inconnue</i> mélange S + V + <i>fraction inconnue</i> profil discordant avec S mélange discordant avec S aucun profil	e ₁ e ₂ e ₃ e ₄ e ₅ e ₆ e ₇ e ₈ e ₉ e ₁₀ e ₁₁ e ₁₂

Tableau 4 : Définition des noeuds et des états des variables utilisés dans le réseau bayésien pour l'exploitation des traces biologiques de contact⁸

2.6 DESCRIPTION DES PROBABILITES ASSOCIEES AUX ETATS DES NOEUDS

Le chapitre précédent a été consacré à la description des relations entre les différentes variables. Il s'agit maintenant de se focaliser sur les tableaux des probabilités conditionnelles de chacun des noeuds.

- *Noeud H: Jeu des hypothèses à envisager concernant l'implication ou non de la personne mise en cause*

S'agissant d'un noeud parent, le tableau des probabilités de cette variable est composé par les chances qui seront distribuées par l'utilisateur en fonction de l'affaire en question et des informations circonstancielles mises à disposition (Buckleton et al, 2006) sans disposer des résultats expérimentaux. En d'autres termes, il s'agit des probabilités à priori (cf. Chapitre 1.3). Dans le cadre de travail toutefois, les assigna-

⁸ *Définitions:*

Un profil est défini comme "complet" si des allèles sont valides pour chacun des marqueurs analysés. Dans le cadre de cette recherche, le kit d'amplification utilisé est l'*AmpFℓSTR® SGM Plus PCR Amplification kit* d'Applied Biosystems (10 loci + amélogénine). Afin de remplir les conditions pour l'insertion dans la base de données nationale CODIS, un profil simple doit présenter au moins six loci alors que pour les profils de mélange huit loci au minimum sont nécessaires.

La définition des donneurs en ADN est compliquée, ce sujet sera traité dans le chapitre 4.3. De manière générale, en terme de quantité, un bon donneur a la capacité de déposer beaucoup d'ADN alors qu'un mauvais donneur transfère très peu de matériel biologique, un moyen donneur se trouve entre ces deux catégories.

tions n'ont pas d'impact car vont être explorés séparément tous les couples de propositions, ainsi ces probabilités initiales à priori n'ont pas d'impact, car la focalisation sera faite uniquement sur les rapports de vraisemblance pour chaque couple de propositions considéré.

- *Noeud SQ: Qualité du suspect en tant que donneur en ADN*

Dans ce cas, également la variable "qualité du donneur" est représentée par un noeud parent.

Par conséquent, les probabilités inscrites dans le tableau de probabilités sont non conditionnées par d'autres paramètres.

- *Noeud ST: ADN transféré par le suspect lors du contact*

Dans le cadre de cette variable, le matériel biologique transféré à partir des mains et du corps du suspect sur les parties du véhicule dépendra directement des états de trois variables, à savoir le scénario envisagé, les surfaces cibles touchées à l'intérieur de l'habitacle du véhicule et la qualité du donneur en question.

En sachant que le suspect appréhendé a véritablement conduit le véhicule pendant ou avant le vol, la qualité et la quantité d'ADN transféré lors du contact sera conditionnée par la qualité de donneur en ADN du suspect et la nature des zones des prélèvements. Les habitudes de conduite peuvent changer parmi les conducteurs: pour en citer quelques exemples, certains conducteurs n'utilisent jamais le frein à main et ne s'appuient pas sur l'appui-tête.

Par contre, sous les hypothèses que le suspect n'a jamais été physiquement dans le véhicule, ce facteur n'est pas déterminant. En effet, du moment que le contact physique entre la personne et l'habitacle ne peut avoir lieu, quelque soit la zone du prélèvement, $P (ST|Z, SQ, \neg H)$ sera toujours zéro.

Dans les cas où le contact n'est pas réalisé, le suspect ne peut pas transférer son propre matériel biologique à l'intérieur de la voiture (exception fait pour le scénario qui envisage un transfert indirect). Que le donneur soit un bon donneur en ADN ou pas, les probabilités qu'il ait transféré de l'ADN sur les surfaces cibles sans qu'il y ait eu un contact direct, $P (ST|\neg H, SQ)$ et $P (ST|\neg H, \neg SQ)$, valent donc zéro.

En admettant que le sujet ait vraiment touché les différentes parties de l'habitacle du véhicule, l'ADN qui a été transféré pendant ce laps de

temps dépendra de la capacité de la personne en question à déposer ses cellules cutanées, donc de sa qualité en tant que donneur en ADN.

- *Noeud SR: ADN transféré par le suspect lors du contact, ayant persisté et prélevé par les enquêteurs*

Le tableau des probabilités est ici composé par quatre probabilités conditionnelles.

L'ADN prélevé par les enquêteurs, présenté par le noeud nommé *SR*, est en effet conditionné par le phénomène de la persistance *P* et logiquement de l'ADN qui a initialement été transféré sur les surfaces cibles *ST*.

Dans un cas idéal, les intervenants sur les lieux retrouvent exactement la même quantité et qualité d'ADN déposé par le malfaiteur au moment des faits. Ceci implique que les techniques de prélèvement utilisée permettent un rendement de 100% sans aucune perte de cellules et parallèlement se justifie si la trace biologique a été conservée dans un milieu environnemental parfait de façon à ce que ni la qualité ni la quantité initiale n'aient été compromises.

Cependant, il est plus réaliste d'envisager une perte dont l'importance dépendra des facteurs de stockage des indices matérielles.

Auparavant, nous avons précisé que les performances des techniques de récolte des traces n'ont pas été prises en considération lors de cette recherche doctorale. Cependant, il est toujours possible d'ajouter un noeud au réseau bayésien si on désire intégrer cette variable lors de l'interprétation des résultats.

- *Noeud SP: ADN transféré par le suspect dans le véhicule lors du contact, ayant persisté, prélevé par les enquêteurs et comparé avec son propre profil génétique*

Ce dernier noeud concernant la contribution du matériel biologique provenant du suspect appréhendé décrit l'ADN retrouvé par les enquêteurs qui suite aux analyses et à l'interprétation résulte non différentiable du profil génétique du sujet en question.

Les probabilités complétant le tableau des probabilités de cette variable sont donc conditionnées en premier lieu par les probabilités de coïncidence fortuite et ensuite également par la quantité et la qualité de cet ADN prélevé et analysé.

Les relations entre les différentes variables concernant le vrai auteur du vol X et le propriétaire V sont les mêmes que celles décrites pour le cas du suspect appréhendé au cours de l'enquête.

Pour les variables concernant le phénomène du bruit de fond, nous avons:

- *Noeud B: Présence d'ADN dû au bruit de fond*
Ce noeud représente la présence de matériel biologique dû au bruit de fond, c'est-à-dire l'ADN qui était déjà présent sur les surfaces cibles avant la déposition de la trace par le malfaiteur ou les personnes désignées.
N'étant conditionné que par la variable concernant la zone du prélèvement, les probabilités expriment les chances de retrouver ce dit ADN ou pas selon la surface cible envisagée.
- *Noeud BR: ADN dû au bruit de fond retrouvé et prélevé avec la trace*
Voir annotations exposées pour le noeud *SR*.
- *Noeud BP: ADN dû au bruit de fond ayant persisté, retrouvé, prélevé avec la trace et comparé avec le profil génétique du suspect*
Voir annotations exposées pour le noeud *SP*.

Le phénomène des contaminations provenant lors du prélèvement et des étapes d'analyse en laboratoire des traces voit la combinaison suivante des noeuds:

- *Noeud C: Présence d'ADN dû aux contaminations*
Ce noeud gère la présence ou l'absence de matériel biologique dû aux contaminations. S'agissant d'un noeud non conditionné par d'autres variables, les deux probabilités inscrites dans le tableau des probabilités associé ne sont pas conditionnées.
- *Noeud CR: ADN dû aux contaminations retrouvé dans la trace analysée*
Voir annotations exposées pour le noeud *SR*.
- *Noeud CP: ADN dû aux contaminations retrouvé dans la trace analysée et comparé avec le profil génétique du suspect*
Voir annotations exposées pour le noeud *SP*.

Ils restent trois variables liées chacune aux noeuds des différents phénomènes, à savoir les noeuds Z , P et MP .

Les variables Z et P sont schématisées par deux noeuds parents dont les probabilités peuvent être évaluées subjectivement par l'utilisateur ou attribuées selon les valeurs éventuel-

lement publiées dans les articles forensiques. Le noeud *MP* quant à lui regroupe les probabilités de coïncidence fortuite avec le profil génétique du suspect en tenant en compte de la qualité du matériel biologique retrouvé (profil de type partiel, complet, etc).

Le Tableau 5 résume tous les noeuds figurant dans le réseau bayésien ainsi que leurs relations avec d'autres variables et les probabilités inscrites dans leurs tableaux.

Noeud	Description des variables	Conditionné par	Probabilités
H	Jeu des hypothèses à envisager concernant l'implication du suspect appréhendé	noeud parent	$P(H)$
ST	ADN transféré par le suspect dans le véhicule lors du contact	H, Z, SQ	$P(ST Z, SQ, H)$, $P(ST \neg Z, SQ, H)$, $P(ST Z, \neg SQ, H)$, $P(ST \neg Z, \neg SQ, H)$, $P(ST Z, SQ, \neg H)$, $P(ST \neg Z, SQ, \neg H)$, $P(ST Z, \neg SQ, \neg H)$, $P(ST \neg Z, \neg SQ, \neg H)$
SR	ADN transféré par le suspect dans le véhicule lors du contact, ayant persisté et prélevé par les enquêteurs	ST, P	$P(SR ST, P)$, $P(SR \neg ST, P)$, $P(SR ST, \neg P)$, $P(SR \neg ST, \neg P)$
SP	ADN transféré par le suspect dans le véhicule lors du contact, ayant persisté, prélevé par les enquêteurs et comparé avec son propre profil génétique	SR, MP	$P(SP SR, MP)$, $P(SP \neg SR, MP)$, $P(SP SR, \neg MP)$, $P(SP \neg SR, \neg MP)$
SQ	Qualité en tant que donneur en ADN concernant le suspect	noeud parent	$P(SQ)$
XT	ADN transféré par l'auteur du vol dans le véhicule lors du contact	H, Z, XQ	$P(XT Z, XQ, H)$, $P(XT \neg Z, XQ, H)$, $P(XT Z, \neg XQ, H)$, $P(XT \neg Z, \neg XQ, H)$, $P(XT Z, XQ, \neg H)$, $P(XT \neg Z, XQ, \neg H)$, $P(XT Z, \neg XQ, \neg H)$, $P(XT \neg Z, \neg XQ, \neg H)$
XR	ADN transféré par l'auteur du vol dans le véhicule lors du contact, ayant persisté et prélevé par les enquêteurs	XT, P	$P(XR XT, P)$, $P(XR \neg XT, P)$, $P(XR XT, \neg P)$, $P(XR \neg XT, \neg P)$
XP	ADN transféré par l'auteur du vol dans le véhicule lors du contact, ayant persisté, prélevé par les enquêteurs et comparé avec le profil génétique du suspect	XR, MP	$P(XP XR, MP)$, $P(XP \neg XR, MP)$, $P(XP XR, \neg MP)$, $P(XP \neg XR, \neg MP)$
XQ	Qualité en tant que donneur en ADN concernant l'auteur du vol	noeud parent	$P(XQ)$
AP	combinaison de l'ADN dû à l'activité, transféré par le suspect et/ou l'auteur du vol, ayant persisté, prélevé par les enquêteurs et comparé avec le profil génétique du suspect	SP, XP	$P(API XP, SP)$, $P(API \neg XP, SP)$, $P(API XR, \neg SP)$, $P(API \neg XR, \neg SP)$
V	Présence d'une victime	noeud parent	$P(V)$
VT	ADN transféré par le propriétaire dans le véhicule lors du contact	Z, VQ	$P(VT Z, VQ)$, $P(VT \neg Z, VQ)$, $P(VT Z, \neg VQ)$, $P(VT \neg Z, \neg VQ)$
VR	ADN transféré par le propriétaire dans le véhicule lors du contact, ayant persisté et prélevé par les enquêteurs	VT, P	$P(VR VT, P)$, $P(VR \neg VT, P)$, $P(VR VT, \neg P)$, $P(VR \neg VT, \neg P)$
VP	ADN transféré par le propriétaire dans le véhicule lors du contact, ayant persisté, prélevé par les enquêteurs et comparé avec le profil génétique du suspect	VR, MP	$P(VP VR, MP)$, $P(VP \neg VR, MP)$, $P(VP VR, \neg MP)$, $P(VP \neg VR, \neg MP)$
VQ	Qualité en tant que donneur en ADN concernant le propriétaire du véhicule	noeud parent	$P(VQ)$

Noeud	Description des variables	Conditionné par	Probabilités
B	Présence d'ADN dû au bruit de fond	Z	$P(B Z), P(B \neg Z)$
BR	ADN dû au bruit de fond persisté, retrouvé et prélevé avec la trace par les enquêteurs	B, P	$P(BR B, P), P(BR \neg B, P),$ $P(BR B, \neg P), P(BR \neg B, \neg P)$
BP	ADN dû au bruit de fond persisté, retrouvé et prélevé avec la trace, comparé avec le profil génétique du suspect	BR, MP	$P(BP BR, MP), P(BP \neg BR, MP),$ $P(BP BR, \neg MP), P(BP \neg BR, \neg MP)$
C	Présence d'ADN dû aux contaminations	noeud parent	$P(C)$
CR	ADN dû aux contaminations retrouvé dans la trace analysée	C, P	$P(CR C), P(CR \neg C)$
CP	ADN dû aux contaminations retrouvé dans la trace analysée et comparé avec le profil génétique du suspect	CR, MP	$P(CP CR, MP), P(CP \neg CR, MP),$ $P(CP CR, \neg MP), P(CP \neg CR, \neg MP)$
Z	Zone du prélèvement de la trace	noeud parent	$P(Z)$
P	Persistance de la trace: entre la déposition et le prélèvement de la trace	noeud parent	$P(P)$
MP	Probabilité de coïncidence fortuite	SR, XR, VR, BR ou CR	$P(MP SR)$
E	ADN de la trace indiciaire	AP, VP, BP, CP	$P(E AP, VP, BP, CP)$ $P(E \neg AP, VP, BP, CP)$ $P(E AP, \neg VP, BP, CP)$ $P(E AP, VP, \neg BP, CP)$ $P(E AP, VP, BP, \neg CP)$ $P(E \neg AP, \neg VP, BP, CP)$ $P(E \neg AP, VP, \neg BP, CP)$ $P(E \neg AP, VP, BP, \neg CP)$ $P(E AP, \neg VP, \neg BP, CP)$ $P(E AP, \neg VP, BP, \neg CP)$ $P(E AP, VP, \neg BP, \neg CP)$ $P(E \neg AP, \neg VP, \neg BP, CP)$ $P(E \neg AP, VP, \neg BP, \neg CP)$ $P(E AP, \neg VP, \neg BP, \neg CP)$ $P(E \neg AP, \neg VP, BP, \neg CP)$ $P(E \neg AP, \neg VP, \neg BP, \neg CP)$

Tableau 5 : Définition des noeuds et des probabilités caractérisant leurs états

Le réseau bayésien présente donc à la fois un modèle graphique offrant la possibilité de visualiser et structurer nos connaissances en ce qui concerne les liens de causalité entre les différents paramètres en jeu et un modèle probabiliste réunissant les paramètres à assigner à partir de données issues d'articles scientifiques ou estimées sur la base de notre appréciation personnelle lorsque ces valeurs sont manquantes.

Cette combinaison fait des réseaux bayésiens des outils faciles et idéaux pour la compréhension et l'étude d'un phénomène aussi complexe que celui de l'exploitation des traces biologiques. Ces avantages offerts par les réseaux bayésiens joueront un rôle fondamental dans le prochain chapitre qui sera dédié à la paramétrisation du modèle graphique construit.

Chapitre 3

Paramétrisation initiale et évaluation de l'impact des paramètres sur la valeur indiciale

Allard Beutel

*"All I can tell you is that it will have an impact. But how much of an impact, we just don't know yet.
We're in the early stages of trying to figure all that out."*

3.1 INTRODUCTION

La première partie de cette recherche a été consacrée à l'élaboration d'un modèle graphique dans le but d'évaluer les résultats d'un profil génétique issu à partir d'une trace biologique. Evidemment, l'architecture du réseau bayésien présenté dans le chapitre précédent n'est que préliminaire. En effet, des légères modifications ont été apportées à ce design initial afin d'en améliorer le modèle graphique, ces changements seront illustrés dans le chapitre 5.2 après l'acquisition des données expérimentales. Il s'agit maintenant de paramétrer et exploiter ce modèle graphique préliminaire pour déterminer lesquels parmi les paramètres insérés du réseau bayésien, mis en évidence à l'aide de la littérature, méritent d'être complétés par une acquisition de données expérimentales. C'est donc une sorte de paramétrisation initiale, indispensable pour orienter la recherche.



*Paramétrer initialement et exploiter
le modèle graphique construit
afin d'évaluer l'impact des noeuds-clé
sur la force d'indice du profil résultant de la trace.*

Un des avantages offerts par les modèles graphiques est la simplicité et la rapidité des démarches lors de la recherche des variables ayant le plus d'impact sur le résultat final. Même sans disposer de valeurs chiffrées basées sur un corpus d'observations, il suffira de simuler une gamme de valeurs raisonnables à insérer dans les tableaux de probabilités afin de déterminer l'importance de chaque paramètre: lorsque l'influence est minimale, voire négligeable même en fixant les valeurs sur des limites extrêmes, le paramètre en question ne représentera pas une priorité lors de la partie expérimentale de la recherche.

Il s'agira dans un premier temps de se focaliser sur les noeuds de l'activité et de la persistance ainsi que sur tous les paramètres mis en relation avec ces derniers. Ensuite, l'attention sera focalisée sur l'impact de la contamination et du bruit de fond sur le résultat final.

Au cours d'un procès, la défense évoque généralement la non-implication de son client en se basant sur le concept de coïncidence fortuite. Mais elle pourrait tout autant expliquer la présence de l'ADN de son client par un contact antécédent au crime ou encore par un transfert secondaire ou tertiaire. Elle pourrait également invoquer des erreurs de laboratoire ou des contaminations. Dans toutes ces situations, apprécier la force d'indice de la trace pourrait s'avérer être une tâche plus complexe que le calcul habituel, au niveau de la source, de la probabilité de coïncidence fortuite.

Comme expliqué précédemment, le réseau bayésien élaboré dans cette recherche permettra d'observer non seulement l'influence des différents paramètres (transfert, persistance, bruit de fond et contamination), mais il servira également à évaluer l'impact des hypothèses formulées sur le rapport de vraisemblance final.

3.2 DESCRIPTION QUANTITATIVE DES DEPENDANCES ENTRE LES VARIABLES

Cette partie du chapitre est exclusivement dédiée à la paramétrisation du réseau, soit aux probabilités conditionnelles ou non associées à chaque noeud.

Les valeurs pouvant être extraites des recherches traitant du sujet de l'exploitation des traces de contact dans les véhicules afin d'estimer le taux d'obtention des différents types de profil selon la zone du prélèvement (Pizzamiglio et al, 2004; Lenz et al, 2006; Borde, 2008; Ishiko et al, 2008) seront utilisées et intégrées dans le réseau bayésien. En l'absence de données chiffrées, une estimation des valeurs à insérer dans les tableaux des probabilités conditionnelles sera réalisée selon notre appréciation personnelle.

3.2.1 Les variables relatives au propriétaire du véhicule

Différentes études ont été entreprises relatives à l'étude de la qualité des donneurs, cependant à cause de l'hétérogénéité des résultats publiés (van Oorschot et Jones, 1997; Wiegand et Kleiber, 1997; Lowe et al, 2002; Wickenheiser, 2002; Alessandrini et al, 2003; Balogh et al, 2003; Lowe et al, 2003; Pesaresi et al, 2003; van Oorschot et al, 2003; Yee, 2004; Phipps et Petricevic, 2007; Djuric et al, 2008; Farnen et al, 2008a), il a été jugé préférable de considérer les différents types de donneurs comme équiprobables (cf. Tableau 6).

Qualité en tant que donneur en ADN	Noeud VQ
<i>P (bon donneur)</i>	0.333
<i>P (moyen donneur)</i>	0.333
<i>P (mauvais donneur)</i>	0.333

Tableau 6 : Tableau des probabilités pour les états de la variable VQ

Même si les résultats des études publiées sont souvent contradictoires, une réflexion commune se dégage: les mauvais donneurs en ADN ont une capacité à déposer leur propre ADN lors des contacts inférieure à celle des bons ou moyens donneurs en ADN. La probabilité qu'une personne transfère de l'ADN sur une surface selon ses capacités de donneur en ADN a donc été évaluée selon l'appréciation de la soussignée. Par exemple, lorsqu'un bon donneur en ADN dépose du matériel biologique, dans 80% des cas le profil génétique mis en évidence pour la trace sera complet et dans les 20% restants, partiel. Pour les mauvais donneurs la tendance a été renversée alors que pour les moyens donneurs les valeurs sont plus partagées.

En ce qui concerne la valeur a dans le Tableau 7, il s'agit de la probabilité de ne retrouver aucun profil exploitable lors des analyses des échantillons prélevés à l'intérieur des véhicules sur les différentes zones d'intérêt.

ADN transféré par le propriétaire dans le véhicule			Noeud VT
VQ	<i>bon</i>	<i>moyen</i>	<i>mauvais</i>
<i>complet</i>	$0.8 \cdot (1-a)$	$0.3 \cdot (1-a)$	$0.1 \cdot (1-a)$
<i>CODIS</i>	$0.1 \cdot (1-a)$	$0.5 \cdot (1-a)$	$0.1 \cdot (1-a)$
<i>partiel</i>	$0.1 \cdot (1-a)$	$0.2 \cdot (1-a)$	$0.8 \cdot (1-a)$
<i>aucun profil</i>	a	a	a

Tableau 7 : Tableau des probabilités pour les états de la variable VT

À notre connaissance, il n'y a qu'une étude qui a traité de façon exhaustive des traces de contact prélevées dans l'habitacle des voitures. Lenz et al. en 2006 ont publié dans l'*International Congress Series* une étude traitant de l'exploitation de 241 échantillons prélevés dans les véhicules. Le tableau suivant résume les résultats obtenus par les auteurs de l'étude:

Zone du prélèvement	Noeud Z
<i>P (aucun profil appui-tête)</i>	0
<i>P (aucun profil vitre de la fenêtre du côté du conducteur)</i>	0.75
<i>P (aucun profil frein à main)</i>	0.5
<i>P (aucun profil levier de vitesse)</i>	0.435
<i>P (aucun profil poignée de porte du côté du conducteur)</i>	0.688
<i>P (aucun profil volant)</i>	0.316

Tableau 8 (tiré de Lenz et al, 2006): Tableau des probabilités pour la valeur a

En combinaison, le tableau de probabilités du noeud VT prend alors la forme suivante en fonction des surfaces considérées:

ADN transféré par le propriétaire dans le véhicule				Noeud VT					
Z	<i>appui-tête</i>			<i>vitre de la fenêtre</i>			<i>frein à main</i>		
VQ	<i>bon</i>	<i>moyen</i>	<i>mauvais</i>	<i>bon</i>	<i>moyen</i>	<i>mauvais</i>	<i>bon</i>	<i>moyen</i>	<i>mauvais</i>
<i>complet</i>	0.7992	0.2997	0.0999	0.2	0.075	0.025	0.4	0.15	0.05
<i>CODIS</i>	0.0999	0.4995	0.0999	0.025	0.125	0.025	0.05	0.25	0.05
<i>partiel</i>	0.0999	0.1998	0.7992	0.025	0.05	0.2	0.05	0.1	0.4
<i>aucun profil</i>	0.001	0.001	0.001	0.75	0.75	0.75	0.5	0.5	0.5
Z	<i>levier de vitesse</i>			<i>poignée de porte</i>			<i>volant</i>		
VQ	<i>bon</i>	<i>moyen</i>	<i>mauvais</i>	<i>bon</i>	<i>moyen</i>	<i>mauvais</i>	<i>bon</i>	<i>moyen</i>	<i>mauvais</i>
<i>complet</i>	0.452	0.1695	0.0565	0.2496	0.0936	0.0688	0.5472	0.2052	0.0316
<i>CODIS</i>	0.0565	0.2825	0.0565	0.0688	0.156	0.0688	0.0316	0.342	0.0316
<i>partiel</i>	0.0565	0.113	0.452	0.0688	0.0624	0.2496	0.0316	0.1368	0.5472
<i>aucun profil</i>	0.435	0.435	0.435	0.688	0.688	0.688	0.316	0.316	0.316

Tableau 9 : Tableau des probabilités pour les états de la variable VT

Le noeud relatif à la persistance est de type parent, par conséquent son tableau de probabilité est constitué uniquement de deux probabilités non conditionnées. Comme peu de

recherches expérimentales existe à ce sujet, seuls deux états ont été envisagés: un état décrivant une situation favorable de stockage de l'ADN transféré précédemment, et un second état indiquant la situation contraire donc défavorable. Les deux états ont été jugés équiprobables (cf. Tableau 10). Dans les fait, cet état sera renseigné lorsque le cas le permet à travers les informations circonstancielle. Leur assignation dépendra du cas d'espèce.

Persistance	Noeud P
<i>P (situation favorable)</i>	0.5
<i>P (situation défavorable)</i>	0.5

Tableau 10 : Tableau des probabilités pour les états de la variable P

Le prochain noeud traite du matériel biologique retrouvé et prélevé à l'intérieur de la voiture en question qui a été transféré par le propriétaire. Cet ADN (son profil) est conditionné par deux autres variables, à savoir la persistance et l'ADN transféré:

ADN transféré par le propriétaire dans le véhicule lors du contact, ayant persisté et prélevé par les enquêteurs								Noeud VR	
P	situation favorable				situation défavorable				
	complet	CODIS	partiel	aucun profil	complet	CODIS	partiel	aucun profil	
complet	0.8	0	0	0	0.6	0	0	0	
CODIS	0.1	0.8	0	0	0.2	0.6	0	0	
partiel	0.05	0.1	0.8	0	0.1	0.2	0.6	0	
aucun profil	0.05	0.1	0.2	1	0.1	0.2	0.4	1	

Tableau 11 : Tableau des probabilités pour les états de la variable VR

Comme des valeurs expérimentales sur la perte de l'ADN de contact due aux conditions de stockage ne sont pas disponibles, le Tableau 11 a été rempli selon l'appréciation de la soussignée. En sachant que le donneur a transféré sur la surface d'intérêt un profil complet à t₀ et que la trace a été stockée dans une situation favorable, nous avons estimé par exemple que la probabilité de mettre en évidence un profil complet est de 0.8; 0.1 pour un profil partiel pouvant être inséré dans la base de données; 0.05 pour un profil partiel exploitable et 0.05 pour aucun profil génétique détecté.

Le noeud décrivant les probabilités de correspondance fortuite avec le profil du suspect S présente le Tableau 12 suivant:

Probabilité de coïncidence fortuite				Noeud MP
VR	complet	CODIS	partiel	aucun profil
match	0.00000001	0.000001	0.001	0
non match	0.99999999	0.999999	0.999	1

Tableau 12 : Tableau des probabilités pour les états de la variable MP

Dans le cas de profils génétiques comprenant au moins dix loci, soit complets à l'aide de l'*AmpFℓSTR® SGM Plus PCR Amplification kit* choisi pour cette recherche, la probabilité de coïncidence fortuite sera toujours inférieure à 10^{-9} (un sur un milliard) quelle que soit la population d'intérêt considérés. Cette valeur jugée "extrêmement prudente" par les scientifiques peut donc être utilisée (Foreman et Evett, 2001; Gill et al, 2003).

Le dernier noeud relié au phénomène de l'activité, nommé *VP*, gère le matériel transféré par la victime, retrouvé et prélevé par les enquêteurs et comparé avec le profil génétique du suspect *S*. Les informations sur les états de ce noeud, à savoir *profil complet concordant*, *profil partiel concordant*, *profil discordant* et *aucun profil*, conditionnent à leur tour le noeud de la trace indiciaire. Voici le tableau des probabilités:

ADN transféré par le propriétaire dans le véhicule lors du contact, ayant persisté et prélevé par les enquêteurs et comparé avec le profil génétique du suspect								Noeud VP	
MP	match				non match				
	complet	CODIS	partiel	aucun profil	complet	CODIS	partiel	aucun profil	
VR									
<i>complet concordant</i>	1	0	0	0	0	0	0	0	
<i>partiel concordant</i>	0	1	1	0	0	0	0	0	
<i>profil discordant</i>	0	0	0	0	1	1	1	0	
<i>aucun profil</i>	0	0	0	1	0	0	0	1	

Tableau 13 : Tableau des probabilités pour les états de la variable *VP*

3.2.2 Les variables relatives au phénomène de l'activité

Les cinq scénarios constituent les états du noeud décrivant les hypothèses en jeu. Comme expliqué dans le chapitre 2.6, il s'agit des probabilités à priori attribuées par l'utilisateur grâce aux informations circonstancielles à sa disposition sans connaître les résultats analytiques. Ces probabilités vont être adaptés en fonction du cas en question (Buckleton et al, 2006). Ici, à titre d'exemple et afin d'initialiser le réseau bayésien, ils ont été jugés comme équiprobables (cf. Tableau 14). Rappelons qu'il s'agit d'une position d'initialisation du réseau car dans son utilisation dans le cadre de la thèse, les rapports de vraisemblances seront calculés pour chaque couple de propositions d'intérêt. Pour un couple donnée donc les probabilités respectives seront assignées à 0.5 et 0.5 permettant ainsi d'obtenir directement le rapport de vraisemblance, les chances à priori étant alors de 1.

Activité: le jeu des hypothèses	Noeud H
H ₁ : le suspect a conduit le véhicule lors du délit.	0.2
H ₂ : le suspect n'a pas volé le véhicule, mais il l'a conduit avant le délit	0.2
H ₃ : le suspect s'est assis sur le siège passager avant le délit	0.2
H ₄ : le suspect n'a pas été dans le véhicule, une autre personne inconnue l'a conduit.	0.2
H ₅ : le suspect n'a pas été dans le véhicule, une autre personne que le suspect a transféré l'ADN de ce dernier indirectement.	0.2

 Tableau 14 : Tableau des probabilités pour les états de la variable *H*

Concernant le suspect *S* appréhendé lors de l'enquête

Parmi les scénarios envisagés dans le réseau bayésien, dans les deux premières situations *S* a conduit le véhicule (H₁ et H₂), il s'est juste assis sur le siège du passager dans la troisième (H₃) et dans les deux derniers cas *S* n'a jamais été présent dans le véhicule (H₄ et H₅).

Sous les hypothèses où *S* a effectivement conduit le véhicule, que ce soit pendant ou avant l'acte délictueux, les probabilités que *S* ait transféré son matériel biologique lors de la conduite correspondent à celles exposées dans le Tableau 9, concernant le noeud *VT*.

Ne disposant pas de valeurs chiffrées pour les scénarios impliquant le transfert d'ADN lorsque *S* a uniquement été un passager légitime ou lors d'un transfert indirect, les probabilités ont été assignées selon l'appréciation personnelle de la soussignée.

S'agissant d'événements peu fréquents, les valeurs précédemment citées dans le Tableau 7 ont été divisées par un facteur de 10 pour les situations incluant *S* comme passager et par un facteur de 100 pour les cas de transferts indirects. Les tableaux de probabilités du noeud *ST* dans les scénarios d'un passager légitime et de transferts secondaires prennent alors la forme suivante:

ADN transféré par le propriétaire dans le véhicule							Noeud ST		
<i>Z</i>	<i>appui-tête</i>			<i>vitre de la fenêtre</i>			<i>frein à main</i>		
<i>VQ</i>	<i>bon</i>	<i>moyen</i>	<i>mauvais</i>	<i>bon</i>	<i>moyen</i>	<i>mauvais</i>	<i>bon</i>	<i>moyen</i>	<i>mauvais</i>
<i>complet</i>	0.07992	0.02997	0.00999	0.02	0.0075	0.0025	0.04	0.015	0.005
<i>CODIS</i>	0.00999	0.04995	0.00999	0.0025	0.0125	0.0025	0.005	0.025	0.005
<i>partiel</i>	0.00999	0.01998	0.07992	0.0025	0.005	0.02	0.005	0.01	0.04
<i>aucun profil</i>	0.9001	0.9001	0.9001	0.975	0.975	0.975	0.95	0.95	0.95
<i>Z</i>	<i>levier de vitesse</i>			<i>poignée de porte</i>			<i>volant</i>		
<i>VQ</i>	<i>bon</i>	<i>moyen</i>	<i>mauvais</i>	<i>bon</i>	<i>moyen</i>	<i>mauvais</i>	<i>bon</i>	<i>moyen</i>	<i>mauvais</i>
<i>complet</i>	0.0452	0.01695	0.00565	0.02496	0.00936	0.00688	0.05472	0.02052	0.00316
<i>CODIS</i>	0.00565	0.02825	0.00565	0.00688	0.0156	0.00688	0.00316	0.0342	0.00316
<i>partiel</i>	0.00565	0.0113	0.0452	0.00688	0.00624	0.02496	0.00316	0.01368	0.05472
<i>aucun profil</i>	0.9435	0.9435	0.9435	0.9688	0.9688	0.9688	0.9316	0.9316	0.9316

 Tableau 15 : Tableau des probabilités pour les états de la variable *ST* sous l'hypothèse 3

ADN transféré par le propriétaire dans le véhicule							Noeud ST		
Z	appui-tête			vitre de la fenêtre			frein à main		
VQ	bon	moyen	mauvais	bon	moyen	mauvais	bon	moyen	mauvais
complet	0.007992	0.002997	0.000999	0.002	0.00075	0.00025	0.004	0.0015	0.0005
CODIS	0.000999	0.004995	0.000999	0.00025	0.00125	0.00025	0.0005	0.0025	0.0005
partiel	0.000999	0.001998	0.007992	0.00025	0.0005	0.002	0.0005	0.001	0.004
aucun profil	0.99001	0.99001	0.99001	0.9975	0.9975	0.9975	0.995	0.995	0.995
Z	levier de vitesse			poignée de porte			volant		
VQ	bon	moyen	mauvais	bon	moyen	mauvais	bon	moyen	mauvais
complet	0.00452	0.001695	0.000565	0.002496	0.000936	0.000688	0.005472	0.002052	0.000316
CODIS	0.000565	0.002825	0.000565	0.000688	0.00156	0.000688	0.000316	0.00342	0.000316
partiel	0.000565	0.00113	0.00452	0.000688	0.000624	0.002496	0.000316	0.001368	0.05472
aucun profil	0.99435	0.99435	0.99435	0.99688	0.99688	0.99688	0.99316	0.99316	0.99316

Tableau 16 : Tableau des probabilités pour les états de la variable ST sous l'hypothèse 4

L'hypothèse 5 envisage la situation où le suspect n'est pas impliqué dans l'affaire, dans le sens où qu'il n'a jamais été présent dans le véhicule et que personne n'a transféré indirectement son ADN à l'intérieur de l'habitacle. Aucun transfert ne peut donc avoir lieu sous l'optique de cette hypothèse, ni directement ni indirectement (cf. Tableau 17).

ADN transféré par le suspect dans le véhicule lors du contact sous l'hypothèse 5				Noeud ST
SQ	bon	moyen	mauvais	
complet	0	0	0	
partiel CODIS	0	0	0	
partiel	0	0	0	
aucun profil	1	1	1	

Tableau 17 : Tableau des probabilités pour la variable ST sous l'hypothèse 5

Pour tous les autres noeuds régissant la contribution d'ADN provenant du suspect S, les tableaux des probabilités se remplissent de la même manière que ceux établis pour la victime du vol V.

Concernant le vrai auteur du vol d'identité inconnue X

Les probabilités de transfert de l'éventuel vrai auteur du crime dépendent également des hypothèses envisagées, de sa qualité de donneur en ADN et de la zone du prélèvement.

Comme expliqué précédemment, le vrai auteur a l'occasion de transférer son matériel biologique uniquement sous les hypothèses alternatives de la défense (H₂, H₃, H₄ et H₅): dans ces situations, les probabilités à introduire dans les tableaux prennent les mêmes valeurs que celles reportées dans le Tableau 9. L'hypothèse 1 selon laquelle le suspect est l'auteur du vol

annule automatiquement l'existence d'un "vrai auteur", dans cette section du tableau des probabilités les valeurs seront donc égales à celles du Tableau 17.

3.2.3 Les variables relatives au bruit de fond

Pour ce paramètre également, les valeurs à assigner aux probabilités ne sont pas directement disponibles et sont donc déterminées en regard de l'expérience de la soussignée. Les probabilités associées aux états du noeud *B* (cf. Tableau 18) sont conditionnées par la variable décrivant la zone du prélèvement.

Présence d'ADN dû au bruit de fond						Noeud B
Z	<i>appui-tête</i>	<i>fenêtre</i>	<i>frein à main</i>	<i>levier de vitesse</i>	<i>poignée</i>	<i>volant</i>
<i>oui</i>	0.8	0.8	0.8	0.8	0.8	0.8
<i>non</i>	0.2	0.2	0.2	0.2	0.2	0.2

Tableau 18 : Tableau des probabilités pour les états de la variable *B*

De même, le noeud *BR* est paramétrisé avec des probabilités évaluées selon notre appréciation personnelle (cf. Tableau 19).

ADN dû au bruit de fond persisté et prélevé avec la trace par les enquêteurs				Noeud BR	
<i>P</i>	<i>situation favorable</i>		<i>situation défavorable</i>		
<i>B</i>	<i>oui</i>	<i>non</i>	<i>oui</i>	<i>non</i>	
<i>complet</i>	0.1	0	0.05	0	
<i>CODIS</i>	0.3	0	0.05	0	
<i>partiel</i>	0.3	0	0.2	0	
<i>aucun profil</i>	0.3	1	0.7	1	

Tableau 19 : Tableau des probabilités pour les états de la variable *BR*

3.2.4 Les variables relatives aux contaminations

Les contaminations décrites dans le réseau bayésien construit considèrent uniquement les contributions provenant des intervenants et du personnel des laboratoires. Ce phénomène, grâce aux précautions entreprises par les différents services, est relativement réduit même si les risques de contaminations ne pourront jamais être totalement exclus.

Il n'existe pas des données disponibles relatives aux taux de contamination, ni pour les laboratoires de génétique forensique ni pour les services d'identité judiciaire. S'agissant de données sensibles, il n'a pas été possible récolter ce type d'information. Suite aux discussions entretenues avec différentes personnes travaillant dans les secteurs susmentionnés, il s'avère que la plupart juge cette valeur assez réduite et inférieure à 1/1000. Cependant, grâce aux in-

novations des techniques d'analyse d'ADN et donc à l'augmentation accrue de la sensibilité, la valeur a été assignée judicieusement à 0.001 (cf. Tableau 20).

Présence d'ADN dû aux contaminations	Noeud C
<i>oui</i>	0.001
<i>non</i>	0.999

Tableau 20 : Tableau des probabilités pour les états de la variable C

Si l'on admet la présence de contaminations d'ADN externes, il s'agit d'évaluer les probabilités d'obtenir des profils génétiques résultant de ces contaminations. En partant de l'hypothèse que les contaminations ne proviennent que de traces de contact (par exemple, des traces ayant persisté sur les gants portés par le personnel) et non de traces riches en ADN (comme la salive, le sang et le sperme), les profils éventuellement détectés seront vraisemblablement de type partiel. Comme il s'agit de transferts indirects, la quantité et/ou la qualité de matériel biologique déposé sur la trace à analyser se trouvera également réduite. Le tableau des probabilités a donc été informé de la façon suivante:

C	ADN dû aux contaminations retrouvé dans la trace analysée		Noeud CR
	<i>oui</i>	<i>non</i>	
<i>complet</i>	0.2	0	
<i>partiel CODIS</i>	0.4	0	
<i>partiel</i>	0.4	0	
<i>aucun profil</i>	0	1	

Tableau 21 : Tableau des probabilités pour les états de la variable CR

Les derniers noeuds des phénomènes des contaminations et du bruit de fond, à savoir BP et CP, sont équivalents au noeud VP, décrit dans le chapitre dédié à la victime du vol (cf. Tableau 13).

3.2.5 La variable relative au profil génétique résultant de la trace indiciaire

Le noeud central du réseau bayésien est conditionné par les quatre noeuds résultant des différents phénomènes. Chacune de ces quatre variables présentent les mêmes états, regroupant les profils compatibles ou pas avec le profil génétique du suspect S: profil complet et partiel concordant avec S, profil discordant avec S et aucun profil détecté.

Le tableau des probabilités du noeud cible final est composé des états suivants: profil complet et partiel concordant avec S, profil discordant avec S, aucun profil détecté ainsi que profils de mélange dont les fractions peuvent être attribuées au suspect, au vrai auteur du crime et à la victime.

À titre d'exemple, voici une partie du tableau des probabilités derrière le noeud cible final *E*:

ADN de la trace indiciaire		Noeud E			
<i>AP</i>	<i>partiel concordant</i>				
<i>VP</i>	<i>aucun profil</i>				
<i>BP</i>	<i>aucun profil</i>				
<i>CP</i>	<i>complet concordant</i>	<i>partiel concordant</i>	<i>profil discordant</i>	<i>aucun profil</i>	
<i>profil complet concordant avec S</i>	1	0	0	0	
<i>profil partiel concordant avec S</i>	0	1	0	1	
<i>mélange S + X + V</i>	0	0	0	0	
<i>mélange S + X</i>	0	0	0	0	
<i>mélange S + V</i>	0	0	0	0	
<i>mélange S + fraction inconnue</i>	0	0	1	0	
<i>mélange S + X + V + fraction inconnue</i>	0	0	0	0	
<i>mélange S + X + fraction inconnue</i>	0	0	0	0	
<i>mélange S + V + fraction inconnue</i>	0	0	0	0	
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	
<i>aucun profil</i>	0	0	0	0	

Tableau 22 : Tableau des probabilités pour la variable *E*

3.3 ETUDE DE L'IMPACT DES VARIABLES SUR LA VALEUR D'INDICE DU PROFIL RESULTANT DE LA TRACE AU NIVEAU DES ACTIVITES

La Figure 14 présente le réseau bayésien dans son état initial. Les probabilités conditionnelles ont été assignées soit avec des données publiées soit en référence de notre expérience personnelle, comme décrit dans la section précédente.

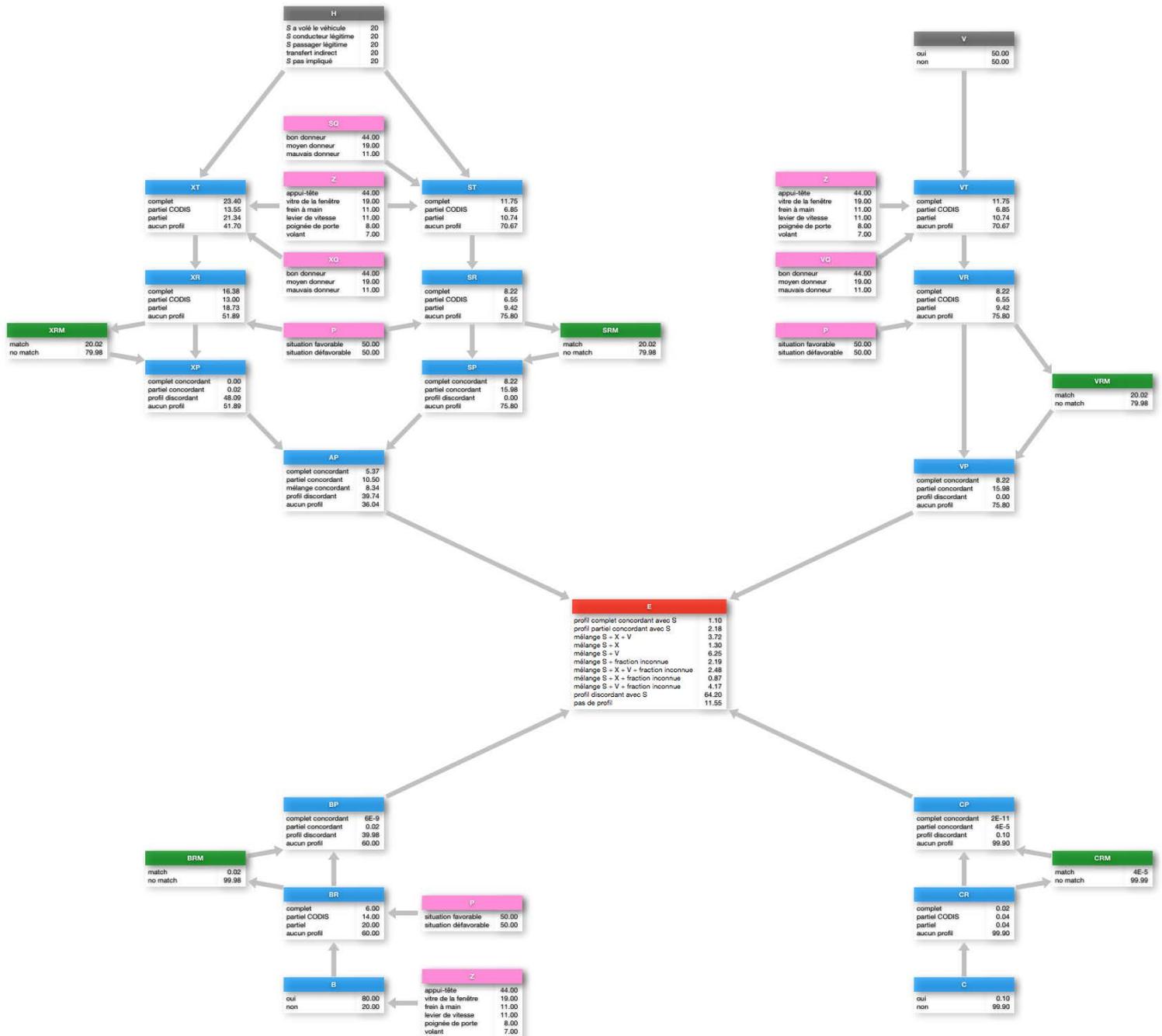


Figure 14 : Réseau bayésien dans son état initial

Supposons le scénario suivant:

- le profil résultant de la trace indiciaire est complet et pas différentiable du profil extrait du FMJ⁹ du suspect appréhendé au cours de l'enquête;
- il n'y a pas d'ADN dû au bruit de fond ni aux contaminations;
- la trace indiciaire a été stockée dans les meilleures conditions.

À l'aide du réseau bayésien construit, on calcule alors les rapports de vraisemblance selon la zone du prélèvement envisagée et la qualité de donneur en ADN du suspect S. Quatre couples d'hypothèses ont été prises en considération:

$LR_{1vs2} = \frac{P(E H_1)}{P(E H_2)}$	H_1 : S a conduit le véhicule lors du vol. H_2 : S n'a pas volé le véhicule, mais il l'avait conduit avant le délit
$LR_{1vs3} = \frac{P(E H_1)}{P(E H_3)}$	H_1 : S a conduit le véhicule lors du vol. H_3 : S n'a pas volé le véhicule, mais il y a été passager avant le délit
$LR_{1vs4} = \frac{P(E H_1)}{P(E H_4)}$	H_1 : S a conduit le véhicule lors du vol. H_4 : S n'a pas été dans le véhicule, une autre personne inconnue l'a conduit
$LR_{1vs5} = \frac{P(E H_1)}{P(E H_5)}$	H_1 : S a conduit le véhicule lors du vol. H_5 : S n'a pas été dans le véhicule, mais son ADN y a été transféré indirectement.

Le Tableau 23 reporte les valeurs des LR calculés pour le scénario envisagé:

LR en fonction de la qualité de donneur en ADN et de la zone du prélèvement (situation favorable)						
LR	LR _{1 vs 2}			LR _{1 vs 3}		
	bon	moyen	mauvais	bon	moyen	mauvais
SQ						
<i>appui-tête</i>	8.5	8.5	8.5	85.1	85.1	85.2
<i>fenêtre</i>	1.3	1.3	1.3	2 E 9	7.5 E 8	2.2 E 8
<i>frein à main</i>	1.8	1.8	1.7	17.9	17.9	17.9
<i>levier de vitesse</i>	2	2	2	29.8	20.0	20.0
<i>poignée de porte</i>	1.3	1.4	1.4	1.9 E 9	7.5 E 8	2.5 E 8
<i>volant</i>	2.5	2.5	2.5	25.3	25.2	25.2
LR	LR _{1 vs 4}			LR _{1 vs 5}		
SQ	bon	moyen	mauvais	bon	moyen	mauvais
<i>appui-tête</i>	885.1	885.1	2.5 E 8	2 E 9	7.58 E 8	2.5 E 8
<i>fenêtre</i>	127.2	127.2	2.2 E 8	2 E 9	7.5 E 8	2.5 E 8
<i>frein à main</i>	174.3	176.4	2.4 E 8	2 E 9	7.3 E 8	2.5 E 8
<i>levier de vitesse</i>	200.8	200.8	2.5 E 8	2 E 9	7.5 E 8	2.5 E 8
<i>poignée de porte</i>	132.7	137.5	2.5 E 8	1.9 E 9	7.5 E 8	2.5 E 8
<i>volant</i>	248.1	248.1	2.5 E 8	2 E 9	7.5 E 8	2.5 E 8

Tableau 23 : Tableau des LR en fonction de la qualité de donneur en ADN et de la zone du prélèvement dans une situation de conservation favorable

⁹ Pour élucider un crime ou un délit, un prélèvement, par exemple un frottis de la muqueuse jugale (FMJ), peut être effectué aux fins d'analyse de l'ADN sur les personnes en cause (art. 3, RS 363).

Les résultats montrent que l'hypothèse alternative la moins favorable pour le suspect est celle selon laquelle *S* nie toute implication dans l'affaire (H_5 , voir partie du tableau encadrée en rouge). En effet, si la défense ne formule aucune justification quant à la présence de l'ADN de son client sur les surfaces cibles, le fait de retrouver un profil complet concordant avec son profil génétique de référence soutiendra extrêmement fortement l'hypothèse du procureur par rapport à celle de la défense.

Par contre, lorsque *S* offre une explication quant à la présence de son matériel biologique en déclarant avoir déjà conduit le véhicule mais avant la commission du vol, les valeurs des rapports de vraisemblance sont relativement faibles, supérieures à 1 mais inférieures à 10. Ceci s'explique par l'absence de techniques pour se prononcer sur la datation des traces et les méconnaissances concernant les aspects quantitatifs en fonction du temps ainsi que les faibles discriminations entre les qualités attendues selon les deux transferts.

En ce qui concerne l'hypothèse 3, selon laquelle *S* a été physiquement dans le véhicule avant le vol mais uniquement comme passager légitime à côté du conducteur, les valeurs obtenues montrent une situation intéressante. Les rapports de vraisemblance présentent des valeurs supérieures au cas du conducteur légitime (H_2). Ceci s'explique par les valeurs attribuées aux probabilités de déposer l'ADN sur les différentes parties du véhicules de la part d'un passager.

Il est possible d'observer une différence notable entre les rapports de vraisemblance calculés pour cette hypothèse. Deux groupes de résultats peuvent être établis:

- groupe 1: appui-tête, frein à main, levier de vitesse et volant
- groupe 2: vitre de la fenêtre et poignée de porte du côté du conducteur.

Les valeurs du premier groupe restent relativement faibles et inférieures à la centaine, par contre pour le deuxième groupe les rapports de vraisemblance sont de l'ordre du milliard. Cette différence s'explique par le fait qu'une personne assise sur le siège passager peut difficilement atteindre certaines parties de l'habitacle. Par conséquent il est difficile pour un passager de transférer ses cellules cutanées à travers un contact direct sur des surfaces telles que la vitre et la poignée de porte du côté du conducteur.

Dans les cas où la défense propose l'éventualité d'un transfert indirect, les rapports des probabilités en découlant présentent des chiffres élevées, entre 100 et 1000 pour les situations où la personne mise en cause est un bon ou moyen donneur et de l'ordre du milliard lorsque le sujet appartient à la catégorie des mauvais donneurs en ADN. Ces résultats sont conformes à un sens commun partagé: le peu d'études scientifiques ayant approfondi le thème ont déclaré unanimement que les mauvais donneurs n'arrivent que très rarement ou jamais à déposer des

traces de contact capables de fournir des profils complets ou même exploitables (Ladd et al, 1999; Lowe et al, 2002; Goray et al, 2010 a et b; Walton et al, 2011). Par conséquent, il résulterait peu probable de réussir à récolter suffisamment de cellules épithéliales, transférées indirectement à travers un ou plusieurs intermédiaires par un mauvais donneur, pour obtenir un profil exploitable.

Concernant les zones où les prélèvements ont été effectués, il est évident que les rapports de vraisemblance varient en fonction des probabilités de retrouver des profils exploitables sur ces surfaces. Dans le tableau précédent, la valeur rapportée si l'échantillon indiciaire a été prélevé à partir de l'appui-tête est supérieure aux autres zones, ceci en raison des probabilités élevées intégrées dans le réseau bayésien, tirées de l'étude de Lenz et al (2006). Durant leurs expériences, il a toujours été possible d'extraire des informations biologiques à partir des appui-têtes des véhicules considérés pour l'échantillonnage de leur recherche.

Considérons maintenant le même scénario mais avec des conditions de stockage différentes: les traces sont prélevées après une situation défavorable pour la persistance de l'ADN. Afin d'évaluer l'impact du phénomène de la persistance, nous avons envisagé deux sets de probabilités différentes pour le tableau des probabilités concernant les situations défavorables pour le stockage des échantillons biologiques.

ADN transféré par le suspect dans le véhicule lors du contact, ayant persisté, prélevé par les enquêteurs et comparé avec son propre profil (situation défavorable 1)								Noeud SR	
<i>P</i>	<i>situation favorable</i>				<i>situation défavorable 1</i>				
	<i>complet</i>	<i>CODIS</i>	<i>partiel</i>	<i>aucun profil</i>	<i>complet</i>	<i>CODIS</i>	<i>partiel</i>	<i>aucun profil</i>	
<i>complet</i>	0.8	0	0	0	0.6	0	0	0	
<i>CODIS</i>	0.1	0.8	0	0	0.2	0.6	0	0	
<i>partiel</i>	0.05	0.1	0.8	0	0.1	0.2	0.6	0	
<i>aucun profil</i>	0.05	0.1	0.2	1	0.1	0.2	0.4	1	

Tableau 24 : Tableau des probabilités pour les états de la variable *SR* (situation favorable et défavorable 1)

ADN transféré par le suspect dans le véhicule lors du contact, ayant persisté, prélevé par les enquêteurs et comparé avec son propre profil (situation défavorable 2)								Noeud SR	
<i>P</i>	<i>situation favorable</i>				<i>situation défavorable 2</i>				
	<i>complet</i>	<i>CODIS</i>	<i>partiel</i>	<i>aucun profil</i>	<i>complet</i>	<i>CODIS</i>	<i>partiel</i>	<i>aucun profil</i>	
<i>complet</i>	0.8	0	0	0	0.05	0	0	0	
<i>CODIS</i>	0.1	0.8	0	0	0.05	0.1	0	0	
<i>partiel</i>	0.05	0.1	0.8	0	0.1	0.1	0.2	0	
<i>aucun profil</i>	0.05	0.1	0.2	1	0.8	0.8	0.8	1	

Tableau 25 : Tableau des probabilités pour les états de la variable *SR* (situation favorable et défavorable 2)

Le Tableau 24, déjà illustré dans le sous-chapitre 3.2.1 (voir Tableau 11), reprend les

valeurs représentant à notre avis au mieux la réalité: en effet, une perte d'ADN est toujours envisagée mais cette diminution n'est jamais totale (situation défavorable 1). Cependant, il est également possible d'envisager d'autres valeurs plus drastiques, comme celles évoquées dans le Tableau 25 (situation défavorable 2) qui renversent complètement la tendance des chiffres insérés dans les colonnes par rapport aux situations favorables.

En intégrant les probabilités citées ci-dessus dans le réseau bayésien construit, les rapports de vraisemblance résultant sont les suivants (cf. Tableau 26):

LR en fonction des conditions de conservation de la trace et de la zone du prélèvement						
LR	LR 1 vs 2 (S conducteur légitime)			LR 1 vs 3 (S passager légitime)		
	favorable	défavorable 1	défavorable 2	favorable	défavorable 1	défavorable 2
<i>appui-tête</i>	2.4	2	2	24.4	20.4	20.4
<i>fenêtre</i>	1.1	1.1	1.1	1 E 9	1 E 9	8.3 E 7
<i>frein à main</i>	1.2	1.1	1.1	11.7	11.5	11.5
<i>levier de vitesse</i>	1.2	1.1	1.1	11.7	11.4	11.4
<i>poignée de porte</i>	1.1	1.1	1.1	1 E 9	1 E 9	8.3 E 7
<i>volant</i>	1.3	1.3	1.3	13.3	12.8	12.8
LR	LR 1 vs 4 (transfert secondaire)			LR 1 vs 5 (S pas impliqué dans l'affaire)		
P	favorable	défavorable 1	défavorable 2	favorable	défavorable 1	défavorable 2
<i>appui-tête</i>	245.3	202.6	1 E 8	1 E 9	1 E 9	8.3 E 7
<i>fenêtre</i>	111.3	108.3	1 E 8	1 E 9	1 E 9	8.3 E 7
<i>frein à main</i>	116.8	115.5	1 E 8	1 E 9	1 E 9	8.3 E 7
<i>levier de vitesse</i>	116.4	115.2	1 E 8	1 E 9	1 E 9	8.3 E 7
<i>poignée de porte</i>	112.1	111.2	1 E 8	1 E 9	1 E 9	8.3 E 7
<i>volant</i>	133.2	127.4	1 E 8	1 E 9	1 E 9	8.3 E 7

Tableau 26 : LR en fonction des conditions de conservation de la trace et de la zone du prélèvement

Il en résulte que la différence remarquée entre les différentes situations n'est accentuée que lorsque la défense motive la présence de l'ADN de son client grâce à un éventuel transfert indirect (H₄, voir partie du tableau encadrée en rouge). Sans indications sur la qualité de donneur en ADN, les rapports de vraisemblance prennent des valeurs élevées si les conditions de stockage des échantillons ne sont pas optimales. Cette constatation appuie l'idée selon laquelle sous des conditions environnementales drastiquement défavorables, les probabilités de retrouver encore du matériel biologique de qualité et de quantité suffisantes pour aboutir à l'extraction d'un profil génétique complet sont faibles. Par conséquent, les résultats issus de ce scénario soutiennent de façon plus extrême l'hypothèse du procureur par rapport à celle de la défense.

On s'intéresse maintenant à l'influence des phénomènes comme le bruit de fond et la contamination en simulant le scénario suivant:

- le profil résultant de la trace indiciaire est complet et non différentiable du profil extrait du FMJ du suspect appréhendé au cours de l'enquête;
- la trace indiciaire a été stockée dans les meilleures conditions.

Le Tableau 27 présente les résultats calculés pour des prélèvements effectués sur le volant et sur la poignée de porte du côté du conducteur. Il en résulte que les rapports de vraisemblance varient selon les couples d'hypothèses et les conditions envisagées.

LR en fonction de la présence des contaminations et du bruit de fond				
LR	$LR_{1 \text{ vs } 2}$	$LR_{1 \text{ vs } 3}$	$LR_{1 \text{ vs } 4}$	$LR_{1 \text{ vs } 5}$
Z	<i>volant</i>			
<i>sans bruit de fond ni contamination</i>	1.3	13.3	133.2	1 E 9
<i>avec bruit de fond</i>	1.3	13.3	133.2	2.3 E 8
<i>avec contamination</i>	1.3	13.3	133.1	2.4 E 5
<i>avec bruit de fond et contamination</i>	1.3	13.3	133.1	2.4 E 5
LR	$LR_{1 \text{ vs } 2}$	$LR_{1 \text{ vs } 3}$	$LR_{1 \text{ vs } 4}$	$LR_{1 \text{ vs } 5}$
Z	<i>poignée de porte</i>			
<i>sans bruit de fond ni contamination</i>	1.1	1 E 9	112.1	9.8 E 8
<i>avec bruit de fond</i>	1.1	1 E 8	112.1	1 E 8
<i>avec contamination</i>	1.1	9 E 4	112.1	9 E 4
<i>avec bruit de fond et contamination</i>	1.1	9 E 4	112.1	9 E 4

Tableau 27 : LR en fonction de la présence d'ADN dû au bruit de fond et à la contamination

Cette diminution concerne l'évaluation de l'indice lorsque l'avocat de la défense déclare que son client n'est pas impliqué dans l'affaire. Les rapports des probabilités augmentent également pour les prélèvements effectués sur les poignées de porte lorsque S admet avoir été assis dans le véhicule comme passager avant le crime (H_3 , voir partie du tableau encadrée en rouge).

Ces résultats montrent que même si on admet que les échantillons récoltés présentent des contributions dues au bruit de fond et aux contaminations, les rapports de vraisemblance ne chutent pas drastiquement. Ceci parce que même en présence d'ADN "étranger", la probabilité de coïncidence fortuite n'est que très faible.

Ce chapitre a été focalisé sur la paramétrisation du modèle graphique dans le dessein d'isoler lesquels parmi les paramètres du réseau bayésien méritent d'être approfondis par une acquisition de données expérimentales.

Cette étape a été fondamentale pour la suite de la thèse. En effet, comme déjà expliqué dans les chapitres précédents, une multitude de paramètres intervient lors de l'exploitation des traces biologiques. Etudier chacun de ces paramètres demanderait temps et ressources financières souvent absents. L'avantage offert par les modèles graphiques est la simplicité et la rapidité lors de la recherche des éléments-clé ayant le plus d'impact sur les résultats. Même sans disposer de valeurs chiffrées basées sur un corpus d'observations, il a été suffisant de simuler une gamme de valeurs à insérer dans les tableaux de probabilités afin de déterminer l'importance de chaque paramètre. Lorsque l'influence est minimale, voire négligeable, même en fixant les valeurs sur des seuils extrêmes, le paramètre en question ne sera donc pas pris en considération lors de la partie expérimentale de la recherche.

Le prochain chapitre sera dédié à la synthèse des variables mises en évidence à travers la paramétrisation et à l'établissement du plan de travail pour la partie expérimentale de la thèse.

Chapitre 4

Partie expérimentale - Acquisition des données

Section 4.1

Etablissement du
plan de travail de
la partie expérimentale

4.1.1 INTRODUCTION

À la lumière des informations mises en évidence dans le chapitre précédent, il s'agit maintenant de dresser le plan expérimental de la recherche afin de récolter des données qui aident à assigner pour les probabilités associées aux noeuds d'intérêt.



*Conduire des expériences visant à collecter les données
afin de compléter la paramétrisation
du réseau bayésien construit.*

À partir de ces résultats, il sera alors possible de mettre à jour les tableaux des probabilités du réseau bayésien paramétrisé initialement pour la plupart à l'aide de valeurs estimées selon nos expériences.

4.1.2 VARIABLES A ETUDIER

Supposons que la personne mise en cause ait effectivement conduit le véhicule pendant ou avant l'acte criminel. Dans les deux cas, il ne serait pas surprenant de retrouver son ADN sur les prélèvements, si lors du contact, du matériel biologique en qualité et en quantité suffisantes a été transféré et a persisté jusqu'à la récolte des indices. Cependant, chercher à distinguer ces deux types de situations uniquement sur la base des résultats obtenus pourrait s'avérer être une tâche très complexe, surtout en tenant compte de la forte variation de quantité d'ADN déposée par un même individu.

Mis à part la situation où le suspect déclare ne pas être impliqué dans l'affaire (dans ce cas présent, le rapport de vraisemblance dépendra plutôt de la probabilité de coïncidence du profil de la trace), deux scénarios peuvent encore être envisageables.

Le premier scénario concerne la situation où le suspect déclare s'être assis dans le véhicule en question, mais uniquement en tant que passager. Dans cette situation, il est possible que son ADN puisse être déposé sur certains éléments du véhicule, comme le volant, le levier de vitesse et le frein à main. D'un autre côté, il est légitime de penser que, sur d'autres surfaces comme la poignée et la vitre de la porte du côté du conducteur, son ADN ne devrait pas ou peu être présent. Cela pour la simple raison que ces zones ne sont pas physiquement accessibles à un passager. Le fait de retrouver du matériel biologique sur ces surfaces renforcerait donc la force de l'indice dans sa capacité à guider quant aux activités alléguées. Ce scénario sera donc mis en place.

Le deuxième scénario se focalise sur les cas de transferts secondaires. L'intérêt est de déterminer s'il est possible de retrouver de l'ADN, transféré par voies indirectes d'une personne n'ayant jamais été dans l'habitacle du véhicule.

En ce qui concerne l'influence du bruit de fond et des contaminations sur la valeur indiciale du profil résultant de la trace, il paraît légitime de penser que la probabilité d'une correspondance fortuite entre une combinaison aléatoire d'allèles "étrangers et non liés à l'acte criminel" et le profil de référence d'une personne non impliquée dans l'affaire soit extrêmement faible. Par conséquent, établir un plan de travail pour ce type de situation serait envisageable uniquement dans les cas où le profil de la trace est de type partiel, étant donné que la qualité du profil résultant de la trace indicielle a une influence directe sur les risques de coïncidence fortuite.

À propos du bruit de fond, il est intéressant d'effectuer des prélèvements sur différentes zones à l'intérieur d'un véhicule afin de déterminer le nombre des allèles étrangers ne pouvant pas être attribués au conducteur habituel.

Les sujets de la qualité des donneurs en ADN et de la persistance seront également abordés lors de cette recherche: des travaux de recherche entrepris avec des étudiantes à l'ESC (Antognini, 2009; Bontadelli, 2009) serviront d'études préliminaires et selon les résultats récoltés, l'étude sera approfondie.

Dans les prochains chapitres, chacun des sujets mentionnés sera approfondi et le plan de travail spécifique sera expliqué en détails.

4.1.3 PRELEVEMENT DES TRACES

Le matériel biologique éventuellement présent sur les supports pour toutes les expériences sera récolté à l'aide d'un *swab*¹⁰. Cet écouvillon, partiellement humidifié à l'aide d'eau stérile, est utilisé pour le prélèvement des traces de contact (De Bruin et al, 2012; Thomasma et Foran, 2013; Verdon et al, 2014; Mawlood et al, 2015). Des mouvements de rotation sont alors effectués sur la surface cible pendant la récolte. Après l'application de la partie humidifiée sur le support, le coton tige est alors tourné afin de répéter l'opération avec la partie sèche.

Différentes recherches ont été mises en oeuvre afin de déterminer la meilleure technique de prélèvement à utiliser dans cette recherche en collaboration également avec des étudiants lors de leurs travaux de recherche. Etant donné que les supports analysés dans le cadre de cette recherche ne sont pas des surfaces découpables, la technique du découpage ne pou-

¹⁰ Sterlin Swab du ThermoScientific.

vait pas être envisagée.

L'attention s'est alors focalisée sur les nouvelles méthodes de prélèvements basées sur l'utilisation de rubans adhésifs (Verdon et al, 2014a; Joël et al, 2015; Plaza et al, 2016). Les performances de quatre types de scotch ont été testés et comparées à celles de la technique traditionnelle du *swab*. Il s'agit de:

- l'Hydrophilic Adhesif Tape - Scotch™, Wave Solder Tape 5414 (Li et Harris, 2003; Li, 2007; Perroulaz, 2008; Perroulaz et Pun, 2009);
- le ruban adhésif simple face, soluble à l'eau, pour l'industrie du papier - Scotch™, Ruban 901 (travaux personnels);
- l'adhésif utilisé dans le cadre des recherches de microtraces Taping 1:1 (Aeberli, 2009);
- le Scenesafe Forensic Application Scene Tape - Forensic Science Services¹¹.

D'après les résultats obtenus, la technique du *swab* permet généralement de récolter une quantité maximale de matériel biologique. Celle-ci a donc été choisie. À souligner la possibilité d'effectuer la technique du double *swab* (Pang et Cheung, 2007), à savoir un prélèvement à l'aide d'un écouvillon humidifié suivi par un deuxième sec, mais pour des raisons pratiques et budgétaires uniquement un écouvillon est utilisé lors des expériences.

Le séchage des écouvillons a été effectué à température ambiante dans un milieu stérile et la conservation s'est faite au sec, au froid et à l'abri de la lumière si l'extraction n'avait pas eu lieu immédiatement.

4.1.4 ANALYSE EN LABORATOIRE

L'ensemble des échantillons récoltés lors des expériences ont été analysés dans les laboratoires dédiés à l'analyse des traces biologiques à l'ESC de l'Université de Lausanne.

L'extraction et la purification des échantillons est effectuée à l'aide du *QIAamp DNA Mini kit* (Qiagen) combiné aux colonnes homogénéisées *QIAshredder* (Qiagen) selon le protocole évalué et publié par Castella ainsi que ses collaborateurs (2006). L'extrait sera ensuite concentré grâce aux colonnes *Microcon-30* (Millipore).

La technique de la *Real-Time PCR* combinée au *Quantifiler Human DNA Quantification kit* ou au *Quantifiler® Duo DNA Quantification* (Applied Biosystems) a été sélectionnée dans le but de déterminer la quantité d'ADN présent dans les échantillons extraits. Le kit *Quantifiler®*

¹¹ Communication personnelle de Weblin et Comte, 2009.

Duo DNA Quantification offre l'avantage de mesurer en même temps la quantité de matériel biologique totale et la fraction masculine présentes dans le tube, alors que le *Quantifiler Human DNA Quantification kit* quantifie uniquement l'ADN total. En ce qui concerne la quantification, chaque échantillon a été analysé à trois reprises. Etant donné la précision de la quantification et du pipetage, nous avons considéré uniquement la valeur maximale obtenue au lieu que la valeur moyenne calculée à partir des trois résultats.

Les conditions d'amplification sont dictées par les résultats de la quantification (28, 32 ou 34 cycles PCR). Le mix PCR employé est l'*AmpF ℓ STR $\text{\textcircled{R}}$ SGM Plus PCR Amplification kit* (Applied Biosystems). Pour faire face à l'apparition d'éventuels artefacts, des replicats seront établis afin de confirmer la présence des signaux détectés.

Pour finir, les amplicons seront analysés à l'aide de l'électrophorèse capillaire *ABI Prism 3130XL Genetic Analyzer* (Applied Biosystems) et les profils ainsi obtenus seront traités grâce au programme *Genemapper $\text{\textcircled{R}}$ ID 3.2* (Applied Biosystems).

Tous les protocoles concernant les différentes étapes d'analyse sont fournis en annexe (Annexes A1-A5). Les échantillons ont toujours été analysés simultanément avec des standards internes ce qui permet d'assurer le bon fonctionnement de l'ensemble des instruments utilisés.

Section 4.2

Transfert des traces d'ADN de contact

4.2.1 INTRODUCTION

À partir des résultats obtenus lors de la paramétrisation initiale du réseau bayésien (cf. Chapitre 3), il en résulte que le phénomène du transfert joue un rôle important, sinon le plus important lors de l'exploitation des traces de nature biologique. La trace doit en effet se transférer à partir du donneur et se déposer sur la surface cible pour que l'exploitation puisse avoir lieu. Si aucun matériel biologique n'a été transféré, d'autres phénomènes comme la persistance ne pourront pas exister. C'est pourquoi ce chapitre sera dédié à l'étude de ce paramètre.

Mis à part le rôle-clé du phénomène du transfert, la nécessité d'étudier plus en détails cet élément est dictée également de la carence d'études et de résultats concrets. Dans le réseau bayésien, les noeuds relatifs au phénomène du transfert intéressent toutes les parties mises en cause: la victime (à savoir le propriétaire du véhicule volé), le suspect appréhendé et le vrai auteur du vol si le suspect n'est pas impliqué dans le délit.

Dès que la possibilité d'obtenir des profils génétiques à partir de prélèvements effectués sur les traces papillaires a été annoncée au monde scientifique par van Oorschot et Jones en 1997 (van Oorschot et Jones, 1997), ce type d'analyse s'est largement répandu dans le domaine forensique.

D'après les statistiques publiées issues des analyses effectuées par l'Unité de Génétique Forensique du Centre Universitaire Romand de Médecine Légale, le nombre de traces de contact prélevées sur les lieux a connu une augmentation vertigineuse ces dernières années: si en 2002 ce genre d'indice ne couvrait que le 27% du nombre total des échantillons analysés, en 2006 le taux avait été dédoublé (Castella et Mangin, 2008) jusqu'à atteindre le 86.3% en 2015 (11'868 traces de contact sur un total de 13'758 traces analysées)¹².

L'ADN est omniprésent dans notre environnement. La peau est l'organe le plus volumineux de notre organisme et constitue également notre principale interface avec le milieu extérieur: chaque personne possède donc des cellules cutanées qui se déposent chaque jour sur un nombre important de surfaces (Gill, 2014; van Oorschot et al, 2015). En outre, grâce à leur quantité et leur taille microscopique, ces cellules possèdent un pouvoir de transfert très important. Selon Wickenheiser (2002), un être humain perd en moyenne 400'000 cellules épithéliales par jour. Par conséquent, il estime que la surface de la peau humaine représente une grande source de profils génétiques.

¹² Communication personnelle de Comte, 2016.

4.2.2 TRANSFERT DES CELLULES EPITHELIALES

Comme illustré dans le modèle graphique suivant (cf. Figure 15), de nombreux paramètres peuvent influencer le phénomène du transfert: il est possible de citer le donneur et le récepteur, ainsi que tous les facteurs exogènes environnementaux¹³ conditionnant la nature du transfert proprement dit. Logiquement, le succès des analyses dépend également de la persistance de la trace sur le support, de l'efficacité des techniques de recherche et de prélèvement des traces mais aussi de chaque étape caractérisant l'analyse d'ADN.

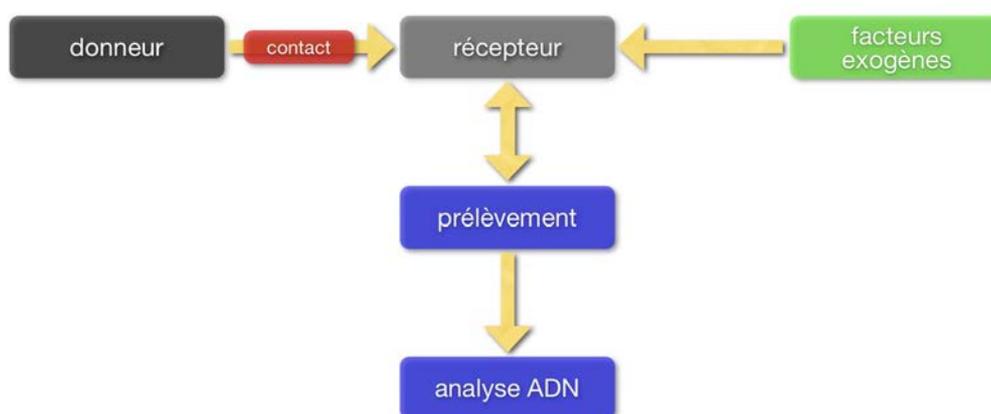


Figure 15 : Modèle graphique illustrant les facteurs intervenant sur le phénomène du transfert

4.2.2.1 Types de transfert

Il existe différents types de transfert. On parle de *transfert primaire*, lorsqu'un donneur transfère ses cellules épithéliales directement sur le récepteur, par conséquent un seul processus de transfert a lieu, comme illustré dans le schéma suivant (cf. Figure 16).



Figure 16 : Modèle graphique illustrant le phénomène du transfert primaire

Le *transfert secondaire* décrit la situation où un troisième élément intervient (Figure 17), cet élément pouvant être une personne ou un objet. Dans ce cas particulier, même si le donneur initial n'est pas entré physiquement en contact avec la cible finale, son ADN a été transporté par l'intermédiaire et déposé sur celle-ci. Nous pouvons imaginer le scénario où le donneur A transfère des cellules épithéliales en serrant la main au donneur B (intermédiaire) et que ce dernier touche ensuite une surface C (récepteur).

¹³ Les facteurs exogènes environnementaux caractérisent les conditions de stockage, par exemple la température, le taux d'humidité relative, l'exposition à la lumière, etc.

Lorsque l'élément intervenant dans le processus est représenté par un objet, nous pouvons imaginer la situation où le donneur A touche un objet B (un paire de gants) et que ce dernier entre en contact avec un deuxième objet C (une bouteille d'eau, une poignée de porte, etc), en transférant sur celui-ci l'ADN du donneur A.



Figure 17 : Modèle graphique illustrant le phénomène du transfert secondaire

La classification des types de transfert continue selon le même principe susmentionné: par exemple, on parlera de transfert tertiaire, lorsque deux intermédiaires interviennent dans le processus du transfert simple classique.

Les facteurs déterminant le phénomène du transfert varient logiquement selon le type de transfert en question. Pour le transfert primaire, on parlera plutôt de la qualité du donneur et du récepteur, alors que pour un transfert secondaire ou tertiaire, il faudra également prendre en considération les caractéristiques des éventuels intermédiaires. Enfin, l'action du contact lui-même joue également un rôle primordial.

Chacun de ces paramètres sera présenté et les différentes études focalisées sur ceux-ci seront brièvement introduites afin de fournir une vision globale de la connaissance dont le monde scientifique dispose aujourd'hui dans ce domaine.

4.2.2.2 Qualité du donneur

La qualité d'un donneur est définie comme la capacité d'une personne à déposer du matériel lui appartenant sur une surface, comme par exemple les traces d'ADN de contact et les traces papillaires.

Le concept que les êtres humains montrent une variation entre eux n'est pas nouveau. Ces différences s'observent bien sûr au niveau de l'aspect extérieur de notre corps, mais également pour ce qui concerne nos caractéristiques internes: d'un côté, il s'agit de nos particularités physiques, et d'autre part, on se réfère à tous les systèmes réglant le fonctionnement de notre organisme. Plusieurs études ont mené à l'évaluation de ces caractéristiques: par exemple, Abaz et ses collaborateurs (2002) se sont concentrés sur la différence de l'activité de l' α -amylase, alors que Burger et ses collègues (2005) ont observé des différences même pour des prélèvements buccaux effectués sur les deux joues d'une même personne.

En tenant compte de toute cette gamme de variations interindividuelles et même intra-

individuelles, il n'est pas surprenant de remarquer que la capacité à déposer des traces de contact pourrait aussi être différente d'une personne à l'autre. Cependant, les vraies raisons de cette variation sont peu connues, surtout en considérant que nos questions au niveau des variations intra-individuelles ont encore peu de réponses.

Différents efforts ont été effectués par les scientifiques afin d'approfondir les connaissances sur la qualité du donneur en ADN. Cette partie sera traitée en détail dans le prochain chapitre.

4.2.2.3 Nature du contact

La nature du contact est un paramètre pouvant influencer la quantité de cellules épithéliales déposées d'une surface à l'autre. Les facteurs pouvant intervenir lors de ce contact physique peuvent être par exemple le mode, la pression appliquée et la durée du contact.

Mais, est-ce que la manière et la force avec laquelle une trace a été déposée influencent réellement la quantité de cellules épithéliales transférées? Actuellement il n'existe pas d'études éloquentes sur l'influence du mode de contact et/ou de la pression appliquée lors de cet événement. Mais on peut postuler que plus la pression exercée lors du contact sera grande, plus la quantité de cellules transférées sera importante: cela en raison d'un frottement plus "violent" entre les deux surfaces. Parallèlement, le fait d'exercer un roulement de l'objet avec les doigts/mains lors du contact pourrait transférer plus de cellules par rapport à un contact classique d'apposition. Cette dernière expérience faisait partie d'une étude de Pesaresi et de ses collègues (2003), mais malheureusement aucun résultat n'a été présenté dans leur manuscrit.

En ce qui concerne la pression appliquée lors du contact, des expériences ont été effectuées par Bowyer et ses collaborateurs, mais leurs résultats ne sont pas interprétables car la plupart des profils obtenus ne sont pas exploitables: il s'agit probablement d'un problème dans le choix des donneurs (Bowyer et al, 2007; Bowyer, 2008).

Concernant la durée de l'impact, plusieurs chercheurs se sont intéressés à ce sujet pour évaluer l'influence de ce paramètre sur la quantité d'ADN déposée sur un objet.

Van Oorschot et Jones (1997) ont testé différents temps de contact (5 et 30 sec, 3 et 10 min) entre les mains des donneurs et des tubes en polypropylène, mais aucune variation significative quant au résultat n'a été observée. Ils expliquent ces observations par le fait que selon eux tout le matériel se transfère lors du contact initial.

Quelques années plus tard, l'influence du temps de contact a été réévaluée par Balogh

et ses collaborateurs (2003), mais leurs conclusions ne diffèrent pas de celles tirées par van Oorschot et Jones (1997).

Cependant, en 2004, une expérience effectuée sur les traces de contact déposées sur des câbles métalliques semblerait contredire les résultats précédents (Saravo et al, 2004). Selon les résultats obtenus par les auteurs, trente secondes de contact sont suffisantes pour permettre l'obtention d'un profil exploitable. Mais à partir de la lecture des électrophorogrammes obtenus, il est possible de constater une augmentation de la qualité du profil en hauteur et nombre de pics, suite à un temps de contact plus élevé. Kisilevsky et Wickenheiser sont également de l'avis que la quantité de l'ADN déposée dépend de la durée du contact (Kisilevsky et Wickenheiser, 1999; Wickenheiser, 2002).

4.2.2.4 Qualité du récepteur

Comme le donneur qui doit posséder les caractéristiques pour transférer la plus grande quantité possible de cellules épithéliales, le récepteur doit être capable de retenir sur sa surface les cellules transmises par le donneur et les relâcher au moment du prélèvement de la trace proprement dit.

La quantité de cellules épithéliales transférées dépend-elle du type de support? La qualité du récepteur est conditionnée par son type de surface. Une surface non lisse retiendra et protégera mieux les cellules, mais d'un autre côté, le prélèvement sur ce genre de surface ne pourra pas garantir la récupération totale des cellules présentes. Parallèlement, si celles-ci sont transférées sur une surface lisse, elles seront moins bien protégées, mais le prélèvement sur la surface sera plus aisé.

Les résultats obtenus par plusieurs études ont montré la possibilité d'obtenir des profils génétiques exploitables à partir de prélèvements effectués sur différents types de surfaces. Pour en citer quelques exemples:

- dans les chaussures (Bright et Petricevic, 2004; Hillier et al, 2005; Vuirchard, 2007);
- sur la peau des victimes (Grellner et Benecke, 1997; Wiegand et Kleiber, 1997; Kisilevsky et Wickenheiser, 1999; Bohnert et al, 2001; Ruddy, 2002; Färber et al, 2010);
- sur les parois du vagin et du pénis dans les cas d'agression sexuelle (Keating, 1989; Betz et al, 2001; Kaarstad et al, 2007);
- dans les voitures (Pizzamiglio et al, 2004; Lenz et al, 2006; Borde, 2008; Ishiko et al, 2008);

- sur le papier (Balogh et al, 2003);
- sur les armes et les éléments de munition (Polley et al, 2006; Comte, 2007; Comte et Pun, 2009; Ferreira et al, 2009; Horsman-Hall et al, 2009; Branch, 2010; Gashi et al, 2010; Richert, 2011);
- sur les habits (Lowe et al, 2003);
- sur les traces de lèvres déposées sur la peau des personnes (Barbaro et al, 2009);
- sur la literie (Petricevic et al, 2006);
- sur les éléments composant les dispositifs de skimming (Dufva et al, 2011);
- sur les outils et les objets communs de composition différente (van Oorschot et Jones, 1997; Bellefeuille et al, 1999; Ladd et al, 1999; Wickenheiser et Challoner, 1999; Pesaresi et al, 2003; Seo et al, 2002; Alessandrini et al, 2003; Saravo et al, 2004; Albrecht, 2005; McFadden et al, 2009; Daly et al, 2012; Samie et al, 2016), comme les manches de couteaux, marteaux et tournevis, les câbles métalliques, les combinés de téléphone, les tasses à café, les instruments scripturants, les claviers d'ordinateur, les écouteurs, les préservatifs, etc.

En conclusion, si plusieurs auteurs soulignent l'importance du type de support (Kisilevsky et Wickenheiser, 1999; Pesaresi et al, 2003; van Oorschot et al, 2001; Wickenheiser, 2002; Daly et al, 2012), d'autres sont de l'avis que l'influence de ce facteur est non significative (Alessandrini et al, 2003; Albrecht, 2005).

4.2.2.5 Qualité de l'intermédiaire

Lorsque l'on considère un transfert secondaire ou tertiaire, un ou plusieurs intermédiaires interviennent dans le processus. Ce participant jouera un double rôle, autant sinon plus important que ceux du donneur et du récepteur: l'intermédiaire devra posséder à la fois les caractéristiques du récepteur et du donneur. En effet, il devra tout d'abord être capable de retenir et de préserver au mieux toutes les cellules épithéliales transférées sur sa surface par le donneur, et ensuite, dans un deuxième temps, les re-transférer au prochain récepteur.

Pour qu'un intermédiaire puisse être défini de bonne qualité, il doit re-transmettre au récepteur la totalité de l'ADN appartenant au donneur retenu sur sa surface. Cependant, on peut facilement imaginer que cette situation idéale ne se produira que très rarement, ou même jamais. En effet, il est légitime de penser qu'à chaque échange, on assiste à la perte d'une quantité d'ADN, plus ou moins importante selon les circonstances.

La problématique de l'intervention d'un troisième composant dans le processus de transfert se situe au niveau des éventuels profils de mélange obtenus lors de l'analyse de la trace finale. On pourrait espérer le cas idéal où l'intermédiaire ne se limite qu'à transmettre au récepteur l'ADN reçu par le donneur. Cependant, ce genre de situation se ne produit que rarement, en effet, l'intermédiaire peut transmettre à son tour ses propres cellules épithéliales ou en être contaminé à sa surface. Cet effet collatéral peut augmenter drastiquement les problèmes d'interprétation de la trace, principalement parce que les proportions entre les fractions présentes dans le mélange peuvent varier selon l'influence d'autres paramètres.

4.2.3 PARTIE EXPERIMENTALE

La partie initiale du chapitre a illustré les études scientifiques focalisées sur le phénomène du transfert des cellules épithéliales. Cependant, les résultats de ces recherches sont souvent contradictoires. Comme le phénomène du transfert joue un rôle-clé lors de l'interprétation des profils génétiques, un plan expérimental y a été consacré afin de mieux comprendre les mécanismes de transfert d'ADN.

4.2.3.1 Matériels et méthodes

4.2.3.1.1 Echantillonnage

L'échantillonnage consiste en dix véhicules appartenant aux membres du personnel de l'Institut de Police Scientifique. Les parties de l'habitacle prises en considération pour cette étude sont:

- l'appui-tête du conducteur
- le frein à main
- le levier de vitesse
- le volant
- la vitre de la fenêtre du côté du conducteur
- la poignée de porte du côté du conducteur

4.2.3.1.2 Prélèvement des blancs

Chaque composant de l'habitacle à analyser a fait objet d'un nettoyage afin de récolter les blancs sur ces surfaces. Ce dernier consiste à frotter tout d'abord le support à l'aide de mouchoirs imbibés d'une solution d'eau de javel 3%. Dans un deuxième temps, de l'éthanol 70% est utilisé afin d'enlever les traces de la première solution. Après avoir répétée deux fois

l'opération, un écouvillon stérile légèrement humidifié est appliqué sur chacune des surface afin d'enlever les cellules éventuellement encore présentes.

L'utilisation d'un écouvillon facilite le nettoyage dans les zones difficilement accessibles à l'aide d'un mouchoir. Après le passage de l'écouvillon, une troisième opération de nettoyage a lieu. Enfin, la dernière étape consiste à procéder au prélèvement d'échantillons de blanc à l'aide d'un deuxième écouvillon.

4.2.3.1.3 Déroulement des expériences

Chaque véhicule est conduit régulièrement par les conducteurs habituels pendant une semaine. Pendant ce laps de temps, les propriétaires des voitures doivent récolter les FMJ de référence des éventuels conducteurs occasionnels et des passagers qui ont pris place sur le siège passager, à côté du conducteur. Ces profils sont nécessaires afin d'identifier leur contribution dans les cas de profils de mélange.

Un formulaire a également été remis aux propriétaires des véhicules, dans lequel ils devaient estimer au-delà du consentement à l'étude leur temps de conduite, annoter la présence des conducteurs et des passagers occasionnels et insérer des informations concernant le transfert secondaire (y a-t-il eu un contact peau à peau entre le conducteur et un des passagers avant ou pendant la conduite du véhicule?) et les activités des passagers (l'un des passagers assis à côté du conducteur a-t-il touché un des éléments de l'habitacle d'intérêt?).

4.2.3.1.4 Prélèvement des échantillons

Une semaine après l'établissement des blancs, de nouveaux prélèvements ont été réalisés sur les mêmes éléments de l'habitacle des véhicules.

4.2.3.1.5 Analyses en laboratoire

Chacun des 60 échantillons prélevés après une semaine de conduite a été quantifié et amplifié en laboratoire.

La procédure d'analyse pour les 60 blancs reste substantiellement la même que celle exposée dans le paragraphe précédent, la seule différence concerne les conditions pour l'amplification PCR. Afin d'éviter les artefacts engendrés par l'analyse de faibles quantités d'ADN (les échantillons à blancs présentent logiquement moins de matériel biologique par rapport à ceux prélevés après une semaine de conduite régulière du véhicule), les blancs ont été amplifiés selon les résultats de la quantification obtenus à partir des échantillons prélevés une se-

maine après, indépendamment de la quantité d'ADN extraite.

4.2.3.2 Résultats

Le tableau suivant montre les quantités d'ADN récoltées dans l'habitacle des dix véhicules sur chacune des zones des prélèvements ainsi que le temps et le nombre de kilomètres parcourus. Il en résulte qu'après une semaine de conduite de véhicule, le volant représente la meilleure surface pour le transfert d'ADN du conducteur, suivi par le levier de vitesse et le frein à main. L'appui-tête et la poignée de la porte du côté du conducteur peuvent également retenir quantités d'ADN suffisantes pour aboutir avec succès à une analyse d'ADN. Par contre, sur la vitre de la fenêtre on retrouve moins de matériel biologique, de part le fait que cette surface n'entre pas forcément en contact avec le conducteur.

véhicule	temps écoulé	distance parcourue	appui-tête	vitre de la fenêtre	frein à main	levier de vitesse	poignée de porte	volant
1	6h15m	520km	1325	0	7025	3600	3325	26025
2	6h	245km	50	0	350	575	250	2550
3	9h10m	424km	1600	25	4950	1550	1550	10000
4	4h30m	167km	2800	50	3850	12925	3250	12750
5	4h55m	85km	125	0	50	675	150	550
6	20h	1700km	2475	25	550	1525	425	1475
7	5h30m	245km	1425	100	800	1425	50	900
8	3h	45km	75	25	25	150	25	300
9	5h	270km	2600	50	875	1925	300	300
10	6h30m	68km	600	225	4725	2550	225	22575

Tableau 28 : Quantités d'ADN en pg transférées sur les différentes parties de l'habitacle des véhicules de l'étude

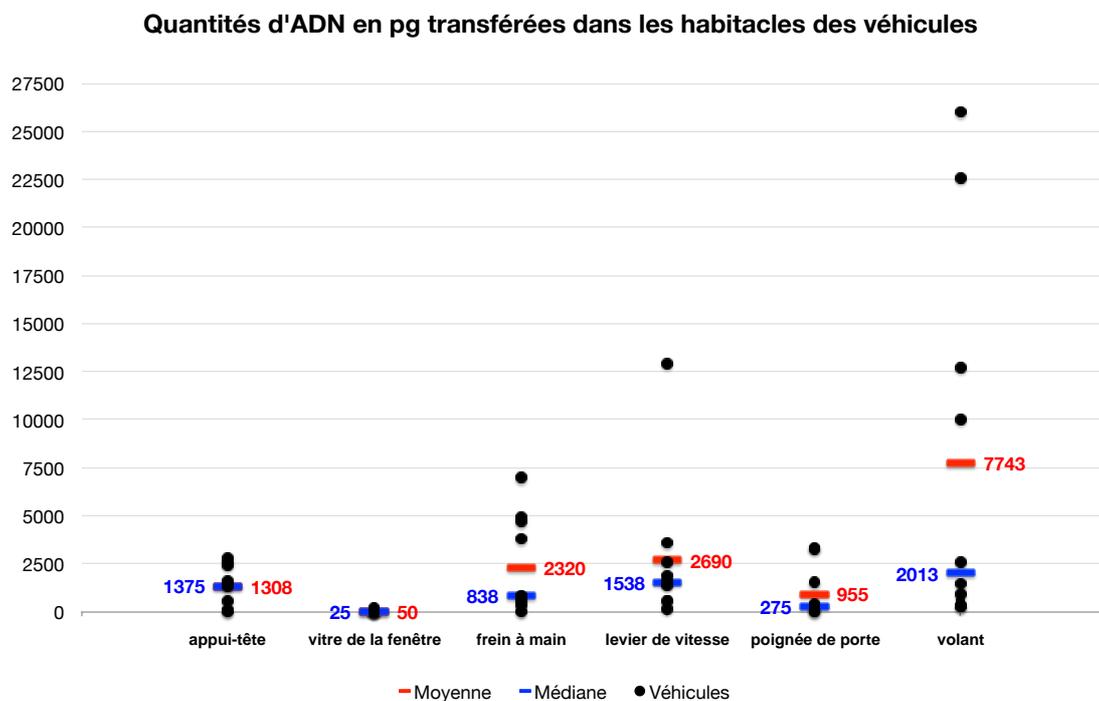
Les résultats d'analyse ont montré qu'il a toujours été possible de récupérer du matériel biologique appartenant aux conducteurs habituels des véhicules dans l'habitacle, sauf pour la vitre de la fenêtre du côté du conducteur.

Les véhicules faisant partie de l'échantillonnage de l'étude ont été sélectionnés sans disposer d'aucun renseignement concernant la qualité des propriétaires et/ou des conducteurs habituels en tant que donneurs en ADN. Parmi les résultats obtenus, certains prélèvements sont caractérisés par des quantités de matériel biologique plus élevées par rapport aux autres.

En observant les quantités d'ADN déposées, on constate que certains conducteurs transfèrent beaucoup plus d'ADN que d'autres, c'est le cas du conducteur du véhicule 1 par exemple. Alors que d'autres conducteurs ne sont jamais parvenus à déposer plus d'un nanogramme d'ADN pendant toute une semaine (comme le 5ème). Selon les déclarations de ce

conducteur, il a conduit sa voiture pendant presque cinq heures.

Le graphique de dispersion suivant présente la quantité d'ADN retrouvée sur chacune des zones de prélèvement ainsi que la moyenne arithmétique et la médiane calculées pour les valeurs en question (Graphique 3).



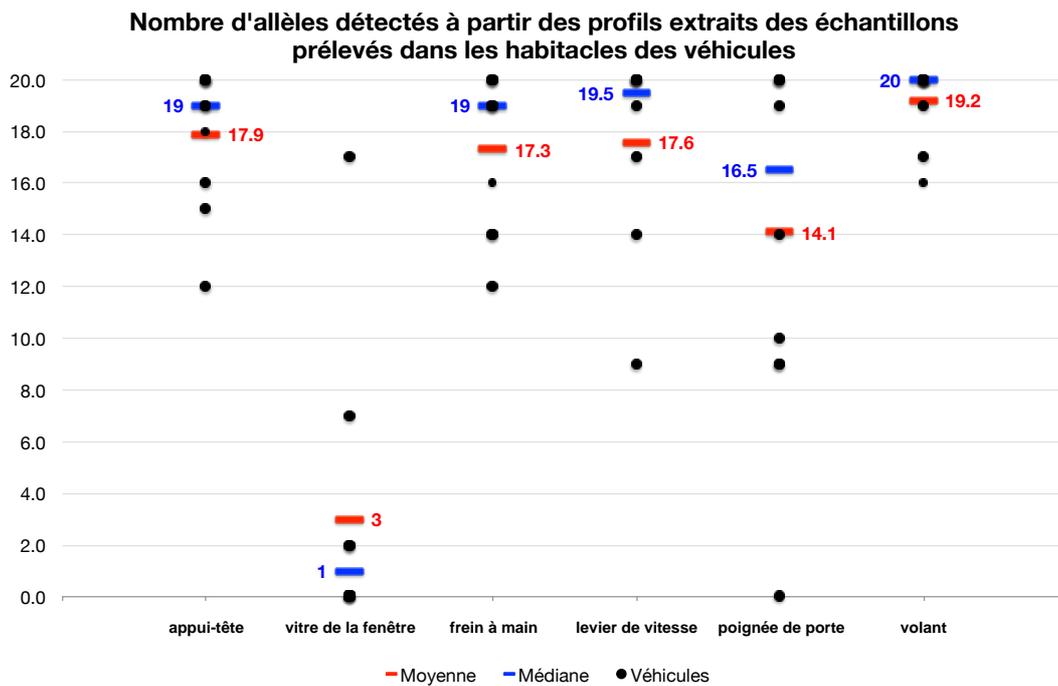
Graphique 3 : Quantités d'ADN (en pg) transférées sur les différentes parties de l'habitacle des véhicules de l'étude ainsi que la moyenne arithmétique (en rouge) et la médiane (en bleu) calculées

Les prélèvements quantifiés ont ensuite été amplifiés. La qualité des profils obtenus a été traduite par le nombre d'allèles détectés dans les électrophorégrammes (cf. Tableau 29, Graphique 4). En utilisant le kit d'amplification *AmpFℓSTR® SGM Plus PCR Amplification kit* (Applied Biosystems), un profil ADN complet sera caractérisé par un ensemble de vingt pics.

Il en résulte que même en partant de quantités relativement faibles, des profils de bonne qualité ont été obtenus grâce au recours à une augmentation des cycles d'amplification PCR. Compte tenu de cette sensibilité accrue des techniques d'analyse, il s'avère qu'il serait plus judicieux de baser tous les résultats expérimentaux sur la quantité d'ADN plutôt que sur la qualité contrairement à la plupart des études publiées. En effet, la quantité de matériel biologique prélevé constitue un paramètre objectif, ce qui n'est pas le cas de la qualité du profil génétique obtenu qui dépend directement des conditions d'amplification et des amorces choisis et peut varier d'un laboratoire à l'autre.

véhicule	appui-tête	vitre de la fenêtre	frein à main	levier de vitesse	poignée de porte	volant
1	20	0	20	20	20	20
2	16	0	19	20	0	20
3	20	7	19	19	20	19
4	20	0	20	20	20	20
5	18	2	16	17	20	16
6	19	17	14	20	14	20
7	20	0	12	17	9	20
8	15	2	14	14	9	17
9	19	2	19	20	19	20
10	12	0	20	9	10	20

Tableau 29 : Nombre des allèles détectés à partir des échantillons récoltés de l'habitacle des véhicules de l'étude



Graphique 4 : Nombre d'allèles détectés à partir des échantillons prélevés sur les différentes zones de l'habitacle

Les résultats de cette première étude montrent que pour un même donneur les quantités d'ADN transférées peuvent varier selon le type de surface considéré et que parmi les conducteurs des véhicules choisis sans sélection particulière, certains déposent plus de matériel biologique par rapport à d'autres. Il en résulte que les variations observées dérivent vraisemblablement de la capacité de chaque individu à déposer ses cellules épithéliales, donc de

la qualité du donneur en ADN. Cette thématique est un des sujets les plus traités dans la littérature scientifique cependant les résultats publiés sont souvent contradictoires, c'est pourquoi la prochain section sera entièrement dédiée à l'étude approfondie de ce paramètre.

Section 4.3

Qualité du donneur en ADN

Jinato Hu

*"Diversity in the world is a basic characteristic of human society,
and also the key condition for a lively and dynamic world as we see today."*

4.3.1 CONCEPTS THEORIQUES

Intuitivement, il est attendu que le phénomène de transfert dépende de la qualité du donneur. En effet, le donneur doit être capable de déposer des cellules épithéliales en quantité et qualité suffisantes pour la suite du processus.

Une question concerne la définition proprement dite des niveaux de classification: qu'entendons-nous par bon donneur? et par mauvais donneur? sur quels critères se base cette classification?

Différentes études ont été publiées afin de répondre aux questions précitées. Voici un aperçu des résultats obtenus.

Van Oorschot et Jones furent les premiers à observer une différence entre les individus concernant la déposition de traces par contact sur des objets (van Oorschot et Jones, 1997). Après leur publication, plusieurs recherches ont été effectuées sur ce thème.

En 1997, Wiegand et Kleiber ont confirmé les résultats de van Oorschot et Jones sur les variations inter-individuelles lors de la déposition des traces de contact observées dans les affaires de strangulation. Les auteurs supposent que cette différence est due au fait que la surface de la peau varie d'un sujet à l'autre (Wiegand et Kleiber, 1997).

En 2001, Lowe et ses collègues ont présenté leur travail à l'occasion du 19^{ème} Congrès de l'International Society for Forensic Genetics (Lowe et al, 2003). Lors de leur recherche, ils ont répertorié 12 bons donneurs sur un total de 29 personnes testées, et concluent en suggérant d'augmenter la palette des candidats afin de mieux déterminer la distribution des bons et mauvais donneurs en ADN.

L'étude la plus approfondie sur ce sujet est sans doute celle publiée par Lowe et ses collaborateurs en 2002. Celle-ci exploite l'idée de classer les personnes selon leur capacité à déposer leur ADN sur les surfaces inertes de tubes en plastique (Lowe et al, 2002). Dans ce but, les auteurs se sont basés sur le facteur du temps écoulé entre le lavage des mains et la déposition des traces: les personnes, capables de déposer des traces permettant l'obtention d'un profil ADN complet tout de suite après le lavage de leurs mains, sont définies comme étant de bons donneurs, alors que les mauvais donneurs sont les individus qui pourraient arriver au même résultat uniquement si leurs mains n'ont pas été lavées depuis au moins 6 heures. Aucune différence due au sexe du donneur n'a été observée. Par contre, Lowe et ses collaborateurs ont remarqué que la plus grande différence entre les donneurs se situe 15 minutes après le lavage des mains. Par conséquent, ils proposent cet intervalle de temps pour la classification de la qualité des donneurs.

En 2007, cinq ans après les études de Lowe et de son groupe de travail, Phipps et Pe-

tricevic ont publié un article visant à obtenir des résultats plus indicatifs concernant la qualité des donneurs grâce à l'augmentation du nombre de personnes composant l'échantillonnage (Phipps et Petricevic, 2007). Cependant, selon leurs résultats, aucune des soixante personnes testées ne remplissait les critères du bon donneur dans le sens de Lowe et de ses collaborateurs. Phipps et Petricevic ont également testé l'éventuelle différence entre les deux mains des donneurs: il en résulte que 15 minutes après le lavage, la main inhabituelle génère une perte plus importante de cellules épithéliales, alors que c'est la main habituelle qui dépose le plus de cellules épithéliales si aucun lavage n'a eu lieu avant le prélèvement. Les auteurs concluent qu'une variabilité existe bel et bien entre les différents donneurs, mais que l'intravariabilité est également considérable: en effet, une même personne ne dépose pas toujours la même quantité d'ADN. Par conséquent, ils estiment que l'évaluation des paramètres influençant cette classification est beaucoup plus compliquée qu'ils ne l'avaient estimé au départ.

Durant ces dernières années, la grande inter-variabilité entre les donneurs a fait l'objet de plusieurs autres études et a été unanimement confirmée (Pesaresi et al, 2003; Wickenheiser, 2002; Alessandrini et al, 2003; van Oorschot et al, 2003; Djuric et al, 2008; Farmen et al, 2008a). Une seule étude (Balogh et al, 2003) a conclu que la variation inter-individuelle concernant la qualité du donneur n'est pas significative, mais ces résultats sont à prendre avec prudence étant donné que l'échantillonnage relativement restreint de cette dernière étude (seulement quatre individus).

Il est possible d'imaginer une multitude de paramètres pouvant influencer la perte et la déposition des cellules épithéliales.

Dans sa thèse (2004), Yee cite le métabolisme de la peau comme une des raisons plausibles de la variation entre les différents individus: les bons donneurs pourraient présenter une maturation de cellules plus rapide grâce à des niveaux de croissance plus élevés. Alors que d'autres auteurs ont tenté de détecter un parallélisme entre la qualité des traces papillaires, en terme de détails des minuties, et la quantité d'ADN prélevée (Dominick et al, 2009).

Au-delà des caractéristiques spécifiques des cellules épithéliales qui peuvent varier d'une personne à l'autre (Winkler, 2011), d'autres paramètres pourraient influencer la quantité des cellules épithéliales déposées par un même individu. Il s'agit d'une série de facteurs exogènes, non liés directement à notre corps humain, comme le lavage des mains, le nombre de contacts antécédents, les conditions environnementales, etc.

Les paragraphes suivants traitent brièvement desdits paramètres.

4.3.1.1 Lavage des mains

Il a été établi qu'à chaque lavage un certain nombre de cellules cutanées de la couche de surface est éliminé. Par conséquent, notre peau doit répondre à chaque perte cellulaire par la production de nouvelles cellules. Bien que le renouvellement cellulaire ne soit pas encore un phénomène bien connu, nous savons que tout ce processus implique de nombreuses étapes physiologiques qui dépendent d'interactions entre les couches des cellules cutanées. Du moment que la vitesse de production des nouvelles cellules varie d'un individu à l'autre, la mesure de cette vitesse et la détermination de la quantité de cellules épithéliales que l'individu a su régénérer à un moment donné après le lavage de ses mains pourraient éventuellement être utilisées pour la classification des individus.

Ces dernières années, les auteurs menant des recherches sur l'ADN de contact se sont surtout focalisés sur l'étude d'autres paramètres en fixant au préalable les conditions du lavage des mains de leurs volontaires. Pour en citer un exemple, Schulz et Reichert (2002) ont demandé aux candidats de ne pas se laver les mains pendant 6-8 heures et de s'abstenir de toutes sortes de contacts physiques avec d'autres personnes. Cependant, la plupart des chercheurs n'ont pas évalué l'influence de ce paramètre sur les résultats lors de leurs études.

Cette lacune a été partiellement comblée, mais il semble toutefois évident que des efforts devraient encore être effectués afin de mieux comprendre l'influence du lavage de mains sur la qualité d'un donneur. Un aperçu des expérimentations effectuées jusqu'à présent peut nous fournir une vision plus claire de nos connaissances sur le phénomène.

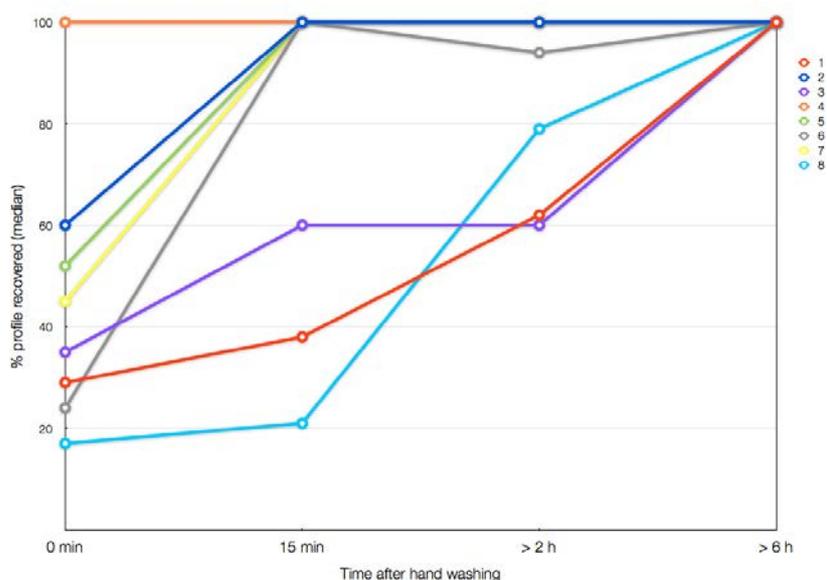
Pesaresi et ses collaborateurs (2003) ont souligné le fait que le lavage des mains augmente la probabilité d'obtenir des profils simples non mélangés. Cette considération est compatible avec le fait que le lavage permet de nettoyer et d'enlever les éventuelles contaminations (ADN étranger) sur notre épiderme, qui deviennent de plus en plus importantes en fonction du temps écoulé depuis le dernier lavage.

Selon les études de quantification effectuées par Alessandrini et ses collègues (2003), quelques nanogrammes d'ADN peuvent être retrouvés à partir de mains non lavées précédemment, contre quelques centaines de picogrammes obtenus à partir de mains lavées à l'aide d'un savon antiseptique.

Van Oorschot et Jones (1997) indiquent que les mains sèches ou lavées récemment ont tendance à fournir moins d'ADN, mais les conditions de travail et les échantillonnages sur lesquels ces résultats sont basés ne sont pas précisés dans leur lettre à la revue Nature. Ces derniers résultats contredisent ceux obtenus par Bright et Petricevic (2004), lesquels montrent que la perte d'humidité dans les mains augmente le processus de l'écaillage des cellules

épithéliales. Selon eux, les mains sèches représentent donc de bonnes sources d'ADN. Alors que d'autres auteurs se sont intéressés à l'influence des maladies de la peau sur la qualité des donneurs (Kamphausen et al, 2012).

La recherche effectuée par Lowe et ses collaborateurs (2002) s'est révélée la plus complète. Pendant leurs expériences, les auteurs ont essayé d'évaluer l'influence du lavage des mains sur la qualité des profils génétiques obtenus, basée sur le comptage du nombre d'allèles détectés.



Graphique 5 (tiré de Lowe et al, 2002) : Influence du temps écoulé après le lavage des mains sur la qualité du profil génétique obtenu pour 8 donneurs (1 à 8)

Le Graphique 5, tiré de l'article publié par Lowe et ses collaborateurs (2002), illustre les résultats obtenus par cette étude: huit personnes ont fait l'objet de cette recherche, le temps de contact entre les donneurs et les surfaces est de 10 secondes, les extraits des échantillons ont été amplifiés à 34 cycles et le taux de profil obtenu en % a été calculé à partir du nombre des allèles détectés.

D'après les résultats des auteurs, les bons donneurs en ADN sont en mesure de déposer des profils complets immédiatement après le lavage des mains. Alors que les mauvais donneurs ne parviennent au même résultat qu'après six heures depuis le lavage. Compte tenu que la différence plus remarquable observée se situe après quinze minutes du lavage des mains, Lowe et ses collaborateurs proposent cet intervalle de temps pour la classification des donneurs en ADN. En d'autres termes, si un candidat possède la faculté de transférer des traces de contact après quinze minutes du lavage des mains, celui-ci est défini en tant qu'un bon donneur en ADN. Dans le cas contraire, il s'agira d'un mauvais donneur.

4.3.1.2 Nombre de contacts successifs

Il paraît logique de supposer que la perte de particules cutanées soit fonction de l'activité du sujet. Après la régénération cellulaire suite à un lavage des mains, un individu devrait présenter une certaine quantité de cellules épithéliales prêtes à quitter la surface de l'épiderme au contact d'autres supports ou par simple mouvement du corps. La quantité de cellules présentes sur notre surface d'intérêt sera donc influencée directement par l'historique des activités que le donneur a entrepris entre le lavage de ses mains et l'apposition de la trace.

À ma connaissance, une seule étude a été réalisée afin de déterminer la différence entre plusieurs traces de contact déposées en série (van Oorschot et al, 2001). Selon leurs résultats, le premier contact diminue drastiquement la quantité d'ADN pour les contacts successifs. Ces conclusions dérivent d'une expérience effectuée sur quatre personnes. Pendant dix secondes, ces individus ont tenu dans leurs mains une série de trente objets, successivement l'un après l'autre et avec un temps d'attente défini entre les différentes prises.

4.3.1.3 Main de saisie

Selon l'étude de Van Oorschot *et al.* (2003), la quantité déposée par les deux mains d'un individu est similaire.

Les études de Phipps et Petricevic (2007) ont à l'opposé montré une différence significative de la quantité d'ADN déposée en fonction de la main qui a été utilisée pour saisir l'objet. Les auteurs ont en effet observé que les personnes fournissent généralement plus de matériel biologique avec leur main "habituelle"¹⁴ par rapport à l'autre main. Ils expliquent ce phénomène par le fait que les personnes utilisent principalement la main usuelle lors des activités quotidiennes; par conséquent, elle est plus fréquemment en contact avec des objets et perd donc plus de cellules épithéliales. Cependant, il faut également tenir compte du fait que la main dominante présente plus facilement une accumulation d'ADN provenant d'autres parties du corps (par exemple à travers le contact avec le visage, les yeux, etc). Par contre, si les mains ont été récemment lavées, il se peut que la main non dominante fournisse plus d'ADN. Ces résultats sont en contradiction avec ceux de l'étude publiée par Manoli et ses collaborateurs (2016).

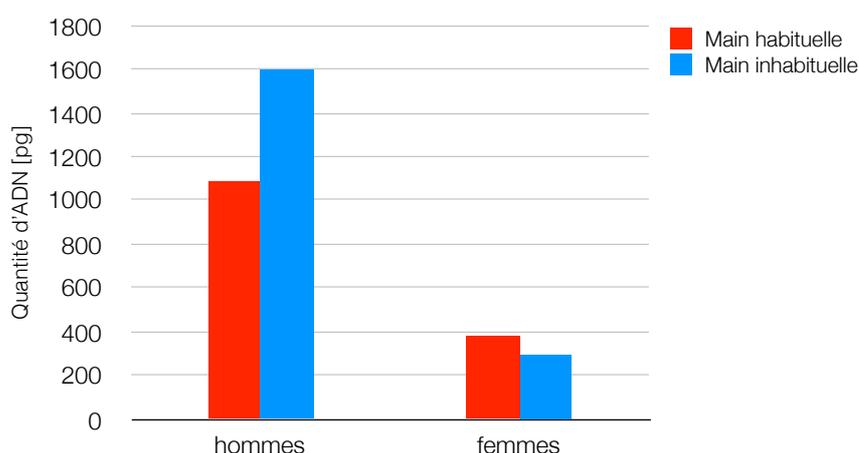
Le mémoire de Master de Yee (2004) soutient également les résultats obtenus par Phipps et Petricevic (2007). Les donneurs ayant lavé leurs mains une heure avant la déposition des traces ont transféré plus de matériel biologique à travers leurs mains non habituelles par rapport aux mains habituelles.

¹⁴ La main habituelle, dite également dominante, est celle utilisée généralement pour écrire ou saisir les objets. Pour un droitier, la main habituelle est celle droite, alors que pour un gaucher il s'agit de la main gauche.

Selon une étude récente publiée par Oleiwi et ses collaborateurs (2015), il semblerait que les traces de contact déposées par les doigts des donneurs contiennent plus de matériel biologique par rapport à celles des paumes des mains.

4.3.1.4 Sexe et âge du donneur

Selon les résultats obtenus par Lowe et ses collaborateurs (2002), aucune différence significative n'a été démontrée entre les hommes et les femmes faisant partie de leur échantillonnage. Cependant, Yee (2004) a montré une différence de quantité d'ADN déposée selon le sexe du donneur: il semblerait qu'indépendamment de la main utilisée pour la saisie de l'objet, les hommes déposent beaucoup plus de matériel biologique que les femmes. Le Graphique 6, tiré directement de la publication de Yee (2004), montre les valeurs moyennes calculées à partir des quantités déposées par les mains de 150 donneurs (75 par sexe):



Graphique 6 (tiré de Yee, 2004) : Influence du sexe et de la main utilisée sur la quantité d'ADN déposée (en pg)

Dans une publication récente, Manoli et ses collaborateurs (2016) ont même montré que les jeunes donneurs déposent plus d'ADN par rapport à ceux plus âgés.

4.3.1.5 Conditions environnementales

La peau de notre corps assure également la fonction de régulateur thermique: raison pour laquelle, à tout changement de température externe, un processus intervient afin de régler la température interne du corps en l'adaptant aux conditions atmosphériques externes.

Actuellement, les causes du phénomène de transfert des cellules épithéliales ne sont pas encore bien connues. Cependant, certains auteurs (Wickenheiser, 2002; Bright et Petricevic, 2004) ont proposé que la sueur pourrait éventuellement jouer un rôle important dans ce

processus, en transportant les cellules détachées de la peau sur la surface de contact.

Les glandes sudoripares eccrines sont réparties sur presque la totalité de la surface du corps (500-1000 par cm²), à l'exception de certains organes génitaux externes. La partie sécrétrice est située dans le derme et l'hypoderme (tissus sous-cutanés constitués principalement de tissus adipeux) et la sécrétion (à savoir la sueur) passe par le canal excréteur et sort par les pores situés à la surface de la peau.

La production de sueur (Marieb et Hoehn, 2015) est liée au mécanisme de thermorégulation mais peut aussi être d'origine émotionnelle, provoquée par la peur, la gêne ou la nervosité (dans ce cas, elle apparaît en principe sur les paumes, les plantes des pieds, les aisselles et ensuite sur le reste du corps). Généralement, le taux de transpiration augmente en proportion de l'augmentation de la chaleur et de la fatigue (Robinson et Robinson, 1954). Mais elle peut également être due à une augmentation de la densité des glandes sudoripares activées, à une augmentation du taux de sueur par glande ou à ces deux facteurs combinés. Sous effort physique, le taux de transpiration augmente initialement par effet des deux facteurs, et par la suite, il s'agit surtout de la plus grande quantité de sueur produite par une glande (Kondo et al, 2001).

Il est intéressant de souligner que si pour les autres parties du corps la transpiration est liée principalement à une augmentation de la température, dans le cas des mains il y a aussi le facteur psychologique qui entre en compte. Le taux de transpiration des paumes est donc irrégulier et aussi très bas à cause du fait que les glandes sudoripares de cette région sont plus sensibles aux stimulations mentales que thermiques (Weiner, 1945). Des variations sont également observées après le processus dit d'*acclimatation*, par lequel notre corps s'habitue progressivement à la chaleur en réduisant le battement cardiaque et la température cutanée et interne. En plus, ce processus d'entraînement à la chaleur provoque une augmentation de la longueur et du volume du canal tubulaire des glandes sudoripares. Cette augmentation est liée à une production plus importante de sueur: elles sont plus efficaces étant donné qu'elles produisent plus de sueur par unité de longueur du canal. Il en résulte que les personnes qui transpirent beaucoup ont des glandes eccrines de volume plus important, avec un tube de sécrétion plus long et de diamètre plus large par rapport aux sujets qui transpirent moins (Sato et Dobson, 1970).

D'après la littérature, la sueur est composée à 99% d'eau et à 1% d'autres composants mineurs, tels que le chlorure de sodium¹⁵, le potassium, le calcium, les vitamines, les traces de déchets métaboliques (tels que l'urée, l'acide uridique et l'ammoniac) et l'acide lac-

¹⁵ Les variations de concentration de sels dépendent de l'individu, du sexe (la sueur des hommes étant plus concentrée en NaCl que celle des femmes), de l'état nutritionnel, du taux de transpiration, de la température corporelle, des régions du corps, de l'acclimatation à l'environnement, etc (Robinson et Robinson, 1954).

tique (Robinson et Robinson, 1954; Patterson et al, 2000; Marieb et Hoehn, 2015).

Par conséquent, la sueur elle-même ne représente pas vraiment une source d'ADN (Costill, 1977; Verde et al, 1982; Patterson et al, 2000). Mais, sous l'angle de l'hypothèse avancée par Wickenheiser, Bright et Petricevic, la sueur représenterait une sorte de vecteur de transmission. Nous pouvons donc imaginer que plus un individu transpire, plus la quantité de cellules déposées sur une surface lors d'un contact sera importante. En sachant que le niveau de transpiration varie d'une personne à l'autre (Weiner, 1945; Hertzman, 1957; Sato et Dobson, 1970; Patterson et al, 2000), il pourrait s'agir d'un critère intéressant pour aider à la classification des individus selon leur qualité de donneurs de traces.

Concernant la variation intra-individuelle, il est connu que le niveau de sueur n'est pas uniforme sur toute la surface de notre peau à cause de la variation de la densité et de la capacité des glandes sudoripares présente d'une région du corps à l'autre (Weiner, 1945; Hertzman et al, 1952; Hertzman, 1957; Senay et al, 1963; Sato et Dobson, 1970; Patterson et al, 2000). En effet, certaines parties de notre organisme, comme le front, le thorax et les jambes, tendent normalement à évacuer plus de sueur par rapport à d'autres régions comme les mains et les pieds. Cependant, même si les glandes eccrines des mains produisent moins de sueur que d'autres, nous devons tenir compte du fait que l'on utilise généralement nos mains pour enlever les éventuelles gouttes de sueur présentes sur notre front par exemple. Par conséquent, il est légitime de supposer que pendant ce geste, les cellules épithéliales éventuellement transportées par la sueur sur le front se transfèrent directement sur nos mains.

4.3.2 PARTIE EXPERIMENTALE

Tenter d'étudier tous les facteurs déterminant la qualité d'un donneur en ADN aurait été trop complexe. Déterminer par exemple combien de fois un criminel a touché d'autres objets avant de venir en contact avec la cible finale ainsi que le temps écoulé entre le lavage des mains d'une personne et la déposition des traces manquerait de pertinence. En effet, ces conditions ne pourront jamais être déterminées avec exactitude.

Effectuer une étude de population concernant la qualité des donneurs, en déterminant la fréquence d'apparition des bons et des mauvais donneurs est plus intéressant. Quelques recherches ont déjà focalisé leur attention sur cette problématique, cependant les résultats obtenus sont fort contradictoires entre eux. Les données provenant de cette nouvelle expérience visent à nous donner une idée plus précise sur la répartition des bons et des mauvais donneurs dans la population.

Parmi tous les facteurs pouvant influencer la qualité d'un donneur en ADN, il est inté-

ressant de déterminer l'influence de la sueur dans les mécanismes de transfert des cellules épithéliales. L'intérêt d'une étude sur ce paramètre se justifie par le fait que la sueur représente un facteur endogène au corps humain et donc non sujet à des influences provenant du monde externe.

Ces deux sujets ont été abordés en collaboration avec Mme L. Bontadelli dans le cadre de son travail de mémoire de Master à l'ESC (2009).

4.3.3 ETUDE DE POPULATION - CLASSIFICATION DES PERSONNES SELON LEUR QUALITE EN TANT QUE DONNEURS EN ADN

Le but de cette première expérimentation est d'établir la répartition des bons et des mauvais donneurs dans une population.

Etant donnée la complexité du phénomène de transfert des traces de contact d'ADN, il a été préférable de standardiser au maximum les paramètres pouvant intervenir dans le processus et interférer sur les résultats.

4.3.3.1 Matériels et méthodes

Cinquante volontaires (30 femmes et 20 hommes), âgés entre 22 et 25 ans, ont participé à cette étude. Afin de minimiser l'influence des facteurs exogènes, tels que le moment de la journée, la température, l'humidité, etc, l'expérience a eu lieu en simultanée pour tous les participants.

L'expérimentation s'est déroulée de la façon suivante. Les candidats se sont lavés les mains à 12h30 après leur repas du midi. Afin de diminuer les risques d'éventuels transferts secondaires, les volontaires ont reçu pour consigne d'éviter tous contacts avec d'autres personnes ou avec d'autres parties de leurs corps susceptibles de fournir de l'ADN, tels que le visage, les yeux, la bouche, etc. À 13h, donc une demi heure après le lavage des mains, il a été demandé aux volontaires de serrer et manipuler un tube plastique¹⁶ avec leur main habituelle pendant 30 secondes¹⁷.

¹⁶ Les tubes ont été préalablement stérilisés à l'aide d'un nettoyage à l'eau de Javel 3% et l'éthanol 70%, suivi d'une exposition aux longueurs d'onde ultraviolettes courtes (254 nm) pendant au moins une heure.

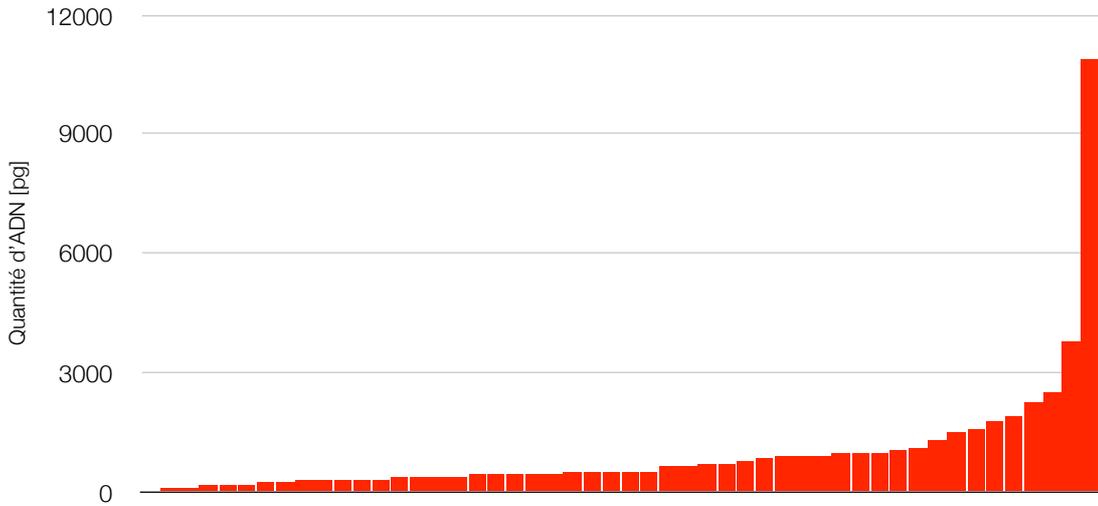
¹⁷ Un temps de contact plus prolongé n'a pas été envisagé dans cette étude du moment que les résultats de la littérature (van Oorschot et al, 2001) ont montré que la quantité d'ADN déposé n'augmente pas selon le temps de contact: la majorité ou la totalité des cellules épithéliales prêtes à quitter la surface de la peau est en effet transféré lors du premier contact.

4.3.3.2 Résultats

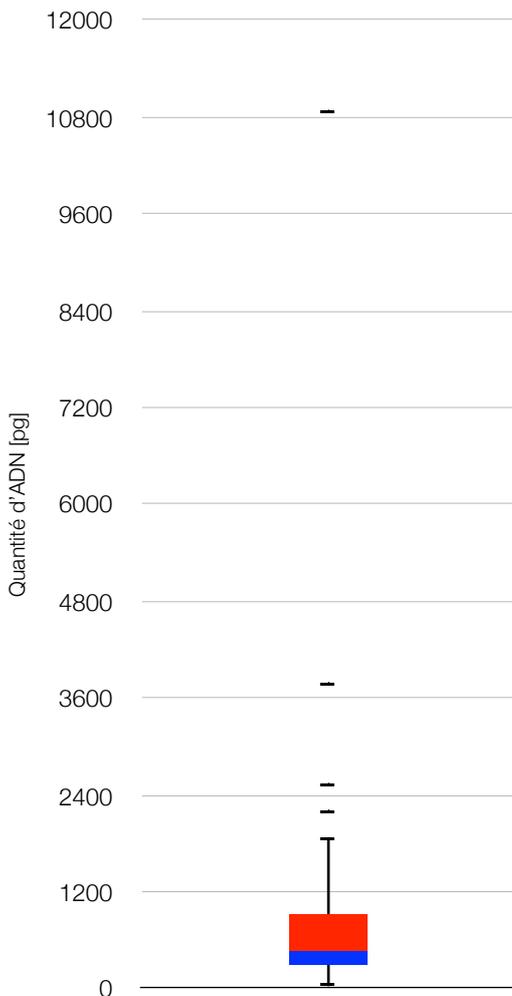
Le Tableau 30 et le Graphique 7 illustrent les résultats de quantification obtenus suite à l'expérience: l'axe des ordonnées du graphique représente la quantité d'ADN (en picogrammes) retrouvée sur les tubes en plastique alors que les 50 volontaires figurent comme coordonnées en fonction de la quantité.

Participants	Quantité d'ADN déposée (en pg)	Participants	Quantité d'ADN déposée (en pg)
1	25	26	475
2	75	27	501
3	100	28	626
4	125	29	645
5	150	30	700
6	175	31	700
7	190	32	754
8	200	33	800
9	250	34	853
10	250	35	853
11	275	36	886
12	275	37	925
13	303	38	938
14	325	39	940
15	325	40	1042
16	331	41	1106
17	375	42	1255
18	400	43	1486
19	416	44	1579
20	417	45	1725
21	425	46	1870
22	429	47	2216
23	450	48	2525
24	457	49	3775
25	465	50	10875

Tableau 30 : Quantités totales d'ADN (en pg) déposées par les 50 participants sur des tubes stériles.
Les participants ont été classés en fonction de la quantité obtenue.



Graphique 7 : Quantités d'ADN (en pg) déposées par les 50 participants sur des tubes stériles par ordre croissant



Selon les résultats obtenus, comme illustré par le box plot (Graphique 8), la quantité moyenne d'ADN retrouvé sur les supports est de 769 pg. La valeur calculée de la médiane, 470 pg, indique bien une différence importante entre les donneurs de l'étude. À remarquer que la quantité minimale transférée est de 25 pg, alors que celle maximale est de 10'875 pg.

Graphique 8 : Box plot représentant les valeurs statistiques calculées à partir des quantités d'ADN déposées par les 50 participants sur des tubes stériles

Nos résultats ont permis de tirer les mêmes conclusions sur la variabilité inter-individuelle que celles d'autres études déjà existantes. Comme la plupart des facteurs d'influence (tels que le temps écoulé entre le lavage des mains et la déposition des traces, le type de support, le temps de saisie de l'objet cible, le choix de la main de saisie, le moment de la journée où l'expérience a eu lieu, la température, l'humidité, l'âge des candidats, le métabolisme, etc) ont été contrôlés au maximum, nous pouvons donc suggérer que la différence constatée concernant la quantité d'ADN déposée est effectivement et réellement liée à l'individu en question: en d'autres termes, sous les mêmes conditions, certains individus ont la capacité de transférer plus d'ADN que d'autres personnes.

4.3.3.3 Différenciation des bons et des mauvais donneurs en ADN

En vue d'établir la fréquence d'apparition des bons et des mauvais donneurs dans la population de notre étude, il faut tout d'abord fixer un seuil définissant la différence entre ces deux classes de personnes. La question d'intérêt serait donc la suivante: "à partir de quel moment une personne peut être définie comme bon donneur d'ADN?".

Comme mentionné précédemment, une seule étude a essayé de classifier les individus selon leur capacité à déposer les cellules épithéliales sur une surface (Lowe et al, 2002). Cependant d'autres recherches ont montré que la quantité d'ADN récupérée 15 minutes après le lavage des mains peut fortement varier pour un même individu pendant la journée.

Le problème se situe donc sur le choix de la stratégie à adopter afin de classifier les personnes. En gardant à l'esprit l'idée de faire laver les mains aux candidats de l'étude, il s'agira dans un deuxième moment de déterminer la qualité du profil génétique obtenu à partir du prélèvement effectué. Lors des expériences de Lowe et de ses collaborateurs, la distinction était basée sur le nombre d'allèles détectés, donc le seuil était fixé entre un profil de type complet et partiel. Cependant, aujourd'hui grâce à l'augmentation des cycles PCR, obtenir un profil complet pourrait être possible déjà à partir d'un extrait pauvre en ADN (combinée avec une augmentation consécutive des risques d'artefacts), par conséquent ce critère de classification proposé par les auteurs ne se révèle plus très objectif, comme déjà exposé dans le chapitre précédent.

Etant donné les effets stochastiques ainsi que la problématique évoquée d'une amplification effectuée à un nombre de cycles élevé, il paraît évident qu'une amplification à 28 cycles PCR éviterait toute une série de difficultés au niveau de l'interprétation du profil génétique résultant.

Dans le cadre de notre étude, un profil génétique est défini de bonne qualité lorsque tous les critères suivants sont remplis simultanément:

- les allèles de tous les loci analysés doivent être présents;
- la forme des pics détectés doit être régulière;
- la ligne de base de l'électrophorogramme doit être propre et absente d'impuretés (produits résiduels dus à l'amplification);
- la hauteur des pics doit permettre de distinguer un pic de la ligne de base sans ambiguïté: au moins supérieure à 150 rfu (Ladd et al, 1999; Puch-Solis et al, 2011);
- les stutters, éventuellement présents sur l'électrophorogramme, doivent présenter une hauteur inférieure à 15% du pic d'intérêt (Gill, 1997);
- la balance entre deux pics hétérozygotes doit satisfaire les consignes de Gill (1997), à savoir 15% au maximum de la hauteur du pic majoritaire;
- l'amplification doit s'effectuer au maximum à 28 cycles.

Du moment que la quantité d'ADN extraite et la qualité du profil résultant sont corrélées (ceci en absence de dégradation et d'inhibiteurs), utiliser la quantité de cellules épithéliales comme critère de classification pourrait être envisagé.

La première partie de la recherche est donc de déterminer quelle est la quantité d'ADN de contact nécessaire pour aboutir à un profil génétique de bonne qualité selon la définition proposée. Des traces de contact de différentes concentrations¹⁸ ont fait l'objet de cette recherche. En partant des échantillons présentant les plus faibles concentrations, les extraits ont été amplifiés à l'aide de l'*AmpFLSTR® SGM Plus PCR Amplification kit* (Applied Biosystems), dénaturés et enfin analysés par électrophorèse capillaire.

Les analyses effectuées sur les échantillons de 0 et 3 pg/μl n'ont pas donné de résultats exploitables (aucun signal et respectivement un seul pic détecté).

Des profils partiels ont été obtenus à partir d'échantillons contenant entre 6 et 9 pg/μl (quantité d'ADN correspondant théoriquement à une cellule ainsi qu'une cellule et demie respectivement) et amplifiés à 34 cycles. Il en résulte que même en partant d'une quantité d'ADN assez limitée, l'analyse en réplicats a permis d'extrapoler le profil du donneur, cependant l'interprétation des signaux dus aux artefacts s'est avérée plus difficile. En effet, bien que la sensibilité théorique soit d'une seule cellule, les effets stochastiques et les allèles drop out ne permettent pas toujours l'obtention d'un profil de qualité défini comme "acceptable" (Findlay et al, 1997; Brück et al, 2011; Kroneis et al, 2011).

¹⁸ Allant de 0 pg/μl jusqu'à 225 pg/μl.

Les échantillons à partir de 60 pg/ μ l d'ADN fournissent des profils de bonne qualité à 34 cycles et l'analyse de plusieurs réplicats permet d'évaluer correctement le profil en tenant compte des artefacts éventuels, selon les principes d'interprétation des profils Low Copy Numbers (Gill, 2001). Ces dernières observations concordent avec celles mentionnées dans la littérature: en effet, des profils complets peuvent être générés à partir de 50 pg, alors que des profils partiels sont obtenus pour des échantillons contenant 5-10 pg d'ADN (Phipps et Petricevic, 2007). De plus, selon Taberlet et al. (1996), en utilisant un échantillon de 8 cellules (environ 48 pg de ADN) il y a une probabilité de 99% d'obtenir un profil correct, alors qu'à partir d'échantillons contenant uniquement deux cellules un résultat peut être obtenu, mais il y a un risque élevé de ne détecter aucun allèle.

Pour palier la problématique liée aux artefacts tels que les drop-in, les drop-out, les stutters et la mauvaise balance des allèles hétérozygotes, il a été choisi de limiter le nombre de cycles PCR à 28 comme déjà expliqué précédemment: cette technique a l'avantage d'éviter les réplicats et donc de faciliter l'interprétation, mais d'un autre côté elle nécessite une quantité d'ADN supérieure pour aboutir à des profils de qualité.

Les échantillons d'une concentration de 60 pg/ μ l ont également fourni des résultats à 28 cycles, mais les profils sont de type partiel (7 marqueurs sur 10) et la hauteur des pics est assez faible, étant donné qu'ils sont très proches de la ligne de base.

Des profils complets de bonne qualité, remplissant tous les critères préfixés et obtenus grâce à une amplification de 28 cycles PCR, ont été obtenus à partir de **225 pg/ μ l**, correspondant à une quantité totale d'ADN transférée de **5'625 pg** si on prend en considération le volume final de l'extrait. Cette valeur a donc été fixée comme le seuil de quantité nécessaire pour obtenir un profil complet et donc pour définir un donneur d'ADN comme "bon donneur".

Afin de vérifier la reproductibilité du résultat obtenu, d'autres échantillons présentant la même concentration d'ADN ont été analysés. Des profils complets et jugés de bonne qualité ont été obtenus pour l'ensemble des analyses entreprises.

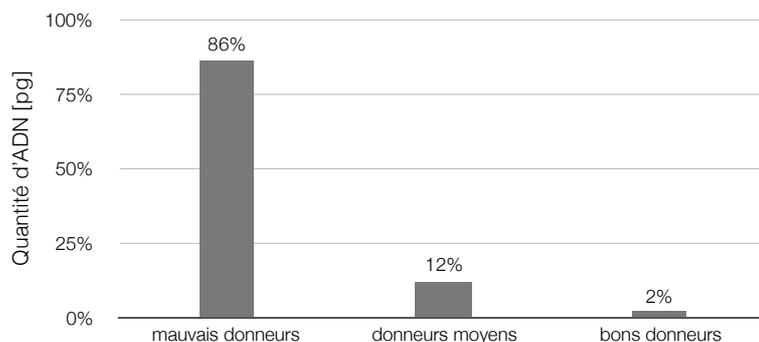
4.3.3.4 Fréquence d'apparition des bons et mauvais donneurs

Sur la base des résultats obtenus pendant l'expérience et du seuil déterminé pour la classification des donneurs en ADN, il en résulte que seule *une* personne sur les cinquante participants de l'étude présentée dans le Graphique 6 remplit les conditions pour être considéré comme un bon donneur d'ADN. La fréquence d'apparition des bons donneurs dans la population prise en considération est donc de **2%** et par conséquent, **98%** est la proportion à considérer pour les mauvais donneurs.

Parmi les mauvais donneurs, la majorité des volontaires (à savoir 43 sur 49) dépose une quantité de matériel biologique inférieure aux 60 pg/ μ l (soit au total, 1'500 pg sur le tube). Cette quantité ne permet pas d'obtenir un profil génétique complet (sans ambiguïtés) même en amplifiant l'échantillon à 34 cycles PCR. Alors que le reste de cette classe de population (6 sur 49) a transféré suffisamment de cellules épithéliales pour aboutir à un profil complet de bonne qualité si les conditions d'amplification sont poussées jusqu'aux 34 cycles. Ces donneurs pourraient être définis en tant que donneurs "moyens".

En résumant, la classification pourrait être faite sur la base de deux seuils de quantité d'ADN déposée par les sujets:

- un bon donneur dépose plus que 5'625 pg au total;
- un donneur moyen dépose plus que 1'500 pg mais moins que 5625 pg;
- un mauvais donneur dépose moins que 1'500 pg.



Graphique 9 : Proportions des bons, moyens et mauvais donneurs d'après l'étude de population

Cependant, comme la classification se fait sur la base de deux catégories de population, à savoir les *bons donneurs* et les *mauvais donneurs*, et du moment que les critères de définition d'un profil de bonne qualité (énoncée dans le paragraphe 4.3.3.3) se basent sur une amplification à 28 cycles, les fréquences d'apparition finales résultant de notre étude sont: **2%** de **bons donneurs** et **98%** de **mauvais donneurs**.

4.3.3.5 Comparaison des résultats obtenus avec ceux présentés dans la littérature

Le tableau suivant résume les résultats obtenus par les différentes recherches publiées à ce jour ainsi que les conditions sous lesquelles les expériences se sont déroulées.

La classification de notre recherche a été basée sur les critères énoncés par Lowe et ses collègues (2002): les bons donneurs sont ceux qui ont la capacité de déposer du matériel biologique à travers leurs mains permettant de fournir des profils complets de bonne qualité après un récent lavage des mains, alors que les autres donneurs (mauvais et moyens) ne four-

nissent que des profils partiels ou des profils non exploitables.

Etude	N	Temps écoulé du lavage des mains	Temps de contact	cycles PCR	main de saisie	bons donneurs	mauvais donneurs
Lowe et al. 2002	30	15 min	10 sec	34	?	18 (60%)	12 (40%)
Phipps et Petricevic 2007	60	15 min	10 sec	28	dominante	0 (0%)	60 (100%)
Phipps et Petricevic 2007	60	15 min	10 sec	34	dominante	0 (0%)	60 (100%)
Phipps et Petricevic 2007	60	15 min	10 sec	28	non dominante	2 (3%)	58 (97%)
Phipps et Petricevic 2007	60	15 min	10 sec	34	non dominante	2 (3%)	58 (97%)
Djuric et al. 2008	7	15 min	10 sec	34	?	3 (43%)	4 (57%)
Bontadelli et Pun 2009 (présente étude)	50	30 min	30 sec	34	dominante	7 (14%)	43 (86%)
Bontadelli et Pun 2009 (présente étude)	50	30 min	30 sec	28	dominante	1 (2%)	49 (98%)

Tableau 31 : Comparaison des résultats de différentes études de population

Selon les résultats de l'étude menée par Lowe et ses collaborateurs, 60% des participants pourraient être classifiés en tant que bons donneurs en ADN.

Les études effectuées par Djuric et al. (2008) ont montré que, quinze minutes après le lavage des mains (avec un contact de dix secondes) et 34 cycles de PCR, trois personnes sur sept (43%) peuvent être classifiées comme bons donneurs, trois autres ont donné un profil partiel et un participant n'a donné aucun résultat.

Ces deux études montrent une fréquence de bons donneurs beaucoup plus élevée (60% et 43% respectivement), par rapport à celle observée au cours de notre expérience (2%).

Le fait que le temps entre le lavage des mains et le contact lors de cette expérience soit de 30 minutes (à la place des 15 minutes choisies par les autres auteurs) ne peut pas représenter une explication justifiant cette différence de résultats. Au contraire, en se basant sur l'hypothèse que "plus le temps écoulé entre le lavage des mains et la déposition est important, plus importante sera la quantité d'ADN transférée lors du contact" (Phipps et Petricevic, 2007), les résultats auraient dû intervertir la tendance.

Des explications peuvent être envisagées afin d'expliquer la différence des résultats obtenus. En ce qui concerne l'étude de Djuric et ses collègues, les résultats obtenus ne devraient pas être pris en compte en raison du nombre de donneurs testés (7 candidats uniquement): ceux-ci ne sont donc pas forcément représentatifs de la proportion des bons donneurs dans la population.

Deuxièmement, dans les études précitées, les échantillons ont tous été amplifiés à 34 cycles. Dans le présent travail, des profils complets pouvaient être obtenus à 34 cycles déjà à partir de 60 pg/µl; comme 7 donneurs sur 50 ont fourni plus de 60 pg/µl, la fréquence des bons donneurs (pour 34 cycles d'amplification) pourrait s'élever donc à 14%, ce qui reste quand même inférieur aux résultats cités par les autres études (60% et respectivement 43%).

La différence observée dans le taux de bons donneurs pourrait alors s'expliquer par la définition de "profil complet": pour Lowe et ses collègues, un profil est défini comme complet si au moins 80% des allèles figurent sur l'électrophoregramme, alors que pour la présente recherche, un profil complet est tel uniquement si l'ensemble des allèles des systèmes a été détecté avec succès lors de l'électrophorèse capillaire.

D'autres auteurs (Phipps et Petricevic, 2007) ont effectué des expériences similaires. Sur 60 individus, aucun ne correspondait à la définition de bon donneur pour les deux mains considérées simultanément. En prenant en compte uniquement la main non dominante, le nombre de bons donneurs s'élève à 2 sur 60, soit une fréquence de 3%. Ces derniers résultats se rapprochent des résultats obtenus lors du présent travail (2%).

4.3.4 ETUDE DE LA VARIATION INTRA-INDIVIDUELLE

Le but de cette deuxième expérimentation est d'étudier la variation intra-individuelle concernant la propension d'une personne à déposer ses cellules cutanées sur une surface cible.

D'après la littérature, une personne dépose différentes quantités d'ADN tout au long d'une journée, et suite à l'intervention d'autres paramètres difficilement maîtrisables, les résultats pourraient différer beaucoup pour une même personne. En prenant en considération cette variabilité, l'intérêt se déplace donc à éclaircir deux points, à savoir: si un bon donneur peut toujours être défini comme tel et si un mauvais donneur restera toujours un mauvais donneur.

4.3.4.1 Matériels et méthodes

Huit volontaires ont participé à cette étude, ceux-ci ont été sélectionnés suite aux résultats obtenus lors de l'étude de population: cinq mauvais donneurs (A, B, C, D et E), deux donneurs moyens (F et G) donneurs et un bon donneur (H).

En ce qui concerne la méthodologie, la même expérience mise en place pour l'étude précédente (décrite au paragraphe 4.3.3.1) a été répétée avec les deux mains sur cinq jours différents. Voici la récapitulation des conditions du déroulement de l'expérience:

- lavage des mains à 12h30;

- déposition des traces à 13h;
- temps de contact : 30 sec;
- main de saisie : habituelle et inhabituelle.

Tous les tubes ont été stérilisés selon la même procédure qu'auparavant. Les traces ont été prélevées avec un écouvillon stérile. L'ADN provenant des échantillons a été extrait puis quantifié selon les protocoles mentionnés précédemment (Annexes A1-A5).

4.3.4.2 Variation entre les deux mains d'un donneur

En prenant en considération les deux mains de chaque donneur, il a été possible d'évaluer la différence de quantité d'ADN déposée entre la main habituelle et la main inhabituelle.

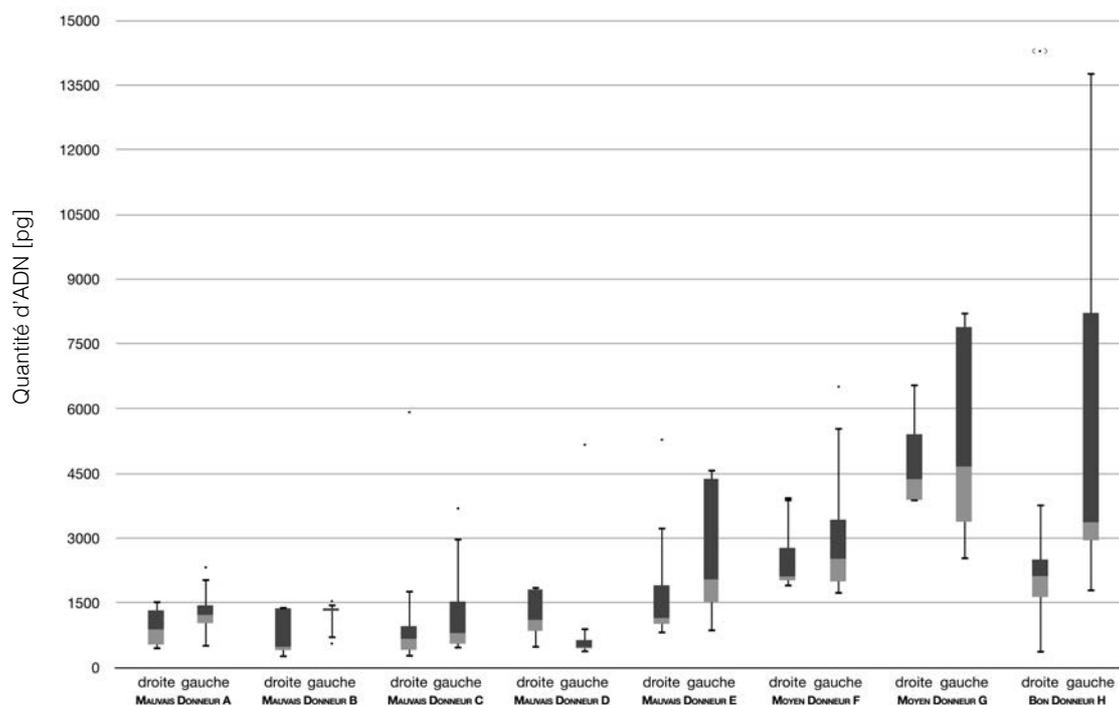
donneur	main	jour 1	jour 2	jour 3	jour 4	jour 5	total
A (mauvais)	habituelle	1326	1545	534	885	423	4713
	inhabituelle	1443	1031	1218	2310	476	6478
B (mauvais)	habituelle	405	1420	1374	479	237	3915
	inhabituelle	765	773	826	549	978	3891
C (mauvais)	habituelle	962	248	5913	411	665	8199
	inhabituelle	439	553	3679	799	1531	7001
D (mauvais)	habituelle	1880	852	1104	453	1810	6099
	inhabituelle	639	445	352	471	5156	7063
E (mauvais)	habituelle	5272	1014	1909	1150	789	10134
	inhabituelle	4378	2042	4591	1514	833	13358
F (moyen)	habituelle	2025	1879	2777	3916	2113	12710
	inhabituelle	1707	1999	2525	3431	6505	16167
G (moyen)	habituelle	3892	3855	6585	4370	5414	24116
	inhabituelle	2505	7887	3385	4664	8248	26689
H (bon)	habituelle	20140	1637	1260	2122	2507	27666
	inhabituelle	13787	1756	3372	2953	8216	30084

Tableau 32 : Quantités d'ADN déposées par les deux mains de chacun des candidats sur cinq jours différents

Il en résulte une différence assez prononcée entre les quantités d'ADN déposées simultanément (le même jour) par les deux mains appartenant au même donneur. Cette différence peut être minimale, comme pour les donneurs D au jour 4 (18 pg) et les donneurs A et E au jour 5 (53 et respectivement 44 pg) ou beaucoup plus prononcée, comme par exemple pour le

donneur H aux jours 1 et 5 (6'353 et 5'709 pg respectivement).

Le box plot suivant (cf. Graphique 10) illustre la variation des quantités déposées par la main droite (habituelle) et gauche (inhabituelle) des donneurs au cours des cinq jours d'expérience.

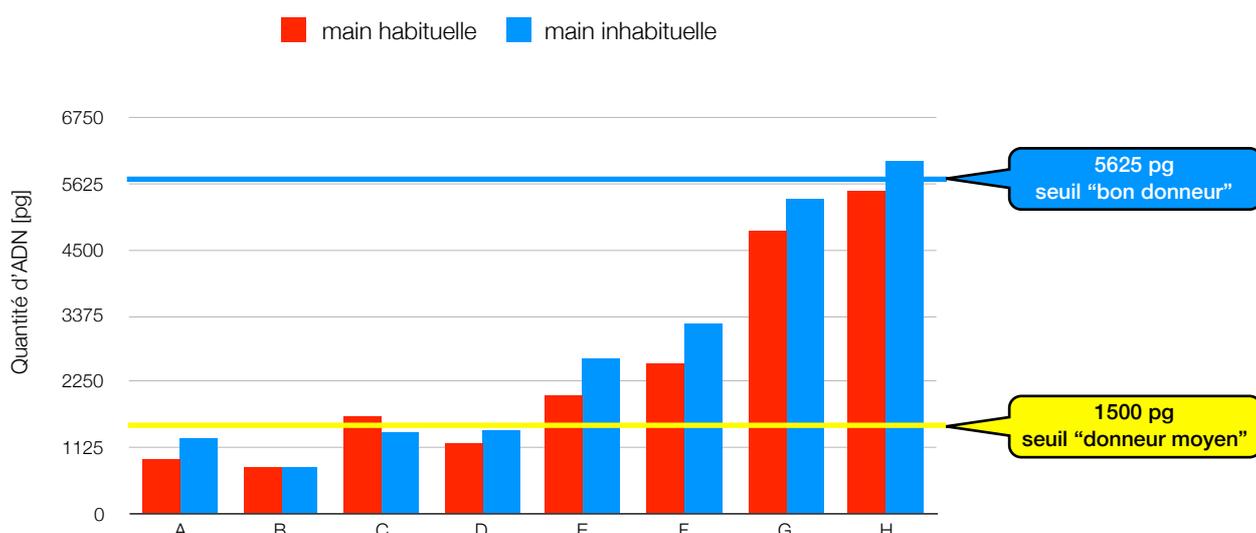


Graphique 10 : Quantités d'ADN (en pg) déposées par les mains des donneurs pendant les cinq jours d'expérience

En considérant que les conditions du déroulement de l'expérience ont été contrôlées au maximum, les résultats soulignent plutôt le caractère variable des performances des mains pour ce qui est de leur propension à laisser de l'ADN. Il en résulte qu'il est très difficile de prévoir quelle quantité d'ADN sera déposée par une main ou l'autre.

Pendant, si on considère les quantités moyennes déposées par les candidats pendant les cinq jours d'expérience (cf. Graphique 11), la différence entre la déposition des deux mains est plus réduite.

Ces derniers résultats sont utiles afin de déterminer la qualité d'un donneur en ADN. En effet, il serait envisageable d'observer sa capacité de déposition sur un laps de temps plus prolongé comme par exemple cinq jours. Les résultats ainsi obtenus permettraient une meilleure évaluation de sa capacité de donneur.



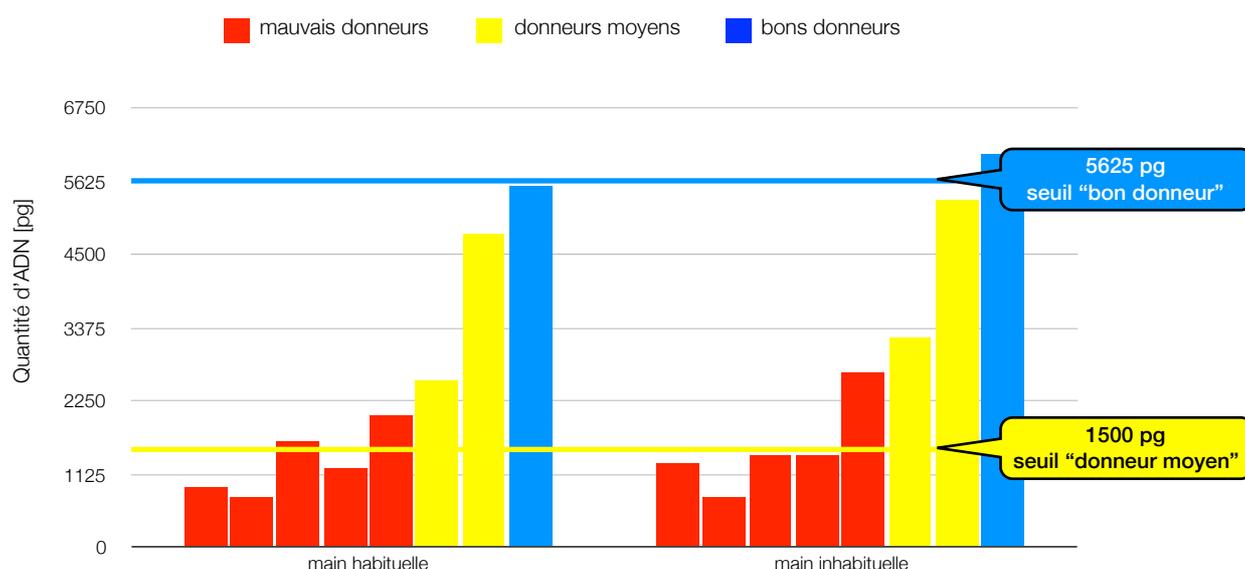
Graphique 11 : Quantités d'ADN en pg (moyenne) déposées par les deux mains de chacun des candidats sur cinq jours différents

4.3.4.3 Variation entre les jours pour un même donneur

En ce qui concerne la variation entre les différents jours, nous avons constaté qu'un même candidat peut déposer des quantités très différentes d'une expérience à l'autre alors que les conditions des expériences sont restées constantes.

Il s'agit maintenant d'étudier les quantités de matériel biologique transférées sachant la qualité des donneurs en question. En d'autres termes, on cherche de déterminer si un mauvais donneur dépose toujours des quantités inférieures au seuil établi au paragraphe 4.3.3.3, et parallèlement si un bon donneur dépose toujours des quantités supérieures à cette valeur de référence. Le Graphique 12 montre la comparaison des quantités moyennes déposées par les deux mains des candidats.

Les performances des deux mains se rapprochent. En ce qui concerne les mauvais donneurs (en rouge dans l'histogramme), leur moyenne n'atteint jamais les 3'000 pg. La moyenne de la quantité transférée par les donneurs A, B, C et D est inférieure aux 1'500 pg (exception faite pour la main habituelle du donneur C qui a déposé moyennement 1'640 pg), alors que le donneur E transfère moyennement 2'027 pg avec sa main habituelle et 2'671 pg à travers sa main inhabituelle. Selon les seuils de classification déclarés au paragraphe 4.3.3.3, ce candidat pourrait être classé dans le groupe des donneurs "moyens", car le matériel biologique déposé peut aboutir à un profil génétique de bonne qualité à 34 cycles PCR.



Graphique 12 : Comparaison des quantités moyennes d'ADN déposées par les deux mains des candidats durant cinq jours d'expérience

Si on observe plus en détails les quantités déposées pendant les jours (représentées dans le Tableau 32), il est possible de souligner différentes tendances.

Il existe des donneurs plus stables en termes de déposition d'ADN, comme les donneurs A et B, qui ont transféré des quantités comparables tout au long des cinq expériences.

Les donneurs C et D ont transféré une quantité nettement supérieure à leur moyenne normale. Cette "anomalie" ne peut s'expliquer que par le simple hasard ou par des contacts ayant eu lieu entre les mains de la personne et d'autres parties de son corps comportant du matériel biologique (bouche, yeux, front, ...).

En ce qui concerne le donneur E, la situation est un peu plus particulière dans le sens qu'il dépose des quantités assez variables d'ADN entre une expérience et l'autre. Si on se focalise sur les quantités obtenues, il s'avère que le donneur pourrait être classé à la fois comme mauvais donneur et à la fois comme un donneur moyen, mais jamais en tant que bon donneur en ADN.

En ce qui concerne les donneurs moyens (F et G) et bons donneurs (H), les résultats de la quantification ont montré que leurs dépositions diffèrent beaucoup entre elles, mais la quantité déposée (sauf pour une situation) est toujours supérieure au seuil "mauvais-moyen" de 1'500 pg. En ce qui concerne le seuil "moyen-bon" de 5'625 pg, à la différence du donneur moyen F (qui a dépassé ce seuil une seule fois pendant toutes les expériences), les donneurs G et H remplissent les conditions d'un bon donneur à trois reprises sur dix.

Ces expériences avaient pour but de montrer la variation qui peut caractériser un même donneur pendant plusieurs jours même si les conditions de déposition des traces ont été contrôlées au maximum. Sur la base de ces résultats, il s'avère qu'une seule expérience ne

pourra jamais suffire à déterminer la qualité de donneur d'une personne. La nécessité d'étudier ses variations durant un nombre d'expériences plus important s'impose. Il serait envisageable de prendre en considération la moyenne arithmétique calculée à partir de l'ensemble des quantités d'ADN déposées par les candidats et d'utiliser cette valeur pour la comparaison.

Les résultats ont également montré que les deux seuils préfixés sont adéquats, en effet les candidats de chaque catégorie dépassent rarement les seuils préfixés.

En ce qui concerne les mauvais donneurs, ceux-ci ne dépassent que rarement le seuil (quatre cas). Les quantités déposées sont relativement constantes et restent inférieures à 1'500 pg (72% des expériences): si on ne considère pas les valeurs obtenues lors de quatre cas exceptionnels, la moyenne et l'écart-type calculé sont de 865 ± 464 pg pour la main habituelle et 945 ± 542 pg pour la main inhabituelle.

Contrairement aux mauvais donneurs, on observe plus de variation lors des dépôts effectués par les moyens et les bons donneurs: les quantités fluctuent entre 1'260 pg et 20'140 pg par contact. Cependant, même si leurs dépositions ne sont pas très constantes, ces classes de donneurs peuvent atteindre des quantités assez impressionnantes: le bon donneur H a déposé pendant une expérience plus de 20 ng d'ADN par contact entre ses mains et le tube stérile.

4.3.5 RÔLE DE LA SUEUR DANS LE PROCESSUS DE TRANSFERT DE L'ADN DE CONTACT

Cette expérimentation a deux objectifs: le premier est de déterminer si la sueur présente du matériel biologique pouvant aboutir à une analyse d'ADN, le second est de déterminer le rôle de la sueur lors du transfert de l'ADN de contact. En effet, on entend trop souvent parler de "traces d'ADN de sueur", alors que certains auteurs soutiennent l'hypothèse que la sueur joue le rôle de vecteur en facilitant le transfert des cellules épithéliales (Kita et al, 2008), et d'autres encore, sont de l'avis que les mains sèches fournissent plus d'ADN (Bright et Petricevic, 2004). Il s'agit donc d'explorer ces différentes propositions.

4.3.5.1 Matériels et méthodes

Six volontaires ont participé à cette étude: trois mauvais donneurs (A, B et C) et trois bons donneurs (D, E et F).

Dans la première phase, les candidats ont été soumis à un effort physique, tel que le saut à la corde, le badminton et le football, jusqu'au point de sudation. Dès que les premiers signes de transpiration apparaissaient sur le visage, trois gouttes étaient prélevées par capillarité à l'aide d'un écouvillon stérile en évitant tout contact avec la peau, comme montré dans la Figure 18. Chaque prélèvement de sueur a été répété cinq fois pour un même sujet.

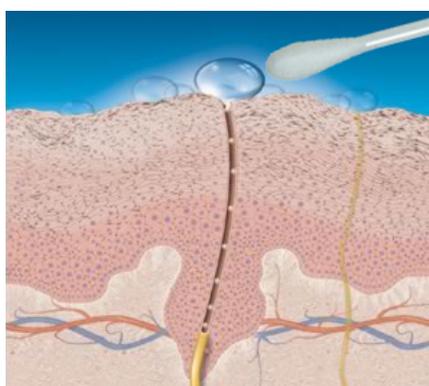


Figure 18 :
Représentation schématique du
prélèvement d'une goutte de sueur
à l'aide de l'écouvillon

Afin de vérifier si la sueur joue un rôle de vecteur ou pas pour l'ADN de contact, il s'agit ici de comparer la quantité d'ADN déposée par les individus avant et après la transpiration. Cette expérience est effectuée en même temps que celle décrite plus haut et se porte sur deux parties du corps: le visage et les mains.

Premièrement, un prélèvement au niveau du front et des joues a été effectué afin de confirmer la présence d'ADN pour chaque candidat. Ensuite, les donneurs effectuent une activité physique jusqu'à sudation. Pour cette expérience, la sueur a été prélevée après qu'elle se soit écoulée sur la peau, le long d'un trajet d'environ 10cm, en évitant autant que possible le

contact avec le visage. Chaque prélèvement de sueur a été répété cinq fois pour un même sujet.

Au niveau des mains, des prélèvements à l'intérieur de gants ont été préférés à la technique des swabs utilisée précédemment. Pendant certaines activités sportives comme le saut à la corde et le badminton, les mains sont en contact direct avec des objets (en l'occurrence les poignées de la corde et la raquette de badminton), par conséquent, on risque de perdre du matériel biologique. C'est pourquoi les donneurs se sont lavés les mains et ont porté "au repos" des gants en vinyle pendant 30 minutes.

Un prélèvement ADN est alors effectué au niveau de la paume à l'intérieur des gants. Ensuite, les donneurs se sont à nouveau lavés les mains et ont porté une autre paire de gants (de la même taille et du même type). Après avoir effectué une activité physique durant 30 minutes, un prélèvement d'ADN a été effectué sur la partie intérieure du gant, toujours au niveau de la paume. La comparaison de la quantité d'ADN prélevée avant et après l'activité physique est effectuée.

En ce qui concerne les analyses en laboratoire, tous les échantillons ont été extraits et quantifiés selon la même procédure que celle décrite auparavant et fournie en annexe (Annexes A1-A5).

4.3.5.2 Sueur comme vecteur d'ADN

Avant de débiter avec les activités, des prélèvements ont été effectués sur le front et les joues des sujets afin de vérifier la présence d'ADN sur ces parties de leur visage. Le Tableau 33 reporte les valeurs de quantification obtenus:

Goutte de sueur	A (mauvais)	B (mauvais)	C (mauvais)	D (bon)	E (bon)	F (bon)
<i>front</i>	30204	3804	11704	17985	15775	26346
<i>joue droite</i>	55612	11173	3940	39712	34911	55796
<i>joue gauche</i>	10798	7091	5727	68086	59544	36491

Tableau 33 : Quantités d'ADN (en pg) récoltées sur le front et les joues de chacun des candidats

L'ensemble des donneurs a fourni des quantités relativement importantes d'ADN. En moyenne, sur les fronts et les joues des bons donneurs les prélèvements ont permis de récolter plus d'ADN que chez les mauvais donneurs. Cependant, il faut lire avec prudence ces résultats du moment que les prélèvements n'ont pas été standardisés en termes de surface et de temps écoulé entre le lavage du visage et le prélèvement. Le but de cette étude préliminaire était uniquement de vérifier la présence d'ADN sur les parties du visage des sujets de l'expérience.

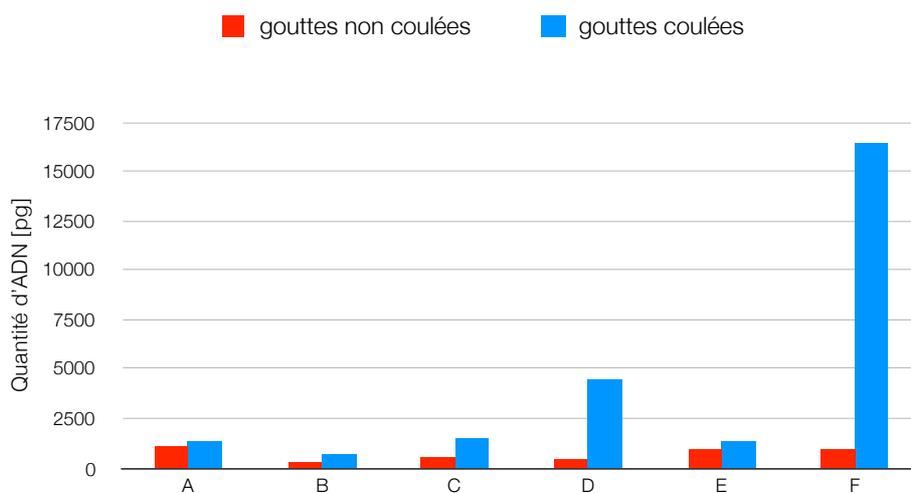
4.3.5.2.1 Sueur prélevée sur le visage

Le Tableau 34 suivant présente les résultats de quantification obtenus à partir des prélèvements effectués sur les cinq gouttes de sueur à la sortie du pore (goutte non coulée) sur la peau et sur les cinq gouttes de transpiration récoltées après qu'elles aient parcouru une distance d'environ 10 cm, à partir du front jusqu'à la joue de chacun des volontaires de l'étude.

Les résultats mettent en évidence la variation des valeurs au sein même d'un donneur, ceci est probablement lié à la difficulté de prélever les gouttes de sueur sans toucher la peau du visage. Afin de limiter ces variations, seules les valeurs médianes ont été considérées pour chaque donneur (Graphique 13).

Prélèvement	Goutte de sueur	A (mauvais)	B (mauvais)	C (mauvais)	D (bon)	E (bon)	F (bon)
goutte non coulée	1	1057	271	1093	109	1415	576
	2	919	271	585	447	426	974
	3	1765	203	380	578	915	651
	4	1191	168	152	677	744	2697
	5	1025	427	1962	357	4424	2350
	médiane		1057	271	585	447	915
goutte coulée	1	366	466	1057	9050	10978	16457
	2	2190	1582	1455	583	1744	13522
	3	1426	599	1475	4403	225	6506
	4	327	625	3464	11396	1386	17642
	5	2115	1588	1420	955	1067	58408
	médiane		1426	625	1455	4403	1386

Tableau 34 : Quantités d'ADN extraites à partir des gouttes de sueur prélevées sur les pores du front des candidats et sur leurs joues après écoulements sur environ 10 cm de la peau



Graphique 13 : Quantités d'ADN (médianes en pg) extraites à partir des gouttes de sueur récoltées aux pores de la peau et prélevées après 10 cm d'écoulement sur la peau des candidats

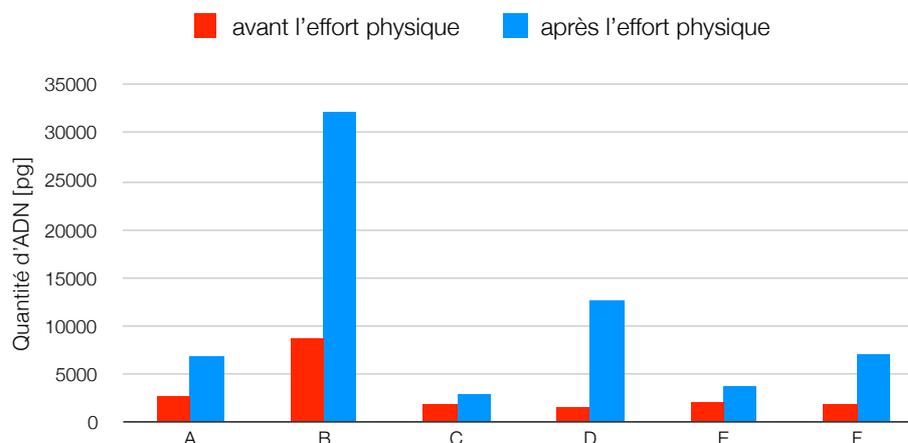
Les prélèvements de la sueur ont fourni des valeurs (médianes) inférieures à 1100 pg pour l'ensemble des donneurs participant au test. La quantité d'ADN retrouvée à partir de la sueur prélevée à la sortie des pores sur la peau est donc relativement faible pour tous les donneurs. Les glandes sudoripares fournissent des sécrétions contenant principalement de l'eau et les sels minéraux: en effet, selon la littérature, la sueur en soi ne contient normalement pas d'ADN (Costill, 1977; Verde et al, 1982; Patterson et al, 2000). Ces premiers résultats semblent donc appuyer l'hypothèse que l'écoulement a amené à un chargement en ADN de la sueur. Ce point sera repris dans les prochains paragraphes.

4.3.5.2 Sueur prélevée sur les mains

Main	Prélèvement	A (mauvais)	B (mauvais)	C (mauvais)	D (bon)	E (bon)	F (bon)
droite	avant	1830	2583	1081	627	1041	561
	après	4311	12817	1642	5541	1672	3599
	différence	2481	10234	561	4914	631	3038
gauche	avant	964	6052	753	1001	1049	1282
	après	2495	19356	1339	6965	2068	3520
	différence	1531	13304	586	5964	1019	2238

Tableau 35 : Quantités d'ADN (en pg) extraites à partir des prélèvements effectués sur les gants portés par les candidats avant et après l'effort physique

L'expérience entreprise pour l'étude de la sueur sur les mains a montré des résultats (cf. Tableau 35) allant dans le même sens que ceux obtenus lors de l'étude sur le visage (front et joues). Après l'effort physique, suite à la transpiration des mains à l'intérieur des gants, les prélèvements ont toujours montré plus d'ADN que les gants portés par les sujets de l'expérience avant l'effort physique (cf. Graphique 14).



Graphique 14 : Quantités d'ADN prélevées à l'intérieur des gants des candidats avant et après l'effort physique

Hypothétiquement de l'ADN provenant des cellules des glandes sudoripares pourraient traverser les canaux sudoripares grâce à la sueur, mais cette hypothèse peut également être écartée de part la structure trop étroite du canal sudoripare¹⁹.

Bien que certains auteurs (Kita et al, 2008) soutiennent que la transpiration contient de l'ADN, cette considération est à traduire plutôt par "les cellules épithéliales présentes sur la couche cornée (que les auteurs considèrent comme des sources de petits fragments d'ADN) se détachent et quittent la peau avec la transpiration". Ils voient donc la sueur plus comme un vecteur d'ADN que comme une source d'ADN. La faible quantité d'ADN retrouvé pourrait donc être considérée comme une contamination lors du prélèvement (par contact avec la peau du donneur) et non pas comme la confirmation de la présence d'ADN dans la sueur.

Les quantités (médianes) d'ADN obtenues à partir des prélèvements effectués sur les gouttes écoulées sur les visages sont supérieures à la quantité de matériel biologique présent dans les gouttes prélevées à l'origine, près des pores sur la peau, ceci pour l'ensemble des participants de l'étude. En d'autres termes, les prélèvements effectués après l'effort physique présentent une quantité d'ADN supérieure à celle récoltée avant la sudation.

Les résultats illustrés ci-dessus indiquent que **la sueur joue effectivement un rôle dans le transfert de l'ADN**, comme affirmé initialement par certains auteurs (Wickenheiser, 2002; Bright et Petricevic, 2004): ***l'écoulement mène donc à un chargement en ADN de la sueur elle-même, une fois sortie des orifices sudoripares***. Il en résulte qu'une majeure quantité d'ADN vient se déposer lors d'un contact suite d'une augmentation de la transpiration (Pesaresi et al, 2003). Dans la littérature, on retrouve principalement deux philosophies. Selon certains auteurs (Kita et al, 2008), les fragments d'ADN sur les objets touchés dérivent de cellules épithéliales présentes sur la couche cornée qui se détachent constamment et quittent la peau grâce à la contribution de la transpiration. Ces auteurs avaient entrepris une étude morphologique et immunohistochimique de l'ADN nucléaire directement sur la peau des personnes et sur les traces de contact déposées sur des objets. Alors que pour d'autres auteurs (Bright et Petricevic, 2004), les mains sèches perdent un nombre plus élevé de cellules en fournissant par conséquent plus d'ADN.

Toutefois, il faut aussi garder à l'esprit que les cellules doivent persister sur l'objet jusqu'au moment du prélèvement. En plus du support, la présence de fluides peut aider à mieux absorber et retenir les cellules. En cas de support hydrophile, par exemple, la sueur pourrait être absorbée par capillarité, permettant ainsi le transfert et la retenue du matériel biologique. Pour des supports de type lisse, la présence de sueur pourrait faciliter le transfert de l'ADN et

¹⁹ Communication personnelle du dr. Lurati, 2009.

agir comme matière collante, de façon à améliorer la persistance des cellules sur le support (Bontadelli, 2009).

Le fait que la quantité d'ADN déposée soit influencée par la transpiration peut avoir un impact sur la classification du donneur. Il peut s'avérer qu'une personne, fournissant dans des conditions contrôlées une faible quantité d'ADN, atteigne des valeurs supérieures après transpiration (cas du mauvais donneur B par exemple). L'activité effectuée avant le contact est donc un paramètre intéressant à déterminer afin de se prononcer sur le type de donneur en question (Bontadelli, 2009).

Comme le taux de transpiration et le moment d'apparition de celle-ci est propre à chaque individu, il pourrait être intéressant d'effectuer une étude du taux de transpiration pour l'individu mis en cause: déterminer s'il est sujet à des niveaux de transpiration élevés fournissant une quantité d'ADN plus importante sous certaines conditions, et établir si cette quantité de matériel biologique est suffisante pour le considérer comme un bon donneur. Pour ce faire il faudrait connaître les circonstances de la déposition de la trace (ce qui n'est pas souvent le cas). Il faudrait rester prudent, car il est dangereux d'exclure une personne comme étant à la source d'une trace comportant une importante quantité d'ADN uniquement par le fait qu'il a été classifié comme un mauvais donneurs lors d'une étude contrôlée.

Trois ans après notre étude sur l'influence de la sueur sur les traces de contacts, d'autres scientifiques se sont focalisés au même sujet en question (Quinones et Daniel, 2012), il s'agit donc d'un thème qui stimule l'intérêt du monde scientifique.

Les auteurs se sont posés les mêmes questions précitées lors de cette recherche, à savoir la source d'origine des traces de contact. Ils ont récolté un volume de 1ml de sueur des dix volontaires. Les échantillons d'ADN extrait ont été ensuite amplifiés à l'aide de l'*AmpFℓS-TR® NGM PCR Amplification Kit* de l'Applied Biosystems: un profil est complet lorsque l'ensemble des 16 loci a fourni un signal. Le Tableau 36 illustre les résultats obtenus:

donneurs	quantité d'ADN	nombre d'allèles détectés
1	7'000 pg	32
2	4'500 pg	32
3	3'500 pg	32
4	450 pg	32
5	1'560 pg	15
6	60 pg	14
7	110 pg	7
8	0	6
9	0	0
10	0	0

Tableau 36 (tiré de Quinones et Daniel, 2012) : Résultats obtenus des volumes de sueur prélevés de dix volontaires

Les valeurs du Tableau 36 montrent que le 70% des prélèvements effectués contiennent de l'ADN détectable mais ces ne sont pas clairs dans l'article les conditions de prélèvements effectués par conséquent il en résulte impossible comparer leurs résultats avec ceux issus de nos expérimentations.

Section 4.4

Etude de la persistance
des traces d'ADN
de contact

Albert Einstein

*"Reality is merely an illusion, although a very persistent one.
The distinction between past, present, and future is only a stubbornly persistent illusion."*

4.4.1 INTRODUCTION

Comme pour tous les types d'indices matériels, une fois transférées sur la surface cible, les traces de contact doivent persister jusqu'au moment du prélèvement. En effet, les chances de réussite ainsi que la qualité des résultats d'analyse dépendent des conditions dans lesquelles la trace est conservée jusqu'à l'arrivée des enquêteurs.

Par rapport aux études effectuées sur le transfert, il n'y a que très peu de recherches qui se sont focalisées sur la persistance des traces de contact, alors que la nécessité d'approfondir les connaissances sur ce phénomène avait déjà été soulevée en 2002 par Lowe et ses collaborateurs (Lowe et al, 2002).

Généralement, les auteurs se sont plutôt intéressés à évaluer la persistance d'autres types de traces biologiques, comme par exemple les spermatozoïdes sur les habits suite au lavage (Kafarowski et al, 1996; Jobin et De Gouffe, 1999; Crowe et al, 2000; Jobin et De Gouffe, 2003; Farmen et al, 2008b; Sczech, 2011; Brayley-Morris et al, 2015), les sécrétions vaginales sous les ongles des auteurs d'agressions sexuelles (Flanagan et McAlister, 2011), la salive sur la peau des personnes (Kenna et al, 2011) et à l'intérieur de la bouche (Kamodyová et al, 2013) ainsi que le sang (Hara et al, 2015) dans le canon des armes à feu (Schyma et al, 2013).

À ma connaissance, peu d'études ont été entreprises pour combler cette lacune, à savoir: les études de transfert des cellules sur différents types d'objets (van Oorschot et al, 2014; Fonneløp et al, 2015; Meakin et al, 2015; Templeton et al, 2015) et sur les habits (Lowe et al, 2001; Sczech, 2011), les expériences de Rutty dans le cas particulier des strangulations (Rutty, 2002), et enfin, les projets de recherche de Keating, Kaarstad et leurs collaborateurs, qui se sont intéressés à la persistance des cellules vaginales des victimes transférées sur le pénis des agresseurs dans les cas de viols (Keating, 1989; Kaarstad et al, 2007).

La recherche entreprise par les italiens (Barbaro et al, 2008) s'est par contre focalisée sur l'influence des températures sur le profilage des traces en soulignant qu'une exposition à conditions standardisées n'affecte pas la qualité des profils extrapolés.

La dernière étude (Raymond et al, 2009) est la plus complète. Les auteurs ont en effet effectué des expérimentations à partir d'échantillons contrôlés et étudié la qualité et la quantité d'ADN persisté sur les surfaces après des laps de temps déterminés dans des milieux environnementaux différents, à savoir à l'extérieur et à l'intérieur des bâtiments.

4.4.2 CONCEPTS THEORIQUES

Les facteurs déterminant le phénomène de la persistance affectent directement les récepteurs et dans le cas de transferts indirects également les éventuels intermédiaires. Ces éléments déterminent ainsi la qualité et la quantité des cellules épithéliales présentes au moment du prélèvement, c'est-à-dire après un laps de temps écoulé depuis la déposition de la trace. Il s'agit donc de tous les paramètres influençant la surface cible tels que le type de support et l'activité de ce dernier ainsi que les conditions de stockage de la trace une fois déposée.

4.4.2.1 Qualité du récepteur ou de l'intermédiaire

On peut supposer que le type de support du récepteur/intermédiaire joue un rôle non négligeable dans ce processus. En effet, certaines surfaces peuvent mieux retenir (du moins, en théorie) les cellules par rapport à d'autres.

En termes de qualité du récepteur, il faudrait également considérer l'éventuelle présence de substances interférentes qui pourraient inhiber le processus de copiage de la PCR ou de la quantification (Wilson, 1997; Milne, 2002; Shutler et al, 2004). Cependant, en étant conscient de la présence d'inhibiteurs dans l'échantillon à analyser, il est possible de prévoir des techniques de purification plus performantes afin d'améliorer la qualité du profil génétique (De Franchis et al, 1988; Akane et al, 1994; Comey et al, 1994; Wickenheiser, 2002; Rådström et al, 2004; Butler, 2005; Kontanis et Reed, 2006; Opel et al, 2006).

4.4.2.2 Temps écoulé entre la déposition et le prélèvement de la trace

Il est légitime de penser qu'une perte de matériel intervient entre le moment de la déposition de la trace et le prélèvement.

Actuellement, à ma connaissance, aucune étude ne s'est intéressée à la mesure de la "vie" de cellules détachées de notre corps en fonction du temps écoulé. Cette information est fondamentale pour mieux comprendre le phénomène de la persistance.

Les études qui se sont intéressées à l'influence du temps sur les résultats des analyses ADN se sont principalement consacrées au transfert de cellules lors des strangulations.

En 1997, Wiegand et Kleiber avaient déjà émis l'idée que le taux de succès des analyses ADN diminuait en fonction du temps écoulé entre le transfert de la trace et son prélèvement (Wiegand et Kleiber, 1997).

Des résultats plus détaillés ont été obtenus cinq ans plus tard par une étude de Ruttly (2002): après le transfert des cellules cutanées à partir des mains d'un "agresseur" sur le cou de la "victime", l'auteur a fait plusieurs tests en modifiant le temps d'attente avant d'effectuer le prélèvement (entre une minute et dix jours). Pendant cet intervalle de temps, la victime devait s'abstenir de toucher ou de laver la partie de son cou "agressée". À l'aide des conditions d'amplification de type Low Copy Number, tous les échantillons prélevés ont fourni des profils (simples ou mélangés) exploitables et indifférentiables de celui de l'agresseur, même si le prélèvement a été effectué dix jours après l'agression.

Parallèlement à ces deux études, des expérimentations ont également été effectuées sur les papiers (Balogh et al, 2003). Dans ce cas particulier, les auteurs ont conclu qu'aucune différence significative ne pouvait être observée à partir de la lecture des résultats obtenus trois et cinq jours après la déposition des traces.

Par contre, des chercheurs ayant entrepris les mêmes expériences mais dans le cas du transfert des cellules vaginales des victimes sur le pénis de leurs agresseurs sont arrivés à des résultats contredisant ceux des études précédentes (Kaarstad et al, 2007).

Cependant, la lecture de tous ces résultats doit se faire avec prudence. En effet, les auteurs de ces recherches n'ont jamais contrôlé les conditions de leurs études. Par conséquent, l'influence réelle du paramètre du temps ne peut être évaluée avec précision. D'autres éléments comme l'activité entreprise par les récepteurs ainsi que la diversité des surfaces cibles auraient pu interférer avec les résultats publiés. De plus, grâce aux performances toujours plus sophistiquées de la technologie actuelle, il est désormais possible d'obtenir d'un profil génétique exploitable même à partir d'une quantité assez réduite de matériel biologique, ce qui n'était pas envisageable il y a une dizaine d'années.

Les résultats obtenus par Raymond et ses collègues (2009) méritent d'être cités. Les chercheurs ont comparé l'ADN déposé sur des surfaces depuis différents intervalles de temps. Ils ont conclu que si les supports sont stockés à l'abri des conditions environnementales, ceux-ci peuvent encore présenter de l'ADN de bonne qualité même après six semaines. Par contre, si les surfaces cibles sont stockées à l'extérieur, sous l'influence de facteurs exogènes, l'ADN ayant persisté ne permet pas l'obtention de profils génétiques après deux semaines d'exposition.

Pendant ces dernières années, d'autres études ont été focalisées sur la persistance de l'ADN sur différents types de supports, tels que les vêtements (Breathnach et al, 2016), les claviers et les souris (Fonneløp et al, 2015), les sexes (Farmen et al, 2012), les couteaux (Meakin et al, 2015) ainsi que les objets de domaine publique et privé (van den Berge et al, 2016).

4.4.2.3 Activité entreprise par le récepteur après la déposition de la trace

Parallèlement au temps écoulé entre la déposition et le prélèvement de la trace, l'activité entreprise par le récepteur ou l'intermédiaire pourrait également influencer la rétention des cellules sur sa surface. En effet, comme pour le domaine des microtraces, nous pourrions postuler que la perte des cellules sera moins importante si l'activité reste "minimale", même si on ne dispose d'aucune littérature confirmant cette hypothèse.

À titre d'exemple, on peut considérer le scénario où un donneur transfère des cellules épithéliales sur la surface d'un objet. Dans le cas où l'objet reste immobile et stocké dans les meilleures conditions environnementales, la perte des cellules transférée devrait être minimale ou même nulle. Par contre, dans la situation où l'objet contenant les cellules est en mouvement continu et peut-être même manipulé, la perte devrait être plus importante par rapport à la première situation.

4.4.2.4 Facteurs exogènes environnementaux

Mises à part les particularités qui caractérisent le récepteur ou l'intermédiaire ainsi que le temps écoulé et l'activité entreprise par celui-ci entre la déposition de la trace et son prélèvement, les conditions de stockage constituent également un paramètre conditionnant la persistance. Grâce à la technologie actuelle, la sensibilité théorique de la PCR est d'une seule molécule (Findlay et al, 1997; Brück et al, 2011; Kroneis et al, 2011), le degré de dégradation de l'ADN peut cependant affecter le taux de succès des analyses. Par conséquent, un échantillon bien stocké à l'abri des facteurs exogènes, devrait présenter une bonne stabilité en augmentant également les chances d'obtenir un profil de bonne qualité par la suite (Howlett et al, 2014; Rahikainen et al, 2016).

L'influence des facteurs environnementaux sur la qualité et la quantité de la trace à analyser a été soulignée par différents auteurs (van Oorschot et al, 2001; Wickenheiser, 2002; Fripiat et Noel, 2014; Howlett et al, 2014; Hall et al, 2014; van Oorschot et al, 2014). On peut considérer toute une gamme de facteurs exogènes qui peuvent accélérer la dégradation des molécules d'ADN, à savoir la chaleur, l'humidité et la lumière, connus également comme les trois ennemis principaux de l'ADN (Coquoz et al, 2013).

L'eau introduite dans l'échantillon en cas d'*humidité* peut d'un côté causer la rupture des liaisons entre les nucléotides formant la chaîne de l'ADN, et d'autre part, favoriser l'action des enzymes de dégradation et la croissance de bactéries et de champignons. La *chaleur* constitue un des éléments réglant la vitesse des différentes réactions de dégradation de l'ADN, telles que l'hydrolyse, l'oxydation, etc. Et la *lumière* induit également des transformations chi-

miques de l'ADN. Pour les raisons susmentionnées, les normes réglant la conservation des traces d'ADN impliquent normalement un milieu sec, froid et à l'abri de la lumière.

Cependant, il semblerait que les molécules d'ADN ne soient pas si fragiles et instables, car il a été démontré que certaines techniques d'observation, de révélation des traces digitales et de détection de fluides biologiques n'affectent pas le taux de succès des analyses d'ADN ultérieures (Andersen et Bramble, 1997; Roux et al, 1999; Frégeau et al, 2000; Zamir et al, 2000 a et b; Von Wurmb et al, 2001; Azoury et al, 2002; Zamir et al, 2002; Balogh et al, 2003; Grubwieser et al, 2003; Blom et al, 2006; Burnand, 2007; Sewell et al, 2008; Bittencourt et al, 2009; Bhoelai et al, 2011; De Almeida et al, 2011; Gino et Omedei, 2011; Thamnurak et al, 2011; Tsukada et al, 2011; Børsting et al, 2013; Kumar et al, 2015; Tozzo et al, 2015; Parsons et al, 2016). Lors de l'application de ces séquences, les traces biologiques sont souvent soumises à des conditions défavorables pour leur bonne conservation: c'est le cas, par exemple, de l'utilisation d'éclairages à forte puissance lors des examens optiques, de l'exposition des traces aux vapeurs de cyanoacrylate dans une cuve réglée à un taux d'humidité d'environ 80%, du stockage du support indiciaire à l'étuve réglée à environ 100°C lors du traitement au DFO, de la presse à chaude d'environ 165°C pour la révélation à l'aide de solutions 1,2-indanedione mélangé au $ZnCl_2$, etc.

Pour citer encore quelques exemples extrêmes de dégradation: des profils exploitables peuvent être obtenus à partir de prélèvements effectués sous les ongles de victimes et sur des objets ayant séjournés dans l'eau pendant des heures (Harbison et al, 2003; Borde et al, 2008), sur les éléments composant les explosifs (Foran et al, 2009; Berti et al, 2011, Phetpeng et al, 2013), sur le corps de douilles tirées (Comte, 2007; Comte et Pun, 2009; Ferreira et al, 2009; Horsman-Hall et al, 2009; Branch, 2010; Gashi et al, 2010; Montpetit et O'Donnell, 2015). L'exposition à l'eau, à la chaleur et à la pression ne semblerait donc pas amener à zéro le taux de succès des analyses d'ADN grâce au développement continu des techniques.

4.4.3 PARTIE EXPERIMENTALE

Etant donné le manque de littérature traitant les questions relatives au phénomène de la persistance des traces de contact, plusieurs études ont été entreprises afin d'approfondir nos connaissances sur le domaine et permettre ensuite la paramétrisation des tables des probabilités conditionnelles associées à cette variable dans le réseau bayésien.

Les objectifs de ces expérimentations sont d'évaluer l'influence de différents facteurs sur le phénomène de la persistance, tels que:

- l'activité entreprise par la surface cible entre la déposition et le prélève-

ment de la trace;

- les facteurs exogènes environnementaux caractérisant le milieu de stockage de la trace, comme la température, l'humidité relative et la lumière du jour;
- le temps écoulé entre la déposition et le prélèvement de la trace.

4.4.3.1 Matériel et méthodes

4.4.3.1.1 Echantillonnage

L'échantillonnage de l'ensemble des études effectuées pour l'étude de la persistance est constitué par des traces papillaires provenant de bons donneurs en ADN. Le fait de privilégier uniquement la collaboration de bons donneurs en ADN est justifié par la nécessité de nous assurer qu'une quantité d'ADN détectable soit présente sur la surface. En effet, il peut arriver que les dépositions provenant de mauvais donneurs ne contiennent aucun ou pas assez de matériel biologique, et dans ces cas de figure, des comparaisons sous diverses conditions ne pourront pas s'effectuer.

Comme la variation entre les individus et les doigts différents peut être assez grande, nous avons travaillé avec des demi-traces: une demi-trace sera prélevée sans traitement et représentera une sorte de témoin de contrôle, alors que l'autre demi-trace sera soumise aux conditions de traitement des études.

En ce qui concerne la surface cible, nos préférences se sont orientées vers des lames de verre. Etant lisse et transparent, ce genre de support rend plus aisées les opérations du prélèvement.

Chacune des conditions testées présentées a fait l'objet de cinq répétitions, afin de vérifier la reproductibilité des résultats. Dans les cas où les premières cinq données sont caractérisées par une variation trop importante, d'autres répétitions sont ensuite envisagées.

4.4.3.1.2 Prélèvement des blancs

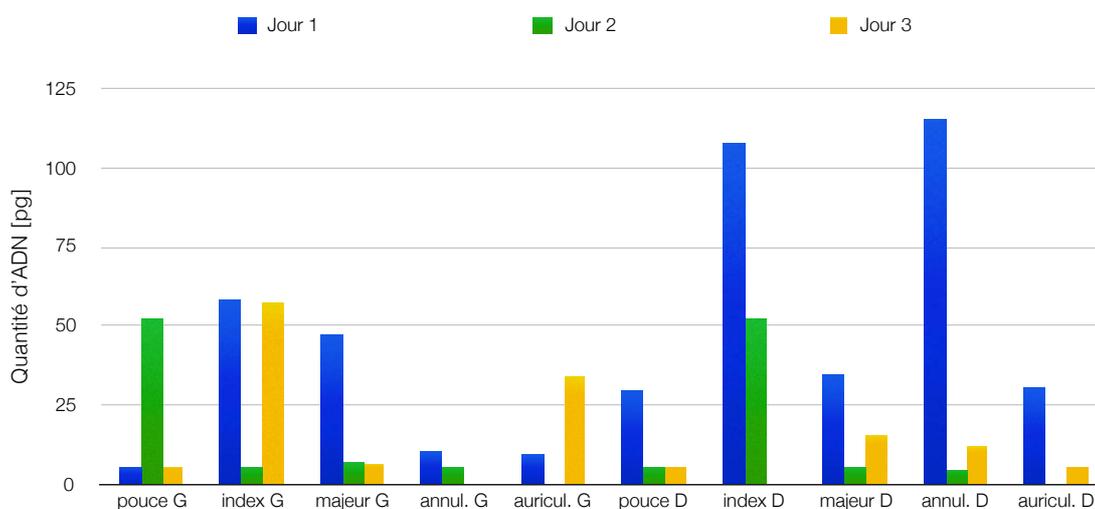
Chaque lame de verre utilisée pendant les expériences a fait l'objet d'un nettoyage à l'aide d'un mouchoir imbibé d'une solution d'eau de javel 3%. Dans un deuxième temps de l'éthanol 70% est utilisé afin d'enlever les traces de la première solution. Après cette phase de nettoyage, les lames sont exposées aux rayons UV pendant au moins une heure. Aucun blanc de support n'a été effectué pendant ces expériences. Des blancs n'ont pas été réalisés du moment que les éventuelles contaminations auront dans cette situation un effet comparable pour l'ensemble des traces.

4.4.3.1.3 Analyse en laboratoire

Chacun des échantillons prélevés a été analysé (extraction, quantification et amplification) en suivant la démarche décrite dans le chapitre 4.1.4 (Annexes A1-A5).

4.4.3.2 Etude préliminaire sur la variation entre les quantités d'ADN déposées par les dix doigts des mains

Une étude (Yee, 2004) a montré la forte variation entre les quantités d'ADN déposées par chacun de nos dix doigts (cf. Graphique 15). D'après ses résultats, l'index, le majeur et l'annulaire fournissent plus de matériel par rapport aux autres doigts. Sur la base des résultats obtenus, Yee avance l'hypothèse que cette différence de quantité est liée aux dimensions des doigts: cela expliquerait pourquoi l'auriculaire présente toujours une plus faible quantité d'ADN par rapport aux autres doigts plus grands, comme le pouce et l'index. Dans son travail de recherche, Yee avait demandé à dix volontaires (cinq hommes et cinq femmes, parmi lesquels sept droitiers et trois gauchers) d'apposer leurs doigts sur un support une heure après le lavage des mains.



Graphique 15 (tiré de Yee, 2004): Quantités d'ADN (en pg) déposées par les différents doigts d'un des donneurs

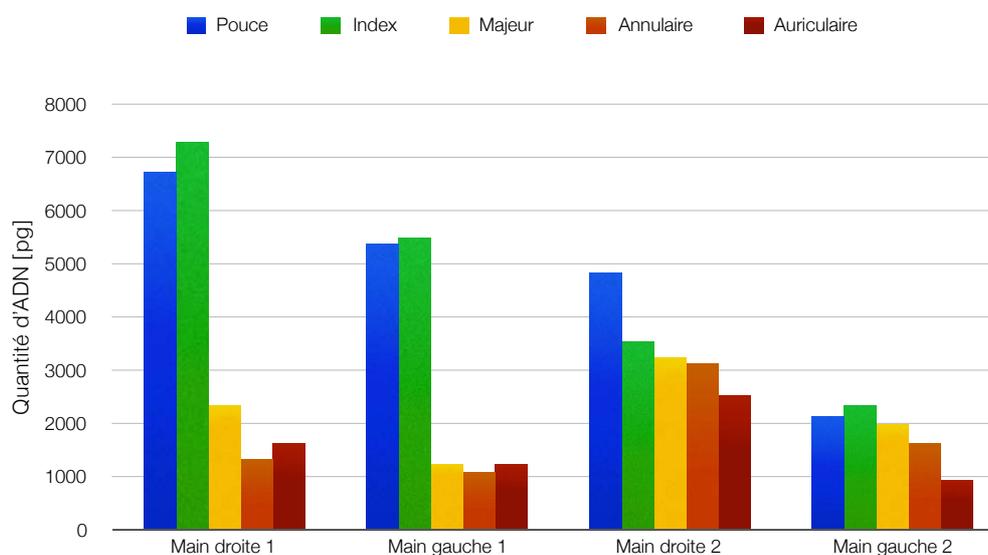
L'objectif de cette première expérience préliminaire est donc d'établir si les dix doigts de nos mains déposent le même nombre de cellules épithéliales si leur taille ne diffère pas.

Les deux donneurs ont déposé leurs doigts sur des couvre-objets de forme carrée (surface 2.25 cm²). Le fait que la surface des lames est inférieure à celle des doigts assure que toute la surface cible soit recouverte par une trace papillaire.

Les résultats montrent que la quantité de matériel biologique déposée peut différer se-

lon le doigt utilisé et selon les individus (cf. Graphique 16).

Le donneur 2 par exemple est plus régulier lors des dépositions avec ses dix doigts que le donneur 1. Ce dernier fournit une quantité assez importante d'ADN à l'aide de ses pouces et index, quelle que soit la main utilisée: une seule portion d'approximativement 2.25 cm² de trace papillaire déposée par ce candidat peut contenir jusqu'à 7.4 ng d'ADN! Alors que pour les autres doigts (majeur, annulaire et auriculaire), la quantité d'ADN transférée est plus faible. En ce qui concerne le donneur 2, seul le pouce droit se distingue par rapport aux autres doigts.



Graphique 16 : Quantités d'ADN (en pg) déposées par les différents doigts des donneurs (respectivement 1 et 2) sur la surface d'une lame couvre-objet

Concernant la quantité d'ADN déposée par les doigts différents d'une même personne, nous n'avons pas pu confirmer les résultats présentés par Yee (2004). Selon ses résultats, l'index, le majeur et l'annulaire fournissent plus d'ADN, mais ceci contredit nos résultats car les valeurs de la quantification montrent clairement que le pouce et l'index sont les "meilleurs" doigts. Le majeur et l'annulaire ont fourni des prestations comparables à l'auriculaire.

Cette différence pourrait éventuellement être expliquée par le fait que les résultats obtenus ici l'ont été dans des situations très contrôlées: en effet, la surface cible où le doigt a été apposé était toujours de même dimension (lames couvre-objet carrées de 1.5 x 1.5 cm).

4.4.3.3 Etude préliminaire sur l'homogénéité de la quantité d'ADN contenue dans une trace papillaire

À la lumière de ces résultats, il n'est pas envisageable de baser nos recherches sur une comparaison en termes de quantités d'ADN entre différents doigts. En tenant compte de cette variabilité, nous avons donc envisagé l'hypothèse selon laquelle cette diversité est moins prononcée lorsqu'il s'agit d'un seul doigt.

L'objectif de cette expérience préliminaire est d'établir si les doigts de nos mains déposent leurs cellules épithéliales de façon homogène. En autres termes, le but est de déterminer si le matériel biologique présent sur une trace de contact (dans notre cas, sur une trace papillaire) est distribué uniformément sur toute sa surface.

Comme dans la première expérience, afin de garantir un contrôle en ce qui concerne la taille de la trace, un chablon de forme carrée de 2 cm de côté a été construit. Le chablon a ensuite été fixé sur la surface cible, constituée par deux lames porte-objets jointes, comme illustré par la Figure 19.

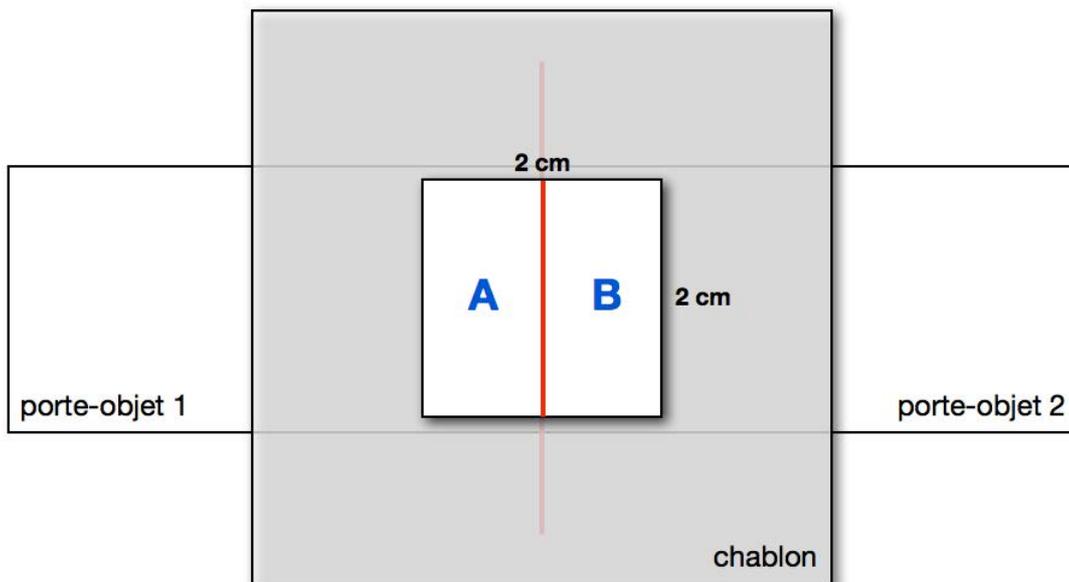


Figure 19 : Schéma illustrant l'apposition d'un chablon 2x2 cm à la jonction de deux lames porte-objet

Les candidats choisis pour l'étude apposent leurs doigts sur le chablon en obtenant ainsi une trace carrée de 4 cm², divisée en deux parties (zones A et B) équivalentes en termes de surface: chaque portion de trace présentant un carré dont la superficie mesure exactement 2x1 cm². La Figure 20 illustre la technique pour la déposition des traces papillaires.

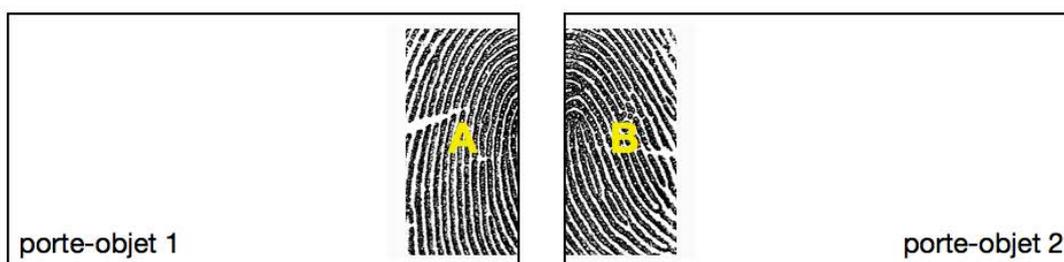


Figure 20 : Subdivision d'une trace papillaire en deux zones équivalentes en terme de surface grâce à l'utilisation d'un chablon apposé sur deux lames porte-objet

Vingt traces ont fait l'objet de cette deuxième étude. La comparaison des échantillons se fait au niveau de la quantité d'ADN récupérée à partir des lames porte-objet. Les résultats obtenus sont reportés dans le Tableau 37.

portions de trace digitale	quantité déposée [pg]			nombre de cellules épithéliales		
	zone A	zone B	différence	zone A	zone B	différence
1	132	137	5	22	23	1
2	160	132	28	26	22	4
3	59	35	24	10	6	4
4	32	22	10	5	4	1
5	41	24	17	7	4	3
6	80	103	23	14	17	3
7	74	67	27	12	11	1
8	72	58	14	12	10	2
9	58	68	10	9	11	2
10	56	45	11	9	8	1
11	98	119	21	17	20	3
12	123	106	17	19	18	1
13	26	24	2	4	4	0
14	32	12	20	5	2	3
15	24	26	2	4	5	1
16	35	51	16	6	8	2
17	45	49	4	8	8	0
18	40	39	1	7	7	0
19	29	37	8	5	6	1
20	15	22	7	3	4	1

Tableau 37 : Comparaison des résultats obtenus à partir des deux zones équivalentes des traces papillaires, en termes de quantité d'ADN déposée (en pg) et de nombre de cellules épithéliales²⁰

²⁰ Le nombre de cellules épithéliales est une estimation théorique calculée sur la base du fait qu'une cellule épithéliale contient 6 pg d'ADN.

À partir de ces résultats nous pouvons constater que les deux zones des doigts ne fournissent pas toujours exactement la même quantité de matériel biologique. Cependant, la variation entre ces régions est relativement faible surtout si on considère que la différence maximale observée est uniquement de quatre cellules épithéliales.

4.4.3.4 Activité entreprise par le récepteur entre la déposition et le prélèvement de la trace

Le but de cette expérience est de déterminer si une perte de matériel biologique peut avoir lieu si le récepteur est sujet à des mouvements continus entre la déposition et le prélèvement de l'indice.

Afin de contrôler les conditions des expériences nous avons utilisé un agitateur horizontal pour simuler le mouvement de la surface récepteur. Voici les conditions détaillées de travail pour cette première expérience concernant l'étude de la persistance:

- nombre d'échantillons: 10 traces (5 témoins et 5 pour le traitement);
- temps écoulé entre le dernier lavage des mains et la déposition des traces: 1 heure;
- temps de contact avec les supports: 10 secondes;
- temps d'exposition: 1 heure et 24 heures;
- vitesse des mouvements: 100, 200 et 400 tours par minute.

Les résultats sont représentés dans le Tableau 38 et les Graphiques 17-18. Les valeurs se réfèrent à la quantité d'ADN prélevée.

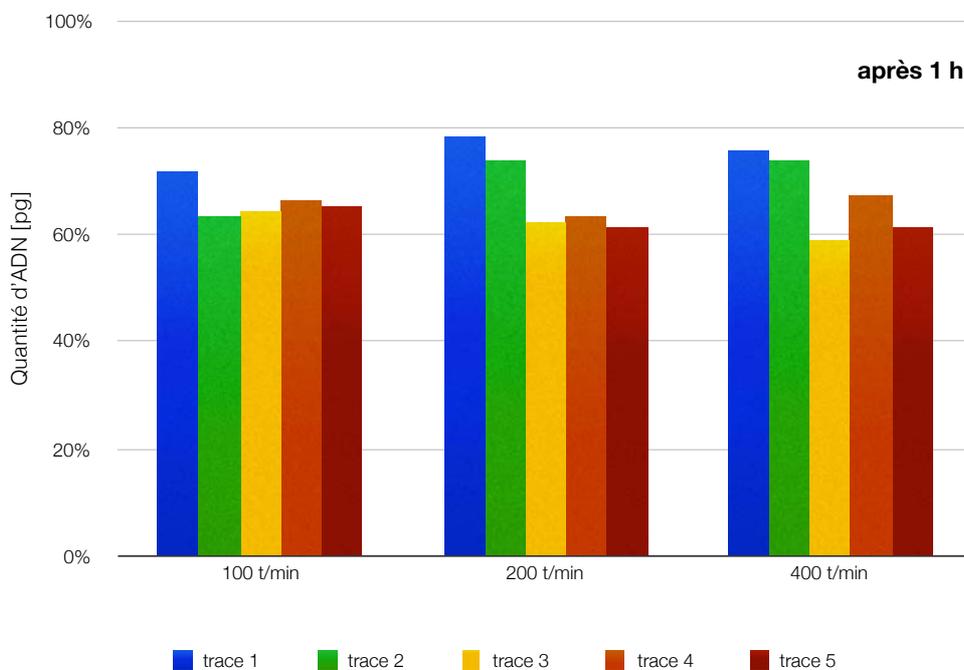
La comparaison a été effectuée entre chaque trace et son témoin respectif, à savoir l'autre portion de trace qui n'a pas été soumise aux mouvements: celle-ci a été laissée au repos pendant un laps de temps déterminé alors que l'autre moitié était posée sur l'agitateur horizontal.

Comparaison des quantités d'ADN (pg) récupérées pour les échantillons conservés au repos et soumis aux mouvements						
activité	100 t/min					
	une heure			un jour		
temps						
échantillon	au repos	en activité	% persisté	au repos	en activité	% persisté
		1'250	900	72%	1'383	270
	1'020	645	63%	1'613	428	27%
	2'958	1'908	64%	618	203	33%
	2'463	1'630	66%	1'848	345	19%
	363	238	66%	2'330	205	9%
	moyenne 66 ± 3 %			moyenne 21 ± 9 %		

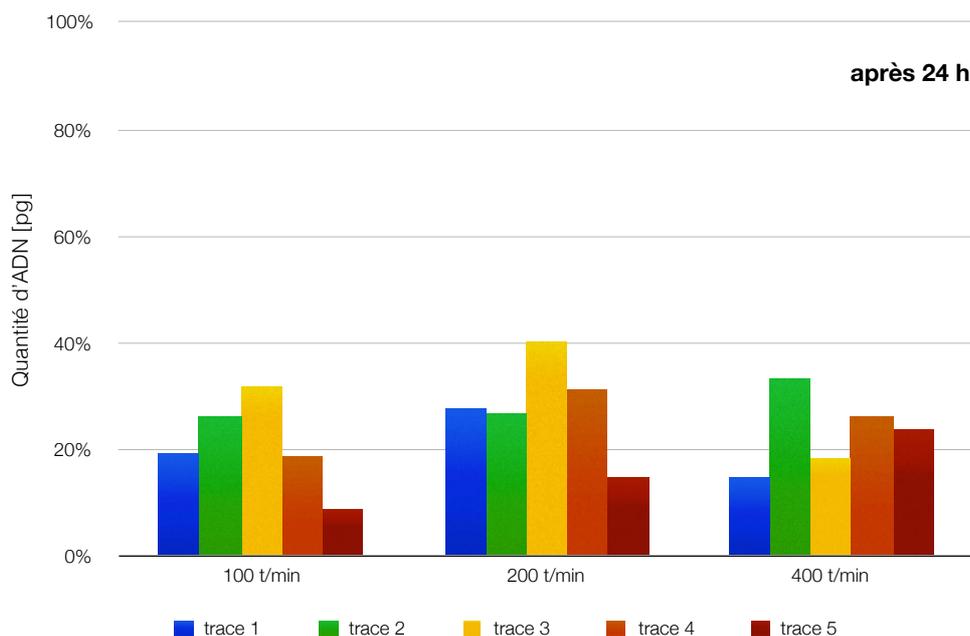
Comparaison des quantités d'ADN (pg) récupérées pour les échantillons conservés au repos et soumis aux mouvements

200 t/min						
activité	200 t/min					
temps	une heure			un jour		
échantillon	au repos	en activité	% persisté	au repos	en activité	% persisté
	93	73	78%	838	233	28%
843	623	74%	1'073	290	27%	
1'040	650	63%	318	128	40%	
428	270	63%	255	80	31%	
238	146	62%	2'158	323	15%	
	moyenne 68 ± 8 %			moyenne 28 ± 9 %		
400 t/min						
activité	400 t/min					
temps	une heure			un jour		
échantillon	au repos	en activité	% persisté	au repos	en activité	% persisté
	175	133	76%	2'205	330	15%
360	265	74%	2'630	873	33%	
860	505	59%	995	185	19%	
1'348	910	68%	3'188	838	26%	
278	170	61%	2'403	578	24%	
	moyenne 67 ± 7 %			moyenne 23 ± 7 %		

Tableau 38 : Comparaison des quantités d'ADN (en pg) prélevées à partir des traces selon la vitesse de mouvements auxquels elles ont été soumises et en fonction du temps écoulé entre la déposition du matériel biologique et le prélèvement



Graphique 17 : Comparaison des pourcentages d'ADN ayant persisté sur les supports soumis à des mouvements pendant une heure à partir de la déposition des traces



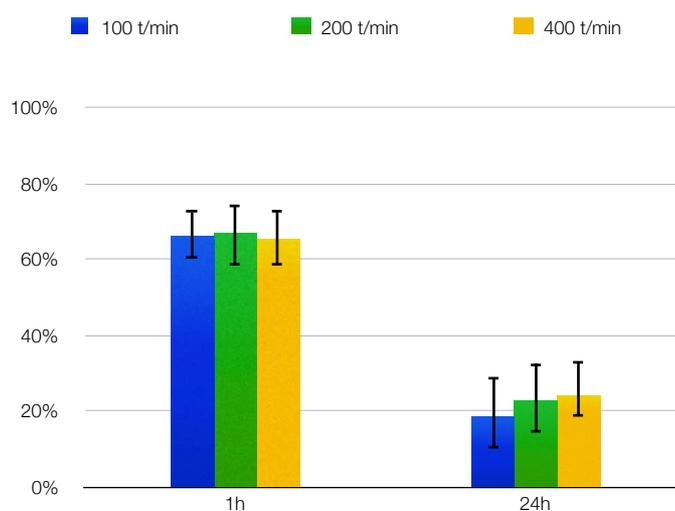
Graphique 18 : Comparaison des pourcentages d'ADN ayant persisté sur les supports soumis à des mouvements pendant un jour à partir de la déposition des traces

La quantité de matériel biologique retrouvée sur des échantillons en mouvement est toujours inférieure à celle des témoins. Cette observation suggère donc qu'après la déposition de la trace, **l'activité exercée par le récepteur influe sur la persistance**. La diminution de la quantité d'ADN prélevée indique que la capacité à retenir les cellules épithéliales sur la surface cible devient plus faible si le récepteur ne reste pas au repos.

En ce qui concerne l'intensité de l'activité, un test ANOVA a été effectué afin de vérifier si les moyennes dérivant des expérimentations sont différentes ou pas. D'après le test ANOVA, l'hypothèse nulle (à savoir, les moyennes sont égales) est vraie avec un seuil de 5%. Il en résulte que la vitesse d'agitation n'influence pas la perte de quantité d'ADN. Les résultats de l'analyse statistique ANOVA sont fournis en annexe (Annexe B1).

Le Graphique 19 regroupe les cinq valeurs obtenues pour chacune des situations testées. La quantité d'ADN récoltée sur les surfaces diminue drastiquement si la cible est restée en mouvement pendant 24 heures. On parle d'une perte d'environ 80%, alors qu'il était possible de récolter encore plus que le 60% de matériel après une brève activité d'une heure.

On peut supposer que cette perte pourrait être encore plus importante si l'activité perdurait plus que 24 heures. En considérant les valeurs obtenues suite à des agitations horizontales, il est possible que des mouvements encore plus brusques ou même rotatifs affecteraient encore plus les éventuelles pertes de cellules cutanées.



Graphique 19 : Comparaison de la moyenne des pourcentages des quantités d'ADN prélevées à partir de supports soumis à mouvements de vitesses différentes pendant une heure et 24 heures

Comme la perte est toujours relative à la quantité initiale d'ADN déposée sur la trace, il sera admis que plus la quantité initiale sera importante, plus la chance de retrouver encore suffisamment de matériel biologique pour aboutir à un profil génétique de qualité sera élevée.

4.4.3.5 Facteurs exogènes

Le but de cette expérience est de déterminer si une perte de matériel biologique peut avoir lieu lorsque le récepteur est exposé à certains facteurs exogènes.

Les résultats présentés dans ce chapitre ont été acquis par Mme Antognini lors de son travail de séminaire (Antognini, 2009).

Afin de rapprocher au plus nos expérimentations des conditions de stockage réels, des facteurs exogènes tels que la température, l'humidité relative ainsi que la lumière du jour ont été testés. Dans le but de contrôler les facteurs exogènes de l'environnement pour le stockage des échantillons, deux appareils ont été utilisés: la lampe MacBeth© Executive pour une exposition constante de lumière du jour (7'500K) et le Fingerprint Development Chambers FDC018 Weiss Gallenkamp pour le contrôle de la température et de l'humidité.

4.4.3.5.1 Température et humidité relative

Le choix des conditions de température et d'humidité se base sur les valeurs mensuelles enregistrées en Suisse par l'Office Fédéral de Météorologie et de Climatologie de Météo Suisse. Les chiffres publiés indiquent qu'en général l'humidité relative varie entre 60% et 90%,

tandis que la température fluctue entre -20°C et 40°C en Suisse.

La première partie de la recherche se focalise sur l'étude de l'influence de l'humidité relative sur le matériel biologique déposé sur une surface. Deux conditions de température et deux taux d'humidité ont été sélectionnées: 40°C, 70°C, 60% et 80%. En ce qui concerne la durée d'exposition, quatre laps de temps ont été analysés: une heure, douze heures, un jour et deux jours. Les autres conditions de l'expérience sont les suivantes:

- nombre d'échantillons : 20 traces (10 témoins et 10 pour le traitement);
- temps depuis le dernier lavage des mains: 1 heure;
- temps de contact avec les supports: 15 secondes.

Le Tableau 39 illustre l'ensemble des résultats obtenus, exprimés en terme de pourcentage de quantité d'ADN retrouvée sur les surfaces après l'exposition à conditions contrôlées par rapport à la quantité de matériel biologique récupérée à partir du respectif témoin.

Comparaison des quantités d'ADN (pg) récupérées à partir des échantillons soumis aux différentes conditions environnementales						
<i>conditions</i>	40°C - 60%					
<i>temps</i>	1 h			12 h		
<i>environnement</i>	à l'abri	40°C - 60%	% persisté	à l'abri	40°C - 60%	% persisté
<i>quantité</i>	349	274	79%	34	34	100%
	96	96	100%	52	52	100%
	111	80	72%	183	183	100%
	167	126	75%	53	53	100%
	146	146	100%	90	90	100%
	108	103	95%	439	439	100%
	611	611	100%	171	171	100%
	330	330	100%	399	358	90%
	598	564	94%	705	683	97%
	339	339	100%	198	159	80%
	<i>moyenne</i> 92 ± 11 %			<i>moyenne</i> 97 ± 7 %		
<i>conditions</i>	40°C - 60%					
<i>temps</i>	24 h			48 h		
<i>environnement</i>	à l'abri	40°C - 60%	% persisté	à l'abri	40°C - 60%	% persisté
<i>quantité</i>	829	446	54%	540	540	100%
	41	41	100%	306	306	100%
	284	284	100%	121	121	100%
	297	190	64%	830	216	26%
	629	373	59%	135	88	65%
	166	166	100%	310	310	100%
	2'422	1'993	82%	1'292	408	32%
	480	344	72%	279	279	100%
	505	346	69%	665	471	71%
	1'834	1505	82%	245	118	48%
	<i>moyenne</i> 78 ± 11 %			<i>moyenne</i> 74 ± 30 %		

Comparaison des quantités d'ADN (pg) récupérées à partir des échantillons soumis aux différentes conditions environnementales						
<i>conditions</i>	40°C - 80%					
<i>temps</i>	1 h			12 h		
<i>environnement</i>	à l'abri	40°C - 80%	% persisté	à l'abri	40°C - 80%	% persisté
<i>quantité</i>	173	173	100%	2'317	2'317	100%
	71	71	100%	1'611	1'611	100%
	663	581	88%	554	520	94%
	406	406	100%	245	245	100%
	93	80	86%	256	130	51%
	108	108	100%	229	229	100%
	980	980	100%	531	509	96%
	548	533	97%	91	91	100%
	581	560	96%	1'045	960	92%
	394	344	87%	509	509	100%
	<i>moyenne</i> 95 ± 6 %			<i>moyenne</i> 93 ± 15 %		
<i>conditions</i>	40°C - 80%					
<i>temps</i>	24 h			48 h		
<i>environnement</i>	à l'abri	40°C - 80%	% persisté	à l'abri	40°C - 80%	% persisté
<i>quantité</i>	805	366	45%	969	796	82%
	490	187	38%	691	240	35%
	106	106	100%	177	177	100%
	311	311	100%	338	338	100%
	331	331	100%	348	331	95%
	366	154	42%	217	200	92%
	1'430	1'430	100%	3'265	1'543	47%
	192	154	80%	800	592	74%
	194	169	87%	1'104	730	66%
	605	482	80%	302	177	59%
	<i>moyenne</i> 77 ± 26 %			<i>moyenne</i> 75 ± 23 %		
<i>conditions</i>	70°C - 60%					
<i>temps</i>	1 h			12 h		
<i>environnement</i>	à l'abri	70°C - 60%	% persisté	à l'abri	70°C - 60%	% persisté
<i>quantité</i>	5'856	2'270	39%	1'019	382	37%
	4'080	808	20%	690	690	100%
	1'593	450	28%	296	158	53%
	163	163	100%	362	98	27%
	77	77	100%	85	85	100%
	155	0	0%	233	0	0%
	991	605	61%	3'005	1'969	66%
	2'995	1'305	44%	75	25	33%
	1'092	644	59%	169	92	54%
	393	114	29%	418	196	47%
	<i>moyenne</i> 48 ± 33 %			<i>moyenne</i> 52 ± 31 %		

Comparaison des quantités d'ADN (pg) récupérées à partir des échantillons soumis aux différentes conditions environnementales						
conditions	70°C - 60%					
temps	24 h			48 h		
environnement	à l'abri	70°C - 60%	% persisté	à l'abri	70°C - 60%	% persisté
quantité	588	92	16%	845	845	100%
	1'280	566	44%	1'584	582	37%
	1'119	663	59%	715	258	36%
	1'091	119	11%	719	0	0%
	1'094	167	15%	321	40	12%
	341	143	42%	190	164	86%
	80	27	34%	159	43	27%
	540	540	100%	260	110	42%
	264	87	33%	267	64	24%
	994	403	41%	2'905	1183	41%
			moyenne 39 ± 26 %			moyenne 41 ± 31 %
conditions	70°C - 80%					
temps	1 h			12 h		
environnement	à l'abri	70°C - 80%	% persisté	à l'abri	70°C - 80%	% persisté
quantité	615	403	66%	522	522	100%
	1'004	543	54%	225	225	100%
	93	93	100%	109	109	100%
	1'950	1'309	67%	952	952	100%
	1'609	1'125	70%	1'321	731	55%
	1'443	1'227	85%	585	424	72%
	165	80	48%	1'269	467	37%
	3'401	1'884	55%	777	247	32%
	400	289	72%	2'966	1'248	42%
	131	54	41%	477	0	0%
			moyenne 66 ± 17 %			moyenne 64 ± 36 %
conditions	70°C - 80%					
temps	24 h			48 h		
environnement	à l'abri	70°C - 80%	% persisté	à l'abri	70°C - 80%	% persisté
quantité	121	121	100%	360	168	47%
	148	148	100%	164	164	100%
	33	33	100%	83	66	80%
	721	215	30%	749	157	21%
	393	387	98%	3'223	662	21%
	163	163	100%	634	634	100%
	291	134	46%	673	176	26%
	250	67	27%	7'157	3'097	43%
	155	96	62%	3'076	490	16%
	2'311	0	0%	982	505	51%
			moyenne 66 ± 38 %			moyenne 50 ± 32 %

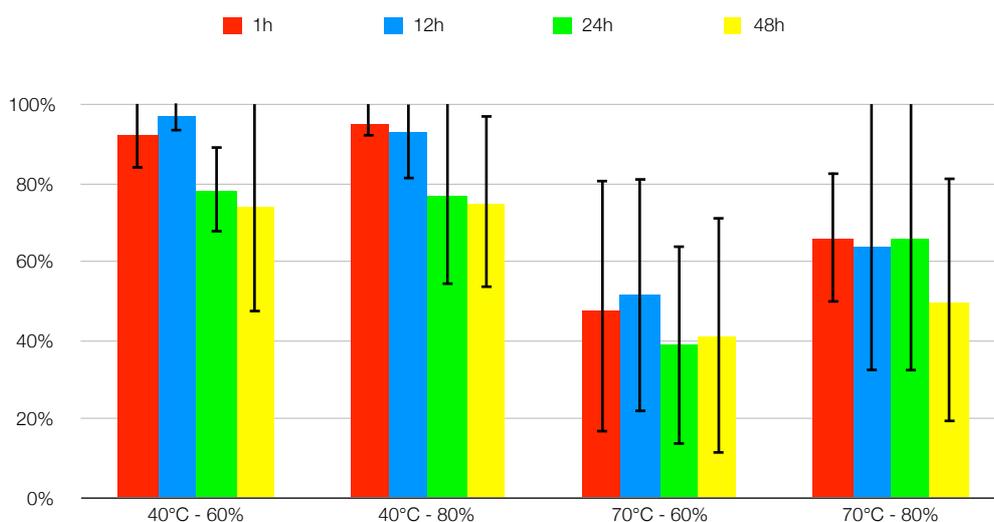
Tableau 39 : Comparaison des quantités d'ADN (en pg) prélevées à partir des supports stockés à température ambiante et des échantillons exposés dans un milieu à 40/70°C et 60/80% d'humidité relative pendant différents laps de temps

La comparaison des moyennes arithmétiques et des écart-types à l'aide de l'analyse de variance ANOVA (cf. Annexe B2) indique que le taux d'humidité relative ne joue pas un rôle notable dans le phénomène de la persistance des traces de contact.

Il a également été constaté que la quantité de matériel biologique retrouvée sur les surfaces exposées varie considérablement tout au long des expériences entreprises: sous les mêmes conditions environnementales, le pourcentage d'ADN ayant persisté varie entre 0% et 100%.

Comme expliqué auparavant, en ne disposant pas des données qui confirment le rôle de l'humidité (cf. Annexe B2) dans le phénomène de la persistance, ce paramètre a été exclu des expériences.

En ce qui concerne le temps d'exposition, il est possible d'observer des similitudes entre les valeurs obtenues pour les expositions pendant "une heure" et "douze heures", et parallèlement celles pendant "un jour" et "deux jours" (cf. Annexe B3). Il semblerait donc que la différence se situe sur la seuil à partir d'un jour d'exposition (cf. Graphique 20).



Graphique 20 : Comparaison des pourcentages moyens d'ADN prélevé à partir des traces exposées à des températures et humidités relatives contrôlées pendant des laps de temps déterminés

La deuxième partie de l'expérimentation se focalise sur l'influence de la température sur le matériel biologique déposé sur une surface.

Des conditions de température supplémentaires ont donc été étudiées: -20°C, 4°C et 100°C. Le choix est basé sur les résultats de différentes études visant à mesurer les degrés de température à l'intérieur des véhicules stationnés dans des milieux ensoleillés et nuageux (Grundstein, 2009; Marty et al, 2001; Dadour et al, 2011; Vishweshwara et Al Dhali, 2013).

En ce qui concerne le temps d'exposition, deux laps de temps ont été analysés: une heure et un jour.

Les conditions de préparation des échantillons, illustrées précédemment, sont reprises à la seule différence du nombre d'échantillons. Au lieu de vingt traces par condition, dix traces (cinq témoins et cinq traces à soumettre pour le traitement) ont fait objet des analyses. Dans l'éventualité où les résultats ne seraient pas reproductibles, nous envisagerons d'augmenter l'échantillonnage. Les résultats sont reportés dans le Tableau 40.

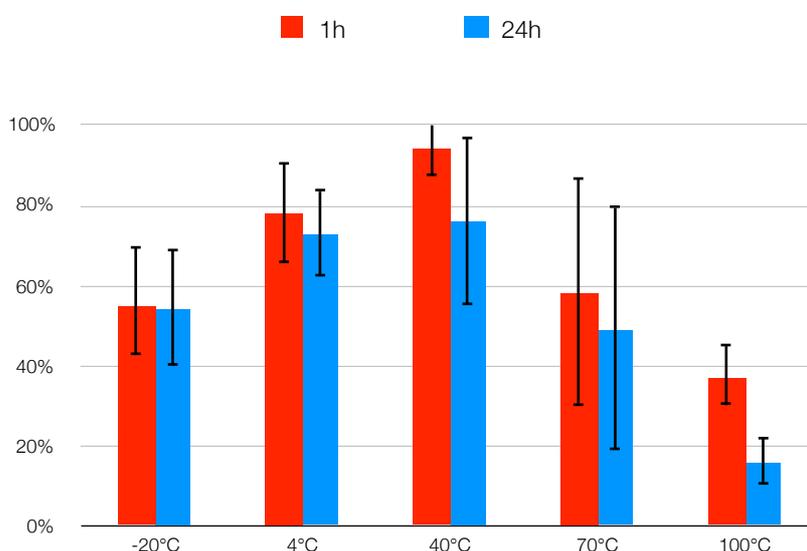
Comparaison des quantités d'ADN (pg) récupérées à partir des échantillons soumis aux différentes conditions environnementales						
<i>température</i>	-20°C					
<i>temps</i>	1 h			24 h		
<i>environnement</i>	à l'abri	-20°C	% persisté	à l'abri	-20°C	% persisté
<i>quantité</i>	925	600	65%	2'735	1'923	70%
	4'025	1'575	39%	1'740	1'095	63%
	550	225	41%	3'755	1'770	47%
	1'377	905	66%	4'188	2'365	56%
	4'260	2'822	66%	653	208	32%
	<i>moyenne</i> 55 ± 14 %			<i>moyenne</i> 54 ± 15 %		
<i>température</i>	4°C					
<i>temps</i>	1 h			24 h		
<i>environnement</i>	à l'abri	4°C	% persisté	à l'abri	4°C	% persisté
<i>quantité</i>	1'038	888	86%	1'593	1'098	69%
	85	58	68%	2'083	1'183	57%
	355	333	94%	2'130	1'810	85%
	248	153	62%	2'403	1'898	79%
	185	150	81%	1'760	1'310	74%
	<i>moyenne</i> 78 ± 13 %			<i>moyenne</i> 73 ± 11 %		
<i>température</i>	100°C					
<i>temps</i>	1 h			24 h		
<i>environnement</i>	à l'abri	100°C	% persisté	à l'abri	100°C	% persisté
<i>quantité</i>	278	110	40%	618	128	21%
	3'748	1'745	47%	2'295	293	13%
	920	373	41%	1'920	353	18%
	2'175	775	36%	3'605	493	14%
	1'198	285	24%	1'230	203	17%
	<i>moyenne</i> 37 ± 8 %			<i>moyenne</i> 16 ± 3 %		

Tableau 40 : Comparaison des quantités d'ADN (en pg) ayant persisté et prélevées à partir des supports stockés à température ambiante et des échantillons exposés pendant une heure et un jour dans des milieux aux températures contrôlées

Le Graphique 21 regroupe l'ensemble des résultats obtenus lors de l'étude des facteurs environnementaux.

Les surfaces non soumises aux conditions test (échantillons témoins), mais stockées à température ambiante à l'abri de la lumière et de la chaleur, ont toujours fourni une quantité supérieure de matériel biologique. En s'agissant d'échantillons témoins, les quantités de matériel biologique récoltées à partir de ces prélèvements représentent la valeur théorique du 100%. Les éventuelles pertes d'ADN mises en évidence pour les échantillons exposés aux différentes conditions ont donc été calculées par rapport à cette valeur.

A noter qu'il n'a jamais été possible de récolter la même quantité d'ADN à partir des traces exposées aux diverses températures. Ces résultats indiqueraient qu'il existe toujours une perte de cellules épithéliales, dont la cause semblerait être les conditions de stockage des échantillons, la température dans le cas présent.



Graphique 21 : Comparaison des pourcentages moyens d'ADN (en pg) ayant persisté et prélevé à partir des traces exposées à des températures contrôlées pendant une heure et un jour

Les valeurs indiquent que les quantités d'ADN ayant persisté sur les surfaces après un jour d'exposition sont toujours inférieures à celles obtenues après une heure.

De l'ADN a toutefois pu être détecté pour l'ensemble des conditions testées, même si l'ADN ayant persisté à partir des échantillons exposés à 100°C pendant un jour présente une remarquable chute en terme de quantité. Les résultats obtenus pour le stockage des traces à -20°C, qui est la norme dans le domaine des traces biologiques se sont révélés surprenants. En effet, ces conditions ont permis la persistance de seulement 55% d'ADN après une heure. Cette perte importante de matériel peut s'expliquer aisément si l'on considère le type de support sur lequel les traces ont été déposées. S'agissant de lames porte-objets, l'exposition à -20°C a congelé les supports en rendant compliquée l'étape du prélèvement des traces.

4.4.3.5.2 Lumière du jour

Dans cette dernière partie de l'étude du phénomène de la persistance, il s'agit d'évaluer l'effet de l'exposition à la lumière du jour sur la quantité d'ADN déposée initialement sur les surfaces cible.

Le Tableau 41 présente les résultats obtenus et montre que la lumière du jour joue un rôle pour la persistance des traces biologiques de contact. L'influence de ce paramètre est plus marquée avec l'augmentation du temps d'exposition.

Comparaison des quantités d'ADN (pg) récupérées à partir des échantillons exposés à la lumière du jour						
conditions	exposition à la lumière					
	1 h			24 h		
temps						
environnement	à l'abri	lumière du jour	% persisté	à l'abri	lumière du jour	% persisté
quantité	289	289	100%	1'264	622	49%
	625	625	100%	339	219	65%
	330	327	99%	388	388	100%
	1'028	708	69%	393	329	84%
	632	359	57%	219	184	84%
	<i>moyenne</i> 85 ± 21 %			<i>moyenne</i> 76 ± 20 %		

Tableau 41 : Comparaison des quantités d'ADN (en pg) prélevées à partir des traces exposées à la lumière du jour pendant une heure et un jour

4.4.3.5.3 Influence des facteurs environnementaux sur la qualité des profils

Il est intéressant de déterminer également l'influence des conditions environnementales de stockage sur la qualité de l'ADN extrait à partir des traces. Dans ce dessein, deux amplifications ont eu lieu: une pour le témoin (3'076 pg) et l'autre pour l'échantillon relatif exposé à l'une des conditions testées, à savoir 70°C et 80% d'humidité relative pendant vingt-quatre heures (490 pg).

Le choix est tombé sur ce couple d'échantillons, car la quantité ayant persistée après une exposition de deux jours était uniquement de 16% par rapport à la quantité prélevée à partir de son témoin. Les profils obtenus sont complets. Cependant, il est possible de constater une diminution de la hauteur des pics détectés dans l'électrophorégramme issue de la trace exposée: la diminution est d'environ un tiers par rapport aux résultats obtenus pour l'échantillon stocké à l'abri des conditions environnementales (cf. Figure 21).

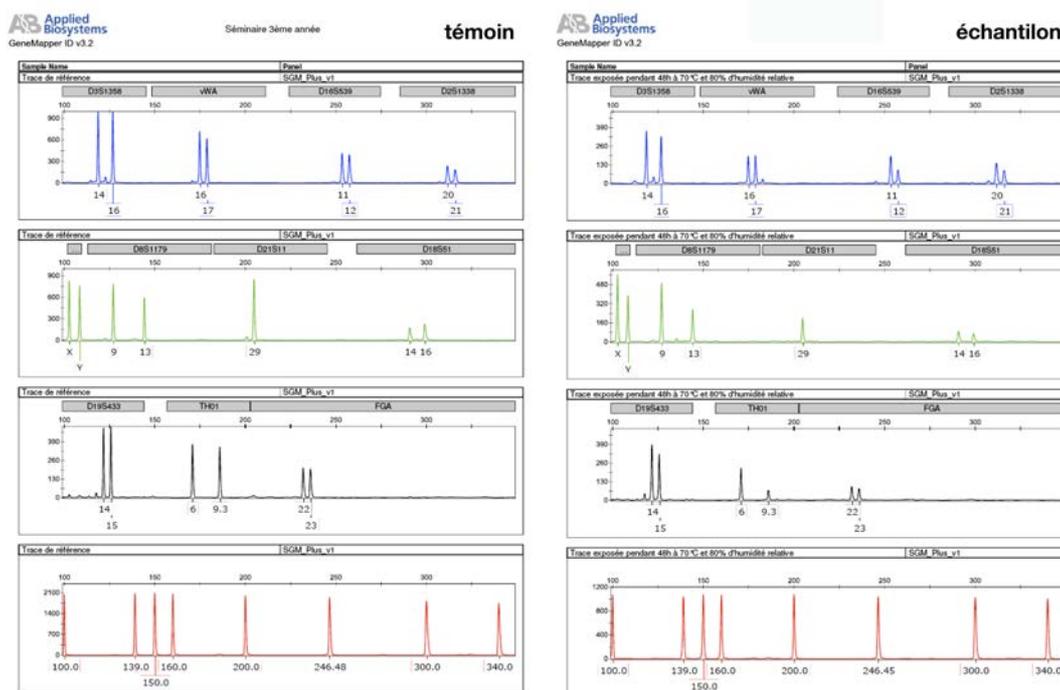


Figure 21 : Comparaison du profil génétique issu du témoin stocké à température ambiante et à l'abri avec celui de l'échantillon exposé à 70°C et 80% d'humidité relative pendant 24 heures

4.4.4 DISCUSSION

Les expériences présentées dans ce chapitre visent à étudier le phénomène de la persistance des traces biologiques de contact. Les résultats obtenus montrent que certains facteurs, comme l'activité entreprise par la surface cible et les conditions environnementales de stockage qui interviennent sur les traces entre leur déposition et leur prélèvement, diminuent la quantité de matériel biologique récoltée.

La quantité d'ADN prélevée à partir des traces exposées aux conditions des expériences est toujours résultée inférieure aux valeurs des témoins. Cette diminution s'accroît lorsque le temps d'exposition augmente.

Les expériences entreprises lors de cette recherche ont été développées en partant de portions de traces papillaires, caractérisées par des surfaces assez réduites de 2x1 cm². Les résultats soulignent que la déposition des traces peut varier considérablement d'une personne et l'autre, entre une main et l'autre et même entre un doigt et l'autre. Cette différence peut être prononcée, même si les traces ont été déposées et analysées en même temps. Ces considérations nous ont obligé à travailler avec des demi-traces papillaires. Nos études préliminaires ont en effet montré une variation relativement faible entre des traces de contact déposées par diffé-

rentes parties provenant du même doigt.

Le but de ce chapitre était de comparer les résultats issus de traces stockées dans les meilleures conditions environnementales avec ceux établis à partir d'échantillons exposés à traitements.

En réalité, les criminalistes n'analyseront que très rarement des traces de dimensions si réduites, comme des traces papillaires fragmentées. Cependant, même s'il agit de portions de traces relativement minuscules, les quantités d'ADN extrapolées sont tout à fait comparables à celles déposées par des mauvais donneurs sur des objets avec des prises de mains entières. De plus, les bons donneurs participant aux expériences ont toujours produit des traces de contact avec des quantités détectables. Ce qui est apparu surprenant reste le fait que certains candidats ont été même capables de déposer des quantités très élevées: plus que 4 ng d'ADN avec uniquement la moitié d'une trace, soit 650 cellules épithéliales pour 20cm² de peau!

Il est clair que la perte d'ADN liée aux facteurs influençant la persistance des traces est également directement dictée par le volume de matériel biologique présent initialement sur une surface. Il en résulte que plus la quantité d'ADN initiale est faible, plus les opportunités d'extraire un profil exploitable seront réduites. Si par contre, on part avec un nombre de cellules de peau plus élevé, même en gardant à l'esprit les éventuelles pertes provoquées par les conditions de conservation, les chances de succès d'une analyse d'ADN seront élevées.

Section 4.5

Etude du bruit de fond
des traces d'ADN
de contact

4.5.1 INTRODUCTION

Comment peut-on savoir avec fiabilité que les allèles détectés sur notre électrophorégramme proviennent véritablement de la trace déposée par la personne d'intérêt pendant l'action? Et si le matériel génétique laissé par notre auteur ne présente ni la quantité ni la qualité nécessaire pour aboutir à une analyse d'ADN et nos résultats ne sont que le fruit de l'exploitation de l'ADN présent déjà comme bruit de fond sur la surface d'intérêt?

Prenons en considération le nombre d'objets avec lesquels notre peau entre en contact chaque seconde de notre vie quotidienne et les performances des techniques d'analyse d'ADN en terme de sensibilité. Est-il possible qu'une combinaison d'allèles aléatoirement présents sur la surface puisse coïncider par coïncidence avec le profil d'une personne non impliquée?

Contrairement au domaine des microtraces, très peu d'articles ont été consacrés aux études de l'ADN dû au bruit de fond, en anglais "background".

La problématique a été déjà introduite par Locard (1930a-c). Il y a quatre-vingt ans, le docteur avait en effet déjà eu l'intuition du potentiel des traces de contact en ADN en décrivant la composition de la poussière et donc de notre environnement dans son ouvrage *"Dust includes also products of desquamation or skin-peelings (epidermal cells and hairs) of animal and even of man himself"* (Locard, 1930a). Il proposa ainsi l'analyse microscopique de la poussière pour étudier les cellules épithéliales: *"The products of epidermal desquamation, or dandruff, have the appearance of transparent platelets with irregular edges, and are colored yellow by iodine. Epidermal debris that has been pulled out of living tissues present the same platelets superimposed on one another in relatively thick layers"* (Locard, 1930a).

Certains auteurs se sont intéressés à la présence fortuite des traces de salive sur les sous-vêtements (Breathnach et Moore, 2013), alors que d'autres se sont portés sur la prévalence de l'ADN étranger sous les ongles de la population en général (Matte et al, 2005; Cerri et al, 2009; Cook et Dixon, 2007; Malsom et al, 2009; Dowlman et al, 2010; Matte et al, 2012; Bozzo et al, 2015) et sous les ongles des victimes et des auteurs dans les cas de meurtres (Nurit et al, 2011), alors que d'autres se sont lancés plutôt sur les cas de strangulations (Graham et Ratty, 2008), sur les éléments de munition (Comte, 2007; Comte et Pun, 2009), sur les mains des personnes (Lacerenza et al, 2016) ou encore sur les vêtements (Breathnach et al, 2016). Une étude très intéressante s'est focalisée sur la quantité d'ADN dans l'environnement (Toothman et al, 2008). Les auteurs ont analysé plusieurs prélèvements sur des surfaces, stockées dans des lieux peu, moyennement et très fréquentés. D'après leurs résultats, 97% des prélèvements effectués présentaient de l'ADN humain et un centimètre carré de surface présentait en moyenne entre 0.2 et 1.1 picogrammes d'ADN.

Il s'agit alors de répondre aux questions telles que "Quelles sont les retombées sur la valeur de la trace en sachant qu'on est potentiellement en présence d'ADN dû au bruit de fond?", "Est-ce que la combinaison des allèles issus du background peut correspondre par hasard avec le profil de référence d'une personne qui n'est pas directement impliquée dans l'activité d'intérêt?"

Cependant, certaines complications peuvent être induites par les relations personnelles des personnes mises en cause dans une affaire. En effet, des recherches ont montré qu'il est possible de retrouver du matériel biologique provenant des partenaires et des colocataires des victimes ou des suspects dans les échantillons analysés. Pour en citer quelques exemples: lors de l'exploitation des traces biologiques dans les chaussures pour déterminer le porteur de celles-ci (Hillier et al, 2005; Vuichard, 2007), sur le cou des victimes (Rutty, 2002) et sur la literie (Petricevic et al, 2006) pour déterminer l'auteur d'une agression, etc.

Il s'agit ici d'étudier le phénomène du bruit de fond. Compte tenu de la taille microscopique des cellules épithéliales, il n'est pas si surprenant de penser que la plupart des surfaces des objets avec lesquels nous nous entrons en contact chaque jour puisse présenter déjà de l'ADN avant la déposition de la trace indiciaire, donc avant l'acte de saisie de la part de la personne d'intérêt (Lehmann et al, 2015; Oldoni et al, 2015; van den Berge et al, 2016). Cette partie de la recherche sera donc consacrée à évaluer les risques posés par ce type d'ADN et les conséquences de celui-ci sur les étapes de l'interprétation des traces de contact.

4.5.2 PARTIE EXPERIMENTALE

4.5.2.1 Matériels et méthodes

Les résultats obtenus lors de l'étude du phénomène du transfert des traces de contact, présentés dans le chapitre 4.2, peuvent permettre d'approfondir nos connaissances sur le phénomène du bruit de fond.

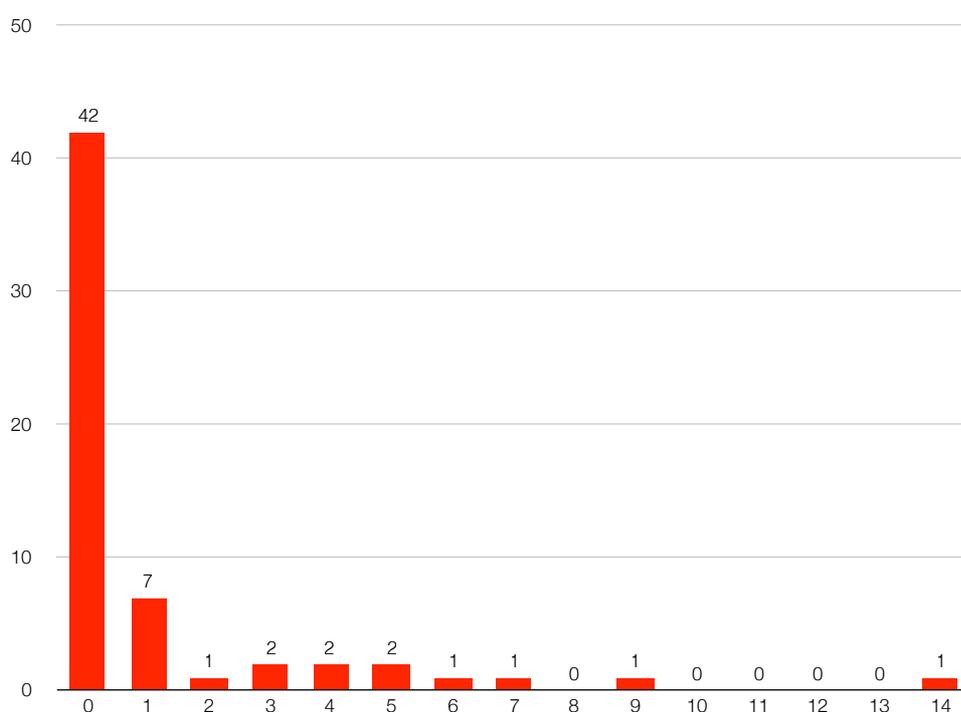
4.5.2.2 Résultats expérimentaux

Les profils obtenus à partir des prélèvements effectués dans les véhicules ont été comparés d'abord aux profils génétiques de référence (conducteurs et passagers des voitures) et puis aux électrophorégrammes issus à partir des blancs. Dans les cas d'obtention d'allèles étrangers, des réplicats ont été effectués afin de confirmer leur présence et exclure les contributions dus aux éventuels artefacts. Cette opération a eu lieu uniquement pour les échantillons en très faible quantité d'ADN et amplifiés à 34 cycles.

Le Graphique 22 illustre le nombre de profils analysés avec les relatives allèles étrangers détectés. Parmi les 60 échantillons récoltés après une semaine de l'établissement des blancs, 42 ne présentaient aucun allèle étranger aux profils de référence des conducteurs et/ou des passagers des véhicules. Parmi les 18 électrophorégrammes restant:

- sept présentent un allèle étranger;
- dix présentent entre deux et neuf allèles étrangers;
- un seul présente quatorze allèles étrangers.

Par conséquent, un seul profil dû au bruit de fond aurait rempli les critères pour l'insertion dans la base de données EDNA.



Graphique 22 : Nombre de profils génétiques présentant des allèles étrangers issus du bruit de fond

En analysant plus en détails la localisation des allèles étrangers dus au bruit de fond, il est possible remarquer que les systèmes caractérisés par une taille de fragments plus réduite sont ceux les plus affectés (cf. Figure 22).

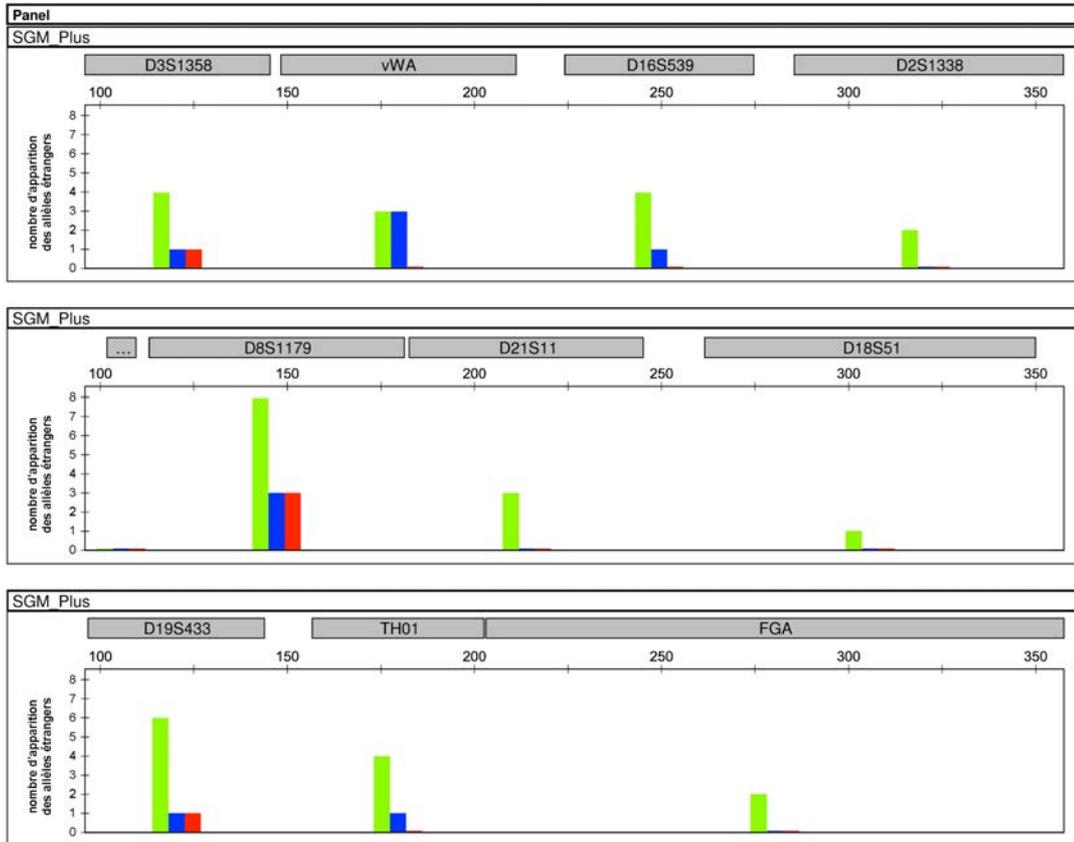


Figure 22 : Nombre d'apparition des allèles étrangers issus du bruit de fond détectés dans les loci des profils analysés

4.5.3 DISCUSSION

Parmi les résultats obtenus lors de l'étude de l'ADN dû au bruit de fond sur les différents éléments de l'habitacle des véhicules, il en résulte qu'uniquement un profil extrapolé présente un nombre suffisant d'allèles tel à pouvoir causer des difficultés lors des étapes de l'interprétation.

Présentant quatorze allèles, répétitifs dans les répliqués, ce profil pourrait être inséré dans la base de données nationale ou comparé localement en cas de mélange avec des profils de référence. La présence de cet ensemble d'allèles pourrait être expliquée par le phénomène du transfert secondaire. Le prélèvement d'ADN en question a été effectué sur l'appui-tête d'un des véhicules de l'étude. Cette partie de l'habitacle entre normalement en contact uniquement avec la tête ou les cheveux du conducteur du véhicule. Cependant, dans le cas présent, les deux conducteurs habituels de la voiture de même que les passagers ayant fréquenté le véhi-

cule pendant la semaine de l'expérience ont pu être tous écartés comme donneurs possibles du profil détecté. Sur la base des informations transmises par le propriétaire du véhicule et de l'absence de ces allèles dans le blanc effectué avant l'expérience sur l'appui-tête du conducteur, la présence de cet ADN ne peut être expliquée que par un éventuel transfert secondaire du matériel biologique d'une personne inconnue sur la tête ou les cheveux d'un des deux conducteurs. Cependant, il n'a pas été possible remonter à la personne en question afin de vérifier la véracité de l'hypothèse avancée.

Toutefois, en considérant les résultats de l'étude entreprise, il en résulte que l'influence de l'ADN dû au bruit de fond dans le cadre des traces de contact n'est pas problématique. Il est très peu probable qu'un ensemble d'allèles présents par hasard sur une surface d'intérêt puisse correspondre parfaitement au profil génétique d'une personne. Cette probabilité de coïncidence fortuite peut être calculée en multipliant les différentes fréquences d'apparition des allèles, de la même façon traditionnelle que lorsque il est demandé d'estimer la rareté d'un profil génétique. De plus, ces probabilités prennent vite des valeurs extrêmement petites. Même en admettant que tous les allèles correspondent au profil du suspect mis en cause dans l'affaire, il faudrait que tous les pics composant le profil indiciaire soient bien balancés entre eux, à l'intérieur d'un même locus et ensuite entre les différents systèmes.

Section 4.6

Contacts légitimes avec les surfaces cibles

4.6.1 INTRODUCTION

Le réseau bayésien que nous avons construit présente un noeud précisant les différentes hypothèses envisageables.

Sous l'hypothèse de la défense selon laquelle le suspect appréhendé au cours de l'enquête n'est pas impliqué dans l'action sous enquête, il est alors nécessaire d'expliquer la présence de son ADN sur le support cible.

Trois situations différentes peuvent être envisagées:

- la personne a conduit de façon légitime le véhicule volé n jours avant les faits;
- le suspect a été passager dans le véhicule en question: il est donc possible que son ADN ait été déposé accidentellement durant son passage dans la voiture sur les surfaces de prélèvement;
- un transfert par voie indirecte a eu lieu.

Ce chapitre traitera de la question des conducteurs et des passagers légitimes dans les véhicules, à savoir les situations dans lesquelles les personnes sous enquête indiquent un contact avec les surfaces cibles mais précédent à l'acte délictueux. Logiquement ces explications peuvent être également confirmées par les éventuels témoignages du lésé. La problématique des transferts par voies indirectes fera objet du prochain chapitre.

4.6.2 CONDUCTEURS LEGITIMES D'UN VEHICULE

Considérons les situations où la personne appréhendée indique un contact antécédent avec les parties de l'habitacle du véhicule volé, car elle l'a conduit n jours avant les faits. Il s'agit donc d'étudier les deux jeux de propositions d'intérêt suivants:

- H_p : le suspect a conduit la voiture volée
 H_d : le suspect n'a jamais conduit la voiture volée et ne s'y est jamais trouvé
- H_p : le suspect a conduit la voiture volée
 H_d : le suspect a conduit la voiture volée n jours avant le vol pour des raisons légitimes

À préciser que les hypothèses de la défense, H_d , impliquent également qu'une autre personne s'est assise dans la voiture volée et l'a conduite.

La probabilité d'observer les caractéristiques des traces de contact, à savoir la quantité d'ADN, la qualité du profil génétique et les allèles détectés, ne dépendent pas de l'hypothèse envisagée. En d'autres termes, la situation où le suspect a conduit la voiture n jours avant les faits) ne diffère pas des scénarios où le suspect a effectivement conduit la voiture pendant

l'acte criminel. Dans le sens qu'il n'est pas possible de déterminer si une déterminée quantité d'ADN déposée par un conducteur sur les éléments de l'habitacle résulte de l'acte criminel ou fait suite à un contact antécédent tout à fait légitime.

Malheureusement, à l'heure actuelle il n'existe pas de techniques permettant de dater un dépôt d'ADN. Des études ont été entreprises pour les traces de nature hématique (Arany et Ohtani, 2011; Boyd et al, 2011; Bremmer et al, 2011; Li et al, 2011).

L'exemple ci-dessous permettra de mieux comprendre cette problématique.

Imaginons le cas d'un vol de véhicule. Quelques heures plus tard, la voiture abandonnée est retrouvée par la police. Des prélèvements sont alors effectués à l'intérieur de l'habitacle et l'analyse en laboratoire permet d'extraire à partir de l'échantillon prélevé sur le volant plus de 5 ng d'ADN. Pendant l'enquête, un suspect est appréhendé par ces faits. Suite à une comparaison effectuée entre le profil résultant de la trace indiciaire et le profil de comparaison du suspect, il s'avère que les deux profils ne sont pas différentiables pour l'ensemble des marqueurs analysés.

Le rapport du vraisemblance peut s'écrire selon la formule suivante:

$$LR = \frac{P(y, x | H_p, I)}{P(y, x | H_d, I)}$$

où:

- H_p et H_d , les hypothèses d'intérêt de l'accusation et de la défense
- y , les caractéristiques intrinsèques et extrinsèques de la trace indiciaire
- x , les caractéristiques intrinsèques et extrinsèques du profil de référence
- I , les informations circonstancielles

À noter que les caractéristiques *intrinsèques* décrivent les résultats obtenus à partir de l'échantillon analysé (c'est-à-dire les allèles détectés) et les caractéristiques *extrinsèques* se réfèrent plutôt aux propriétés physiques comme par exemple la quantité d'ADN retrouvé et la position de la trace.

En appliquant la troisième loi des probabilités et en admettant que la probabilité de retrouver les caractéristiques du profil du suspect, x , ne dépend pas des hypothèses envisagées, l'équation précédente prend alors la forme suivante:

$$LR = \frac{P(y, x | H_p, I)}{P(y, x | H_d, I)} = \frac{P(y | x, H_p, I)}{P(y | x, H_d, I)}$$

En effet, les propriétés génétiques provenant du suspect ne varient pas quelle que soit

l'activité entreprise par la personne: en d'autres termes, que la personne conduise la voiture de façon légitime ou pas, la quantité d'ADN transféré, la localisation des traces déposées et la qualité du profil extrait des prélèvements resteront inchangées.

Il s'agit donc de déterminer:

- le numérateur du rapport de vraisemblance, à savoir la probabilité d'observer les caractéristiques de la trace indiciaire, y , sachant que le suspect appréhendé a conduit la voiture et que son profil génétique, x , partage les mêmes allèles que ceux obtenus à partir de la trace indiciaire; et
- le dénominateur du rapport de vraisemblance, c'est-à-dire la probabilité d'observer les caractéristiques de la trace indiciaire, y , sachant que quelqu'un d'autre que le suspect est impliqué dans le vol du véhicule, que le suspect appréhendé a conduit la voiture n jours avant les faits et que son profil génétique, x , partage les mêmes allèles que ceux obtenus à partir de la trace indiciaire.

La formule du rapport de vraisemblance prendra donc la forme suivante:

$$LR = \frac{P(y|x, H_p, T_{>5ng}) \cdot P(T_{>5ng}|x, H_p) + P(y|x, H_p, T_0) \cdot P(T_0|x, H_p)}{P(y|x, H_d, T_{>5ng}, A_0) \cdot P(T_{>5ng}|x, H_d, A_0) \cdot P(A_0|x, H_d)} + \frac{P(y|x, H_p, T_{>5ng}) \cdot P(T_{>5ng}|x, H_p) + P(y|x, H_p, T_0) \cdot P(T_0|x, H_p)}{P(y|x, H_d, T_0, A_{>5ng}) \cdot P(T_0|x, H_d, A_{>5ng}) \cdot P(A_{>5ng}|x, H_d)} + \frac{P(y|x, H_p, T_{>5ng}) \cdot P(T_{>5ng}|x, H_p) + P(y|x, H_p, T_0) \cdot P(T_0|x, H_p)}{P(y|x, H_d, T_0, A_0) \cdot P(T_0|x, H_d, A_0) \cdot P(A_0|x, H_d)}$$

Cette formule est composée de treize probabilités conditionnelles: quatre au numérateur et neuf au dénominateur. En ce qui concerne le **numérateur** de ce rapport, ceci correspond à celui présenté dans la section 1.5.2, nous les reprenons ici pour mémoire.

- $P(y|x, H_p, T_{>5ng})$ représente la probabilité d'observer les caractéristiques de la trace indiciaire (> 5 ng d'ADN sur le volant), sachant les caractéristiques du profil de référence du suspect et que celui-ci s'est assis au volant du véhicule volé et que le matériel biologique transféré pendant cette activité est persisté et a été retrouvé avec succès par les inspecteurs. Dans le cas où le suspect a effectivement conduit le véhicule et que la quantité d'ADN en question a été transférée, cela implique que ces cellules épithéliales n'étaient pas présentes sur le volant avant

l'acte criminel.

Il en résulte donc que $P (y_{ix}, H_p, T_{>5ng}) = 1 \cdot b_0$, où 1 représente la probabilité de correspondance et b_0 est la probabilité de ne pas retrouver de l'ADN (0 ng) par présence fortuite.

- $P (T_{>5ng|X}, H_p)$ représente la probabilité qu'une quantité supérieure à 5 ng soit transférée, persistée et retrouvée avec succès sur le volant, sachant les caractéristiques du profil de référence du suspect et que celui-ci s'est assis au volant du véhicule volé. En d'autres termes, il s'agit de la probabilité qu'une quantité supérieure à 5 ng provenant du conducteur de la voiture soit transférée, persistée et retrouvée avec succès sur le volant. Cette probabilité dépend logiquement des propriétés du conducteur, à savoir sa qualité de donneur en ADN (bon ou mauvais donneur), ainsi que de la qualité du récepteur de la surface cible (dans notre exemple, du volant de la voiture). Elle sera symbolisée par $t_{>5ng}$.
- $P (y_{ix}, H_p, T_0)$ représente la probabilité d'observer les caractéristiques de la trace indiciaire (> 5 ng d'ADN sur le volant), sachant les caractéristiques du profil de référence du suspect et que celui-ci s'est assis au volant du véhicule volé mais que pendant cette activité aucun matériel biologique n'a été transféré, ni persisté, ni retrouvé avec succès par les inspecteurs. Si cette quantité d'ADN n'a pas été transférée pendant l'acte délictueux, cela signifie que ce matériel biologique était déjà présent sur le volant. Il en résulte donc que $P (y_{ix}, H_p, T_0) = b_{>5ng} \cdot \gamma$.
 Dans cette équation, $b_{>5ng}$ représente la probabilité qu'une quantité supérieure à 5 ng soit présente par présence fortuite sur le volant du véhicule et γ la fréquence d'apparition des caractéristiques de la trace, y .
- $P (T_{0|x}, H_p)$ représente la probabilité qu'aucun matériel biologique ne soit transféré, persisté et retrouvé avec succès sur le volant, sachant les caractéristiques du profil de référence du suspect et que celui-ci s'est assis au volant du véhicule volé. En d'autres termes, il s'agit de la probabilité que pendant le contact entre le volant et le conducteur, celui-ci ne dépose pas d'ADN: aucune cellule épithéliale n'a donc été transférée, ni persistée, ni retrouvée avec succès sur le volant. Cette probabilité dépend encore une fois des propriétés du conducteur, à savoir sa quali-

té de donneur en ADN (bon ou mauvais donneur), ainsi que de la qualité du récepteur de la surface cible (dans notre exemple, du volant de la voiture). Elle sera symbolisée par t_0 .

Par contre, le **dénominateur** du rapport de vraisemblance varie légèrement par rapport à celui où l'hypothèse de la défense prévoit uniquement la non implication du suspect sans avancer aucun type d'explication afin de justifier la présence d'ADN.

Comme expliqué auparavant, sous l'hypothèse de la défense où le suspect n'est pas à la source de l'activité sous enquête, la présence du vrai auteur du vol s'impose. Pour cette raison, il a été nécessaire intégrer un nouveau paramètre dans la formule dans le dessein de régler les contributions d'ADN provenant de cet individu inconnu, noté A :

- $P(y|x, H_d, T_{>5ng}, A_0)$ représente la probabilité d'observer les caractéristiques de la trace indiciaire (> 5 ng d'ADN sur le volant), sachant les caractéristiques du profil de référence du suspect, que celui-ci s'est assis au volant du véhicule volé n jours avant le délit, qu'aucun matériel biologique n'a été transféré pendant l'acte criminel par le vrai auteur A et que pendant la conduite légitime le suspect a déposé plus que 5 ng d'ADN dans l'habitacle du véhicule persistés et retrouvés avec succès par les inspecteurs.

Dans le cas où le suspect a effectivement conduit le véhicule n jours avant le vol et que la quantité d'ADN en question a été transférée pendant ce laps de temps, cela implique donc que ces cellules épithéliales n'étaient pas présentes sur le volant avant que le suspect S ait conduit légitimement le véhicule et que le vrai auteur A n'a rien transféré pendant l'acte criminel.

Il en résulte donc que $P(y|x, H_d, T_{>5ng}, A_0) = b_0 \cdot 1$, où b_0 est la probabilité de ne pas retrouver de l'ADN (0 ng) par présence fortuite et 1 représente la probabilité de non-différentiation entre la trace et le profil de référence du suspect. Dans cette situation, les chances d'observer les caractéristiques de la trace y ne dépendent pas des connaissances sur la présence ou l'absence de l'auteur inconnu A .

- $P(T_{>5ng}|x, H_d, A_0)$ représente la probabilité qu'une quantité supérieure à 5 ng soit transférée, persistée et retrouvée avec succès sur le volant par le suspect, sachant les caractéristiques du profil de référence du suspect, que celui-ci s'est assis au volant du véhicule volé n jours avant la disparition du véhicule et que le vrai auteur n'a transféré aucun maté-

riel biologique pendant les faits.

En d'autres termes, il s'agit de la probabilité qu'une quantité supérieure à 5 ng provenant du suspect soit transférée, persistée et retrouvée avec succès sur le volant. Cette probabilité dépend logiquement des propriétés de l'imputé, à savoir sa qualité de donneur en ADN (bon ou mauvais donneur), ainsi que de la qualité du récepteur de la surface cible (dans notre exemple, du volant de la voiture).

Comme pour le numérateur, elle est symbolisée par $t_{>5ng}$.

- $P(A_{0IX}, H_d)$ représente la probabilité que le vrai auteur du vol n'ait pas transféré son matériel biologique, sachant les caractéristiques du profil de référence du suspect, que celui-ci s'est assis au volant du véhicule volé n jours avant la disparition du véhicule.

Cette probabilité est symbolisée par t'_0 . La désignation « ' » est nécessaire afin de distinguer t_0 de t'_0 : la première probabilité décrit la probabilité de transfert d'une personne connue (à savoir le suspect appréhendé), alors que la deuxième probabilité se réfère à une personne inconnue pas à disposition de l'enquête (à savoir le véritable auteur du crime).

- $P(y_{IX}, H_d, T_0, A_{>5ng})$ représente la probabilité d'observer les caractéristiques de la trace indiciaire, sachant les caractéristiques du profil de référence du suspect, que celui-ci s'est assis au volant du véhicule volé n jours avant le délit sans pourtant y transférer son ADN et que le vrai auteur du vol a déposé plus que 5 ng d'ADN à l'intérieur de l'habitacle pendant l'acte criminel, persistés et retrouvés avec succès par les inspecteurs.

Dans le cas où le suspect et le vrai auteur du délit ont effectivement conduit le véhicule n jours avant le vol et que la quantité d'ADN en question a été transférée uniquement par le malfaiteur pendant ce laps de temps, cela implique donc que ces cellules épithéliales n'étaient pas présentes sur le volant auparavant. Sous cette optique, la non-différenciation entre les profils de la trace et du suspect innocent représente par conséquent une évidence.

Il en résulte que $P(y_{IX}, H_d, T_0, A_{>5ng}) = b_0 \cdot \gamma$, où b_0 est la probabilité de ne pas retrouver de l'ADN (0 ng) par présence fortuite et γ représente la fréquence d'apparition des caractéristiques de la trace y .

- $P (T_{0|X}, H_d, A_{>5ng})$ représente la probabilité qu'aucun nanogramme d'ADN n'a été transféré par le suspect, sachant les caractéristiques de son profil génétique, que celui-ci s'est assis au volant du véhicule volé n jours avant la disparition du véhicule et que les 5 ng de molécules d'ADN prélevés lors de l'intervention ont été tous émigrés à partir des parties du corps du vrai auteur pendant les faits.

En d'autres termes, il s'agit de la probabilité que le suspect n'émigre aucune molécule d'ADN lors d'un contact. Cette probabilité dépend logiquement des propriétés de l'imputé, à savoir sa qualité de donneur en ADN (bon ou mauvais donneur), ainsi que de la qualité du récepteur de la surface cible (dans notre exemple, du volant de la voiture).

De façon homologue que lors des explications précédentes, elle est symbolisée par t_0 .

- $P (A_{>5ng|X}, H_d)$ représente la probabilité que le vrai auteur du vol ait transféré son matériel biologique, sachant les caractéristiques du profil de référence du suspect, que celui-ci s'est assis au volant du véhicule volé n jours avant la disparition du véhicule.

Cette probabilité est symbolisée par $t'_{>5ng}$.

- $P (y|X, H_d, T_0, A_0)$ représente la probabilité d'observer les caractéristiques de la trace indiciaire, sachant les caractéristiques du profil de référence du suspect, que celui-ci s'est assis au volant du véhicule volé n jours avant le délit, mais qu'aucun matériel biologique n'a été transféré ni par le suspect lorsqu'il conduisait de façon légitime le véhicule, ni par le vrai auteur pendant l'acte criminelle.

Dans le cas où aucune des deux personnes n'ont transféré leur ADN à l'intérieur de la voiture pendant les conduites (illégitime et légitime), les 5 ng d'ADN prélevés par les inspecteurs doivent forcément se trouver déjà sur les surfaces cible avant les faits.

Il en résulte donc que $P (y|X, H_d, T_0, A_0) = b_{>5ng} \cdot \gamma$, ici $b_{>5ng}$ représente la probabilité qu'une quantité supérieure à 5 ng soit présente par présence fortuite sur le volant du véhicule et γ la fréquence d'apparition des caractéristiques de la trace, y .

- $P (T_{0|X}, H_d, A_0)$ représente la probabilité qu'aucune cellule épithéliale n'a été transférée par le suspect pendant qu'il conduisait légitimement le

véhicule en question, sachant ses caractéristiques génétiques, que celui-ci s'est assis au volant du véhicule volé n jours avant la disparition du véhicule et que également le vrai auteur n'a rien transféré dans l'habitacle de la voiture pendant les faits.

En d'autres termes, il s'agit de la probabilité que le suspect ne dépose aucune molécule d'ADN lors d'un contact. Dépendant de sa qualité de donneur en ADN ainsi que des caractéristiques du récepteur, cette probabilité est symbolisée par t_0 .

- $P(A_{01x}, H_d)$, déjà expliqué auparavant, sera symbolisée par t'_0 .

En considérant l'ensemble de ces raisonnements, le rapport de vraisemblance susmentionné pourra être réécrit de la façon suivante:

$$LR = \frac{b_0 \cdot t_{>5ng} + b_{>5ng} \cdot \gamma \cdot t_0}{b_0 \cdot 1 \cdot t_{>5ng} \cdot t'_0 + b_0 \cdot \gamma \cdot t_0 \cdot t'_{>5ng} + b_{>5ng} \cdot \gamma \cdot t_0 \cdot t'_0}$$

Le développement de la formule du rapport de vraisemblance illustre la complexité des calculs lorsque de telles hypothèses alternatives sont invoquées par la défense. La formulation en question sera reprise dans la section 5.4 lors de la validation du réseau bayésien.

4.6.3 PASSAGERS LEGITIMES D'UN VEHICULE

L'avocat de la défense pourrait évoquer une autre justification quant à la présence de l'ADN de son client sur les surfaces cibles analysées par les enquêteurs, à savoir le fait que son client a été déjà à l'intérieur de l'habitacle de la voiture mais uniquement en tant que passager, assis à côté du conducteur.

Sous cette hypothèse, on envisagera donc le scénario dans lequel la personne a touché par inadvertance les zones sur lesquelles les prélèvements ont été effectués après la découverte du véhicule volé.

Il s'agira donc d'étudier la concurrence entre deux jeux de propositions d'intérêt qui sont:

- H_p : le suspect a conduit la voiture volée
 H_d : le suspect n'a jamais conduit la voiture volée et ne s'y est jamais trouvé

- H_p : le suspect a conduit la voiture volée
 H_d : le suspect n'a jamais conduit la voiture volée, mais n jours avant le vol il s'était installé dans le véhicule en tant que passager, assis à côté du conducteur

Par conséquent, les hypothèses de la défense, H_d , impliquent nécessairement qu'une autre personne s'est assise dans la voiture volée et l'a conduit lors du délit.

Le rapport de vraisemblance reste le même par rapport au celui qu'on obtiendrait à partir des scénarios évoquant les contacts légitimes en tant que conducteurs antécédents au vol. Cependant, la situation peut changer. Lorsqu'une personne est assise sur le siège du passager à côté du conducteur, il devrait être pratiquement impossible pour celle-ci atteindre physiquement certaines zones de l'habitacle. Le fait de retrouver du matériel biologique appartenant au suspect sur lesdites partie de la voiture ne pourrait pas s'expliquer si la personne s'est assise uniquement de l'autre côté de l'habitacle. Dans ce genre de scénarios, le rapport de vraisemblance prendra la même forme que la formule exposée dans la section 1.5.2.

En considérant les six zones de prélèvements à l'intérieur des véhicules, envisagées pendant cette recherche, il s'agit maintenant d'effectuer une étude sur les habitudes des passagers des véhicules.

L'enquête a concerné un total de 25 véhicules. Pendant une semaine, les propriétaires des voitures devaient inscrire sur un formulaire les informations suivantes:

- comptage du nombre des passagers ayant pris place sur le siège du passager à côté du conducteur

- comptage du nombre de contact eu lieu entre les passagers et les dif-

férents éléments de l'habitacle du véhicule

Le Tableau 42 résume les résultats du sondage. Il en résulte que parmi les 300 passagers qui se sont assis dans les véhicules sur le siège situé à côté des conducteurs, uniquement 25 contacts ont eu lieu entre les mains de ces personnes et les éléments de l'habitacle des voitures. Dans 91.67% des cas, les passagers n'ont rien touché tout le long de tout le parcours.

appui-tête	vitre de la fenêtre	frein à main	levier de vitesse	poignée de porte	volant	aucun contact	total passagers
-	-	1	-	-	1	25	27
6	-	1	-	-	-	0	7
-	-	-	-	-	-	13	13
-	-	-	-	-	-	5	5
-	-	-	-	-	-	14	14
1	-	-	-	-	-	8	9
1	-	-	-	-	2	4	7
-	-	2	-	-	1	4	7
1	-	-	-	-	-	12	13
-	-	-	-	-	-	18	18
1	-	-	-	-	1	29	31
-	-	1	-	-	-	11	12
-	-	-	-	-	-	6	6
-	-	-	1	-	-	42	43
-	-	-	-	-	-	11	11
-	-	-	-	-	-	5	5
-	-	-	-	-	-	1	1
-	-	-	-	-	-	8	8
-	-	-	-	-	-	4	4
-	-	-	-	-	-	1	1
1	-	-	-	-	-	17	18
-	-	2	-	-	-	27	29
-	-	-	-	-	-	2	2
-	-	-	-	-	-	6	6
-	-	1	-	-	-	2	3
11	0	8	1	0	5	275	300

Tableau 42 : Nombre de contacts entre les passagers et les zones d'intérêt résultant du sondage

La poignée de porte et la vitre de la fenêtre installées sur le côté des conducteurs représentent les seules surfaces qui n'ont jamais été manipulées par les passagers occasionnelles des véhicules. Alors que tous les autres zones d'intérêt ont été touchées au moins une fois par les passagers. D'après les déclarations des passagers, ils arrivent des situations dans lesquelles ils "jouent" avec le frein à main et le levier de vitesse des voitures, ils s'appuient sur l'appui-tête des conducteurs (mais principalement sur le côté postérieur où il n'y a pas de contacts avec la tête et les cheveux des conducteurs) ou ils aident les conducteurs à tenir la route

en manipulant le volant.

Ce chapitre s'est focalisé sur les situations où le suspect saisi pendant l'enquête avance des explications afin de justifier la présence de son ADN. Il est rare que l'avocat de la défense base sa stratégie du procès sur les faiblesses et la fiabilité des analyses, que ce soit des analyses génétiques ou des techniques de révélation des traces papillaires par exemple. Ceci parce que à l'heure actuelle les performances des examens en laboratoire ont atteint des très hautes performances. Il en résulte que les erreurs ne sont que très rares si les protocoles et les consignes sont correctement suivis par les opérateurs. Justifier la présence de molécules d'ADN sur la surface cible, et donc consécutivement la concordance observée entre la trace indiciaire et le profil de comparaison, semblerait constituer l'approche la plus promettante et encourageante.

Ne disposant pas de techniques pour la datation des traces, il en résulte très difficile accepter ou réfuter ce genre d'hypothèse. Une aide pourrait éventuellement provenir des études effectuées sur la persistance des traces. En intégrant dans le réseau bayésien construit un noeud réglant les paramètres de conservation de la trace entre sa déposition et son prélèvement, une option serait de sélectionner l'état "en mouvement" concernant l'activité entreprise par la surface cible au-delà des autres paramètres comme le temps passé à partir de la conduite légitime et les conditions environnementales.

Section 4.7

Transfert secondaire
des traces d'ADN
de contact

4.7.1 INTRODUCTION

Comme expliqué sous la section 4.2.2.1, il existe différents types de transferts (primaire, secondaire, tertiaire, ...) selon le nombre d'intermédiaires intervenus au sein du processus d'un transfert simple. Dans ce chapitre le phénomène du transfert d'ADN par voie indirecte sera abordé afin de déterminer si ce genre de phénomène existe vraiment ou pas.

4.7.2 CONCEPTS THEORIQUES

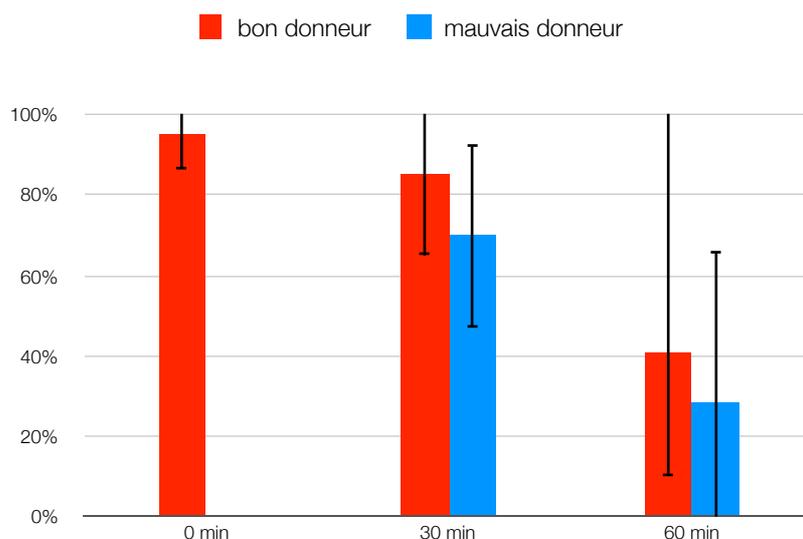
A notre connaissance, un nombre limité de recherches ont été publiées sur le sujet du transfert secondaire et/ou tertiaire des traces de contact.

En 1999, Ladd et ses collaborateurs ont publié leurs résultats obtenus pour deux types de scénario (Ladd et al, 1999). Le premier scénario est la poignée de main classique entre deux individus (durant 1, 5, 10, 30 et 60 secondes) suivie par la prise en main d'un objet stérilisé au préalable pendant 5 secondes: il s'agit donc d'un transfert de type *peau-peau-objet*. Le deuxième scénario décrit un transfert de type *peau-objet-peau*, où un candidat utilise régulièrement une tasse pendant deux heures et l'objet est ensuite manipulé pendant une dizaine de secondes par un deuxième candidat. Les prélèvements ont été effectués sur les cibles finales et analysés à l'aide des kits multiplex *AmpFISTR Profiler Plus* et *COfiler DNA*. Ces expérimentations ont été répétées six fois. Les résultats de cette recherche n'ont jamais montré des profils complets du donneur situé dans le premier maillon de la chaîne. Les allèles pouvant éventuellement être attribués à cette personne sont caractérisés par des hauteurs de pics très faibles et souvent au-dessous du seuil de bruit de fond de l'électrophorégramme. Sur la base de ces résultats, les auteurs avaient conclu que le transfert secondaire ne peut pas compromettre les résultats d'ADN en sciences forensiques.

Trois ans plus tard, Lowe et ses collègues publient à leur tour (Lowe et al, 2002). Les auteurs ont simulé un scénario de transfert secondaire dans lequel un bon donneur serre la main à un mauvais donneur. Immédiatement après ce premier contact, le mauvais donneur manipule un objet pendant dix secondes. L'expérience a été ensuite répétée en attendant une demi heure et une heure entre la poignée de main et la manipulation de l'objet. Chaque situation a été reproduite cinq fois. Les analyses ont été effectuées selon le protocole suivant: extraction à l'aide du *QIAamp DNA Mini kit* et amplification par *AmpF ℓ STR $\text{\textcircled{R}}$ SGM Plus PCR Amplification kit*. Les résultats obtenus sont illustrés dans le graphique à la page suivante.

Dans la situation où le mauvais donneur manipule l'objet tout de suite après la poignée de main avec le bon donneur, aucun profil de mélange n'est obtenu. L'ADN du bon donneur est toujours transféré indirectement sur la surface cible finale: dans quatre occasions sur cinq,

l'analyse du matériel biologique retrouvé a permis d'obtenir des profils complets non différenciables du profil de référence du bon donneur. Par contre, lorsque le mauvais donneur ne touche pas immédiatement l'objet après avoir serré la main au bon donneur (mais trente et soixante minutes après), les prélèvements présentent des profils de mélange. L'ADN du bon donneur a toujours constitué la fraction majoritaire des profils. Les résultats de cette recherche mettent en garde sur les risques des transferts secondaires lors de l'interprétation des traces de contact.



Graphique 23 (tiré de Lowe et al, 2002) : Qualité des profils génétiques extraits à partir des prélèvements effectués lors de l'étude concernant le transfert secondaire

La technologie a beaucoup avancé cette dernière décennie. Aujourd'hui il est désormais possible de mettre en évidence des profils génétiques à partir des traces présentant peu d'ADN et/ou dégradés. Entre 2005 et 2006, des chercheurs ont constaté qu'en saupoudrant une trace papillaire sur les lieux, il peut arriver que les éventuelles traces de contact se fixent sur les pinceaux utilisés par les inspecteurs et soient ensuite transférées sur une deuxième surface, au moment du prochain saupoudrage (Coullery, 2005; van Oorschot et al, 2005; Proff et al, 2006; Bolivar et al, 2016).

Parmi la littérature figure également un cas reporté (Ansell, 2002) dans le cadre d'une affaire d'agression à caractère sexuel. Dans ce cas spécifique, un suspect a été appréhendé grâce au témoignage de la victime et des prélèvements ont été effectués sur le sexe de l'individu. L'analyse génétique de ces échantillons a mis en évidence un profil de mélange: la fraction épithéliale est compatible avec les profils de référence issus à partir des prélèvements de référence de la plaignante et du suspect, alors que la fraction spermatique indique la présence

d'une tierce personne. Des analyses supplémentaires ont démontré que le profil génétique obtenu à partir du liquide séminal prélevé sur le sexe du suspect était compatible à celui du partenaire de la victime.

Goray et ses collaborateurs ont testé la possibilité des transferts secondaires sous des conditions contrôlées (Goray, 2010a-b et 2012) et pendant les interactions de la vie réelle (Goray, 2013 et 2015). Sur la base de leurs expériences, les supports lisses transfèrent mieux l'ADN. Les surfaces poreuses absorbent par contre mieux le matériel biologique transféré initialement en facilitant ainsi l'exécution de la deuxième phase de transfert. Concernant le type de contact, les auteurs sont de l'opinion que le contact entrepris par friction entre les surfaces augmente considérablement les chances des transferts secondaires par rapport à contacts de type passif ou par simple pression. D'autres auteurs ont vérifié l'existence de ce phénomène (Walton et al, 2011).

Dans le cadre de cette recherche, jusqu'à présent seules les traces de contact déposées par voie directe ont été traitées. Comme illustré dans les paragraphes précédents, l'étude la plus complète entreprise sur les risques des transferts secondaires est sans doute celle présentée par Lowe et ses collègues (2002). Étant donné l'évolution des techniques des analyses d'ADN en terme de sensibilité eu lieu dans cette dernière décennie, il est donc envisageable réévaluer ce type de phénomène (Gill, 2014; Zoppis et al, 2014; Davies et al, 2015; Fonnøløp et al, 2015; Lehmann et al, 2015; Meakin et al, 2015). Tant que les probabilités d'éventuels transferts tertiaires ont été déjà également étudiées (Lehmann et al, 2013; Fonnøløp et al, 2015; Cale et al, 2016; Helmus et al, 2016). La partie expérimentale de ce chapitre se focalisera donc sur le transfert secondaire.

4.7.3 PARTIE EXPERIMENTALE

Le but de la partie expérimentale sera de vérifier si le transfert secondaire est un phénomène détectable. Afin de reproduire au mieux le phénomène du transfert secondaire, nous avons adapté les expérimentations aux cas de vol de véhicules.

4.7.3.1 Matériels et méthodes

4.7.3.1.1 Choix des donneurs d'ADN

Étant donné que le phénomène du transfert secondaire se base sur deux échanges de matériel biologique, il est nécessaire de garantir qu'une quantité suffisante de cellules soit transférée lors du premier contact, entre le donneur initial et l'intermédiaire (cf. Figure 17). Par

conséquent, les expérimentations ont été effectuées à l'aide de bons donateurs en ADN. Le choix de la qualité du donneur a été fait en fonction des résultats obtenus dans le chapitre 4.3 consacré à l'étude de la qualité des donateurs en ADN.

L'échantillonnage consiste en un seul véhicule appartenant à un moyen donneur d'ADN, membre du personnel de l'ESC. Les parties de l'habitacle prises en considération pour cette étude sont les mêmes que celles considérées dans les études précédentes: l'appui-tête, le frein à main, le levier de vitesse, le volant, la vitre de la fenêtre et la poignée de porte du côté du conducteur.

4.7.3.1.2 Prélèvement des blancs

Comme pour les expériences précédentes, chaque composant de l'habitacle à analyser a fait l'objet d'un nettoyage avant de récolter les blancs sur ces surfaces. Cette étape consiste à nettoyer les surfaces d'intérêt d'abord à l'aide d'une solution d'eau de javel 3% et ensuite avec de l'éthanol à 70%. Après avoir répété l'opération deux fois, un écouvillon stérile légèrement humidifié est appliqué afin d'enlever les cellules éventuellement encore présentes sur les surfaces. Le nettoyage à l'aide d'un écouvillon permet d'atteindre les zones difficilement accessibles à l'aide d'un simple mouchoir. Ensuite, une troisième opération de nettoyage est effectuée. La dernière étape consiste à prélever les échantillons des blancs à l'aide d'un nouvel écouvillon.

4.7.3.1.3 Déroulement des expériences

Un bon donneur d'ADN serre ses mains avec celles d'une donneuse moyenne (conductrice) pendant environ trois secondes, à savoir le temps estimé "normal" pour une poignée de mains classique entre deux individus. Ensuite la conductrice se dirige vers le véhicule de l'étude (appartenant à une tierce personne de sexe féminin) et conduit pendant six minutes (environ 3.5km).

Il n'a pas été demandé aux donateurs de se laver les mains avant les expériences: les deux donateurs effectuaient leurs activités de routine à savoir des travaux à l'ordinateur. Afin d'éviter les éventuels échanges d'ADN entre la propriétaire, la conductrice et le donneur, les sujets de l'étude ont veillé à ne pas entrer en contact entre eux et à ne pas toucher les surfaces manipulés par d'autres personnes.

L'ensemble des opérations décrites ci-dessous a été répété dix fois:

1. le donneur serre ses mains avec celles de la conductrice;
2. la conductrice entre dans le véhicule et ferme la porte en tirant la poignée;
3. elle enlève le frein à main serré lors de la préparation du véhicule;

4. elle conduit pendant 6 minutes, pour un total d'environ 3.5km, en manipulant le volant et le levier de vitesse le nombre de fois nécessaire pour une conduite régulière sur les routes;
5. elle arrête le véhicule, serre à nouveau le frein à main et ouvre la porte;
6. elle descend du véhicule et ferme la porte.

4.7.3.1.4 Analyses en laboratoire

Chacun des 60 échantillons prélevés a été quantifié et amplifié. Comme pour les expériences présentées dans les chapitres précédents les 60 blancs ont été amplifiés selon les mêmes conditions PCR que l'échantillon relatif, ceci afin d'éviter les artefacts engendrés par l'analyse de faibles quantités d'ADN (voir section 4.2.3.1.5).

Il était important de prendre en considération des donneurs de sexe opposé pour cette expérience. De cette façon, il est possible de mesurer la quantité de l'ADN provenant de chacun des candidats à l'aide du kit *Quantifiler® Duo DNA Quantification*, qui fournit des indications concernant la quantité totale prélevée et la contribution de la fraction masculine (Annexes A1-A5).

4.7.3.2 Résultats expérimentaux

Les profils ainsi obtenus à partir des prélèvements effectués dans les véhicules sont alors comparés aux profils génétiques de référence, à savoir le donneur, la conductrice et la propriétaire de la voiture (Tableau 43 et Graphique 29).

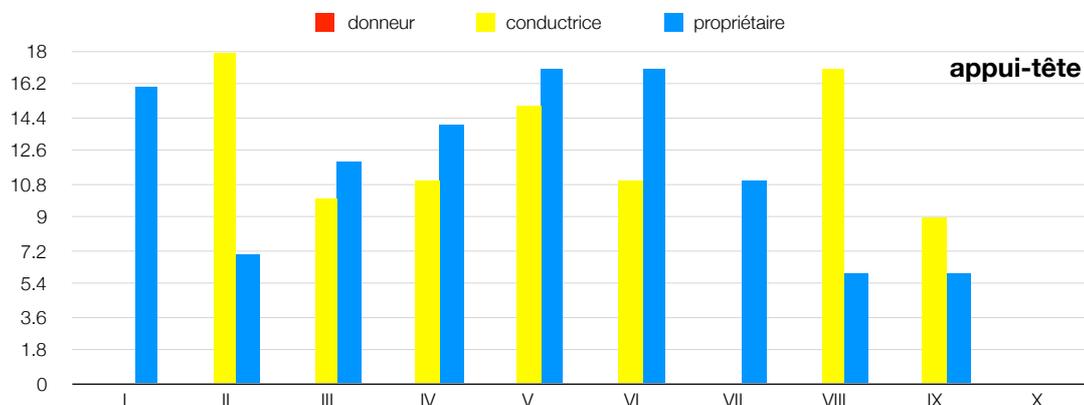
Comparaison des concentrations d'ADN et des nombres d'allèles détectés lors l'étude du transfert secondaire						
zone	appui-tête					
résultat	concentration totale en pg			nombre d'allèles détectés		
environnement	donneur	conductrice	blanc	donneur	conductrice	propriétaire
expériences	25	550	150		0	16
	150	250	225		18	7
	125	225	250		10	12
	25	575	25		11	14
	0	275	0	aucun allèle détecté	15	17
	50	575	25		11	17
	125	100	0		0	11
	25	400	0		17	6
	150	150	0		9	6
	25	50	0		0	0

Comparaison des concentrations d'ADN et des nombres d'allèles détectés lors l'étude du transfert secondaire						
<i>zone</i>	<i>vitre de la fenêtre (côté du conducteur)</i>					
<i>résultat</i>	<i>concentration totale en pg</i>			<i>nombre d'allèles détectés</i>		
<i>environnement</i>	<i>donneur</i>	<i>conductrice</i>	<i>blanc</i>	<i>donneur</i>	<i>conductrice</i>	<i>propriétaire</i>
<i>expériences</i>	0	150	225		16	0
	0	0	0		16	0
	0	25	200		0	0
	75	0	0		0	0
	0	0	0	aucun allèle détecté	2	0
	0	50	0		0	0
	25	25	0		6	7
	0	25	0		1	0
	0	250	0		0	2
	25	25	0		2	0
<i>zone</i>	<i>frein à main</i>					
<i>résultat</i>	<i>concentration totale en pg</i>			<i>nombre d'allèles détectés</i>		
<i>environnement</i>	<i>donneur</i>	<i>conductrice</i>	<i>blanc</i>	<i>donneur</i>	<i>conductrice</i>	<i>propriétaire</i>
<i>expériences</i>	400	0	0	0	18	20
	400	0	0	0	15	18
	0	0	0	8	13	15
	0	0	0	0	14	11
	50	0	0	15	13	13
	0	0	0	9	9	17
	150	175	0	11	12	11
	25	0	0	15	10	0
	0	50	0	11	14	0
	50	0	0	0	5	0
<i>zone</i>	<i>levier de vitesse</i>					
<i>résultat</i>	<i>concentration totale en pg</i>			<i>nombre d'allèles détectés</i>		
<i>environnement</i>	<i>donneur</i>	<i>conductrice</i>	<i>blanc</i>	<i>donneur</i>	<i>conductrice</i>	<i>propriétaire</i>
<i>expériences</i>	925	1'825	200	14	19	19
	125	350	125	11	17	12
	300	300	175	18	16	16
	125	175	75	10	2	0
	350	725	0	16	14	0
	225	5'800	0	0	20	0
	0	50	0	0	7	0
	175	375	100	16	14	0
	250	375	50	17	16	0
	275	400	0	18	12	0

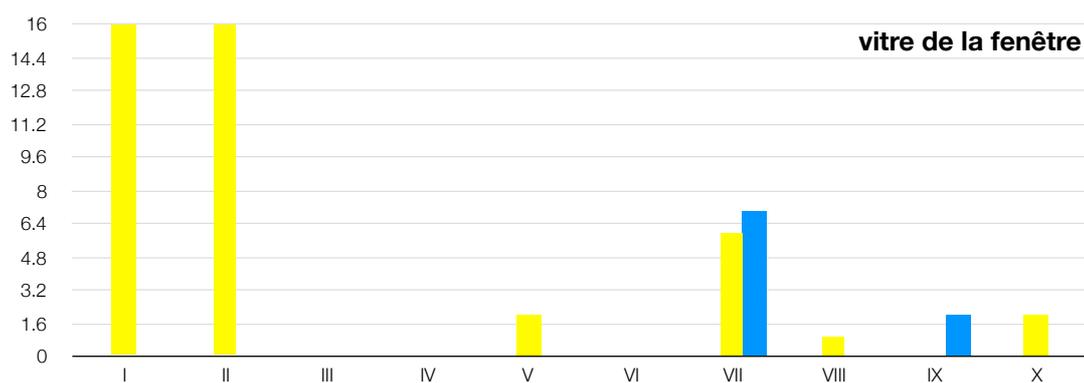
Comparaison des concentrations d'ADN et des nombres d'allèles détectés lors l'étude du transfert secondaire						
<i>zone</i>	<i>poignée de porte (côté du conducteur)</i>					
<i>résultat</i>	<i>concentration totale en pg</i>			<i>nombre d'allèles détectés</i>		
<i>environnement</i>	<i>donneur</i>	<i>conductrice</i>	<i>blanc</i>	<i>donneur</i>	<i>conductrice</i>	<i>propriétaire</i>
<i>expériences</i>	300	1'300	200	0	16	18
	50	550	125	0	19	14
	0	125	175	0	13	9
	200	275	75	0	12	0
	75	400	0	7	0	15
	250	600	0	9	9	17
	0	375	0	0	11	9
	0	25	200	0	4	0
	250	250	50	0	4	0
	0	0	0	0	0	0
<i>zone</i>	<i>volant</i>					
<i>résultat</i>	<i>concentration totale en pg</i>			<i>nombre d'allèles détectés</i>		
<i>environnement</i>	<i>donneur</i>	<i>conductrice</i>	<i>blanc</i>	<i>donneur</i>	<i>conductrice</i>	<i>propriétaire</i>
<i>expériences</i>	125	2'325	250	0	20	20
	450	925	400	16	19	16
	475	1'225	575	14	14	16
	575	825	100	15	15	11
	550	2'200	150	20	17	20
	50	300	0	12	10	13
	75	675	75	17	15	17
	575	800	0	18	16	14
	150	250	325	16	12	16
	200	250	25	14	11	12

Tableau 43 : Résultats en termes de concentration d'ADN et nombre d'allèles détectés obtenus sur le volant lors de l'expérience sur le transfert secondaire

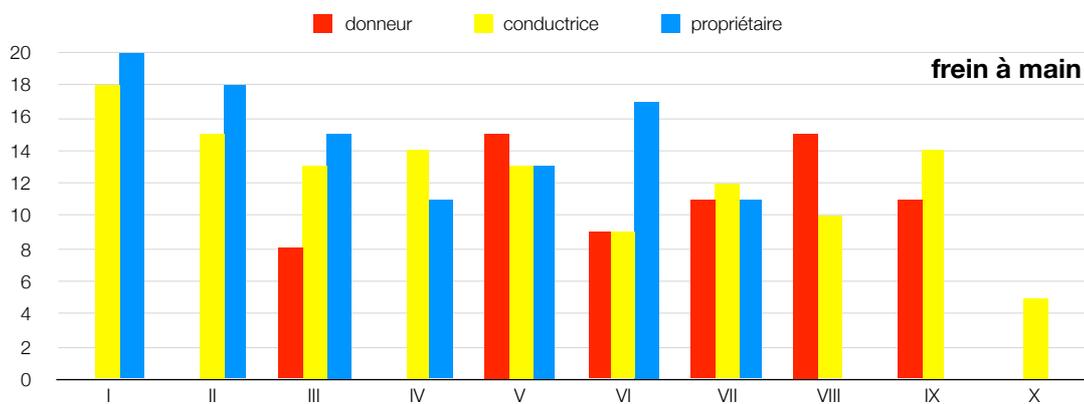
La contribution de chacun des sujets de l'étude sur les profils récoltés est alors illustrée par les Graphiques 24-29 selon la zone du prélèvement.



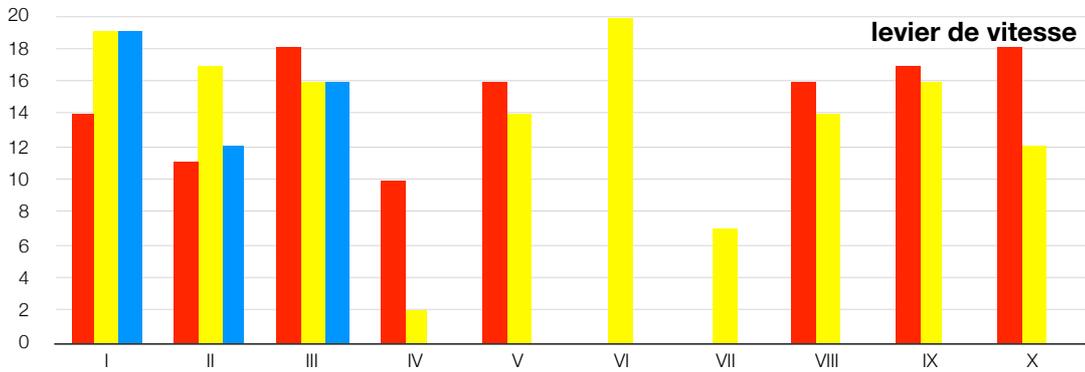
Graphique 24 : Comparaison du nombre d'allèles détectés à partir des échantillons prélevés sur l'appui-tête lors de l'expérience sur le transfert secondaire



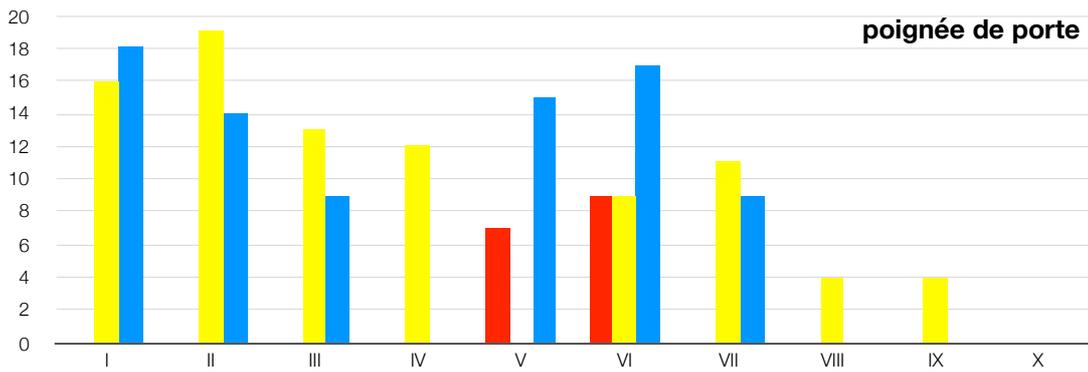
Graphique 25 : Comparaison du nombre d'allèles détectés à partir des échantillons prélevés sur la vitre de la fenêtre (côté du conducteur) lors de l'expérience sur le transfert secondaire



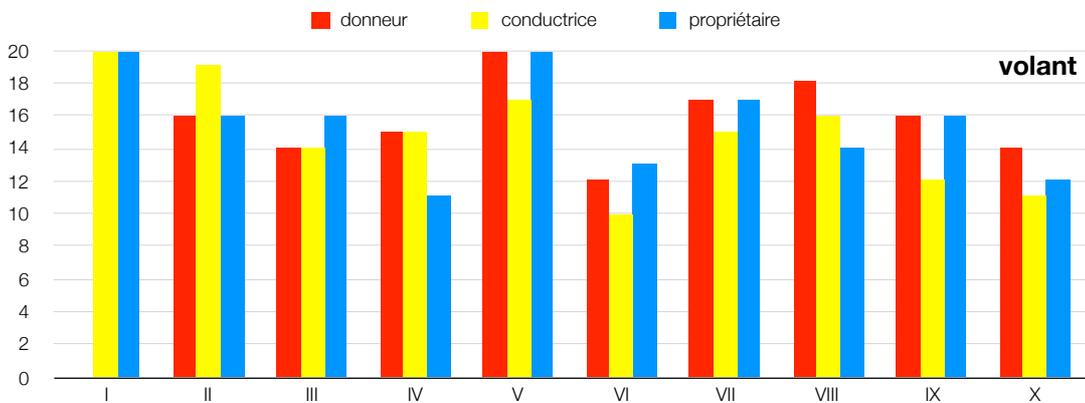
Graphique 26 : Comparaison du nombre d'allèles détectés à partir des échantillons prélevés sur le frein à main lors de l'expérience sur le transfert secondaire



Graphique 27 : Comparaison du nombre d'allèles détectés à partir des échantillons prélevés sur le levier de vitesse lors de l'expérience sur le transfert secondaire



Graphique 28 : Comparaison du nombre d'allèles détectés à partir des échantillons prélevés sur la poignée de porte lors de l'expérience sur le transfert secondaire



Graphique 29 : Comparaison du nombre d'allèles détectés à partir des échantillons prélevés sur le volant lors de l'expérience sur le transfert secondaire

4.7.4 Discussion

Les échantillons récoltés sur les zones comme l'appui-tête et la vitre de la fenêtre située sur le côté du conducteur ne contenaient pas d'ADN provenant du donneur, alors que sur la poignée de porte interne du côté du conducteur, deux profils partiels du donneur ont été retrouvés. Sur les autres zones d'intérêt, telles que le volant, le levier de vitesse et le frein à main, le bon donneur en serrant ses mains avec la conductrice du véhicule a transféré indirectement son ADN en quantité et qualité suffisantes pour l'établissement de profils génétiques de bonne qualité. En ce qui concerne la conductrice du véhicule, malgré le fait qu'elle ne soit qu'une donneuse moyenne, elle a déposé pour la plupart des expériences des profils génétiques de bonne quantité. Ceci pourrait s'expliquer par le fait que ses contacts avec les éléments de l'habitacle de la voiture durent pendant un laps de temps plus grand.

Il en résulte que sur les surfaces avec lesquelles la conductrice entre en contact pendant un bref laps de temps, l'ADN du donneur indirect n'apparaît jamais. En ce qui concerne l'appui-tête, cette absence peut être justifiée par le fait que la conductrice n'a jamais touché ni ses cheveux ni l'appui-tête. S'agissant de simulations de cas réels, nous n'avons pas imposé des consignes particulières à la conductrice. Elle devait se limiter à conduire de façon naturelle la voiture en gardant ses propres habitudes. Par conséquent il n'y a jamais eu vraiment lieu l'action d'un transfert (direct ou indirect) entre la "voleuse" et cette partie du véhicule. Pour ce qui concerne la vitre de la fenêtre de la porte (côté conducteur), le contact entre les mains de la conductrice et la surface a lieu normalement (s'il y a eu lieu) lorsque la conductrice descend du véhicule en ouvrant la porte. Il est raisonnable de penser que très peu ou aucun matériel biologique, provenant du donneur indirect, n'ait persisté sur les mains de la conductrice après les répétitifs et prolongés contacts qu'elle a eu avec les autres éléments de l'habitacle du véhicule tout le long du trajet. Le même raisonnement pourrait s'appliquer à la poignée de la porte (côté conducteur). Parmi les expériences, uniquement deux profils (partiels) présentent des allèles provenant du donneur indirect qui avait serré les mains à la conductrice.

Les résultats les plus intéressants proviennent des prélèvements effectués sur le volant, le levier de vitesse et le frein à main. Le frein à main a été manipulé par la conductrice deux fois pendant chaque expérience: une première fois avant de démarrer le véhicule et une deuxième fois avant d'éteindre et descendre de la voiture. Ces deux brefs contacts ont été suffisants pour qu'une donneuse moyenne d'ADN ait pu déposer son propre profil mélangé au matériel biologique appartenant au donneur indirect qui était déposé sur ses mains lorsqu'ils se sont salués en se donnant la main. Même si l'ADN persisté sur ses mains et transféré sur le frein à main n'a pas permis l'obtention de profils complets, ce transfert a été suffisant pour retrouver des profils partiels adaptés à d'éventuelles comparaisons locales.

À partir des échantillons prélevés sur le volant et le levier de vitesse, nombreux profils de très bonne qualité provenant du donneur indirect ont été révélés. Certains parmi ceux-ci pourraient même être insérés dans la base de données nationale (au moins huit loci pour les profils de mélange). À souligner que parmi les vingt profils de mélange, en douze situations, le profil du donneur qui n'a jamais été physiquement dans le véhicule est de meilleure qualité par rapport à la conductrice réelle qui a effectivement conduit la voiture.

Parmi les prélèvements effectués lors des expériences entreprises, un seul profil ne présentait qu'un profil de mélange composé par une fraction appartenant au donneur indirect et une fraction dérivant du propriétaire du véhicule, à savoir sur la poignée de porte lors de l'expérience 5. Un autre profil intéressant concerne le prélèvement effectué sur le levier de vitesse lors de l'expérience 4: dans ce cas particulier, le profil de mélange extrait est formé de dix allèles déposés par le donneur indirect et deux allèles appartenant à la conductrice du véhicule. Dans ces deux cas mentionnés, les analyses ont permis d'extraire des profils de mélange où la contribution de la part de la conductrice n'a pas été détectée (presque). Même si le nombre des allèles détectés ne permettrait pas l'insertion des profils dans la base de données, ces profils auront pu induire en difficulté un généticien forensique lors de l'interprétation des résultats.

Comparaison des profils génétiques en fonction de la qualité lors de l'étude sur le transfert secondaire						
<i>candidat</i>	<i>donneur indirect</i>					
<i>zone</i>	<i>appui-tête</i>	<i>vitre</i>	<i>frein à main</i>	<i>levier de vitesse</i>	<i>poignée</i>	<i>volant</i>
<i>complet</i>	0	0	0	0	0	1
<i>partiel CODIS</i>	0	0	0	5	0	4
<i>partiel</i>	0	0	6	3	2	4
<i>aucun locus</i>	10	10	4	2	8	1
<i>candidat</i>	<i>conductrice</i>					
<i>zone</i>	<i>appui-tête</i>	<i>vitre</i>	<i>frein à main</i>	<i>levier de vitesse</i>	<i>poignée</i>	<i>volant</i>
<i>complet</i>	0	0	0	0	0	1
<i>partiel CODIS</i>	2	2	1	5	2	3
<i>partiel</i>	5	4	9	5	6	6
<i>aucun locus</i>	3	4	0	0	2	0
<i>candidat</i>	<i>propriétaire</i>					
<i>zone</i>	<i>appui-tête</i>	<i>vitre</i>	<i>frein à main</i>	<i>levier de vitesse</i>	<i>poignée</i>	<i>volant</i>
<i>complet</i>	0	0	1	0	0	2
<i>partiel CODIS</i>	3	0	2	2	2	4
<i>partiel</i>	6	2	4	1	4	4
<i>aucun locus</i>	1	8	3	7	4	0

Tableau 44 : Comparaison des profils génétiques en fonction de leur qualité, appartenant aux trois donneurs qui ont participé à l'étude: le donneur qui a serré les mains à la conductrice, le propriétaire du véhicule (après nettoyage) et la conductrice qui a volé (pour les besoins des simulations) le véhicule

Le Tableau 44 montre la comparaison des profils génétiques obtenus lors des expérimentations. Parmi les vingt-quatre électrophorégrammes dans lesquels les fractions du donneur indirect et de la conductrice sont à la fois présentes, uniquement dans sept occasions (environ 30%) l'ADN provenant de la conductrice est en fraction majoritaire. Dans les restants

dix-sept profils, le nombre d'allèles du profil déposé par le donneur indirectement sur les surfaces est soit équivalent soit supérieur à celui appartenant à la conductrice.

Un autre aspect intéressant est la présence des allèles provenant du profil du propriétaire du véhicule. Comme tous les consignes ont été rigoureusement respectées par tous les sujets de l'étude, le risque d'éventuels transferts indirects devrait être minimisé. On pourrait donc exclure les scénarios où l'ADN du propriétaire ait été migré sur les mains de la conductrice ou du donneur avant les expérimentations et transféré ensuite dans l'habitacle du véhicule. Les résultats montrent simplement qu'en dépit des nombreuses étapes de nettoyage et stérilisation des différents éléments présents dans l'habitacle du véhicule, l'ADN du propriétaire persiste encore dans son véhicule. Jusqu'à présent, plusieurs investigateurs sont encore de l'avis que lors des contacts, la personne dépose ses cellules épithéliales sur les surfaces en "enlevant" ou mieux en "effaçant" l'ADN déjà présent et déposé auparavant d'une autre personne alors qu'il n'existe pas de littératures qui soutiennent cette hypothèse. En d'autres termes, ils soutiennent que l'ADN majoritaire retrouvé sur un objet résulte toujours du dernier utilisateur. Cette idée est erronée et le fait de retrouver tous ces profils génétiques attribuables au propriétaire souligne bien ce concept. Sur des surfaces lisses comme la vitre de la fenêtre, l'élimination de l'ADN dû au bruit de fond est résultée plus aisée par rapport à d'autres types de surface comme le l'appui-tête (tissu) et le volant (cuir) par exemple.

À la lumière des résultats obtenus lors de cette partie des expériences et illustrés dans ce chapitre, il est légitime de penser aux questions suivantes "Et si la conductrice du véhicule volé est une mauvaise donneuse en ADN, ou mieux, si lors du vol du véhicule, la conductrice portait des gants? Dans ces genres de scénario, qu'est-ce qu'on obtiendrait comme résultats? Ce genre de problématique sera abordée dans le prochain chapitre.

Section 4.8

Influence du port des
gants dans les phénomènes
de transfert en ADN

4.8.1 INTRODUCTION

Jusqu'à présent, les donneurs participant aux expériences se sont toujours soumis au lavage de leurs mains et sont à chaque fois entrés en contact avec les surfaces cibles à mains nues. Cependant, il est rare qu'un voleur ne se protège pas les mains avant un acte délictueux, ceci parce qu'il est bien conscient qu'à travers ses mains, il dépose des traces papillaires et/ou des traces de contact d'ADN, indices importants qui pourraient le lier aux scènes de crime. Par conséquent, les criminels portent souvent des gants afin d'éviter de laisser des éléments de preuve à leur défaveur.

Dans ce chapitre, le port des gants sera l'objet d'étude. Tout d'abord, il s'agira d'établir si à partir des éventuelles traces de gants il est possible d'obtenir du matériel biologique pouvant conduire au donneur (cf. Figure 23). Et dans un deuxième temps, en fonction des résultats obtenus le phénomène des transferts secondaires sera étudié.

Les analyses présentées dans ce chapitre ont été entreprises en collaboration avec Mme Gaëlle Bussard, à l'occasion de son travail de Master à l'ESC (Bussard, 2008; Bussard et al, 2009).

4.8.2 CONCEPTS THEORIQUES

À l'heure actuelle, il semble que deux seules études aient présenté l'influence des gants dans le phénomène de transfert en ADN (Michalec, 2009; Ketchum et al, 2016). D'autre part, il est connu que les prélèvements effectués à partir des traces de gants révélées sur les lieux fournissent dans certains cas des profils génétiques.

4.8.3 TRANSFERT PRIMAIRE EN PORTANT DES GANTS

Cette première partie de la recherche se focalise sur deux aspects. En effet, il est intéressant d'établir si la surface de gants peut présenter de l'ADN du porteur (cf. Figure 23), et parallèlement, si le type de surface des gants peut influencer les résultats.



Figure 23 : Modèle graphique illustrant le phénomène du transfert primaire d'ADN sur une paire de gants

4.8.3.1 Matériels et méthodes

4.8.3.1.1 Choix du donneur d'ADN

Comme pour les expériences consacrées à l'étude du transfert secondaire, aussi dans ce cadre de situation, il est nécessaire de garantir qu'une quantité suffisante de cellules soit

transférée. Par conséquent, les expérimentations ont été effectuées à l'aide de bons donateurs d'ADN. Le choix de la qualité du donneur a été fait en fonction des résultats obtenus dans la section 4.3 consacré à l'étude de la qualité des donateurs en ADN.

4.8.3.1.2 Choix des types de gants

Pour l'ensemble des expérimentations de ce chapitre, trois types de gants présentant des surfaces différentes ont été choisis.

Il s'agit de gants en latex, en coton et en cuir: surface lisse pour les gants en latex, rugueuse pour les gants en coton et semi-rugueuse pour les gants en cuir (cf. Figure 24).



Figure 24: Types de gants différents choisis pour l'étude

4.8.3.1.3 Prélèvement des blancs

Comme pour les études précédentes, chaque gant a fait l'objet d'un nettoyage dans le dessein d'éliminer le matériel biologique éventuellement présent sur les surfaces avant son port.

Les gants en coton ont été sortis de leur emballage et directement placés pendant au moins trois heures sous les ultra-violets. Les gants en latex et en cuir ont été nettoyés au préalable à l'aide d'une solution d'eau de javel 3% et d'éthanol 70% avant d'être exposés sous les ultra-violets.

Après ces étapes de nettoyage, des échantillons de blancs ont été prélevés à l'aide de deux écouvillons.

4.8.3.1.4 Technique du prélèvement

S'agissant de gants, la surface de prélèvement est relativement grande. Par conséquent, deux écouvillons ont été utilisés pour le prélèvement de l'ADN éventuellement présent sur chacun des gants.

Afin de maximiser les chances de récolter toute la quantité d'ADN déposée, nous avons délimité deux zones de prélèvement:

- zone 1, située au niveau de la paume de la main;
- zone 2, localisée sur les surfaces des phalanges, comme illustré dans la Figure 25.

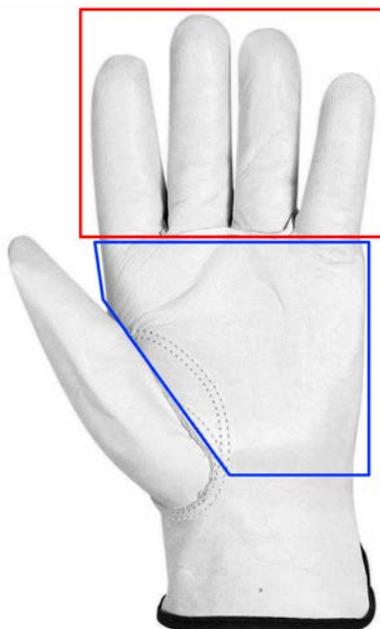


Figure 25 : Délimitation des zones de prélèvements sur la surface des gants

4.8.3.1.5 Déroulement des expériences

Il a été demandé à un bon donneur d'ADN de porter une paire de gants pendant une heure. Pendant ce laps de temps, le sujet poursuit ses activités quotidiennes dans son appartement (en co-location) en évitant toutes sortes de contacts physiques avec des tierces personnes. L'expérience a été effectuée pour chaque type de gants mentionné auparavant.

4.8.3.1.6 Analyse en laboratoire

Chacun des échantillons prélevés a été amplifié en laboratoire suivant la procédure habituelle (cf. Annexes A1-A5). Comme le kit multiplex PCR employé est l'*AmpF ℓ STR $\text{\textcircled{R}}$ SGM Plus PCR Amplification kit* (Applied Biosystems), on parlera de profils complets lorsque les vingt allèles des dix loci (exclusion de l'amélogénine) sont tous présents dans l'électrophorogramme. Les deux échantillons prélevés à partir d'une même paire de gants ont été rassemblés lors des étapes de l'extraction.

4.8.3.2 Résultats expérimentaux et discussion

Les profils extraits à partir des prélèvements effectués sont des profils de mélanges, composés de deux fractions: l'une correspondant au profil du porteur des gants et la seconde au profil de sa colocataire. En ce qui concerne les prélèvements à blanc, aucun allèle n'a été détecté sur les électrophorégrammes.

Après une heure, des profils complets non différenciables du profil de comparaison du porteur ont été détectés sur les gants. Les consignes ont été respectées par le candidat de l'expérience. En effet, selon ses déclarations, il n'a jamais eu de contact directs avec sa colocataire.

Il en résulte que la présence de son matériel biologique peut s'expliquer uniquement par des transferts indirects avec des objets manipulés par le donneur lorsqu'il portait les gants pendant les expériences.

Le tableau suivant résume le nombre d'allèles détectés pour chacun des deux contributeurs dans les profils de mélange obtenus lors de cette première partie de l'étude:

types de gants	porteur des gants	colocataire du porteur
<i>coton</i>	20	19
<i>cuir</i>	20	9
<i>latex</i>	20	13

Tableau 45 : Comparaison du nombre d'allèles déposés par le porteur des gants et sa colocataire lors de l'expérience

En admettant que le porteur des gants n'ait pas touché d'objets susceptibles de présenter des traces riches en ADN (comme par exemple la salive) provenant de sa colocataire, il est légitime d'avancer l'hypothèse selon laquelle la colocataire en question soit une bonne donneuse en ADN. Sa capacité de transférer ses cellules épithéliales sur les surfaces devrait en effet être relativement haute, autrement le transfert secondaire de son matériel biologique n'aurait pas pu avoir lieu.

Les résultats reportés dans le Tableau 45 indiquent que les gants en coton représente le meilleur type de surface. En effet, les prélèvements effectués sur ceux-ci ont permis d'extraire un profil de mélange quasi complet (il manque uniquement un allèle provenant de la colocataire). Cependant, plusieurs paramètres qui sont involontairement intervenus durant les expériences n'ont pas pu être contrôlés, à savoir la nature des surfaces des objets présentant l'ADN déposé par la colocataire, le temps de saisie, le nombre de contact, etc.

Si on prend en compte uniquement le profil appartenant au porteur des gants, il s'avère que les trois types de gants ont fourni les mêmes résultats. Cependant, les hauteurs des pics

diffèrent entre ces trois profils: le profil extrait à partir des gants en coton présente des pics plus hauts par rapport aux gants de latex, alors que les pics détectés à partir des gants en cuir présentent les hauteurs de pics les plus faibles.

4.8.4 DIFFUSION DE L'ADN À TRAVERS LES GANTS

À la lumière de ces premiers résultats, il est intéressant de déterminer l'origine de l'ADN retrouvé sur les surfaces des gants portés par le candidat de l'expérience. Il s'agit donc d'établir si l'ADN détecté provient des éventuels contacts qui ont eu lieu entre les gants et les autres parties du corps du donneur, à savoir le front, les yeux, les cheveux, etc ou si l'ADN a migré et s'est déplacé à la surface des gants directement des mains du donneur en traversant leur structure (cf. Figure 26).



Figure 26 : Modèle graphique illustrant l'expérience concernant la diffusion de l'ADN à travers les gants

4.8.4.1 Matériels et méthodes

La procédure entreprise lors de l'étude précédente a été répétée dans le cadre de cette expérience avec une seule différence. En effet, dans le but d'éviter toutes sortes de contacts entre les gants portés et l'environnement, un minigrap a été appliqué par dessus le gant.

Pour des raisons pratiques, seule la main gauche du donneur a fait l'objet de l'expérience, de cette façon le candidat pouvait utiliser l'autre main pour ses activités usuelles.

4.8.4.2 Résultats expérimentaux et discussion

Contrairement aux expériences précédentes, quelques signaux ont été détectés lors des analyses des prélèvements de blanc. Cependant, les hauteurs des pics étiquetés par le programme de l'électrophorèse capillaire sont relativement faibles et leur position aléatoirement distribuée à l'intérieur des systèmes. Ces particularités indiquent qu'il s'agit plutôt d'artefacts dus à la PCR que d'allèles.

Les prélèvements des blancs effectués sur les gants en coton n'ont fourni aucun signal, alors qu'après une heure de port de gants, un allèle a été détecté ceci ne provient pas du profil du donneur et est certainement dû à un artefact.

En ce qui concerne les gants en latex, un allèle est apparu dans l'électrophorégramme du blanc et deux pics sont détectés sur les gants portés par le donneur après une heure. Les pics révélés, ne provenant pas du donneur, sont considérés comme artefacts.

Les échantillons en blanc prélevés sur les gants en cuir ont permis la détection de six allèles, distribués sur six loci différents. De même, les analyses des prélèvements effectués sur les gants portés par le donneur pendant une heure ont montré six allèles. Deux de ces signaux correspondent à ceux extrapolés des prélèvements de blanc, alors que les autres quatre caractérisés par des hauteurs relativement faibles pourraient être des artefacts.

Les résultats obtenus montrent qu'en éliminant toutes possibilités de contacts entre les gants et les surfaces de l'environnement, aucun matériel biologique provenant du donneur n'est transféré sur la surface extérieure des gants après un port d'une heure.

Les profils complets obtenus lors de la première expérience (présentés dans le Tableau 45) ont par conséquent été établis à partir d'un ADN provenant de contacts avec d'autres parties du corps du donneur. En effet, nos mains touchent fréquemment notre visage, nos yeux, notre cou, nos oreilles, etc. En partant du fait que tout l'épiderme de notre corps est capable de libérer des cellules, il n'est pas surprenant que sur les gants que nous portons il y a également notre ADN.

Au-delà des contacts avec les parties de notre corps, il ne faut pas oublier que nos mains entrent en contact quotidiennement avec de nombreux objets. Il n'est donc pas surprenant que notre ADN soit déposé sur ces surfaces. Lors du port des gants, si le donneur touche des objets lui appartenant ou manipulés fréquemment par lui-même, il est possible que son propre ADN soit alors transféré sur ses gants.

4.8.5 TRANSFERT SECONDAIRE EN PORTANT DES GANTS

Il s'agit maintenant de déterminer si en portant des gants un individu peut déposer son ADN sur les surfaces des objets avec lesquelles il entre en contact. Pour cette expérience, nous avons à nouveau envisagé le scénario du vol des véhicules.

Il s'agit donc d'une expérience basée sur le phénomène du transfert secondaire: l'ADN est transféré des parties du corps du donneur sur les gants qu'il porte (transfert 1), puis le sujet conduit une voiture avec ses gants (transfert 2). La Figure 27 illustre graphiquement le processus du transfert décrit.



Figure 27 : Modèle graphique illustrant l'expérience concernant le transfert secondaire d'ADN

4.8.5.1 Matériels et méthodes

Il a été demandé au donneur de porter les paires de gants pendant une heure et de conduire ensuite le véhicule appartenant à une autre personne pendant environ 6 minutes, pour un parcours approximatif de 3.5 km.

En ce qui concerne les zones de prélèvements, les analyses se sont focalisées uniquement sur le volant et le levier de vitesse. Ces éléments de l'habitacle ont été nettoyés au préalable, en suivant la même procédure proposée pour les expériences précédentes.

4.8.5.2 Résultats expérimentaux et discussion

En excluant la contribution des allèles provenant des conducteurs habituels du véhicule, le nombre des allèles déposés par le donneur par l'intermédiaire des gants qu'il portait est illustré dans le Tableau 46.

L'ensemble des profils obtenus lors de cette expérience montrent que même si le conducteur portait des gants, la présence de son ADN a été constatée sur le volant et sur le levier de vitesse. Les profils (complets ou partiels à cause d'un ou deux allèles manquants) mis en évidence sont de très bonne qualité et satisfont entièrement les conditions pour une insertion dans la base de données nationale même en présence de profils de mélange.

types de gants	volant	levier de vitesse
<i>coton</i>	20	19
<i>cuir</i>	18	20
<i>latex</i>	20	20

Tableau 46 : Comparaison du nombre d'allèles déposés sur les éléments de l'habitacle par le porteur des gants

Même si l'échantillonnage des expériences entreprises dans ce chapitre n'est pas élevé, les résultats montrent tous la même tendance. Comme les bons donneurs en ADN déposent une quantité d'ADN plus élevée que les mauvais ou moyens donneurs, il n'est pas surprenant que les bons donneurs soient capables de déposer suffisamment d'ADN sur les gants qu'ils portent pour le transmettre dans un deuxième temps sur une autre surface cible.

En ce qui concerne les prélèvements effectués dans le véhicule après le nettoyage et avant les expériences, les analyses ont montré encore une fois la difficulté à "effacer" tout le matériel biologique déposé par les utilisateurs habituels du véhicule.

4.8.6 TRANSFERT SECONDAIRE EN PORTANT DES GANTS APPARTENANT À UNE TIERCE PERSONNE

Sur la base des résultats obtenus pendant la dernière expérience, il en résulte que même en portant des gants une personne peut transférer son matériel biologique sur les surfaces avec lesquelles elle entre en contact.

Si le donneur ne porte pas ses propres gants, mais ceux appartenant à une tierce personne non impliquée avec le vol du véhicule en question, peut-il déposer l'ADN de cette tierce personne?

Dans ce scénario (cf. Figure 28), il serait intéressant de déterminer si l'ADN de cette personne non impliquée peut se déposer sur les différentes parties de l'habitacle d'un véhicule volé et si l'ADN du porteur des gants peut être mis en évidence dans les profils génétiques extraits à partir des prélèvements effectués.

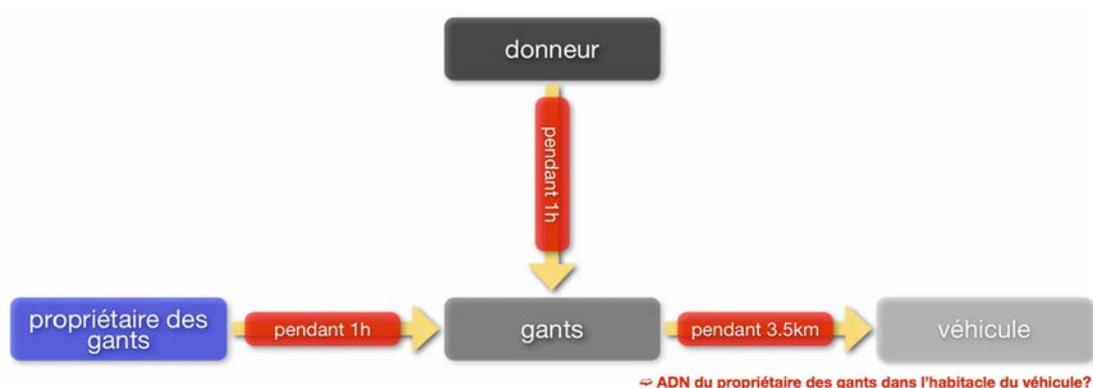


Figure 28 : Modèle graphique illustrant la deuxième expérience concernant le transfert secondaire d'ADN

4.8.6.1 Matériels et méthodes

Deux bons donneurs en ADN ont participé à cette étude: le premier sujet porte les paires des gants pendant une heure puis les transmet à l'autre candidat qui les portent à son tour pendant le même laps de temps. Une heure après, ce deuxième candidat simule le vol du véhicule en conduisant pendant environ 3.5 km (6 minutes). Toutes les autres conditions (nettoyage, prélèvements et analyses) restent inchangées.

4.8.6.2 Résultats expérimentaux et discussion

Pour simplifier la présentation des résultats, comme pour les expériences précédentes, on exclut la contribution des allèles provenant des conducteurs habituels du véhicule. Le nombre des allèles restant et appartenant aux profils des deux protagonistes de la recherche sont illustrés dans le Tableau 47:

types de gants	propriétaire des gants		conducteur du véhicule	
	volant	levier de vitesse	volant	levier de vitesse
<i>coton</i>	18	16	20	19
<i>cuir</i>	20	13	20	11
<i>latex</i>	18	18	20	20

Tableau 47 : Comparaison du nombre d'allèles déposés sur les éléments de l'habitacle par le porteur et le propriétaire des gants

L'ensemble des profils génétiques obtenus au cours de cette expérience sont des profils ADN de mélange constitués des profils des deux candidats.

Il en résulte que malgré le fait que le propriétaire des gants n'ait jamais été physiquement à l'intérieur du véhicule en question, son ADN a donc été déposé sur le volant et le levier de vitesse indirectement par l'intermédiaire des gants. Même si le port des gants de la part du propriétaire n'a pas été prolongé dans le temps, il paraît qu'une heure est déjà un laps de temps suffisant pour qu'il transfère sur les surfaces externes de l'accessoire l'ADN en quantité et qualité nécessaires afin d'aboutir à un profil génétique adapté à l'insertion dans la base données et/ou aux comparaisons locales.

En ce qui concerne le véritable "voleur" du véhicule, il a porté les gants appartenant à une tierce personne pendant une heure. Cependant, durant ce temps, il a à son tour transféré son ADN sur ces gants qui a ensuite été déposé dans l'habitacle du véhicule.

Il est intéressant de constater que le port d'accessoires appartenant à d'autres personnes n'est pas dommageable pour les cellules initialement déposées sur leurs surfaces.

4.8.7 TRANSFERT TERTIAIRE EN PORTANT DES GANTS ET EN TOUCHANT DES OBJETS MANIPULÉS PAR UNE TIERCE PERSONNE

La dernière partie de cette série d'expériences vise à établir la possibilité d'éventuels transferts tertiaires. Cette curiosité est dérivée des résultats obtenus lors de l'étude effectuée sur le transfert d'ADN sur tous les trois paires de gants portés par un donneur, lesquels ont indiqué la présence de l'ADN appartenant à la colocataire du donneur alors qu'il n'y avait eu de contacts entre les gants de l'expérience et la personne en question (cf. Tableau 45).

Ici, il s'agit donc de vérifier si l'ADN peut vraiment être transféré à travers deux intermédiaires et se déposer enfin sur la surface cible (cf. Figure 29).

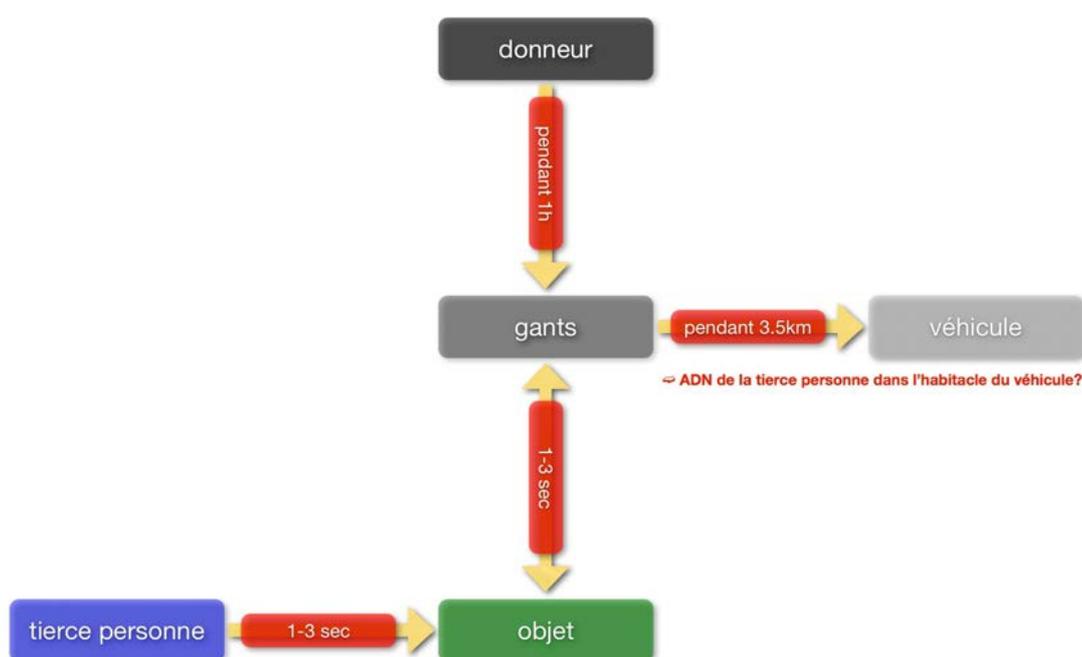


Figure 29 : Modèle graphique illustrant l'expérience concernant le transfert tertiaire d'ADN

4.8.7.1 Matériels et méthodes

Des bons donneurs ont été sélectionnés afin d'assurer la présence d'une quantité d'ADN suffisante pour permettre un éventuel transfert indirect à deux intermédiaires.

Le premier sujet porte les paires de gants pendant une heure puis touche une bouteille précédemment manipulée par une personne innocente pendant quelques secondes. Enfin, le porteur des gants conduit le véhicule pendant environ 3.5 km (6 minutes).

Comme d'habitude, toutes les autres conditions (nettoyage, prélèvements et analyses) exposées précédemment restent inchangées.

4.8.7.2 Résultats obtenus et discussion

Comme lors des expériences précédentes, les allèles qui ont été attribués aux conducteurs habituels du véhicule ont été écartés. Le nombre des allèles restant ainsi que leur contribution aux deux protagonistes de la recherche sont illustrés dans le Tableau 48:

types de gants	tierce personne		conducteur du véhicule	
	volant	levier de vitesse	volant	levier de vitesse
<i>coton</i>	15	4	19	6
<i>cuir</i>	17	10	18	15
<i>latex</i>	20	18	20	20

Tableau 48 : Comparaison du nombre d'allèles déposé sur les éléments de l'habitacle par le porteur des gants et la tierce personne qui avait manipulé la bouteille

Les analyses entreprises sur les prélèvements effectués sur le volant et le levier de vitesse en question ont permis de mettre en évidence des profils de mélange dont les fractions proviennent des deux donneurs de la recherche.

Parmi les profils de mélange obtenus, la contribution du porteur des gants a toujours été majoritaire sauf pour un seul cas, où tous les deux candidats ont déposé des profils complets (gants en latex sur le volant). Cependant, même si l'ADN déposé par la tierce personne sur la bouteille manipulée ensuite par le voleur du véhicule à travers ses gants ne représente que la fraction minoritaire des profils, sa présence n'est pas négligeable. La qualité des profils provenant de cette personne innocente est telle que pour 50% des profils il est possible d'insérer son profil dans la base de données nationale pour une éventuelle recherche de suspects.

Des expérimentations similaires ont été publiées récemment par Helmus et ses collaborateurs (2016). Leurs résultats sont très alarmants pour le monde scientifique: en effet, lors de leurs simulations, les auteurs ont pu vérifier le phénomène du transfert tertiaire sur le 40% des cas (N= 180).

4.8.8 DISCUSSION

Les expériences entreprises dans ce chapitre ne sont pas caractérisées par un nombre d'échantillons élevé, dans le sens où les tests n'ont pas été répétés plusieurs fois. L'intérêt premier de ces expérimentations étant principalement de déterminer si les concepts de transfert secondaire et tertiaire étaient des simples "légendes urbaines" ou pouvaient être envisageables.

L'ensemble des observations effectuées a montré que même indirectement l'ADN d'un donneur peut se transférer jusqu'à la cible finale à travers un ou plusieurs intermédiaires. Le

choix des candidats pour ces scénarios était déterminants pour assurer qu'une quantité suffisante et détectable de cellules cutanées soient transférée lors du premier contact. Dans le cas contraire, le transfert successif suite au deuxième contact n'aurait pas pu avoir lieu.

Porter des gants lors de la commission d'un délit fait désormais partie des habitudes "professionnelles" des malfaiteurs. Ils pensent désormais à ne pas déposer leurs propres traces papillaires sur les scènes de crime. Cependant, grâce à l'amélioration constante des techniques d'analyse, même si les traces de contact sont déposées par l'intermédiaire des gants, celles-ci sont capables de nous montrer des résultats prometteurs pour les éventuelles comparaisons locales et même des profils remplissant les règles pour l'insertion dans la base de données nationale.

Cependant, les résultats obtenus nous mettent également en garde concernant les risques de transfert d'ADN sur les supports cible. Des cellules pourraient provenir de donneurs pas du tout impliqués dans l'affaire, alors qu'ils ne sont même pas entrés en contact directement avec les surfaces cibles.

Section 4.9

Question des contaminations
lors du prélèvement
des traces d'ADN
de contact

4.9.1 INTRODUCTION

Que signifie le terme contamination? Il existe plusieurs définitions de ce terme dans la littérature, mais leur concept reste substantiellement toujours le même. Pour en citer un exemple: dans leur ouvrage, Coquoz et ses collaborateurs (2013) définissent la contamination comme *"tout événement évitable introduisant dans un échantillon de l'ADN qui ne s'y trouvait pas auparavant"*.

4.9.2 CONCEPTS THEORIQUES

Il existe différentes sources possibles de contamination (Gill, 1997; Gill et Kirkham, 2004; Coquoz et al, 2013; Forensic Science Regulator, 2014b):

- par les intervenants ou les personnes présentes sur les lieux du crime, si les consignes de précautions et de protection des lieux n'ont pas été rigoureusement suivies (Lee et al, 1998; Lee et Ladd, 2001; Rutty et al, 2003; Poy et van Oorschot, 2006a et 2006b; Forensic Science Regulator, 2015a);
- par les surfaces de travail, l'eau, les outils et les consommables utilisés pour le prélèvement, l'emballage et l'analyse des traces, si ceux-ci n'ont pas été correctement stérilisés (Deragon et al, 1990; Dwyer et Saksena, 1992; Schmidt et al, 1995; Linquist et al, 1998; Burgess et Hall, 1999; Rutty, 2000; Rutty et al, 2000; Howitt, 2003; Sullivan et al, 2004; Tamariz et al, 2006; Shaw et al, 2008; Himmelreich, 2009; Preusse-Prange et al, 2009; Gefrides et al, 2010; Daniel et van Oorschot, 2011; Vandewoestyne et al, 2011; Forensic Science Regulator, 2012; Schwark et al, 2012; Gibb et al, 2012; Ballantyne et al, 2013; Cemper-Kiesslich et al, 2013; Szkuta et al, 2013; Forensic Science Regulator, 2015b; Margiotta et al, 2015; Szkuta et al, 2015);
- par le personnel des laboratoires de génétique forensique, si les consignes de précautions ne sont pas respectées (Scherczinger et al, 1999; Poy et van Oorschot, 2006a et 2006b; Vandewoestyne et al, 2011; Forensic Science Regulator, 2015b);
- par la contribution d'autres échantillons analysés en parallèle en laboratoire, c'est-à-dire la contamination croisée (Lygo et al, 1994; Scherczinger et al, 1999).

Les risques de contamination sont directement proportionnels aux performances de la technologie actuelle pour les analyses ADN (Gill, 2014; Pickrahn et al, 2015): le seul fait de toucher un objet pourrait déjà engendrer un profil exploitable compromettant les étapes d'interprétation de la trace. Mais parallèlement, même si la sensibilité des analyses par PCR est extraordinairement performante (Findlay et al, 1997; Brück et al, 2011; Kroneis et al, 2011), le danger des contaminations peut être réduit drastiquement si les strictes consignes de précautions sont respectées par toute l'équipe du personnel (Toothman et al, 2008; Vandewoestyne et al, 2011).

Cependant, un sondage effectué en Australie (Raymond et al, 2008) vers la fin de l'année 2004 a révélé des chiffres assez choquants: le masque de protection n'est régulièrement porté que par seulement 61% des spécialistes des scènes de crime et 80% du personnel travaillant dans les laboratoires de génétique forensique.

Quant au port de gants 16% des intervenants sur les lieux gardent la même paire de gants tout au long de l'état des lieux. Ces résultats nous révèlent un manque de suivie des règles élémentaires de la part de spécialistes qui sont tenus de sauvegarder dans les meilleures conditions les indices matériels. La possibilité de soustraire la portion d'ADN provenant de la contamination des collaborateurs ne justifie pas du tout ce genre de négligence. Dans cette situation, les risques de contamination entre l'échantillon et l'enquêteur, et respectivement entre les différents échantillons présents sur les lieux, augmentent. Il a été montré que le seul fait de parler pendant quelques secondes peut déjà projeter des contaminations jusqu'à presque deux mètres de distance dans la zone de notre environnement (Rutty et, 2003; Port et al, 2006; Finnebraaten et al, 2008) et que les pinces communément utilisés par les inspecteurs pour le saupoudrage des traces sur les lieux peuvent être également à la source de contaminations croisées (Coullery, 2005; van Oorschot et al, 2005; Proff et al, 2006; Bolivar et al, 2016).

Le jugement de l'affaire Omagh (The Queen v. Sean Hoey, 2007) changera probablement cette vision de faits. Sans entrer dans un débat sur les décisions prises par le Juge Weir, il semble que la mauvaise préservation des indices et les problèmes au niveau de la continuité des différentes preuves matérielles aient eu un impact considérable. Toutes ces erreurs ainsi que le débat sur la validité des analyses issues à partir des traces pauvres en ADN sont à l'origine de l'acquittement du suspect, M. Hoey, même si son profil de référence n'a pas pu être différencié d'aucun des profils obtenus grâce aux analyses ADN des prélèvements effectués sur les bombes des attentats. Pourtant, le non respect des principes fondamentaux a suffi à lui seul à affaiblir la valeur des preuves ADN. De façon générale, n'importe quelle trace, quel que soit son type, perd toute sa valeur dans une affaire, dès que sa continuité depuis la scène de crime jusqu'au laboratoire et à la salle d'audience n'a pas été assurée.

D'autres erreurs dues aux contaminations peuvent être citées pour montrer la problé-

matique de ce phénomène.

L'accusation erronée de M. Farah Abdulkadir Jama pour une affaire d'agression sexuelle eu lieu en 2006 à Doncaster (Australie) a été analysée en détails par Vincent (2010) dans son rapport. Il semblerait que la présence de l'ADN de l'accusé dans un des quatre prélèvements vaginaux effectués sur la victime soit due à une contamination. Parmi les possibilités énoncées par l'auteur, il paraît que la contamination ait eu vraisemblablement lieu en hôpital (où la victime a été soumise à l'inspection du docteur qui a procédé à la récolte des échantillons biologiques) plutôt qu'en laboratoire (où les frottis vaginaux de la victime ont été analysés).

Une erreur a été constatée également lors de l'accusation de M. Adam Scott pour une autre affaire d'agression sexuelle (Manchester, Angleterre, 2011). La réutilisation d'un consommable de la part d'un collaborateur du Laboratory of the Government Chemist (abrégé LGC) avait introduit erronément l'ADN de M. Adam Scott dans le profil de mélange du frottis vaginal de la victime d'agression. Suite à cette imprudence, des règles plus sévères ont été imposées dans les laboratoires du LGC pendant le traitement et l'analyse des échantillons permettant ainsi de individualiser systématiquement et rapidement les éventuelles problèmes en futur (Forensic Science Regulator, 2012).

L'ADN représente un instrument extrêmement puissant, tant du point de vue de l'investigation que dans le cadre de l'identification d'un suspect. Mais si on désire exploiter tout le potentiel de cet élément de preuve, certaines normes doivent rigoureusement être suivies (Loriente et al, 2003).

Au-delà de ces simples normes de précaution (DNA Advisory Board, 2000; Gill, 2001; Digréus et al, 2011; Ballantyne et al, 2013), il est possible d'envisager d'autres techniques afin de diminuer les risques de contamination.

Universellement reconnue et couramment utilisée dans la plupart des pays, une banque de données contenant les profils génétiques de tout le personnel travaillant sur les lieux de crime et dans les laboratoires permet une rapide comparaison avec les profils résultants des traces indicielles (Schneider et Martin, 2001; Howitt, 2003; Sullivan et al, 2004; Forensic Science Regulator, 2014a; Lapointe et al, 2015).

L'analyse simultanée de contrôles positifs et négatifs avec les échantillons indicielles permet de nous orienter vers l'éventuelle présence d'agents contaminants dans les consommables et les réactifs utilisés (Dragon et al, 1993; Presley, 2002; Cotton et al, 2006; Walden et al, 2007; Forensic Science Regulator, 2015b).

Les mauvaises expériences et allemandes (Himmelreich, 2009) montrent que la mise à disposition des profils de référence du personnel travaillant dans les secteurs de production des

consommables peut parfois permettre l'explication de liens insolites entre des affaires différentes (Howitt, 2003; Sullivan et al, 2004; Daniel et van Oorschot, 2011).

La vérification des allèles détectés grâce à des analyses en réplicats de chaque échantillon permet également de diminuer les risques de artefacts dus à des phénomènes de contamination sporadique.

Enfin, toutes les règles anti-contamination des laboratoires (stérilisation du matériel, séparation des locaux pré- et post-amplification, etc) doivent également être respectées constamment (Fox et al, 1991; Ou et al, 1991; Dragon et al, 1993; Tamariz et al, 2006; Shaw et al, 2008; Forensic Science Regulator, 2015b).

Analyser un prélèvement de contrôle, effectué sur le support aux alentours de la trace indiciaire (Lygo et al, 1994) où les tests indicatifs n'ont pas fourni de réponse positive, pourrait être l'un des remèdes à cette problématique. Mais cette technique n'a plus beaucoup de sens car à l'heure actuel, aucun test indicatif n'est disponible pour la détection de traces de contact. Néanmoins Gill (1997) avait déjà critiqué l'analyse systématique des contrôles de support et Coquoz et al (2013) affirment quel que soit le résultat obtenu par l'analyse du prélèvement de contrôle, l'exploitation du profil résultant des traces n'est pas affectée.

Mais que passe-t-il si, même en respectant toutes les recommandations, on constate la présence d'ADN contaminant dans notre échantillon?

Afin d'évaluer les risques de contamination lors du prélèvement d'une trace de contact, une série d'expériences a été intégrée dans un travail de mémoire de Master à l'ESC (Bussard, 2008), en demandant à un spécialiste de l'état des lieux de récolter des traces en veillant à ne pas respecter certaines règles élémentaires, à savoir ne pas porter de masque, entamer une conversation avec un collègue, porter des gants contaminés par son propre ADN et postillonner sur le support de la trace. Parmi les situations testées, la présence d'allèles contaminants provenant de l'inspecteur (jusqu'à quatre loci complets sur un total de dix) a été détectée uniquement lorsqu'il postillonnait sur le support pendant le prélèvement de la trace.

Jusqu'ici nous avons toujours parlé de contamination, dans le sens strict des situations où le matériel cellulaire introduit accidentellement dans l'échantillon provient de personnes non impliquées dans l'affaire, comme le personnel du laboratoire, les inspecteurs intervenant sur les lieux, le personnel des usines fabriquant les consommables des laboratoires, etc. Toutefois, il faut également envisager la situation où l'ADN des personnes mises en cause est à la source des contaminations introduites dans la trace.

Pour illustrer cette situation, on peut mentionner le cas classique de contaminations des pointes de pipettes: on introduit par erreur l'ADN de l'auteur présumé dans l'échantillon

prélevé de la victime et inversement. Il paraît alors évident que l'impact de ce genre d'erreur affecte drastiquement la valeur du rapport de vraisemblance finale par rapport à la situation précédente (Thompson et al, 2003).

Il semble normal que notre intérêt vise plutôt à étudier les effets parasites de la première situation. En effet, si la trace a véritablement été contaminée d'une façon ou d'une autre par l'ADN de la personne mise en cause, le fait d'obtenir un rapprochement est un fait certain. Aucune partie expérimentale n'a donc été entreprise pour l'étude des contaminations telles que définies dans ce chapitre.

Chapitre 5

Paramétrisation à la lumière des données acquises et validation du réseau bayésien

5.1 INTRODUCTION

Le chapitre précédent a illustré l'ensemble des résultats obtenus lors de la partie expérimentale de cette recherche. Les données ainsi acquises permettent désormais de paramétrer le réseau bayésien présenté dans le chapitre 2.

Dans la première partie de ce chapitre, nous présenterons les modifications apportées à la structure initiale du réseau bayésien à la lumière des résultats obtenus. La deuxième section sera dédiée au traitement des résultats expérimentaux et à l'assignation des valeurs dans les tableaux de probabilités conditionnelles. La dernière partie se focalisera sur la validation du modèle présenté en regard du développement formel présenté dans le chapitre 3.

5.2 MODIFICATIONS APORTEES A LA STRUCTURE INITIALE DU RESEAU BAYESIEN

Cinq changements ont été réalisés dans le modèle graphique. La première modification concerne l'ajout d'un noeud entre la source du matériel biologique et l'ADN transféré, nommé *contact avec les surfaces* (voir image suivante):

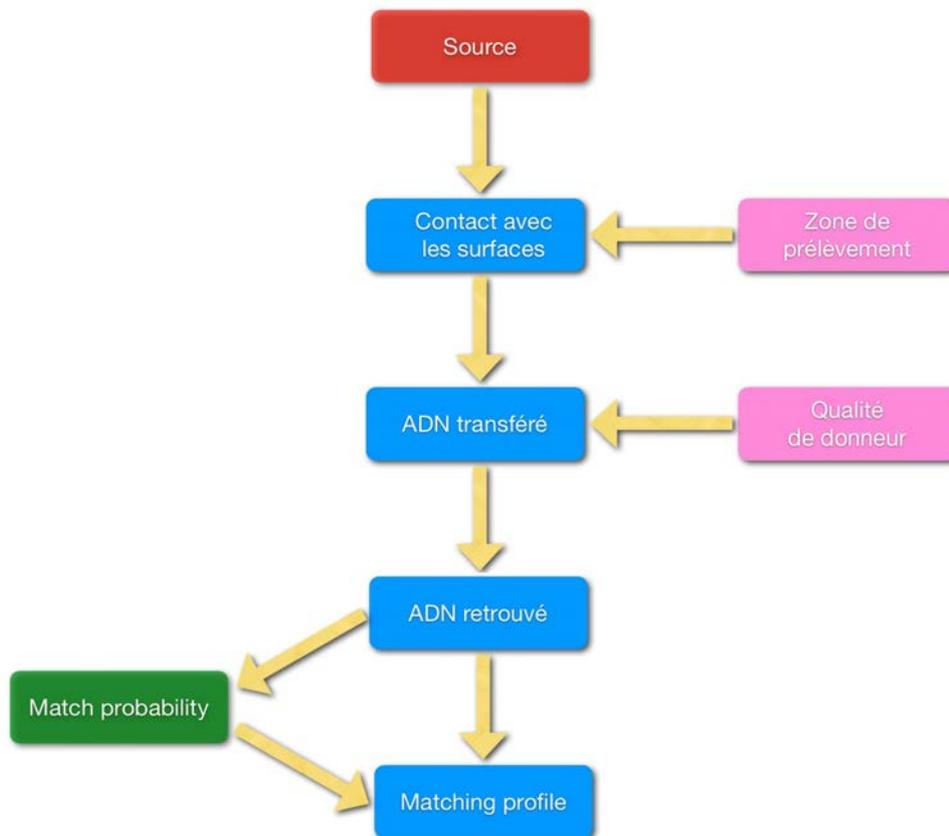


Figure 30 : Nouvelle structure du réseau bayésien concernant le phénomène du transfert

Cette variable additionnelle permet d'alléger les noeuds *ST*, *XT* et *VT* qui dans l'ancienne version servaient au réglage des influences provenant en même temps de la source du matériel biologique, du jeu d'hypothèses envisagées, de la qualité du donneur en ADN et de la zone du prélèvement, tout en prenant également en considération la présence de contact entre le donneur et la surface cible. Dans cette version revue, par contre, l'intégration du noeud *contact avec les surfaces*, nommé dans les cas spécifiques des trois contributeurs *SC*, *XC* et *VC* (le suspect, le vrai auteur du vol et respectivement la victime du vol) simplifie le flux de toute cette série d'informations. La structure ainsi créée reprend celle de base proposée dans l'ouvrage de Taroni et ses collaborateurs (2014).

Le tableau des probabilités associées au noeud *contact avec les surfaces* contient quatre probabilités conditionnées par les états des noeuds parents, précisant l'hypothèse envisagée et la zone du prélèvement. Les états sont au nombre de deux, à savoir *oui* et *non* pour la présence et respectivement l'absence de contact. Les tableaux des noeuds *ADN transféré XT* et *VT* resteront influencés uniquement par les valeurs attribuées aux variables concernant la qualité des donneurs en ADN et le nouveau noeud des contacts. Alors que pour le noeud *ST (ADN transféré par le suspect sur le véhicule)*, le tableau subira une légère modification avec l'ajout d'une flèche de mise en relation avec le noeud *H (jeu des hypothèses initiales)*, nécessaire pour régler la présence du matériel biologique lors de transferts indirects.

La description des variables citées et les probabilités caractérisant leurs tableaux de probabilités sont reportées ci après (cf. Tableau 49):

Noeud	Description des variables	Conditionné par	Probabilités
SC	Contact entre le suspect et le véhicule	Z, H	$P(SC Z, H)$, $P(SC \neg Z, H)$, $P(SC Z, \neg H)$, $P(SC \neg Z, \neg H)$
ST	ADN transféré par le suspect sur le véhicule lors du contact	SC, SQ, H	$P(ST SC, SQ, H)$, $P(ST \neg SC, SQ, H)$, $P(ST SC, \neg SQ, H)$, $P(ST \neg SC, \neg SQ, H)$, $P(ST SC, SQ, \neg H)$, $P(ST \neg SC, SQ, \neg H)$, $P(ST SC, \neg SQ, \neg H)$, $P(ST \neg SC, \neg SQ, \neg H)$
XC	Contact entre l'auteur du vol et le véhicule	Z, H	$P(XC Z, H)$, $P(XC \neg Z, H)$, $P(XC Z, \neg H)$, $P(XC \neg Z, \neg H)$
XT	ADN transféré par l'auteur du vol sur le véhicule lors du contact	XC, XQ	$P(XT XC, XQ)$, $P(XT \neg XC, XQ)$, $P(XT XC, \neg XQ)$, $P(XT \neg XC, \neg XQ)$
VC	Contact entre le propriétaire et le véhicule	Z, V	$P(VC Z, V)$, $P(VC \neg Z, V)$, $P(VC Z, \neg V)$, $P(VC \neg Z, \neg V)$
VT	ADN transféré par le propriétaire sur le véhicule lors du contact	VC, VQ	$P(VT VC, VQ)$, $P(VT \neg VC, VQ)$, $P(VT VC, \neg VQ)$, $P(VT \neg VC, \neg VQ)$

Tableau 49 : Définition des nouveaux noeuds et des probabilités caractérisant leurs tableaux de probabilités conditionnelles

Sous l'hypothèse que le suspect appréhendé ait véritablement conduit le véhicule pendant ou avant le vol, le fait qu'un contact ait eu lieu entre le corps du suspect et les parties du véhicule est un événement certain. Alors que, sous les hypothèses où le suspect déclare n'avoir jamais été assis dans le véhicule, le contact physique entre la personne et l'habitacle ne peut pas avoir eu lieu, par conséquent ces probabilités sont égales à zéro. Les valeurs peuvent être modifiées en fonction des zones où les prélèvements ont été effectués. Les habitudes de conduite peuvent changer parmi les conducteurs: pour en citer quelques exemples, certains conducteurs n'utilisent jamais le frein à main et ne se posent pas sur l'appui-tête. Par contre, sous les hypothèses où le suspect n'a jamais été physiquement dans le véhicule, le facteur mentionné n'est pas déterminant: en effet, quelque soit la zone du prélèvement, $P (SCIZ, \neg H)$ sera toujours nulle.

Comme cité précédemment, dans le cadre du noeud intéressé à l'ADN transféré, le matériel biologique déposé par le suspect sur les parties du véhicule dépend directement de deux autres variables, à savoir si il y a effectivement eu contact entre le sujet et les surfaces d'intérêt et si la personne en question est un bon ou un mauvais donneur en ADN. Si le contact n'a pas eu lieu, le suspect ne peut pas transférer son propre matériel biologique à l'intérieur de la voiture (exception fait pour le scénario qui envisage un transfert indirect). Que le donneur soit un bon ou mauvais donneur en ADN, les probabilités qu'il ait transféré de l'ADN sur les surfaces cibles sans qu'il y ait eu un contact direct sont égales à zéro. En admettant par contre que le sujet ait vraiment touché les différentes parties de l'habitacle du véhicule, l'ADN déposé pendant ce laps de temps dépendra de la capacité de la personne en question à déposer ses cellules cutanées, donc de sa qualité en tant que donneur.

La variable *qualité du donneur* présentée dans la première version était décrite par trois états, à savoir *bon*, *moyen* et *mauvais donneur*. Cependant, l'état du moyen donneur a été éliminé dans la version modifiée. Ceci à cause de la difficulté à différencier les donneurs selon leur capacité à déposer l'ADN sur une surface, concept montré dans la section 4.3.

À l'intérieur du réseau bayésien précédent, l'entièreté du phénomène de la persistance était regroupé en un seul noeud avec deux états, à savoir *situation favorable* et *situation défavorable*. Grâce aux expériences effectuées, nous pouvons dès maintenant intégrer les paramètres étudiés dans le modèle graphique comme illustré dans la Figure 31. À cause du nombre élevé des noeuds incorporés dans le réseau, l'ensemble des variables influençant ce phénomène a été regroupé dans un *réseau bayésien orienté objet*, abrégé RBOO en français et en OOBN en anglais. Ce type d'outil correspond à un sous réseau bayésien et facilite la lecture de la structure.

Cette nouvelle construction comprend huit noeuds incluant les trois facteurs environ-

nementaux étudiés dans la partie expérimentale (la température, la lumière du jour et l'activité entreprise par le récepteur) ainsi que le temps écoulé entre la déposition et le prélèvement de la trace. Ces variables peuvent influencer le matériel biologique déposé initialement sur les surfaces cibles: les éventuelles pertes sont alors symbolisées par trois noeuds réglant chacun la diminution d'ADN provoquée par les conditions de stockage. Ces variables sont orientées vers un noeud final qui prend en compte la perte totale des cellules épithéliales dans l'échantillon.

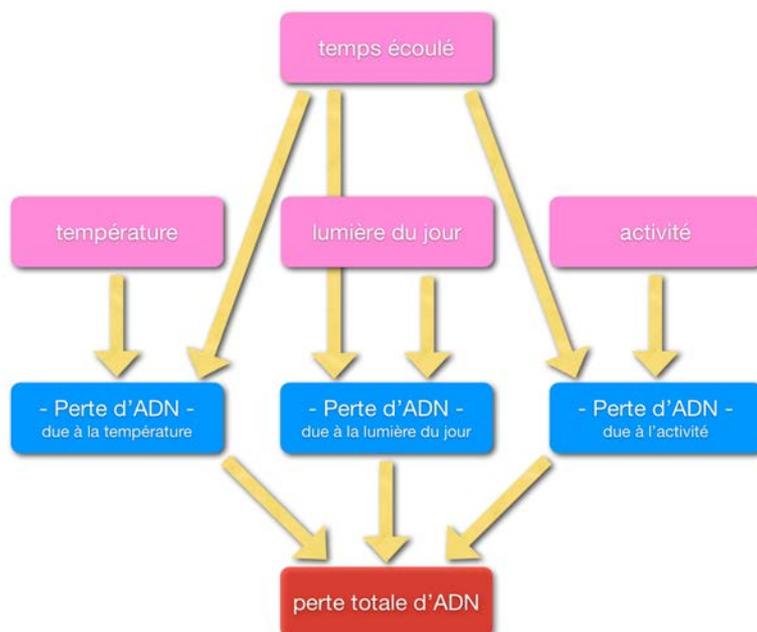


Figure 31 : Structure du réseau bayésien orienté objet concernant le phénomène de la persistance

Noeud	Description des variables	Conditionné par	Probabilités
T	Temps écoulé entre la déposition de la trace par le malfaiteur et le prélèvement de l'indice	noeud parent	$P(T), P(\neg T)$
°C	Température de stockage à laquelle la surface cible a été exposée	noeud parent	$P(^{\circ}\text{C}), P(\neg^{\circ}\text{C})$
L	Lumière du jour à laquelle la surface cible a été exposée	noeud parent	$P(L), P(\neg L)$
Ac	Activité entreprise par la surface cible	noeud parent	$P(\text{Ac}), P(\neg \text{Ac})$
P°C	Perte d'ADN due à la température	T, °C	$P(P^{\circ}\text{C} ^{\circ}\text{C}, T), P(P^{\circ}\text{C} \neg^{\circ}\text{C}, T), P(P^{\circ}\text{C} ^{\circ}\text{C}, \neg T), P(P^{\circ}\text{C} \neg^{\circ}\text{C}, \neg T)$
PL	Perte d'ADN due à l'exposition à la lumière du jour	T, L	$P(PL L, T), P(PL \neg L, T), P(PL L, \neg T), P(PL \neg L, \neg T)$
PAC	Perte d'ADN due à l'activité	T, Ac	$P(PAC \text{Ac}, T), P(PAC \neg \text{Ac}, T), P(PAC \text{Ac}, \neg T), P(PAC \neg \text{Ac}, \neg T)$
PT	Perte totale d'ADN	P°C, PL et PAC	$P(PT P^{\circ}\text{C}, PL, PAC), P(PT \neg P^{\circ}\text{C}, PL, PAC), P(PT P^{\circ}\text{C}, \neg PL, PAC), P(PT \neg P^{\circ}\text{C}, \neg PL, \neg PAC), P(PT \neg P^{\circ}\text{C}, \neg PL, PAC), P(PT \neg P^{\circ}\text{C}, PL, \neg PAC), P(PT \neg P^{\circ}\text{C}, \neg PL, \neg PAC), P(PT \neg P^{\circ}\text{C}, \neg PL, \neg PAC)$

Tableau 50 : Définition des nouveaux noeuds et des probabilités caractérisant le phénomène de la persistance

La quatrième modification apportée à la structure initiale du réseau bayésien concerne l'ajout de quatre noeuds réglant les profils résultant des contributions dues à l'activité, au bruit de fond, à la contamination ainsi que à la présence d'un lésé. Ces variables sont orientées vers un noeud final nommé *Nombre de contributeurs* comme illustré dans la Figure 32.

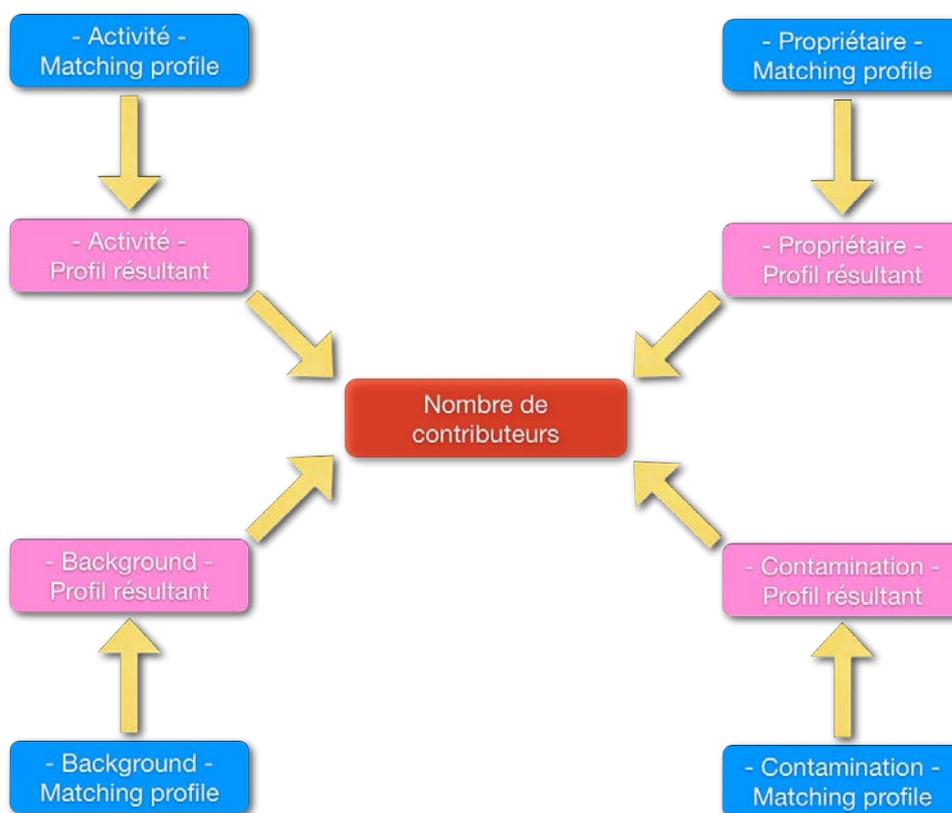


Figure 32 : Structure du réseau bayésien concernant le nombre des contributeurs du profil de la trace indiciaire

L'intégration de ces variables est nécessaire afin de régler les différentes contributions d'ADN lors des profils de mélange. Le Tableau 51 décrit les nouveaux noeuds intégrés.

Noeud	Description des variables	Conditionné par	Probabilités
PrA	Profil dérivant de l'activité	AP	$P(\text{PrAi} \text{AP}), P(\text{PrAi} \neg\text{AP})$
PrP	Profil dérivant du propriétaire	VP	$P(\text{PrPi} \text{VP}), P(\text{PrPi} \neg\text{VP})$
PrB	Profil dérivant du bruit de fond	BP	$P(\text{PrBi} \text{BP}), P(\text{PrBi} \neg\text{BP})$
PrC	Profil dérivant de la contamination	CP	$P(\text{PrCi} \text{CP}), P(\text{PrCi} \neg\text{CP})$
NC	Nombre de contributeurs du profil de la trace indiciaire	PrA, PrP, PrB, PrC	$P(\text{NCi} \text{PrA}, \text{PrP}, \text{PrB}, \text{PrC}),$ $P(\text{NCi} \neg\text{PrA}, \text{PrP}, \text{PrB}, \text{PrC}),$ $P(\text{NCi} \text{PrA}, \neg\text{PrP}, \text{PrB}, \text{PrC}),$ $P(\text{NCi} \text{PrA}, \text{PrP}, \neg\text{PrB}, \text{PrC}),$ $P(\text{NCi} \text{PrA}, \text{PrP}, \text{PrB}, \neg\text{PrC}), \dots$

Tableau 51 : Définition des nouveaux noeuds et des probabilités caractérisant le nombre des contributeurs du profil de la trace indiciaire

Une dernière modification concernant le réseau bayésien s'intéresse à toute information liée directement aux résultats d'ADN obtenus.

Jusqu'à maintenant la caractéristique prise en considération a toujours été la qualité des profils obtenus, traduite en nombre d'allèles détectés, ceci parce que la plupart des études publiées a toujours exposé les résultats sous cette forme. Cependant, la qualité est directement conditionnée par les étapes de l'analyse, en particulier par les conditions de l'amplification qui peuvent varier d'un laboratoire à l'autre selon le kit d'amorces employé. Pour cette raison, baser l'interprétation sur le nombre d'allèles ne semble donc pas approprié. La partie expérimentale de l'étude doctorale a pris en compte cet aspect et l'ensemble des échantillons analysés a été quantifié. La quantité de matériel biologique sera donc le critère d'évaluation de base des résultats de notre recherche.

Le tableau suivant illustre l'ensemble des noeuds incorporés dans la nouvelle version du réseau bayésien avec l'intégration des nouvelles variables:

Noeud	Description des variables	Etats	Abrév.
H	Jeu des hypothèses à envisager concernant l'implication du suspect appréhendé	le suspect a conduit le véhicule lors du délit le suspect a été un conducteur légitime le suspect a été un passager légitime une personne autre que le suspect a déposé l'ADN de ce dernier de manière indirecte une personne autre que le suspect a volé le véhicule	h ₁ h ₂ h ₃ h ₄ h ₅
SC	Contact entre le suspect et le véhicule	contact pas de contact	SC ₁ SC ₂
ST	ADN transféré par le suspect dans le véhicule lors du contact	0 ng] 0 ; 0,5] ng] 0,5 ; 1] ng] 1 ; 2,5] ng] 2,5 ; 5] ng] 5 ; 10] ng] 10 ; 20] ng > 20 ng	st ₁ st ₂ st ₃ st ₄ st ₅ st ₆ st ₇ st ₈
SR	ADN transféré par le suspect dans le véhicule lors du contact, ayant persisté et prélevé par les enquêteurs	0 ng] 0 ; 0,5] ng] 0,5 ; 1] ng] 1 ; 2,5] ng] 2,5 ; 5] ng] 5 ; 10] ng] 10 ; 20] ng > 20 ng	sr ₁ sr ₂ sr ₃ sr ₄ sr ₅ sr ₆ sr ₇ sr ₈
SP	ADN transféré par le suspect dans le véhicule lors du contact, ayant persisté, prélevé par les enquêteurs et comparé avec son propre profil génétique	pas de profil profil discordant avec S] 0 ; 1] ng concordant avec S] 1 ; 5] ng concordant avec S > 5 ng concordant avec S	sp ₁ sp ₂ sp ₃ sp ₄ sp ₅
SMP	Probabilité de coïncidence fortuite concernant l'ADN transféré par le suspect	match non match	smp ₁ smp ₂
SQ	Qualité en tant que donneur en ADN concernant le suspect	bon donneur mauvais donneur	sq ₁ sq ₂
XC	Contact entre l'auteur du vol et le véhicule	contact pas de contact	xc ₁ xc ₂

Noeud	Description des variables	Etats	Abrév.
XT	ADN transféré par l'auteur du vol dans le véhicule lors du contact	0 ng	xt1
] 0 ; 0,5] ng	xt2
] 0,5 ; 1] ng	xt3
] 1 ; 2,5] ng	xt4
] 2,5 ; 5] ng	xt5
] 5 ; 10] ng	xt6
] 10 ; 20] ng	xt7
		> 20 ng	xt8
XR	ADN transféré par l'auteur du vol dans le véhicule lors du contact, ayant persisté et prélevé par les enquêteurs	0 ng	xr1
] 0 ; 0,5] ng	xr2
] 0,5 ; 1] ng	xr3
] 1 ; 2,5] ng	xr4
] 2,5 ; 5] ng	xr5
] 5 ; 10] ng	xr6
] 10 ; 20] ng	xr7
		> 20 ng	xr8
XP	ADN transféré par l'auteur du vol dans le véhicule lors du contact, ayant persisté, prélevé par les enquêteurs et comparé avec le profil génétique du suspect	pas de profil	xp1
		profil discordant avec S	xp2
] 0 ; 1] ng concordant avec S	xp3
] 1 ; 5] ng concordant avec S	xp4
		> 5 ng concordant avec S	xp5
XMP	Probabilité de coïncidence fortuite concernant l'ADN transféré par l'auteur du vol	match	xmp1
		non match	xmp2
XQ	Qualité en tant que donneur en ADN concernant l'auteur du vol	bon donneur	xq1
		mauvais donneur	xq2
AP	combinaison de l'ADN dû à l'activité, transféré par le suspect et/ou l'auteur du vol, ayant persisté, prélevé par les enquêteurs et comparé avec le profil génétique du suspect	pas de profil	ap1
		profil discordant avec S	ap2
		profil simple avec < 1 ng d'ADN concordant avec S	ap3
		profil simple avec 1-5 ng d'ADN concordant avec S	ap4
		profil simple avec > 5 ng d'ADN concordant avec S	ap5
		profil de mélange avec < 1 ng d'ADN concordant avec S	ap6
		profil de mélange avec 1-5 ng d'ADN concordant avec S	ap7
		profil de mélange avec > 5 ng d'ADN concordant avec S	ap8
V	Présence d'une victime	oui	v1
		non	v2
VC	Contact entre le propriétaire du véhicule et son propre véhicule	contact	vc1
		pas de contact	vc2
VT	ADN transféré par le propriétaire dans le véhicule lors du contact	0 ng	vt1
] 0 ; 0,5] ng	vt2
] 0,5 ; 1] ng	vt3
] 1 ; 2,5] ng	vt4
] 2,5 ; 5] ng	vt5
] 5 ; 10] ng	vt6
] 10 ; 20] ng	vt7
		> 20 ng	vt8
VR	ADN transféré par le propriétaire dans le véhicule lors du contact, ayant persisté et prélevé par les enquêteurs	0 ng	vr1
] 0 ; 0,5] ng	vr2
] 0,5 ; 1] ng	vr3
] 1 ; 2,5] ng	vr4
] 2,5 ; 5] ng	vr5
] 5 ; 10] ng	vr6
] 10 ; 20] ng	vr7
		> 20 ng	vr8
VP	ADN transféré par le propriétaire dans le véhicule lors du contact, ayant persisté, prélevé par les enquêteurs et comparé avec le profil génétique du suspect	pas de profil	vp1
		profil discordant avec S	vp2
] 0 ; 1] ng concordant avec S	vp3
] 1 ; 5] ng concordant avec S	vp4
		> 5 ng concordant avec S	vp5
VMP	Probabilité de coïncidence fortuite concernant l'ADN transféré par le propriétaire du véhicule	match	vmp1
		non match	vmp2
VQ	Qualité en tant que donneur en ADN concernant le propriétaire du véhicule	bon donneur	vq1
		mauvais donneur	vq2

Noeud	Description des variables	Etats	Abrév.
B	Présence d'ADN dû au bruit de fond	oui non	b ₁ b ₂
BR	ADN dû au bruit de fond persisté, retrouvé et prélevé avec la trace par les enquêteurs	0 ng] 0 ; 1] ng] 1 ; 5] ng > 5 ng	br ₁ br ₂ br ₃ br ₄
BP	ADN dû au bruit de fond persisté, retrouvé et prélevé avec la trace, comparé avec le profil génétique du suspect	pas de profil profil discordant avec S] 0 ; 1] ng concordant avec S] 1 ; 5] ng concordant avec S > 5 ng concordant avec S	bp ₁ bp ₂ bp ₃ bp ₄ bp ₅
BMP	Probabilité de coïncidence fortuite concernant l'ADN dû au bruit de fond	match non match	bmp ₁ bmp ₂
C	Présence d'ADN dû aux contaminations	oui non	c ₁ c ₂
CR	ADN dû aux contaminations retrouvé dans la trace analysée	0 ng] 0 ; 1] ng] 1 ; 5] ng > 5 ng	cr ₁ cr ₂ cr ₃ cr ₄
CP	ADN dû aux contaminations retrouvé dans la trace analysée et comparé avec le profil génétique du suspect	pas de profil profil discordant avec S] 0 ; 1] ng concordant avec S] 1 ; 5] ng concordant avec S > 5 ng concordant avec S	cp ₁ cp ₂ cp ₃ cp ₄ cp ₅
CMP	Probabilité de coïncidence fortuite concernant l'ADN dû aux contaminations	match non match	cmp ₁ cmp ₂
T	Temps écoulé entre la déposition de la trace par le malfaiteur et le prélèvement de l'indice	24 heures > 24 heures	t ₁ t ₂
°C	Température de stockage à laquelle la surface cible a été exposée	-20 °C 0 °C 20 °C 40 °C 70 °C 100 °C	°c ₁ °c ₂ °c ₃ °c ₄ °c ₅ °c ₆
L	Lumière du jour à laquelle la surface cible a été exposée	à l'abri exposé	l ₁ l ₂
Ac	Activité entreprise par la surface cible	au repos en mouvement	ac ₁ ac ₂
P°C	Perte d'ADN due à la température	[0 ; 25] %] 25 ; 50] %] 50 ; 75] %] 75 ; 100] %	p°c ₁ p°c ₂ p°c ₃ p°c ₄
PL	Perte d'ADN due à l'exposition à la lumière du jour	[0 ; 25] %] 25 ; 50] %] 50 ; 75] %] 75 ; 100] %	pl ₁ pl ₂ pl ₃ pl ₄
PAC	Perte d'ADN due à l'activité entreprise	[0 ; 25] %] 25 ; 50] %] 50 ; 75] %] 75 ; 100] %	pac ₁ pac ₂ pac ₃ pac ₄
PT	Perte totale d'ADN	[0 ; 25] %] 25 ; 50] %] 50 ; 75] %] 75 ; 100] %	pt ₁ pt ₂ pt ₃ pt ₄

Noeud	Description des variables	Etats	Abrév.
Z	Zone du prélèvement de la trace	appui-tête vitre de la fenêtre (côté du conducteur) frein à main levier de vitesse poignée de pote (côté du conducteur) volant	Z ₁ Z ₂ Z ₃ Z ₄ Z ₅ Z ₆
PrA	Profil dérivant de l'activité	pas de profil profil concordant avec S profil discordant avec S	pra ₁ pra ₂ pra ₃
PrP	Profil dérivant du propriétaire	pas de profil profil concordant avec S profil discordant avec S	prp ₁ prp ₂ prp ₃
PrB	Profil dérivant du bruit de fond	pas de profil profil concordant avec S profil discordant avec S	prb ₁ prb ₂ prb ₃
PrC	Profil dérivant de la contamination	pas de profil profil concordant avec S profil discordant avec S	prc ₁ prc ₂ prc ₃
NC	Nombre de contributeurs du profil de la trace indiciaire	aucun contributeur un contributeur deux contributeurs trois contributeurs quatre contributeurs	nc ₁ nc ₂ nc ₃ nc ₄ nc ₅
E	ADN de la trace indiciaire	pas de profil profil discordant avec S profil simple avec < 1 ng d'ADN concordant avec S profil simple avec 1-5 ng d'ADN concordant avec S profil simple avec > 5 ng d'ADN concordant avec S profil de mélange avec < 1 ng d'ADN concordant avec S profil de mélange avec 1-5 ng d'ADN concordant avec S profil de mélange avec > 5 ng d'ADN concordant avec S	e ₁ e ₂ e ₃ e ₄ e ₅ e ₆ e ₇ e ₈

Tableau 52 : Définition des noeuds et des états des variables utilisés dans le réseau bayésien pour l'exploitation des traces biologiques de contact

La structure finale du réseau bayésien est illustrée dans la page suivante (Figure 33).

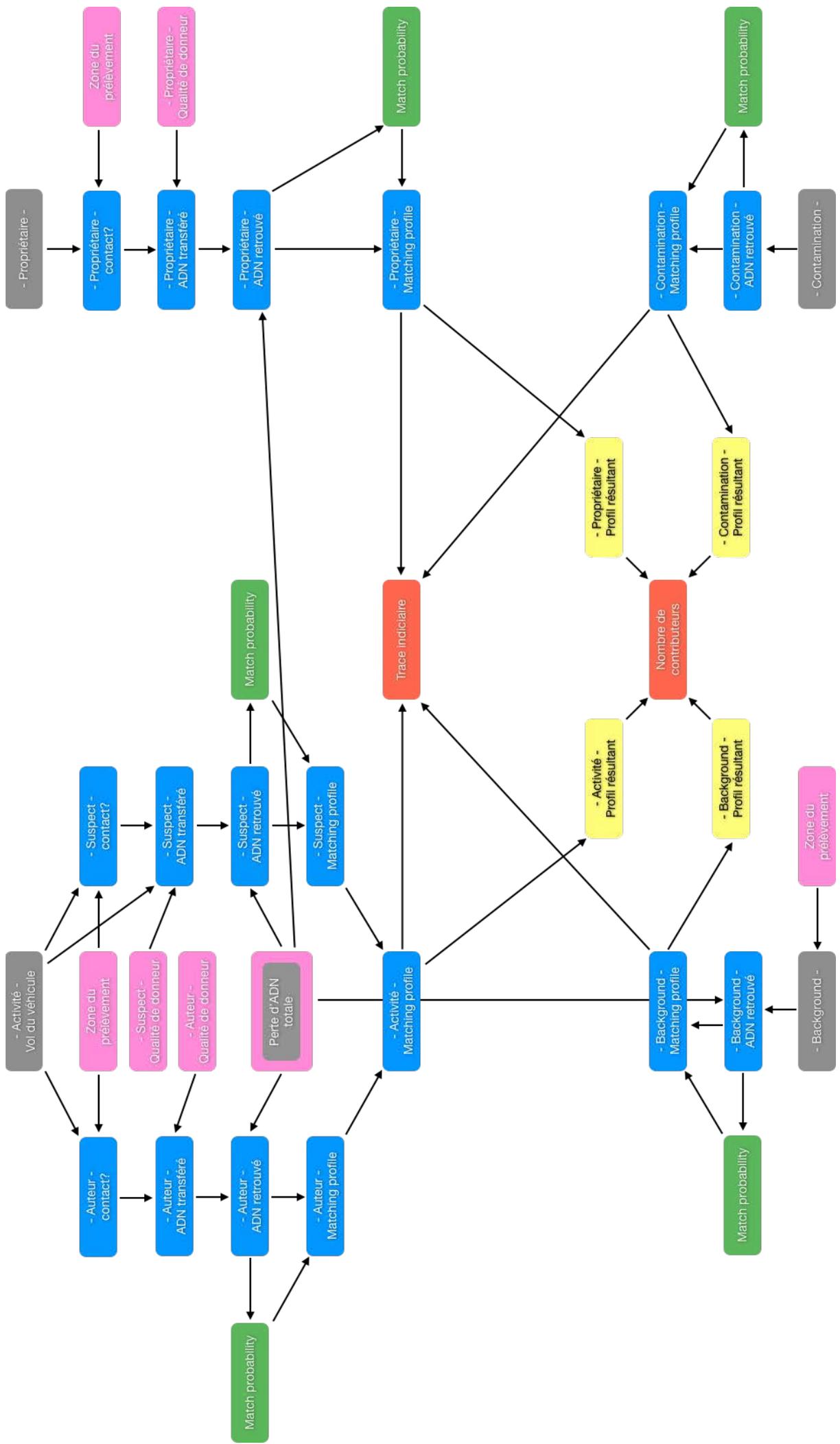


Figure 33 : Réseau bayésien dans son état final

5.3 PARAMETRISATION DU RESEAU BAYESIEN

Il s'agit maintenant d'utiliser les données expérimentales obtenues lors de la partie pratique de l'étude doctorale afin de paramétrer le réseau bayésien en assigner les probabilités attribués aux états de ses noeuds.

Au début de la recherche doctorale, les probabilités assignées aux états du réseau bayésien se basaient sur les données publiées dans les littératures, sur l'expérience et sur l'appréciation personnelle (cf. chapitre 3). Le modèle graphique ainsi construit nous avait ensuite permis de focaliser les expérimentations sur les paramètres qui se sont révélés ayant un fort impact sur l'interprétation des traces de contact au niveau d'activité. À la lumière des résultats obtenus et présentés dans le chapitre 4, il s'agit maintenant d'intégrer les données expérimentales dans le réseau bayésien tout en tenant en considération les estimations des probabilités effectuées au départ. Cette étape a été incluse dans la recherche doctorale afin de fournir une mise à jour des données initiales à priori sur la base de nouvelles informations à disposition (les présentes données expérimentales).

Pour chaque noeud, il y propose de considérer les états comme des variables multinomiales. Le processus d'estimation bayésienne des paramètres invite à une utilisation soit d'une loi Beta (deux classes) ou d'une loi Dirichlet (plus de deux classes). La loi Dirichlet à deux paramètres correspond à la loi Beta. Les paramètres sont représentés par un vecteur c (paramètre 1, paramètre 2, ..., paramètre n), n étant le nombre d'états associés au noeud considéré. Pour ce cas avec deux états, la mise à jour sur la connaissance, partant systématiquement de paramètres à priori de la forme $c(1,1)$, s'effectue par simple addition en fonction du nombre d'observations fait dans chaque classe au fur et à mesure de la considération des nouvelles données à disposition.

5.3.1 Les variables concernant le propriétaire du véhicule

Comme mentionné dans le chapitre 4.3, plusieurs recherches ont été réalisées pour ce qui concerne la qualité des donneurs en ADN. En combinant les valeurs publiées dans la littérature, il en résulte qu'uniquement vingt-cinq candidats pouvaient être définis en tant que bons donneurs (sur 277 personnes).

Les résultats dérivés de la recherche doctorale ont permis de déterminer la fréquence des bons et des mauvais donneurs (0.02 et respectivement 0.98), en admettant que les donneurs de notre simulation (suspect S , auteur du vol X et propriétaire du véhicule V) font partie de la même population, il en résulte que $P(SQ) = P(XQ) = P(VQ)$ de même que $P(\neg SQ) = P(\neg XQ) = P(\neg VQ)$.

À titre d'exemple, la mise à jour du noeud concernant la qualité en tant que donneur en ADN (à deux classes: "bons" et "mauvais" donneurs) se fait selon le schéma suivant:

$$c(1,1) \xrightarrow{\text{littérature}} c(26,253) \xrightarrow{\text{résultats}} c(27,302)$$

Le Tableau 53 illustre les valeurs insérées dans le réseau bayésien ainsi que le counts:

Qualité en tant que donneur en ADN	Noeuds SQ, XQ et VQ
<i>P</i> (bon donneur)	0.0820669 (27)
<i>P</i> (mauvais donneur)	0.9179331 (302)

Tableau 53 : Tableau des probabilités pour les états des variables SQ, XQ et VQ

Dans le tableau consacré au noeud des zones des prélèvements (Tableau 54), les probabilités assignées sont initialement équiprobables, ceci parce que les états en question sont généralement connus dans le cadre de l'évaluation d'un scénario grâce aux informations circonstanciennes, donc leur état sera connu à l'utilisation du réseau dans un cas d'espèce:

Zone du prélèvement de la trace	Noeud Z
<i>P</i> (appui-tête)	0.1667 (1)
<i>P</i> (vitre de la fenêtre du côté du conducteur)	0.1667 (1)
<i>P</i> (frein à main)	0.1667 (1)
<i>P</i> (levier de vitesse)	0.1667 (1)
<i>P</i> (poignée de porte du côté du conducteur)	0.1667 (1)
<i>P</i> (volant)	0.1667 (1)

Tableau 54 : Tableau des probabilités pour les états de la variable Z

Le Tableau 55 concerne les probabilités que le propriétaire d'un véhicule ait des contacts avec les différentes parties de l'habitacle de son propre moyen de transport. À partir des résultats obtenus lors des expériences effectuées avec les véhicules des collaborateurs de l'ESC, il en résulte que même si les propriétaires ou les conducteurs habituels passent relativement beaucoup de temps dans l'habitacle, il n'est pas certain que leur ADN soit déposé et donc retrouvé sur l'ensemble des zones de prélèvement étudiées, ceci dépend également de paramètres tels que la qualité des donneurs en question.

Le noeud VC est lié aux noeuds parent V qui contrôle la présence d'une victime dans l'affaire en question et Z concernant la zone du prélèvement. Dans le tableau des probabilités combiné à la variable décrivant le contact entre les mains du propriétaire et les parties de son véhicule, les valeurs insérées proviennent des expériences entreprises dans les véhicules analysés dans le cadre de cette recherche combinées à celles publiées dans l'article de Lenz et al (2006), présentées dans le chapitre 3.

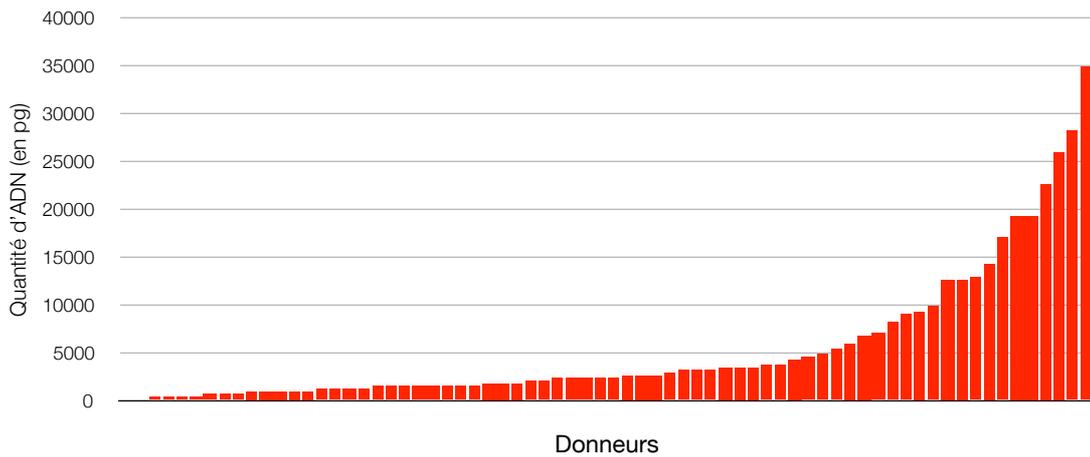
La mise à jour pour la zone de l'appui-tête par exemple (à deux classes, "oui" et "non") d'après les données expérimentales suit le schéma suivant:

$$c(1,1) \xrightarrow{\text{littérature}} c(7,1) \xrightarrow{\text{résultats}} c(17,1)$$

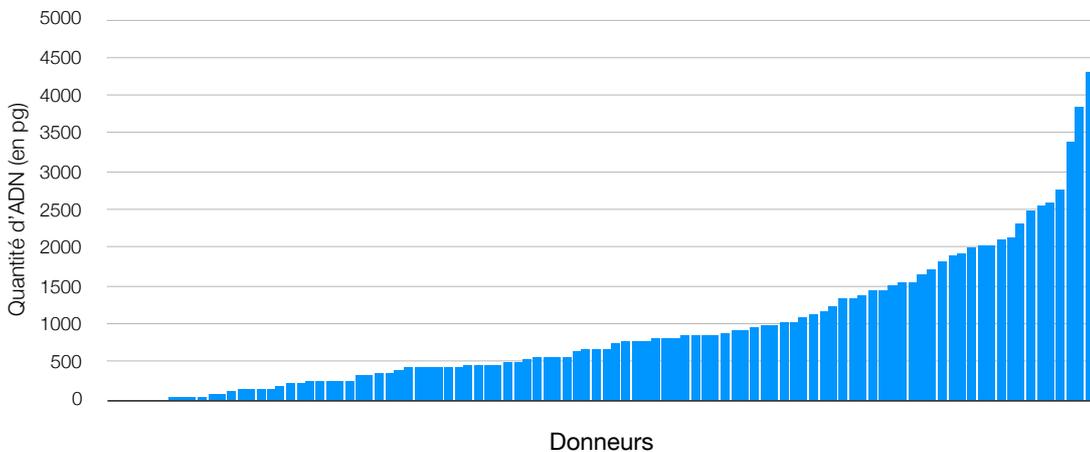
Contact entre le propriétaire du véhicule et son propre véhicule											Noeud VC	
Z	<i>appui-tête</i>		<i>fenêtre</i>		<i>frein à main</i>		<i>levier de vitesse</i>		<i>poignée</i>		<i>volant</i>	
V	<i>oui</i>	<i>non</i>	<i>oui</i>	<i>non</i>	<i>oui</i>	<i>non</i>	<i>oui</i>	<i>non</i>	<i>oui</i>	<i>non</i>	<i>oui</i>	<i>non</i>
<i>contact</i>	0.944 (17)	0	0.354 (17)	0	0.708 (17)	0	1	0	1	0	1	0
<i>pas de contact</i>	0.056 (1)	1	0.646 (31)	1	0.292 (7)	1	0	1	0	1	0	1

Tableau 55 : Tableau des probabilités pour les états de la variable VC

Une fois les probabilités de contact entre un conducteur habituel et les zones des prélèvements assignées, il s'agit ensuite d'étudier les probabilités de transférer de l'ADN sur ces surfaces. Les noeuds du contact et de la qualité du donneur convergent vers le noeud réglant l'ADN transféré. En sachant qu'un contact a eu lieu entre le conducteur et la voiture, il s'agit d'évaluer la probabilité de transférer une quantité d'ADN déterminée selon la qualité du donneur en ADN.



Graphique 30 : Quantités d'ADN (en pg) transférées par des bons donneurs (N=70)



Graphique 31 : Quantités d'ADN en pg transférées par des mauvais donneurs (N=100)

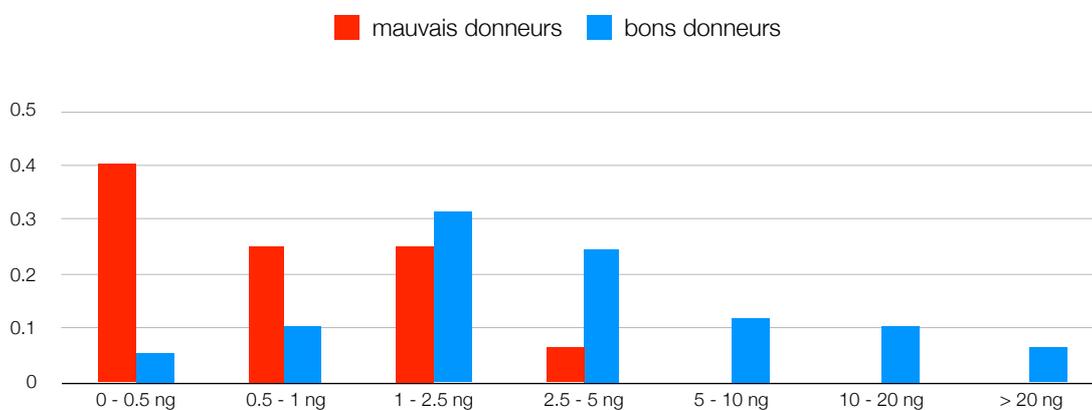
Les Graphiques 30-31 reportent les résultats obtenus lors des différents travaux expérimentaux concernant les quantités de matériel biologique transférées par des bons et des mauvais donneurs.

En considérant des intervalles de quantités d'ADN, nous avons donc calculé la probabilité de transférer ces dites quantités pour chaque type de donneur. Ne disposant pas de valeurs chiffrées des littératures concernant la quantité d'ADN selon le type de donneur, le vecteur des paramètres de la loi Dirichlet de départ prend la forme initiale $c(1, 1, 1, 1, 1, 1, 1)$. Les valeurs ainsi obtenues après l'acquisition des résultats expérimentales sont reportées dans le tableau suivant.

ADN transféré par le propriétaire lors d'un contact				Noeud VT	
contact	oui		non		
	bon donneur	mauvais donneur	bon donneur	mauvais donneur	
<i>P</i> (0 ng)	0.012821 (1)	0.027778 (3)	0.264706 (18)	0.125 (1)	
<i>P</i> (0 - 0.5 ng)	0.051282 (4)	0.379629 (41)	0.588235 (40)	0.125 (1)	
<i>P</i> (0.5 - 1 ng)	0.102564 (8)	0.250000 (27)	0.073529 (5)	0.125 (1)	
<i>P</i> (1 - 2.5 ng)	0.307692 (24)	0.250000 (27)	0.014706 (1)	0.125 (1)	
<i>P</i> (2.5 - 5 ng)	0.243589 (19)	0.064815 (7)	0.014706 (1)	0.125 (1)	
<i>P</i> (5 - 10 ng)	0.115385 (9)	0.009259 (1)	0.014706 (1)	0.125 (1)	
<i>P</i> (10 - 20 ng)	0.102564 (8)	0.009259 (1)	0.014706 (1)	0.125 (1)	
<i>P</i> (> 20 ng)	0.064103 (5)	0.009259 (1)	0.014706 (1)	0.125 (1)	

Tableau 56 : Tableau des probabilités pour les états de la variable VT

L'histogramme suivant (cf. Graphique 32) illustre les résultats obtenus en proportions relatives. Les mauvais donneurs n'ont jamais déposé plus de cinq nanogrammes d'ADN lors des contacts, alors que les quantités de matériel biologique transférées par les bons donneurs sont distribuées dans tous les intervalles considérés avec des probabilités supérieures aux mauvais donneurs entre 1 et 5 nanogrammes.



Graphique 32 : Probabilité des quantités d'ADN (en pg) déposées par les bons et les mauvais donneurs

Le prochain noeud se focalise sur l'ADN retrouvé sur les surfaces cibles pouvant être prélevées par les enquêteurs. Cette variable est nécessaire afin d'évaluer les éventuelles pertes de matériel biologique ayant affecté l'ADN initialement déposé par le donneur lors de la conduite du véhicule. Avant de discuter de la paramétrisation de ce noeud, il faudra donc tout d'abord étudier les variables intervenant dans le phénomène de la persistance.

Quatre noeuds parents sont intégrés dans l'OoBN (cf. Figure 31) régissant la persistance des traces biologiques. Les états de ces noeuds reprennent les conditions étudiées dans le chapitre 4.4 de cette recherche et sont considérées comme équiprobables, ceci également parce que les états en question sont généralement connus dans le cadre de l'évaluation d'un scénario grâce aux informations circonstanciées :

Temps écoulé entre la déposition de la trace par le malfaiteur et le prélèvement de l'indice	Noeud T
<i>P</i> (< 24 heures)	0.5 (1)
<i>P</i> (> 24 heures)	0.5 (1)

Tableau 57 : Tableau des probabilités pour les états de la variable T

Température de stockage à laquelle la surface cible a été exposée	Noeud °C
<i>P</i> (-20 °C)	0.166667 (1)
<i>P</i> (0 °C)	0.166667 (1)
<i>P</i> (20 °C)	0.166667 (1)
<i>P</i> (40 °C)	0.166667 (1)
<i>P</i> (70 °C)	0.166667 (1)
<i>P</i> (100 °C)	0.166667 (1)

Tableau 58 : Tableau des probabilités pour l'états de la variable °C

Activité entreprise par la surface cible	Noeud Ac
<i>P</i> (au repos)	0.5 (1)
<i>P</i> (en mouvement)	0.5 (1)

Tableau 59 : Tableau des probabilités pour l'états de la variable Ac

Lumière du jour à laquelle la surface cible a été exposée	Noeud L
<i>P</i> (à l'abri)	0.5 (1)
<i>P</i> (exposé)	0.5 (1)

Tableau 60 : Tableau des probabilités pour les états de la variable L

Les trois noeuds réglant les pertes dues aux facteurs environnementaux étudiés sont caractérisés par des tableaux indiquant les probabilités d'observer un pourcentage déterminé de perte d'ADN sachant les conditions sous lesquelles la trace a été stockée avant d'être prélevée.

Les pourcentages de perte mesurés pendant les expériences du chapitre 4.4 ont été reportés. Ces valeurs ont été classées en quatre intervalles, à savoir [0%; 25%],]25% à 50%],]50%; 75%] ainsi que]75%; 100%]. Cette classification a ensuite permis de calculer les probabilités de perte en fonction des facteurs caractérisant l'environnement dans lequel la trace a été conservée.

Ne disposant pas de valeurs chiffrées des littératures, le vecteur des paramètres de la loi Dirichlet de départ prend la forme $c(1, 1, 1, 1)$. Les tableaux suivants (cf. Tableaux 61-63) montrent les valeurs introduites dans les noeuds.

Perte due à la température de stockage à laquelle la surface cible a été exposée							Noeud P°C
<i>T</i>	< 24 heures						
°C	-20°C	4°C	20°C	40°C	70°C	100°C	
[0;25] %	0.111111 (1)	0.444445 (4)	1	0.863637 (38)	0.25 (11)	0.111111 (1)	
]25;50] %	0.444445 (4)	0.333333 (3)	0	0.090909 (4)	0.318182 (14)	0.111111 (1)	
]50;75] %	0.333333 (3)	0.111111 (1)	0	0.022727 (1)	0.318182 (14)	0.555556 (5)	
]75;100] %	0.111111 (1)	0.111111 (1)	0	0.022727 (1)	0.113636 (5)	0.222222 (2)	
<i>T</i>	> 24 heures						
°C	-20°C	4°C	20°C	40°C	70°C	100°C	
[0;25] %	0.111111 (1)	0.333333 (3)	1	0.522727 (23)	0.272727 (12)	0.111111 (1)	
]25;50] %	0.444445 (4)	0.444445 (4)	0	0.25 (11)	0.090909 (4)	0.111111 (1)	
]50;75] %	0.333333 (3)	0.111111 (1)	0	0.204546 (9)	0.386364 (17)	0.111111 (1)	
]75;100] %	0.111111 (1)	0.111111 (1)	0	0.022727 (1)	0.25 (11)	0.666667 (6)	

Tableau 61 : Tableau des probabilités pour les états de la variable P°C

Perte due à l'activité entreprise de la surface cible					Noeud PAc
<i>T</i>	< 24 heures			> 24 heures	
	<i>Ac</i>				
	au repos	en mouvement	au repos	en mouvement	
[0;25] %	1	0.157894 (3)	1	0.052632 (1)	
]25;50] %	0	0.736842 (14)	0	0.052632 (1)	
]50;75] %	0	0.052632 (1)	0	0.473683 (9)	
]75;100] %	0	0.052632 (1)	0	0.421053 (8)	

Tableau 62 : Tableau des probabilités pour les états de la variable PAc

Perte due à l'exposition à la lumière de la surface cible					Noeud PL
<i>T</i>	< 24 heures			> 24 heures	
	<i>L</i>				
	à l'abri	exposé	à l'abri	exposé	
[0;25] %	1	0.444445 (4)	1	0.444445 (4)	
]25;50] %	0	0.333333 (3)	0	0.222222 (2)	
]50;75] %	0	0.111111 (1)	0	0.222222 (1)	
]75;100] %	0	0.111111 (1)	0	0.111111 (1)	

Tableau 63 : Tableau des probabilités pour les états de la variable *PL*

Le tableau des probabilités associé au noeud final du phénomène de la persistance *PT* (cf. Tableau 64) prend en considération et combine les éventuelles pertes dues aux différents facteurs environnementaux.

Les 256 probabilités sont alors conditionnées par les états de trois variables de manière logique, par simple distribution des probabilités entre les états possibles issus des combinaisons des valeurs dans les noeuds parents.

Perte totale d'ADN					Noeud PT			
<i>P</i> Ac]0;25] %							
<i>P</i> °C]0;25] %]25;50] %			
<i>PL</i>]0;25] %]25;50] %]50;75] %]75;100] %]0;25] %]25;50] %]50;75] %]75;100] %
]0;25] %	0.3333	0	0	0	0	0	0	0
]25;50] %	0.3333	0.3333	0	0	0.3333	0	0	0
]50;75] %	0.3333	0.3333	0.5	0	0.3333	0.5	0	0
]75;100] %	0	0.3333	0.5	1	0.3333	0.5	1	1
<i>P</i> Ac]0;25] %							
<i>P</i> °C]50;75] %]75;100] %			
<i>PL</i>]0;25] %]25;50] %]50;75] %]75;100] %]0;25] %]25;50] %]50;75] %]75;100] %
]0;25] %	0	0	0	0	0	0	0	0
]25;50] %	0	0	0	0	0	0	0	0
]50;75] %	0.5	0	0	0	0	0	0	0
]75;100] %	0.5	1	1	1	1	1	1	1
<i>P</i> Ac]25;50] %							
<i>P</i> °C]0;25] %]25;50] %			
<i>PL</i>]0;25] %]25;50] %]50;75] %]75;100] %]0;25] %]25;50] %]50;75] %]75;100] %
]0;25] %	0	0	0	0	0	0	0	0
]25;50] %	0.3333	0	0	0	0	0	0	0
]50;75] %	0.3333	0.5	0	0	0.5	0	0	0
]75;100] %	0.3333	0.5	1	1	0.5	1	1	1
<i>P</i> Ac]25;50] %							
<i>P</i> °C]50;75] %]75;100] %			
<i>PL</i>]0;25] %]25;50] %]50;75] %]75;100] %]0;25] %]25;50] %]50;75] %]75;100] %
]0;25] %	0	0	0	0	0	0	0	0
]25;50] %	0	0	0	0	0	0	0	0
]50;75] %	0	0	0	0	0	0	0	0
]75;100] %	1	1	1	1	1	1	1	1
<i>P</i> Ac]50;75] %							
<i>P</i> °C]0;25] %]25;50] %			
<i>PL</i>]0;25] %]25;50] %]50;75] %]75;100] %]0;25] %]25;50] %]50;75] %]75;100] %
]0;25] %	0	0	0	0	0	0	0	0
]25;50] %	0	0	0	0	0	0	0	0
]50;75] %	0	0	0	0	0	0	0	0
]75;100] %	1	1	1	1	1	1	1	1

Perte totale d'ADN					Noeud PT			
[0;25] %	0	0	0	0	0	0	0	0
]25;50] %	0	0	0	0	0	0	0	0
]50;75] %	0.5	0	0	0	0	0	0	0
]75;100] %	0.5	1	1	1	1	1	1	1

PAC]50;75] %							
P°C]50;75] %]75;100] %			
PL	[0;25] %]25;50] %]50;75] %]75;100] %	[0;25] %]25;50] %]50;75] %]75;100] %
[0;25] %	0	0	0	0	0	0	0	0
]25;50] %	0	0	0	0	0	0	0	0
]50;75] %	0	0	0	0	0	0	0	0
]75;100] %	1	1	1	1	1	1	1	1

PAC]75;100] %							
P°C]0;25] %]25;50] %			
PL	[0;25] %]25;50] %]50;75] %]75;100] %	[0;25] %]25;50] %]50;75] %]75;100] %
[0;25] %	0	0	0	0	0	0	0	0
]25;50] %	0	0	0	0	0	0	0	0
]50;75] %	0	0	0	0	0	0	0	0
]75;100] %	1	1	1	1	1	1	1	1

PAC]75;100] %							
P°C]50;75] %]75;100] %			
PL	[0;25] %]25;50] %]50;75] %]75;100] %	[0;25] %]25;50] %]50;75] %]75;100] %
[0;25] %	0	0	0	0	0	0	0	0
]25;50] %	0	0	0	0	0	0	0	0
]50;75] %	0	0	0	0	0	0	0	0
]75;100] %	1	1	1	1	1	1	1	1

Tableau 64 : Tableau des probabilités pour les états de la variable PT

Les variables concernant la persistance ainsi que l'ADN transféré par le conducteur lors des contacts conditionnent ensuite le noeud décrivant l'ADN prélevé par les enquêteurs, VR.

ADN transféré par le propriétaire sur le véhicule lors du contact, persisté et prélevé par les enquêteurs					Noeud VR			
VT	0 ng]0 ; 0.5] ng			
PT	[0;25] %]25;50] %]50;75] %]75;100] %	[0;25] %]25;50] %]50;75] %]75;100] %
0 ng	1	1	1	1	0	0	0	0.5
]0 ; 0.5] ng	0	0	0	0	1	1	1	0.5
]0.5 ; 1] ng	0	0	0	0	0	0	0	0
]1 ; 2.5] ng	0	0	0	0	0	0	0	0
]2.5 ; 5] ng	0	0	0	0	0	0	0	0
]5 ; 10] ng	0	0	0	0	0	0	0	0
]10 ; 20] ng	0	0	0	0	0	0	0	0
>20 ng	0	0	0	0	0	0	0	0

VT]0.5 ; 1] ng]1 ; 2.5] ng			
PT	[0;25] %]25;50] %]50;75] %]75;100] %	[0;25] %]25;50] %]50;75] %]75;100] %

ADN transféré par le propriétaire sur le véhicule lors du contact, persisté et prélevé par les enquêteurs								Noeud VR
0 ng	0	0	0	0.5	0	0	0	0.3333
]0 ; 0.5] ng	0.5	0.5	1	0.5	0	0	0.3333	0.3333
]0.5 ; 1] ng	0.5	0.5	0	0	0.5	0.5	0.3333	0.3333
]1 ; 2.5] ng	0	0	0	0	0.5	0.5	0.3333	0
]2.5 ; 5] ng	0	0	0	0	0	0	0	0
]5 ; 10] ng	0	0	0	0	0	0	0	0
]10 ; 20] ng	0	0	0	0	0	0	0	0
>20 ng	0	0	0	0	0	0	0	0

VT]2.5 ; 5] ng]5 ; 10] ng			
PT]0;25] %]25;50] %]50;75] %]75;100] %]0;25] %]25;50] %]50;75] %]75;100] %
0 ng	0	0	0	0.25	0	0	0	0.25
]0 ; 0.5] ng	0	0	0	0.25	0	0	0	0.25
]0.5 ; 1] ng	0	0	0.5	0.25	0	0	0	0.25
]1 ; 2.5] ng	0.5	0.5	0.5	0.25	0	0	0.5	0.25
]2.5 ; 5] ng	0.5	0.5	0	0	0.5	0.5	0.5	0
]5 ; 10] ng	0	0	0	0	0.5	0.5	0	0
]10 ; 20] ng	0	0	0	0	0	0	0	0
>20 ng	0	0	0	0	0	0	0	0

VT]10 ; 20] ng				> 20 ng			
PT]0;25] %]25;50] %]50;75] %]75;100] %]0;25] %]25;50] %]50;75] %]75;100] %
0 ng	0	0	0	0.2	0	0	0	0.125
]0 ; 0.5] ng	0	0	0	0.2	0	0	0	0.125
]0.5 ; 1] ng	0	0	0	0.2	0	0	0	0.125
]1 ; 2.5] ng	0	0	0	0.2	0	0	0	0.125
]2.5 ; 5] ng	0	0	0.5	0.2	0	0	0	0.125
]5 ; 10] ng	0.5	0.5	0.5	0	0	0	0.3333	0.125
]10 ; 20] ng	0.5	0.5	0	0	0.5	0.5	0.3333	0.125
>20 ng	0	0	0	0	0.5	0.5	0.3333	0.125

Tableau 65 : Tableau des probabilités pour les états de la variable VR

Le dernier noeud régissant la contribution d'ADN provenant du propriétaire du véhicule combine l'ADN transféré par le propriétaire retrouvé par les enquêteurs et comparé avec le profil génétique du suspect S. Les paramètres sont obtenus par déduction logique.

ADN transféré par le propriétaire sur le véhicule lors du contact, persisté et prélevé par les enquêteurs								Noeud VP
VMP	match							
VT en ng	0]0 ; 0.5] ng]0.5 ; 1] ng]1 ; 2.5] ng]2.5 ; 5] ng]5 ; 10] ng]10 ; 20] ng	>20 ng
pas de profil	1	0	0	0	0	0	0	0
profil discordant avec S	0	0	0	0	0	0	0	0
profil avec < 1 ng concordant avec S	0	1	1	0	0	0	0	0
profil avec 1-5 ng concordant avec S	0	0	0	1	1	0	0	0
profil avec > 5 ng concordant avec S	0	0	0	0	0	1	1	1
VMP	pas de match							
VT en ng	0]0 ; 0.5] ng]0.5 ; 1] ng]1 ; 2.5] ng]2.5 ; 5] ng]5 ; 10] ng]10 ; 20] ng	>20 ng

ADN transféré par le propriétaire sur le véhicule lors du contact, persisté et prélevé par les enquêteurs	Noeud VP							
<i>pas de profil</i>	1	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	1	1	1	1	1	1	1
<i>profil avec < 1 ng concordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil avec 1-5 ng concordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil avec > 5 ng concordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0

Tableau 66 : Tableau des probabilités pour les états de la variable VP

5.3.2 Les variables concernant l'activité: le suspect et l'auteur du vol

Selon l'hypothèse envisagée, le contact entre le suspect et le véhicule (décrit par le noeud SC) peut être un événement certain ou impossible. Le Tableau 67 montre les probabilités pour les états du noeud en question.

Sous les hypothèses selon lesquelles le suspect a véritablement volé le véhicule en question ou l'a conduit avant le crime, il doit forcément avoir touché certaines parties de l'habitacle, à savoir le volant et le levier de vitesse pour pouvoir conduire le véhicule ainsi que la poignée de la porte afin de pouvoir sortir du véhicule une fois atteinte sa destination. Il se peut par contre que le suspect, même s'il a effectivement conduit le véhicule, ne parvienne pas à manipuler d'autres zones comme l'appui-tête, le frein à main et la vitre de la fenêtre. Ce concept a déjà été illustré dans le sous-chapitre précédent à l'occasion de l'analyse sur le propriétaire du véhicule.

Parallèlement, sous les hypothèses H_4 et H_5 selon lesquelles le suspect n'a jamais été physiquement dans le véhicule volé, les probabilités de contact sont relativement simples à fixer du moment que l'absence de contact devient un événement légitime et justifié.

En ce qui concerne la dernière hypothèse H_3 , selon laquelle le suspect n'a été qu'un passager légitime du véhicule avant la commission du crime, le sondage présenté dans le chapitre 4.6 a révélé la fréquence des contacts légitimes de la part des passagers avec les surfaces d'intérêt. Il en résulte qu'un passager assis à côté du conducteur n'a physiquement pas la possibilité de toucher certaines zones proches du conducteur, à savoir la poignée de porte et la vitre de la fenêtre, localisées sur le côté du chauffeur. Les probabilités conditionnelles ont été calculées à partir des résultats du sondage: comme pour les autres cas, ne disposant pas de valeurs chiffrées des littératures concernant les contacts des passagers légitimes, le vecteur des paramètres de la loi Dirichlet de départ c (appui-tête, fenêtre, frein à main, levier de vitesse, poignée de la porte, volant, aucun contact) prend la forme $c(1, 1, 1, 1, 1, 1, 1)$ et celui obtenu grâce aux résultats prendra la forme $c(12, 1, 9, 2, 1, 6, 276)$.

Contact entre le suspect et le véhicule											Noeud SC	
Z	<i>appui-tête</i>				<i>fenêtre</i>				<i>frein à main</i>			
H	<i>h_{1/2}</i>	<i>h₃</i>	<i>h₄</i>	<i>h₅</i>	<i>h_{1/2}</i>	<i>h₃</i>	<i>h₄</i>	<i>h₅</i>	<i>h_{1/2}</i>	<i>h₃</i>	<i>h₄</i>	<i>h₅</i>
<i>contact</i>	0.944 (17)	0.039 (12)	0	0	0.354 (17)	0.003 (1)	0	0	0.708 (17)	0.029 (9)	0	0
<i>pas de contact</i>	0.056 (1)	0.961 (290)	1	1	0.646 (31)	0.997 (301)	1	1	0.292 (7)	0.971 (293)	1	1
Z	<i>levier de vitesse</i>				<i>poignée</i>				<i>volant</i>			
H	<i>h_{1/2}</i>	<i>h₃</i>	<i>h₄</i>	<i>h₅</i>	<i>h_{1/2}</i>	<i>h₃</i>	<i>h₄</i>	<i>h₅</i>	<i>h_{1/2}</i>	<i>h₃</i>	<i>h₄</i>	<i>h₅</i>
<i>contact</i>	1	0.007 (2)	0	0	1	0.003 (1)	0	0	1	0.020 (6)	0	0
<i>pas de contact</i>	0	0.993 (300)	1	1	0	0.997 (301)	1	1	0	0.980 (296)	1	1

Tableau 67 : Tableau des probabilités pour les états de la variable SC

Du point de vue de l’auteur du vol, sa contribution d’ADN n’a lieu que sous les hypothèses alternatives, à savoir H_2 , H_3 , H_4 et H_5 , soit lorsque le suspect appréhendé au cours de l’enquête est innocent.

Contact entre l’auteur du vol et le véhicule							Noeud XC	
Z	<i>appui-tête</i>		<i>fenêtre</i>		<i>frein à main</i>			
H	<i>h₁</i>	<i>h_{2/3/4/5}</i>	<i>h₁</i>	<i>h_{2/3/4/5}</i>	<i>h₁</i>	<i>h_{2/3/4/5}</i>		
<i>contact</i>	0	0.994 (17)	0	0.354 (17)	0	0.708 (17)		
<i>pas de contact</i>	1	0.056 (1)	1	0.646 (31)	1	0.292 (7)		
Z	<i>levier de vitesse</i>		<i>poignée</i>		<i>volant</i>			
H	<i>h₁</i>	<i>h_{2/3/4/5}</i>	<i>h₁</i>	<i>h_{2/3/4/5}</i>	<i>h₁</i>	<i>h_{2/3/4/5}</i>		
<i>contact</i>	0	1	0	1	0	1		
<i>pas de contact</i>	1	0	1	0	1	0		

Tableau 68 : Tableau des probabilités pour les états de la variable XC

En effet, si le suspect saisi n’est pas l’auteur du vol, une autre personne a nécessairement commis le crime. Dans cette situation, les probabilités de contact entre le vrai auteur du crime et les parties du véhicule reprennent les mêmes valeurs que celles insérées dans le tableau des probabilités attribué pour le suspect, décrit dans le paragraphe précédent.

Sous l’hypothèse où le suspect appréhendé est responsable du vol, il n’existe pas de “vrai auteur” donc ses contacts avec le véhicule volé n’ont pas de raison d’être.

Les autres noeuds concernant la contribution d’ADN de la part du suspect et du vrai auteur du vol présentent les mêmes tableaux de probabilités que ceux établis pour le propriétaire, à l’exception du noeud réglant l’ADN transféré par le suspect, à savoir ST (Tableau 69).

Lorsqu'on envisage l'hypothèse H_4 d'un transfert indirect, les probabilités de transfert diffèrent. En effet, dans ce cadre de situation, il n'y a pas physiquement un contact entre le donneur et le récepteur, cependant du matériel biologique a été transféré indirectement à travers un ou plusieurs intermédiaires. Les probabilités sont alors calculées à partir des résultats obtenus dans le chapitre 4.7 (cf. Tableau 43).

ADN transféré par le suspect lors d'un contact				Noeud ST	
H	$h_{1/2/3/4/5}$				
contact	oui				
qualité du donneur	bon donneur	mauvais donneur			
$P(0 \text{ ng})$	0.012821 (1)	0.027778 (3)			
$P(0 - 0.5 \text{ ng})$	0.051282 (4)	0.379629 (41)			
$P(0.5 - 1 \text{ ng})$	0.102564 (8)	0.250000 (27)			
$P(1 - 2.5 \text{ ng})$	0.307692 (24)	0.250000 (27)			
$P(2.5 - 5 \text{ ng})$	0.243589 (19)	0.064815 (7)			
$P(5 - 10 \text{ ng})$	0.115385 (9)	0.009259 (1)			
$P(10 - 20 \text{ ng})$	0.102564 (8)	0.009259 (1)			
$P(> 20 \text{ ng})$	0.064103 (5)	0.009259 (1)			
H	$h_{1/2/3/5}$		h_4		
contact	non		non		
qualité du donneur	bon donneur	mauvais donneur	bon donneur	mauvais donneur	
$P(0 \text{ ng})$	1	1	0.264706 (18)	0.625 (43)	
$P(0 - 0.5 \text{ ng})$	0	0	0.588235 (40)	0.28125 (19)	
$P(0.5 - 1 \text{ ng})$	0	0	0.073529 (5)	0.015625 (1)	
$P(1 - 2.5 \text{ ng})$	0	0	0.014706 (1)	0.015625 (1)	
$P(2.5 - 5 \text{ ng})$	0	0	0.014706 (1)	0.015625 (1)	
$P(5 - 10 \text{ ng})$	0	0	0.014706 (1)	0.015625 (1)	
$P(10 - 20 \text{ ng})$	0	0	0.014706 (1)	0.015625 (1)	
$P(> 20 \text{ ng})$	0	0	0.014706 (1)	0.015625 (1)	

Tableau 69 : Tableau des probabilités pour les états de la variable ST

Dans cette partie du réseau bayésien concernant l'activité du suspect et de l'éventuel auteur, un noeud final combine les noeuds SP et XP concernant l'ADN transféré, retrouvé et comparé avec le profil génétique du suspect S . En considérant la possible contribution de toutes les sources d'ADN, il résulte que les profils extraits peuvent être simples ou de mélange, ceci selon les hypothèses envisagées.

Le tableau des probabilités se présente donc de la manière suivante (cf. Tableau 70):

Combinaison de l'ADN dû à l'activité transféré par le suspect et/ou l'auteur du vol						Noeud AP
SP		<i>pas de profil</i>				
XP	<i>pas de profil</i>	<i>profil discordant avec S</i>	<i>profil avec < 1 ng*</i>	<i>profil avec 1-5 ng*</i>	<i>profil avec > 5 ng*</i>	
<i>pas de profil</i>	1	0	0	0	0	
<i>profil discordant avec S</i>	0	1	0	0	0	
<i>profil simple avec < 1 ng*</i>	0	0	1	0	0	
<i>profil simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	1	0	
<i>profil simple avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	1	
<i>profil de mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	
<i>profil de mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	
<i>profil de mélange avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	
SP		<i>profil discordant avec S</i>				
XP	<i>pas de profil</i>	<i>profil discordant avec S</i>	<i>profil avec < 1 ng*</i>	<i>profil avec 1-5 ng*</i>	<i>profil avec > 5 ng*</i>	
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	
<i>profil discordant avec S</i>	1	1	0	0	0	
<i>profil simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	
<i>profil simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	
<i>profil simple avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	
<i>profil de mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	1	0	0	
<i>profil de mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	1	0	
<i>profil de mélange avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	1	
SP		<i>profil avec < 1 ng*</i>				
XP	<i>pas de profil</i>	<i>profil discordant avec S</i>	<i>profil avec < 1 ng*</i>	<i>profil avec 1-5 ng*</i>	<i>profil avec > 5 ng*</i>	
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	
<i>profil simple avec < 1 ng*</i>	1	0	0.5	0	0	
<i>profil simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0.5	0.5	0	
<i>profil simple avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0.5	1	
<i>profil de mélange avec < 1 ng*</i>	0	1	0	0	0	
<i>profil de mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	
<i>profil de mélange avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	
SP		<i>profil avec 1-5 ng*</i>				
XP	<i>pas de profil</i>	<i>profil discordant avec S</i>	<i>profil avec < 1 ng*</i>	<i>profil avec 1-5 ng*</i>	<i>profil avec > 5 ng*</i>	
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	
<i>profil simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	
<i>profil simple avec 1-5 ng*</i>	1	0	0.5	0.5	0	
<i>profil simple avec > 5 ng*</i>	0	0	0.5	0.5	1	
<i>profil de mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	
<i>profil de mélange avec 1-5 ng*</i>	0	1	0	0	0	
<i>profil de mélange avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	
SP		<i>profil avec > 5 ng*</i>				
XP	<i>pas de profil</i>	<i>profil discordant avec S</i>	<i>profil avec < 1 ng*</i>	<i>profil avec 1-5 ng*</i>	<i>profil avec > 5 ng*</i>	
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	
<i>profil simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	
<i>profil simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	
<i>profil simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	
<i>profil de mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	
<i>profil de mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	
<i>profil de mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	

Tableau 70 : Tableaux des probabilités pour les états de la variable AP (* concordant avec le profil du suspect S)

5.3.3 Les variables concernant le bruit de fond

Les résultats acquis dans le chapitre 4.5 nous permettent de paramétrer les noeuds liés au phénomène du bruit de fond. Ce matériel biologique est donc déjà présent sur les surfaces cibles avant la déposition proprement dite d'ADN de la part du malfaiteur qui a volé la voiture. Le Tableau 71 montre les quantités d'ADN extrapolées à partir des prélèvements effectués lors de l'expérience sur le bruit de fond:

	<i>appui-tête</i>	<i>fenêtre</i>	<i>frein à main</i>	<i>levier de vitesse</i>	<i>poignée</i>	<i>volant</i>
	1.325	0	7.025	3.600	3.325	26.025
	0.050	0	0.350	0.575	0.250	2.550
	1.600	0.025	4.950	1.550	1.550	10.000
	2.800	0.050	3.850	12.925	3.250	12.750
	0.125	0	0.050	0.675	0.150	0.550
	2.475	0.025	0.550	1.525	0.425	1.475
	1.425	0.100	0.800	1.425	0.050	0.900
	0.075	0.025	0.025	0.150	0.025	0.300
	2.600	0.050	0.875	1.925	0.300	0.300
	0.600	0.225	4.725	2.550	0.225	22.575
	0.550	0.150	3.025	1.825	1.300	2.325
	0.250	0	1.425	0.350	0.550	0.925
	0.225	0.025	0.475	0.300	0.125	1.225
	0.575	0	0.350	0.175	0.275	0.825
	0.275	0	0.625	0.725	0.400	2.200
	0.575	0.050	0.325	5.800	0.600	0.300
	0.100	0.025	0.150	0.050	0.375	0.675
	0.400	0.025	0.425	0.375	0.025	0.800
	0.150	0.250	0.100	0.375	0.250	0.250
	0.050	0.025	0	0.400	0	0.250

Tableau 71 : Quantités d'ADN (en ng) dues au bruit de fond

Il est alors possible de calculer les probabilités de retrouver une quantité d'ADN déterminée sur les différentes zones de l'habitacle d'un véhicule en combinant avec nos croyances à priori:

Bruit de fond							Noeud B
Z	<i>appui-tête</i>	<i>fenêtre</i>	<i>frein à main</i>	<i>levier de vitesse</i>	<i>poignée</i>	<i>volant</i>	
0 ng	0.041667 (1)	0.291667 (7)	0.083333 (2)	0.041667 (1)	0.083333 (2)	0.041667 (1)	
]0 ; 1] ng	0.625000 (15)	0.625000 (15)	0.583333 (15)	0.500000 (12)	0.666667 (16)	0.500000 (12)	
]1 ; 5] ng	0.291667 (7)	0.041667 (1)	0.250000 (6)	0.333333 (8)	0.208333 (5)	0.250000 (6)	
>5 ng	0.041667 (1)	0.041667 (1)	0.041667 (1)	0.125000 (3)	0.041667 (1)	0.208333 (5)	

Tableau 72 : Tableau des probabilités pour les états de la variable B

En présence de matériel biologique dû au bruit de fond, les prélèvements effectués par les enquêteurs sur les surfaces cibles récoltent inévitablement de l'ADN mélangé composé d'une fraction provenant de l'acte criminel (en admettant que lors du contact de l'ADN a été

transféré) et d'une seconde fraction provenant du conducteur habituel déjà présente dans l'habitacle du véhicule.

Les mêmes conditions de stockage influencent de manière contemporaine tout le "paquet" d'ADN susceptible d'être prélevé lors de l'intervention sur les lieux. Pour cette raison, les éventuelles pertes intervenant sur les quantités déposées par le chauffeur lors de l'acte criminel interviennent également sur les cellules épithéliales recouvrant précédemment les aires d'intérêt. Le noeud *BR* règle les probabilités de retrouver de l'ADN en prenant en considération les éventuelles pertes dues à l'intervention des facteurs environnementaux (cf. Tableau 73).

ADN retrouvé dû au bruit de fond					Noeud BR			
<i>P</i>]0;25] %]25;50] %			
<i>B</i>	0 ng]0 ; 1] ng]1 ; 5] ng	> 5 ng	0 ng]0 ; 1] ng]1 ; 5] ng	> 5 ng
0 ng	1	0	0	0	1	0	0	0
]0 ; 1] ng	0	1	0.5	0	0	1	0.5	0
]1 ; 5] ng	0	0	0.5	0.5	0	0	0.5	0.5
>5 ng	0	0	0	0.5	0	0	0	0.5
<i>P</i>]50;75] %]75;100] %			
<i>B</i>	0 ng]0 ; 1] ng]1 ; 5] ng	> 5 ng	0 ng]0 ; 1] ng]1 ; 5] ng	> 5 ng
0 ng	1	0	0	0	1	0.5	0.3333	0.25
]0 ; 1] ng	0	1	0.5	0	0	0.5	0.3333	0.25
]1 ; 5] ng	0	0	0.5	0.5	0	0	0.3333	0.25
>5 ng	0	0	0	0.5	0	0	0	0.25

Tableau 73 : Tableau des probabilités pour les états de la variable *BR*

En considérant les probabilités de correspondance fortuite avec le profil de référence issu du FMJ du suspect *S*, les probabilités d'obtenir des profils concordant avec *S* sont illustrées dans le Tableau 74:

ADN dû au bruit de fond persisté, retrouvé et prélevé avec la trace, comparé avec le profil du suspect <i>S</i>					Noeud BP			
<i>BMP</i>	<i>match</i>				<i>pas de match</i>			
<i>BR en ng</i>	0]0 ; 1]]1 ; 5]	> 5	0]0 ; 1]]1 ; 5]	> 5
pas de profil	1	0	0	0	1	0	0	0
profil discordant avec <i>S</i>	0	0	0	0	0	1	1	1
profil avec < 1 ng concordant avec <i>S</i>	0	1	0	0	0	0	0	0
profil avec 1-5 ng concordant avec <i>S</i>	0	0	1	0	0	0	0	0
profil avec > 5 ng concordant avec <i>S</i>	0	0	0	1	0	0	0	0

Tableau 74 : Tableau des probabilités pour les états de la variable *BP*

5.3.4 Les variables concernant les contaminations

Les contaminations considérées dans le réseau bayésien impliquent les contributions provenant des enquêteurs intervenus sur les lieux et celles du personnel des laboratoires. Les risques de ce genre de contaminations, grâce aux précautions entreprises, sont relativement réduits même s'ils ne pourront jamais être exclus catégoriquement. Les valeurs en question ont été assignées selon l'appréciation de la soussignée ainsi que du généticien forensique Cossu de l'IRM de St. Gallen²¹.

Contamination	Noeud C
<i>oui</i>	0.001
<i>non</i>	0.999

Tableau 75 : Tableau des probabilités pour les états de la variable C

Il s'agit maintenant d'évaluer les probabilités de retrouver et de détecter des quantités d'ADN provenant des contaminations externes. Cet ADN pourrait provenir des traces de contact ayant éventuellement persistées sur les gants portés par les enquêteurs et des traces riches en ADN (comme la salive lorsque les intervenants ne portent pas de masques et postillonnent pendant les prélèvements). Nous avons estimé que les quantités d'ADN peuvent fortement varier: en terme de picogrammes pour les traces pauvres déposées par voies indirectes et de l'ordre du nanogramme pour les traces riches transférées par les voies orales et/ou nasales. En tenant compte de cette possible variation, nous avons estimé les probabilités de retrouver ces quantités de matériel biologique de la façon suivante (cf. Tableau 76):

C	ADN dû aux contaminations retrouvé dans la trace analysée		Noeud CR
	<i>oui</i>	<i>non</i>	
<i>0 ng</i>	0	1	
<i>]0 ; 1] ng</i>	0.3333	0	
<i>]1 ; 5] ng</i>	0.3333	0	
<i>>5 ng</i>	0.3333	0	

Tableau 76 : Tableau des probabilités pour les états de la variable CR

Le dernier noeud de cette partie du réseau bayésien concerne les quantités d'ADN dues au phénomène des contaminations retrouvées et comparées avec le profil de référence du suspect S. Les paramètres du Tableau 77 s'obtiennent de manière déductive.

²¹ Communication personnelles de Cossu, 2014.

ADN dû aux contaminations retrouvée dans la trace analysée et comparé avec le profil du suspect S								Noeud CP	
CMP	match				pas de match				
	0]0 ; 1]]1 ; 5]	> 5	0]0 ; 1]]1 ; 5]	> 5	
CR en ng									
<i>pas de profil</i>	1	0	0	0	1	0	0	0	
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	1	1	1	
<i>profil avec < 1 ng concordant avec S</i>	0	1	0	0	0	0	0	0	
<i>profil avec 1-5 ng concordant avec S</i>	0	0	1	0	0	0	0	0	
<i>profil avec > 5 ng concordant avec S</i>	0	0	0	1	0	0	0	0	

Tableau 77 : Tableau des probabilités pour les états de la variable CP

5.3.5 La variable concernant le profil génétique résultant de la trace indiciaire

Pour terminer, les noeuds centraux du réseau bayésien à savoir *E* (profil del trace indiciaire) ainsi que *NC* (nombre des contributeurs du profil de la trace indiciaire) sont conditionnés par les quatre noeuds résultant des différents phénomènes étudiés: l'ADN provenant de l'activité criminelle *AP/PrA*, l'ADN déposé par la victime du crime *VP/PrV*, l'ADN dérivant des contaminations *CP/PrC* et l'ADN dû au bruit de fond *BP/PrB*.

Les paramètres des tableaux des probabilités des noeuds réglant les profils résultant des phénomènes étudiés s'obtiennent de manière déductive (cf. Tableaux 78-81).

Profil dérivant de l'activité		Noeud PrA			
<i>Activité Matching profile</i>	<i>pas de profil</i>	<i>profil discordant avec S</i>	<i>Profil simple avec < 1 ng d'ADN concordant avec S</i>	<i>Profil simple avec 1-5 ng d'ADN concordant avec S</i>	
<i>pas de profil</i>	1	0	0	0	
<i>profil concordant avec S</i>	0	0	1	1	
<i>profil discordant avec S</i>	0	1	0	0	
<i>Activité Matching profile</i>	<i>Profil simple avec > 5 ng d'ADN concordant avec S</i>	<i>Profil de mélange avec < 1 ng d'ADN concordant avec S</i>	<i>Profil de mélange avec 1-5 ng d'ADN concordant avec S</i>	<i>Profil de mélange avec > 5 ng d'ADN concordant avec S</i>	
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	
<i>profil concordant avec S</i>	1	0.5	0.5	0.5	
<i>profil discordant avec S</i>	0	0.5	0.5	0.5	

Tableau 78 : Tableau des probabilités pour les états de la variable PrA

Profil dérivant du propriétaire		Noeud PrP			
<i>Propriétaire Matching profile</i>	<i>pas de profil</i>	<i>profil discordant avec S</i>	<i>Profil simple avec < 1 ng d'ADN concordant avec S</i>	<i>Profil simple avec 1-5 ng d'ADN concordant avec S</i>	<i>Profil simple avec > 5 ng d'ADN concordant avec S</i>
<i>pas de profil</i>	1	0	0	0	0
<i>profil concordant avec S</i>	0	0	1	1	1
<i>profil discordant avec S</i>	0	1	0	0	0

Tableau 79 : Tableau des probabilités pour les états de la variable PrP

Profil dérivant du bruit de fond			Noeud PrB		
Background Matching profile	pas de profil	profil discordant avec S	Profil simple avec < 1 ng d'ADN concordant avec S	Profil simple avec 1-5 ng d'ADN concordant avec S	Profil simple avec > 5 ng d'ADN concordant avec S
pas de profil	1	0	0	0	0
profil concordant avec S	0	0	1	1	1
profil discordant avec S	0	1	0	0	0

Tableau 80 : Tableau des probabilités pour les états de la variable PrB

Profil dérivant de la contamination			Noeud PrC		
Contamination Matching profile	pas de profil	profil discordant avec S	Profil simple avec < 1 ng d'ADN concordant avec S	Profil simple avec 1-5 ng d'ADN concordant avec S	Profil simple avec > 5 ng d'ADN concordant avec S
pas de profil	1	0	0	0	0
profil concordant avec S	0	0	1	1	1
profil discordant avec S	0	1	0	0	0

Tableau 81 : Tableau des probabilités pour les états de la variable PrC

De la même façon déductive le tableau du noeud réglant le nombre des contributeurs du profil de la trace indiciaire a été rempli (cf. Tableau 82):

Nombre de contributeurs du profil de la trace indiciaire										Noeud NC
PrC	pas de profil									
PrB	pas de profil									
PrA	pas de profil			profil concordant avec S			profil discordant avec S			
PrV	pas de profil	profil concordant avec S	profil discordant avec S	pas de profil	profil concordant avec S	profil discordant avec S	pas de profil	profil concordant avec S	profil discordant avec S	
0 contributeur	1	0	0	0	0	0	0	0	0	
1 contributeur	0	1	1	1	1	0	1	0	0	
2 contributeurs	0	0	0	0	0	1	0	1	1	
3 contributeurs	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
4 contributeurs	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
PrC	pas de profil									
PrB	profil concordant avec S									
PrA	pas de profil			profil concordant avec S			profil discordant avec S			
PrV	pas de profil	profil concordant avec S	profil discordant avec S	pas de profil	profil concordant avec S	profil discordant avec S	pas de profil	profil concordant avec S	profil discordant avec S	
0 contributeur	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
1 contributeur	1	1	0	1	1	0	0	0	0	
2 contributeurs	0	0	1	0	0	1	1	1	0	
3 contributeurs	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
4 contributeurs	0	0	0	0	0	0	0	0	0	

Nombre de contributeurs du profil de la trace indiciare										Noeud NC
PrC	pas de profil									
PrB	profil discordant avec S									
PrA	pas de profil			profil concordant avec S			profil discordant avec S			
PrV	pas de profil	profil concordant avec S	profil discordant avec S	pas de profil	profil concordant avec S	profil discordant avec S	pas de profil	profil concordant avec S	profil discordant avec S	
0 contributeur	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
1 contributeur	1	0	0	0	0	0	0	0	0	
2 contributeurs	0	1	1	1	1	0	1	0	0	
3 contributeurs	0	0	0	0	0	1	0	1	1	
4 contributeurs	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
PrC	profil concordant avec S									
PrB	pas de profil									
PrA	pas de profil			profil concordant avec S			profil discordant avec S			
PrV	pas de profil	profil concordant avec S	profil discordant avec S	pas de profil	profil concordant avec S	profil discordant avec S	pas de profil	profil concordant avec S	profil discordant avec S	
0 contributeur	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
1 contributeur	1	1	0	1	1	0	0	0	0	
2 contributeurs	0	0	1	0	0	1	1	1	0	
3 contributeurs	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
4 contributeurs	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
PrC	profil concordant avec S									
PrB	profil concordant avec S									
PrA	pas de profil			profil concordant avec S			profil discordant avec S			
PrV	pas de profil	profil concordant avec S	profil discordant avec S	pas de profil	profil concordant avec S	profil discordant avec S	pas de profil	profil concordant avec S	profil discordant avec S	
0 contributeur	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
1 contributeur	1	1	0	1	1	0	0	0	0	
2 contributeurs	0	0	1	0	0	1	1	1	0	
3 contributeurs	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
4 contributeurs	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
PrC	profil concordant avec S									
PrB	profil discordant avec S									
PrA	pas de profil			profil concordant avec S			profil discordant avec S			
PrV	pas de profil	profil concordant avec S	profil discordant avec S	pas de profil	profil concordant avec S	profil discordant avec S	pas de profil	profil concordant avec S	profil discordant avec S	
0 contributeur	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
1 contributeur	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
2 contributeurs	1	1	0	1	1	0	0	0	0	
3 contributeurs	0	0	1	0	0	1	1	1	0	
4 contributeurs	0	0	0	0	0	0	0	0	1	

Nombre de contributeurs du profil de la trace indiciaire										Noeud NC
PrC	profil discordant avec S									
PrB	pas de profil									
PrA	pas de profil			profil concordant avec S			profil discordant avec S			
PrV	pas de profil	profil concordant avec S	profil discordant avec S	pas de profil	profil concordant avec S	profil discordant avec S	pas de profil	profil concordant avec S	profil discordant avec S	
0 contributeur	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
1 contributeur	1	0	0	0	0	0	0	0	0	
2 contributeurs	0	1	1	1	1	0	1	0	0	
3 contributeurs	0	0	0	0	0	1	0	1	1	
4 contributeurs	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
PrC	profil discordant avec S									
PrB	profil concordant avec S									
PrA	pas de profil			profil concordant avec S			profil discordant avec S			
PrV	pas de profil	profil concordant avec S	profil discordant avec S	pas de profil	profil concordant avec S	profil discordant avec S	pas de profil	profil concordant avec S	profil discordant avec S	
0 contributeur	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
1 contributeur	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
2 contributeurs	1	1	0	1	1	0	0	0	0	
3 contributeurs	0	0	1	0	0	1	1	1	0	
4 contributeurs	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
PrC	profil discordant avec S									
PrB	profil discordant avec S									
PrA	pas de profil			profil concordant avec S			profil discordant avec S			
PrV	pas de profil	profil concordant avec S	profil discordant avec S	pas de profil	profil concordant avec S	profil discordant avec S	pas de profil	profil concordant avec S	profil discordant avec S	
0 contributeur	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
1 contributeur	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
2 contributeurs	1	0	0	0	0	0	0	0	0	
3 contributeurs	0	1	1	1	1	0	1	0	0	
4 contributeurs	0	0	0	0	0	1	0	1	1	

Tableau 82 : Tableau des probabilités pour les états de la variable NC

Le tableau des probabilités du noeud final *E* est composé de 8'000 probabilités conditionnelles. Les états de ce paramètre sont: aucun profil détecté, le profil discordant avec S ainsi que les profils simples et de mélange concordant avec S et présentant différentes concentrations d'ADN. Le tableau des probabilités associé à ce noeud *E* est le Tableau 78, fourni en annexe (cf. Annexe C1).

Le réseau bayésien a ainsi été paramétrisé à travers les tableaux des probabilités illustrés en détails dans ces derniers paragraphes. La Figure 34 de la page suivante présente le réseau bayésien dans son état final.

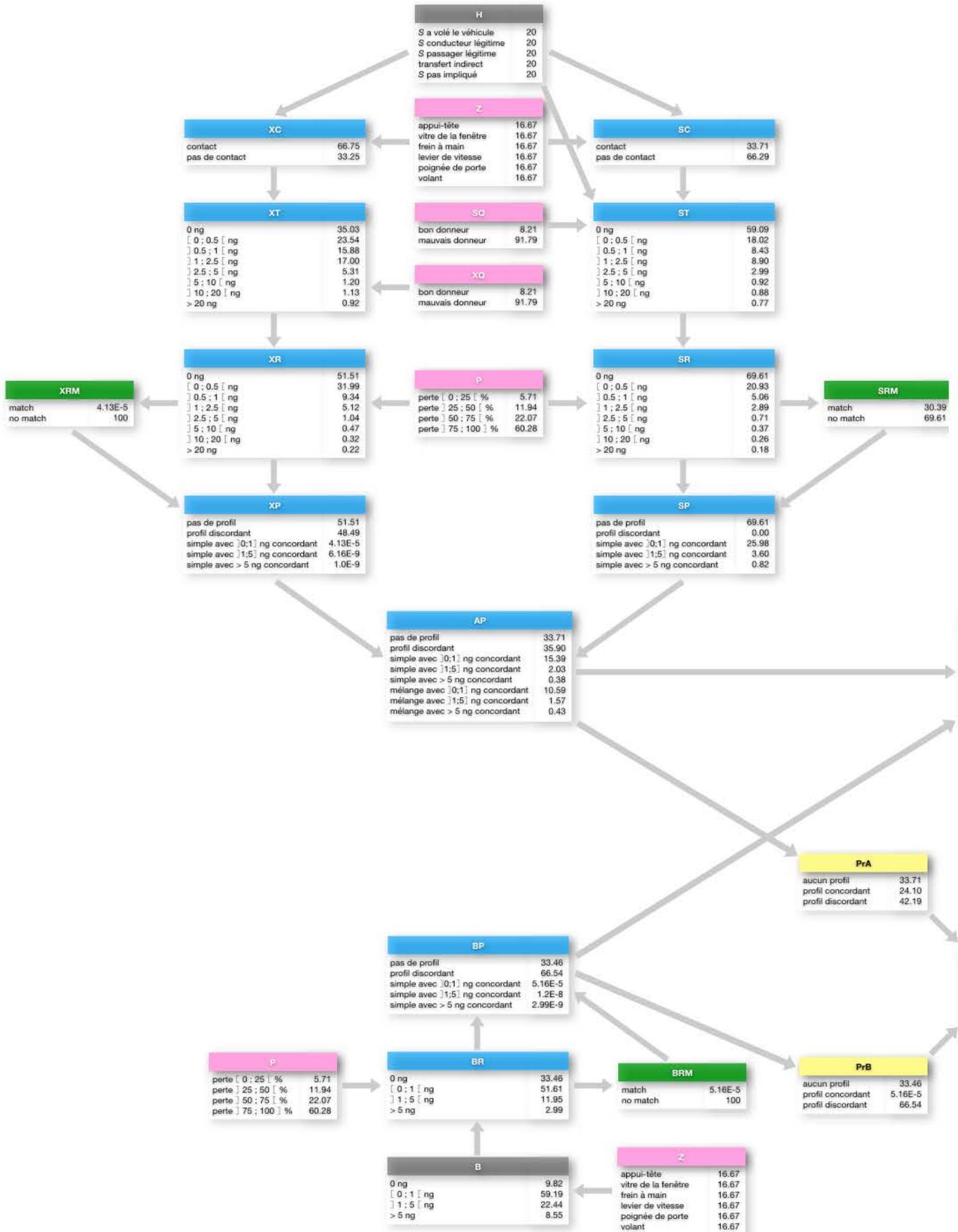
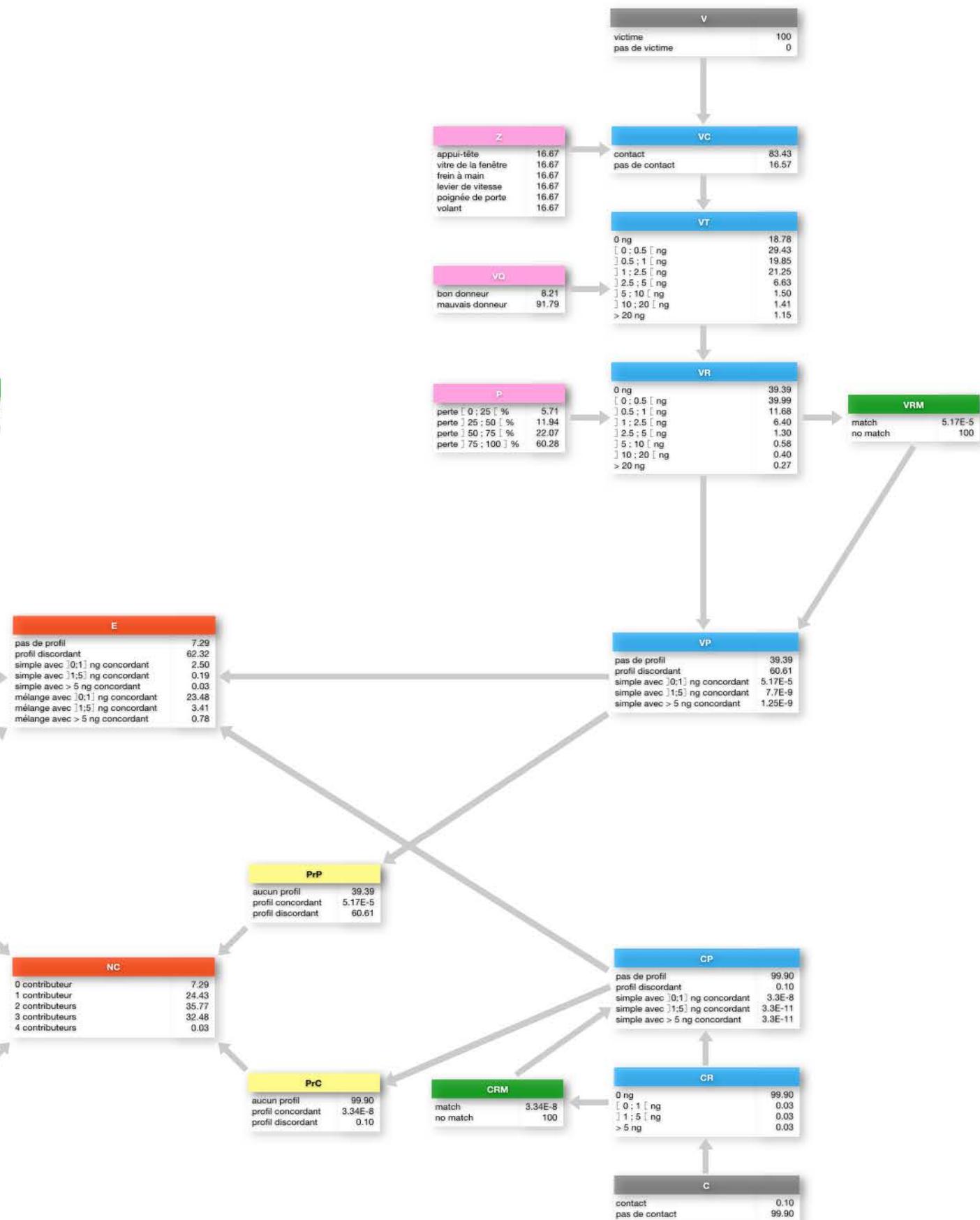


Figure 34 : Les états des noeuds du réseau bayésien dans son état initial

Paramétrisation à la lumière des données acquises et validation du réseau bayésien



5.4 VALIDATION DU RESEAU BAYESIEN

Les connaissances concernant les différents phénomènes intervenant dans l'exploitation des traces biologiques ont pu être approfondies tout au long des expérimentations entreprises. Parallèlement, les résultats obtenus ont permis de paramétrer le modèle graphique dont l'architecture de base a été définie au début de la recherche.

Comme pour tout modèle élaboré, il est impératif de valider le réseau bayésien avant de pouvoir en faire usage. En effet, toute modélisation compte trois phases distinctes: la construction du modèle graphique, sa validation et enfin son utilisation (Wahlström, 1994). Ceci parce qu'il n'existe qu'une seule construction possible pour représenter un phénomène déterminé et il est donc indispensable de vérifier si l'architecture proposée est correcte.



Valider le réseau bayésien construit pour l'exploitation des traces d'ADN de contact à l'aide d'un scénario

Pour ce faire, nous avons envisagé de comparer les résultats obtenus à l'aide du réseau bayésien avec ceux issus des calculs classiques proposés par la littérature, exposés dans le chapitre 1.

Scénario envisagé:

Une voiture a été volée et retrouvée quelques heures après dans le parking souterrain d'un centre commercial, à l'abri de la lumière et de la chaleur. Les inspecteurs du service d'identité judiciaire effectuent un prélèvement sur le volant du véhicule. Ce dernier est envoyé au laboratoire de génétique forensique et un profil simple présentant une quantité supérieure à 5ng d'ADN est obtenu. En le comparant avec le profil de référence issu du FMJ du propriétaire de la voiture, il résulte que les allèles révélés montrent trop de discordances inexplicables pour que les deux profils proviennent de la même source. La contribution du conducteur habituel de la voiture est donc exclue et les résultats de l'électrophorégramme sont ensuite insérés dans la base de données nationale. Aucune correspondance n'est renvoyée.

Quelques jours après, un suspect est arrêté en flagrant délit lors du vol d'un autre véhicule dans la même région et en recourant au même modus operandi que le vol précédent. Des soupçons se sont donc portés sur cet individu et son profil génétique a été confronté au profil établi à partir de la trace indiciaire prélevée précédemment. Les deux profils présentent des concordances au niveau de chacun des allèles des systèmes analysés et aucune discordance n'a été mise en évidence.

Afin d'évaluer la valeur de cette non-différentiation, on considère les deux hypothèses alternatives suivantes:

H_p : le suspect a conduit le véhicule

H_d : le suspect n'a pas conduit le véhicule, mais une autre personne non apparentée au suspect est impliquée dans l'affaire

L'évaluation de l'indice biologique se fait ici au niveau de l'activité. Les paramètres concernant la rareté des caractéristiques de la trace, les probabilités de transfert et de bruit de fond doivent être considérés.

Afin de calculer le rapport de vraisemblance, à savoir $P(E | H_p, I)$ et $P(E | H_d, I)$, la formule présentée au sous-chapitre 1.5.2 a été utilisée. En insérant dans la formule les données chiffrées obtenues durant la partie expérimentale de cette recherche, nous obtenons:

$$\begin{aligned}
 LR &= \frac{P(E | H_p, I)}{P(E | H_d, I)} = \\
 &= \frac{P(y | x, H_p, T_{>5ng}) \cdot P(T_{>5ng} | x, H_p) + P(y | x, H_p, T_0) \cdot P(T_0 | x, H_p)}{P(y | x, H_d, T_{>5ng}) \cdot P(T_{>5ng} | x, H_d) + P(y | x, H_d, T_0) \cdot P(T_0 | x, H_d)} = \\
 &= \frac{b_0 \cdot t_{>5ng} + b_{>5ng} \cdot \gamma \cdot t_0}{b_0 \cdot \gamma \cdot t'_{>5ng} + b_{>5ng} \cdot \gamma \cdot t'_0} = \\
 &= \frac{\underbrace{0.04386}_{b_0} \cdot \underbrace{0.282051}_{t_{>5ng}} + \underbrace{0.219298}_{b_{>5ng}} \cdot \underbrace{10^{-9}}_{\gamma} \cdot \underbrace{0.012821}_{t_0}}{\underbrace{0.04386}_{b_0} \cdot \underbrace{10^{-9}}_{\gamma} \cdot \underbrace{0.282051}_{t'_{>5ng}} + \underbrace{0.219298}_{b_{>5ng}} \cdot \underbrace{10^{-9}}_{\gamma} \cdot \underbrace{0.012821}_{t'_0}} = 9.779 \cdot 10^8
 \end{aligned}$$

En utilisant le réseau bayésien, le LR obtenu est de $9.996 \cdot 10^8$. Ce résultat a été obtenu en tenant compte d'une absence d'ADN provenant des contaminations étrangères ainsi que d'une perte de matériel biologique relativement réduite (entre 0 et 25%) en relation aux éventuelles influences dues aux conditions de conservation de la trace. La voiture a été retrouvée quelques heures après dans le parking souterrain, où les facteurs environnementaux comme la température et l'exposition à la lumière ne devraient pas avoir influencé de façon notable la persistance des traces. De plus, entre le moment du vol et la localisation du véhicule par les forces de l'ordre, les surfaces sur lesquelles le malfaiteur a éventuellement déposé ses cellules épithé-

liales sont restées statiques. Sur la base de ces constatations, la quantité et la qualité du matériel biologique déposé lors de l'activité criminelle ne devrait pas avoir subi de modifications importantes. La présence d'une victime (propriétaire du véhicule volé) a été également prise en considération.

Même si très proches et du même ordre de grandeur (10^{+8}), les deux valeurs de rapport de vraisemblance obtenues à travers les deux méthodes de calculs diffèrent entre eux. Cette variation peut être expliquée par le fait que le réseau bayésien prend en considération un nombre plus grand de variables reliées entre elles qui n'est pas intégré dans la formule classique de la littérature.

Comme les quatre sections du réseau bayésien, dédiées aux contributions provenant du transfert, du bruit de fond, de la contamination et de la présence d'une victime, sont structurées selon le même principe de conception, il est ainsi possible valider la construction en apportant quelques simplifications à sa structure. La procédure adoptée pour la validation du réseau bayésien par Palmer dans sa thèse de doctorat (2016) est ici reprise.

La comparaison entre la structure de base du réseau bayésien présentée dans l'ouvrage de Taroni et collaborateurs (2014) pour la gestion du phénomène du transfert au niveau de l'activité (Figure 35a) et celle du réseau bayésien conçu lors de cette recherche doctorale (Figure 35b) permet de montrer leurs similitudes:

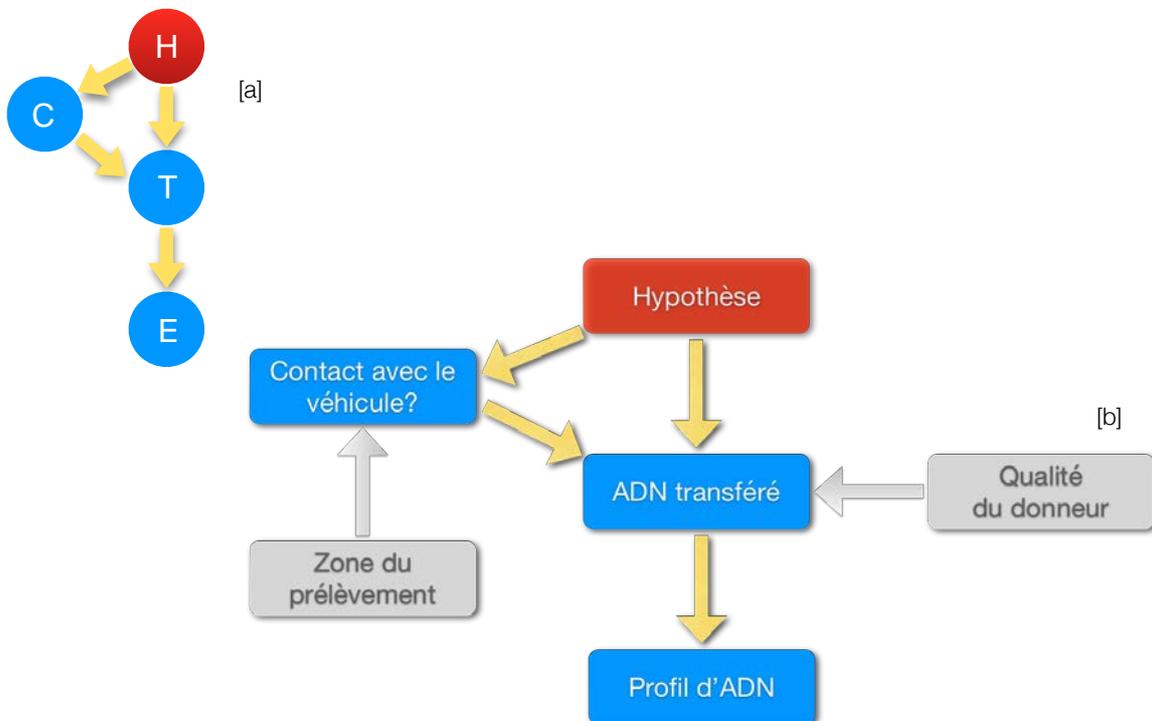


Figure 35 : Comparaison du réseau bayésien [b] avec la structure de base proposée [a] dans la littérature (Taroni et al, 2014)

Les noeuds supplémentaires (en gris dans la Figure 35b), à savoir ceux réglant la qualité du donneur et la zone du prélèvement, ont été alors négligés lors de cette étape de validation. Cela est nécessaire afin de pouvoir comparer la valeur calculée à l'aide de la formule de la littérature avec celle extraite de l'outil informatique.

La structure de base du réseau bayésien proposée par la littérature englobe les noeuds suivants:

- Hp Le suspect a agressé la victime.
Hd Les suspect n'a pas agressé la victime.
- C Le suspect a été en contact avec la victime.
 \bar{C} Le suspect n'a pas été en contact avec la victime.
- T Un transfert a eu lieu.
 \bar{T} Aucun transfert n'a eu lieu.
- E Les caractéristiques de la trace n'est pas différentiable de celles de l'échantillon de comparaison.
 \bar{E} Les caractéristiques de la trace est différentiable de celles de l'échantillon de comparaison.

qui peuvent être orientés pour un cas de vol de véhicule de la façon suivante:

- Hp Le suspect a conduit le véhicule.
Hd Les suspect n'a pas conduit le véhicule.
- C Le suspect a été en contact avec le volant du véhicule.
 \bar{C} Le suspect n'a pas été en contact avec le volant du véhicule.
- T Le suspect a transféré son ADN sur le volant du véhicule.
 \bar{T} Le suspect n'a pas transféré son ADN sur le volant du véhicule.
- E Le profil de la trace n'est pas différentiable du profil de référence du suspect.
 \bar{E} Le profil de la trace est différentiable du profil de référence du suspect.

Le rapport de vraisemblance s'obtient alors à l'aide de la formule reportée dans la littérature (Taroni et al, 2014):

$$LR = \frac{P(E | H_p, I)}{P(E | H_d, I)} = \frac{c \cdot t + [c \cdot (1-t) + (1-c)] \cdot \gamma_b}{d \cdot s + [d \cdot (1-s) + (1-d)] \cdot \gamma_b}$$

avec:

- $P(C | H_p) = c$, à savoir la probabilité que le suspect soit entré en contact avec le volant du véhicule s'il l'a effectivement conduit. Cette probabilité vaut 1.
- $P(C | H_d) = d$, c'est-à-dire la probabilité d'un contact entre le volant du véhicule volé et le suspect alors qu'il n'est pas impliqué dans l'affaire. Il s'agit donc d'un événement irréalisable. Cependant, comme le suspect pourrait avoir manipulé la surface du prélèvement pour d'autres raisons, la probabilité d a été fixée à 10^{-9} .
- $P(T | C, H_p) = t$ et $P(T | C, H_d) = s$, à savoir les probabilités que le suspect ait transféré son matériel biologique ($> 5ng$) lors de son contact avec le volant du véhicule sous chacune des hypothèses de travail. Les valeurs en question dérivent des résultats obtenus lors des expériences.
- γ_b représente le produit de deux probabilités distinctes:
 - $b_{1, >5ng}$, c'est-à-dire la probabilité de retrouver un profil avec $> 5ng$ d'ADN par hasard sur le volant du véhicule;
 - γ , à savoir la probabilité que les caractéristiques génétiques du profil de la trace soient indifférentiables de celles du profil de référence du suspect.

Le rapport de vraisemblance résultant est donc:

$$\begin{aligned}
 LR &= \frac{P(E | H_p, I)}{P(E | H_d, I)} = \frac{c \cdot t + [c \cdot (1-t) + (1-c)] \cdot \gamma_b}{d \cdot s + [d \cdot (1-s) + (1-d)] \cdot \gamma_b} \\
 &= \frac{\overbrace{1}^c \cdot \overbrace{0.98179}^t + [\overbrace{1}^c \cdot (1 - \overbrace{0.98179}^t) + (1 - 1)] \cdot \overbrace{9.5614 \cdot 10^{-10}}^{\gamma_b}}{\underbrace{10^{-9}}_d \cdot \underbrace{0.98179}_s + [\underbrace{10^{-9}}_d \cdot (1 - \underbrace{0.98179}_s) + (1 - \underbrace{10^{-9}}_d)] \cdot \underbrace{9.5614 \cdot 10^{-10}}_{\gamma_b}} = 5.1 \cdot 10^8
 \end{aligned}$$

La même valeur de $5.1 \cdot 10^8$ a été obtenue à l'aide du réseau bayésien, en validant ainsi sa structure de base.

Chapitre 6

Analyse de la sensibilité

6.1 INTRODUCTION

La validation du modèle graphique probabiliste a été atteinte dans le chapitre précédent, cependant il ne suffit pas de s'appuyer uniquement sur les analyses expérimentales dans le dessein d'alimenter le réseau construit. Jusqu'à présent, les données ont été récoltées pour des valeurs délicates et évaluées précédemment de façon subjective. Mais l'intégration de ces informations dans la modélisation graphique ne constitue pas uniquement une simple démarche de "copier-coller". Il est impératif d'explorer la robustesse des résultats obtenus. Le but de cette partie de recherche est d'évaluer la sensibilité des rapports de vraisemblance en réalisant plusieurs simulations de cas afin de démontrer que la distribution des valeurs des rapports de vraisemblance obtenus reste toujours dans des marges malgré les incertitudes inhérentes aux phénomènes et à la limitation des données. En d'autres termes, l'objectif est de:



Etudier la sensibilité
de la méthode proposée

Le rapport de vraisemblance dépendra évidemment des données associées à chacun des noeuds intégrés dans le réseau bayésien. Il est possible d'effectuer des simulations de cas et d'observer à chaque fois le comportement de cette valeur: cela nous permettra de construire une enveloppe englobant l'ensemble des valeurs du rapport de vraisemblance.

Le réseau développé sous *Hugin Expert 7.8* peut être exploité systématiquement (sans recourir à l'interface graphique de *Hugin*) dans *R*²² grâce à *RHugin*²³. Toutefois il est nécessaire de disposer de *Hugin* pour pouvoir disposer de la passerelle entre *R* et *Hugin* par *RHugin*. L'ensemble opère sous *RStudio*²⁴ qui centralise les outils et permettent une recherche reproductible grâce à l'emploi d'un fichier R Markdown Document²⁵ (RMD).

Un jeu de fonctions a été développé pour permettre les simulations suivants:

- (1) Calculer les rapports de vraisemblances pour tous les cas de figures (hypothèses, surfaces concernées et résultats) selon les probabilités obtenues dans la phase de paramétrisation. L'avantage ici est de permettre d'obtenir

²² <https://www.r-project.org>

²³ <http://rhugin.r-forge.r-project.org>

²⁴ <https://www.rstudio.com>

²⁵ <http://rmarkdown.rstudio.com>

les rapports de vraisemblance pour tous les cas sans devoir les instancier dans l'interface utilisateur (GUI) de Hugin.

- (2) Pour les noeuds paramétrisés selon une distribution Dirichlet avec un vecteur de paramètres c (paramètre 1, paramètre 2, ...), un simulateur de cas permet de calculer un rapport de vraisemblance en ré-échantillonnant à chaque fois les paramètres selon la distribution Dirichlet sous-jacente. Il s'agit-là d'une simple procédure de simulation Monte Carlo, où à chaque itération les paramètres sont ré-échantillonnés selon la(les) distribution(s) sous-jacente(s).
- (3) En influant sur les paramètres des distributions, il est possible d'explorer l'impact d'une augmentation du nombre de données ayant servi à la paramétrisation. L'idée ici est d'étudier dans quelle mesure des données, offrant les mêmes proportions relatives mais en quantité absolue plus abondante, amélioreraient ou non la confiance à attribuer aux rapports de vraisemblance. Pour ces simulations, le même principe que sous (2) est utilisé mais en variant les paramètres de(s) distribution(s) Dirichlet pour simuler l'augmentation hypothétique de données. Elles feront l'objet du chapitre 7.

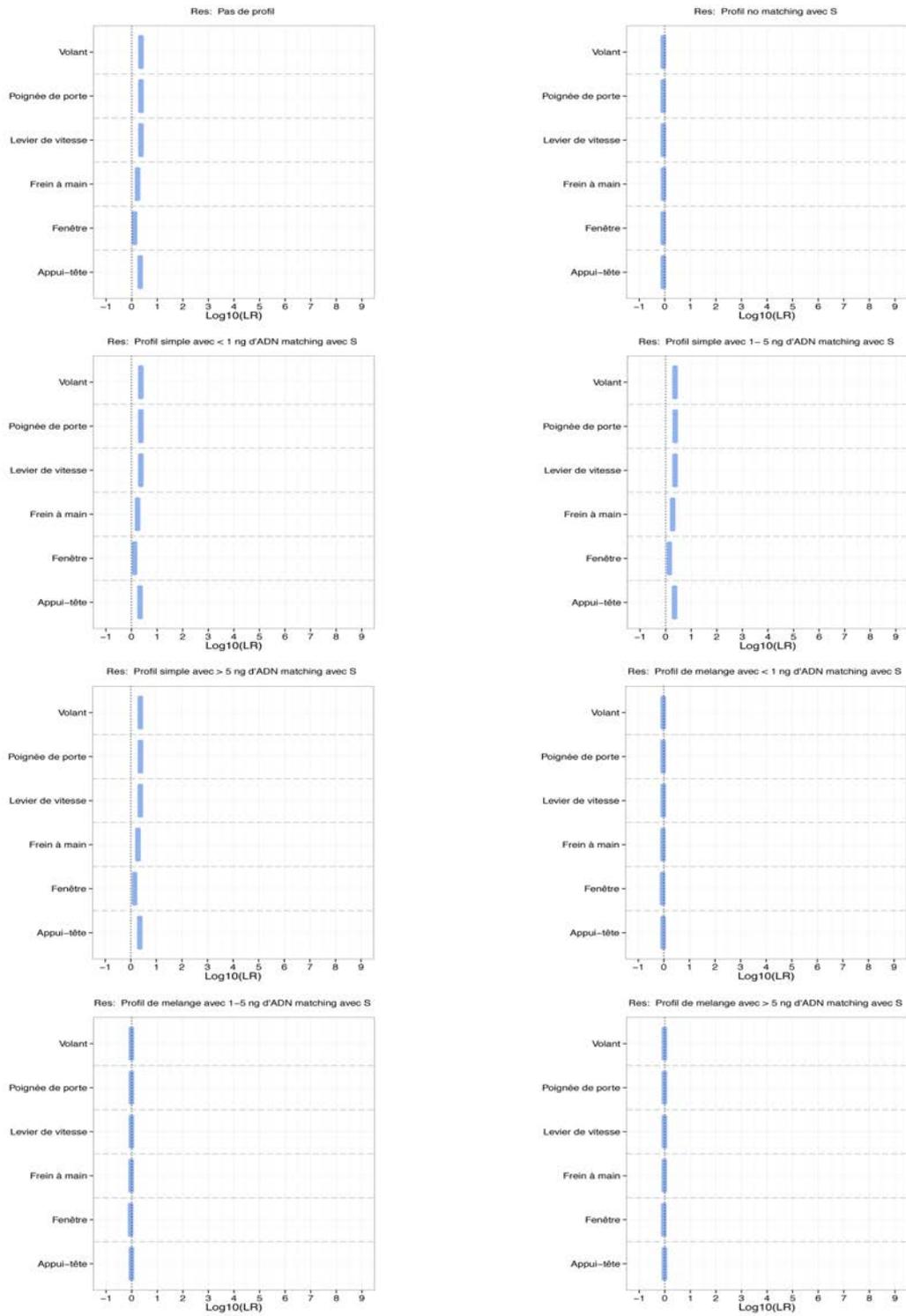
Le jeu de fonctions utilisées ici sont adaptées des fonctions initialement utilisées par Champod (2014). L'ensemble des simulations effectuées et des fonctions est disponible en annexe (Annexe D1). L'usage de fichier RMD (Rmarkdown) assure la reproductibilité du code et la mise à disposition de toutes les ressources.

6.2 ETAT INITIAL DU RESEAU BAYESIEN

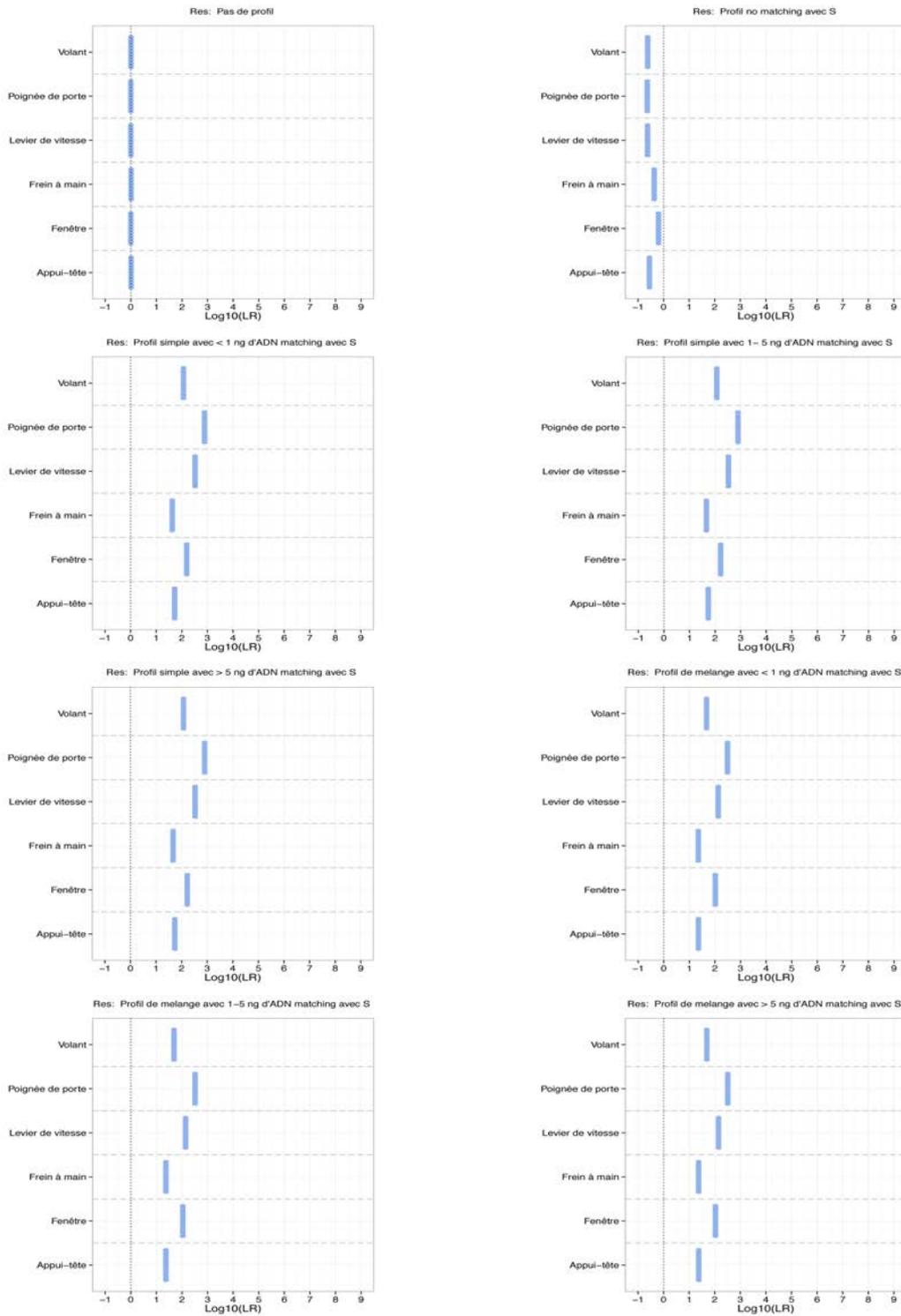
(rapport de vraisemblance pour chaque résultat en fonction des hypothèses et des surfaces concernées)

Le Graphique 33 illustre sur l'axe des abscisses les valeurs des LR en logarithme de base 10 calculées pour chacune des zones de prélèvement (à savoir l'appui-tête, la vitre de la fenêtre, le frein à main, le levier de vitesse, la poignée de la porte du côté du conducteur et le volant) et en fonction des résultats analytiques (par exemple, aucun profil extrait, profil simple avec $>5\text{ng}$ d'ADN, ...). L'ensemble des graphes est décliné selon l'hypothèse alternative prise en considération: par exemple, les premiers huit concernent le résultats obtenus lorsqu'on envisage l'hypothèse alternative de la défense n. 1, à savoir que le suspect déclare avoir conduit précédemment le véhicule volé. Il s'agit donc de rapports de vraisemblance calculées sur la seule base des valeurs expérimentales (*maximum likelihood estimates* - MLE) intégrées dans les tables de probabilités conditionnelles, il en résulte donc qu'une seule valeur de LR figure dans le graphique pour chaque scénario envisagé.

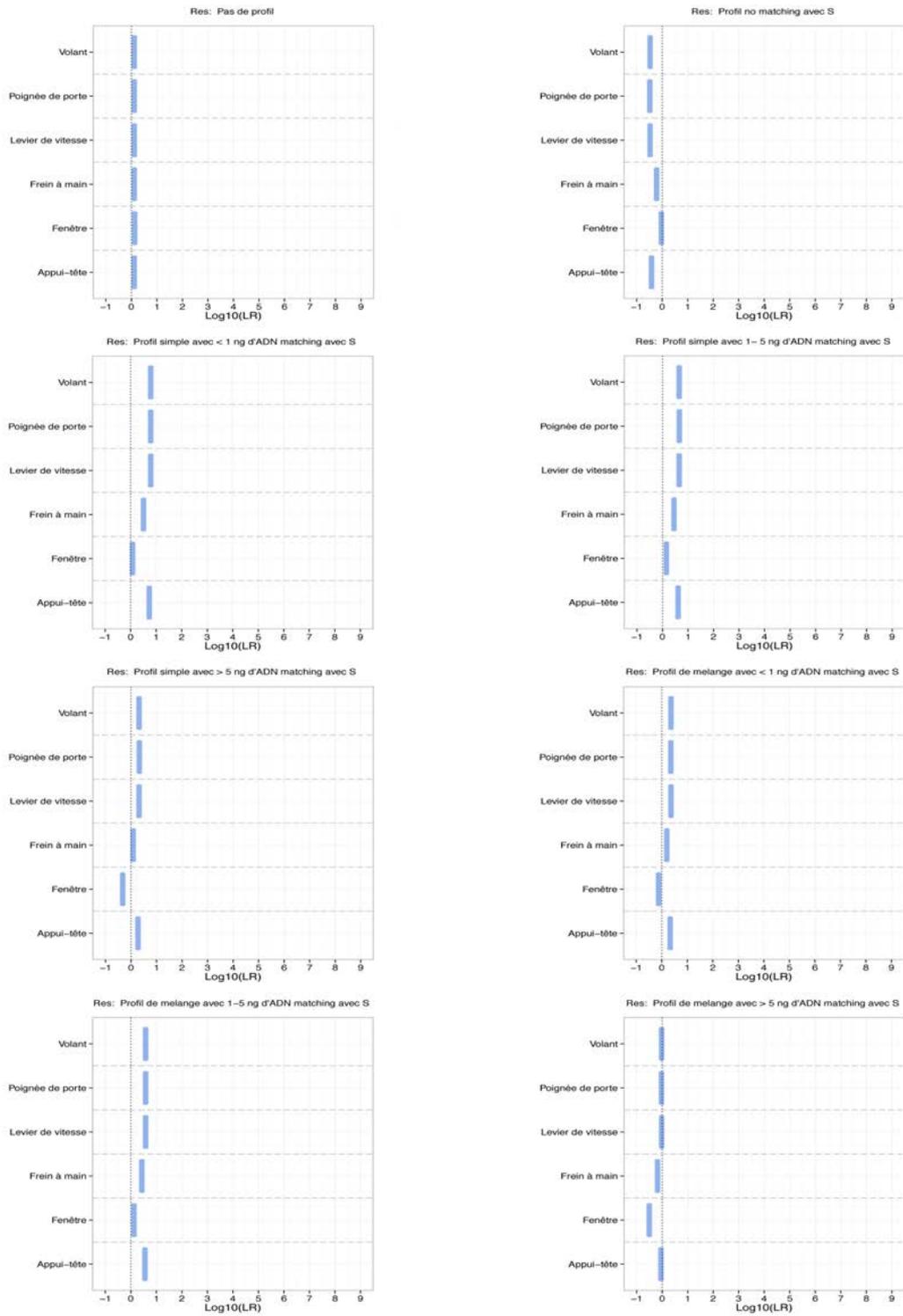
H₁ vs H₂
(S comme conducteur légitime)



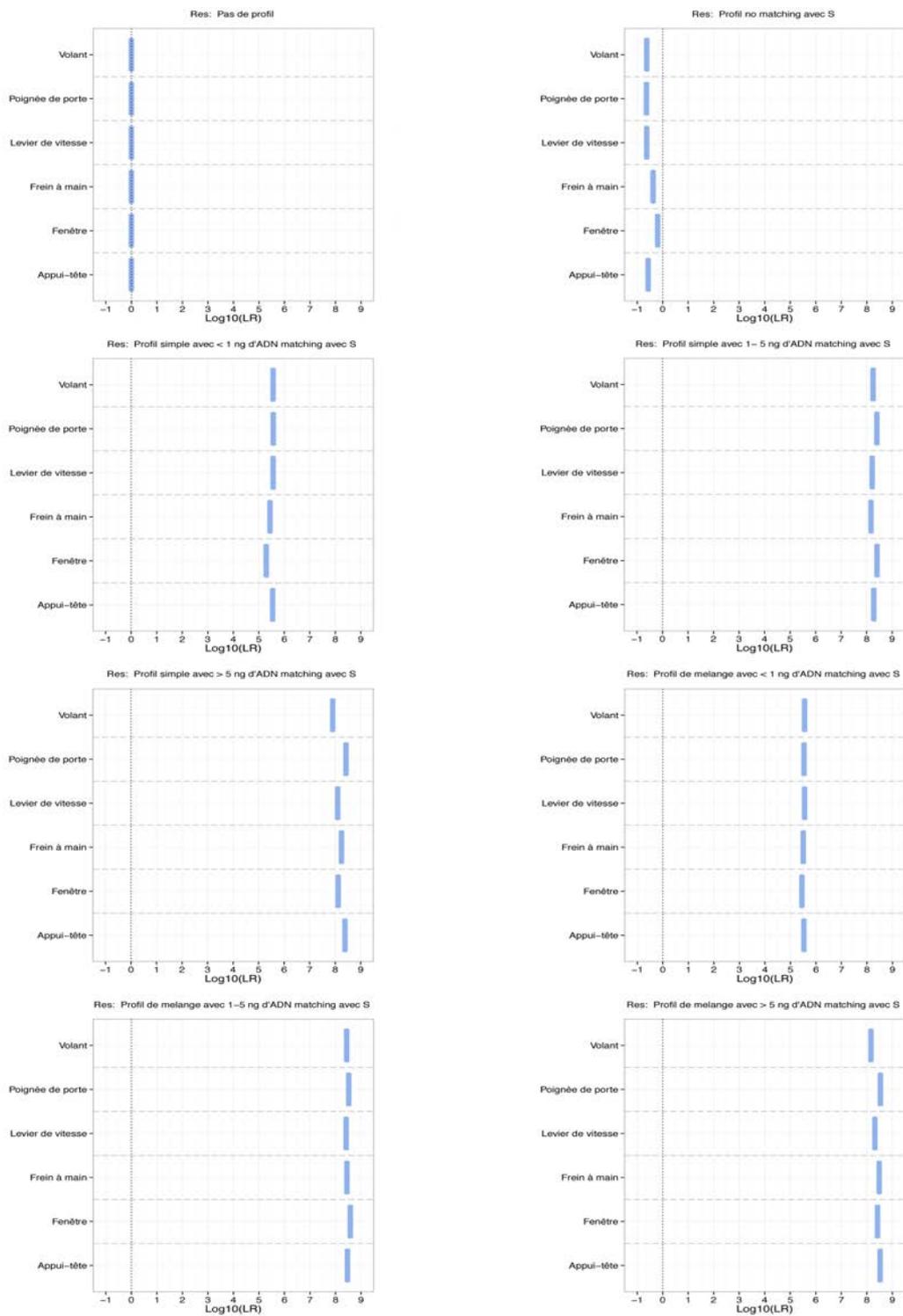
H₁ vs H₃
(S comme passager légitime)



H₁ vs H₄
(S jamais été dans le véhicule, mais transfert indirect)



H₁ vs H₅
(S pas impliqué dans l'affaire)



Graphique 33 : LR en Log10 calculés à partir du réseau bayésien dans son état initial pour chacune des couples d'hypothèses envisagées

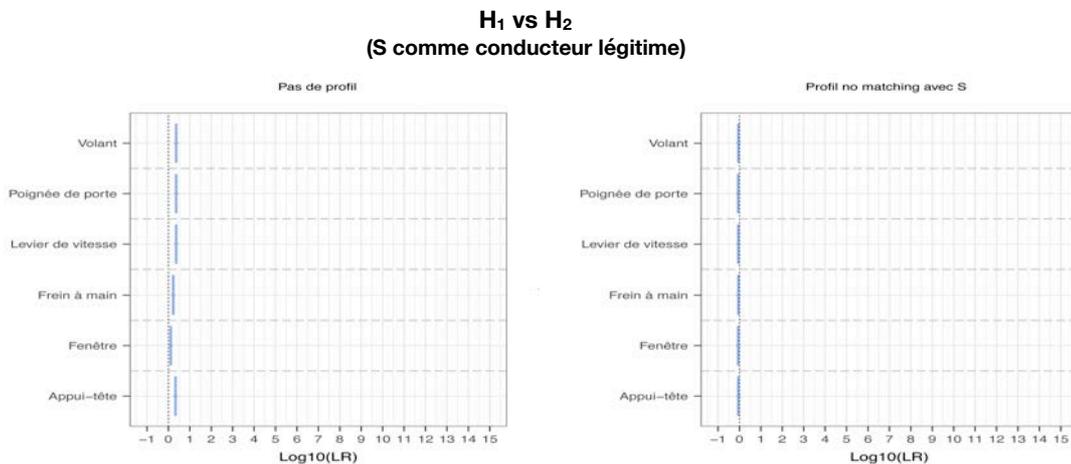
6.3 SIMULATION SUR UN SEUL NOEUD: ILLUSTRATION DU PRINCIPE

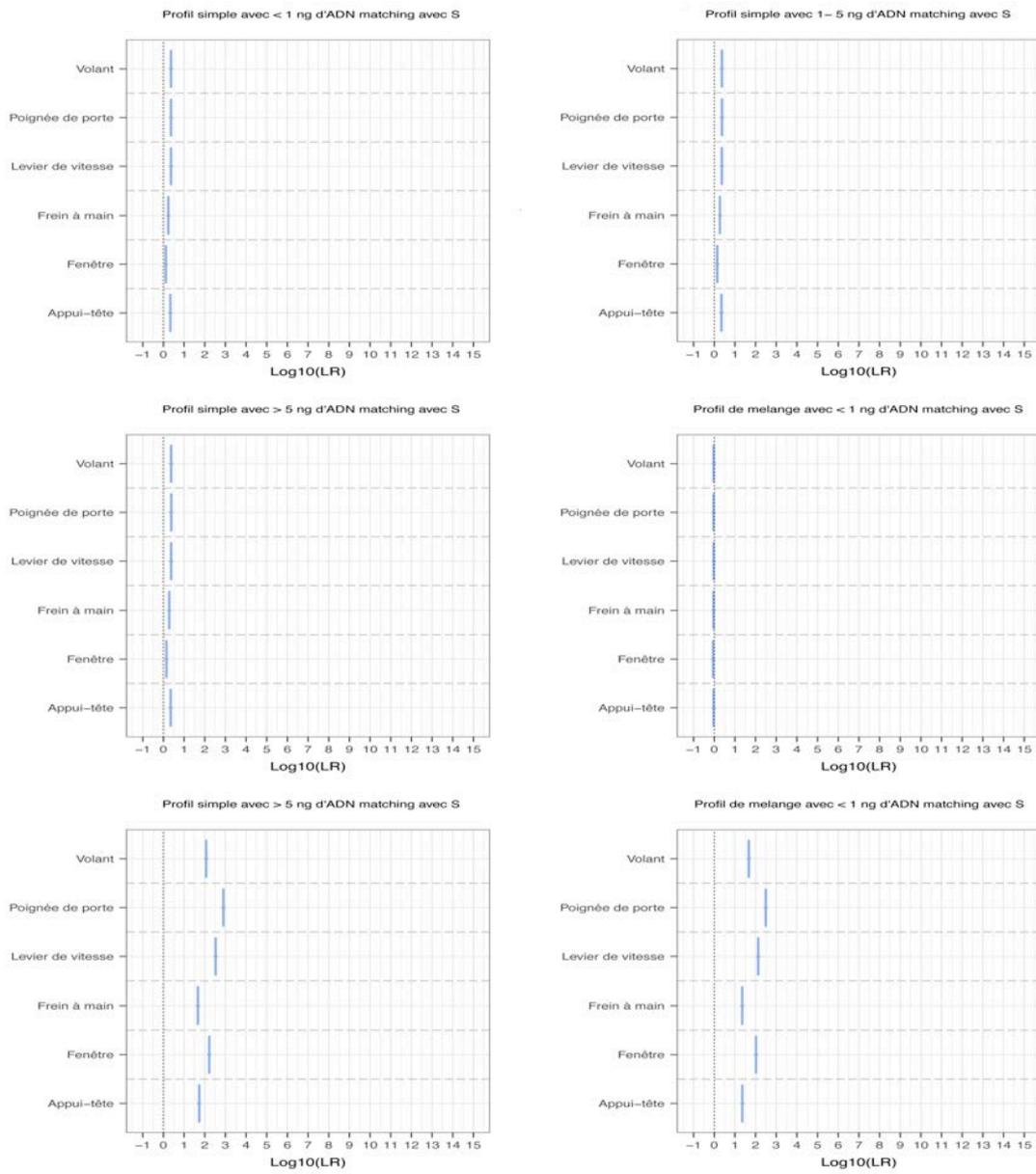
Les tableaux des probabilités des noeuds du réseau bayésien décrivant les probabilités de correspondance fortuite (RMP) avec le profil du suspect ont été informés à l'aide des valeurs proposées par Foreman et Evett (2001) et Gill et al (2003): pour un profil (vraisemblablement partiel) dérivant à partir d'une trace pauvre contenant jusqu'à un nanogramme d'ADN extrait une valeur de 10^{-6} , et pour un profil complet (donc extrait d'une trace présentant assez de matériel biologique, estimé à plus qu'un nanogramme) une probabilité de 10^{-9} .

Dans les simulations initiales (section 6.2), les valeurs de probabilités de coïncidence fortuite étaient fixes ($1/10^6$ et $1/10^9$ respectivement). Ces deux variables peuvent être vues comme les deux estimateurs de maximum de vraisemblance de deux lois Dirichlet (en fait des lois Beta) avec les paramètres $\beta(x, y)$ et $\beta(z, t)$.

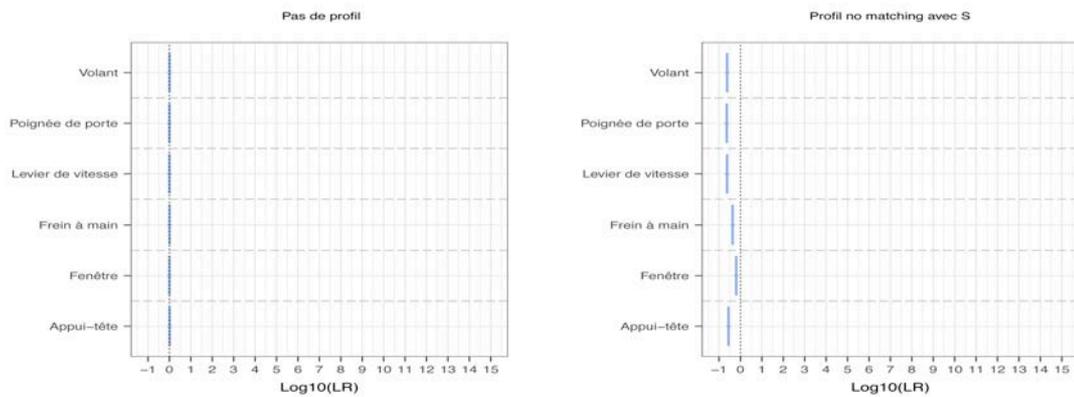
Dans notre première approche illustrative, il est donc possible de simuler des cas où cette valeur ne sera plus fixe, mais ré-échantillonnée à chaque itération selon les distributions sous-jacentes. Si l'opération est répétée 5'000 fois et que les rapports de vraisemblance ainsi obtenus sont représentés sous la forme de box-plots, nous obtenons les graphiques suivants (cf. Graphique 34). À préciser que les opérations de simulations sont effectuées selon le même principe simultanément dans l'ensemble de ces noeuds relatifs aux probabilités de coïncidence fortuite des profils RMP en jeu:

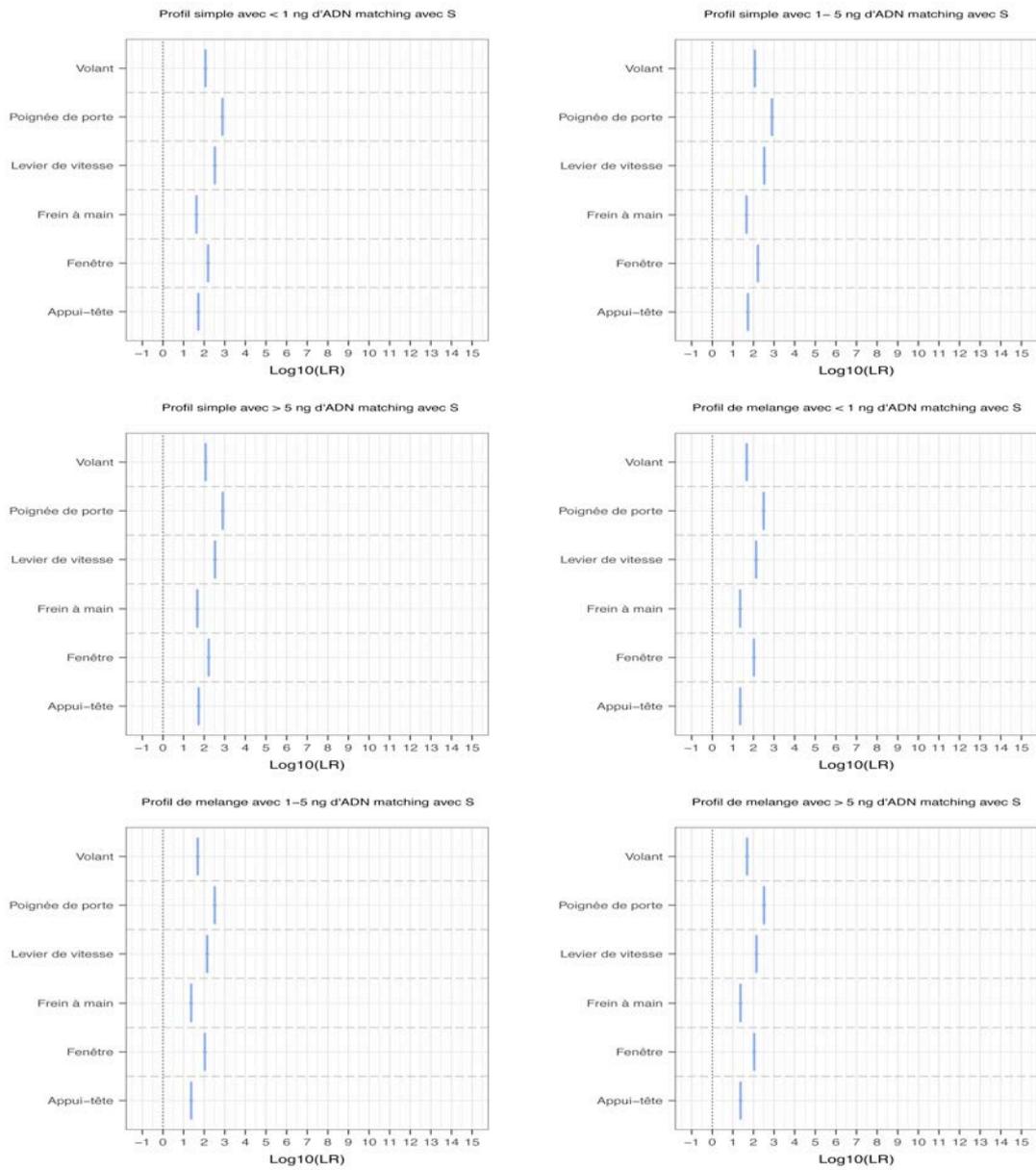
- SMP concernant l'ADN transféré par le suspect S
- XMP concernant l'ADN transféré par l'auteur du vol A
- VMP concernant l'ADN transféré par le propriétaire du véhicule V
- CMP concernant l'ADN dû aux contaminations C
- BMP concernant l'ADN dû au bruit de fond B



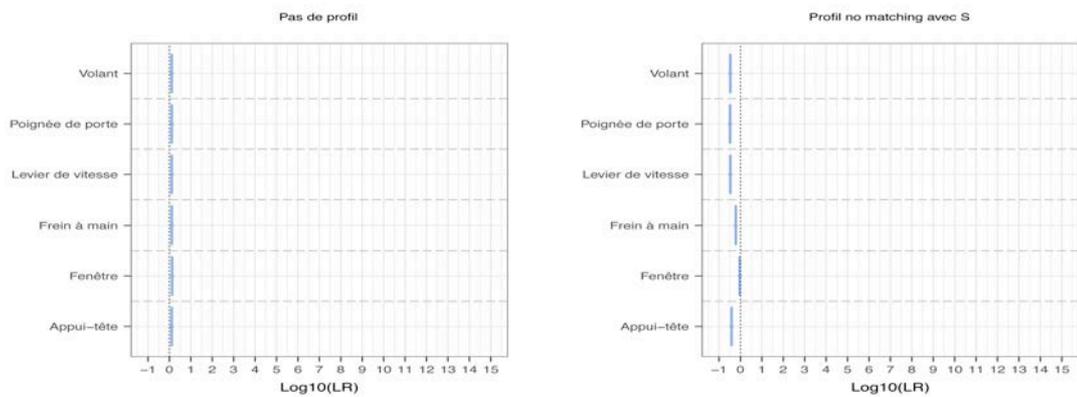


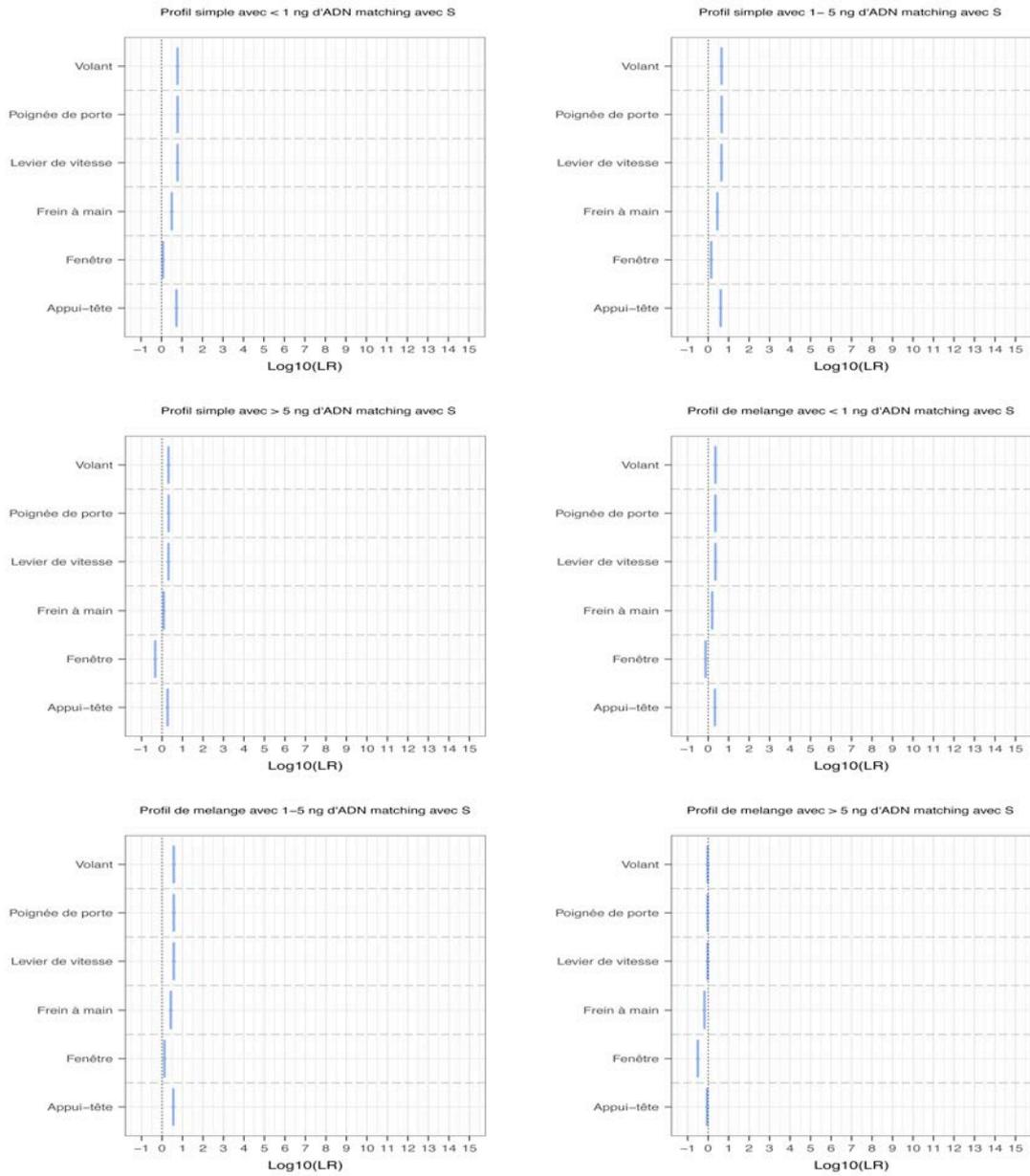
H₁ vs H₃
(S comme passager légitime)



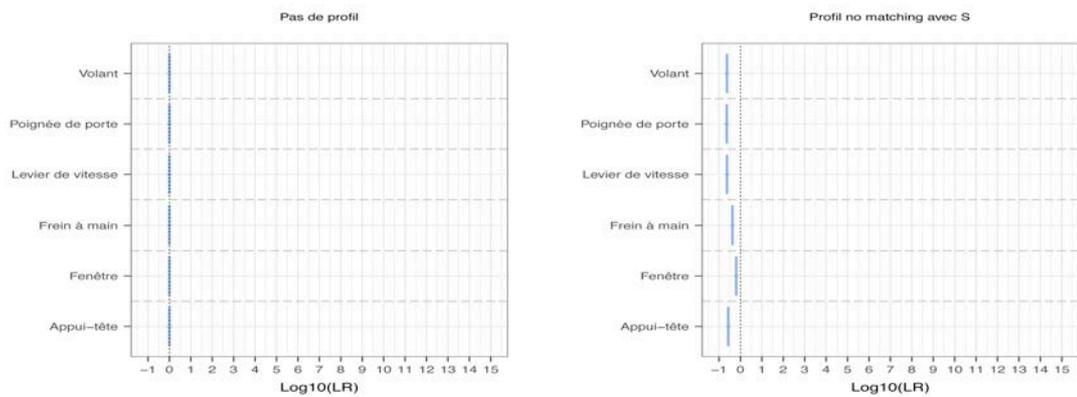


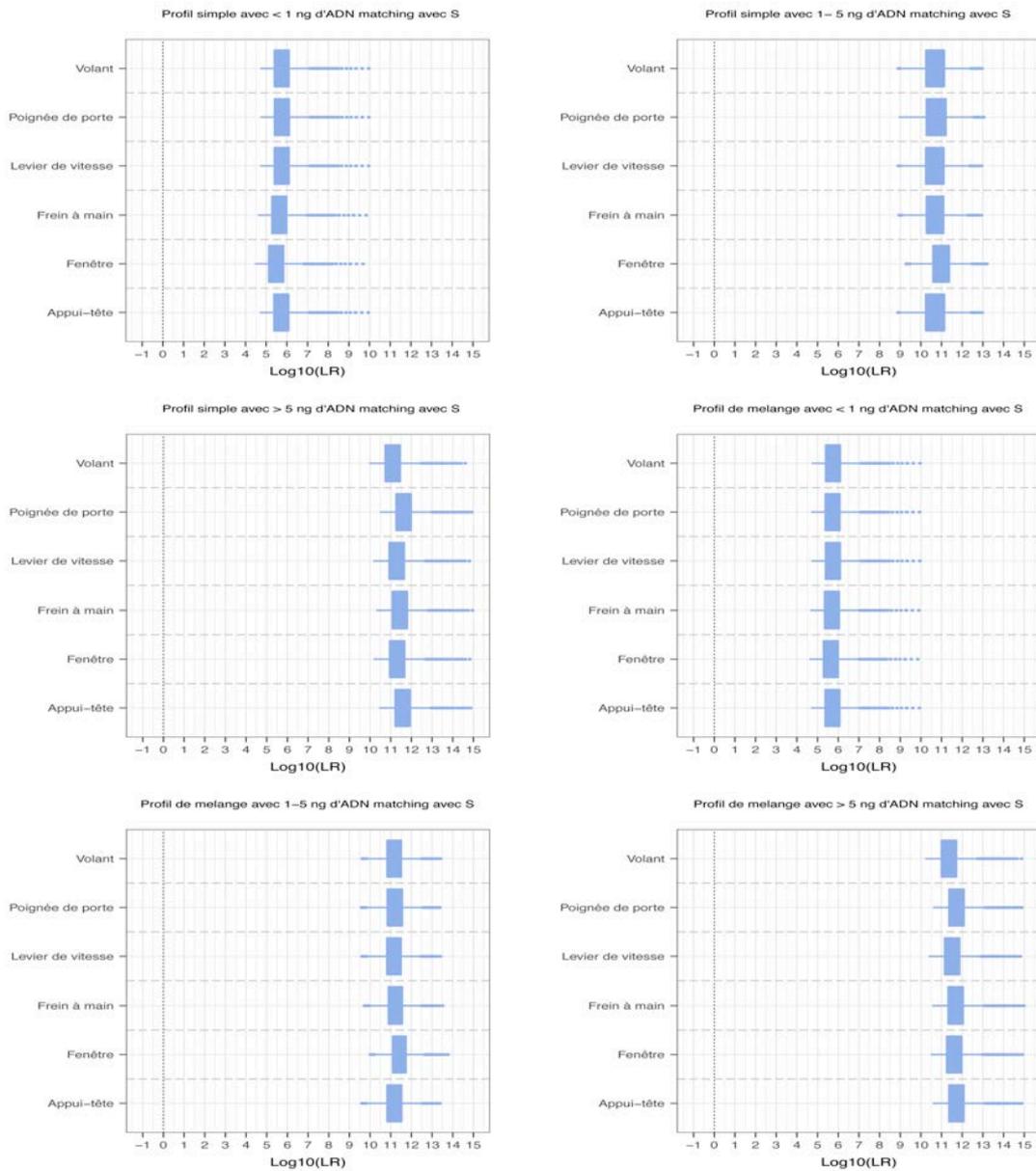
H₁ vs H₄
(S jamais été dans le véhicule, mais transfert indirect)





H₁ vs H₅
(S pas impliqué dans l'affaire)





Graphique 34 : LR en Log₁₀ calculés d'après une série de 5'000 simulations sur les valeurs RMP réintégrées dans le réseau bayésien pour chacune des couples d'hypothèses envisagées

Nous notons, tel qu'attendu, que des variations sur les rapports de vraisemblance ne sont obtenues que lorsque la probabilité RMP a un impact sur l'évaluation. Des changements de l'ordre d'un facteur de Log₁₀ compris entre 4 et 6 ne sont observés que sous certains scénarios. En effet, la variation des valeurs attribuées aux probabilités de correspondance fortuite avec le profil du suspect n'affecte que de manière modeste sur les rapports de vraisemblance finaux sauf lorsque l'hypothèse H5 est invoquée. Ce résultat est parfaitement attendu vu l'impact de la RMP sous cette hypothèse.

6.4 SIMULATION SUR PLUSIEURS NOEUDS (OU VARIABLES)

Il s'agit maintenant d'effectuer la simulation sur un ensemble de plusieurs noeuds (ou variables) selon le même principe. La technique est analogue à celle mise en oeuvre par Taylor et collègues (2016). Vu le nombre élevé de noeuds intégrés dans le réseau, un choix a été effectué en se focalisant d'abord sur les paramètres principaux tels que la contamination, le bruit de fond, la persistance, le transfert, la qualité du donneur et les contacts provenant de la victime, du suspect et de l'auteur des faits. Une fois individualisés les noeuds-clé ayant plus d'impact sur le rapport de vraisemblance, on procédera à une deuxième expérience en étudiant les facteurs séparément. En ce qui concerne la persistance par exemple, tous les facteurs pris en considération lors des études (à savoir les influences dues à la température, l'activité et la lumière) ont été intégrés ensemble dans cette première partie de simulation.

L'ensemble des graphes suivants illustre les résultats obtenus à partir d'une série de 5'000 simulations. Contrairement aux graphes précédents, les rapports de vraisemblance ne seront plus présentés en logarithme de base 10, mais exprimées sous forme de rapport entre l'écart interquartile et la médiane (IQR/med), cela dans le but de normaliser les variations en terme des rapports de vraisemblance afin de faciliter la comparaison des résultats.

L'axe des abscisses sera constitué par les facteurs pris en considération lors de cette simulation, symbolisés par les lettres (de gauche à droite):

- BN, le réseau bayésien dans son état initial (aucun ré-échantillonnage n'est appliquée sur les paramètres)

puis individuellement, nous ré-échantillons selon les distributions Dirichlet paramétriques les variables suivantes:

- RMP, la probabilité de coïncidence fortuite avec le profil du suspect
- C, le phénomène des contaminations
- Q, la qualité des donneurs
- T, le phénomène du transfert des traces de contact
- B, le phénomène du bruit de fond
- RC, la présence de contacts provenant du suspect, de la victime et de l'auteur
- P, le phénomène de la persistance

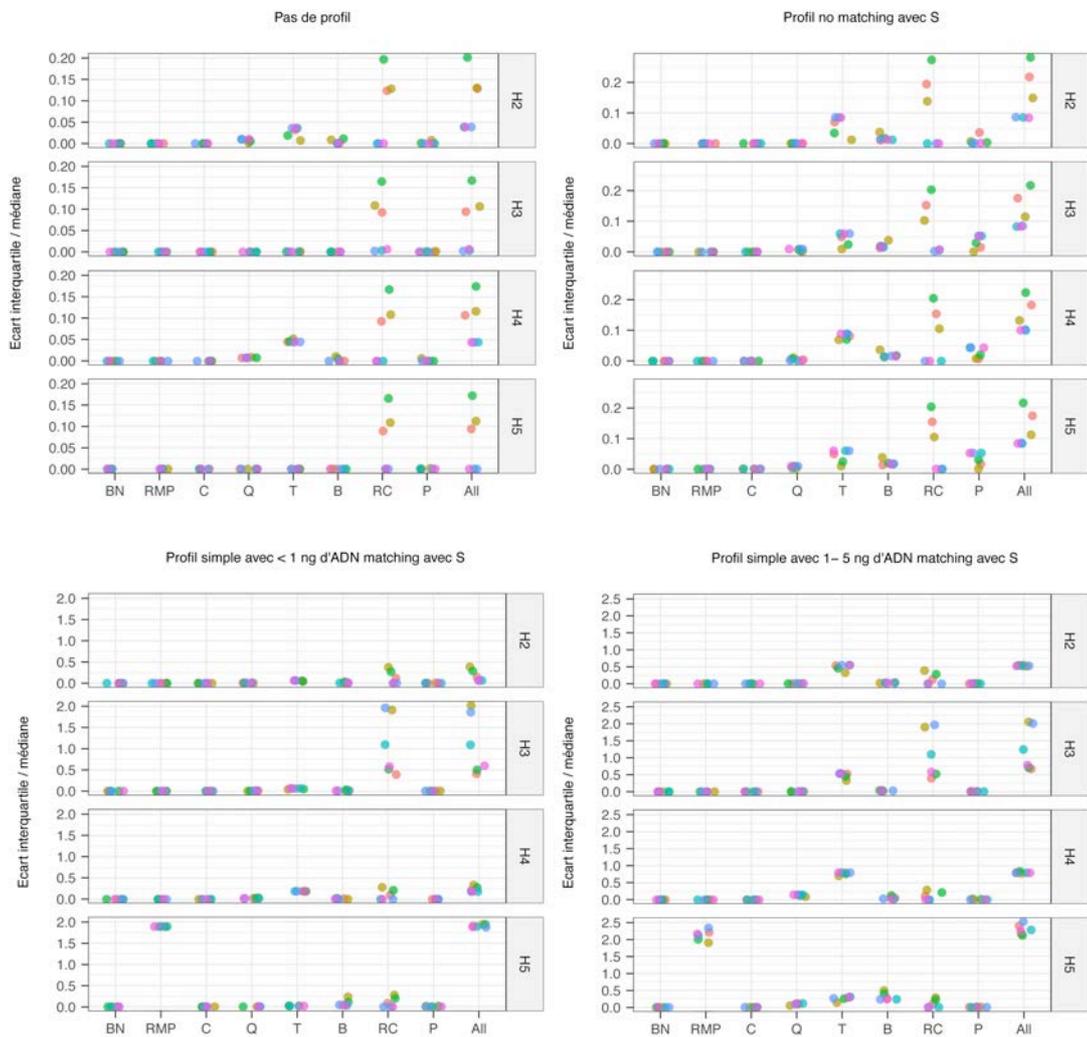
enfin tous ensemble selon les paramètres plus hauts:

- ALL, la combinaison de tous les paramètres pris en considération simultanément

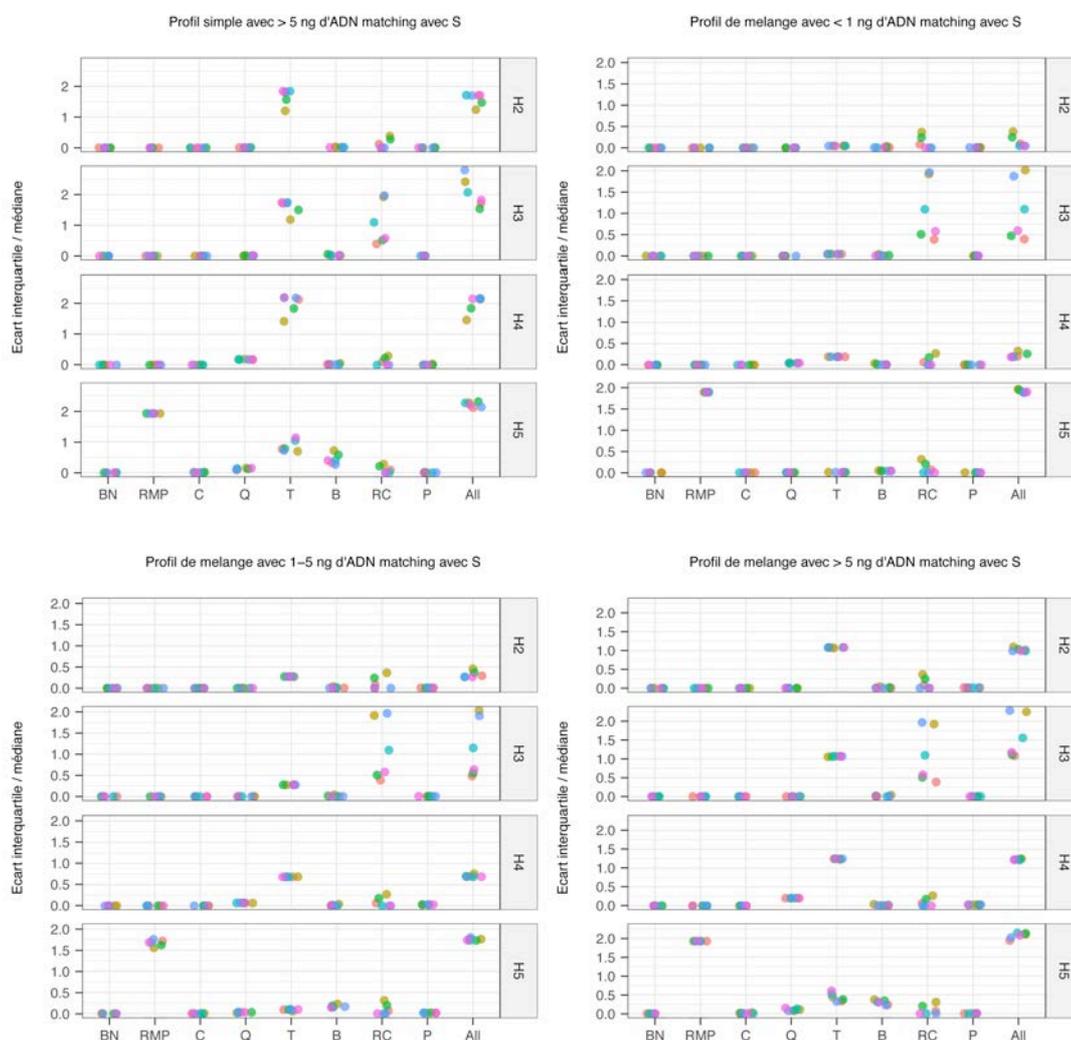
La lecture et la comparaison des résultats seront donc facilitées: le BN dans son état initial se situera sur la gauche des graphiques (avec une IQR/med égale à zéro) et assumera un

rôle de point de départ alors que l'extrémité à droite représente une sorte de ligne d'arrivée (ALL). Il s'agit en effet du réseau bayésien dans son entièreté, tenu compte de toutes les variabilités pouvant affecter les données ayant servi à la paramétrisation du réseau. La variabilité du système permettra ensuite de mettre en évidence le(s) paramètre(s) qui contribue(nt) le plus à la variation détectée sur les résultats finaux (ALL).

Chaque représentation graphique montre le comportement des résultats calculés en fonction d'un des couples d'hypothèses envisagé et de la qualité du profil génétique extrait à partir de la trace indiciaire.



- appui-tête
- vitre de la fenêtre (côté du conducteur)
- frein à main
- levier de vitesse
- poignée de porte (côté du conducteur)
- volant



Graphique 35 : Comparaison des IQR/med calculés à partir des LR issus d'après 5'000 simulations sur les noeuds principaux du réseau bayésien

La visualisation simultanée des résultats permet d'identifier les quatre noeuds ayant un impact significatif sur la variabilité des LR obtenus, à savoir le paramètre du transfert (T), le phénomène dû au bruit de fond (B), la probabilité de coïncidence fortuite (RMP) ainsi que les éventuels contacts (RC) avec les surfaces cibles provenant du suspect, de la victime et de l'auteur. Ces noeuds-clé seront objet d'une étude plus approfondie dans la deuxième partie des expérimentations. Par rapport aux premiers deux noeuds (T et B), il semblerait que les éventuels contacts (RC) aient un rôle plus dominant.

D'autre part, cette comparaison a permis de déterminer que les facteurs comme la persistance, la contamination et la qualité du donneur n'affectent que de manière minimale sur les résultats pour tous les couples d'hypothèses envisagés, ceux-ci seront donc laissés de côté pour la suite des simulations.

Il s'agit maintenant d'étudier plus en détails les facteurs émergés lors de la première partie des simulations. Si lors des premières expérimentations, les noeuds des contacts provenant du suspect (SC), de la victime (VC) et de l'auteur (XC) ont été tous combinés ensemble sous RC (random contacts), il s'agit maintenant de les séparer afin d'individualiser le(s) quel(s) des trois paramètres a le plus grand impact.

Le nouvel axe des abscisses sera constitué par les facteurs pris en considération lors de cette simulation, symbolisés par les lettres (de gauche à droite):

- BN, le réseau bayésien dans son état initial (aucun ré-échantillonnage sur les paramètres)

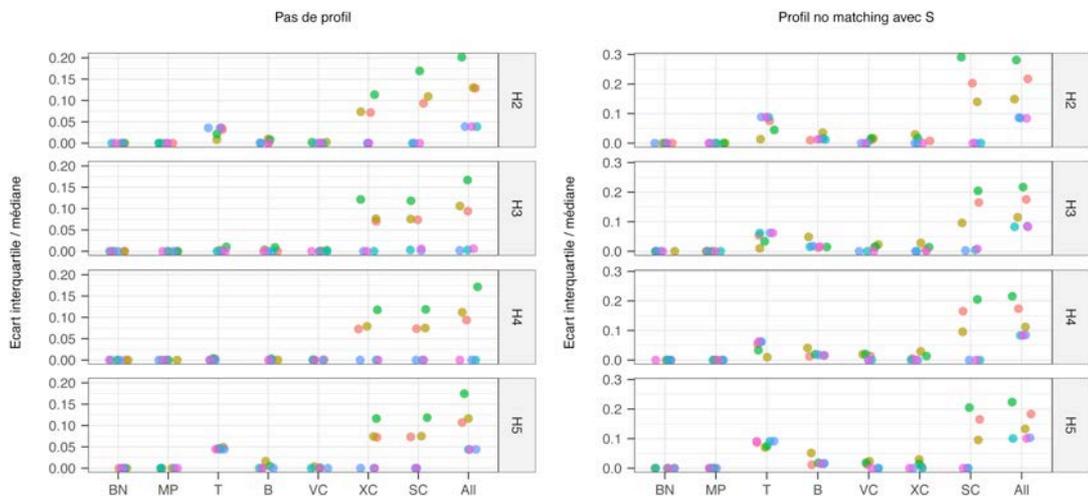
puis individuellement:

- RMP, la probabilité de coïncidence fortuite
- T, le phénomène du transfert des traces de contact
- B, le phénomène du bruit de fond
- VC, la présence de contacts provenant de la victime
- XC, la présence de contacts provenant de l'auteur
- SC, la présence de contacts provenant du suspect

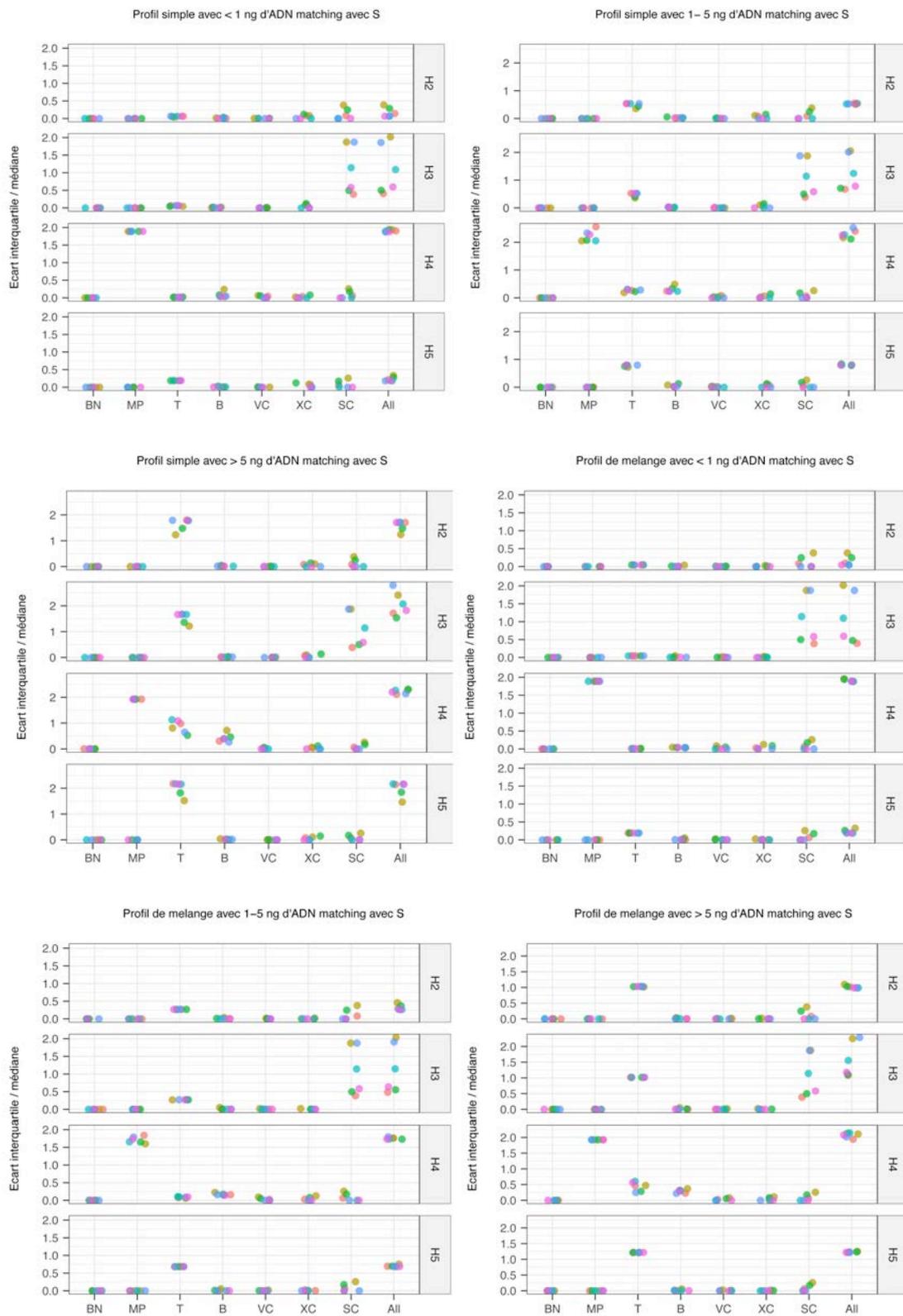
enfin tous ensemble simultanément:

- ALL, la combinaison de tous les paramètres pris en considération simultanément

Il en résulte (cf. Graphique 36) que pour tous les cadres de situations (couples d'hypothèses et résultats analytiques) la contribution issue par les éventuels contacts de la victime (VC) est minimale, de toute façon remarquablement inférieure à tous les autres facteurs pris en considération.



- appui-tête
- vitre de la fenêtre (côté du conducteur)
- frein à main
- levier de vitesse
- poignée de porte (côté du conducteur)
- volant



Graphique 36 : Comparaison des IQR/med calculés à partir des LR issus d'après 5'000 simulations sur les noeuds sensibles du réseau bayésien

Concernant le véritable auteur du vol (XC), son influence ne se révèle détectable que lorsque les analyses génétiques ont échoué (pas de profil extrait à partir de la trace). De manière générale, l'impact le plus important provient de l'influence des contacts entre le suspect en question et les surfaces cibles (SC). Cette tendance a été observée principalement lorsque la défense avance comme hypothèses alternatives celles du conducteur (Hd₁) et du passager légitime (Hd₂). Pour ces deux hypothèses alternatives, il paraît logique que ce soient les activités du suspect SC qui impactent l'évaluation lorsqu'un profil génétique pas différentiable du sien a été extrait des prélèvements effectués à l'intérieur de l'habitacle.

Le paramètre du transfert T contribue de manière marquante pour l'ensemble des scénarios où la défense avance des justifications quant à la présence de l'ADN de son client sur les lieux (Hd₁, Hd₂ et Hd₃). Alors que lorsque l'hypothèse Hd₄ est invoquée, la variation ne dépend presque exclusivement que des valeurs attribuées aux probabilités de correspondance fortuite avec le profil du suspect (concept déjà illustré dans la section précédente). En ce qui concerne la présence d'ADN due au bruit de fond B, l'influence de ce paramètre se manifeste sur la variation des rapports de vraisemblance pour l'ensemble des couples d'hypothèses et des profils génétiques obtenus, même si de manière moins prononcée par rapport aux autres variables.

À la lumière des résultats obtenus grâce aux simulations, il s'avère que les phénomènes de la contamination et de la persistance n'affectent que très faiblement les variations du rapport de vraisemblance. Les noeuds-clé ayant le plus d'impact sur les LR sont le phénomène de transfert et l'influence due aux éventuels matériaux biologiques déjà présents sur les zones de prélèvement avant les faits ceci en raison du bruit de fond. L'impact provenant de ces paramètres peut être soit drastique soit plus faible selon le couple d'hypothèses envisagé ainsi que le type de profil génétique extrait à partir de la trace (donc le résultat obtenu). À l'intérieur du phénomène du transfert, il est important souligner que ce sont les contacts avec les surfaces cibles de la part du suspect et de l'auteur qui ont le plus d'impact sur les rapports de vraisemblance, ceci toujours en fonction de l'hypothèse alternative que la défense envisage.

Chapitre 7

Perspectives pour le futur

Cette recherche doctorale a été débutée afin de mieux comprendre l'interprétation des traces ADN de contact. Avant de se lancer dans les expérimentations, un réseau bayésien englobant tous les paramètres pouvant influencer le poids à attribuer aux résultats des analyses d'une trace biologique a été proposé. Le modèle graphique construit a été ensuite paramétrisé à l'aide de données publiées et exploité afin d'évaluer l'impact de chacune des variables sur la force d'indice d'un profil génétique résultant de la trace. La partie expérimentale a été donc établie en ciblant la recherche uniquement sur les facteurs émergents de cette analyse. À la fin de la partie expérimentale, les résultats analytiques obtenus ont été intégrés dans le réseau bayésien en mettant à jour les données initiales à la base des paramètres du réseau à la lumière des données obtenues. Pour ce faire, les distributions *Dirichlet* ont été exploitées, car ils permettent de combiner les connaissances a priori (extraites de la littérature par exemple) avec celles acquises grâce aux expérimentations. La démarche est la même que celle décrite et adoptée par Taylor et collègues (2016). Cette distribution s'applique avec des variables multinomiales comme dans le cas présent. L'analyse de la sensibilité a été enfin effectuée grâce aux simulations programmées à l'aide des outils informatiques *R-Studio* et *RHugin* pour identifier les paramètres ayant plus d'impact sur la variabilité des rapports de vraisemblance.

Il est ici légitime de se poser quelques questions: quelle est l'utilité de ce travail et quels sont ses retombés sur la vie réelle? Faut-il encore approfondir nos connaissances?

Commençons par cette dernière question. Admettons d'avoir des moyens étendus et une équipe de scientifiques prête à se lancer dans l'acquisition de données. L'analyse de la sensibilité nous a déjà révélé les paramètres les plus sensibles et ayant plus d'impact sur les résultats finaux, ***est-ce qu'il vaut la peine encore d'investir en terme d'acquisition des données?*** Notre outil de simulations peut nous aider à répondre à cette question en anticipant sur les résultats d'évaluation obtenus grâce à une série supplémentaire de, par exemple, 5'000 expérimentations pour chacune des variables sensibles. Nous gardons donc les proportions initiales entre les états fournis par les données actuelles et nous augmentons le nombre total des observations. Cela peut se faire directement sur les distributions Dirichlet: par exemple, si les paramètres de la loi initiales étaient de $Dir(1,2,7)$, elle passe à $Dir(101,202,707)$.

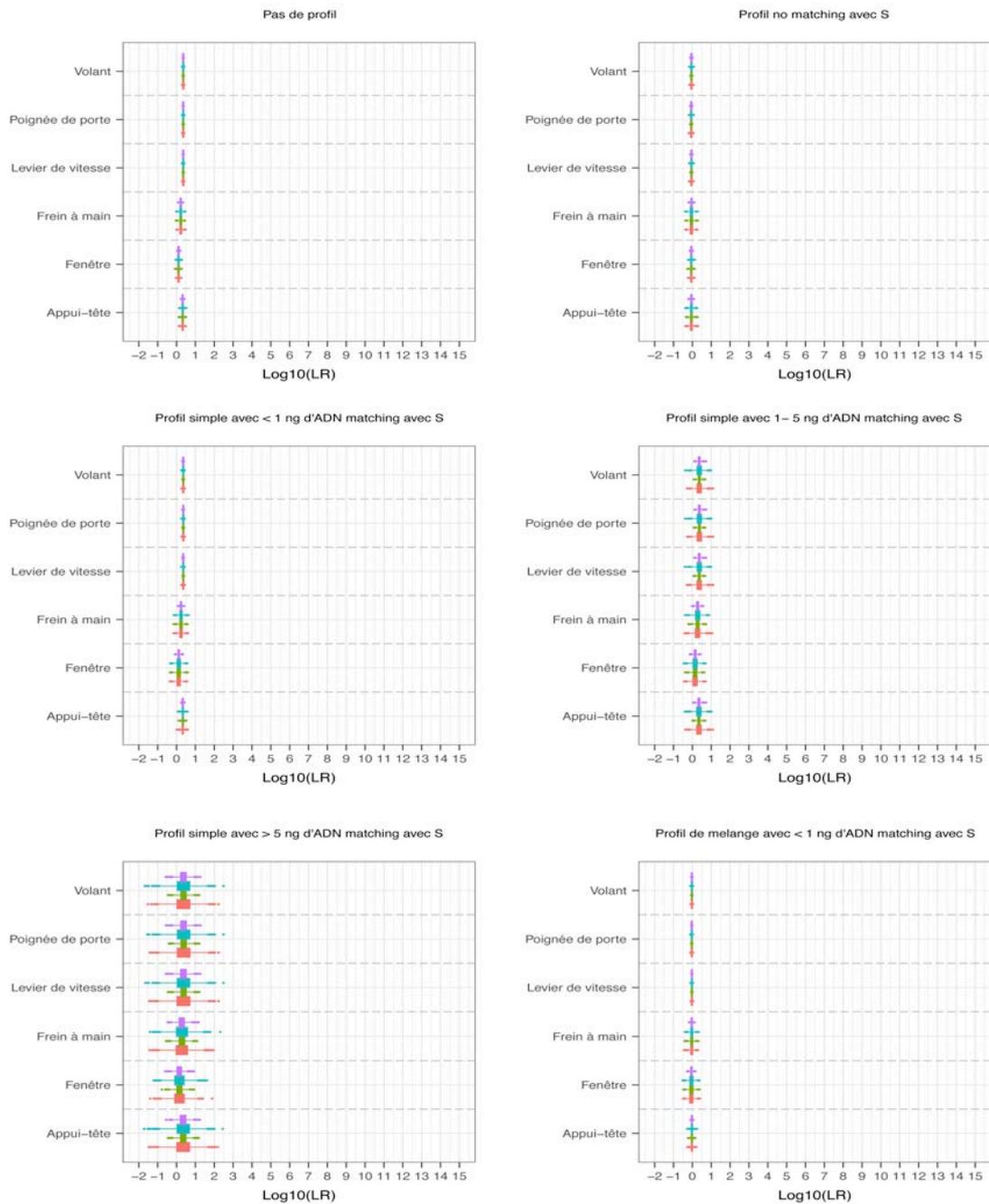
La série des graphes suivante présente pour chaque couple d'hypothèse et zone de prélèvement envisagée la variation des rapports de vraisemblance en logarithme de base 10:

- ALL (en rouge), le BN résultant des 5'000 simulations effectuées lors de l'analyse de la sensibilité avec les paramètres obtenus hypothétiquement;
- T (en vert), le paramètre du transfert avec un investissement de 5'000 analyses supplémentaires;
- et B (en bleu), le paramètre du bruit de fond avec un investissement de

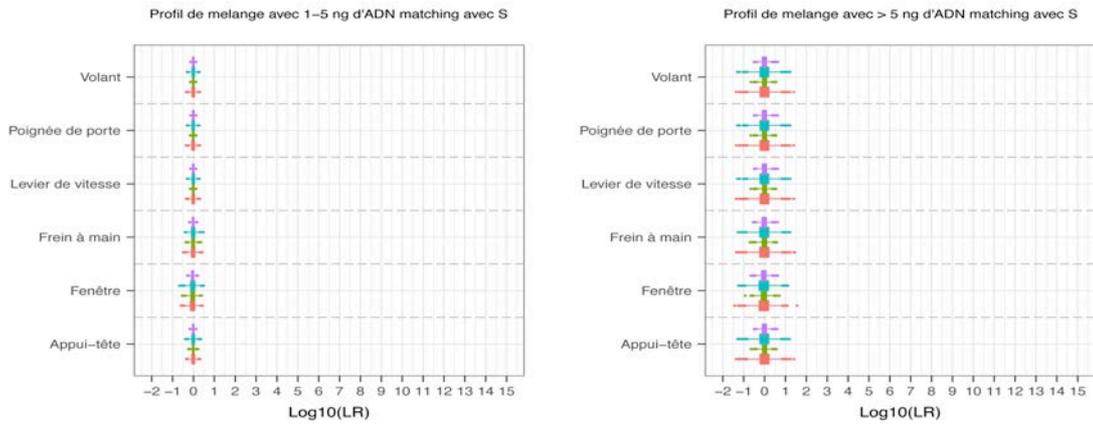
5'000 analyses supplémentaires;

- TBRC (en violet), la combinaison des paramètres du transfert, du bruit de fond ainsi que des éventuels contacts avec les surfaces cibles de la part du suspect, de la victime et de l'auteur pris en considération simultanément avec un investissement de 5'000 analyses supplémentaires.

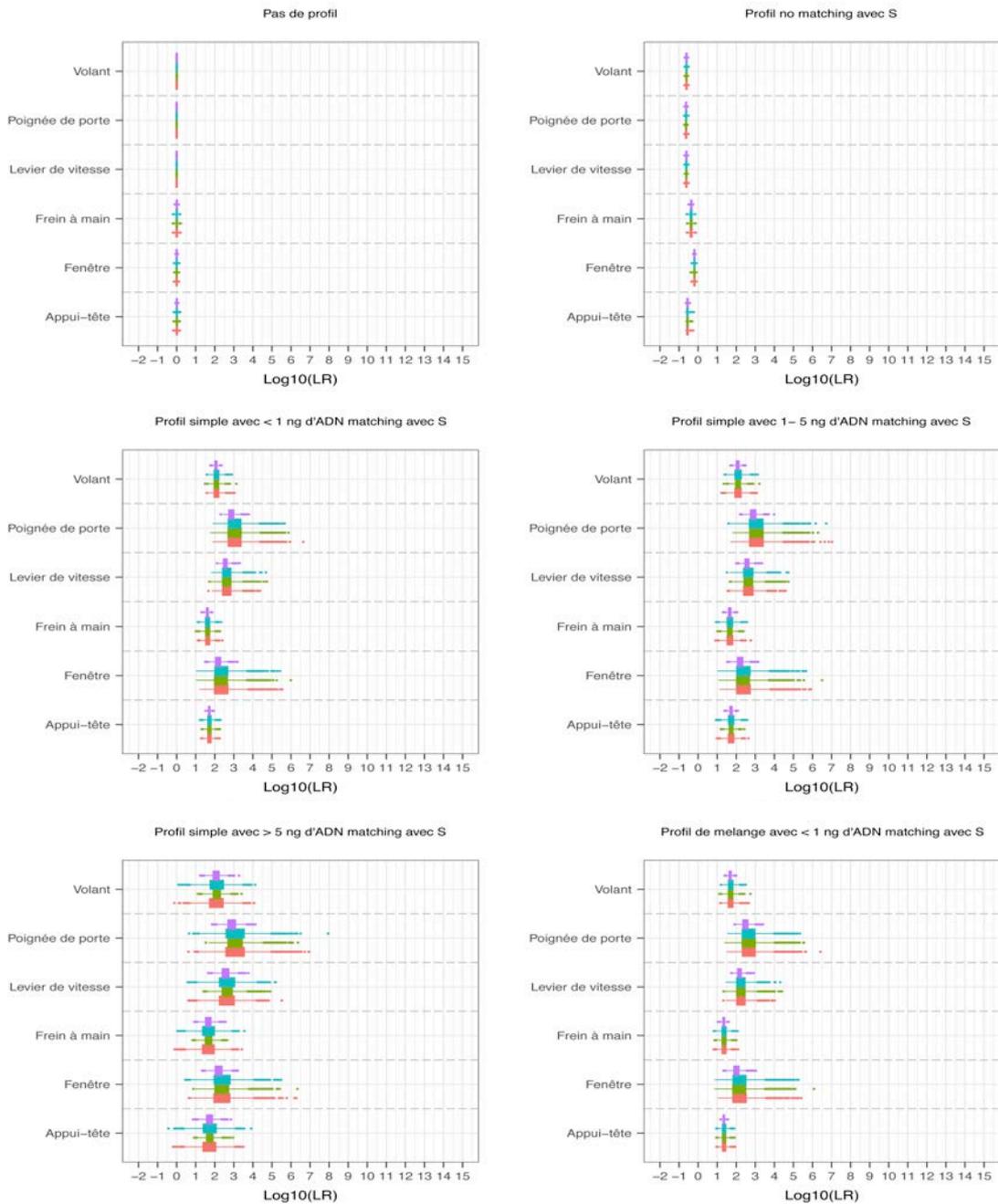
H₁ vs H₂
(S comme conducteur légitime)

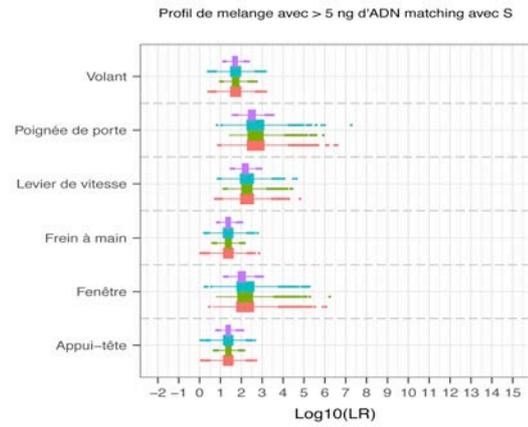
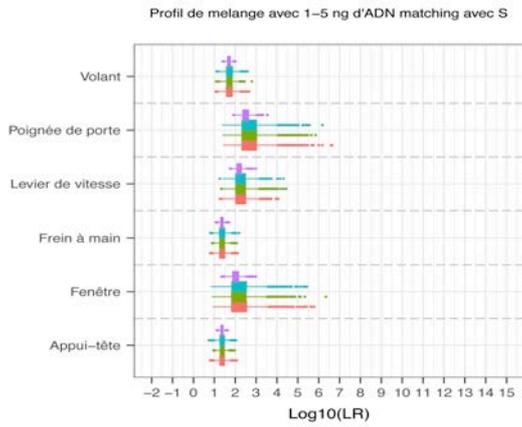


■ All ■ T ■ B ■ TBRC

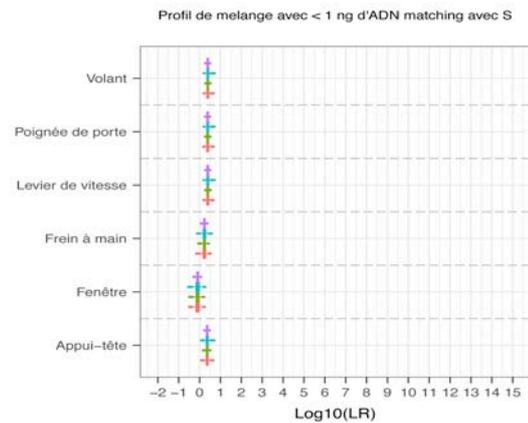
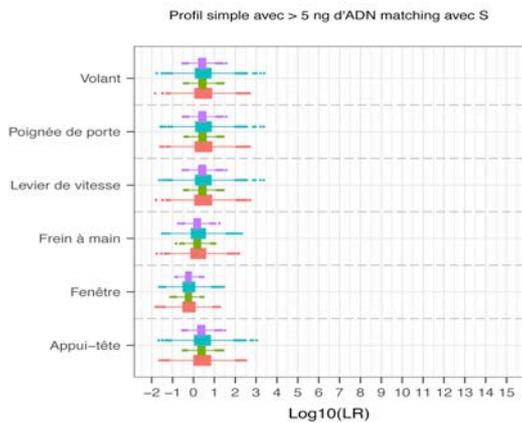
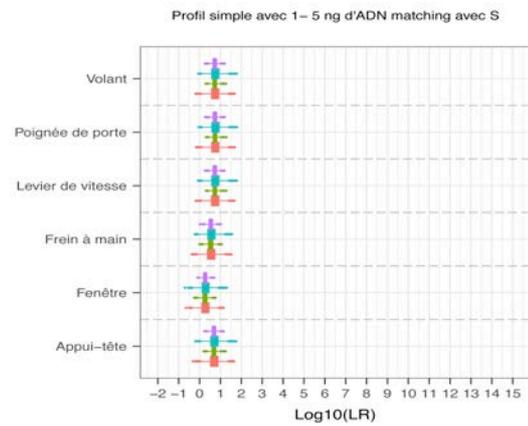
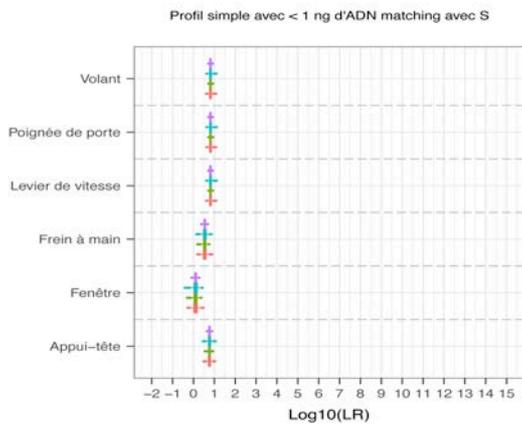
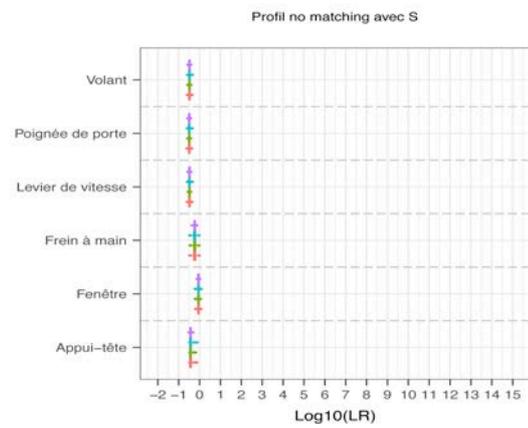
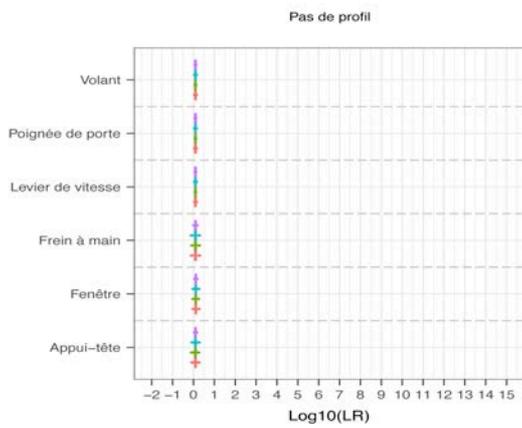


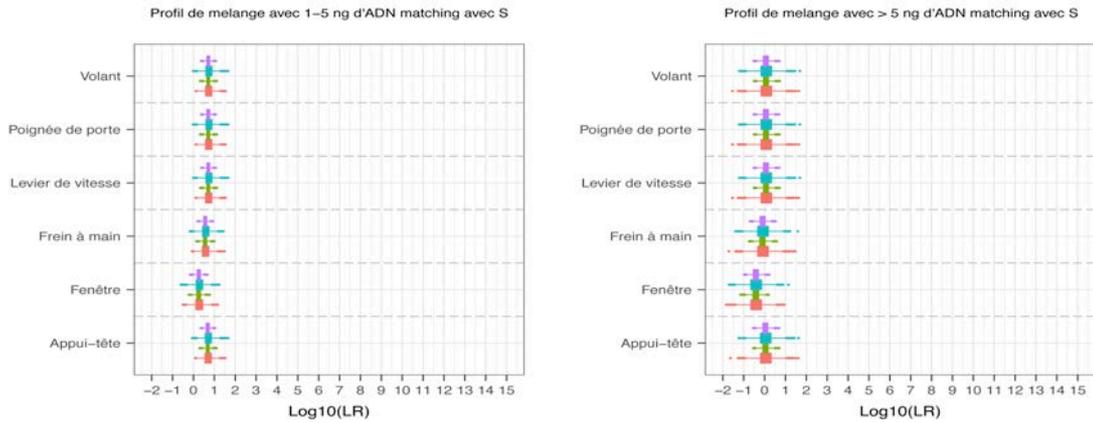
H₁ vs H₃
(S comme passager légitime)



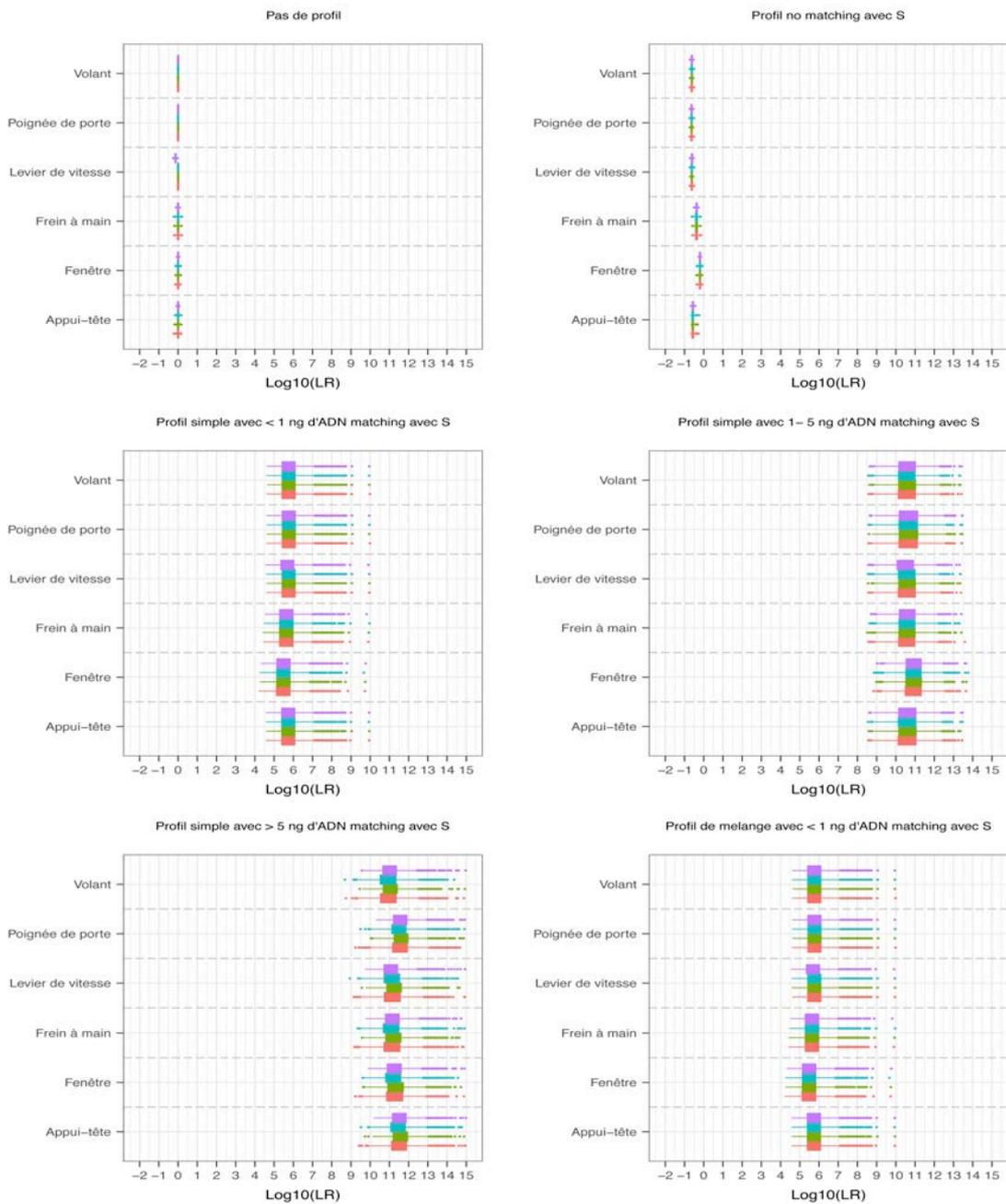


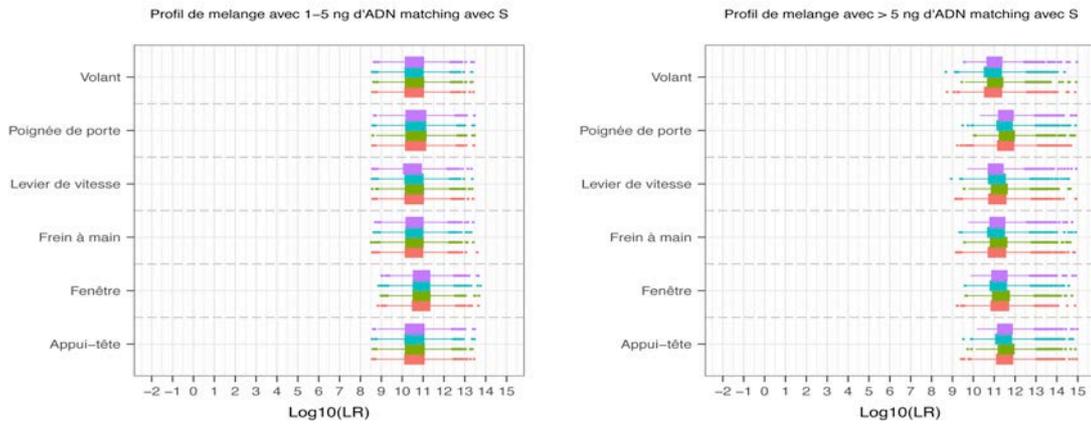
H₁ vs H₄
(S jamais été dans le véhicule, mais transfert indirect)





H₁ vs H₅
(S pas impliqué dans l'affaire)





Graphique 37 : Comparaison des Log₁₀ calculés à partir des LR issus du réseau bayésien d'après une série de 5'000 expérimentations supplémentaires

D'après la lecture des résultats, il paraît évident qu'une étude plus étendue sur les paramètres clé du réseau bayésien pourrait réduire la variation des rapports de vraisemblance, notamment dans les cas spécifiques des transferts indirects et lorsque la défense justifie la présence de l'ADN de son client en avançant la théorie que celui-ci a été dans l'habitacle du véhicule en question. Cependant, la valeur ajoutée paraît relativement modeste par rapport aux coûts en terme d'acquisition des données.

Dans tous les cas, la seule variable "transfert" offre le meilleur investissement, par rapport à tenter de couvrir toutes les variables identifiées ensemble.

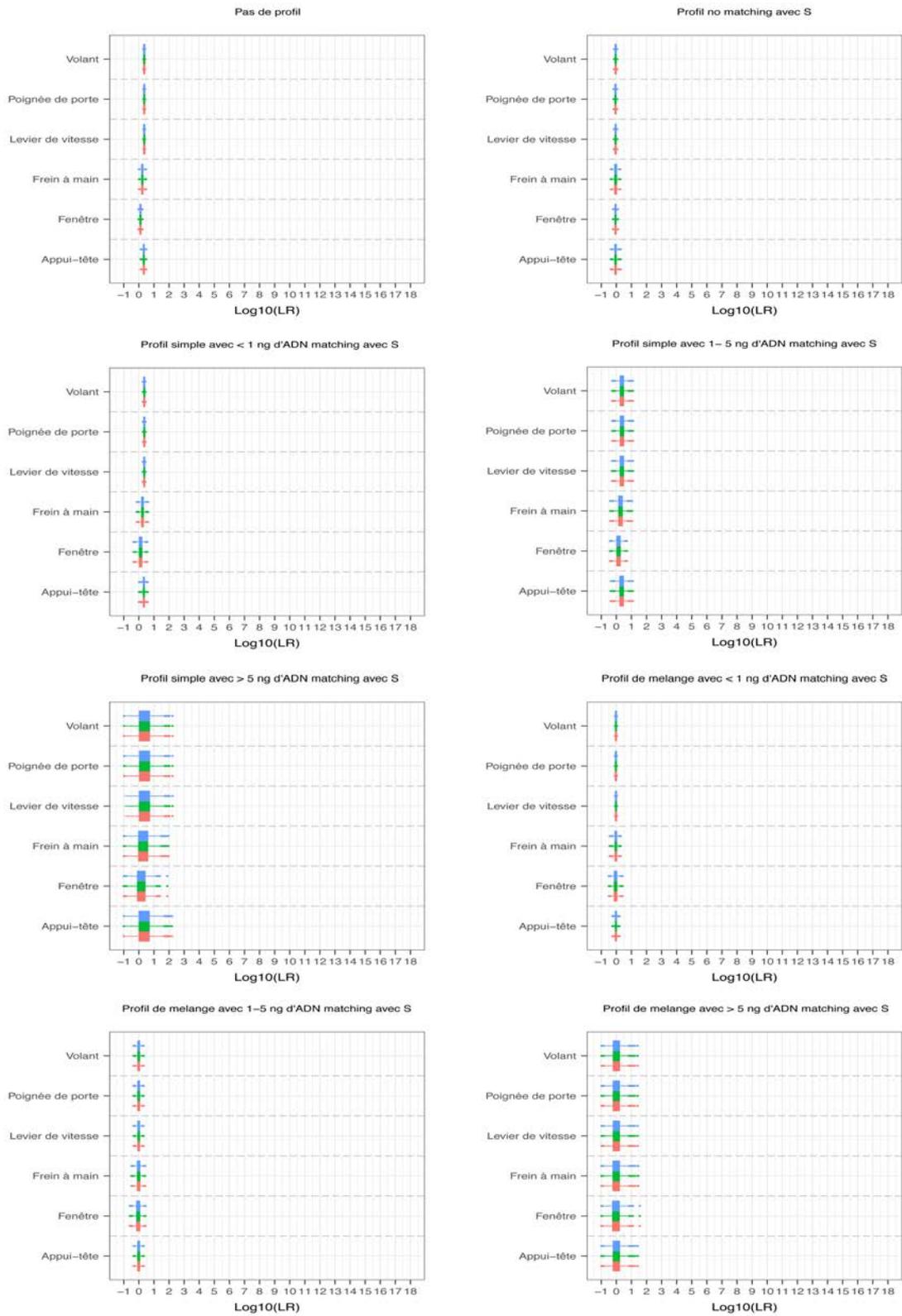
Comme la mise en pratique d'autres expérimentations n'apporterait peu de gains en termes de réduction de la variation des rapports de vraisemblance, une dernière étude peut être effectuée afin d'observer les bénéfices d'une probabilité de correspondance fortuite (RMP) encore plus faible.

Dans ce dessein, plusieurs valeurs de RMP telles que 10^{-6} , 10^{-8} et 10^{-10} ont été intégrées et une série de 5'000 simulations a été lancée.

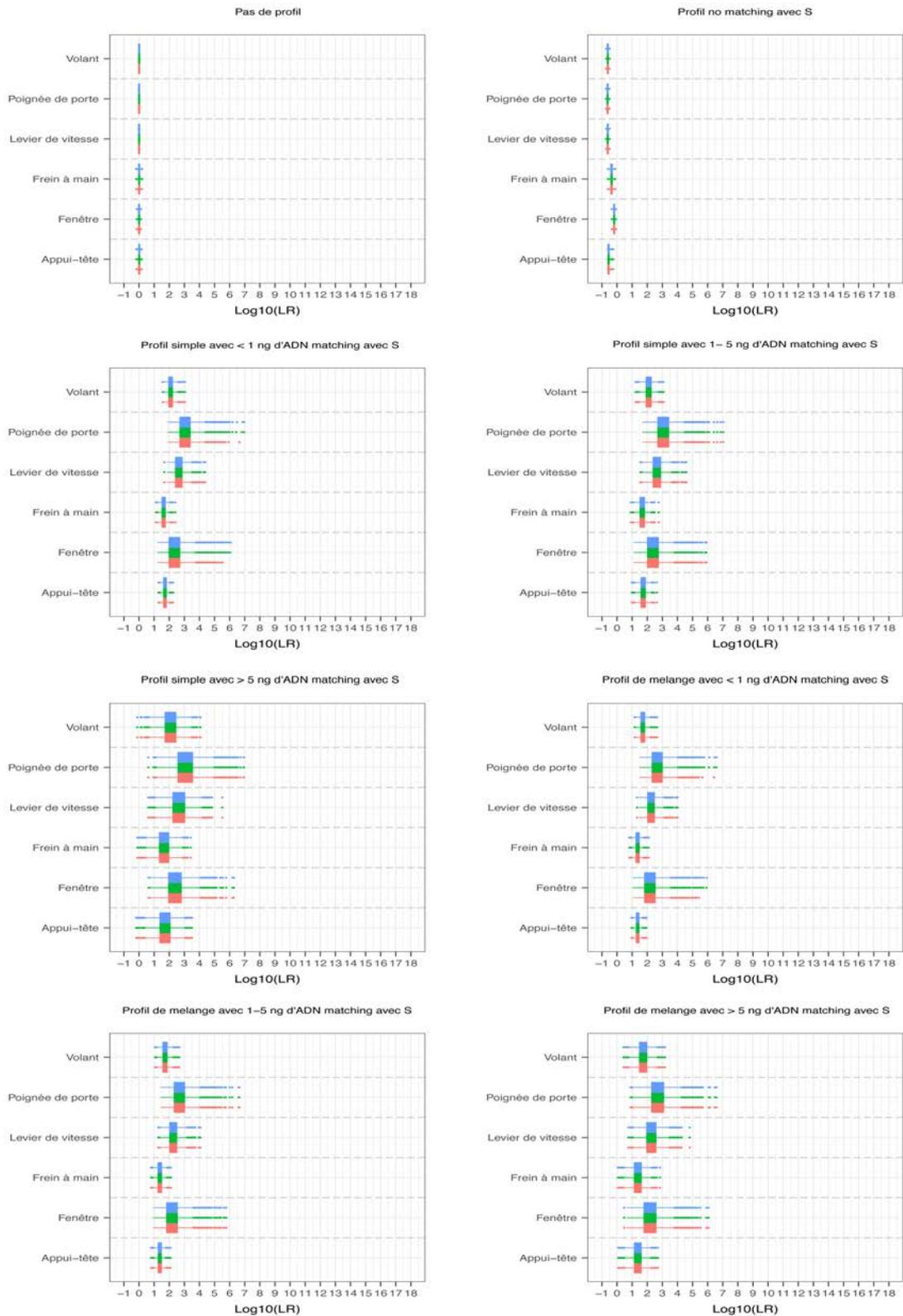
La représentation graphique (cf. Graphique 38) est construite de manière analogue aux graphiques de la série précédente. Les variations des rapports de vraisemblance en fonction de la valeur de probabilité de coïncidence fortuite diffèrent en couleurs:

- RMP6 (en rouge), la probabilité de coïncidence équivalente à 10^{-6}
- RMP8 (en vert), la probabilité de coïncidence équivalente à 10^{-8}
- RMP10 (en bleu), la probabilité de coïncidence équivalente à 10^{-10}

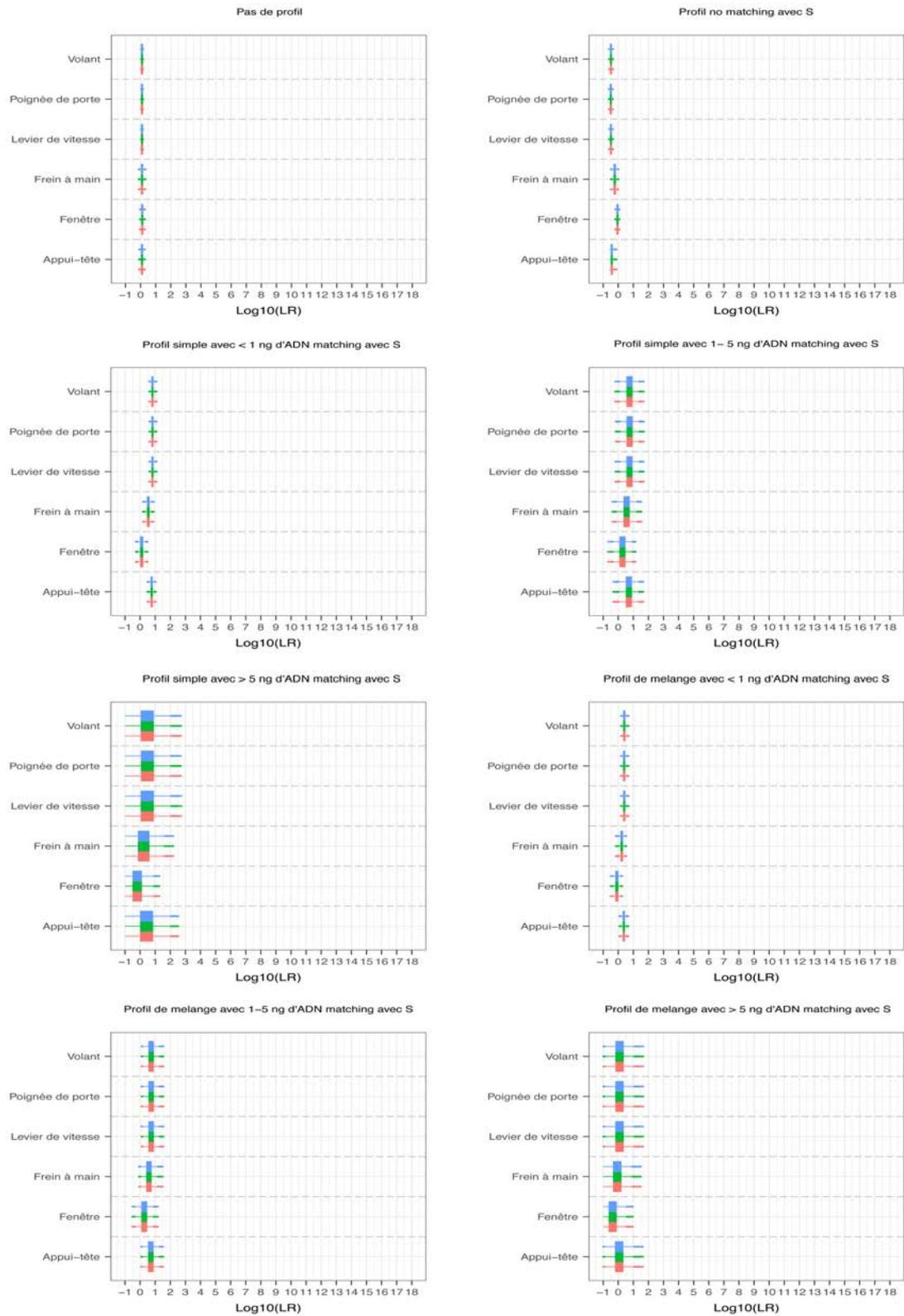
H₁ vs H₂
(S comme conducteur légitime)



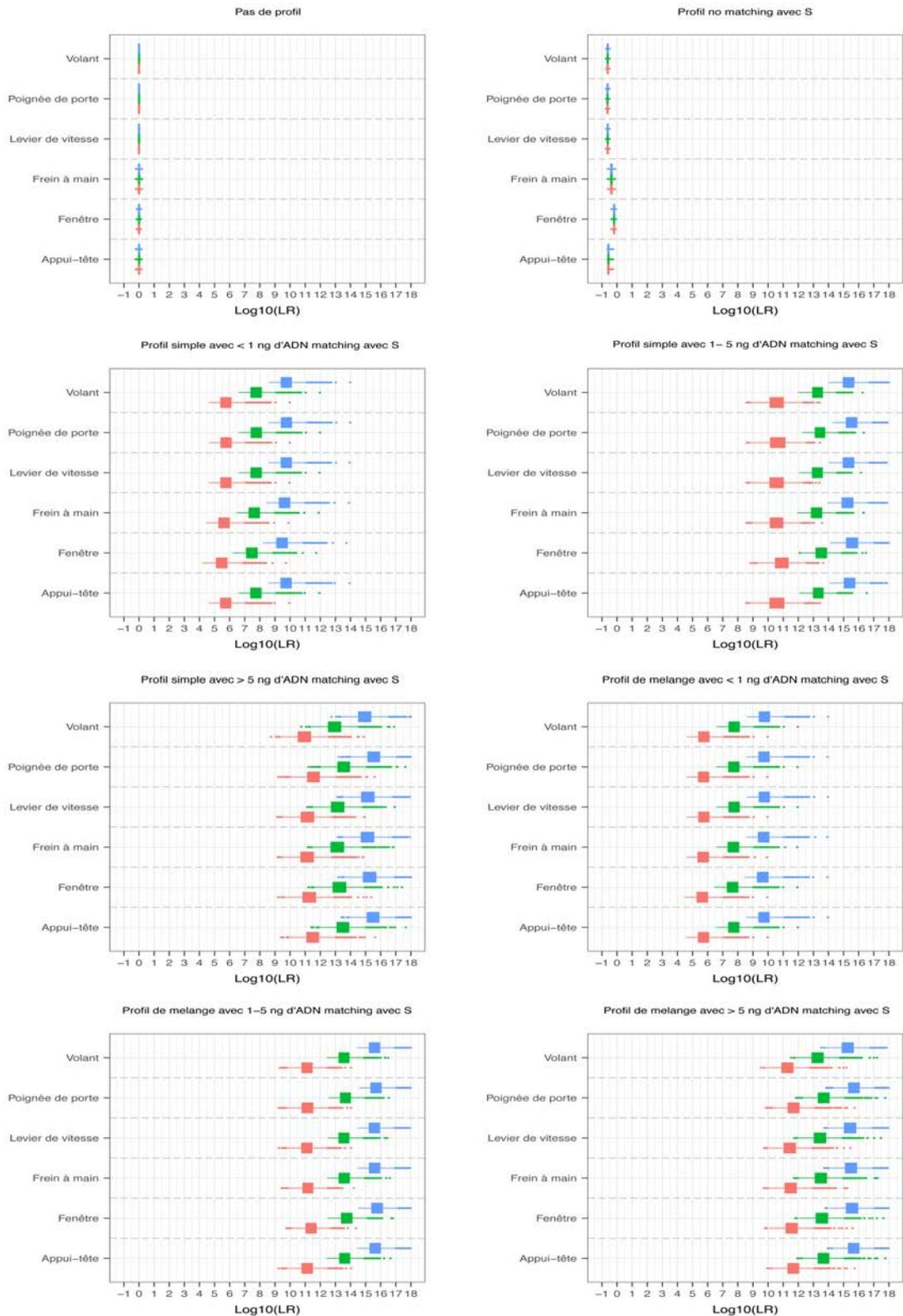
H₁ vs H₃ (S comme passager légitime)



H₁ vs H₄
(S jamais été dans le véhicule, mais transfert indirect)



H₁ vs H₅
(S pas impliqué dans l'affaire)



Graphique 38 : Comparaison des Log₁₀ calculés à partir des LR issus du réseau bayésien en fonction de l'implémentation des probabilités de coïncidence fortuite

D'après la comparaison des résultats, illustrés dans ces graphiques, il en résulte que des probabilités de coïncidence fortuite plus petites vont avoir un impact de l'ordre de 4-6 (échelle exprimée en logarithme de base 10) sur les rapports des vraisemblances. Cependant, cette variation vaut uniquement pour l'hypothèse alternative n. 4 qui se base sur le fait que la personne mise en cause n'est pas impliquée et n'a jamais été présente dans le véhicule volé. Généralement pour ce type de scénario, les rapports de vraisemblance présentent déjà des valeurs très élevés. Par conséquent, le gain obtenu par l'usage de kit d'analyse encore plus sélectif est modeste. A coûts constants des analyses - comme pratiquement lors du passage de l'*AmpFℓSTR® SGM Plus PCR Amplification kit* (10 loci) à l'*AmpFℓSTR® NGM PCR Amplification Kit* (15 loci) - il va de soi que l'investissement sera bénéfique, mais il concernera qu'un nombre limité de situation comme exposé plus haut.

En d'autres termes, lorsque les entreprises créeront des nouveaux kits d'amplification intéressant un nombre plus élevé de loci analysés, l'achat de ceux-ci devrait être considéré uniquement si les prix d'achat ne diffèrent pas de ceux actuels. Dans le cas contraire, il vaut mieux ne pas changer de protocoles du moment que l'intégration de ces nouveaux kits n'apporterait pas des bénéfices au niveau de l'évaluation lorsque les profils montrent des concordances avec une personne mise en cause.

La première partie de ce chapitre visait à découvrir s'il vaut la peine encore d'investir en terme d'acquisition des données. Les séries de simulations effectuées nous a permis de répondre aisément à cette question en montrant les bénéfices limités d'un tel investissement (1'000 analyses supplémentaires). Il en résulte que les données récoltées lors de la partie expérimentale et alimentant le réseau bayésien sont suffisantes pour l'évaluation des résultats dans le cadre des scénarios invoquant le vol de véhicules au niveau de l'activité.

Cependant, la structure du réseau bayésien n'est pas valable uniquement pour ce type de délit. Du point de vue forensique, il est possible envisager une multitude de scénarios invoquant la présence de traces d'ADN de contact. Le scénario du vol des véhicules a été sélectionné parmi les nombreux candidates à cause de sa capacité de généralisation qui nous a permis de représenter au mieux la problématique du domaine dans sa totalité (voir Chapitre 2.2). Le réseau bayésien proposé peut être alors aisément adapté à d'autres types de scénarios forensiques avec quelques changements aux états des noeuds et aux valeurs des tableaux des probabilités. Imaginons un cas d'agression où les analyses ont mis en évidence un profil génétique sur le pull de la victime, pas différentiable du profil de référence de la personne mise en cause. Afin d'évaluer ce résultat au niveau de l'activité, il suffira d'adapter les hypothèses d'intérêt et apporter quelques modifications par exemple à l'état du noeud *Zone des prélèvements* ("manches", "col", ... au lieu que "volant", "levier de vitesse", ...) et introduire les don-

nées de la littérature et/ou issues à partir de tests ciblés pour l'affaire en question dans le tableau de probabilités en question.

Venons maintenant à l'autre question posée au début de ce chapitre: ***Quelles sont les contributions majeures de cette recherche doctorale et quelles en sont les retombées dans la pratique forensique?***

À l'heure actuelle, les laboratoires de génétique forensique suisses son mandatés pour se prononcer sur le rapport de vraisemblance au niveau de la (sous-)source, à l'exception des cas spécifiques où le magistrat invite les généticiens à répondre à des questions précises au niveau de l'activité. On peut légitimement se demander s'il est pertinent de rendre compte des résultats ADN dans les cas évoqués dans ce thèse uniquement au niveau de la source en se focalisant uniquement sur la probabilité de coïncidence fortuite d'un profil génétique (Taroni et al, 2013).

Une réponse à cette interrogation est donnée dans le document *ENFSI Guideline for evaluative reporting in forensic science* (2015) et dans un article publié dans *Frontiers in Genetics* (Champod, 2013). Le document de l'ENFSI donne des directives pour les praticiens forensiques pour la formulation des rapports évaluatifs.

Selon ce document, les rapports évaluatifs doivent respecter quatre critères:

- *Equité*
Les résultats des observations expérimentales doivent être évalués sous l'optique d'au moins deux propositions: généralement, il s'agit de la proposition du procureur et celle avancée par l'avocat de la défense de la personne mise en cause.
- *Logique*
L'évaluation des indices matériels doit considérer les probabilités de ces observations sous les propositions envisagées et pas les probabilités des hypothèses elles-même en sachant les informations circonstancielles et les résultats obtenus. Il s'agit d'une erreur de transposition du conditionnel largement répandue, connue sous l'appellation de *prosecutor's fallacy*, *inversion fallacy* ou encore *transposed conditional* (Evet, 1995).
- *Robustesse*
Le rapport doit pouvoir soutenir les contrôles minutieux de la part d'autres experts scientifiques en cas de contre-expertises. L'évaluation des résultats doit se baser sur les données publiées, sur les bases de données perti-

nentes ou encore sur les données expérimentales issues à partir de tests ciblés pour l'affaire en question. En absence de ce type de données, l'expert peut, le cas échéant et en toute transparence, consolider son appréciation sur la base de ses connaissances et son propre expérience sur l'exploitation de l'indice matériel en question.

- *Transparence*

Les conclusions doivent être transcrites dans un rapport de facile compréhension pour une gamme de lecteurs assez variés pouvant intervenir lors d'un procès judiciaire (Howes et al, 2013).

Le rôle principal de l'expert forensique, ou du généticien forensique dans le cas de l'ADN, est celui d'expliquer au tribunal la signification de ses résultats dans le contexte de l'affaire. L'évaluation doit se faire sous deux hypothèses alternatives comme énoncé précédemment (Champod, 2013; ENFSI, 2015; Gittelsohn et al, 2016).

Les niveaux de la sous-source et de la source devraient donc être utilisés uniquement lorsqu'il n'y a pas de risques que le tribunal puisse intégrer des simples indications sur la rareté des caractéristiques d'une trace fallacieusement dans le contexte des activités invoquées dans le cadre d'une enquête, ceci en considérant surtout les valeurs très élevées, typiquement dans les analyses ADN, que les rapports de vraisemblance prennent habituellement au niveau de la (sous)source. Ce concept peut s'appliquer à tous les types de traces physiques comme par exemple les traces papillaires, les traces de semelles de souliers et d'outils ou encore les traces dérivant directement d'une activité comme par exemple les traces de peinture sur la carrosserie d'un véhicule entré en collision avec un vélomoteur. Il existe ensuite d'autres résultats dérivant des comparaisons effectuées dans des domaines forensiques comme les armes à feu et les écritures, où les hypothèses au niveau de source sont par définition corrélées à une activité: la proposition "le projectile provient de l'arme en question" correspond substantiellement à la proposition "le projectile a été tiré à l'aide de l'arme en question".

En absence d'une hypothèse alternative, aucune évaluation ne peut être effectuée. Selon le rapport de l'ENFSI, l'expert forensique devra alors choisir une option parmi les suivantes:

- adopter parmi une série d'hypothèses alternatives la plus raisonnable possible et cohérente avec la position de la défense selon les circonstances du cas à disposition du scientifique, en soulignant bien que l'indice matériel doit être à nouveau interprété si la défense avance d'autres propositions;
- présenter dans un rapport d'investigation une liste d'explications pouvant

justifier la présence de la trace sur les lieux (par exemple, les résultats relatifs aux traces de sang mises en évidence sur le marteau peuvent être expliquées des manières suivantes: soit le marteau a été utilisé lors de l'agression au Monsieur X, soit le marteau n'est pas l'arme de crime mais il est entré en contact avec les traces hématiques présentes sur la scène de crime) en clarifiant qu'il s'agit d'une liste non exhaustive;

- rédiger un rapport technique indiquant uniquement les résultats obtenus en soulignant l'impossibilité de l'évaluation des observations.

Tout au long des phases d'interprétation, une fois établies les hypothèses, celles-ci ne doivent plus être modifiées que par la découverte de nouvelles informations circonstanciées. L'absence de données publiées ou de connaissance de la part de l'expert en ce qui concerne les mécanismes délicats de transfert, persistance et bruit de fond des traces examinées n'est pas un prétexte pour changer le jeu ou le niveau d'hypothèses (Champod, 2013). En absence de valeurs chiffrées, l'expert forensique devrait analyser la sensibilité du rapport de vraisemblance en attribuant différentes probabilités selon sa propre appréciation.

Selon ces directives, les hypothèses au niveau de l'activité devraient être formulées lors de l'évaluation des indices forensiques si la possibilité subsiste. Par conséquent, la procédure actuellement adoptée par les laboratoires de génétique forensique est lacunaire et pas conforme avec les directives de l'ENFSI (McKenna, 2013).

Afin d'évaluer l'impact de disposer des rapports de vraisemblance à un niveau de propositions supérieur à celui communément fourni aux magistrats, des entretiens ont eu lieu avec différentes autorités du Ministère Public du Canton Tessin à savoir trois Procureurs, le Vice Procureur Général ainsi que le Procureur Général. Les interviews ont été structurés de la manière suivante:

- illustration d'un cas impliquant le vol d'un véhicule (profil complet issu à partir d'une trace de contact prélevée sur le volant d'une voiture volée, retrouvée deux semaines après les faits dans un parking);
- mise à disposition des conclusions de rapports d'expertise en matière d'ADN, rédigés par les laboratoires de génétique responsable des analyses;
- demande sur la valeur que les personnes interviewées attribuent normalement à ce genre de rapports;
- explication des notions théoriques de base d'interprétation en matière d'ADN (notion des hypothèses, niveaux des hypothèses envisageables, explication de la formule pour le calcul des rapports de vraisemblance, illustration d'un profil génétique avec explication des notions des allèles et des

loci, conversation des résultats par une échelle verbale);

- illustration des rapports de vraisemblance obtenus au niveau d'activité en envisageant différentes hypothèses alternatives.

De manière générale, tous les participants de l'enquête sont d'avis que les rapports d'expertise en matière d'ADN lors du rapprochement du profil d'une trace indiciaire à une personne mise en cause sont très importants. Ils accordent à ces écrits un caractère purement scientifique attestant la validation des procédures utilisées lors de l'analyse pour l'extraction du profil ainsi que des calculs effectués pour l'obtention du rapport de vraisemblance, nécessaires pour compléter les dossiers à soumettre au tribunal.

Dans la plupart des affaires traitées par le Ministère Public tessinois, lorsque les personnes mises en cause apprennent que "leur ADN a été extrait à partir des traces récoltées sur les lieux", soit elles avouent leur implication soit elles maintiennent leur silence. Dans ces cas de figure, les personnes interviewées sont de l'avis que les rapports de vraisemblance calculés sur la base d'hypothèses formulées aux niveaux de la sous-source suffisent déjà largement pour la poursuite de l'enquête.

L'exemple suivant permettra d'illustrer mieux le concept. Une trace rougeâtre a été retrouvée et prélevée sur les lieux d'un braquage. Les résultats des tests immunochromatographiques ainsi que les caractéristiques morphologiques de la tâche permettent aux experts de s'orienter avec confiance quant sur la nature du fluide biologique. Le profil simple et complet amplifié à partir de l'ADN de la trace hématique résulte pas différentiable pour l'ensemble des loci analysés du profil génétique de la personne mise en cause. Cependant, celle-ci nie toute implication avec les faits et déclare de n'avoir jamais été ou laissé du sang sur les lieux de braquage. Dans ce cadre d'exemple, le niveau de source est tout à fait approprié. En effet, aucune connaissance scientifique particulière n'est nécessaire au tribunal car les phénomènes de transfert, persistance et bruit de fond ne jouent pas un rôle prépondérant dans ce cas particulier: les informations au niveau de source permettent de progresser sans risque à celui de l'activité.

Durant ces dernières années, en Tessin, quelques tentatives ont été faites par la défense dans le dessein de justifier la présence de l'ADN des clients en évoquant le transfert par voies indirectes et des contacts avec les surfaces cibles mais antécédents aux faits. Nous pouvons mentionner deux cas pratiques:

- Le premier exemple concerne un cas de cambriolage dans une habitation. Les analyses génétiques ont permis d'extraire un profil de bonne qualité à partir d'une trace ADN de contact prélevée par les enquêteurs sur le manche d'une pioche retrouvée sur les lieux. L'outil en question n'appartient pas aux propriétaires de l'habitation et ne se trouvait pas à l'intérieur

de la maison avant le cambriolage.

Suite à l'insertion du profil indiciaire dans la base de données nationale, il en résulte un rapprochement avec un individu déjà connu depuis longtemps par les autorités pour de nombreux cas de cambriolage dans la région.

Pendant l'interrogatoire, la personne mise en cause avoue uniquement avoir tenté de cambrioler l'habitation en question. En effet, selon ses dires, à son arrivée sur les lieux il a découvert que la cible avait été déjà visitée par un de ses "collègues". Il déclare être entré dans la maison et avoir ramassé la pioche mais seulement pour donner un coup d'oeil à l'outil en question, en justifiant ainsi la présence de son ADN sur son manche.

- Le deuxième exemple concerne l'arrestation d'un groupe de personnes prêt à braquer un office de poste.

Sur les lieux de leurs préparatifs pour le braquage, une arme à feu a été retrouvée et des prélèvements d'ADN ont été effectués. Le profil d'ADN extrait a été alors comparé avec les profils de référence de toutes personnes arrêtées, en observant une non-différentiation pour l'ensemble des loci détectés pour un individu. Cependant, cette personne nie toute implication avec l'affaire en déclarant de n'avoir jamais vu ni touché l'arme en question: il se trouvait sur les lieux par hasard et connaissait pas les intentions de ce groupe de personnes. Il ne comprenait pas la raison de la présence de son ADN sur le pistolet et avançait donc l'hypothèse d'un transfert secondaire. Selon ses déclarations, quelqu'un aurait emprunté sa veste à son insu et mis l'arme en question dans une des poches. Son ADN présent dans les parties de sa veste a trouvé donc vraisemblablement un moyen pour se transférer sur la surface du pistolet.

À l'exception de quelques cas particuliers, la défense n'avance jamais des hypothèses alternatives particulières. Face à ces situations, les procureurs demandent généralement aux laboratoires compétents d'écrire un complément à leur rapport d'expertise afin de déterminer si le scénario évoqué peut être envisageable ou totalement illusoire. Un outil à l'inférence, comme celui développé dans le cadre de cette thèse, pourrait soutenir le généticien forensique dans cette démarche d'évaluation.

En l'occurrence, lors des entretiens avec les autorités, les rapports de vraisemblance présentés sont indiqués dans le tableau suivant:

Rapports de vraisemblance selon les hypothèses envisagées	
<i>Niveau de la source</i>	<i>LR</i>
Monsieur X est à l'origine de la trace de contact. vs Une autre personne pas apparentée à Monsieur X est à l'origine de la trace de contact.	1000'000'000
<i>Niveau de l'activité</i>	<i>LR</i>
Monsieur X a conduit le véhicule. vs Monsieur X n'a pas conduit le véhicule, mais il avait conduit le véhicule en question avant les faits.	~40
Monsieur X n'a pas conduit le véhicule, mais il était assis comme passager dans le véhicule en question.	~1'900
Monsieur X n'a pas conduit le véhicule: son ADN a été transféré dans le véhicule par des voies indirectes.	~40
Monsieur X n'a pas conduit le véhicule: il n'est pas du tout impliqué dans l'affaire.	~250'000'000

Tableau 83 : Aperçu des valeurs de rapports de vraisemblance illustrés aux magistrats

Les valeurs des rapports de vraisemblance, calculés au niveau de l'activité, ont intéressé toutes les personnes interviewées. Même si elles ne s'attendaient pas à une différence si importante entre l'évaluation des résultats selon le choix de l'hypothèse alternative envisagée, elles sont de l'avis que les résultats sont tout à fait compatibles avec leur perception intuitive sur la valeur à assigner aux constatations.

À leur avis, ce genre de conclusions au niveau de l'activité est beaucoup plus adéquate pour le tribunal lors d'un procès par rapport aux traditionnels calculs statistiques proposés au niveau de la source, mais, relèvent les interviewés, uniquement lorsque la défense avance des hypothèses alternatives différentes de celles basées sur la totale non-implication du client. Elles indiquent en effet que le fait de savoir qu'un profil ADN indiciaire n'est pas différenciable de celui de la personne mise en cause suffit déjà amplement pour la plupart des enquêtes. À ce moment, il est proposé de placer le fardeau des explications sur la défense. Cela serait à cette partie d'expliquer pour quelle raison le matériel biologique de son client se trouvait sur l'objet à la base du prélèvement. Par conséquent, ils indiquent que l'évaluation des résultats au niveau de l'activité ne devrait donc pas être systématique, mais utilisée exclusivement lorsque les circonstances et la défense l'exigent.

Il est alors légitime de se demander si l'approche adoptée est équilibrée entre les parties au procès. En effet comme nous l'avons vu, pour apprécier des résultats ADN considérant des propositions au niveau de l'activité, il est nécessaire de prendre en compte des facteurs comme les mécanismes de transfert, de persistance et de bruit de fond. Cette appréciation est particulièrement importante lors de l'exploitation de traces faibles telles que les traces de contact en ADN, de infimes quantités de stupéfiants ou d'explosives ou des microtraces comme les fibres, les fragments de verre, ou d'autres micro-particules. Or est-il raisonnable d'attendre que la défense soit, en référence à la connaissance commune, consciente des difficultés d'interprétation de ce type de trace? En effet, les risques de transfert indirect d'ADN sont

réels, essentiellement dus à l'augmentation de la sensibilité des analyses génétiques, mais ceux-ci ne sont pas connus par tous les acteurs du système pénal. Mettre le fardeau de la contestation sur les épaules de la défense n'est pas appropriée à notre avis et ne pas discuter de ces problématiques relève d'une absence de transparence. Prenons un exemple dans un autre domaine forensique pour illustrer cet argument. Une victime a été découverte morte suite à une agression violente. La victime a été étranglée avec une écharpe. Sur le cou de la victime sont retrouvées deux fibres qui sont indifférenciables de fibres d'une écharpe en possession d'un suspect. Il est clairement insuffisant de limiter le rapport d'expertise à une information indiquant la grande rareté de ces deux fibres (une très faible fréquence d'apparition). Nous risquons d'y voir une coïncidence hautement improbable, au risque de conduire à des erreurs d'appréciation du poids effectif à attribuer à la concordance reportée. Dans le cas d'espèce, il est fondamental pour le tribunal d'être renseigné quant à la probabilité d'obtenir deux fibres dans le cadre des activités alléguées et donc d'apprécier la pertinence de cette quantité de fibres (2 en l'occurrence). Il se peut que l'observation de deux fibres soit quasiment impossible dans l'hypothèse d'une agression telle qu'alléguée par l'accusation, alors que ces deux fibres s'expliqueraient parfaitement par les contacts sociaux et légitimes entre les acteurs ou simplement par le bruit de fond de fibres nous entourant. Laisser aux parties le soin d'apprécier la pertinence de retrouver deux fibres sans aucune connaissance des phénomènes de transfert, de persistance et de bruit de fond est la porte ouverte à une appréciation hasardeuse de la valeur à attribuer à l'indice. Les conseils spécialisés d'un expert sont requis et ce non pas uniquement si la défense le requiert, mais de manière systématique. Il en va de même en matière de traces ADN en très faible quantité, comme les traces qui nous occupent dans cette recherche.

À cet égard, le Procureur Général a exprimé son accord de principe avec la méthodologie proposée plus haut et il a souligné lors de son interview l'obligation qui est faite à tout expert forensique de faire savoir aux magistrats tous les éléments pouvant impacter sur l'appréciation des résultats scientifiques tant pour une partie que pour l'autre. Au Procureur Général de faire référence à l'article 6 du Code de procédure pénale suisse, ici reproduit:

Art. 6 Maxime de l'instruction

- ¹ Les autorités pénales recherchent d'office tous les faits pertinents pour la qualification de l'acte et le jugement du prévenu.
- ² Elles instruisent avec un soin égal les circonstances qui peuvent être à la charge et à la décharge du prévenu.

L'expert forensique applique une démarche scientifique dans l'étude des traces récoltées en lien avec une activité criminelle dans le but d'aider la justice en informant, dans la limite

du possible, sur les circonstances et les causes d'une activité donnée. Même si les services de Police Scientifique sont des unités de la police qui travaillent en contact régulier avec le Ministère Public, il ne faut pas oublier que leur rôle doit rester impartial. L'équité et l'indépendance doivent transparaître tout le long du travail forensique. Il est donc impératif d'évaluer systématiquement les résultats (par des rapports de vraisemblance) sur la base d'hypothèses formulées au niveau de l'activité pour tous les indices matériels nécessitant des connaissances spécifiques. Etant donné qu'actuellement la défense ou plus généralement les parties ne sont pas suffisamment équipées pour apprécier la plausibilité des échanges de micro-quantité d'ADN, il nous paraît nécessaire d'envisager une série d'hypothèses alternatives, la plus raisonnable et cohérente avec la position de la défense selon les informations à disposition du forensicien.

Chapitre 8

Conclusion

Le projet de cette recherche doctorale a démarré avec l'espoir de mieux comprendre la problématique d'évaluation des résultats ADN dans des cas forensiques mettant en jeu d'infimes traces biologiques comme des traces laissées par un simple contact à main nue. La recherche a identifié plusieurs paramètres qui participent à cette évaluation, notamment: le transfert, la persistance, le bruit de fond ainsi que les spécificités du profil ADN obtenu. Les paramètres sont un peu comme les pièces d'un puzzle qui assemblé doit permettre de comprendre la portée d'un indice et donc de donner une image claire de sa contribution. Au cours de ces dernières années, plusieurs groupes de recherche ont tenté de comprendre le rôle de ceux-ci, mais souvent en prenant chaque paramètre de manière isolée sans avoir une vue d'ensemble sur l'interaction des divers facteurs entre eux. Mais quel est l'intérêt de trouver toutes les pièces d'un puzzle si l'on est incapable de les assembler? Dans notre cas, certaines pièces ont une contribution plus importante que d'autres et leur identification nous permettrait d'accélérer la reconstruction de l'image dans son entier. Toutefois l'identification de ces pièces est difficile voire impossible sans l'aide d'un modèle au risque d'investiguer tous les paramètres un peu en aveugle, à l'image de la stratégie de la majorité des chercheurs et chercheuses actuellement.

Centraliser et fusionner toutes les informations ainsi que les connaissances à disposition dans le dessein de schématiser, étudier et tenter de maîtriser un phénomène donné est l'objectif des modèles graphiques utilisé dans le cadre de cette thèse. Etant donné la complexité du processus réglant l'évaluation des traces ADN considérées, un outil de modélisation présente alors toute son utilité. Dans le cadre de cette recherche doctorale, les réseaux bayésiens ont été retenus pour cette modélisation. Le début de la thèse avait pour objectif d'établir un inventaire de la recherche et des connaissances dans le domaine du transfert, de la persistance et du bruit de fond en matière d'ADN. Cela a permis de mettre en évidence de nombreuses lacunes dues au manque de données publiées et des observations souvent contradictoires entre les différentes recherches scientifiques. Toutefois, malgré les variations observées, il a été possible d'identifier les paramètres intervenant dans l'évaluation des traces biologiques et déterminer lesquels influent sur le rapport de vraisemblance associé aux résultats obtenus lors des analyses.

Le premier objectif de ce projet a été donc d'élaborer un modèle graphique capable de nous offrir une vision coordonnée de l'ensemble de la problématique et également la possibilité d'étudier les relations entre les différentes variables. Sur la base d'une lecture et d'une analyse approfondie des tableaux de probabilités conditionnelles associés aux noeuds du réseau, il a été possible de déterminer l'impact de chaque variable sur la valeur indiciale du profil résultant de la trace. La modélisation graphique a permis enfin de sélectionner aisément parmi les paramètres retenus ceux ayant le plus d'impact sur le résultat final en réduisant également les

risques de collecter des données peu significatives. Ceci a permis de mettre en lumière les pièces-clé du puzzle (objectif 2). Ces renseignements ont été à la base de l'établissement du plan de travail pour la partie expérimentale de la recherche doctorale, focalisée uniquement sur les éléments et les situations ayant plus d'influence sur l'évaluation finale des résultats. Les données récoltées grâce aux expériences mises sur pied (objectif 3) ont permis de paramétrer le réseau bayésien en mettant à jour les valeurs initialement basées sur les publications scientifiques et les estimations personnelles (objectif 4). Le modèle graphique proposé a été ensuite validé (objectif 5) en comparant les résultats extrapolés du réseau bayésien avec les calculs traditionnels du rapport de vraisemblance. La dernière partie du projet a été consacré à l'étude de la sensibilité (objectif 6). Enfin, à l'aide des simulations, nous avons pu démontrer que un investissement supplémentaire de temps et argent dans l'acquisition de données pour ce qui concerne les noeuds sensibles n'apporterait pas de gain espéré par rapports aux rapports de vraisemblance déjà obtenus.

Cette recherche doctorale cherche à mieux comprendre l'évaluation des traces ADN de contact. Deux avancées majeures ont été apportées par cette recherche. Par l'usage d'une approche structurée par l'intermédiaire d'un réseau bayésien informé de données adéquates et suffisantes, il est aujourd'hui possible de fournir une interprétation des traces ADN de contact dans le contexte des activités alléguées et non plus uniquement en regard des questions relatives à la source. La seconde contribution est la possibilité facilitée de considérer les résultats en regard de scénarios multiples sans forcément devoir en choisir un seul. Le réseau bayésien proposé dans cette recherche a été basé sur les scénarios de vols de véhicules. Cependant le modèle peut être facilement réadapté à toute sorte de scénarios forensiques en apportant quelques modifications aux états des noeuds et les relatives mises à jour aux tableaux de probabilités intéressés.

Les objectifs ont été atteints, cependant il ne s'agit que d'un point de départ car plusieurs interrogations restent encore ouvertes. Les simulations effectuées dans le chapitre 7 ont montré les gammes de variation des valeurs de rapports de vraisemblance à partir de n cas simulés. Une interrogation pourrait être alors "quelle valeur du rapport de vraisemblance devons-nous inscrire dans un rapport d'expertise?": juste la valeur moyenne (calculée à partir de tous les valeurs obtenues lors des simulations des n cas) afin d'offrir au tribunal une estimation de l'ordre de grandeur, ou l'intervalle avec toute la gamme des valeurs possibles obtenues des simulations, ou encore uniquement la valeur minimale de cet intervalle pour rester le plus favorable à la personne mise en cause? Cet argument de discussion est au centre d'un débat parmi les scientifiques (Nordgaard, 2016; Sjerps et al, 2016; Taroni et al, 2016), et la présente recherche n'apporte pas de solution mais uniquement des outils de simulation qui rendent expli-

cite la problématique comme proposé par Taylor et collègues (2016).

En Suisse, dans l'état actuel, les expertises en matière des traces biologique rédigées par les généticiens forensiques sur mandats prévoient généralement une évaluation des résultats sous l'optique d'hypothèses formulées au niveau de la (sous)source. Cette démarche n'est non seulement pas conforme aux directives recommandées par le guide publié par l'ENFSI, mais elle est également risquée voire erronée.

Les rencontres avec les différents membres du Ministère Publique du Canton Tessin indiquent que l'approche proposée par cette thèse (forcer l'évaluation au niveau des activités) serait plus opportune lors d'une phase des débats au tribunal, plutôt que lors de la phase d'enquête. Leur position est ne pas "offrir" des explications mais d'attendre que celles-ci soient demandées par les parties. Cependant, à notre avis, cette approche n'est pas très équitable pour les parties parce qu'à l'heure actuelle trop peu d'acteurs possèdent la maîtrise des phénomènes guidant la production des traces ADN de contact. Combien d'avocats, de procureurs, de juges ou même d'inspecteurs scientifiques connaissent les réels risques des transferts secondaires ou tertiaires? Le seul saupoudrage d'une trace papillaire peut charger suffisamment d'ADN un pinceau et transférer cet ADN sur les lieux d'un autre délit. La simple manipulation d'un objet comme une bouteille d'eau comporte également des dangers pas négligeables: il suffit que le même objet soit ensuite touché par l'auteur d'un crime pour que l'ADN d'une personne non impliquée soit détecté sur un objet qu'elle n'a jamais directement touché. De plus, au-delà du respect des principes de l'équité, une plus grande transparence dans les conclusions des résultats génétiques s'impose comme une nécessité.

Cette recherche doctorale soulèvera sans doute des discussions parmi les praticiens, les policiers et les magistrats. Aujourd'hui, l'ADN est considéré désormais comme la nouvelle reine des preuves forensiques, une preuve incorruptible, infaillible, ... bref indiscutable. Grâce à l'augmentation vertigineuse de la sensibilité des techniques analytiques actuelles, analyser des traces d'ADN semble en effet une procédure très simple. Des entreprises commencent même à offrir la possibilité d'analyser les traces d'ADN immédiatement sur les lieux grâce à de nouveaux appareils sophistiqués portables.

Mais le fait de retrouver un profil génétique à partir d'une trace prélevée sur la scène d'un crime ne représente pas nécessairement la clé de succès pour une enquête. La plupart de la population considère à tort que les traces d'ADN soient capables elles-mêmes de résoudre les procédures judiciaires en prouvant la présence ou non des personnes mises en cause. Il est fort probable que cette conviction erronée découle des chiffres astronomiques de probabilités calculées pour illustrer la rareté d'un profil génétique, souvent de l'ordre de plusieurs milliards. Il n'est pas exclu non plus que les gens pensent que cette valeur exorbitante représente le degré

de fiabilité d'une analyse d'ADN. Or, ces chiffres astronomiques ne parlent qu'indirectement en faveur de la présence ou non de l'individu, car l'identité de source n'est pas équivalente à l'établissement de la présence ou du contact.

Tout indice matériel doit être insérée dans le contexte des activités criminelles invoquées dans le cadre d'une affaire. Les traces ADN de contact peuvent être transférées aisément d'une surface à l'autre, ne peuvent pas être datées, sont susceptibles d'être contaminées et peuvent être mal interprétées. Comme toutes autres traces forensiques, l'ADN n'est qu'un élément parmi d'autres au sein d'une enquête. Au-delà des compétences scientifiques, une approche rigoureuse basée sur l'équité des parties lors de la présentation des résultats analytiques doit être à la base du travail d'un expert forensique au service de la justice. Se limiter à formuler les résultats au niveau de la (sous)source lorsqu'il y a la possibilité de fournir des renseignements plus parlants aux magistrats en regard de l'activité criminelle est une approche discutable. Ceci d'autant plus lorsque les résultats dérivant des analyses ne sont pas tout à fait compatibles avec les faits. La non-divulgation d'une telle incompatibilité peut induire les magistrats ou les tribunaux en erreur alors qu'il existe des alternatives parfaitement crédibles qui pourraient parfaitement expliquer les observations forensiques. Cependant, il faut également tenir en compte des lacunes engendrées par la procédure actuellement en vigueur en Suisse pour les analyses d'ADN. Dans un souci d'objectivité, la Confédération avait décidé de confier les analyses génétiques à des laboratoires indépendants des services de police. Il en résulte que, dans la pratique, la majorité des traces biologiques est analysée de façon anonyme en ne portant qu'un numéro PCN. À part pour des affaires particulières, les laboratoires n'ont pas donc accès aux informations circonstancielle des cas et travaillent presque exclusivement en mode investigatif. Cette procédure représente en quelque sorte une perte pour la justice car les laboratoires n'ont pas les moyens de conduire une évaluation complète des résultats génétiques. Ce cloisonnement entre les laboratoires génétiques, les services d'identité judiciaire, les enquêteurs et les magistrats freine inévitablement l'évolution vers une meilleure exploitation de l'indice d'ADN. Une solution pour améliorer la situation et favoriser la circulation des informations pourrait être, par exemple, l'organisation de séances informatives de discussion périodiques avec la participation de tous les parties intéressées, à savoir les magistrats, les généticiens et des inspecteurs forensiques.

Ce thèse se conclut avec l'espoir que les traces ADN de contact soient plus systématiquement interprétée en tenant compte des spécificités des faits allégués et plus uniquement de la rareté des profils ADN obtenus.

Chapitre 9

Bibliographie

Abaz J, Walsh SJ, Curran JM, Moss DS, Cullen J, Bright J-A, Crowe GA, Cockerton SL, Power TEB. Comparison of the variables affecting the recovery of DNA from common drinking containers. *Forensic Science International* 2002; 126(3): 233-240.

Aeberli Y. Le taping 1:1 et l'analyse d'ADN. Séminaire de 3^{ème} année. Institut de Police Scientifique, Ecole des Sciences Criminelles, Université de Lausanne. Lausanne, 2009.

Afolabi OA, Roeder AD, Iyengar A, Hadi S. Reference gene study for forensic body fluid identification. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2015; 5: 167-169.

Aitken CGG, Taroni F. *Statistics and the evaluation of evidence for forensic scientists.* 2nd Edition. Chichester: John Wiley and Sons, 2004.

Akane A, Matsubara K, Nakamura H, Takahashi S, Kimura K. Identification of the heme compound copurified with Deoxyribonucleic Acid (DNA) from bloodstains, a major inhibitor of Polymerase Chain Reaction (PCR) amplification. *Journal of Forensic Sciences* 1994; 39(2): 362-372.

Albrecht C. L'analyse LCN en génétique forensique: état de l'art et étude du taux de succès sur des surfaces cibles. Mémoire de DEA. Institut de Police Scientifique, Ecole des Sciences Criminelles, Université de Lausanne. Lausanne, 2005.

Alessandrini F, Cecati M, Pesaresi M, Turchi C, Carle F, Tagliabracci A. Fingerprints as evidence for a genetic profile: morphological study on fingerprints and analysis of exogenous and individual factors affecting DNA typing. *Journal of Forensic Sciences* 2003; 48(3): 233-240.

Andersen J, Bramble S. The effects of fingermark enhancement light sources on subsequent PCR-STR DNA analysis of fresh bloodstains. *Journal of Forensic Sciences* 1997; 42(2): 303-306.

Antognini C. Etude de la persistance des traces de contact d'ADN. Séminaire de 3^{ème} année. Institut de Police Scientifique, Ecole des Sciences Criminelles, Université de Lausanne. Lausanne, 2009.

Ansell R. Secondary transfer of seminal constituents. *Canadian Society of Forensic Science Journal* 2002; 35(1): 23-27.

Arany S, Ohtani S. Age estimation of bloodstains: a preliminary report based on aspartic acid racemization rate. *Forensic Science International* 2011; 212(1-3): 36-39.

Azoury M, Zamir A, Oz C, Wiesner S. The effect of 1,2-indanedione, a latent fingerprint reagent on subsequent DNA profiling. *Journal of Forensic Sciences* 2002; 47(3): 586-588.

Balding DJ, Nichols RA. DNA profile match probability calculation: how to allow for population stratification, relatedness, database selection and single bands. *Forensic Science In-*

ternational 1994; 64(2-3): 125-140.

Ballantyne KN, Poy AL, van Oorschot RAH. Environmental DNA monitoring: beware of the transition to more sensitive typing methodologies. *Australian Journal of Forensic Sciences* 2013; 45(3):323-340.

Balogh MK, Burger J, Bender K, Schneider PM, Alt KW. STR genotyping and mtDNA sequencing of latent fingerprint on paper. *Forensic Science International* 2003; 137(2-3): 188-195.

Barbaro A, Cormaci P, Barbaro A. DNA typing from lipstick prints left on the skin. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2009; 2(1): 125-126.

Barbaro A, Cormaci P, Barbaro A. Study about the Effect of High Temperatures on STRs Typing. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2008; 1(1): 92-94.

Bellefeuille J, Bowen K, Wilkinson D, Yamashita B. Protocole de recherche d'éléments de preuve génétiques sur les lieux du crime. *Forensic Identification Research Services*. Royal Canadian Mounted Police Head Quarters. Ottawa, Ontario, Canada, 1999: TM-02-99F.

Berti A, Barni F, Virgili A, Colozza C, Maiorino F, Tocca M. The recovery of DNA profiles from saliva and touch evidences after postal bomb explosion. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2011; 3(1): 471-472.

Betz A, Bäßler G, Dietl G, Steil X, Weyermann G, Pflug W. DYS STR analysis with epithelial cells in a rape case. *Forensic Science International* 2001; 118(2-3): 126-130.

Bhoelai B, de Jong BJ, de Puit M, Sijen T. Effect of common fingerprint detection techniques on subsequent STR profiling. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2011; 3(1): 429-430.

Biedermann A. Bayesian Networks and the evaluation of scientific evidence in forensic science. Thèse de doctorat. Institut de Police Scientifique, Ecole des Sciences Criminelles, Université de Lausanne. Lausanne, 2007.

Biedermann A, Taroni F. Bayesian networks for evaluating forensic DNA profiling evidence: a review and guide to literature. *Forensic Science international: Genetics* 2012; 6(2): 63-82.

Biedermann A, Taroni F, Delemont O, Semadeni C, Davison AC. The evaluation of evidence in the forensic investigation of fire incidents (Part I): an approach using Bayesian networks. *Forensic Science International* 2005a; 147(1): 49-57.

Biedermann A, Taroni F, Delemont O, Semadeni C, Davison AC. The evaluation of evidence in the forensic investigation of fire incidents (Part II): an approach using Bayesian networks. *Forensic Science International* 2005b; 147(1): 59-69.

Biedermann A, Taroni F, Bozza S. Implementing statistical learning methods through Bayesian networks. Part 1: A guide to Bayesian parameter estimation using forensic science data. *Forensic Science International* 2009; 193(1-3): 63-71.

Bittencourt EAA, Soares-Vieira JA, Geenen Angeramis N, da Silva CE, da Rocha Hirschfeld RC, Miazato Iwamura ES. The analysis of biological samples from crime scene for a future human DNA profile confrontation. Effects of presumptive test reagents on the ability to obtain STR profiles for human identification. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2009; 2(1): 194-195.

Bitzer S. Détermination de la nature d'une trace biologique par analyse Raman. Travail de master en criminalistique chimique, Institut de Police Scientifique, Ecole des Sciences Criminelles, Université de Lausanne. Lausanne, 2010.

Blom IE, Boon D, De Leeuw WJF. STR-typing of methyl violet stained fingerprints on the adhesive sides of tape. Proceedings of the 17th International Symposium on Human Identification, Nashville, Tennessee, Promega Corporation, Genetic Identity Conference 2006. Site web <http://www.promega.com/~media/files/resources/conference%20proceedings/ishi%2017/poster%20abstracts/abstract34blom.pdf?la=en> (dernière visite le 8 avril 2016).

Bohnert M, Faller-Marquardt M, Lutz S, Amberg R, Weisser H-J, Pollak S. Transfer of biological traces in cases of hanging and ligature strangulation. *Forensic Science International* 2001; 116(2-3): 107-115.

Bolivar PA, Tracey M, McCord B. Assessing the Risk of Secondary Transfer Via Fingerprint Brush Contamination Using Enhanced Sensitivity DNA Analysis Methods. *Journal of Forensic Sciences* 2016; 61(1): 204-211.

Bontadelli L. Etude de la qualité du donneur ADN. Travail de master en sciences forensiques. Institut de Police Scientifique, Ecole des Sciences Criminelles, Université de Lausanne. Lausanne, 2009.

Borde Y-M. Compte rendu de l'expérimentation sur l'exploitation des prélèvements biologiques réalisés sur véhicule. Institut de Recherche Criminelle de la Gendarmerie, 2008 (communication personnelle).

Borde Y, Tonnany M, Champod C. A study on the effects of immersion in river water and seawater on blood, saliva and sperm placed on objets mimicking crime scene exhibits. *Canadian Society of Forensic Science Journal* 2008; 41(3): 149-163.

Børsting C, Mogensen HS, Morling N. Forensic genetic SNP typing of low-template DNA and highly degraded DNA from crime case samples. *Forensic Science International: Genetics*

2013; 7(3): 345-352.

Bowyer VL. Investigation into DNA transfer during physical child abuse. Thèse de doctorat. Forensic Pathology Unit. University of Leicester, 2008.

Bowyer VL, Graham EAM, Rutty GN. DNA transfer through forceful contact. Proceedings of the American Academy of Forensic Sciences, San Antonio, Texas, AAFS 2007; 13: 98.

Boyd S, Bertino MF, Seashols SJ. Raman spectroscopy of blood samples for forensic applications. Forensic Science International 2011; 208(1): 124-128.

Bozzo WR, Colussi AG, Ortíz MI, Laborde L, Pilili JP, Carini G, Lojo MM. Analysis of DNA from fingernail samples in criminal cases. Forensic Science International: Genetics Supplement Series 2015; 5: 601-602.

Branch L. Generating Forensic DNA Profiles from "Contact" DNA on Cartridge Cases and Gun Grips. Mémoire de master. California State University 2010.

Brayley-Morris H, Sorrell A, Revoir AP, Meakin GE, Syndercombe Court D, Morgan RM. Persistence of DNA from laundered semen stains: Implications for child sex trafficking cases. Forensic Science International: Genetics 2015; 19: 165-171.

Breathnach M, Moore E. Oral intercourse or secondary transfer? A Bayesian approach of salivary amylase and foreign DNA findings. Forensic Science International 2013; 229 (1-3): 52-59.

Breathnach M, Williams L, McKenna L, Moore E. Probability of detection of DNA deposited by habitual wearer and/or the second individual who touched the garment. Forensic Science International: Genetics 2016; 20: 53-60.

Bremmer RH, Nadort A, van Leeuwen TG, van Gemert MJC, Aalders MCG. Age estimation of blood stains by hemoglobin derivative determination using reflectance spectroscopy. Forensic Science International 2011; 206(1-3): 166-171.

Bright J-A, Petricevic SF. Recovery of trace DNA and its application to DNA profiling of shoe insoles. Forensic Science International 2004; 145(1): 7-12.

Brück S, Evers H, Heidorn F, Müller U, Kilper R, Verhoff MA. Single Cells for Forensic DNA Analysis - From Evidence Material to Test Tube. Journal of Forensic Sciences 2011; 56(1): 176-180.

Buckleton JS, Triggs CM, Champod C. An extended likelihood ratio framework for interpreting evidence. Science & Justice 2006; 46(2): 69-78.

Burger MF, Song EY, Schumm JW. Buccal DNA samples for DNA typing: new collection and

processing methods. *BioTechniques* 2005; 39(2): 257-261.

Burgess LC, Hall JO. UV light irradiation of plastic reaction tubes inhibits PCR. *Biotechniques* 1999; 27(2): 252-256.

Burnand A. Empreintes: digitales ou génétiques? Séminaire de 3^{ème} année. Institut de Police Scientifique, Ecole des Sciences Criminelles, Université de Lausanne. Lausanne, 2007.

Bussard G. Etude du transfert de l'ADN par les gants dans les cas de vol de véhicule. Evaluation des risques de contamination lors du prélèvement d'une trace de contact. Travail de master en sciences forensiques. Institut de Police Scientifique, Ecole des Sciences Criminelles, Université de Lausanne. Lausanne, 2008.

Bussard G, Pun KM, Comte J. Study of secondary and tertiary DNA transfer by gloves in cases of vehicle theft. 29nd Meeting of European Network of Forensic Science Institutes, poster, Glasgow, Scotland, 2009.

Butler JM. Forensic DNA Typing - Biology, technology and genetics of STR markers. Second Edition. Oxford : Elsevier Academic Press, 2005.

Cale CM, Earll ME, Latham KE, Bush GL. Could Secondary DNA Transfer Falsely Place Someone at the Scene of a Crime? *Journal of Forensic Sciences* 2016; 61(1): 196-203.

Castella V, Dimo-Simonin N, Brandt-Casadevall C, Mangin P. Forensic evaluation of the QIAshredder/QIAamp DNA extraction procedure. *Forensic Science International* 2006; 156(1): 70-73.

Castella V, Mangin P. Identifying Factors that Influence the STR DNA Typing Success for Touched Objects. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2008; 1(1): 405-407.

Cemper-Kiesslich J, Tutsch-Bauer E, Neuhuber F. Another Phantom from the Morgue - A case of instrument-born sample contamination in the course of identifying an known deceased. *Forensic Science International: Genetics* 2013; 7(3): 405-407.

Cerri N, Verzetti A, Cortellini V, Cincotta A, De Ferrari F. Prevalence of mixed DNA profiles in fingernail swabs from autopsic cases. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2009; 2(1): 163-164.

Champod C. DNA transfer: informed judgment or mere guesswork? *Frontiers in Genetics* 2013; 4: 300 (doi: 10.3389/fgene.2013.00300).

Champod C. Evaluating DNA Findings at Activity Level, the Contribution of Bayesian Networks and Simulations of Cases. Conference presented at the 9th International Conference on Forensic Inference and Statistics, plenary, Leiden, The Netherlands, 2014.

Champod C, Taroni F. Les préjugés de l'accusation et de la défense dans l'évaluation de la preuve technique. *Revue Pénal Suisse* 1993; 111: 223-235.

Comey CT, Koons BW, Presley KW, Smerick JB, Sobieralski CA, Stanley DM, Baechtel FS. DNA extraction strategies for amplified fragment length polymorphism analysis. *Journal of Forensic Sciences* 1994; 39(5): 1254-1269.

Comte J. Elaboration d'un kit Mini-STR multiplex pour l'analyse de l'ADN sur les douilles. Travail de master en sciences forensiques. Institut de Police Scientifique, Ecole des Sciences Criminelles, Université de Lausanne. Lausanne, 2007.

Comte J, Pun KM. Elaboration of a Mini-STR multiplex kit for the DNA analysis on fired cartridge cases. 29th Meeting of European Network of Forensic Science Institutes, poster, Glasgow, Scotland, 2009.

Cook O, Dixon L. The prevalence of mixed DNA profiles in fingernail samples taken from individuals in the general population. *Forensic Science International: Genetics* 2007; 1(1): 62-68.

Cook R, Evett IW, Jackson G, Jones PJ, Lambert JA. A model for case assessment and interpretation. *Science & Justice* 1998; 38(3): 151-156.

Cook R, Evett IW, Jackson G, Jones PJ, Lambert JA. Case pre-assessment and review in a two-way transfer case. *Science & Justice* 1999; 39(2): 103-111.

Coquoz R, Comte J, Hall D, Hicks T, Taroni F. Preuve par l'ADN - La génétique au service de la justice 3ème édition. Lausanne: Presses Polytechniques et Universitaires Romandes, 2013.

Costill DL. Sweating: its composition and effects on body fluids. *Annals of the New York Academy of Sciences* 1977, 301: 160-174.

Cotton RW, Kahn R, Word CJ, Sanchez LA. Use of PCR controls in forensic DNA laboratories: standards, practices and limitations. Proceedings of 17th International Symposium on Human Identification, Nashville, Tennessee, Promega Corporation, Genetic Identity Conference 2006. Site web <http://www.promega.com/~media/files/resources/conference%20proceedings/ishi%2017/oral%20presentations/cotton.pdf> (dernière visite le 8 avril 2016).

Coullery A. L'ADN dans les traces de contact révélées par les techniques de saupoudrage: risques et contraintes. Mémoire de DEA. Institut de Police Scientifique, Ecole des Sciences Criminelles, Université de Lausanne. Lausanne, 2005.

Cox M. A Study of the Sensitivity and Specificity of Four Presumptive Tests for Blood. *Journal of Forensic Sciences* 1991; 36(5): 1503-1511.

Crowe G, Moss D, Elliot D. The effect of laundering on the detection of acid phosphatase

and spermatozoa on cotton T-Shirts. *Journal of the Canadian Society of Forensic Science* 2000; 33(1): 1-5.

Dadour IR, Almanjahie I, Fowkes ND, Keady G, Vijayan K. Temperature variations in a parked vehicle. *Forensic Science International* 2011; 207(1-3): 205-211.

Daly DJ, Murphy C, McDermott SD. The transfer of touch DNA from hands to glass, fabric and wood. *Forensic Science international: Genetics* 2012; 6(1): 41-46.

Daniel R, van Oorschot RAH. An investigation of the presence of DNA on unused laboratory gloves. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2011; 3(1): 45-46.

Davies C, Thomson J, Kennedy F. Assessing primary, secondary and tertiary DNA transfer using the Promega ESI-17 Fast PCR chemistry. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2015; 5(1): 55-57.

De Almeida JP, Glesse N, Bonorino C. Effect of presumptive tests reagents on human blood confirmatory tests and DNA analysis using real time polymerase chain reaction. *Forensic Science International* 2011; 206(1-3): 58-61.

De Bruin KG, Verheij SM, Veenhoven M, Sijen T. Comparison of stubbing and the double swab method for collecting offender epithelial material from a victim's skin. *Forensic Science International: Genetics* 2012; 6(2): 219-223.

De Franchis R, Cross NCP, Foulkes NS, Cox TM. A potent inhibitor of Taq polymerase copurifies with human genomic DNA. *Nucleic Acids Research* 1988; 16(21): 10355.

De Moors A, Georgalis T, Armstrong G, Modler J, Frégeau CJ. Validation of the fluorescence-based Sperm Hy-Liter™ kit as a means to standardize spermatozoa identification in sexual assault cases. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2011; 3(1): 31-32.

De Moors A, Georgalis T, Armstrong G, Modler J, Frégeau CJ. Sperm Hy-Liter™: an effective tool for the detection of spermatozoa in sexual assault exhibits. *Forensic Science International: Genetics* 2013; 7(3): 367-379.

Deragon J-M, Sinnott D, Mitchell G, Potier M, Labuda D. Use of γ irradiation to eliminate DNA contamination for PCR. *Nucleic Acids Research* 1990; 18(20): 6149.

Digréus P, Andersson AC, Nordgaard A, Ansell R. Contamination monitoring in the forensic DNA laboratory and a simple graphical model for unbiased EPG classification. *Forensic Science International: Genetics Supplement Serie* 2011; 3(1): 299-300.

Djuric M, Varljen T, Stanojevic A, Stojkovic O. DNA typing from handled items. *Forensic Science International: Genetics. Supplement Series* 2008; 1(1): 411-412.

DNA Advisory Board. Quality assurance standards for forensic DNA testing laboratories. Forensic Science Communications 2000; 2(3). Version disponible sur <http://www.fbi.gov/about-us/lab/forensic-science-communications/fsc/july2000/quality-assurance-standards-for-forensic-dna-testing-laboratories> (dernière visite le 8 avril 2016).

Dominick AJ, Dixon LA, Daéid NN, Bleay SM. Is there a relationship between fingerprint donation and DNA shedding? Journal of Forensic Identification 2009; 59(2): 133-143.

Dowlman EA, Martin NC, Foy MJ, Lochner T, Neocleous T. The prevalence of mixed DNA profiles on fingernail swabs. Science and Justice 2010; 50(2): 64-71.

Dragon EA, Spadaro JP, Madej R. Quality control of Polymerase Chain Reaction. In: Persing DH, Smith TF, Tenover FC, White TJ, ed. Diagnostic molecular microbiology - Principles and applications. Washington, DC: American Society for Microbiology Press, 1993: 160-168.

Dufva C, Bengtsson J, Svensson M, Nilsson A. Forensic analysis of magnetic stripe skimmer devices. Forensic Science International: Genetics Supplement Series 2011; 3(1): 385-386.

Dwyer DE, Saksena N. Failure of ultra-violet irradiation and autoclaving to eliminate PCR contamination. Molecular and Cellular Probes 1992; 6(1): 87-88.

Edelman G, Manti V, van Ruth SM, van Leeuwen T, Aalders M. Identification and age estimation of blood stains on colored backgrounds by near infrared spectroscopy. Forensic Science International 2012, 220 (1-3): 239-244.

Elkins KM. Rapid Presumptive "Fingerprinting" of Body Fluids and Materials by ATR FT-IR Spectroscopy. Journal of Forensic Sciences 2011; 56(6): 1580-1587.

European Network of Forensic Science Institutes. ENFSI Guideline for evaluative reporting in forensic science. ENFSI 2015.

Evetts IW. The theory of interpreting scientific transfer evidence. Forensic Science Progress 1990; 4: 141-179.

Evetts IW. Avoiding the transposed conditional. Science & Justice 1995; 35(2): 127-131.

Evetts IW, Gill P, Jackson G, Whitaker J, Champod C. Interpreting small quantities of DNA: the hierarchy of propositions and the use of Bayesian Networks. Journal of Forensic Sciences 2002; 47(3): 520-530.

Evetts IW, Jackson G, Lambert JA. More on the hierarchy of propositions: exploring the distinction between explanations and propositions. Science & Justice 2000; 40(1): 3-10.

Evetts IW, Weir BS. Interpreting DNA evidence. Sunderland: Sinauer Associates, 1998.

Färber D, Seul A, Weisser H-J, Bohnert M. Recovery of Latent Fingerprints and DNA on

Human Skin. *Journal of Forensic Sciences* 2010; 55(6): 1457-1461.

Farmen RK, Cortez P, Frøyland ES. Spermatozoa recovered on laundered clothing. *Forensic Science International: Genetics* 2008b; 1(1): 418-420.

Farmen RK, Jaghø R, Cortez P, Frøyland ES. Assessment of individual shedder status and implication for secondary DNA transfer. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2008a; 1(1): 415-417.

Farmen RK, Haukeli I, Ruoff P, Frøyland ES. Assessment the presence of female DNA on post-coital penile swabs: Relevance to the investigation of sexual assault. *Journal of Forensic and Legal Medicine* 2012; 19(7): 386-389.

Ferreira STG, Trindade-Filho A, Paula KA, Mendes CR, Maia FA, Pak HI, Neto RP, Junior HD, Moraes AV. DNA analysis of biological material on perforating bullets and crime scene reconstruction. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2009; 2(1): 213-214.

Findlay I, Taylor A, Quirke P, Frazier R, Urquhart A. DNA fingerprinting from single cells. *Nature* 1997; 389: 555-556.

Finnebraaten M, Granér T, Hoff-Olsen P. May a speaking individual contaminate the routine DNA laboratory? *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2008; 1(1): 421-422.

Flanagan N, McAlister C. The transfer and persistence of DNA under the fingernails following digital penetration of the vagina. *Forensic Science International: Genetics* 2011; 5(5): 479-483.

Fonneløp AE, Johannessen H, Gill P. Persistence and secondary transfer of DNA from previous users of equipment. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2015; 5: 191-192.

Fonneløp AE, Egeland T, Gill P. Secondary and subsequent DNA transfer during criminal investigation. *Forensic Science International: Genetics* 2015; 17: 155-162.

Foran DR, Gehring ME, Stallworth SE. The Recovery and Analysis of Mitochondrial DNA from Exploded Pipe Bombs. *Journal of Forensic Sciences* 2009; 54(1): 90-94.

Foreman LA, Evett IW. Statistical analysis to support forensic interpretation of a new ten-locus STR profiling system. *International Journal of Legal Medicine* 2001; 114(3): 147-155.

Forensic Science Regulator. Report by Rennison A. Report into the circumstances of a complaint received from the Greater Manchester Police on 7 March 2012 regarding DNA evidence provided by LGC Forensics. London: Home Office, Office of the Forensic Science Regulator 2012: FSR-R-618. Site web <https://www.gov.uk/government/uploads/system/uploads/>

attachment_data/file/118941/dna-contam-report.pdf (dernière visite le 8 avril 2016).

Forensic Science Regulator. Code of Practice and Conduct. Protocol: DNA Contamination Detection - The Management and Use of Staff Elimination DNA Databases. London: Home Office, Office of the Forensic Science Regulator 2014a: FSR-P-302. Site web https://www.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/355995/DNAcontaminationDetection.pdf (dernière visite le 8 avril 2016).

Forensic Science Regulator. Code of Practice and Conduct. Appendix: DNA Analysis. London: Home Office, Office of the Forensic Science Regulator 2014b: FSR-C-108. Site web https://www.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/355357/Code-PracticeConductDNAanalysisIssue1.pdf (dernière visite le 8 avril 2016).

Forensic Science Regulator. The Control and Avoidance of Contamination in Crime Scene Examination Involving DNA Evidence Recovery: Draft Guidance. London: Home Office, Office of the Forensic Science Regulator 2015a: FSR-G-206. Site web https://www.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/393866/206_FSR_SOC_contamination_consultation.pdf (dernière visite le 8 avril 2016).

Forensic Science Regulator. The Control and Avoidance of Contamination in Laboratory Activities Involving DNA Evidence Recovery and Analysis. London: Home Office, Office of the Forensic Science Regulator 2015b: FSR-G-208. Site web https://www.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/393852/208_FSR_lab_contamination_Consultation.pdf (dernière visite le 8 avril 2016).

Fox JC, Ait-Khaled M, Webster A, Emery VC. Eliminating PCR contamination : is UV irradiation the answer? *Journal of Virological Methods* 1991; 33(3): 375-382.

Frégeau CJ, Germain O, Fourney RMF. Fingerprint enhancement revisited and the effects of blood enhancement chemicals on subsequent Profiler Plus™ fluorescent short tandem repeat DNA analysis of fresh and aged bloody fingerprints. *Journal of Forensic Sciences* 2000; 45(2): 354-380.

French CEV, Jensen CG, Vintiner SK, Elliot DA, McGlashan SR. A novel histological technique for distinguishing between epithelial cells in forensic casework. *Forensic Science International* 2008; 178(1): 1-6.

Frippiat C, Noel F. Efficiency of a novel forensic room-temperature DNA storage medium. *Forensic Science International: Genetics* 2014; 9: 81-84.

Frumkin D, Wasserstrom A, Budowle B, Davidson A. DNA methylation-based forensic tissue identification. *Forensic Science International: Genetics* 2011; 5(5): 517-524.

Frumkin D, Wasserstrom A, Davidson A, Grafit A. Authentication of forensic DNA samples. *Forensic Science International: Genetics* 2010; 4(2): 95-103.

Gartside BO, Brewer KJ, Strong CL. Estimation of Prostate-Specific Antigen (PSA). Extraction Efficiency from Forensic Samples Using the Seratec PSA Semiquant Semiquantitative Membrane Test. *Forensic Science Communications* 2003; 5(2). Version disponible sur <http://www.fbi.gov/about-us/lab/forensic-science-communications//fsc/april2003/index.htm/gartside.htm> (dernière visite le 8 avril 2016).

Gashi B, Edwards MR, Sermon PA, Courtney L, Harrison D, Xu Y. Measurement of 9mm cartridge case external temperatures and its forensic application. *Forensic Science International* 2010; 200(1-3): 21-27.

Gefrides LA, Powell MC, Donley MA, Kahn R. UV irradiation and autoclave treatment for elimination of contaminating DNA from laboratory consumables. *Forensic Science International: Genetics* 2010; 4(2): 89-94.

Giampaoli S, Berti A, Valeriani F, Gianfranceschi G, Piccolella A, Buggiotti L, Rapone C, Valentini A, Ripani L, Spica VR. Molecular identification of vaginal fluid by microbial signature. *Forensic Science International: Genetics* 2012; 6(5): 55-564.

Gibb C, Gutowski SJ, van Oorchot RAH. Assessment of the Possibility of DNA Accumulation and Transfer in a Superglue Chamber. *Journal of Forensic Identification* 2012; 62(5): 409-424.

Gill P. Application of Low Copy Number DNA Profiling. *Croatian Medical Journal* 2001; 42(3): 229-232.

Gill P. *Misleading DNA Evidence: Reasons for Miscarriages of Justice.* Academy Press. Elsevier, London, 2014.

Gill P. The utility of 'substrate controls' in relation to 'contamination'. *Forensic Science International* 1997; 85(2): 105-111.

Gill P, Foreman L, Buckleton JS, Triggs CM, Allen H. A comparison of adjustment methods to test the robustness of an STR DNA database comprised of 24 European populations. *Forensic Science International* 2003; 131(2-3): 184-196.

Gill P, Kirkham A. Development of a simulation model to assess the impact of contamination in casework using STRs. *Journal of Forensic Sciences* 2004; 49(3): 485-491.

Gino S, Omedei M. Effects of the most common methods for the enhancement of latent fingerprints on DNA extraction from forensic samples. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2011; 3(1): 273-274.

- Gittelson S, Kalafut T, Myers S, Taylor D, Hicks T, Taroni F, Ewett IW, Bright JA, Buckleton J.** A Practical Guide for the Formulation of Propositions in the Bayesian Approach to DNA Evidence Interpretation in an Adversarial Environment. *Journal of Forensic Sciences* 2016; 61(1): 186-195.
- Gomes I, Kohlmeier F, Schneider PM.** Genetic markers for body fluid and tissue identification in forensics. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2011; 3(1): 469-470.
- Goray M, Eken E, Mitchell RJ, van Oorschot RAH.** Secondary DNA transfer of biological substances under varying test conditions. *Forensic Science International: Genetics* 2010a; 4(2): 62-67.
- Goray M, Mitchell RJ, van Oorschot RAH.** Evaluation of multiple transfer of DNA using mock case scenarios. *Legal Medicine* 2012; 14(1): 40-46.
- Goray M, Mitchell RJ, van Oorschot RAH.** Investigation of secondary DNA transfer of skin cells under controlled test conditions. *Legal Medicine* 2010b; 12(3): 117-120.
- Goray M, van Oorschot RAH.** DNA transfer during social interactions. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2013; 4(1): 101-102.
- Goray M, van Oorschot RAH.** The complexities of DNA transfer during a social setting. *Legal Medicine* 2015; 17(2): 82-91.
- Graham EAM, Ruttly GN.** Investigation into 'normal' background DNA present on the adult neck: implications for DNA profiling of manual strangulation victims. *Journal of Forensic Sciences* 2008; 53(5): 1074-1082.
- Grellner W, Benecke M.** The quantitative alteration of the DNA content in strangulation marks is an artefact. *Forensic Science International* 1997; 89(1-2): 15-20.
- Grubwieser P, Thaler A, Köchl S, Teissl R, Rabl W, Parson W.** Systematic study on STR profiling on blood and saliva traces after visualization of fingerprint marks *Journal of Forensic Sciences* 2003; 48(4): 733-741.
- Grundstein A, Meentemeyer V, Dowd J.** Maximum vehicle cabin temperatures under different meteorological conditions. *International Journal of Biometeorology* 2009; 53(3): 255-261.
- Hall A, Sims LM, Ballantyne J.** Assessment of DNA damage induced by terrestrial UV irradiation of dried bloodstains: Forensic implications. *Forensic Science International: Genetics* 2014; 8(1): 24-32.
- Haas C, Hanson E, Kratzer A, Bär W, Ballantyne J.** Selection of highly specific and sensitive mRNA biomarkers for the identification of blood. *Forensic Science International: Genetics*

2011; 5(5): 449-458.

Haas C, Klessner B, Kratzer A, Bär W. mRNA profiling for body fluid identification. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2008; 1(1): 37-38.

Hanson E, Haas C, Jucker R, Ballantyne J. Identification of skin in touch/contact forensic samples by messenger RNA profiling. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2011; 3(1): 305-306.

Hanson E, Haas C, Jucker R, Ballantyne J. Specific and sensitive mRNA biomarkers for the identification of skin in "touch DNA" evidence. *Forensic Science International: Genetics* 2012; 6(5): 548-558.

Hara M, Nakanishi H, Takahashi S, Tamura A, Yoneyama K, Saito K, Takada A. Effects of storage method on DNA degradation in old bloodstain samples. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2015; 5: 39-41.

Harbison SA, Petricevic SF, Vintiner SK. The persistence of DNA under fingernails following submersion in water. *Proceedings of the 19th Congress of the International Society for Forensic Genetics, Münster, Germany, 2001. International Congress Series* 2003; 1239: 809-813.

Harteveld J, Lindenbergh A, Sijen T. RNA cell typing and DNA profiling of mixed samples: can cell types and donors be associated? *Science and Justice* 2013; 53(3): 261-269.

Hedman J, Dalin E, Rasmusson B, Ansell R. Evaluation of amylase testing as a tool for saliva screening of crime scene trace swabs. *Forensic Science International: Genetics* 2011; 5(3): 194-198.

Helmus J, Bajanowski T, Poetsch M. DNA transfer - a never ending story. A study of scenarios involving a second person as carrier. *International Journal of Legal Medicine* 2016; 130(1): 121-125.

Hertzman AB. Individual differences in regional sweating. *Journal of Applied Physiology* 1957; 10(2): 242-248.

Hertzman AB, Randall WC, Peiss CN, Seckendorf R. Regional rates of evaporation from the skin at various environmental temperatures. *Journal of Applied Physiology* 1952; 5(4): 153-161.

Hillier E, Dixon P, Stewart P, Yamashita B, Lama D. Recovery of DNA from shoes. *Journal of the Canadian Society of Forensic Science* 2005; 38(3): 143-150.

Himmelreich C. Germany's Phantom Serial Killer: a DNA Blunder. *Time World*, 27.5.2009.

Horsman-Hall KM, Orihuela Y, Karczynski SL, Davis AL, Ban JD, Greenspoon SA. De-

velopment of STR profiles from firearms and fired cartridge cases. *Forensic Science International: Genetics* 2009; 3(4): 242-250.

Howes LM, Kirkbride KP, Kelty SF, Julian R, Kemp N. Forensic scientists' conclusions: How readable are they for non-scientist report-users? *Forensic Science International* 2013; 231(1-3): 102-112.

Howitt T. Ensuring the integrity of results: a continuing challenge in forensic DNA analysis. Proceedings of the 14th International Symposium on Human Identification, Phoenix, Arizona, Promega Corporation, Genetic Identity Conference 2003. Site web <http://www.promega.com/~media/files/resources/conference%20proceedings/ishi%2014/oral%20presentations/howitt.pdf?la=en> (dernière visite le 8 avril 2016).

Howlett SE, Castillo HS, Gioeni LJ, Robertson JM, Donfack J. Evaluation of DNASTable™ for DNA storage at ambient temperature. *Forensic Science International: Genetics* 2014; 8(1): 170-178.

Hurley IP, Cook R, Laughton CW, Pickles NA, Ireland HE, Williams JHH. Detection of human blood by immunoassay for applications in forensic analysis. *Forensic Science International* 2009; 190(1-3): 91-97.

Interpol. Vehicle crime. Site web <http://www.interpol.int/Public/Vehicle/Default.asp> (dernière visite le 8 avril 2016).

Ishiko A, Tsuji A, Yamaguchi H, Hayashiba Y, Inoue H, Ikeda N. Experimental studies on identification of the driver based on STR analysis. *Legal Medicine* 2008; 10(3): 115-118.

Jensen FV. Bayesian Networks and Decision Graphs. New York: Springer, 2001.

Jobin RM, De Gouffe M. The persistence of seminal constituents on under-shorts after laundering. Significance to investigations of sexual assaults. *Journal of the Canadian Society of Forensic Science* 1999; 32(4): 130.

Jobin RM, De Gouffe M. The persistence of seminal constituents on panties after laundering. Significance to investigations of sexual assault. *Journal of the Canadian Society of Forensic Science* 2003; 36(1): 1-10.

Joël J, Glanzmann B, Germann U, Cossu C. DNA extraction of forensic adhesive tapes - A comparison of two different methods. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2015; 5: 579-581.

Kaarstad K, Rohde M, Larsen J, Eriksen B, Thomsen JL. The detection of female DNA from the penis in sexual assault cases. *Journal of Forensic and Legal Medicine* 2007; 14(3): 159-160.

Kader F, Ghai M. DNA methylation and application in forensic sciences. *Forensic Science International* 2015; 249: 255-265.

Kafarowski E, Lyon AM, Sloan MM. The retention and transfer of spermatozoa in clothing by machine washing. *Journal of the Canadian Society of Forensic Science* 1996; 29(1): 7-11.

Kamodyová N, Durdiaková J, Celec P, Sedláčková T, Repiská G, Sviežená B, Minárik G. Prevalence and persistence male DNA identified in mixed saliva samples after intense kissing. *Forensic Science International: Genetics* 2013; 7(1): 124-128.

Kamphausen T, Schadendorf D, von Wurmb-Schwark N, Bajanowski T, Poetsch M. Good shedder or bad shedder - the influence of skin diseases on forensic DNA analysis from epithelial abrasions. *International Journal of Legal Medicine* 2012; 126 (1): 179-183.

Keating SM. Information from penile swabs in sexual assault cases. *Forensic Science International* 1989; 43(1): 63-81.

Kenna J, Smyth M, McKenna L, Dockery C, McDermott SD. The Recovery and Persistence of Salivary DNA on Human Skin. *Journal of Forensic Sciences* 2011; 56(1): 170-175.

Ketchum MT, Vollmer E, Carnes J, Latham KE, Cale C, Bush G. Tertiary Transfer of DNA by Examination Gloves between Evidentiary Items at Crime Scenes. 68th Annual Scientific Meeting. American Academy of Forensic Sciences, poster, Las Vegas, Nevada, 2016.

Kirk PL, Kingston CR. Evidence evaluation and problems in general criminalistics. *Journal of Forensic Sciences* 1964; 9(4): 434-444.

Kisilevsky AE, Wickenheiser RA. DNA PCR profiling of skin cells transferred through handling. Proceedings of the Annual Meeting of the Canadian Society of Forensic Science, Edmonton, Alberta, CSFS 1999: 17-20.

Kita T, Yamaguchi H, Yokoyama M, Tanaka T, Tanaka N. Morphological study of fragmented DNA on touched objects. *Forensic Science International: Genetics* 2008; 3(1): 32-36.

Kondo N, Shibasaki M, Aoki K, Koga S, Inoue Y, Crandall CG. Function of human eccrine sweat glands during dynamic exercise and passive heat stress. *Journal of Applied Physiology* 2001; 90(5):1877-1881.

Kontanis EJ, Reed FA. Evaluation of Real-Time PCR amplification efficiencies to detect PCR inhibitors. *Journal of Forensic Sciences* 2006; 51(4): 795-804.

Kroneis T, Pickrahn IE, El-Heliebi A, Schmidt-Gann G. DNA typing in single cell analysis: Single sperm cells outperform whole genome pre-amplified samples. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2011; 3(1): 465-466.

- Kumar P, Gupta R, Singh R, Jasuja OP.** Effects of latent fingerprint development reagents on subsequent forensic DNA typing: a review. *Journal of Forensic and Legal Medicine* 2015; 32: 64-69.
- Lacerenza D, Aneli S, Omedei M, Gino S, Pasino S, Berchialla P, Robino C.** A molecular exploration of human DNA/RNA co-extracted from the palmar surface of the hands and fingers. *Forensic Science International: Genetics* 2016; 22: 44-53.
- Ladd C, Adamowicz MS, Bourke MT, Scherczinger CA, Lee HC.** A systematic analysis of secondary DNA transfer. *Journal of Forensic Sciences* 1999; 44(6): 1270-1272.
- Lapointe M, Rogic A, Bourgoin S, Jolicoeur C, Séguin D.** Leading-edge forensic DNA analyses and the necessity of including crime scene investigators, police officers and technicians in a DNA elimination database. *Forensic Science International: Genetics* 2015; 19: 50-55.
- Lee HC, Ladd C.** Preservation and collection of biological evidence. *Croatian Medical Journal* 2001; 42(3): 225-228.
- Lee HC, Ladd C, Scherczinger CA, Bourke MT.** Forensic applications of DNA typing - Part 2: Collection and preservation of DNA evidence. *American Journal of Forensic Medicine and Pathology* 1998; 19(1): 10-18.
- Lehmann VJ, Mitchell RJ, Ballantyne KN, van Oorschot RAH.** Following the transfer of DNA: How far can it go? *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2013; 4(1): 53-54.
- Lehmann VJ, Mitchell RJ, Ballantyne KN, van Oorschot RAH.** Following the transfer of DNA: How does the presence of background DNA affect the transfer and detection of a target source of DNA? *Forensic Science International: Genetics* 2015; 19: 68-75.
- Lennard Richard ML, Harper KA, Craig RL, Onorato AJ, Robertson JM, Donfack J.** Evaluation of mRNA marker specificity for the identification of five human body fluids by capillary electrophoresis. *Forensic Science International: Genetics* 2012; 6(4): 452-460.
- Lenz C, Flodgaard LR, Eriksen B, Morling N.** Retrieval of DNA and genetic profiles from swabs taken inside cars. *Proceedings of the 21st Congress of the International Society for Forensic Genetics, Ponta Delgada, The Azores, Portugal, 2006. International Congress Series* 2006; 1288: 595-597.
- Li B, Beveridge P, O'Hare WT, Islam M.** The estimation of the age of a blood stain using reflectance spectroscopy with a microspectrophotometer, spectral pre-processing and linear discriminant analysis. *Forensic Science International* 2011; 212(1-3): 198-204.
- Li R.** Sample Collection using Hydrophilic Adhesive Tape (HAT) Method for Forensic DNA

Analysis. Proceedings of 22nd Congress of the International Society for Forensic Genetics. Copenhagen, Denmark, 2007.

Li RC, Harris HA. Using Hydrophilic Adhesive Tape for Collection of Evidence for Forensic DNA Analysis. *Journal of Forensic Sciences* 2003; 48(6): 1318-1321.

Lindenbergh A, de Pagter M, Ramdayal G, Visser M, Zubakov D, Kayser M, Sijen T. A multiplex (m)RNA-profiling system for the forensic identification of body fluids and contact traces. *Forensic Science International: Genetics* 2012; 6(5): 565-577.

Lindley DV. *Making decisions* Chichester: John Wiley & Sons, 2nd ed, 1985.

Linquist V, Stoddart CA, McCune JM. UV irradiation of polystyrene pipets releases PCR inhibitors. *Biotechniques* 1998; 24(1): 50-52.

Locard E. The analysis of dust traces. Part I. *The American Journal of Police Science* 1930a; 1(3): 276-298.

Locard E. The analysis of dust traces. Part II. *The American Journal of Police Science* 1930b; 1(4): 401-418.

Locard E. The analysis of dust traces. Part III. *The American Journal of Police Science* 1930c; 1(5): 496-514.

Lorente M, Entrala C, Martinez-Espin E, Fernandez-Rosado J, Lorente JA, Oliver J, Rivera M, Gracia E, Villanueva E. Potential contamination when wearing sterile gloves during PCR preparation: pass-through contamination from skin. *Proceedings of the American Academy of Forensic Sciences, Chicago, Illinois, AAFS* 2003; 9: 68-69.

Lowe A, Murray C, Richardson P, Wivell R, Gill P, Tully G, Whitaker J. Use of low copy number DNA in forensic inference. *Proceedings of the 19th Congress of the International Society for Forensic Genetics, Münster, Germany, 2001. International Congress Series* 2003; 1239: 799-801.

Lowe A, Murray C, Whitaker J, Tully G, Gill P. The propensity of individuals to deposit DNA and secondary transfer of low level DNA from individuals to inert surfaces. *Forensic Science International* 2002; 129(1): 25-34.

Lygo JE, Johnson PE, Holdaway DJ, Woodroffe S, Kimpton CP, Gill P, Whitaker JP, Clayton TM. The validation of short tandem repeat (STR) loci for use in forensic casework. *International Journal of Legal Medicine* 1994; 107(2): 77-89.

Malsom S, Flanagan N, McAlister C, Dixon L. The prevalence of mixed DNA profiles in fingernails samples taken from couples who cohabit using autosomal and Y-STRs. *Forensic Science International: Genetics* 2009; 3(2): 57-62.

Manoli P, Antoniou A, Bashiardes E, Xenophontos S, Photiades M, Stribley V, Mylona M, Demetriou C, Cariolou MA. Sex-specific age association with primary DNA transfer. *International Journal of Legal Medicine* 2016; 130(1): 103-112.

Margiotta G, Tasselli G, Tommolini F, Lancia M, Massetti S, Carnevali E. Risk of DNA transfer by gloves in forensic casework. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2015; 5: 527-529.

Marieb EN, Hoehn K. *Anatomie et physiologie humaine*. Edition du Renouveau Pédagogique, 2015.

Marty W, Sigrist T, Wyler D. Temperature variations in automobiles in various weather conditions: An experimental contribution to the determination of time of death. *American Journal of Forensic Medicine and Pathology* 2001; 22(3): 215–219.

Matte M, Kafarowski E, Frappier R, Newman J. Significance of detecting foreign sources of DNA under fingernails. *Proceedings of the American Academy of Forensic Sciences, New Orleans, Louisiana, AAFS* 2005; 11: 101-102.

Matte M, Williams L, Frappier R, Newman J. Prevalence and persistence of foreign DNA beneath fingernails. *Forensic Science International: Genetics* 2012; 6(2): 236-243.

Mawlood SK, Alrowaithi M, Watson N. Advantage of ForensiX swabs in Retrieving and Preserving Biological Fluids. *Journal of Forensic Sciences* 2015; 60(3): 686-689.

McFadden MJ, Friedland DE, Wallace MM. DNA profile from flip-open cell phones. *Australian Journal of Forensic Sciences* 2009; 41(2): 89-98.

McKenna L. Understanding DNA results within the case context: importance of the alternative proposition. *Frontiers in Genetics* 2013; 4: 242 (doi: 10.3389/fgene.2013.00242).

Meakin GE, Butcher EV, van Oorschot RAH, Morgan RM. The deposition and persistence of indirectly-transferred DNA on regularly-used knives. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2015; 5: 498-500.

Meakin GE, Jamieson A. DNA transfer: Review and implications for casework. *Forensic Science International: Genetics* 2013; 7(4): 434-443.

Michalec A. Exploitation de l'ADN de contact après saupoudrage d'une trace de gant. Séminaire de 3ème année, Institut de Police Scientifique, Ecole des Sciences Criminelles, Université de Lausanne. Lausanne, 2009.

Milne SC. Inhibition affecting quantification and amplification of forensic DNA samples. *Proceedings of the American Academy of Forensic Sciences, Atlanta, Georgia, AAFS* 2002; 8: 35.

Milon M-P. Détection des traces de sperme et de salive par chimiluminescence. Travail de master en sciences forensiques, Institut de Police Scientifique, Ecole des Sciences Criminelles, Université de Lausanne. Lausanne, 2007.

Miskelly GM, Kelderman MR. Interference of Ninhydrin Pretreatment on Leuco Crystal Violet Visualization of Bloodstains. *Canadian Society of Forensic Science Journal* 2001; 34(3): 109-116.

Montpetit S, O'Donnell P. An optimized procedure for obtaining DNA from fired and unfired ammunition. *Forensic Science International: Genetics* 2015; 17: 70-74.

Nordgaard A. Comment on 'Dismissal of the illusion of uncertainty on the assessment of a likelihood ratio' by Taroni F., Bozza S., Biedermann A. and Aitken C. *Law, Probability and Risk* 2016; 15(1): 17-22.

Nordgaard A, Ansell R, Drotz W, Jaeger L. Scale of conclusions for the value of evidence. *Law, Probability and Risk* 2012; 11: 1-24.

Nurit B, Anat G, Michal S, Lilach F, Maya F. Evaluating the prevalence of DNA mixtures found in fingernail samples from victims and suspects in homicide cases. *Forensic Science International: Genetics* 2011; 5(5): 532-537.

Office Fédéral de la Statistique. Statistique policière de la criminalité (SPC). Rapport annuel 2014. Neuchâtel, 2015.

Office Fédéral de Météorologie et de Climatologie de Météo Suisse. Valeurs normes température et valeurs normes humidité. Site web http://www.meteosuisse.admin.ch/web/fr/climat/climat_en_suisse/tableaux_des_normes.html (dernière visite le 8 avril 2016).

http://www.meteosuisse.admin.ch/web/fr/climat/climat_en_suisse/tableaux_des_normes.html

Old J, Schweers BA, Boonlayangoor PW, Fischer B, Miller KWP, Reich K. Developmental Validation of RSID™-Semen: A Lateral Flow Immunochromatographic Strip Test for the Forensic Detection of Human Semen. *Journal of Forensic Sciences* 2012; 57(2): 489-499.

Oldoni F, Castella V, Hall D. Exploring the relative DNA contribution of first and second object's users on mock touch DNA mixtures. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2015; 5: 300-301.

Olewi AA, Morris MR, Schmerer WM, Sutton R. The relative DNA-shedding propensity of the palm and fingers surfaces. *Science and Justice* 2015; 55(5): 329-334.

Oosterman WT, Kokshoorn B, Maaskant-van Wijk PA, de Zoete J. From sub-source to source: Interpreting results of biological trace investigations using probabilistic models. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2015; 5: 590-591.

Opel KL, McCord BR, Chung DT. The effect of PCR inhibitors on the amplification of low concentrations of template DNA using reduced-size STR primer sets. Proceedings of the American Academy of Forensic Sciences, Seattle, Washington, AAFS 2006; 12: 95.

Orphanou CM. The detection and discrimination of human body fluids using ATR FR-IR spectroscopy. Forensic Science International 2015; 252: 10-16.

Ou C-Y, Moore JL, Schochetman G. Use of UV irradiation to reduce false positivity in Polymerase Chain Reaction. BioTechniques 1991; 10(4): 442-446.

Palmer R. The evaluation of fibre evidence in the investigation of serious crime. Thèse de doctorat. Institut de Police Scientifique, Ecole des Sciences Criminelles, Université de Lausanne. Lausanne, 2016.

Pang BCM, Cheung BKK. Double swab technique for collecting touched evidence. Legal Medicine 2007; 9(4): 181-184.

Park SM, Park SY, Kim JH, Kang TW, Park JL, Woo KM, Kim JS, Lee HC, Kim SY, Lee SH. Genome-wide mRNA profiling and multiplex quantitative RT-PCR for forensic body fluid identification. Forensic Science International: Genetics 2013; 7(1): 143-150.

Parsons L, Scharfe G, Vintiner S. DNA Analysis and Document Examination: The Impact of Each Technique on Respective Analyses. Journal of Forensic Sciences 2016; 61(1): 26-34.

Patterson MJ, Galloway SD, Nimmo MA. Variations in regional sweat composition in normal human males. Experimental Physiology 2000; 85(6): 869-875.

Perroulaz M. Utilisation de l'Hydrophilic Adhesive Tape (HAT) pour le prélèvement des traces d'ADN de contact. Séminaire de 3^{ème} année. Institut de Police Scientifique, Ecole des Sciences Criminelles, Université de Lausanne. Lausanne, 2008.

Perroulaz M, Pun KM. A comparative study of Hydrophilic Adhesive Tape method and traditional techniques for collecting trace DNA. 29th Meeting of European Network of Forensic Science Institutes, poster, Glasgow, Scotland, 2009.

Pesaresi M, Buscemi L, Alessandrini F, Cecati M, Tagliabracci A. Qualitative and quantitative analysis of DNA recovered from fingerprints. Proceedings of the 19th Congress of the International Society for Forensic Genetics, Münster, Germany, 2001. International Congress Series 2003; 1239: 947-951.

Petersen CH, Hjort BB, Tvedebrink T, Kielpinski LJ, Vinther J, Morling N. Body fluid identification of blood, saliva and semen using second generation sequencing of micro-RNA. Forensic Science International: Genetics Supplement Series 2013; 4(1): 204-205.

Petricevic SF, Bright J-A, Cockerton SL. DNA profiling of trace DNA recovered from bed-

ding. *Forensic Science International* 2006; 159(1): 21-26.

Phetpeng S, Kitpipit T, Asavutmangkul V, Duangshatome W, Pongsuwan W, Thanakitkrai P. Touch DNA collection from improvised explosive devices: A comprehensive study of swabs and moistening agents. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2013; 4(1): 29-30.

Phipps M, Petricevic SF. The tendency of individuals to transfer DNA to handled items. *Forensic Science International* 2007; 168(2-3): 162-168.

Pickrahn I, Kreindl G, Müller E, Dunkelmann B, Zahrer W, Cemper-Kiesslich J, Neuhuber F. Contamination when collecting trace evidence - An issue more relevant than ever? *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2015; 5: 603-604.

Pizzamiglio M, Mameli A, My D, Garofano L. Forensic identification of a murderer by LCN DNA collected from the inside of the victim's car. Proceedings of the 20th Congress of the International Society for Forensic Genetics, Arcachon, France, 2004. *International Congress Series* 2004; 1261: 437-439.

Plaza DT, Mealy JL, Lane JN, Parsons MN, Bathrick AS, Slack DP. Nondestructive Biological Evidence Collection with Alternative Swabs and Adhesive Lifters. *Journal of Forensic Sciences* 2016; 61(2):485-488.

Polley D, Mickiewicz P, Vaughn M, Miller T, Warburton R, Komonski D. An investigation of DNA recovery from firearms and cartridge cases. *Canadian Society of Forensic Science Journal* 2006; 39(4): 217-228.

Port NJ, Bowyer VL, Graham EAM, Batuwangala MS, Ruddy GN. How long does it take a static speaking individual to contaminate the immediate environment? *Forensic Science, Medicine, and Pathology* 2006; 2(3): 157-163.

Poy AL, van Oorschot RAH. Beware; gloves and equipment used during the examination of exhibits are potential vectors for transfer of DNA-containing material. Proceedings of the 21st International ISFG Congress, Ponta Delgada, The Azores, Portugal 2006, *International Congress Series* 2006a; 1288: 556-558.

Poy AL, van Oorschot RAH. Trace DNA Presence, Origin, and Transfer within a Forensic Biology Laboratory and Its Potential Effect on Casework. *Journal of Forensic Identification* 2006b; 56(4): 558-576.

Presley LA. Quality assurance and the contamination issue in forensic science. Proceedings of the American Academy of Forensic Sciences, Atlanta, Georgia, AAFS 2002; 8: 31.

Preusse-Prange A, Renneberg R, Schwark T, Poetsch M, Simeoni E, von Wurmb-

Schwark N. The problem of DNA contamination in forensic case work - How to get rid of unwanted DNA? *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2009; 2(1): 185-186.

Proff C, Schmitt C, Schneider PM, Foerster G, Rothschild MA. Experiments on the DNA contamination risk via latent fingerprint brushes. *Proceedings of the 21st Congress of the International Society for Forensic Genetics, Ponta Delgada, The Azores, Portugal, 2006. International Congress Series* 2006; 1288: 601-603.

Puch-Solis R, Kirkham AJ, Gill P, Read J, Watson S, Drew D. Practical determination of the low template DNA threshold. *Forensic Science International: Genetics* 2011; 5(5): 422-427.

Quinones I, Daniel B. Cell free DNA as a component of forensic evidence recovered from touched surfaces. *Forensic Science International: Genetics* 2012; 6(1): 26-30.

Rådström P, Knutsson R, Wolffs P, Lövenklev M, Löfström C. Pre-PCR processing: strategies to generate PCR-compatible samples. *Molecular Biotechnology* 2004; 26(2): 133-146.

Rahikainen AL, Palo JU, de Leeuw W, Budowle B, Sajantila A. DNA quality and quantity from up to 16 years old post-mortem blood stored on FTA cards. *Forensic Science International* 2016; 261: 148-153.

Raymond JJ, van Oorschot RAH, Gunn PR, Walsh SJ, Roux C. Trace evidence characteristics of DNA: A preliminary investigation of the persistence of DNA at crime scenes. *Forensic Science International: Genetics* 2009; 4(1): 26-33.

Raymond JJ, van Oorschot RAH, Walsh SJ, Roux C. Trace DNA analysis: Do you know what your neighbour is doing ? A multi-jurisdictional survey. *Forensic Science International: Genetics* 2008; 2(1): 19-28.

Raymond JJ, Walsh SJ, van Oorschot RAH, Gunn PR, Roux C. Trace DNA: An Underutilized Resource or Pandora's Box? A Review of the Use of Trace DNA Analysis in the Investigation of Volume Crime. *Journal of Forensic Identification* 2004; 54(6): 668-686.

Richert NJ. Swabbing Firearms for Handler's DNA. *Journal of Forensic Sciences* 2011; 56(4): 972-975.

Robinson S, Robinson AH. Chemical composition of sweat. *Physiological Reviews* 1954; 34(2): 202-220.

Roux C, Gill K, Sutton J, Lennard C. A further study to investigate the effect of fingerprint enhancement techniques on the DNA analysis of bloodstains. *Journal of Forensic Identification* 1999; 49(4): 357-376.

Rutty GN. Human DNA contamination of mortuaries: does it matter? *Journal of Pathology* 2000; 190(4): 410-411.

Rutty GN. An investigation into the transference and survivability of human DNA following simulated manual strangulation with consideration of the problem of third party contamination. *International Journal of Legal Medicine* 2002; 116(3): 170-173.

Rutty GN, Hopwood A, Tucker V. The effectiveness of protective clothing in the reduction of potential DNA contamination of the scene of crime. *International Journal of Legal Medicine* 2003; 117(3): 170-174.

Rutty GN, Watson S, Davison J. DNA contamination of mortuary instruments and work surfaces: a significant problem in forensic practice? *International Journal of Legal Medicine* 2000; 114(1-2): 56-60.

Sakurada K, Akutsu T, Fukushima H, Watanabe K, Yoshino M. Detection of dermcidin for sweat identification by real-time RT-PCR and ELISA. *Forensic Science International* 2010; 194(1-3): 80-84.

Saitta AJ, Valentin PR. Touch DNA from Fired and Unfired Shotgun Shells. 68th Annual Scientific Meeting. American Academy of Forensic Sciences, poster, Las Vegas, Nevada, 2016.

Samie L, Hicks T, Castella V, Taroni F. Stabbing simulations and DNA transfer. *Forensic Science International: Genetics* 2016; 22: 73-80.

Saravo L, Spitaleri S, Piscitello D, Travali S. DNA typing from steel cable. Proceedings of the 20th Congress of the International Society for Forensic Genetics, Arcachon, France, 2004. *International Congress Series* 2004; 1261: 473-475.

Sato K, Dobson RL. Regional and individual variations in the functions of the human eccrine sweat gland. *Journal of Investigative Dermatology* 1970; 54(6): 443-449.

Scherczinger CA, Ladd C, Bourke MT, Adamowicz MS, Johannes PM, Scherczinger R, Beesley T, Lee HC. A systematic analysis of PCR contamination. *Journal of Forensic Sciences* 1999; 44(5): 1042-1045.

Schmidt T, Hummel S, Herrmann B. Evidence of contamination in PCR laboratory disposables. *Naturwissenschaften* 1995; 82(9): 423-431.

Schneider PM, Martin PD. Criminal DNA databases: the European situation. *Forensic Science International* 2001; 119(2): 232-238.

Schulz MM, Reichert W. Archived or directly swabbed latent fingerprints as a DNA source for STR typing. *Forensic Science International* 2002; 127(1-2): 128-130.

Schwark T, Poetsch M, Preusse-Prange A, Kamphausen T, von Wurmb-Schwark N. Phantoms in the mortuary - DNA transfer during autopsies. *Forensic Science International* 2012; 216 (1-3): 121-126.

Schyma C, Madea B, Courts C. Persistence of biological traces in gun barrels after fatal contact shots. *Forensic Science International: Genetics* 2013; 7(1): 22-27.

Scott C, Milne BS. DFO as a possible screening tool for the detection of saliva on envelopes. 15th International Symposium on Human Identification 2005: 38.

Sczech E. Persistance des traces biologiques sur les habits. Travail de master en sciences forensiques, Institut de Police Scientifique, Ecole des Sciences Criminelles, Université de Lausanne. Lausanne, 2011.

Senay LC, Prokop LD, Cronau L, Hertzman AB. Relation of local skin temperature and local sweating to cutaneous blood flow. *Journal of Applied Physiology* 1963; 18(4): 781-785.

Seo Y, Uchiyama T, Matsuda H, Shimizu K, Takami Y, Nakayama T, Takahama K. Mitochondrial DNA and STR typing of matter adhering to an earphone. *Journal of Forensic Sciences* 2002; 47(3): 605-608.

Sewell J, Quinones I, Ames C, Multaney B, Curtis S, Seeboruth H, Moore S, Daniel B. Recovery of DNA and fingerprints from touched documents. *Forensic Science International: Genetics* 2008; 2(4): 281-285.

Shaw K, Sesardic I, Bristol N, Ames C, Dagnall K, Ellis C, Whittaker F, Daniel B. Comparison of the effects of sterilisation techniques on subsequent DNA profiling. *International Journal of Legal Medicine* 2008; 122(1): 29-33.

Shutler GG, Copp TL, Chau J. Studies of PCR inhibition. *Proceedings of the American Academy of Forensic Sciences, Dallas, Texas, AAFS* 2004; 10: 99-100.

Sikirzhytskaya A, Sikirzhytski V, Lednev IK. Raman spectroscopic signature of vaginal fluid and its potential application in forensic body fluid identification. *Forensic Science International* 2012; 216 (1-3): 44-48.

Sikirzhytski V, Sikirzhytskaya A, Lednev IK. Advanced statistical analysis of Raman spectroscopic data for the identification of body fluid traces: semen and blood mixtures. *Forensic Science International* 2012; 222(1-3): 259-265.

Sjerps MJ, Alberink I, Bolck A, Stoel RD, Vergeer P, van Zanten JH. Uncertainty and LR: to integrate or not to integrate, that's the question. *Law, Probability and Risk* 2016; 15(1): 23-29.

Stauffer E, Bonfanti MS. Forensic investigation of stolen-recovered and other crime-related

vehicles. Oxford : Elsevier Academic Press, 2006.

Stoney D. Transfer evidence. In: Aitken CGG, Stoney D. The use of statistics in forensic science. Chichester: Ellis Horwood, 1991: 107–138.

Sullivan K, Johnson P, Rowlands D, Allen H. New developments and challenges in the use of the UK DNA database: addressing the issue of contaminated consumables. *Forensic Science International* 2004; 146(S1): 175-S176.

Szkuta B, Harvey ML, Ballantyne KN, van Oorschot RAH. The potential transfer of trace DNA via high risk vectors during exhibit examination. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2013; 4(1): 55-56.

Szkuta B, Harvey ML, Ballantyne KN, van Oorschot RAH. DNA transfer by examination tools - A risk for forensic casework? *Forensic Science International: Genetics* 2015; 16: 246-254.

Taberlet P, Griffin S, Goossens B, Questiau S, Manceau V, Escaravage N, Waits LP, Bouvet J. Reliable genotyping of samples with very low DNA quantities using PCR. *Nucleic Acids Research* 1996; 24(16): 3189-3194.

Tamariz J, Voinarovska K, Prinz M, Caragine T. The application of ultraviolet irradiation to exogenous sources of DNA in plasticware and water for the amplification of Low Copy Number DNA. *Journal of Forensic Sciences* 2006; 51(4): 790-794.

Taroni F, Biedermann A, Bozza S, Garbolino P, Aitken CGG. Bayesian Networks and probabilistic inference in forensic science. Second edition. Chichester: John Wiley & Sons Ltd, 2014.

Taroni F, Biedermann A, Garbolino P, Aitken CGG. A general approach to Bayesian networks for the interpretation of evidence. *Forensic Science International* 2004; 139(1): 5-16.

Taroni F, Biedermann A, Vuille J, Morling N. Whose DNA is this? How relevant a question? (a note for forensic scientists). *Forensic Science International: Genetics* 2013; 7(4): 647-470.

Taroni F, Bozza S, Aitken CGG. Decision analysis in forensic science. *Journal of Forensic Sciences* 2005; 50(4): 894-905.

Taroni F, Bozza S, Biedermann A, Aitken C. Dismissal of the illusion of uncertainty in the assessment of a likelihood ratio. *Law, Probability and Risk* 2016; 15(1): 1-16.

Taroni F, Marquis R, Schmittbuhl M, Biedermann A, Thiéry A, Bozza S. The use of likelihood ratio for evaluative and investigative purposes in comparative forensic handwriting examination. *Forensic Science International* 2012; 214 (1-3): 189-194.

Taylor D, Abarno D, Hicks T, Champod C. Evaluating forensic biology results given source

level propositions. *Forensic Science International: Genetics* 2016; 21: 54-67.

Taylor D, Hicks T, Champod C. Using sensitivity analyses in Bayesian Networks to highlight the impact of data paucity and direct future analyses: a contribution to the debate on measuring and reporting the precision of likelihood ratios. *Science & Justice* 2016; 56(5): 402-410.

Templeton JEL, Taylor D, Handt O, Linacre A. DNA profiles from fingerprints: A mock case study. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2015; 5: 154-155.

Thamnurak C, Bunakkharasawat W, Riengrojpitak S, Panvisavas N. DNA typing from fluorescent powder dusted latent fingerprints. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2011; 3(1): 524-525.

The Queen v. Sean Hoey. Neural Citation n. [2007] NICC 49 - WEI7021. Crown Court Sitting in Northern Ireland.

Thomasma SM, Foran DR. The Influence of Swabbing Solutions on DNA Recovery from Touch Samples. *Journal of Forensic Sciences* 2013; 58(2): 465-469.

Thompson WC, Taroni F, Aitken CGG. How the probability of a false positive affects the value of DNA evidence. *Journal of Forensic Sciences* 2003; 48(1): 47-54.

Tobe SS, Watson N, Daéid NN. Evaluation of Six Presumptive Tests for Blood, Their Specificity, Sensitivity, and Effect on High Molecular-Weight DNA. *Journal of Forensic Sciences* 2007; 52(1): 102-109.

Toothman MH, Kester KM, Champagne J, Cruz TD, Street IV WS, Brown BL. Characterization of human DNA in environmental samples. *Forensic Science International* 2008; 178(1): 7-15.

Tozzo P, Giuliadori A, Ponzano E, Caenazzo L. Effect of two different swabs on genetic profiling of enhanced fingerprints. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2015; 5: 7-9.

Tsukada K, Harayama Y, Shimizu M, Kurasawa Y, Kasahara K. Influence of presumptive reagents on DNA typing. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2011; 3(1): 375-376.

van den Berge M, Ozcanhan G, Zijlstra S, Lindenbergh A, Sijen T. Prevalence of human cell material: DNA and RNA profiling of public and private objects and after activity scenarios. *Forensic Science International: Genetics* 2016; 21: 81-89.

van der Meer DJ, Williams GA. Performing body fluid identification with microRNAs using capillary electrophoresis. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2015; 5: 592-594.

van Oorschot RAH, Ballantyne KN, Mitchell RJ. Forensic trace DNA: a review. *Investigative Genetics* 2010; 1: 14.

van Oorschot RAH, Glavich G, Mitchell RJ. Persistence of DNA deposited by the original user on objects after subsequent use by a second person. *Forensic Science International: Genetics* 2014; 8(1): 219-225.

van Oorschot RAH, Jones MK. DNA fingerprints from fingerprints. *Nature* 1997; 387: 767.

van Oorschot, McArdle R, Goodwin WH, Ballantyne KN. DNA transfer: The role of temperature and drying time. *Legal Medicine* 2014; 16(3): 161-163.

van Oorschot RAH, McColl DL, Alderton JE, Harvey ML, Mitchell RJ, Szkuta B. Activities between activities of focus - Relevant when assessing DNA transfer probabilities. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2015; 5: 75-77.

van Oorschot RAH, Phelan DG, Furlong S, Scarfo GM, Holding NL, Cummins MJ. Are you collecting all the available DNA from touched objects? Proceedings of the 19th Congress of the International Society for Forensic Genetics, Münster, Germany, 2001. *International Congress Series* 2003; 1239: 803-807.

van Oorschot RAH, Treadwell S, Beaurepaire J, Holding N, Mitchell RJ. Beware of the possibility of fingerprinting techniques transferring DNA. *Journal of Forensic Sciences* 2005; 50(6): 1417-1422.

Vandewoestyne M, Van Hoofstat D, De Groote S, Van Thuyne N, Haerinck S, Van Nieuwerburgh F, Deforce D. Sources of DNA Contamination and Decontamination Procedures in the Forensic Laboratory. *Journal of Forensic Research* 2011; S2: 001.

Verde T, Shephard RJ, Corey P, Moore R. Sweat composition in exercise and in heat. *Journal of Applied Physiology* 1982; 53(6): 1540-1545.

Verdon TJ, Mitchell RJ, van Oorschot RAH. Evaluation of tapelifting as a collection method for touch DNA. *Forensic Science International* 2014a; 8(1): 179-186.

Verdon TJ, Mitchell RJ, van Oorschot RAH. Swabs as DNA Collection Devices for Sampling Different Biological Materials from Different Substrates. *Journal of Forensic Sciences* 2014b; 59(4): 1080-1089.

Vincent FHR. Report: Inquiry into the circumstances that led to the conviction of Mr Farah Abdulkadir Jama. Parliamentary paper. Australia, Melbourne, Victorian Government Printer, Session 2006-10, no. 301. Site web <https://assets.justice.vic.gov.au/justice/resources/4cd228fd-f61d-4449-b655-ad98323c4ccc/vincentreportfinal6may2010.pdf> (dernière visite le 8 avril 2016).

Virkler K, Lednev IK. Analysis of body fluids for forensic purposes: From laboratory testing to non-destructive rapid confirmatory identification at a crime scene. *Forensic Science International* 2009a; 188(1-3): 1-17.

Virkler K, Lednev IK. Raman spectroscopic signature of semen and its potential application to forensic body fluid identification. *Forensic Science International* 2009b; 193(1-3): 56-62.

Vishweshwara SC, Al Dhali JM. Study of Excessive Cabin Temperatures of the Car Parked in Oman and its Mitigation. *International Journal of Multidisciplinary Sciences and Engineering* 2013; 4(9): 18-22.

Von Wurmb N, Meissner D, Wegener R. Influence of cyanoacrylate on the efficiency of forensic PCRs. *Forensic Science International* 2001; 124(1): 11-16.

Vuichard S. Étude du taux de succès et évaluation des analyses génétiques réalisées à partir de prélèvements sur des chaussures. Travail de master en sciences forensiques. Institut de Police Scientifique, Ecole des Sciences Criminelles, Université de Lausanne. Lausanne, 2007.

Wahlström B. Models, modelling and modellers: an application to risk analysis. *European Journal of Operational Research* 1994 ; 75(3) : 477-487.

Walden KJA, Holy S, Laird J, Newman J. Evaluating casework profiles when traces of DNA are detected in the reagent blank. *Proceedings of the American Academy of Forensic Sciences, San Antonio, Texas, AAFS* 2007; 13: 95.

Walton LM, Jackson AR, Mountain HA. The potential impact of secondary transfer and persistence of deoxyribonucleic acid (DNA) on forensic casework. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2011; 3(1): 542.

Wang Z, Luo H, Pan X, Liao M, Hou Y. A model for data analysis of microRNA expression in forensic body fluid identification. *Forensic Science International: Genetics*, 2012; 6(3): 419-423.

Wang Z, Zhang J, Luo H, Ye Y, Yan J, Hou Y. Screening and confirmation of microRNA markers for forensic body fluid identification. *Forensic Science International: Genetics* 2013; 7(1): 116-123.

Wasserstrom A, Frumkin D, Davidson A, Shpitzen M, Herman Y, Gafny R. Demonstration of DSI-semen - A novel DNA methylation-based forensic semen identification assay. *Forensic Science International: Genetics* 2013; 7(1): 136-142.

Weiner JS. The regional distribution of sweating. *Journal of Physiology* 1945; 104(1): 32-40.

Wickenheiser RA. Trace DNA: a review, discussion of theory, and application of the transfer of trace quantities of DNA through skin contact. *Journal of Forensic Sciences* 2002; 47(3): 442-450.

Wickenheiser RA, Challoner CM. Suspect DNA profiles obtained from the handles of weapons recovered at crime scenes. Proceedings of the 10th International Symposium on Human Identification, Orlando, Florida. Promega Corporation, Genetic Identity Conference 1999. Site web <https://www.promega.com/~media/files/resources/conference%20proceedings/ishi%2010/oral%20presentations/09wickenheiser.pdf?la=en> (dernière visite le 8 avril 2016).

Wiegand P, Kleiber M. DNA typing of epithelial cells after strangulation. *International Journal of Legal Medicine* 1997; 110(4): 181-183.

Wilson IG. Inhibition and facilitation of nucleic acid amplification. *Applied and Environmental Microbiology* 1997; 63(10): 3741-3751.

Winkler LM. DNA typing of shed epithelial cells. Research Project 36EC. Institut für Forensische Genetik, Münster, 2011.

Wobst J, Banemann R, Bastisch I. RNA can do better - An improved strategy for RNA-based characterization of different body fluids and skin. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2011; 3(1): 421-422.

Yee NCB. DNA profiling and fingerprints: effects of gender and handedness. Master of Science in Forensic Science. John Jay College of Criminal Justice of the City University of New York. New York, 2004.

Zamir A, Oz C, Geller B. Threat Mail and Forensic Science: DNA Profiling from Items of Evidence After Treatment with DFO. *Journal of Forensic Sciences* 2000a; 45(2): 445-446.

Zamir A, Oz C, Leifer A, Geller B. The Effect of Small Particle Reagent Employed as a Fingerprint Enhancement Technique on Subsequent STR Typing from Bloodstains. *Journal of Forensic Identification* 2002; 52(6): 691-694.

Zamir A, Springer E, Glattstein B. Fingerprints and DNA: STR Typing of DNA Extracted from Adhesive Tape after Processing for Fingerprints. *Journal of Forensic Sciences* 2000b; 45(3): 687-688

Zoppis S, Muciaccia B, D'Alessio A, Ziparo E, Vecchiotti C, Filippini A. DNA fingerprinting secondary transfer from different skin areas: Morphological and genetic studies. *Forensic Science International: Genetics* 2014; 11: 137-143.

Annexes

Protocoles d'analyse

- A1 Extraction et purification - QIAamp DNA Mini kit/QIAshredder
- A2 Quantification - Quantifiler[®] Human DNA Quantification kit
- A3 Quantification - Quantifiler[®] Duo DNA Quantification kit
- A4 Amplification - AmpF ϕ STR[®] SGM Plus PCR Amplification kit
- A5 Préparation d'amplicons pour l'analyse par l'électrophorèse capillaire *ABI Prism 3130XL*

Test statistique ANOVA

- B1 Vitesse d'agitation - comparaison des résultats
- B2 Taux d'humidité - comparaison des résultats
- B3 Temps d'exposition - comparaison des résultats

Tableau 76

- C1 Tableau des probabilités pour les états de la variable E

Jeu des fonctions et des simulations

- D1 R Markdown Document

Protocole d'analyse

A1

Extraction et purification -

QIAamp DNA Mini kit/

QIAshredder

EXTRACTION : QIASHREDDER - QIAAMP & MICROCON-30

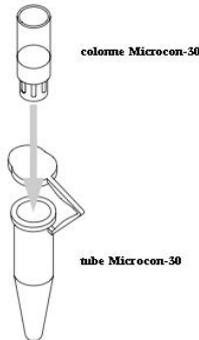
❑ PROCESSUS

1. Nettoyer la hotte 30 minutes avant la manipulation : eau de Javel, éthanol 70% et lampe UV.
2. Préparer et numéroter les tubes stériles 1.5 ml stériles.

	# échantillon		# échantillon		# échantillon		# échantillon
1		4		7		10	
2		5		8		11	
3		6		9		12	

3. Introduire dans le(s) tube(s) 1.5 ml :
 - 180 µl de tampon ATL (kit) et
 - 20 µl de Protéinase K (kit)
4. Transférer dans le(s) tube(s) 1.5 ml l'échantillon de trace préalablement coupé en morceaux.
5. Vortexer.
6. Incuber pendant la nuit à 56 °C à 5600 t/min sur le thermoshaker.
7. Centrifuger brièvement.
8. Transférer le mélange (liquide et trace) sur une colonne QIAshredder (de couleur violette) placée sur un tube collecteur (kit).
9. Centrifuger 5 min à 14'000 t/min.
10. Jeter la colonne QIAshredder (de couleur violette) et garder le tube collecteur.
11. Ajouter 200 µl de tampon AL (kit) à l'éluat.
12. Incuber l'éluat 10 min à 70 °C sur le thermoshaker.
13. Centrifuger brièvement.
14. Ajouter 210 µl d'éthanol absolu 100%.
15. Vortexer.
16. Centrifuger brièvement.
17. Transférer la totalité du liquide sur une spin colonne QIAamp (de couleur blanche) numérotée et placée sur un tube collecteur (kit).
18. Centrifuger 1 min à 8'000 t/min.
19. Changer le tube collecteur.
20. Ajouter 500 µl de solution AW1 (kit).
21. Centrifuger 1 min à 8'000 t/min.
22. Changer de tube collecteur.
23. Ajouter 500 µl de solution AW2 (kit).
24. Centrifuger 3 min à 14'000 t/min.
25. Vider le tube collecteur.
26. Recentrifuger 1 min à 14'000 t/min.
27. Placer la colonne sur un tube 1.5 ml stérile et numéroté.
28. Ajouter 200 µl de tampon d'éluat AE (kit).
29. Incuber 5 min à température ambiante.
30. Centrifuger 1 min à 8'000 t/min.

31. Jeter la colonne QIAamp (de couleur blanche).
32. Préparer une colonne Microcon-30 numérotée et placer sur un tube Microcon (les bécjers contenant les colonnes et les tubes Microcon-30 se trouvent dans les hottes d'extraction).



33. Transférer tout le liquide dans la colonne Microcon-30. Attention au pipettage : la membrane à l'intérieur de la colonne est très fragile !
34. Centrifuger 10 min à 14'000 t/min : tout l'extrait doit passer à travers la membrane.
35. Ajouter 25 µl de TE (tube Falcon sous la hotte) dans la colonne Microcon-30.
36. Incuber 3 min à température ambiante.
37. Inverser la colonne Microcon-30 sur un nouveau tube Microcon numéroté.



38. Centrifuger 1 min à 8'000 t/min pour récupérer l'extrait.
39. Jeter la colonne Microcon-30.
40. Fermer le tube Microcon.
41. Stocker les échantillons dans le congélateur si l'amplification ne suit pas immédiatement l'extraction.
42. Vider la poubelle !
43. Nettoyer la hotte : eau de Javel et éthanol 70%.

Lausanne :

Signature :

Protocole d'analyse

A2

Quantification -

Quantifiler[®] Human DNA

Quantification kit

QUANTIFILER® HUMAN DNA QUANTIFICATION KIT

☐ NETTOYAGE & REMPLISSAGE DE LA FEUILLE DE CHARGE

1. Nettoyer la hotte 30 minutes avant la manipulation : eau de Javel, éthanol 70% et lampe UV.
2. Remplir la feuille de charge avec les détails des échantillons à analyser pour les puits nécessaires. Les lignes A et B sont dédiées aux standards de taille.

☐ PRÉPARATION DES STANDARDS

Les standards de taille sont à préparer sur le moment à cause de l'instabilité des solutions ! Dans ce but, il faut préparer le buffer $T_{10}E_{0.1}$ avec lesquels on dilue la solution mère (Quantifiler® Human DNA Standard) fournie par le kit Quantifiler®.

3. Sortir les produits suivants :
 - a. Quantifiler® Human DNA Standard [200ng/ μ l] = solution mère → congélateur
 - b. Solution 20mM Tris-HCl (pH 8.0) → étagère : tube Eppendorf « Tris-HCl – 20mM »
 - c. Solution 0.2nM Na_2EDTA → frigo : tube Eppendorf « Na_2EDTA – 0.2nM »
4. Préparer un volume de 180 μ l de buffer $T_{10}E_{0.1}$ en mélangeant dans un tube stérile 1.5ml les solutions suivantes :
 - a. 90 μ l de solution 20mM Tris-HCl
 - b. 90 μ l de solution 0.2nM Na_2EDTA
5. Ranger les deux solutions à leur place.
6. Numéroter et dater 8 tubes 0.2ml pour les standards : Std 1, Std 2, ..., Std 8.
7. Préparer les standards nécessaires selon le tableau suivant :

#	Concentration	Mélanger	Remarques
Std 1	50000 pg/ μ l	10 μ l de la solution mère + 30 μ l de $T_{10}E_{0.1}$	standard de taille à conserver dans le congélateur : dater et numéroter les tubes de façon lisible
Std 2	16700 pg/ μ l	10 μ l de la solution Std 1 + 20 μ l de $T_{10}E_{0.1}$	
Std 3	5560 pg/ μ l	10 μ l de la solution Std 2 + 20 μ l de $T_{10}E_{0.1}$	
Std 4	1850 pg/ μ l	10 μ l de la solution Std 3 + 20 μ l de $T_{10}E_{0.1}$	
Std 5	620 pg/ μ l	10 μ l de la solution Std 4 + 20 μ l de $T_{10}E_{0.1}$	
Std 6	210 pg/ μ l	10 μ l de la solution Std 5 + 20 μ l de $T_{10}E_{0.1}$	
Std 7	68 pg/ μ l	10 μ l de la solution Std 6 + 20 μ l de $T_{10}E_{0.1}$	
Std 8	23 pg/ μ l	10 μ l de la solution Std 7 + 20 μ l de $T_{10}E_{0.1}$	

8. Une fois préparée la solution du standard 1, ranger immédiatement le tube de Quantifiler® Human DNA Standard dans le congélateur !

PRÉPARATION DU QUANTIFILER PCR MIX

9. Calculer la quantité des réactifs nécessaires à l'aide du tableau suivant.

RÉACTIFS À MÉLANGER	CALCULER	
	1 x	<input type="text"/> x
Quantifiler PCR Reaction Mix (frigo)	6.25 µl	
Quantifiler Human Primer Mix (congélateur)	5.25 µl	
Volume à distribuer dans les puits	11.5 µl	
Ajouter	2 µl d'échantillon : extrait d'ADN à quantifier, standard ou H ₂ O	

10. Préparer le Quantifiler PCR Mix :

- **ne pas vortexer**, mais agiter délicatement le Quantifiler PCR Reaction Mix
- vortexer pendant 3-5 sec le Quantifiler Human Primer Mix

Introduire les volumes des réactifs nécessaires dans un tube stérile 1.5ml et bien mélanger avec la pointe de la pipette.

11. Ranger les réactifs dans le frigo et le congélateur.

PRÉPARATION DE LA PLAQUE

12. Distribuer le volume du mix préparé dans les puits de la plaque à 96 puits.

13. Ajouter 2µl de l'échantillon dans les puits : extrait d'ADN à quantifier, standard ou de l'H₂O.

14. Bien mélanger avec la pointe de la pipette et **enlever** les éventuelles bulles d'air dans les puits avec la pointe de la pipette.

PS : les bulles d'air formées sur la surface de la solution n'influencent pas les résultats de l'analyse.

15. Fermer la plaque avec le film adhésif à l'aide de l'applicateur en caoutchou.

16. Insérer la plaque dans le 7500 Real-Time PCR System

NETTOYAGE

17. Vider la poubelle.

18. Nettoyer la hotte : eau de Javel et éthanol 70%.

Lausanne :

Signature :

Protocole d'analyse

A3

Quantification -
Quantifiler® Duo DNA
Quantification kit

User's Manual - Chapter 3

Chapter 3

PCR Amplification

PCR Amplification

3

This chapter covers:

Preparing the DNA Quantification Standards	3-2
Preparing the Reactions.	3-5
Running the Reactions	3-7

Preparing the DNA Quantification Standards

Required Materials

The required materials include:

- Pipettors
- Pipette tips
- Microfuge tubes
- Quantifiler[®] Duo DNA Standard
- Quantifiler[®] Duo DNA Dilution Buffer

Note: You can store the diluted DNA quantification standards for up to 2 weeks at 2 to 8 °C. Longer term storage is not recommended.

Guidelines for Calculating the Standards Dilution Series

The standard dilution series example shown in [Table 3-1 on page 3-3](#) is suitable for general use.

IMPORTANT! Applied Biosystems recommends:

- Three-fold dilution series with eight concentration points in the standard series
- Minimum input volume of 10 µL DNA for dilutions (to ensure accuracy of pipetting)

Standards Dilution Series Example

Table 3-1 shows an example of one standards dilution series with the concentrations ranging from 50 ng/μL (Std. 1) to 0.023 ng/μL, or 23 pg/μL (Std. 8). When 2.0 μL of a sample at the lowest concentration (23 pg/μL) is loaded in a reaction, the well contains approximately 7 diploid human genome equivalents. These equivalents correspond to approximately 14 copies of the Duo Human target locus and approximately 7 copies of the Duo Male target locus (Y chromosome loci are haploid).

Table 3-1 Standards dilution series example

Standard	Concentration (ng/μL)	Example Amounts	Minimum Amounts	Dilution Factor
Std. 1	50.000	50 μL [200 ng/μL stock] + 150 μL Quantifiler® Duo DNA dilution buffer	10 μL [200 ng/μL stock] + 30 μL Quantifiler® Duo DNA dilution buffer	4X
Std. 2	16.700	50 μL [Std. 1] + 100 μL Quantifiler® Duo DNA dilution buffer	10 μL [Std. 1] + 20 μL Quantifiler® Duo DNA dilution buffer	3X
Std. 3	5.560	50 μL [Std. 2] + 100 μL Quantifiler® Duo DNA dilution buffer	10 μL [Std. 2] + 20 μL Quantifiler® Duo DNA dilution buffer	3X
Std. 4	1.850	50 μL [Std. 3] + 100 μL Quantifiler® Duo DNA dilution buffer	10 μL [Std. 3] + 20 μL Quantifiler® Duo DNA dilution buffer	3X
Std. 5	0.620	50 μL [Std. 4] + 100 μL Quantifiler® Duo DNA dilution buffer	10 μL [Std. 4] + 20 μL Quantifiler® Duo DNA dilution buffer	3X
Std. 6	0.210	50 μL [Std. 5] + 100 μL Quantifiler® Duo DNA dilution buffer	10 μL [Std. 5] + 20 μL Quantifiler® Duo DNA dilution buffer	3X
Std. 7	0.068	50 μL [Std. 6] + 100 μL Quantifiler® Duo DNA dilution buffer	10 μL [Std. 6] + 20 μL Quantifiler® Duo DNA dilution buffer	3X
Std. 8	0.023	50 μL [Std. 7] + 100 μL Quantifiler® Duo DNA dilution buffer	10 μL [Std. 7] + 20 μL Quantifiler® Duo DNA dilution buffer	3X

Preparation Guidelines

While preparing the standards, keep in mind that:

- DNA quantification standards are critical for accurate analysis of run data
- Mistakes or inaccuracies in making the dilutions directly affect the quality of results
- The quality of pipettors and tips and the care used in measuring and mixing dilutions affect accuracy

Preparing the DNA Quantification Standards

When using Quantifiler® Duo DNA Dilution Buffer, you can store the prepared DNA quantification standards for up to 2 weeks at 2 to 8 °C.

To prepare the DNA quantification standards dilution series:

1.	Label eight microcentrifuge tubes: Std. 1, Std. 2, Std. 3, and so on.
2.	Dispense the required amount of diluent (Quantifiler® Duo DNA Dilution Buffer) to each tube (refer to Table 3-1 for volumes).
3.	Prepare Std. 1: <ol style="list-style-type: none"> a. Vortex the Quantifiler® Duo DNA Standard 3 to 5 seconds. b. Using a new pipette tip, add the calculated amount of Quantifiler® Duo DNA Standard to the tube for Std. 1. c. Mix the dilution thoroughly.
4.	Prepare Std. 2 through 8: <ol style="list-style-type: none"> a. Using a new pipette tip, add the calculated amount of the prepared standard to the tube for the next standard (refer to Table 3-1 for volumes). b. Mix the standard thoroughly. c. Repeat steps 4a and 4b until you complete the dilution series.

Preparing the Reactions

Required Materials

- Quantifiler® Duo Primer Mix
- Quantifiler® Duo PCR Reaction Mix
- 10-mL polypropylene tube
- 96-well reaction plate
- Extracted DNA samples
- DNA quantification standards dilutions series
- Optical adhesive cover

Preparing the Reactions

While preparing the reactions, keep the 96-well reaction plate in its base and do not place it directly on the bench top to protect it from scratches and particulate matter.

To prepare the reactions:

1. Calculate the volume of each component needed to prepare the reactions, using the table below.

Component	Volume Per Reaction (µL)
Quantifiler® Duo Primer Mix	10.5
Quantifiler® Duo PCR Reaction Mix	12.5

Note: Include additional reactions in your calculations to provide excess volume for the loss that occurs during reagent transfers.



CAUTION CHEMICAL HAZARD. Quantifiler® Duo PCR Reaction Mix may cause eye and skin irritation. Exposure may cause discomfort if swallowed or inhaled. Read the MSDS, and follow the handling instructions. Wear appropriate protective eyewear, clothing, and gloves.

To prepare the reactions: *(continued)*

2.	<p>Prepare the reagents:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Thaw the Quantifiler[®] Duo Primer Mix completely, then vortex 3 to 5 seconds and centrifuge briefly before opening the tube. • Swirl the Quantifiler[®] Duo PCR Reaction Mix gently before using. Do not vortex it.
3.	<p>Pipette the required volumes of components into an appropriately sized polypropylene tube.</p>
4.	<p>Vortex the PCR mix 3 to 5 seconds, then centrifuge briefly.</p>
5.	<p>Dispense 23 μL of the PCR mix into each reaction well.</p>
6.	<p>Add 2 μL of sample, standard, or control to the applicable wells. For a plate setup example, see page 2-7.</p> <p>IMPORTANT! Applied Biosystems recommends running duplicates of the eight DNA quantification standards for each reaction plate.</p>
7.	<p>Seal the reaction plate with the Optical Adhesive Cover.</p>
8.	<p>Centrifuge the plate at 3000 rpm for about 20 seconds in a tabletop centrifuge with plate holders to remove any bubbles.</p> <p>Note: If a tabletop centrifuge with 96-well plate adapters is not available, visually inspect the plate for bubbles, and lightly tap the plate to remove bubbles in wells.</p>

Running the Reactions

Before You Run the Reactions

Before you run the reactions, make sure that you have:

- Powered on the 7500 Real-Time PCR instrument, computer, and software. For setup procedures, see [page 2-3](#).
- Set up a plate document for the run. See [page 2-7](#).

Running the Plate on the 7500 Real-Time PCR Instrument

To run the plate on the 7500 Real-Time PCR instrument:

1. Press the tray door to open it.

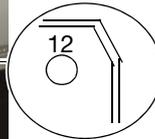
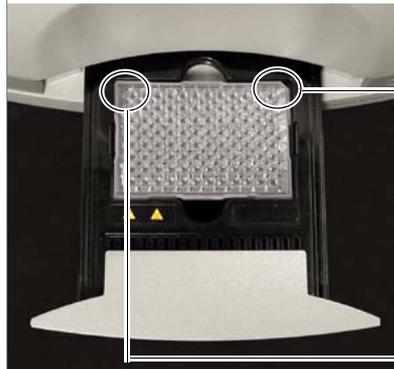


2. Load the plate into the plate holder in the instrument. Ensure that the plate is correctly aligned in the holder.



**To run the plate on the 7500 Real-Time PCR instrument:
(continued)**

3. Load standard 96-well plates with the notched A12 position at the top-right of the tray.



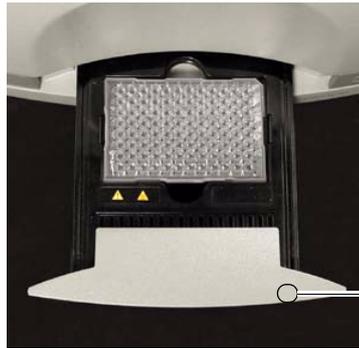
Well A1

4. Close the tray door.



To run the plate on the 7500 Real-Time PCR instrument:
(continued)

5. Apply pressure to the right side of the tray and at an angle to close the tray door.



Press forward here at slight right angle.

6. In the 7500 SDS software, open the plate document that you set up for the run.

7. Select the Instrument tab, then click **Start**.

Protocole d'analyse

A4

Amplification -

AmpF ℓ STR[®] SGM Plus PCR

Amplification kit

AmpF[®]STR[®] SGM PLUS PCR AMPLIFICATION KIT

❑ **PROCESSUS**

1. Nettoyer la hotte 30 minutes avant la manipulation : eau de Javel, éthanol 70% et lampe UV.
2. Préparer un tube stérile 1.5ml stériles pour le PCR Mix.
3. Préparer et numéroté les tubes 0.2ml stériles nécessaires : n'oubliez pas les contrôles positif et négatif !
4. Calculer la quantité des réactifs nécessaires à l'aide du tableau suivant.

RÉACTIFS À MÉLANGER	PCR – FMJ		PCR – TRACES	
	1 x	_____ x	1 x	_____ x
PCR Reaction Mix	10.5 µl		10.5 µl	
SGM Plus Primer Set	5.5 µl		5.5 µl	
AmpliTaq Gold DNA Polymerase	0.5 µl		0.5 µl	
Volume à distribuer	15 µl		15 µl	
Ajouter	1 µl ADN 9 µl H ₂ O stérile		x µl ADN selon les résultats de la quantification	

5. Préparer le PCR Mix :
 - vortexer les réactifs avant l'emploi : PCR Reaction Mix & SGM Plus Primer Set
 - sortir l'AmpliTaq Gold DNA Polymerase du congélateur et l'ajouter en dernier dans le PCR Mix (sans vortexer !)
 Introduire les 3 réactifs dans le tube stérile 1.5ml.
Vortexer.
6. Distribuer le volume du mélange PCR Mix dans les tubes 0.2ml.
7. Ajouter le volume d'ADN ou de l'H₂O dans les tubes.
8. Bien mélanger avec la pointe de la pipette.
9. Insérer les tubes dans le bloc PCR et choisir le programme « SGM+ ».
10. Pour les contrôles :
 - contrôle positif : ajouter 10 µl ADN 007 (ADN du kit)
 - contrôle négatif : ajouter 10 µl H₂O stérile.
11. Stocker les échantillons (tubes 1.5ml + écouvillons) dans le congélateur.
12. Vider la poubelle.
13. Nettoyer la hotte : eau de Javel et éthanol 70%.

Lausanne :

Signature :

Protocole d'analyse

A5

Analyse par
l'électrophorèse capillaire

ABI Prism 3130XL

PRÉPARATION D'AMPLICONS

❑ PROCESSUS

- Remplir le cahier de charge en indiquant :
 - les initiales de votre nom et prénom
 - une brève description de l'échantillon : type de trace, support, numéro de cycles PCR et volume d'extrait amplifié

↳ Exemple : KMP – sperme sur pull (1µl & 28c)
JC – contrôle positif (34c)
- Ajouter dans un tube Eppendorf de 1.5ml la formamide et le standard de taille *GS ROX 500* selon les indications du tableau ci-dessous.

↳ Compter un **ladder** chaque 16 puits ! (16 puits = 1 run)

PRODUITS À MÉLANGER	1 x	_____ x
Formamide	9 µl	
GS ROX 500	1 µl	
Volume à distribuer	9 µl	
Ajouter	1 µl multiplex ou ladder	

- Vortexer le mélange. Distribuer 9 µl du mélange dans les puits d'une plaque 96-Well Fast.
- Ajouter 1µl de multiplex ou ladder dans les puits. Bien mélanger avec la pointe de pipette.
- Fermer la plaque avec les septas en caoutchouc gris.

IMPORTANT :

Effectuer l'étape 6 seulement 15 minutes avant de lancer le run! Passer à l'étape 7 si d'autres échantillons seront introduits dans la même plaque pour l'analyse.

- Dénaturer l'ADN en plaçant la plaque fermée dans un bloc PCR : 3min à 95°C et 3min à 4°C.

↳ Choisir l'utilisateur « IPS » et le programme « Dénaturation ».
- Éviter les bulles d'air et les mouvements brusques avec la plaque !
- Déposer la plaque sur la table des amplicons. Stocker les échantillons (multiplex PCR) dans le frigo.
- Vider la poubelle. Nettoyer la plaque PCR à l'éthanol 70% et ranger dans le tiroir du labo 6240.

Lausanne :

Signature :

Test statistique ANOVA

B1

Vitesse d'agitation -
comparaison des moyennes

Hypothèse à tester

H_0 : les moyennes des expériences "100 t/min", "200 t/min" et "300 t/min" sont égales.

Données expérimentales (cf. Tableau 38)						
activité	100 t/min					
temps	1h			24h		
	100 t/min	200 t/min	400 t/min	au repos	en activité	% persisté
% persisté	72%	78%	76%	20%	28%	15%
	63%	74%	74%	27%	27%	33%
	64%	63%	59%	33%	40%	19%
	66%	63%	68%	19%	31%	26%
	66%	62%	61%	9%	15%	24%
moyenne	66%	68%	68%	22%	28%	23%
écart-type	3%	7%	8%	9%	9%	7%

Analyse de variance								
	somme des carrés - SC		degrés de libertés - dl		carrés moyens - CM		ratio - F	
	1h	24h	1h	24h	1h	24h	1h	24h
intergroupe (A)	8.9	116.4	2	2	4.5	58.2	0.107	0.832
intragroupe (S/A)	500	839.2	12	12	41.7	69.9		
total	508.9	955.6	14	14				

Ratio F < valeur critique 3.8853 (seuil 5%)

⇒ **Hypothèse H0 est vraie.**

[Les vitesses d'agitation n'influencent pas la perte de la quantité d'ADN initialement déposée].

Test statistique ANOVA

B2

Taux d'humidité -
comparaison des moyennes

Hypothèse à tester

H_0 : les moyennes des expériences "60%" et "80%" sont égales.

Données expérimentales (cf. Tableau 39)									
température	40°C								
temps	1h		12h		24h		48h		
taux d'humidité	60%	80%	60%	80%	60%	80%	60%	80%	
% persisté	79%	100%	100%	100%	54%	45%	100%	82%	
	100%	100%	100%	100%	100%	38%	100%	35%	
	72%	88%	100%	94%	100%	100%	100%	100%	
	75%	100%	100%	100%	64%	100%	26%	100%	
	100%	86%	100%	51%	59%	100%	65%	95%	
	95%	100%	100%	100%	100%	42%	100%	92%	
	100%	100%	100%	96%	82%	100%	32%	47%	
	100%	97%	90%	100%	72%	80%	100%	74%	
	94%	96%	97%	92%	69%	87%	71%	66%	
	100%	87%	80%	100%	82%	80%	48%	59%	
moyenne	92%	95%	97%	93%	78%	77%	74%	75%	
écart-type	11%	6%	7%	15%	17%	26%	30%	23%	

Analyse de variance									
	somme des carrés - SC		degrés de libertés - dl		carrés moyens - CM		ratio - F		
	1h	12h	1h	12h	1h	12h	1h	12h	
intergroupe (A)	173.2	69.4	1	1	173.2	69.4	2.111	0.506	
intragroupe (SiA)	1'476.9	2'468.2	18	18	82.1	137.1			
total	1'650.1	2'537.6	19	19					
	somme des carrés - SC		degrés de libertés - dl		carrés moyens - CM		ratio - F		
	24h	48h	24h	48h	24h	48h	24h	48h	
intergroupe (A)	1'004.2	350.6	1	1	1'004.2	350.6	2.069	0.488	
intragroupe (SiA)	8'737.2	12'923.6	18	18	485.4	717.9			
total	9'741.4	13'274.2	19	19					

Données expérimentales (cf. Tableau 39)								
température	70°C							
temps	1h		12h		24h		48h	
taux d'humidité	60%	80%	60%	80%	60%	80%	60%	80%
% persisté	39%	66%	37%	100%	16%	100%	100%	47%
	20%	54%	100%	100%	44%	100%	37%	100%
	28%	100%	53%	100%	59%	100%	36%	80%
	100%	67%	27%	100%	11%	30%	0%	21%
	100%	70%	100%	55%	15%	98%	12%	21%
	0%	85%	0%	72%	42%	100%	86%	100%
	61%	48%	66%	37%	34%	46%	27%	26%
	44%	55%	33%	32%	100%	27%	42%	43%
	59%	72%	54%	42%	33%	62%	24%	16%
	29%	41%	47%	0%	41%	0%	41%	51%
moyenne	48%	66%	52%	64%	40%	66%	41%	51%
écart-type	33%	18%	31%	36%	26%	38%	31%	32%

Analyse de variance								
	somme des carrés - SC		degrés de libertés - dl		carrés moyens - CM		ratio - F	
	1h	12h	1h	12h	1h	12h	1h	12h
intergroupe (A)	1'584.2	732.1	1	1	1'584.2	732.1	2.295	0.646
intragroupe (S/A)	12'427.6	20'409.7	18	18	690.4	1'133.9		
total	14'011.8	21'141.8	19	19				
	somme des carrés - SC		degrés de libertés - dl		carrés moyens - CM		ratio - F	
	24h	48h	24h	48h	24h	48h	24h	48h
intergroupe (A)	3'591.2	499.9	1	1	3'591.2	499.9	3.342	0.502
intragroupe (S/A)	19'342.6	17'923.0	18	18	1'074.6	995.7		
total	22'933.8	18'422.9	19	19				

Ratio F < valeur critique 4.4139 (seuil 5%)

⇒ **Hypothèse H0 est vraie.**

[Le taux d'humidité n'influence pas la perte de la quantité d'ADN initialement déposée].

Test statistique ANOVA

B3

Temps d'exposition -
comparaison des moyennes

Hypothèse à tester

H_0 : les moyennes des résultats "1h" et "12h" sont égales.

Données expérimentales (cf. Tableau 39)				
température	40°C avec 60-80% d'humidité		70°C avec 60-80% d'humidité	
	1h	12h	1h	12h
taux d'humidité	79%	100%	39%	37%
% persisté	100%	100%	20%	100%
	72%	100%	28%	53%
	75%	100%	100%	27%
	100%	100%	100%	100%
	95%	100%	0%	0%
	100%	100%	61%	66%
	100%	90%	44%	33%
	94%	97%	59%	54%
	100%	80%	29%	47%
	100%	100%	66%	100%
	100%	100%	54%	100%
	88%	94%	100%	100%
	100%	100%	67%	100%
	86%	51%	70%	55%
	100%	100%	85%	72%
	100%	96%	48%	37%
	97%	100%	55%	32%
	96%	92%	72%	42%
	87%	100%	41%	0%
moyenne	93%	95%	57%	58%
écart-type	9%	12%	27%	33%

Analyse de variance									
	somme des carrés - SC		degrés de libertés - dl		carrés moyens - CM		ratio - F		
	40°C	70°C	40°C	70°C	40°C	70°C	40°C	70°C	
intergroupe (A)	0.002	0.001	1	1	0.002	0.001	0.222	0.008	
intragroupe (SiA)	0.411	3.515	38	38	0.011	0.093			
total			39	39					

Ratio F < valeur critique située entre 4.0847 et 4.1709 (seuil 5%)

⇒ **Hypothèse H0 est vraie.**

[La perte d'ADN après une heure est comparable à celle après 12 heures].

Hypothèse à tester

H_0 : les moyennes des résultats "24h" et "48h" sont égales

Données expérimentales (cf. Tableau 39)				
température	40°C avec 60-80% d'humidité		70°C avec 60-80% d'humidité	
	24h	48h	24h	48h
taux d'humidité				
% persisté	54%	100%	16%	100%
	100%	100%	44%	37%
	100%	100%	59%	36%
	64%	26%	11%	0%
	59%	65%	15%	12%
	100%	100%	42%	86%
	82%	32%	34%	27%
	72%	100%	100%	42%
	69%	71%	33%	24%
	82%	48%	41%	41%
	45%	82%	100%	47%
	38%	35%	100%	100%
	100%	100%	100%	80%
	100%	100%	30%	21%
	100%	95%	98%	21%
	42%	92%	100%	100%
	100%	47%	46%	26%
	80%	74%	27%	43%
	87%	66%	62%	16%
	80%	59%	0%	51%
moyenne	78%	75%	53%	46%
écart-type	21%	26%	35%	31%

Analyse de variance								
	somme des carrés - SC		degrés de libertés - dl		carrés moyens - CM		ratio - F	
	40°C	70°C	40°C	70°C	40°C	70°C	40°C	70°C
intergroupe (A)	0.010	0.055	1	1	0.010	0.055	0.169	0.503
intragroupe (S/A)	2.167	4.136	38	38	0.057	0.109		
total			39	39				

Ratio F < valeur critique située entre 4.0847 et 4.1709 (seuil 5%)

⇒ **Hypothèse H0 est vraie.**

[La perte d'ADN après un jour est comparable à celle après deux jours].

Tableau

C1

Tableau des probabilités
pour les états de la variable E

ADN de la trace indiciaire		Noeud E						
AP	<i>pas de profil</i>							
VP	<i>pas de profil</i>							
CP	<i>pas de profil</i>	<i>profil discordant avec S</i>	<i>simple avec < 1 ng*</i>	<i>simple avec 1-5 ng*</i>	<i>simple avec > 5 ng*</i>	<i>mélange avec < 1 ng*</i>	<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	<i>mélange avec > 5 ng*</i>
BP	<i>pas de profil</i>							
<i>pas de profil</i>	1	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	1	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	1	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	1	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	1	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	1	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	1
BP	<i>profil discordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	1	1	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	1	0	0	1	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	1	0	0	1	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	1	0	0	1
BP	<i>profil simple avec < 1 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	1	0	0.5	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0.5	0.5	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0.5	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	1	0	0	0	0.5	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0.5	1
BP	<i>profil simple avec 1-5 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	1	0	0.5	0.5	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0	0	0.5	0.5	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	1	0	0	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0.5	0.5	1
BP	<i>profil simple avec > 5 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1

ADN de la trace indiciaire		Noeud E						
AP	<i>pas de profil</i>							
VP	<i>profil simple avec < 1 ng concordant avec S</i>							
CP	<i>pas de profil</i>	<i>profil discordant avec S</i>	<i>simple avec < 1 ng*</i>	<i>simple avec 1-5 ng*</i>	<i>simple avec > 5 ng*</i>	<i>mélange avec < 1 ng*</i>	<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	<i>mélange avec > 5 ng*</i>
BP	<i>pas de profil</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	1	0	0.5	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0.5	0.5	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0.5	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	1	0	0	0	0.5	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0.5	1
BP	<i>profil discordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	1	1	0.5	0	0	0.5	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0.5	0.5	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0.5	1	0	0.5	1
BP	<i>profil simple avec < 1 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0.5	0	0.5	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0.5	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0.5	1
BP	<i>profil simple avec 1-5 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	1
BP	<i>profil simple avec > 5 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1

ADN de la trace indiciaire		Noeud E						
AP	<i>pas de profil</i>							
VP	<i>profil simple avec 1-5 ng concordant avec S</i>							
CP	<i>pas de profil</i>	<i>profil discordant avec S</i>	<i>simple avec < 1 ng*</i>	<i>simple avec 1-5 ng*</i>	<i>simple avec > 5 ng*</i>	<i>mélange avec < 1 ng*</i>	<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	<i>mélange avec > 5 ng*</i>
BP	<i>pas de profil</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0.5	0.5	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	0.5	0.5	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	1	0	0	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0.5	0.5	1
BP	<i>profil discordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	1	1	0.5	0.5	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0	0.5	0.5	1	0.5	0.5	1
BP	<i>profil simple avec < 1 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	1
BP	<i>profil simple avec 1-5 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	1
BP	<i>profil simple avec > 5 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1

ADN de la trace indiciaire		Noeud E						
AP	<i>pas de profil</i>							
VP	<i>profil simple avec > 5 ng concordant avec S</i>							
CP	<i>pas de profil</i>	<i>profil discordant avec S</i>	<i>simple avec < 1 ng*</i>	<i>simple avec 1-5 ng*</i>	<i>simple avec > 5 ng*</i>	<i>mélange avec < 1 ng*</i>	<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	<i>mélange avec > 5 ng*</i>
BP	<i>pas de profil</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1
BP	<i>profil discordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	1	1	1	1	1	1	1	1
BP	<i>profil simple avec < 1 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1
BP	<i>profil simple avec 1-5 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1
BP	<i>profil simple avec > 5 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1

ADN de la trace indiciaire		Noeud E						
AP	profil discordant avec S							
VP	profil simple avec < 1 ng concordant avec S							
CP	pas de profil	profil discordant avec S	simple avec < 1 ng*	simple avec 1-5 ng*	simple avec > 5 ng*	mélange avec < 1 ng*	mélange avec 1-5 ng*	mélange avec > 5 ng*
BP	pas de profil							
	pas de profil	0	0	0	0	0	0	0
	profil discordant avec S	0	0	0	0	0	0	0
	simple avec < 1 ng*	0	0	0	0	0	0	0
	simple avec 1-5 ng*	0	0	0	0	0	0	0
	simple avec > 5 ng*	0	0	0	0	0	0	0
	mélange avec < 1 ng*	1	1	0.5	0	0	0.5	0
	mélange avec 1-5 ng*	0	0	0.5	0.5	0	0.5	0.5
	mélange avec > 5 ng*	0	0	0	0.5	1	0	0.5
BP	profil discordant avec S							
	pas de profil	0	0	0	0	0	0	0
	profil discordant avec S	0	0	0	0	0	0	0
	simple avec < 1 ng*	0	0	0	0	0	0	0
	simple avec 1-5 ng*	0	0	0	0	0	0	0
	simple avec > 5 ng*	0	0	0	0	0	0	0
	mélange avec < 1 ng*	1	1	0.5	0	0	0.5	0
	mélange avec 1-5 ng*	0	0	0.5	0.5	0	0.5	0.5
	mélange avec > 5 ng*	0	0	0	0.5	1	0	0.5
BP	profil simple avec < 1 ng concordant avec S							
	pas de profil	0	0	0	0	0	0	0
	profil discordant avec S	0	0	0	0	0	0	0
	simple avec < 1 ng*	0	0	0	0	0	0	0
	simple avec 1-5 ng*	0	0	0	0	0	0	0
	simple avec > 5 ng*	0	0	0	0	0	0	0
	mélange avec < 1 ng*	0.5	0.5	0.5	0	0	0.5	0
	mélange avec 1-5 ng*	0.5	0.5	0.5	0.5	0	0.5	0.5
	mélange avec > 5 ng*	0	0	0	0.5	1	0	0.5
BP	profil simple avec 1-5 ng concordant avec S							
	pas de profil	0	0	0	0	0	0	0
	profil discordant avec S	0	0	0	0	0	0	0
	simple avec < 1 ng*	0	0	0	0	0	0	0
	simple avec 1-5 ng*	0	0	0	0	0	0	0
	simple avec > 5 ng*	0	0	0	0	0	0	0
	mélange avec < 1 ng*	0.5	0.5	0	0	0	0	0
	mélange avec 1-5 ng*	0.5	0.5	0.5	0.5	0	0.5	0.5
	mélange avec > 5 ng*	0	0	0.5	0.5	1	0.5	0.5
BP	profil simple avec > 5 ng concordant avec S							
	pas de profil	0	0	0	0	0	0	0
	profil discordant avec S	0	0	0	0	0	0	0
	simple avec < 1 ng*	0	0	0	0	0	0	0
	simple avec 1-5 ng*	0	0	0	0	0	0	0
	simple avec > 5 ng*	0	0	0	0	0	0	0
	mélange avec < 1 ng*	0	0	0	0	0	0	0
	mélange avec 1-5 ng*	0	0	0	0	0	0	0
	mélange avec > 5 ng*	1	1	1	1	1	1	1

ADN de la trace indiciaire		Noeud E						
AP	<i>profil simple avec < 1 ng concordant avec S</i>							
VP	<i>pas de profil</i>							
CP	<i>pas de profil</i>	<i>profil discordant avec S</i>	<i>simple avec < 1 ng*</i>	<i>simple avec 1-5 ng*</i>	<i>simple avec > 5 ng*</i>	<i>mélange avec < 1 ng*</i>	<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	<i>mélange avec > 5 ng*</i>
BP	<i>pas de profil</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	1	0	0.5	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0.5	0.5	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0.5	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	1	0	0	0	0.5	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0.5	1
BP	<i>profil discordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	1	1	0.5	0	0	0.5	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0.5	0.5	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0.5	1	0	0.5	1
BP	<i>profil simple avec < 1 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0.5	0	0.5	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0.5	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0.5	1
BP	<i>profil simple avec 1-5 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	1
BP	<i>profil simple avec > 5 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1

ADN de la trace indiciaire		Noeud E						
AP	<i>profil simple avec < 1 ng concordant avec S</i>							
VP	<i>profil simple avec < 1 ng concordant avec S</i>							
CP	<i>pas de profil</i>	<i>profil discordant avec S</i>	<i>simple avec < 1 ng*</i>	<i>simple avec 1-5 ng*</i>	<i>simple avec > 5 ng*</i>	<i>mélange avec < 1 ng*</i>	<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	<i>mélange avec > 5 ng*</i>
BP	<i>pas de profil</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0.5	0	0.5	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0.5	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0.5	1
BP	<i>profil discordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0.5	0.5	0.5	0	0	0.5	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0.5	0.5	0.5	0.5	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0.5	1	0	0.5	1
BP	<i>profil simple avec < 1 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0.5	0	0.5	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0.5	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0.5	1
BP	<i>profil simple avec 1-5 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	1
BP	<i>profil simple avec > 5 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1

ADN de la trace indiciaire		Noeud E						
AP	<i>profil simple avec < 1 ng concordant avec S</i>							
VP	<i>profil simple avec 1-5 ng concordant avec S</i>							
CP	<i>pas de profil</i>	<i>profil discordant avec S</i>	<i>simple avec < 1 ng*</i>	<i>simple avec 1-5 ng*</i>	<i>simple avec > 5 ng*</i>	<i>mélange avec < 1 ng*</i>	<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	<i>mélange avec > 5 ng*</i>
BP	<i>pas de profil</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	1
BP	<i>profil discordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0.5	0.5	0.5	0.5	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0.5	0.5	0.5	0.5	1	0.5	0.5	1
BP	<i>profil simple avec < 1 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	1
BP	<i>profil simple avec 1-5 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	1
BP	<i>profil simple avec > 5 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1

ADN de la trace indiciaire		Noeud E						
AP	<i>profil simple avec < 1 ng concordant avec S</i>							
VP	<i>profil simple avec > 5 ng concordant avec S</i>							
CP	<i>pas de profil</i>	<i>profil discordant avec S</i>	<i>simple avec < 1 ng*</i>	<i>simple avec 1-5 ng*</i>	<i>simple avec > 5 ng*</i>	<i>mélange avec < 1 ng*</i>	<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	<i>mélange avec > 5 ng*</i>
BP	<i>pas de profil</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1
BP	<i>profil discordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	1	1	1	1	1	1	1	1
BP	<i>profil simple avec < 1 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1
BP	<i>profil simple avec 1-5 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1
BP	<i>profil simple avec > 5 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1

ADN de la trace indiciaire		Noeud E						
AP	profil simple avec 1-5 ng concordant avec S							
VP	pas de profil							
CP	<i>pas de profil</i>	<i>profil discordant avec S</i>	<i>simple avec < 1 ng*</i>	<i>simple avec 1-5 ng*</i>	<i>simple avec > 5 ng*</i>	<i>mélange avec < 1 ng*</i>	<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	<i>mélange avec > 5 ng*</i>
BP	pas de profil							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	1	0	0.5	0.5	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0	0	0.5	0.5	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	1	0	0	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0.5	0.5	1
BP	profil discordant avec S							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	1	1	0.5	0.5	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0	0.5	0.5	1	0.5	0.5	1
BP	profil simple avec < 1 ng concordant avec S							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	1
BP	profil simple avec 1-5 ng concordant avec S							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	1
BP	profil simple avec > 5 ng concordant avec S							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1

ADN de la trace indiciaire		Noeud E						
AP	profil simple avec 1-5 ng concordant avec S							
VP	profil simple avec < 1 ng concordant avec S							
CP	<i>pas de profil</i>	<i>profil discordant avec S</i>	<i>simple avec < 1 ng*</i>	<i>simple avec 1-5 ng*</i>	<i>simple avec > 5 ng*</i>	<i>mélange avec < 1 ng*</i>	<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	<i>mélange avec > 5 ng*</i>
BP	<i>pas de profil</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	1
BP	<i>profil discordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0.5	0.5	0.5	0.5	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0.5	0.5	0.5	0.5	1	0.5	0.5	1
BP	<i>profil simple avec < 1 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	1
BP	<i>profil simple avec 1-5 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	1
BP	<i>profil simple avec > 5 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1

ADN de la trace indiciaire		Noeud E						
AP	<i>profil simple avec 1-5 ng concordant avec S</i>							
VP	<i>profil simple avec 1-5 ng concordant avec S</i>							
CP	<i>pas de profil</i>	<i>profil discordant avec S</i>	<i>simple avec < 1 ng*</i>	<i>simple avec 1-5 ng*</i>	<i>simple avec > 5 ng*</i>	<i>mélange avec < 1 ng*</i>	<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	<i>mélange avec > 5 ng*</i>
BP	<i>pas de profil</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	1
BP	<i>profil discordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0.5	0.5	0.5	0.5	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0.5	0.5	0.5	0.5	1	0.5	0.5	1
BP	<i>profil simple avec < 1 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	1
BP	<i>profil simple avec 1-5 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0.5	0	0.5	0.5	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	0.5	0	0	0	0.5	0.5	1
BP	<i>profil simple avec > 5 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1

ADN de la trace indiciaire		Noeud E						
AP	profil simple avec 1-5 ng concordant avec S							
VP	profil simple avec > 5 ng concordant avec S							
CP	<i>pas de profil</i>	<i>profil discordant avec S</i>	<i>simple avec < 1 ng*</i>	<i>simple avec 1-5 ng*</i>	<i>simple avec > 5 ng*</i>	<i>mélange avec < 1 ng*</i>	<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	<i>mélange avec > 5 ng*</i>
BP	<i>pas de profil</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1
BP	<i>profil discordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	1	1	1	1	1	1	1	1
BP	<i>profil simple avec < 1 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1
BP	<i>profil simple avec 1-5 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1
BP	<i>profil simple avec > 5 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1

ADN de la trace indiciaire		Noeud E						
AP	<i>profil simple avec > 5 ng concordant avec S</i>							
VP	<i>pas de profil</i>							
CP	<i>pas de profil</i>	<i>profil discordant avec S</i>	<i>simple avec < 1 ng*</i>	<i>simple avec 1-5 ng*</i>	<i>simple avec > 5 ng*</i>	<i>mélange avec < 1 ng*</i>	<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	<i>mélange avec > 5 ng*</i>
BP	<i>pas de profil</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1
BP	<i>profil discordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	1	1	1	1	1	1	1	1
BP	<i>profil simple avec < 1 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1
BP	<i>profil simple avec 1-5 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1
BP	<i>profil simple avec > 5 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1

ADN de la trace indiciaire		Noeud E						
AP	<i>profil simple avec > 5 ng concordant avec S</i>							
VP	<i>profil simple avec < 1 ng concordant avec S</i>							
CP	<i>pas de profil</i>	<i>profil discordant avec S</i>	<i>simple avec < 1 ng*</i>	<i>simple avec 1-5 ng*</i>	<i>simple avec > 5 ng*</i>	<i>mélange avec < 1 ng*</i>	<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	<i>mélange avec > 5 ng*</i>
BP	<i>pas de profil</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1
BP	<i>profil discordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	1	1	1	1	1	1	1	1
BP	<i>profil simple avec < 1 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1
BP	<i>profil simple avec 1-5 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1
BP	<i>profil simple avec > 5 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1

ADN de la trace indiciaire		Noeud E						
AP	profil simple avec > 5 ng concordant avec S							
VP	profil simple avec 1-5 ng concordant avec S							
CP	<i>pas de profil</i>	<i>profil discordant avec S</i>	<i>simple avec < 1 ng*</i>	<i>simple avec 1-5 ng*</i>	<i>simple avec > 5 ng*</i>	<i>mélange avec < 1 ng*</i>	<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	<i>mélange avec > 5 ng*</i>
BP	<i>pas de profil</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1
BP	<i>profil discordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	1	1	1	1	1	1	1	1
BP	<i>profil simple avec < 1 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1
BP	<i>profil simple avec 1-5 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1
BP	<i>profil simple avec > 5 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1

ADN de la trace indiciaire		Noeud E						
AP	<i>profil simple avec > 5 ng concordant avec S</i>							
VP	<i>profil simple avec > 5 ng concordant avec S</i>							
CP	<i>pas de profil</i>	<i>profil discordant avec S</i>	<i>simple avec < 1 ng*</i>	<i>simple avec 1-5 ng*</i>	<i>simple avec > 5 ng*</i>	<i>mélange avec < 1 ng*</i>	<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	<i>mélange avec > 5 ng*</i>
BP	<i>pas de profil</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1
BP	<i>profil discordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	1	1	1	1	1	1	1	1
BP	<i>profil simple avec < 1 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1
BP	<i>profil simple avec 1-5 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1
BP	<i>profil simple avec > 5 ng concordant avec S</i>							
<i>pas de profil</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>profil discordant avec S</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>simple avec > 5 ng*</i>	1	0	1	1	1	0	0	0
<i>mélange avec < 1 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec 1-5 ng*</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>mélange avec > 5 ng*</i>	0	1	0	0	0	1	1	1

Tableau 76 : Tableau des probabilités pour les états de la variable E
(* concordant avec le profil génétique du suspect S)

*Jeu de fonctions et
simulations*

D1

R Markdown Document

Summary of sensitivity analysis

Ka-Man Pun & Christophe Champod

25 July 2017

Bayesian Network file *KMpun_BN_V2.net*

This is an R Markdown document. Markdown is a simple formatting syntax for authoring HTML, PDF, and MS Word documents. For more details on using R Markdown see <http://rmarkdown.rstudio.com>.

You have to use the commands below directly in R to get all the results in the workspace and produce the report. Note that the code invoke a statement to clean the workspace, so all objects are created from scratch. If you want to avoid that, you can work directly in RStudio and use the knit button OR adapt the code in the .Rmd document.

```
library(knitr)
knit("ReportKMPunV3.Rmd")
system("pandoc -V geometry:margin=1in -o ReportKMPunV3.pdf ReportKMPunV3.md
--highlight-style=tango -S")
```

Set Libraries, environment and functions

There a set of library is required to run these simulations:

```
library(gtools) # to allow import from XLS files
library(gdata) # to allow import from XLS files
library(RHugin) # Link with the API from Hugin 7.8
library(rBeta2009) # to simulate according to a Dirichlet distribution
library(ggplot2) # to be able to make more fancy plots
library(gridExtra) #needed to make multiple plots on one sheet
library(grid)
library(reshape2)
library(plyr) # to use the function ddply for obtaining summaries in dataframes
library(stringr) # Stringr for string searches
library(knitr) #to use the reporting capabilities of knitr
library(markdown) #markdown process with knitr
library(rmarkdown)
library(pander) #to help with the printing of the tables
library(formatR) # to tidy the code if needed
library(gridGraphics) # To give flexibility to grid arrange
```

Then we need to set de appropriate directory and clean the workspace. It will typically allow for the figures to be prepared in PDF direction with the specified width and height. We also read the XLSX files that contained the parameters required for the simulations.

```

#setwd("~/Dropbox/Ka-Man PhD/Ka-Man RHugin 25.07.2017")
opts_chunk$set(comment = NA) # to remove double
opts_chunk$set(dev = 'pdf')
opts_chunk$set(fig.width = 20, fig.height = 20)

#rm(list=ls()) # to clean the workspace,
#not needed when we don't want to recompute the simulations
#and start from a saved workspace

```

We can set the parameters that will be used for the simulations.

```

set.seed(261270) # to ensure reproducible results
NumberOfSimu <- 5000 # to set the number of simulations
XtimesMore <- 5 #set the proportional amount of additional data in each node
RMPlow <- 6 #log10 of lower RMP value for partial profile
OffsetRMP =1000 #set the scaling factor
#between the RMP for partial (base) and the RMP for the higher RMP (full profile)
FontSize_1 <- 12 #FontSize for plots with all subplots
FontSize_2 <- 12 #FontSize for specific case plots
BoxColour_1 <- "#90b2ec" #Choice of colour for boxplot HEX code

# Select the outcomes that will be explored individually
# put in c() the outcome to be explored for the 2x2 plots
SelectedOutcomes <- c(2,4,6,8)

```

Import conditional probability tables in XLSX format.

```

#Loading the parameters when they are defined as XLSX tables
BackgroundParameters <- read.xls("BackgroundParameters.xlsx",
                                sheet=1, header=FALSE)
LossTempParameters <- read.xls("LossTempParameters.xlsx",
                                sheet=1, header=FALSE)
LossActivityParameters <- read.xls("LossActivityParameters.xlsx",
                                   sheet=1, header=FALSE)
LossLightParameters <- read.xls("LossLightParameters.xlsx",
                                 sheet=1, header=FALSE)
RandomVictimContactParameters <- read.xls("RandomContactVictimParameters.xlsx",
                                           sheet=1, header=FALSE)
RandomSuspectContactParameters <- read.xls("RandomContactSuspectParameters.xlsx",
                                           sheet=1, header=FALSE)
RandomAuteurContactParameters <- read.xls("RandomContactAuteurParameters.xlsx",
                                           sheet=1, header=FALSE)
TransferParameters <- read.xls("TransferParameters.xlsx",
                               sheet=1, header=FALSE)

```

We load the functions required. They are available in the file “KMPun PhD Functions v4.R”.

```
source("KMPun PhD Functions v5.R")
```

We load the relevant BN (it seems safe to do so before each run of simulations)

```
DNAinCar <- read.rhd("KMpun_BN_V2.net", type = "net",
                    password = NULL, generate.tables)

#to load the BN developed in Hugin. Must be a .net file
compile(DNAinCar) # equivalent to the compile button in Hugin
```

LRs obtained for all possibilities allowed by the BN

First we will simulate one series of cases to show the possibilities offered by the developed functions. We start with the situation where all parameters are kept as defined in the Bayesian network.

```
options(warn=-1) # to remove the warning messages from display in R
BN <- RunMultipleSimulations4(DNAinCar, NumberOfSimulations=1)
# one simulation is enough (always the same)
# with all parameters "NA", default in the function
```

```
pBN <- PlotResults4_LR(DNAinCar, BN, FontSize=FontSize_1,
                      minlog10LR=-1, maxlog10LR=9,
                      fatten_value=3, BoxColour=BoxColour_1)
do.call(grid.arrange,pBN[[1]])
```

```
do.call(grid.arrange,pBN[[2]])
```

```
do.call(grid.arrange,pBN[[3]])
```

```
do.call(grid.arrange,pBN[[4]])
```

At this point, we can double check these values with the values obtained when using the BN directly in Hugin. A table of the results shown in the graphs is provided below:

```
Tcolnames <- get.states(DNAinCar, "Resultats")
T <- as.data.frame(BN$LR)
T <- cbind(T,BN$DefProp,BN$Zone)
colnames(T) <- c(Tcolnames,"DefProp","Zone")
#to have the names of results for each outcome columns
levels(T$DefProp) <- c("H2", "H3", "H4", "H5") # to adapt the levels names
colnames(T) <- c(Tcolnames,"Proposition de la défense","Zone")

set.caption("LRs obtained for each possible result according to the choice of the defense proposition
pander(T,split.table = Inf)
```

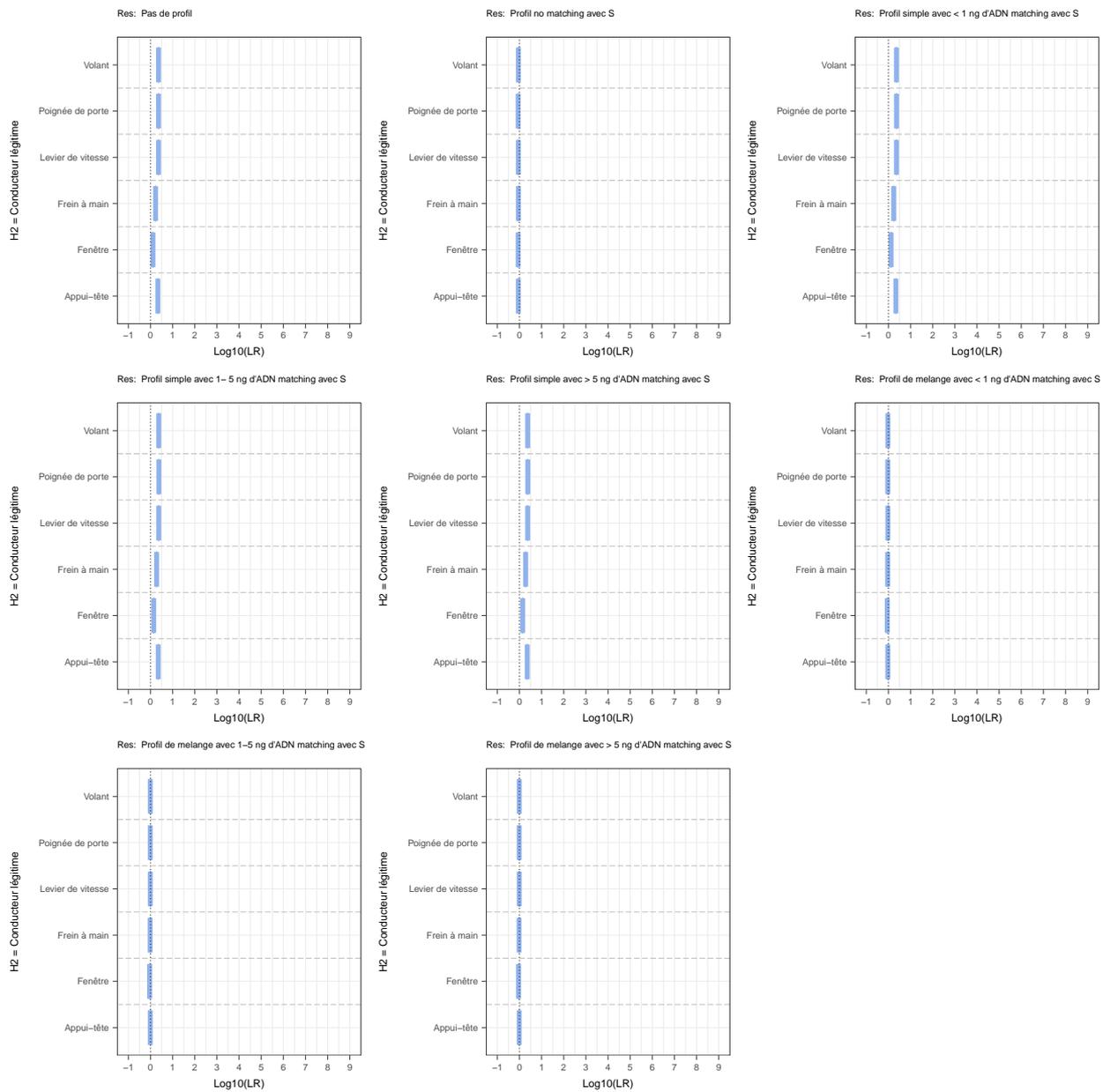


Figure 1: plot of chunk S1_Plot

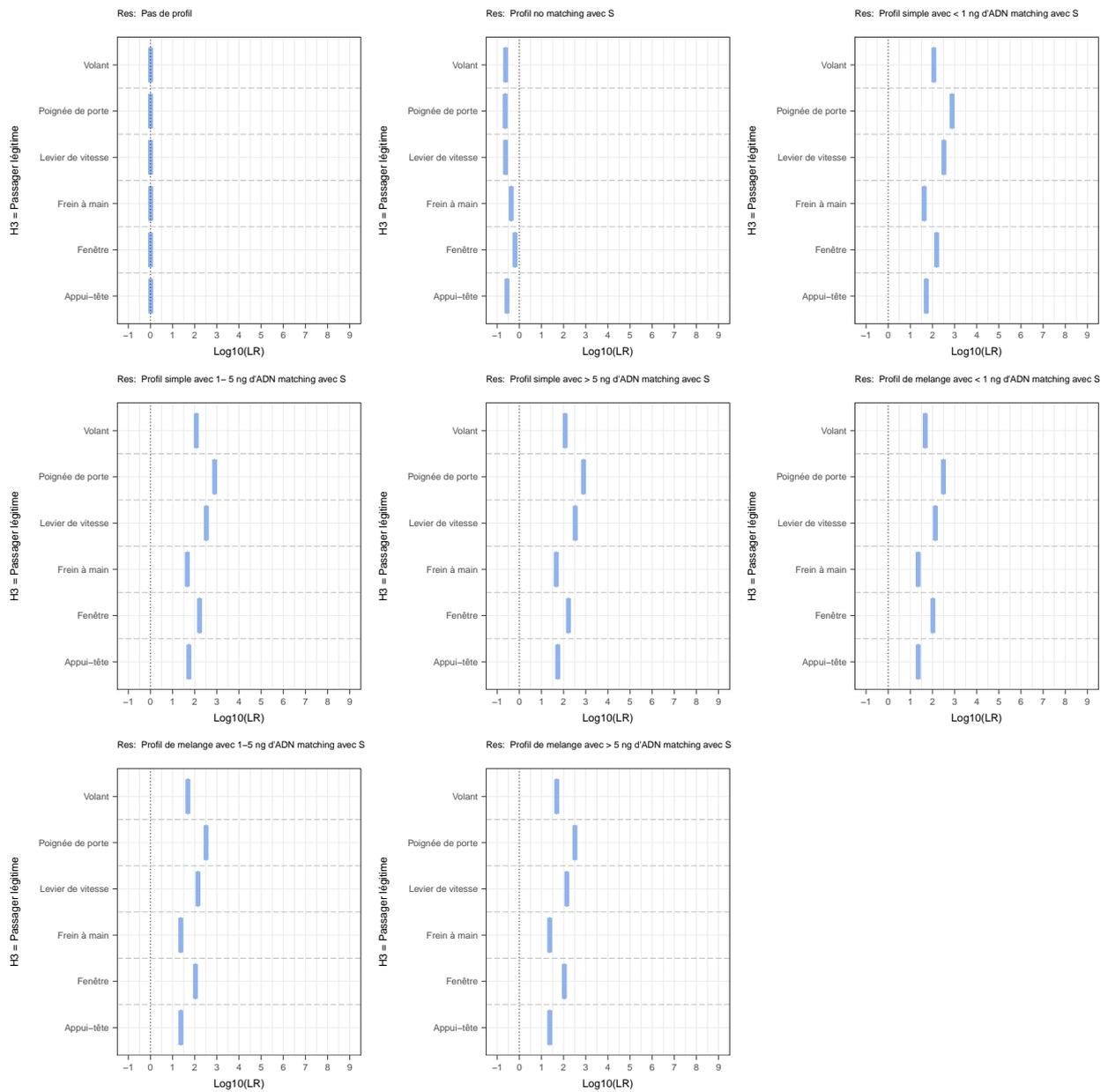


Figure 2: plot of chunk S1_Plot

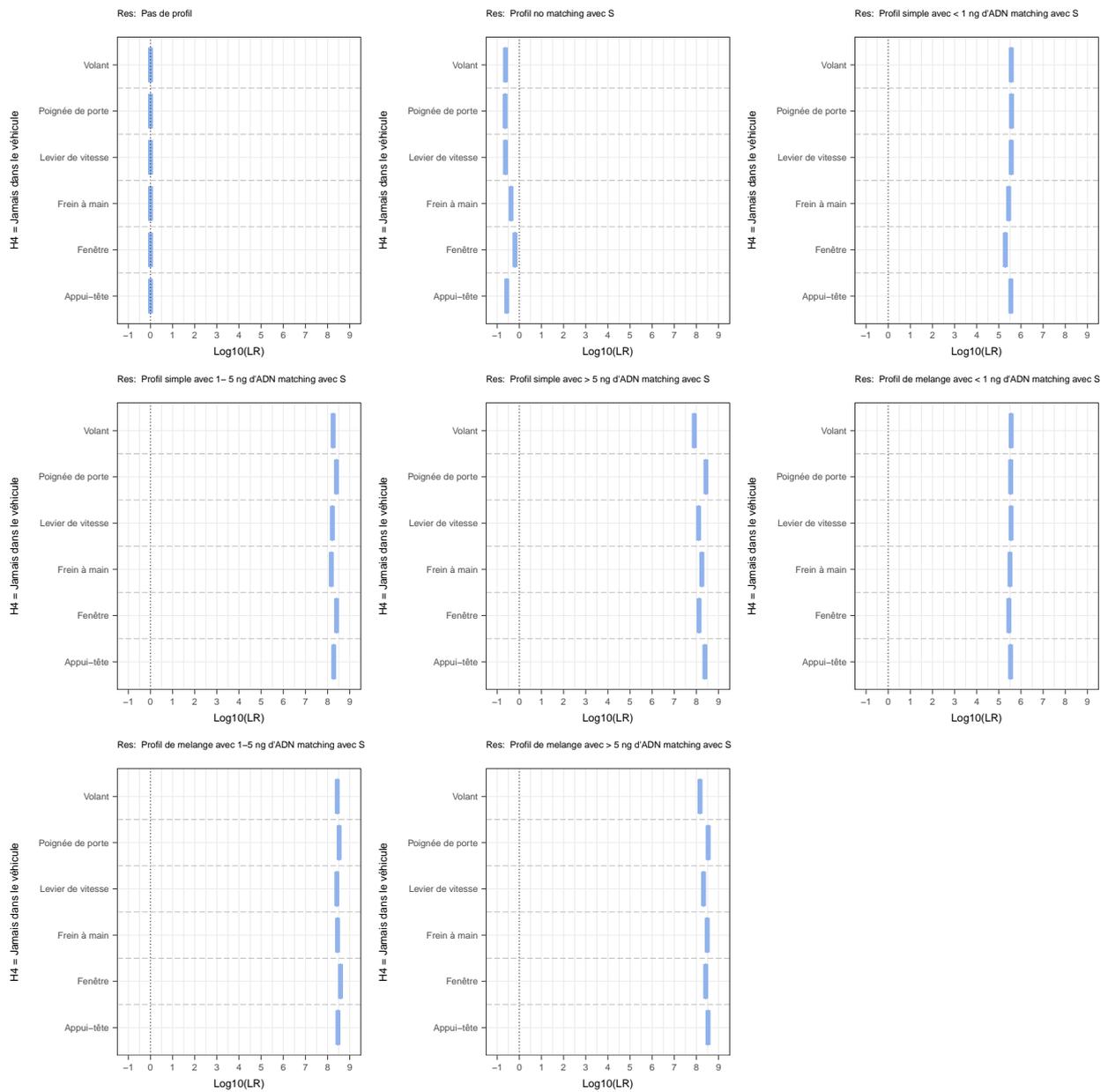


Figure 3: plot of chunk S1_Plot

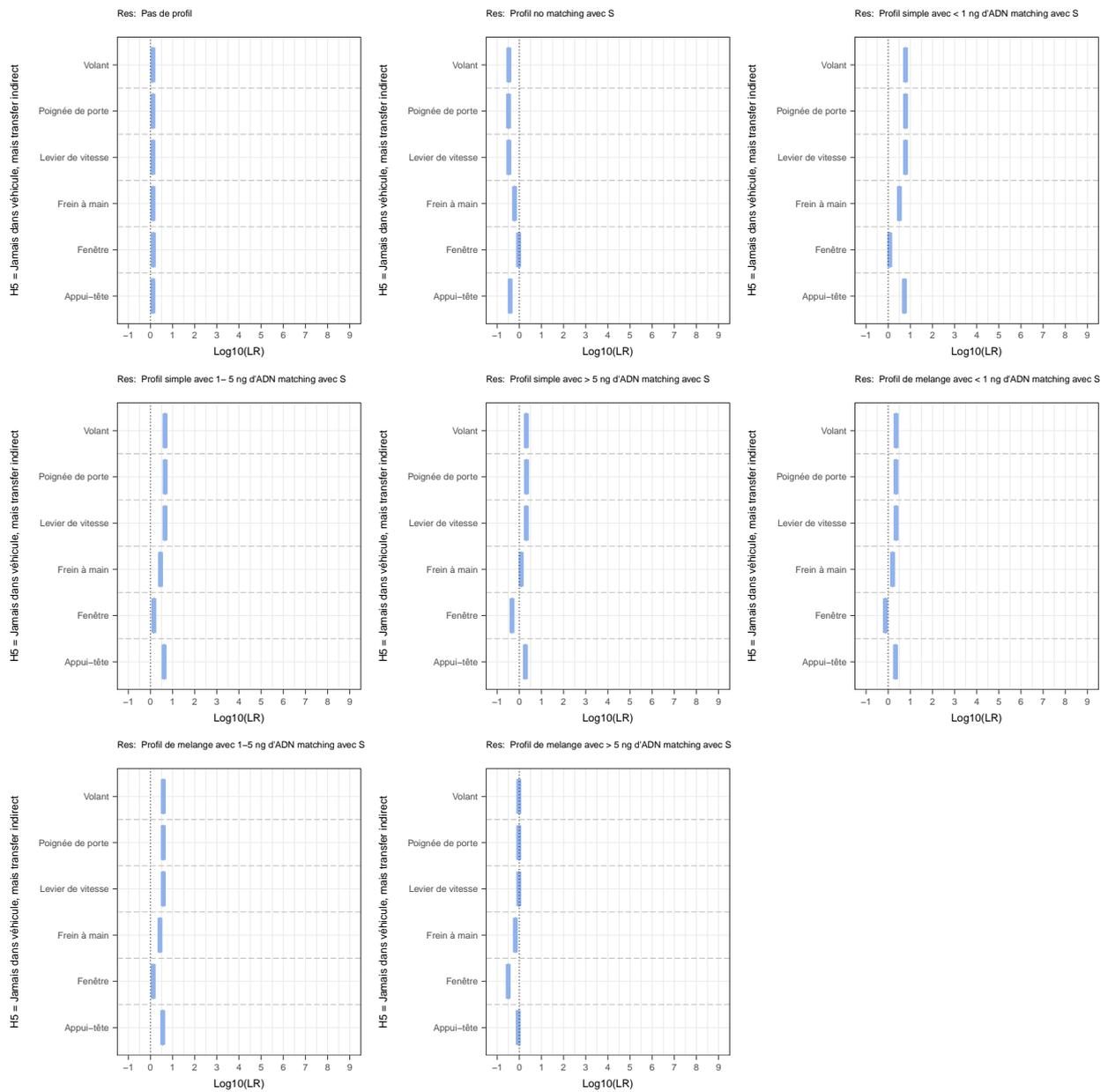


Figure 4: plot of chunk S1_Plot

Table 1: LRs obtained for each possible result according to the choice of the defense proposition and the zone considered. Defense propositions are: H2 = Conducteur légitime, H3 = Passager légitime, Hd3 = Jamais dans le véhicule, mais transfert indirect, H5 = Jamais dans le véhicule # First set of simulations resampling one node

Pas de profil	Profil no matching avec S	Profil simple avec < 1 ng d'ADN matching avec S	Profil simple avec 1- 5 ng d'ADN matching avec S	Profil simple avec > 5 ng d'ADN matching avec S	Profil de melange avec < 1 ng d'ADN matching avec S	Profil de melange avec 1-5 ng d'ADN matching avec S	Profil de melange avec > 5 ng d'ADN matching avec S	Proposition de la défense	Zone
2.141	0.8863	2.164	2.232	2.242	0.9366	0.971	0.9732	H2	Appui-tête
1.289	0.8731	1.313	1.392	1.4	0.8863	0.9094	0.9108	H2	Fenêtre
1.689	0.8937	1.732	1.882	1.904	0.9239	0.9571	0.9592	H2	Frein à main
2.293	0.8886	2.304	2.335	2.34	0.9427	0.9746	0.9767	H2	Levier de vitesse
2.293	0.8709	2.314	2.368	2.376	0.9335	0.9701	0.9725	H2	Poignée de porte
2.293	0.8892	2.305	2.338	2.343	0.9429	0.9747	0.9767	H2	Volant
1.023	0.2776	52.38	54.01	54.28	22.67	23.5	23.56	H3	Appui-tête
1.002	0.6381	154.8	164.3	165.2	104.5	107.3	107.5	H3	Fenêtre
1.017	0.4316	42.28	45.95	46.47	22.56	23.37	23.42	H3	Frein à main
1.004	0.2367	328.9	333.6	334.4	134.6	139.2	139.5	H3	Levier de vitesse
1.002	0.2302	769.6	789.2	792.1	310.9	323.4	324.2	H3	Poignée de porte
1.011	0.2392	115.2	116.9	117.2	47.14	48.73	48.84	H3	Volant

Pas de profil	Profil no matching avec S	Profil simple avec < 1 ng d'ADN matching avec S	Profil simple avec 1- 5 ng d'ADN matching avec S	Profil simple avec > 5 ng d'ADN matching avec S	Profil de melange avec < 1 ng d'ADN matching avec S	Profil de melange avec 1-5 ng d'ADN matching avec S	Profil de melange avec > 5 ng d'ADN matching avec S	Proposition de la défense	Zone
1.288	0.3851	5.366	4.096	1.875	2.135	3.565	0.8903	H5	Appui-tête
1.341	0.9257	1.175	1.417	0.4656	0.7495	1.322	0.3139	H5	Fenêtre
1.296	0.6062	3.199	2.828	1.213	1.574	2.679	0.659	H5	Frein à main
1.287	0.3359	6.055	4.519	2.071	2.278	3.774	0.9461	H5	Levier de vitesse
1.287	0.3279	6.079	4.583	2.103	2.254	3.767	0.9423	H5	Poignée de porte
1.287	0.3361	6.057	4.524	2.074	2.278	3.774	0.9462	H5	Volant
1	0.2697	347387	188736395	240668203	336975	292565427	333844222	H4	Appui-tête
1	0.6367	194910	2.53e+08	130793394	282308	381421566	261463298	H4	Fenêtre
1	0.4223	276210	147371588	175484399	317853	281170482	306800711	H4	Frein à main
1	0.2355	363416	163869481	124838788	355059	261338085	208260825	H4	Levier de vitesse
1	0.2296	371835	250203924	267214494	342076	331124452	338425497	H4	Poignée de porte
1	0.2356	364072	1.78e+08	79623360	358746	272781857	1.45e+08	H4	Volant

We can simulate cases introducing only the variations on the match probability (MP1 and the associated MP2 (by the offset factor)). Note that if you want to evaluate the chunk, you need to set `eval=TRUE`.

```
options(warn=-1) # to remove the warning messages from display in R
```

```
#Note that it is when you introduce a value for
```

```
#Log10RMPlow that resampling occurs for the RMP
```

```
RMP <- RunMultipleSimulations4(DNAinCar, NumberOfSimulations=NumberOfSimu,  
                               Log10RMPlow= 6)
```

```
pRMP <- PlotResults4_LR(DNAinCar, RMP, FontSize=FontSize_1,  
                        minlog10LR=-1, maxlog10LR=15,BoxColour=BoxColour_1)  
do.call(grid.arrange,pRMP[[1]])
```

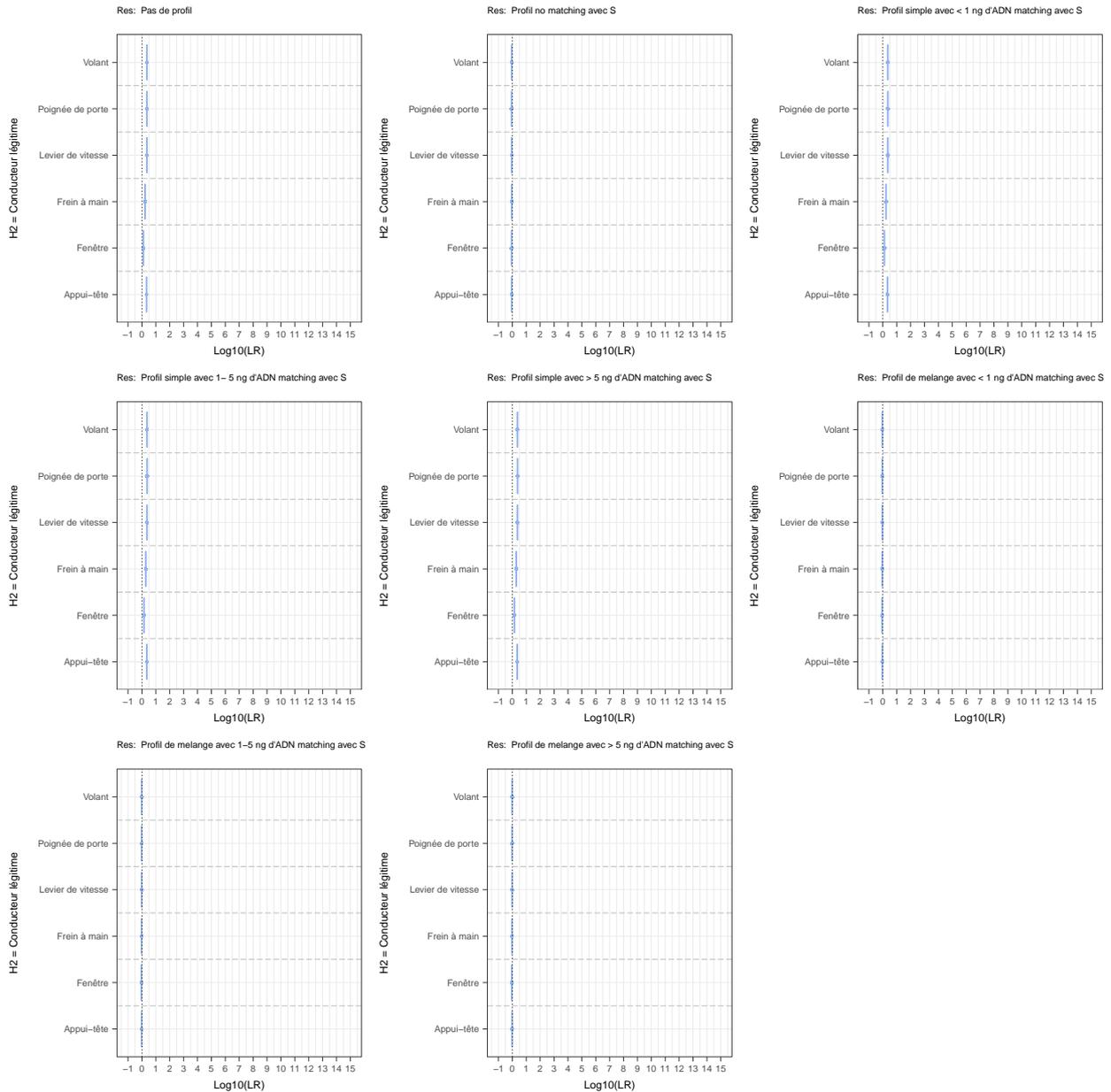


Figure 5: plot of chunk PlotS1_RMP

```
do.call(grid.arrange,pRMP[[2]])
```

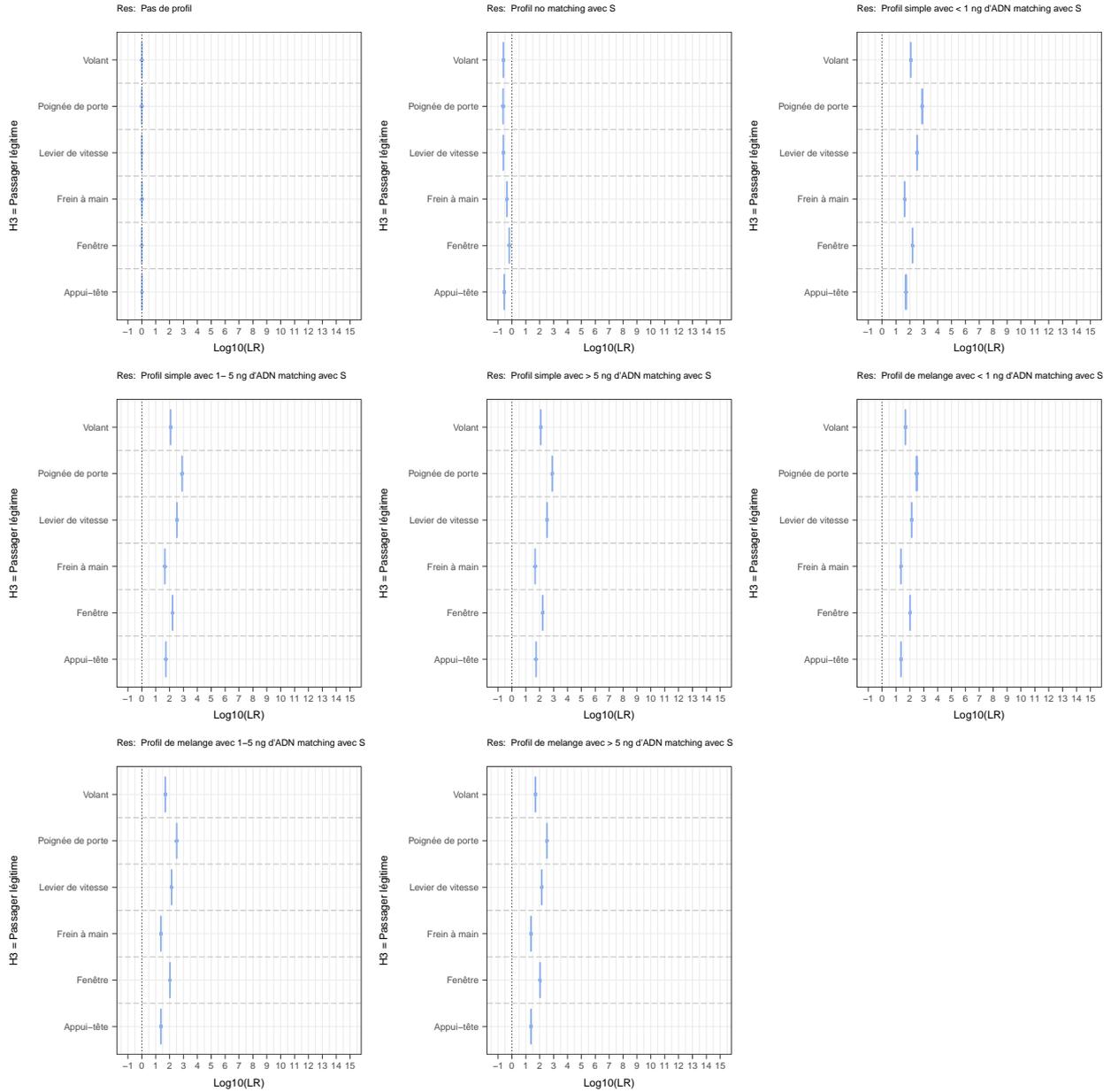


Figure 6: plot of chunk PlotS1_RMP

```
do.call(grid.arrange,pRMP[[3]])
```

```
do.call(grid.arrange,pRMP[[4]])
```

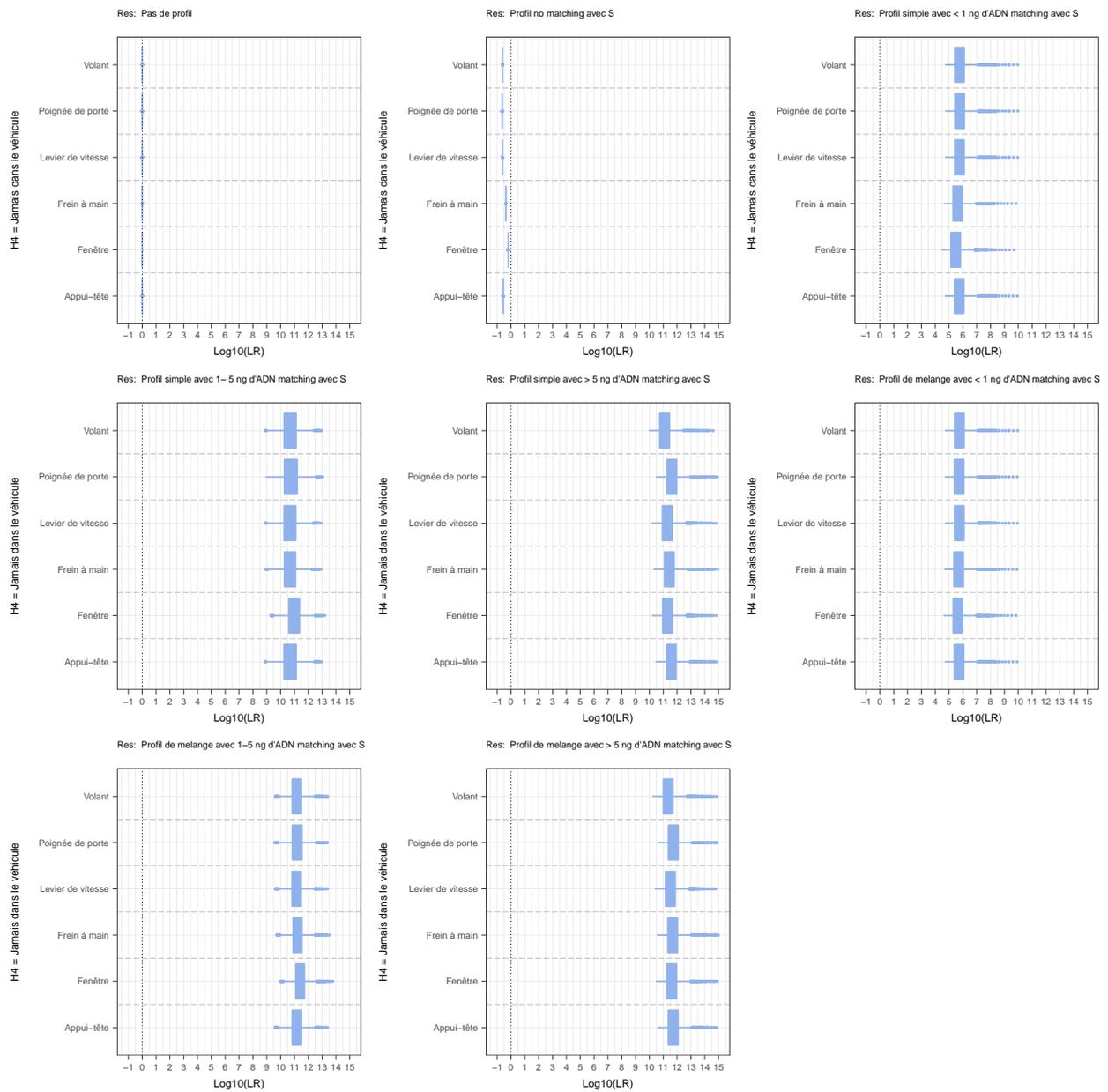


Figure 7: plot of chunk PlotS1_RMP

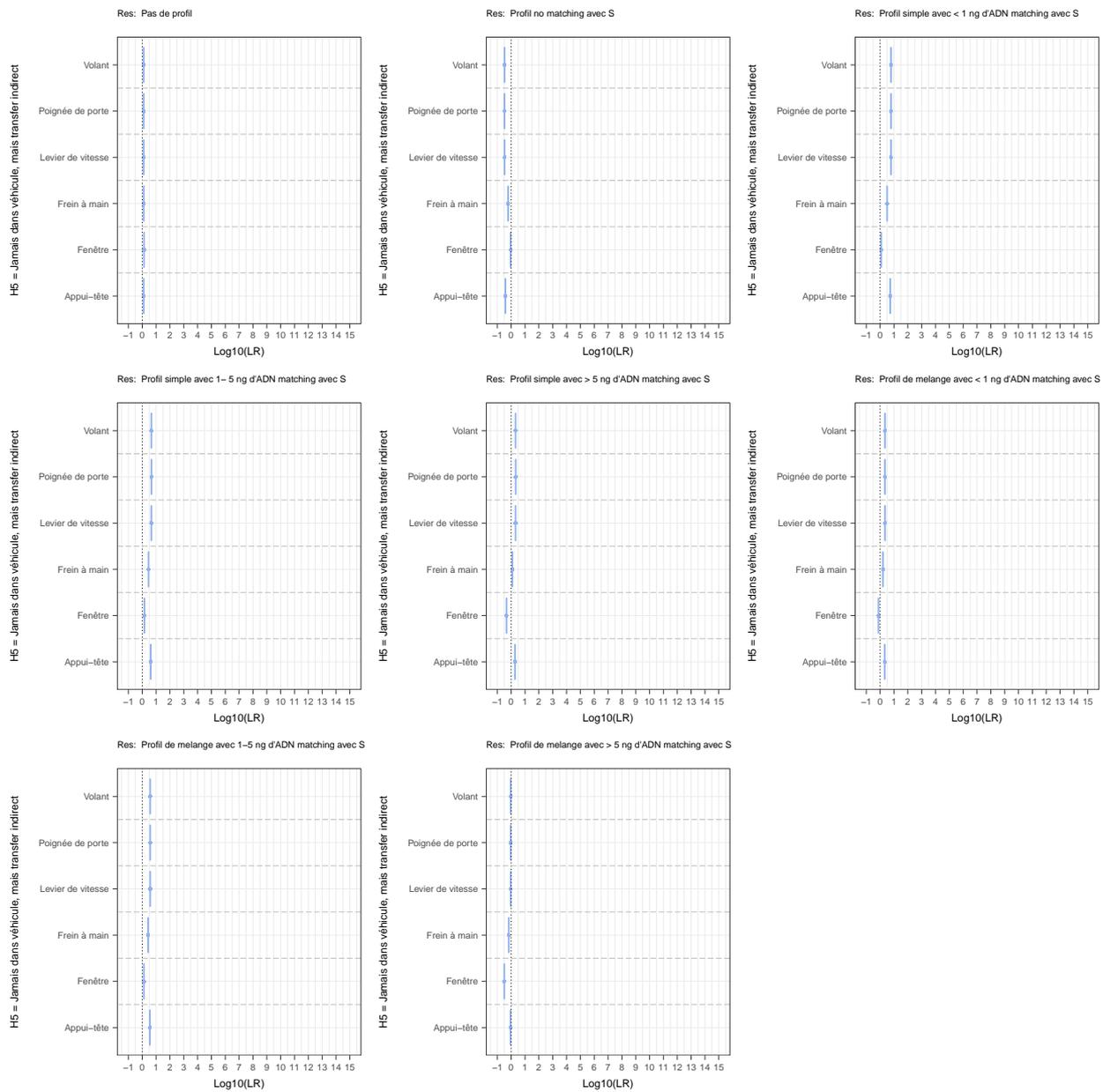


Figure 8: plot of chunk PlotS1_RMP

First set of simulations resampling for more than one node

Now we can simulate a series of scenarios adding one node each time (as before with RMP).

```
C <- RunMultipleSimulations4(DNAinCar, ContaminationParameters=c(2,1000))
Q <- RunMultipleSimulations4(DNAinCar, QualityParameters=c(2,50))
T <- RunMultipleSimulations4(DNAinCar, TransferParameters=TransferParameters)
B <- RunMultipleSimulations4(DNAinCar, NumberOfSimulations=NumberOfSimu,
                             BackgroundParameters=BackgroundParameters)
RC <- RunMultipleSimulations4(DNAinCar,
                              RandomVictimContactParameters=RandomVictimContactParameters,
                              RandomAuteurContactParameters=RandomAuteurContactParameters,
                              RandomSuspectContactParameters=RandomSuspectContactParameters)
P <- RunMultipleSimulations4(DNAinCar,
                              LossActivityParameters=LossActivityParameters,
                              LossLightParameters=LossLightParameters,
                              LossTempParameters=LossTempParameters)
# with all parameters accounted for
All <- RunMultipleSimulations4(DNAinCar, Log10RMPlow= 6,
                              ContaminationParameters=c(2,1000),
                              QualityParameters=c(2,50),
                              TransferParameters=TransferParameters,
                              BackgroundParameters=BackgroundParameters,
                              RandomVictimContactParameters=RandomVictimContactParameters,
                              RandomAuteurContactParameters=RandomAuteurContactParameters,
                              RandomSuspectContactParameters=RandomSuspectContactParameters,
                              LossActivityParameters=LossActivityParameters,
                              LossLightParameters=LossLightParameters,
                              LossTempParameters=LossTempParameters)
```

```
pAll <- PlotResults4_LR(DNAinCar, All, FontSize=FontSize_1, minlog10LR=-1, maxlog10LR=15,BoxColour=Box
do.call(grid.arrange,pAll[[1]])
```

```
do.call(grid.arrange,pAll[[2]])
```

```
do.call(grid.arrange,pAll[[3]])
```

```
do.call(grid.arrange,pAll[[4]])
```

The dataframe that will summarize the results is obtained as follows:

```
ResultsSimulations1 <- CompileResultsFromSetsOfSimulation(DNAinCar,
                                                           DatasetsNames= c("BN","RMP","C","Q",
                                                                    "T", "B", "RC", "P","All"))
```

Error in data.frame(Data\$LR, Data\$DefProp, Data\$MP1, Data\$Zone): arguments imply differing number of r

The data associated with these results can be visualised as shown below, first the effects on the interquadratile range IQR and then on the Median of the LR.

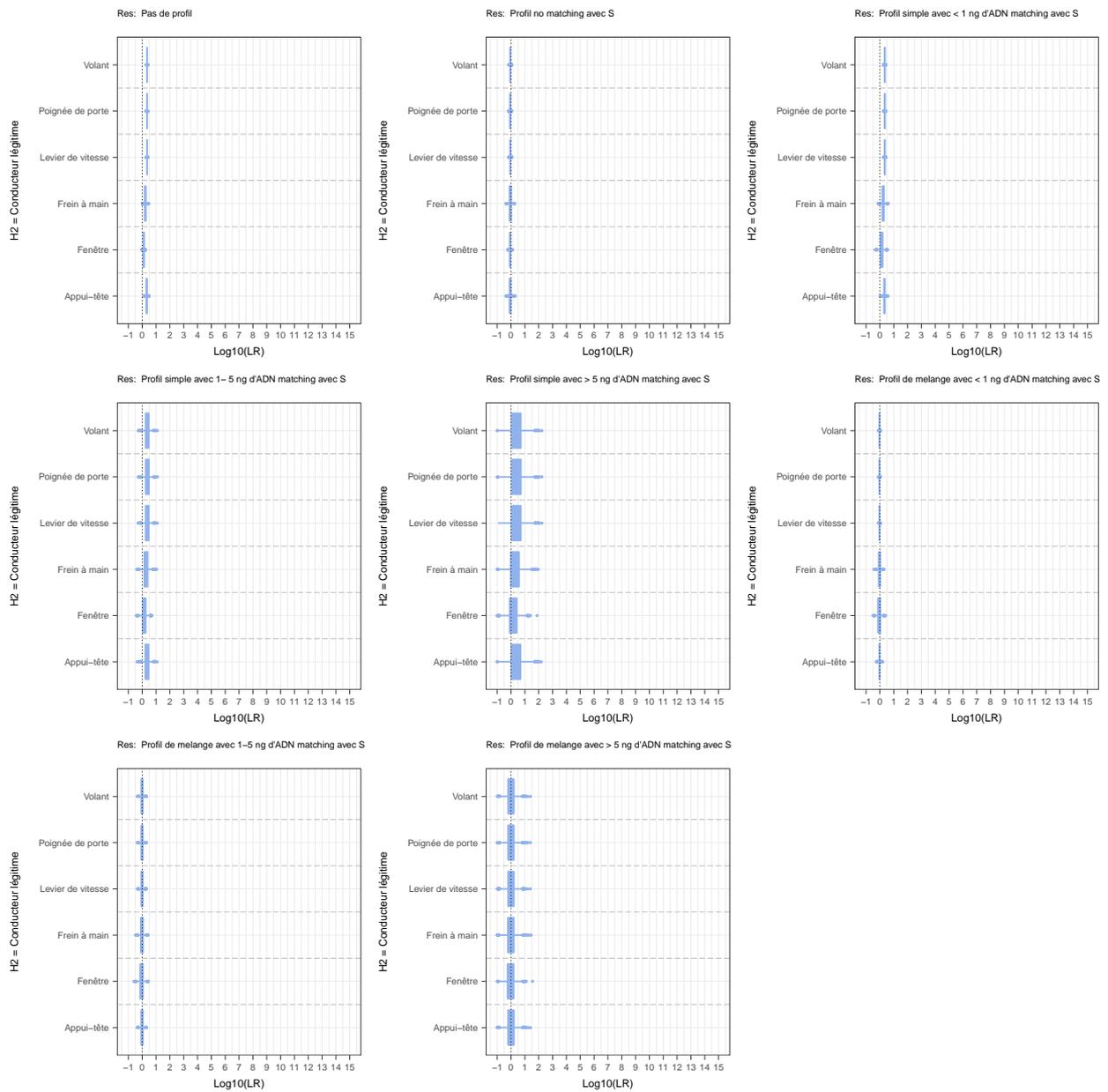


Figure 9: plot of chunk PlotAll

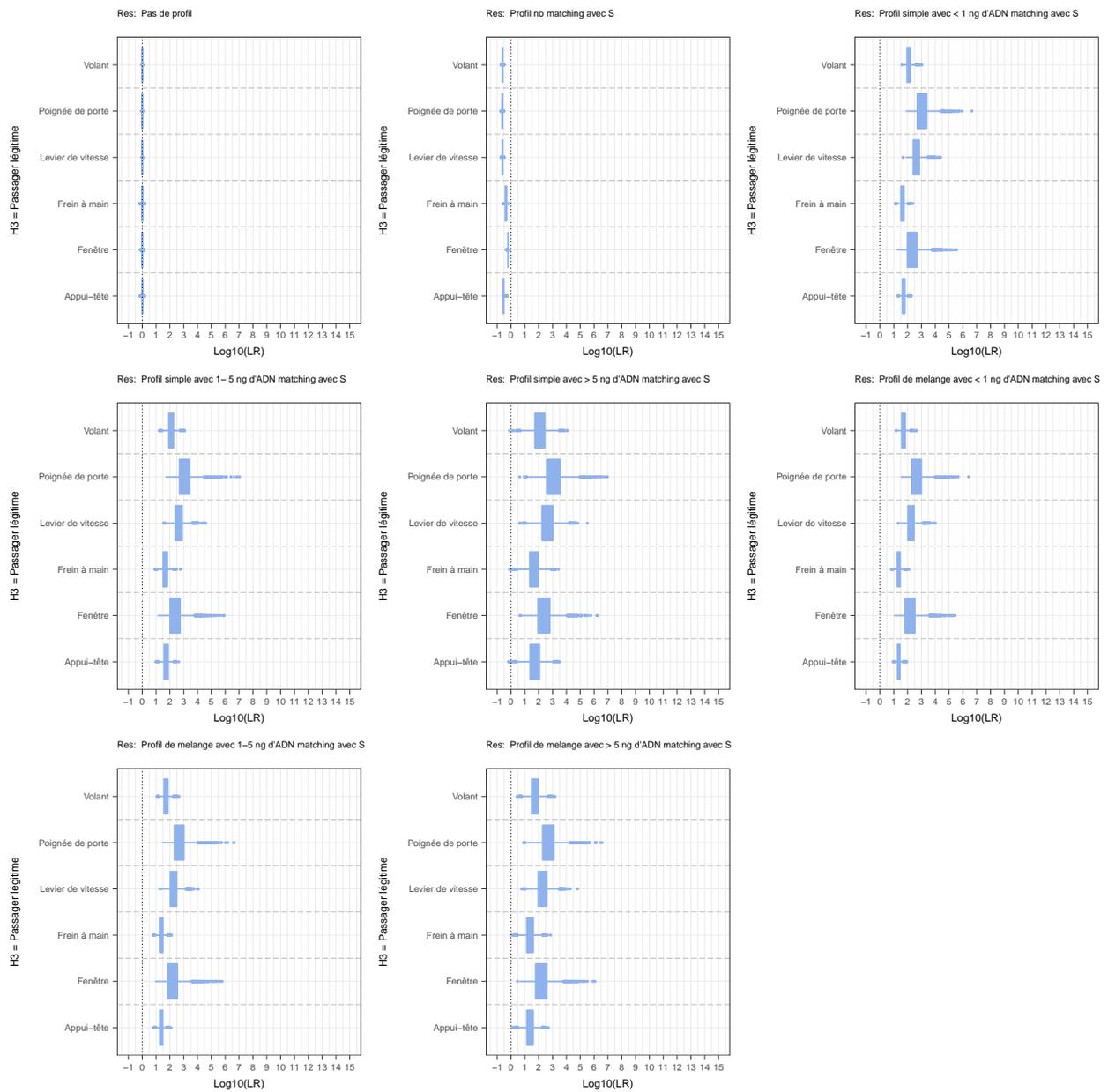


Figure 10: plot of chunk PlotAll

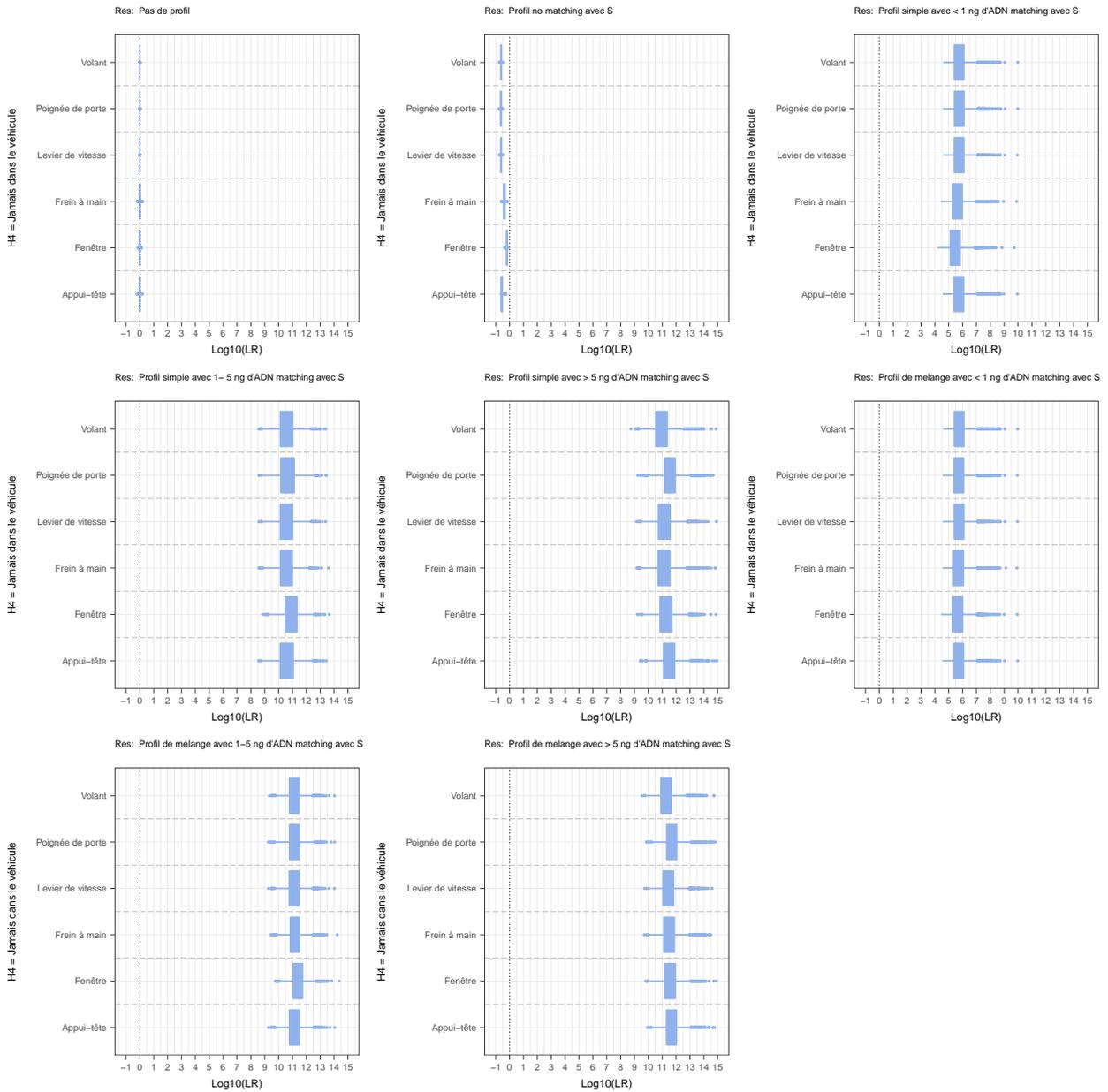


Figure 11: plot of chunk PlotAll

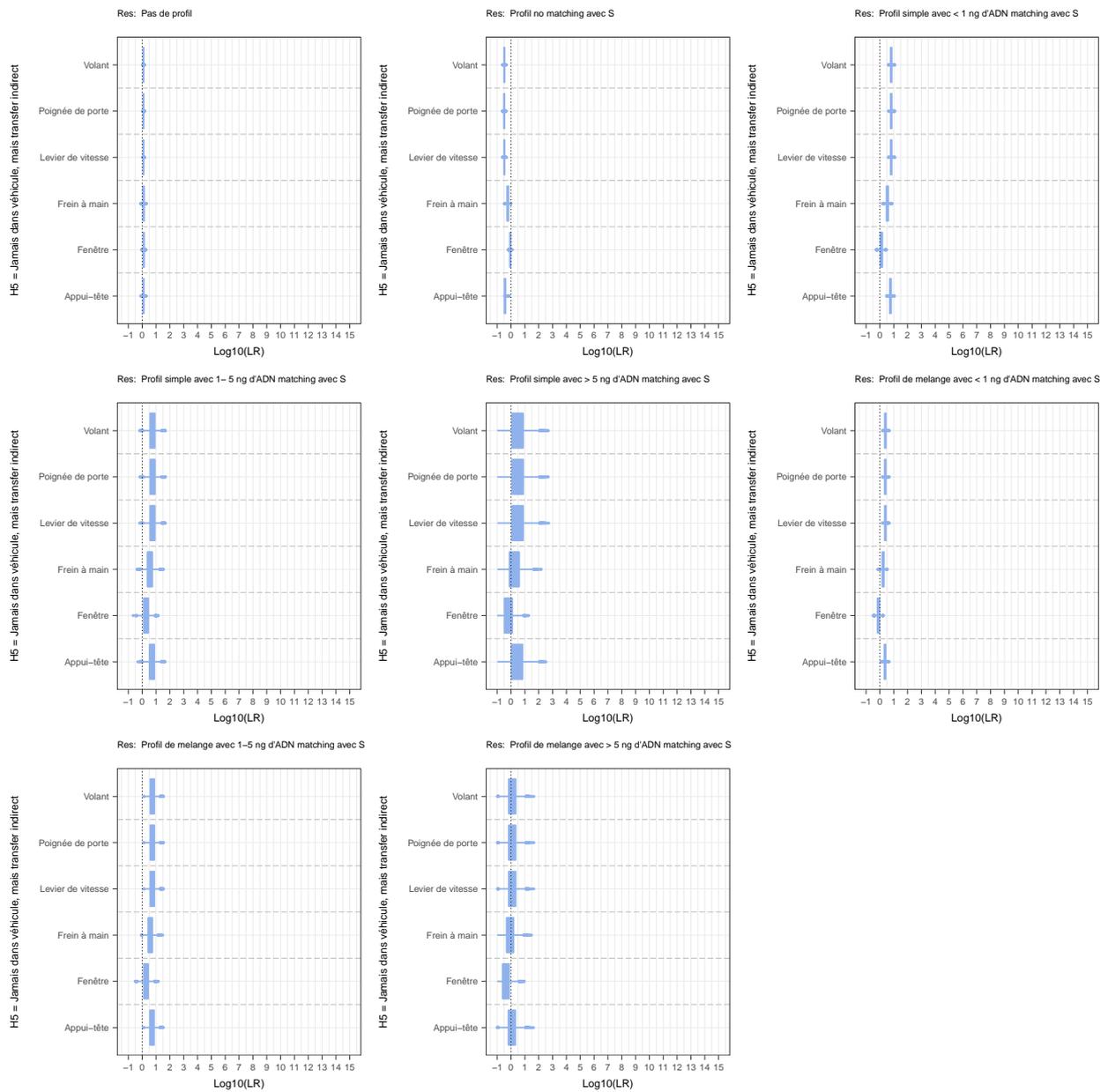


Figure 12: plot of chunk PlotAll

```
pS1_IQR <- PlotResults4_SummaryStat_IQR(DNAinCar,
  ResultsSimulations1, FontSize=FontSize_1)
```

```
do.call(grid.arrange,pS1_IQR)
```

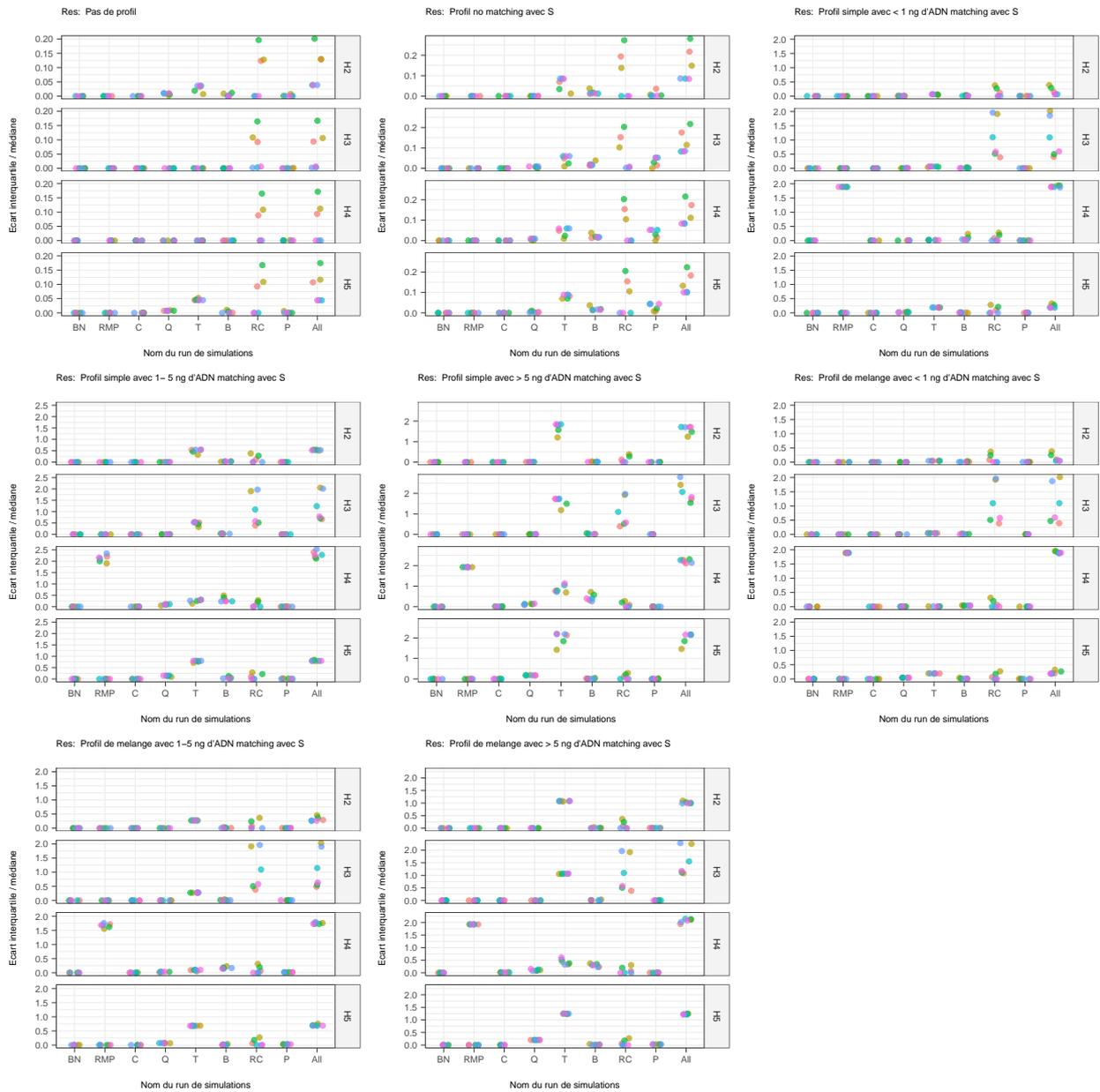


Figure 13: plot of chunk Plot_Results_S1_IQR

Then we can explore the effect on the median of the LR itself. In fact there is no effect as expected.

```
pS1_median <- PlotResults4_SummaryStat_median(DNAinCar,
  ResultsSimulations1, FontSize=FontSize_1)
```

```
do.call(grid.arrange,pS1_median)
```

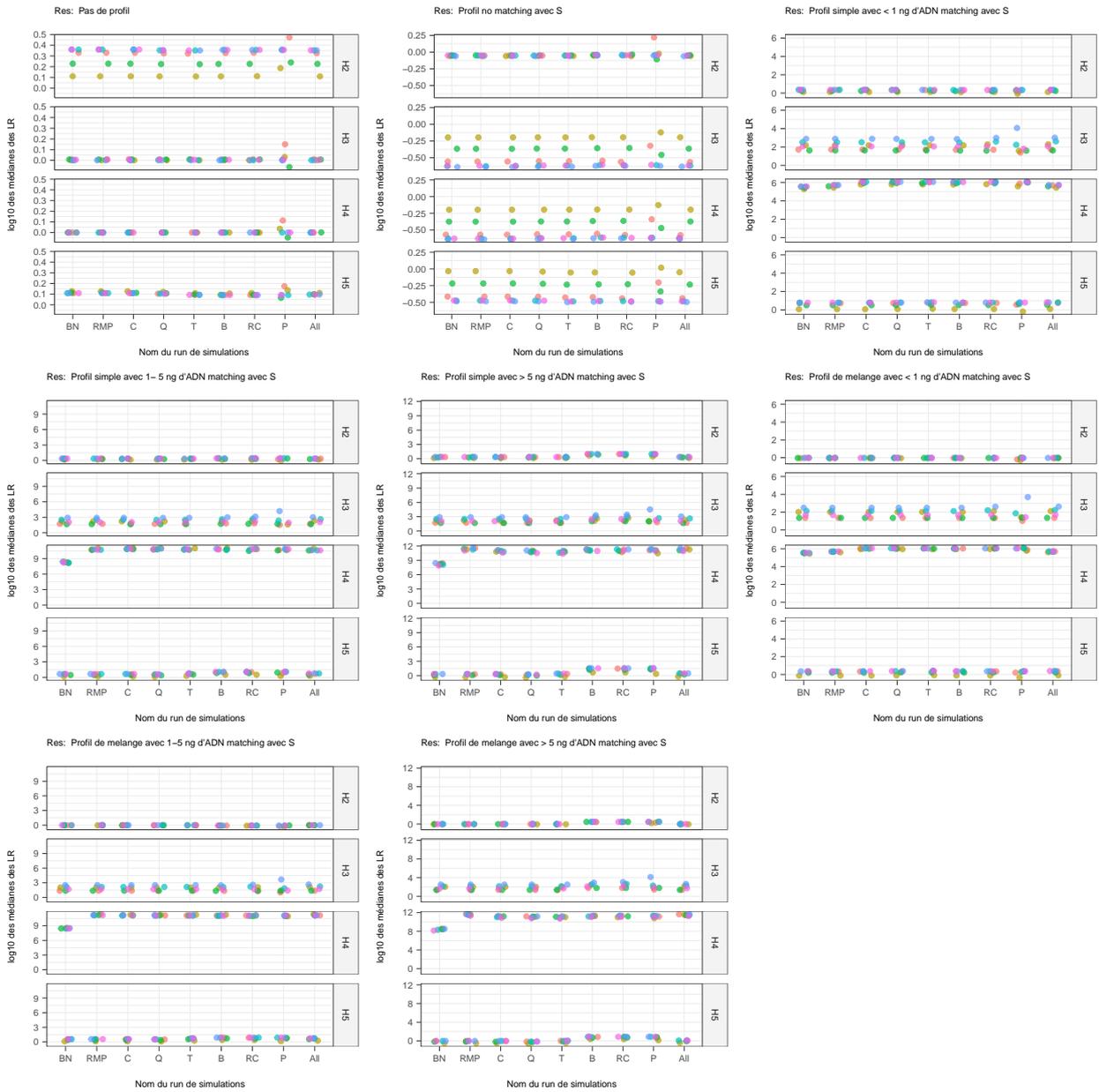


Figure 14: plot of chunk Plot_Results_S1_median

From IQR above, the nodes with the most impact are: background, random contacts and transfer. Now we simulate a series of scenarios adding only these nodes.

```
MP <- RunMultipleSimulations4(DNAinCar, Log10RMPlow= 6)
T <- RunMultipleSimulations4(DNAinCar, TransferParameters=TransferParameters)
B <- RunMultipleSimulations4(DNAinCar, BackgroundParameters=BackgroundParameters)
VC <- RunMultipleSimulations4(DNAinCar,
                             RandomVictimContactParameters=RandomVictimContactParameters)
XC <- RunMultipleSimulations4(DNAinCar,
                             RandomAuteurContactParameters=RandomAuteurContactParameters)
SC <- RunMultipleSimulations4(DNAinCar,
                             RandomSuspectContactParameters=RandomSuspectContactParameters)

# with all parameters accounted for
All <- RunMultipleSimulations4(DNAinCar, Log10RMPlow= 6,
                              ContaminationParameters=c(2,1000),
                              QualityParameters=c(2,50),
                              TransferParameters=TransferParameters,
                              BackgroundParameters=BackgroundParameters,
                              RandomVictimContactParameters=RandomVictimContactParameters,
                              RandomAuteurContactParameters=RandomAuteurContactParameters,
                              RandomSuspectContactParameters=RandomSuspectContactParameters,
                              LossActivityParameters=LossActivityParameters,
                              LossLightParameters=LossLightParameters,
                              LossTempParameters=LossTempParameters)
```

The dataframe that will summarize the results is obtained as follows:

```
ResultsSimulations1.1 <- CompileResultsFromSetsOfSimulation(DNAinCar,
                                                           DatasetsNames= c("BN", "MP", "T", "B",
                                                                 "VC", "XC", "SC", "All"))
```

Error in data.frame(Data\$LR, Data\$DefProp, Data\$MP1, Data\$Zone): arguments imply differing number of r

The data associated with these results can be visualised as shown below, first the effects on the interquadratile range IQR and then on the Median of the LR.

```
pS1.1_IQR <- PlotResults4_SummaryStat_IQR(DNAinCar,
                                         ResultsSimulations1.1,
                                         FontSize=FontSize_1)

do.call(grid.arrange,pS1.1_IQR)
```

Then we can explore the effect on the median of the LR itself. In fact there is no effect as expected.

```
pS1.1_median <- PlotResults4_SummaryStat_median(DNAinCar,
                                                ResultsSimulations1.1,
                                                FontSize=FontSize_1)

do.call(grid.arrange,pS1.1_median)
```

Where do we invest in terms of acquisition of data? From IQR above, it is wise to invest on Transfer, Background and RandomContact. We simulate with them in turn (All is now our initial stage, called BN2).

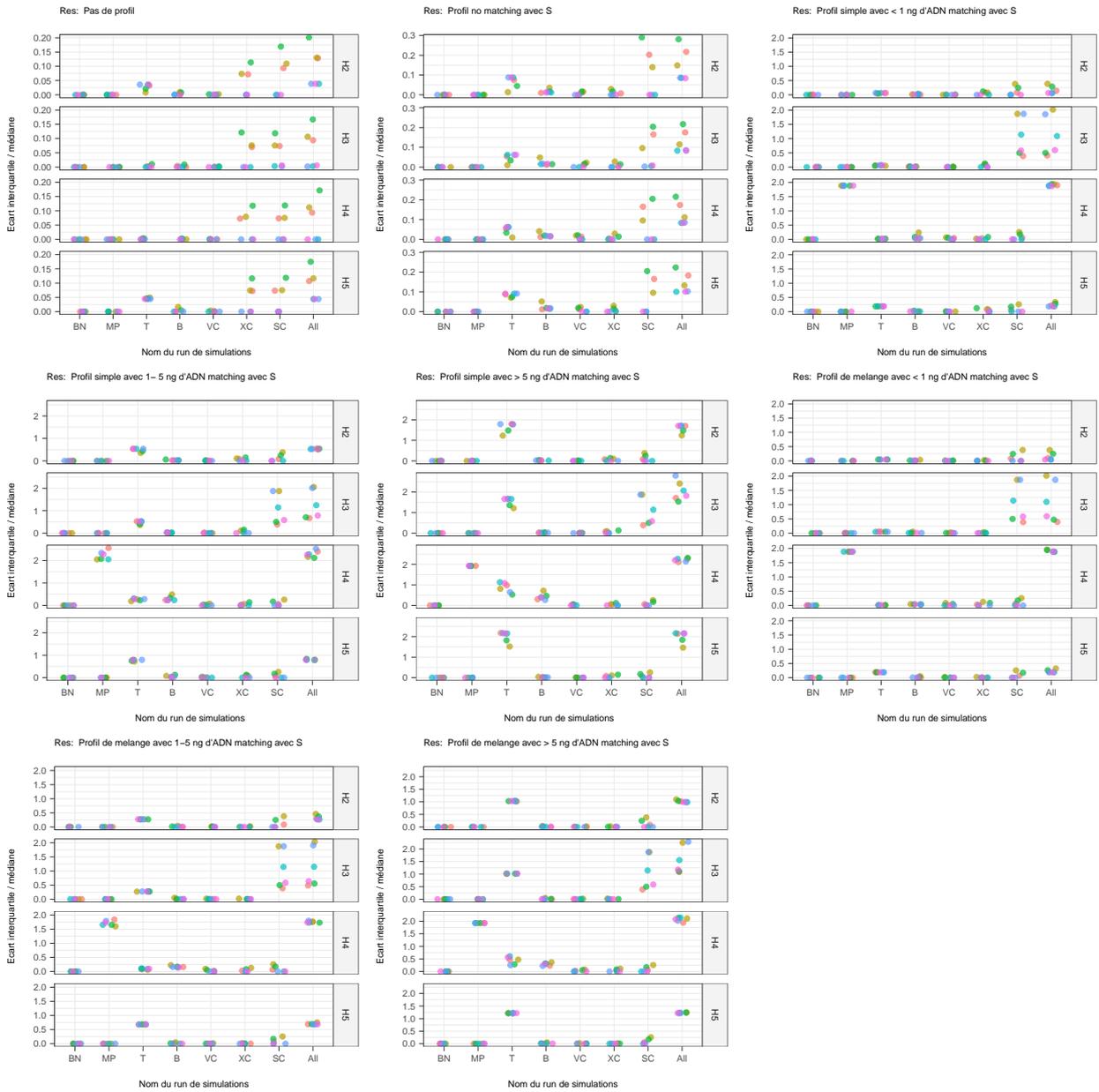


Figure 15: plot of chunk Plot_Results_S1_1_IQR

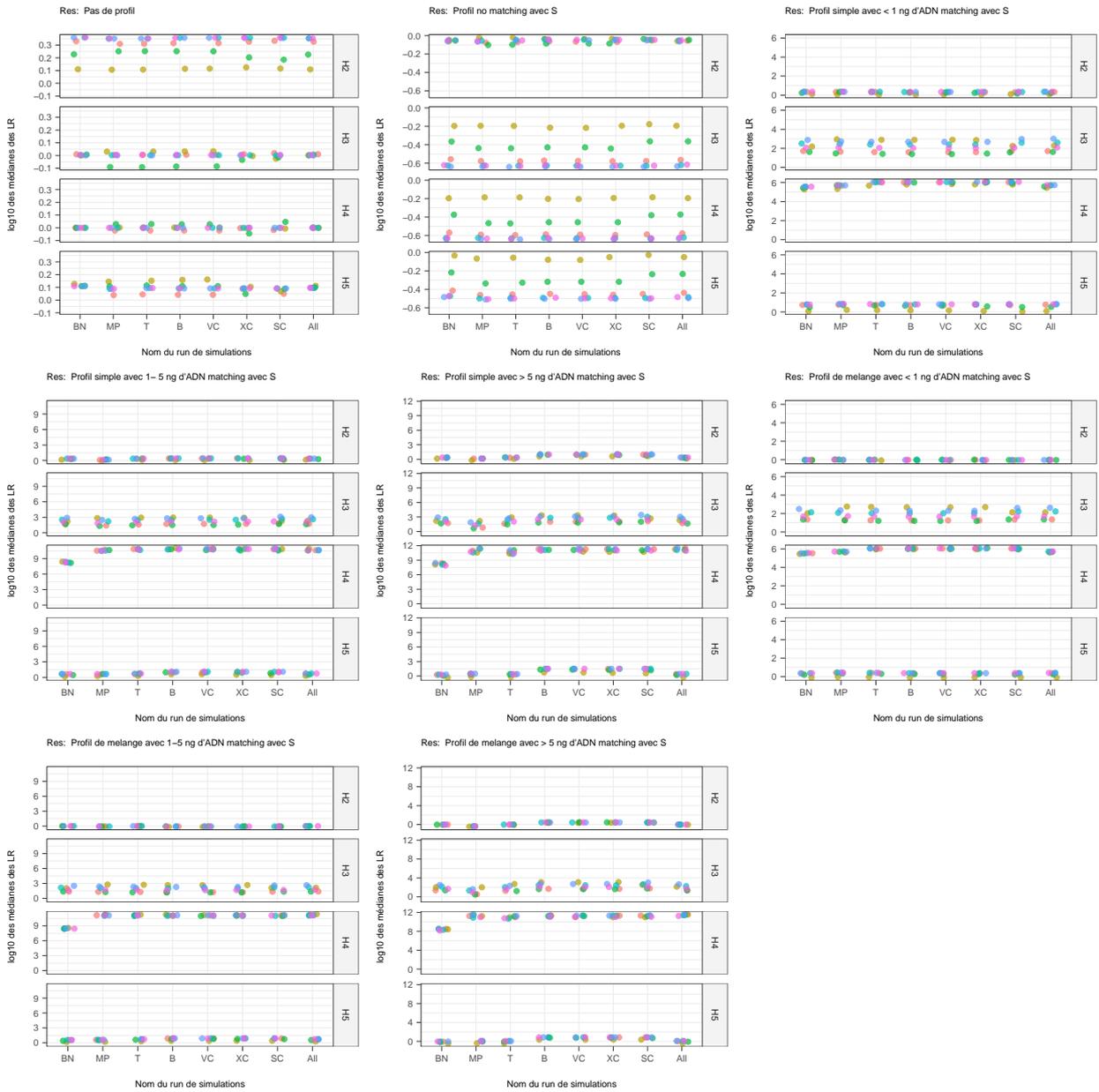


Figure 16: plot of chunk Plot_Results_S1_1_median

By investment in data, we mean to increase the number of datapoint behind considered node by a factor of 1000. When the parameters are not $c(1,0,0)$ we can simply multiply by a factor of 10. Otherwise, we change the XLSX file accordingly.

```

TransferParameters2 <- cbind(TransferParameters[,1]*XtimesMore,TransferParameters[,2],
                             TransferParameters[,3]*XtimesMore,TransferParameters[,4],
                             TransferParameters[,5]*XtimesMore,TransferParameters[,6],
                             TransferParameters[,7]*XtimesMore,TransferParameters[,8],
                             TransferParameters[,9]*XtimesMore,TransferParameters[,10],
                             TransferParameters[,11]*XtimesMore,TransferParameters[,12],
                             TransferParameters[,13:17]*XtimesMore,TransferParameters[,18],
                             TransferParameters[,19]*XtimesMore,TransferParameters[,20])

colnames(TransferParameters2) <- colnames(TransferParameters)

RandomAuteurContactParameters2 <- cbind(RandomAuteurContactParameters[,1:6],
                                         RandomAuteurContactParameters[,7:9]*XtimesMore,
                                         RandomAuteurContactParameters[,10:12],
                                         RandomAuteurContactParameters[,13:15]*XtimesMore,
                                         RandomAuteurContactParameters[,16:18],
                                         RandomAuteurContactParameters[,19:21]*XtimesMore,
                                         RandomAuteurContactParameters[,22:24],
                                         RandomAuteurContactParameters[,25:27]*XtimesMore,
                                         RandomAuteurContactParameters[,27:30])

colnames(RandomAuteurContactParameters2) <- colnames(RandomAuteurContactParameters)

RandomSuspectContactParameters2 <- cbind(RandomSuspectContactParameters[,1:3]*XtimesMore,
                                         RandomSuspectContactParameters[,4:6],
                                         RandomSuspectContactParameters[,7:9]*XtimesMore,
                                         RandomSuspectContactParameters[,10:12],
                                         RandomSuspectContactParameters[,13:18]*XtimesMore)

colnames(RandomSuspectContactParameters2) <- colnames(RandomSuspectContactParameters)

RandomVictimContactParameters2 <- RandomVictimContactParameters*XtimesMore

BN2 <- All
T_1000 <- RunMultipleSimulations4(DNAinCar, Log10RMPlow= 6,
                                 ContaminationParameters=c(2,1000),
                                 QualityParameters=c(2,50),
                                 TransferParameters=TransferParameters2,
                                 BackgroundParameters=BackgroundParameters,
                                 RandomVictimContactParameters=RandomVictimContactParameters,
                                 RandomAuteurContactParameters=RandomAuteurContactParameters,
                                 RandomSuspectContactParameters=RandomSuspectContactParameters,
                                 LossActivityParameters=LossActivityParameters,
                                 LossLightParameters=LossLightParameters,
                                 LossTempParameters=LossTempParameters)
B_1000 <- RunMultipleSimulations4(DNAinCar,Log10RMPlow= 6,
                                 ContaminationParameters=c(2,1000),
                                 QualityParameters=c(2,50),
                                 TransferParameters=TransferParameters,
                                 BackgroundParameters=XtimesMore*BackgroundParameters,

```

```

RandomVictimContactParameters=RandomVictimContactParameters,
RandomAuteurContactParameters=RandomAuteurContactParameters,
RandomSuspectContactParameters=RandomSuspectContactParameters,
LossActivityParameters=LossActivityParameters,
LossLightParameters=LossLightParameters,
LossTempParameters=LossTempParameters)
XC_1000 <- RunMultipleSimulations4(DNAinCar,Log10RMPlow= 6,
ContaminationParameters=c(2,1000),
QualityParameters=c(2,50),
TransferParameters=TransferParameters,
BackgroundParameters=BackgroundParameters,
RandomVictimContactParameters=RandomVictimContactParameters,
RandomAuteurContactParameters=RandomAuteurContactParameters2,
RandomSuspectContactParameters=RandomSuspectContactParameters,
LossActivityParameters=LossActivityParameters,
LossLightParameters=LossLightParameters,
LossTempParameters=LossTempParameters)
SC_1000 <- RunMultipleSimulations4(DNAinCar,Log10RMPlow= 6,
ContaminationParameters=c(2,1000),
QualityParameters=c(2,50),
TransferParameters=TransferParameters,
BackgroundParameters=BackgroundParameters,
RandomVictimContactParameters=RandomVictimContactParameters,
RandomAuteurContactParameters=RandomAuteurContactParameters,
RandomSuspectContactParameters=RandomSuspectContactParameters2,
LossActivityParameters=LossActivityParameters,
LossLightParameters=LossLightParameters,
LossTempParameters=LossTempParameters)
VC_1000 <- RunMultipleSimulations4(DNAinCar,Log10RMPlow= 6,
ContaminationParameters=c(2,1000),
QualityParameters=c(2,50),
TransferParameters=TransferParameters,
BackgroundParameters=BackgroundParameters,
RandomVictimContactParameters=RandomVictimContactParameters2,
RandomAuteurContactParameters=RandomAuteurContactParameters,
RandomSuspectContactParameters=RandomSuspectContactParameters,
LossActivityParameters=LossActivityParameters,
LossLightParameters=LossLightParameters,
LossTempParameters=LossTempParameters)
TBRC_1000 <- RunMultipleSimulations4(DNAinCar,Log10RMPlow= 6,
ContaminationParameters=c(2,1000),
QualityParameters=c(2,50),
TransferParameters=TransferParameters2,
BackgroundParameters=XtimesMore*BackgroundParameters,
RandomVictimContactParameters=RandomVictimContactParameters2,
RandomAuteurContactParameters=RandomAuteurContactParameters2,
RandomSuspectContactParameters=RandomSuspectContactParameters2,
LossActivityParameters=LossActivityParameters,
LossLightParameters=LossLightParameters,
LossTempParameters=LossTempParameters)

```

We compile the results associated with all these simulations.

```
ResultsSimulations2 <- CompileResultsFromSetsOfSimulation(DNAinCar,
  DatasetsNames= c("BN2", "T_1000", "B_1000",
    "VC_1000", "SC_1000", "XC_1000", "TBRC_1000"))
```

The data associated with these results can be visualised as shown below, first the effects on the interquadratile range IQR

```
pS2_IQR <- PlotResults4_SummaryStat_IQR(DNAinCar,
  ResultsSimulations2, FontSize=FontSize_1)

do.call(grid.arrange, pS2_IQR)
```

The median of the LR do not move significantly.

```
pS2_median <- PlotResults4_SummaryStat_median(DNAinCar,
  ResultsSimulations2, FontSize=FontSize_1)

do.call(grid.arrange, pS2_median)
```

Instead of investing on Transfer, Background and RandomContact, what if we just invest on increasing the selectivity of the profiles (by reducing the MP), keeping the rest constant.

```
RMP6 <- RunMultipleSimulations4(DNAinCar,
  Log1ORMPlow= 6,
  ContaminationParameters=c(2,1000),
  QualityParameters=c(2,50),
  TransferParameters=TransferParameters,
  BackgroundParameters=BackgroundParameters,
  RandomVictimContactParameters=RandomVictimContactParameters,
  RandomAuteurContactParameters=RandomAuteurContactParameters,
  RandomSuspectContactParameters=RandomSuspectContactParameters,
  LossActivityParameters=LossActivityParameters,
  LossLightParameters=LossLightParameters,
  LossTempParameters=LossTempParameters)

RMP7 <- RunMultipleSimulations4(DNAinCar,
  Log1ORMPlow= 7,
  ContaminationParameters=c(2,1000),
  QualityParameters=c(2,50),
  TransferParameters=TransferParameters,
  BackgroundParameters=BackgroundParameters,
  RandomVictimContactParameters=RandomVictimContactParameters,
  RandomAuteurContactParameters=RandomAuteurContactParameters,
  RandomSuspectContactParameters=RandomSuspectContactParameters,
  LossActivityParameters=LossActivityParameters,
  LossLightParameters=LossLightParameters,
  LossTempParameters=LossTempParameters)

RMP8 <- RunMultipleSimulations4(DNAinCar,
  Log1ORMPlow= 8,
  ContaminationParameters=c(2,1000),
  QualityParameters=c(2,50),
  TransferParameters=TransferParameters,
  BackgroundParameters=BackgroundParameters,
```

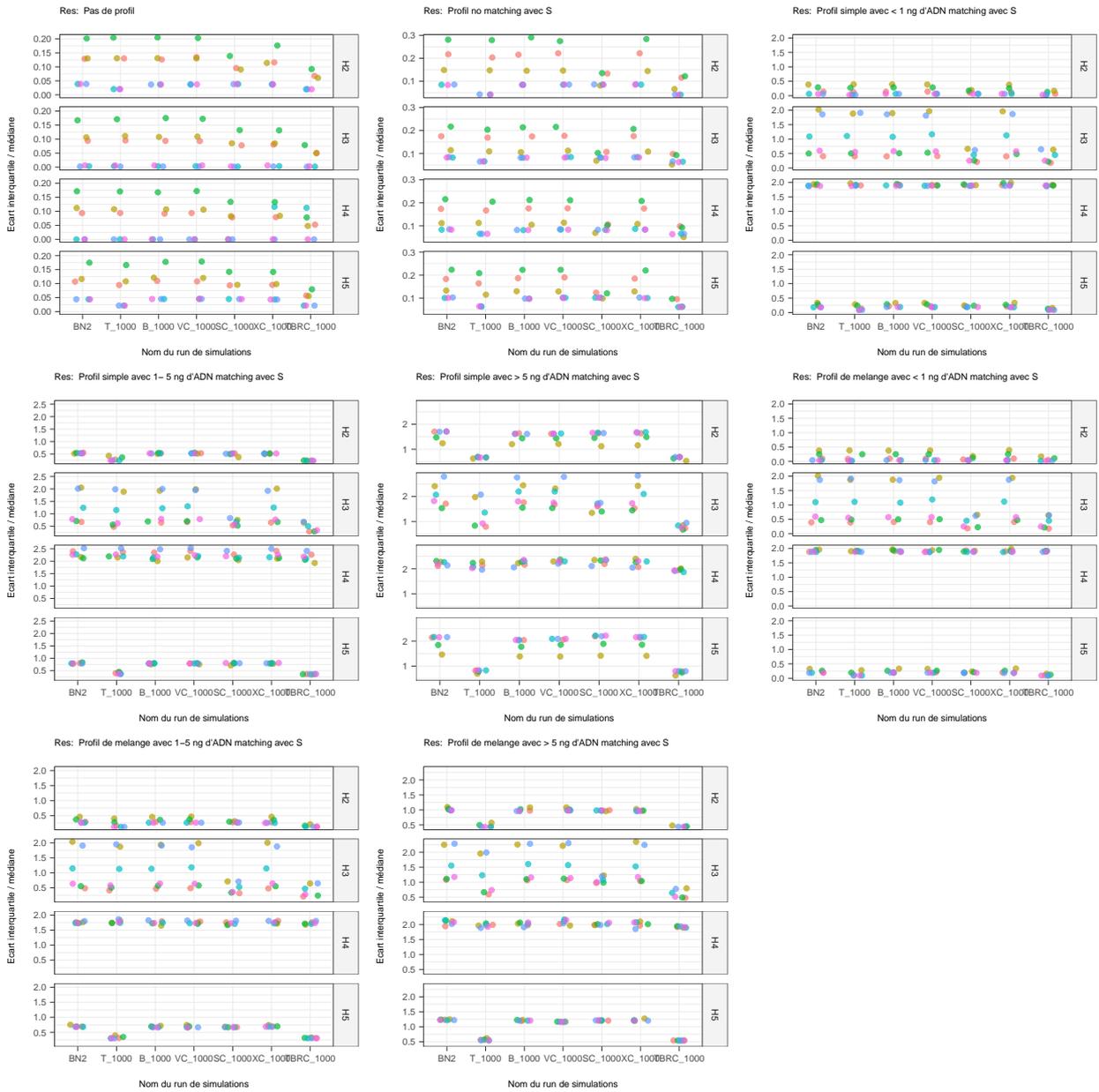


Figure 17: plot of chunk Plot_Results_S2_IQR

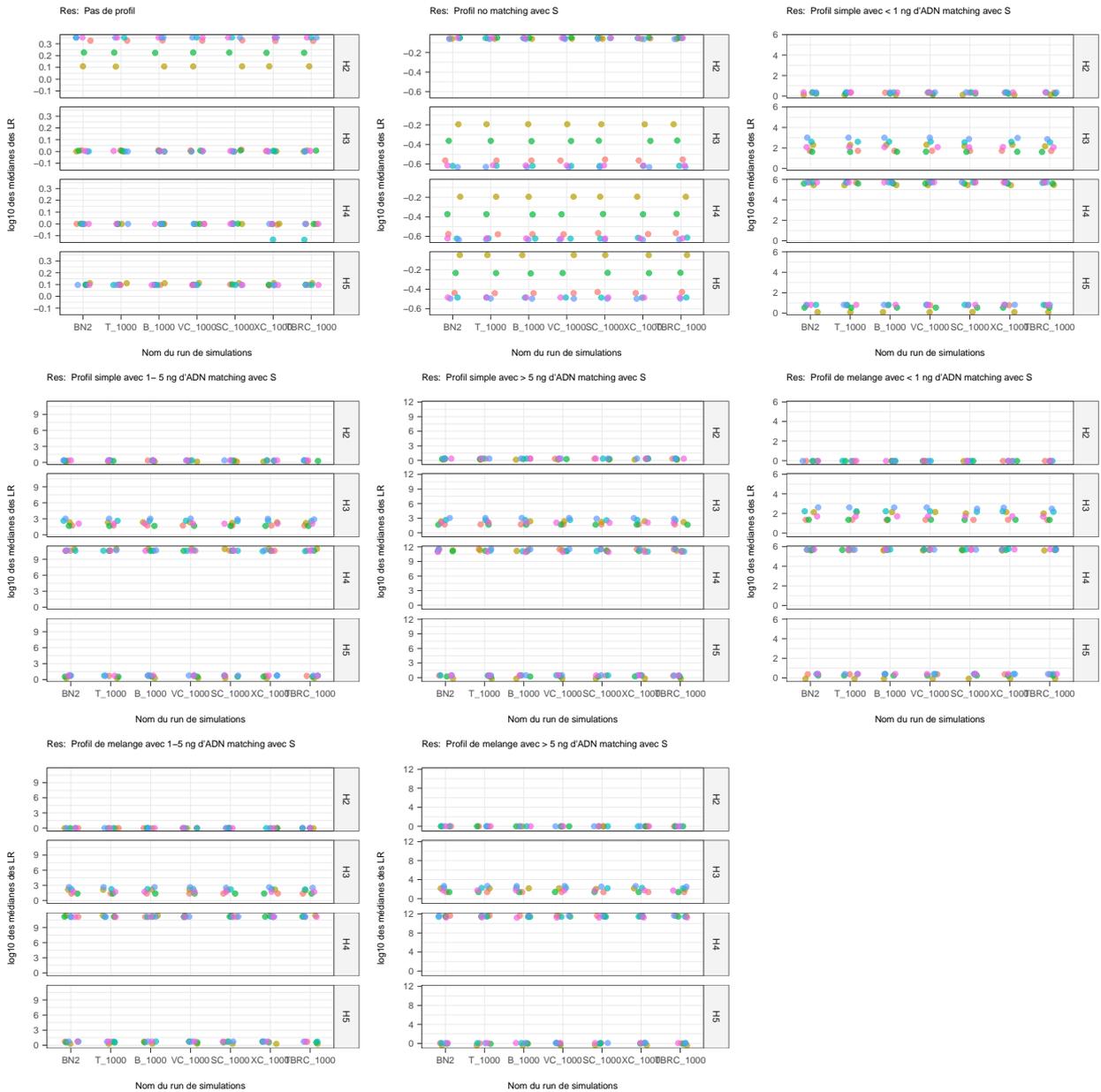


Figure 18: plot of chunk Plot_Results_S2_median

```

RandomVictimContactParameters=RandomVictimContactParameters,
RandomAuteurContactParameters=RandomAuteurContactParameters,
RandomSuspectContactParameters=RandomSuspectContactParameters,
LossActivityParameters=LossActivityParameters,
LossLightParameters=LossLightParameters,
LossTempParameters=LossTempParameters)
RMP9 <- RunMultipleSimulations4(DNAinCar,
  Log1ORMPlow= 9,
  ContaminationParameters=c(2,1000),
  QualityParameters=c(2,50),
  TransferParameters=TransferParameters,
  BackgroundParameters=BackgroundParameters,
  RandomVictimContactParameters=RandomVictimContactParameters,
  RandomAuteurContactParameters=RandomAuteurContactParameters,
  RandomSuspectContactParameters=RandomSuspectContactParameters,
  LossActivityParameters=LossActivityParameters,
  LossLightParameters=LossLightParameters,
  LossTempParameters=LossTempParameters)
RMP10 <- RunMultipleSimulations4(DNAinCar,
  Log1ORMPlow= 10,
  ContaminationParameters=c(2,1000),
  QualityParameters=c(2,50),
  TransferParameters=TransferParameters,
  BackgroundParameters=BackgroundParameters,
  RandomVictimContactParameters=RandomVictimContactParameters,
  RandomAuteurContactParameters=RandomAuteurContactParameters,
  RandomSuspectContactParameters=RandomSuspectContactParameters,
  LossActivityParameters=LossActivityParameters,
  LossLightParameters=LossLightParameters,
  LossTempParameters=LossTempParameters)

```

We compile the results associated with all these simulations

```

ResultsSimulations3 <- CompileResultsFromSetsOfSimulation(DNAinCar,
  DatasetsNames= c("RMP6", "RMP7",
                   "RMP8", "RMP9", "RMP10"))

```

The data associated with these results can be visualised as shown below, first the effects on the interquadratile range IQR

```

pS3_IQR <- PlotResults4_SummaryStat_IQR(DNAinCar,
  ResultsSimulations3, FontSize=FontSize_1)
do.call(grid.arrange,pS3_IQR)

```

The median of the LR do not move significantly.

```

pS3_median <- PlotResults4_SummaryStat_median(DNAinCar,
  ResultsSimulations3, FontSize=FontSize_1)
do.call(grid.arrange,pS3_median)

```

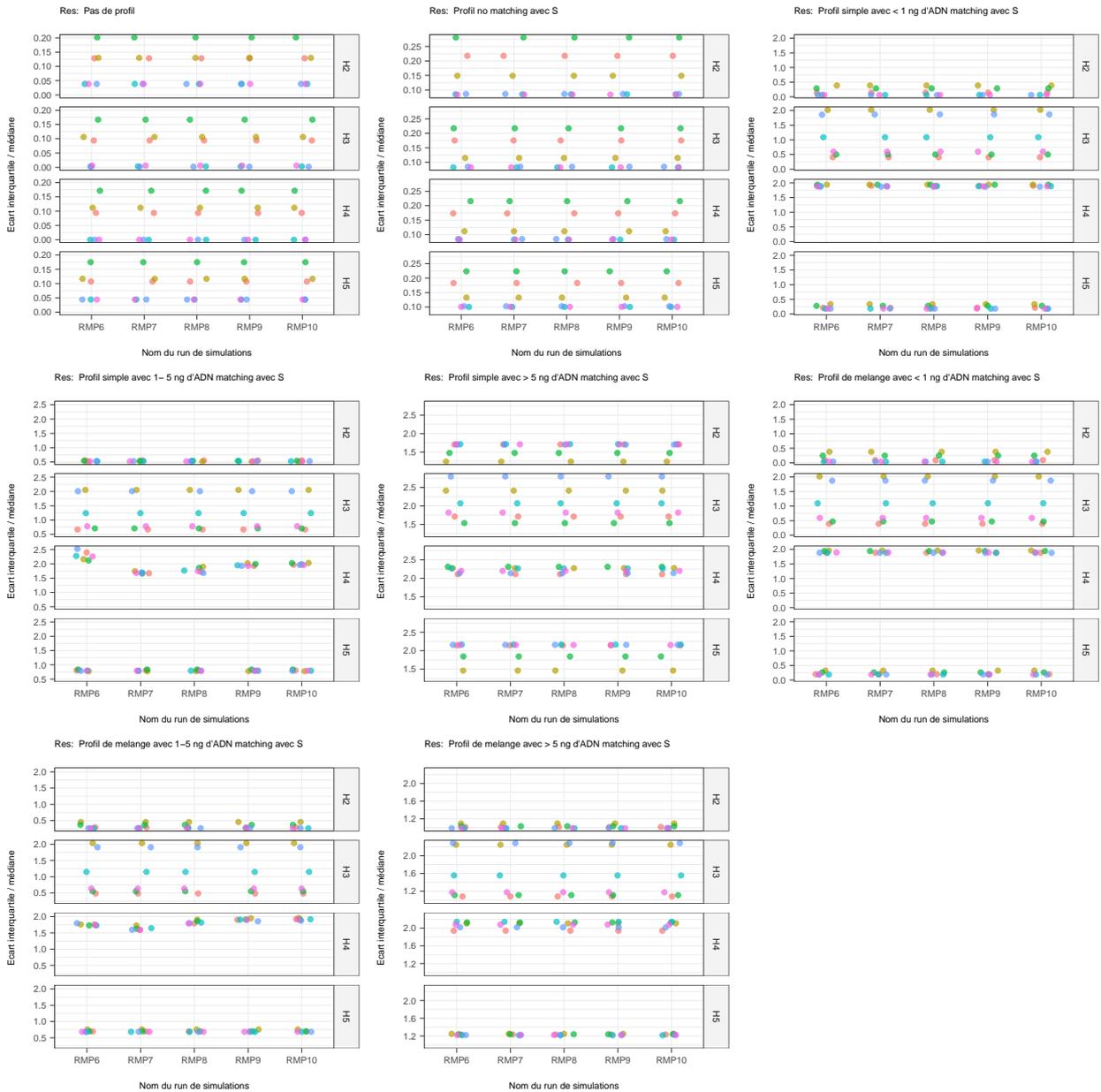


Figure 19: plot of chunk Plot_Results_S3_IQR

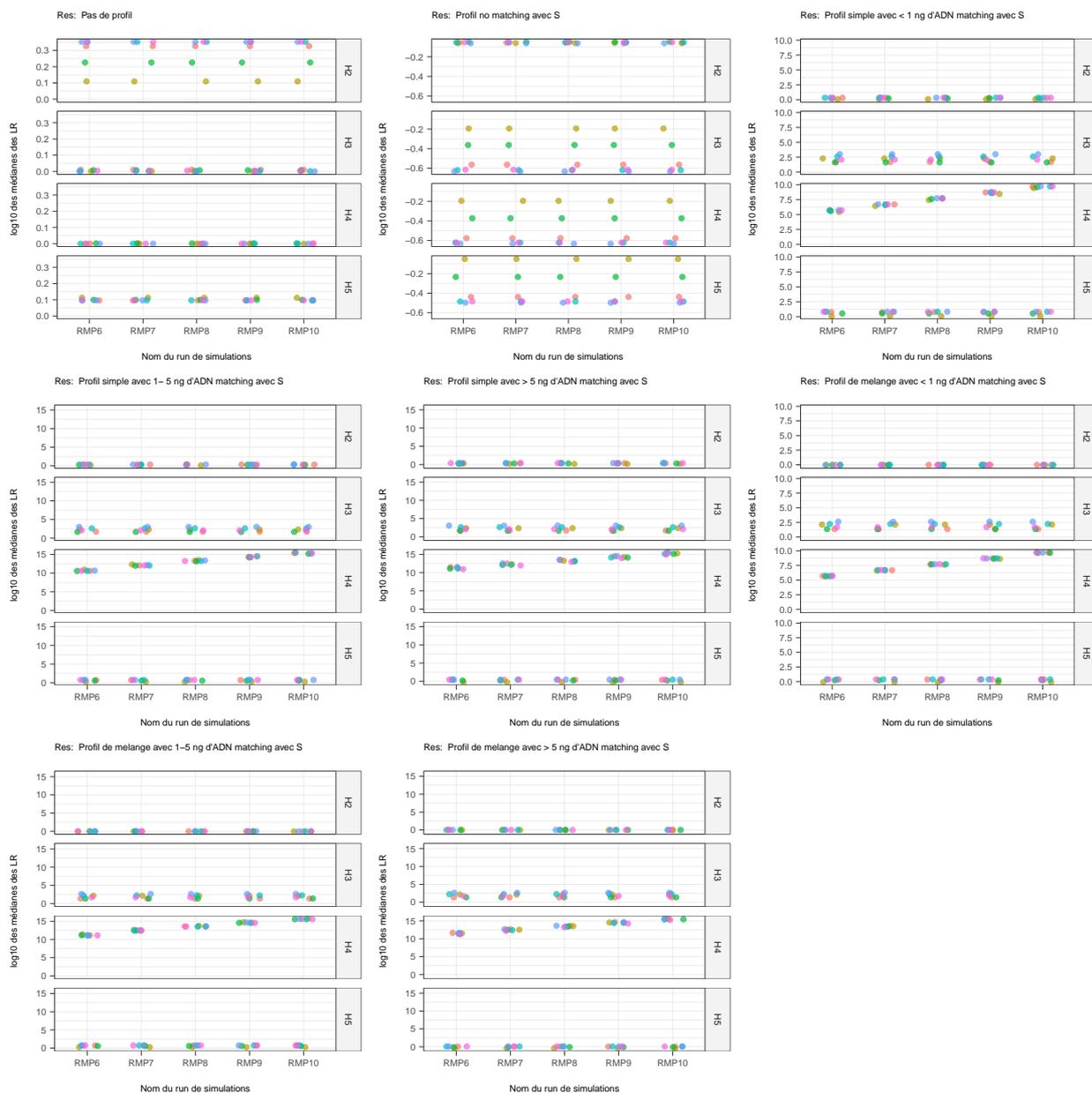


Figure 20: plot of chunk Plot_Results_S3_median

It is wise to invest in the match probabilities only when the propositions does not envisage the suspect in the car - and the benefit is low. Otherwise, it is a waist of time and it is fully logical.

The additional plots will show this as well too. Not that it only for given Hd propositions that the impact of MP is obvious, but still modest.

```
#we prepare the results for plotting
```

```
SimulationName <- rep("RMP6", nrow(RMP6[[1]]))  
S3a_MP6 <- RMP6  
S3a_MP6$sim <- (SimulationName)  
S3a_MP6 <- as.data.frame(S3a_MP6)
```

```
SimulationName <- rep("RMP8", nrow(RMP8[[1]]))  
S3a_MP8 <- RMP8  
S3a_MP8$sim <- (SimulationName)  
S3a_MP8 <- as.data.frame(S3a_MP8)
```

```
SimulationName <- rep("RMP10", nrow(RMP10[[1]]))  
S3a_MP10 <- RMP10  
S3a_MP10$sim <- (SimulationName)  
S3a_MP10 <- as.data.frame(S3a_MP10)
```

```
Results_1 <- rbind(S3a_MP6, S3a_MP8, S3a_MP10) # join the results for plotting
```

```
pResults_1 <- PlotResults_Simu(DNAinCar,  
                             Results_1, FontSize=FontSize_1,  
                             minlog10LR=-1, maxlog10LR=18)
```

```
do.call(grid.arrange,pResults_1[[1]])
```

```
do.call(grid.arrange,pResults_1[[2]])
```

```
do.call(grid.arrange,pResults_1[[3]])
```

```
do.call(grid.arrange,pResults_1[[4]])
```

Similarly, we can illustrate the improvement the IQR between "S1_all*" (starting point) and $S2_TCB10$ for example

```
#we prepare the results for plotting
```

```
#you can add any of the previous simulation in that plot
```

```
SimulationName <- rep("All", nrow(All[[1]]))  
S1a_all <- All  
S1a_all$sim <- (SimulationName)  
S1a_all <- as.data.frame(S1a_all)
```

```
SimulationName <- rep("T", nrow(T_1000[[1]]))  
S2a_T <- T_1000  
S2a_T$sim <- (SimulationName)  
S2a_T <- as.data.frame(S2a_T)
```

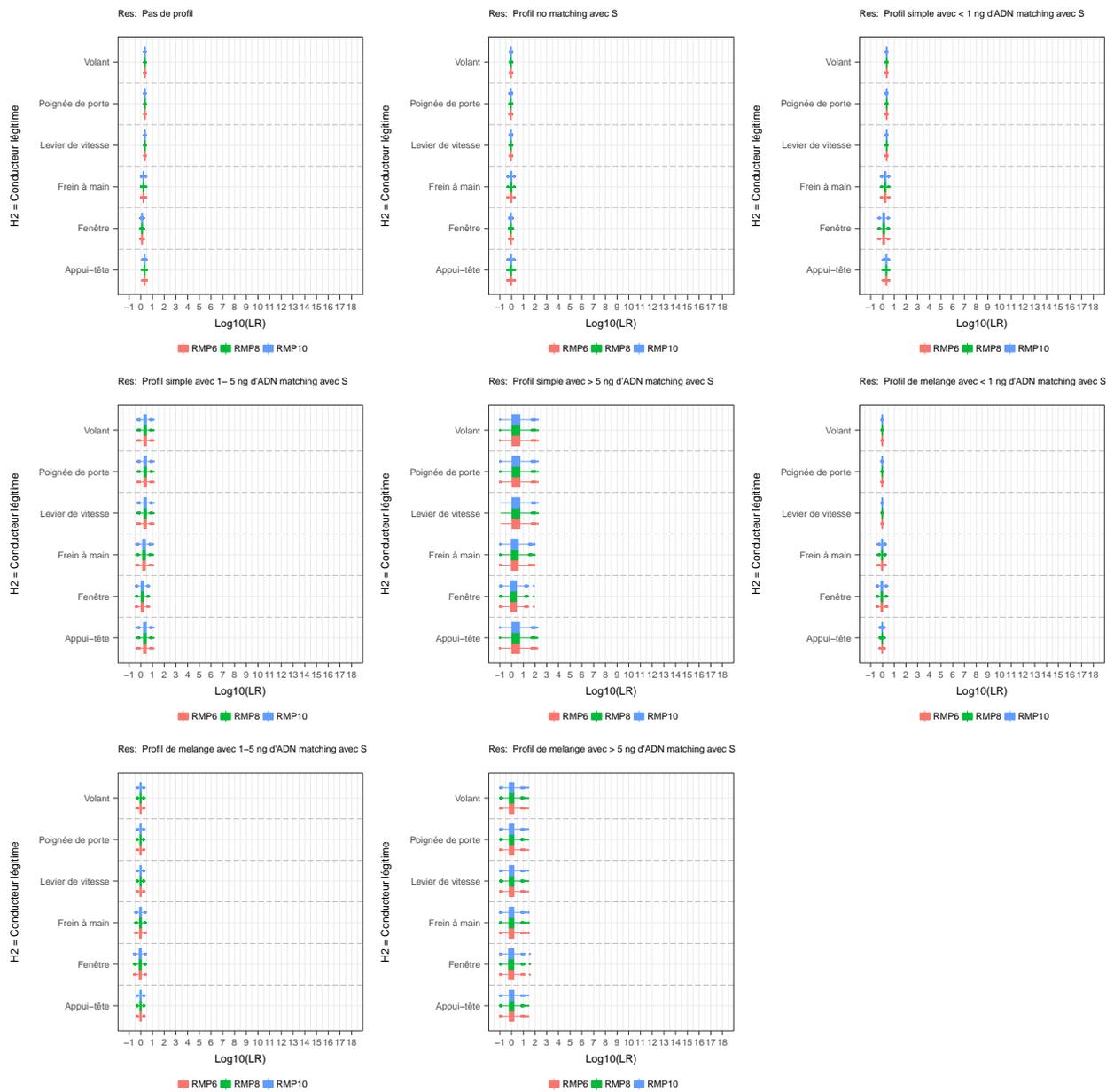


Figure 21: plot of chunk PlotImprovement_MP

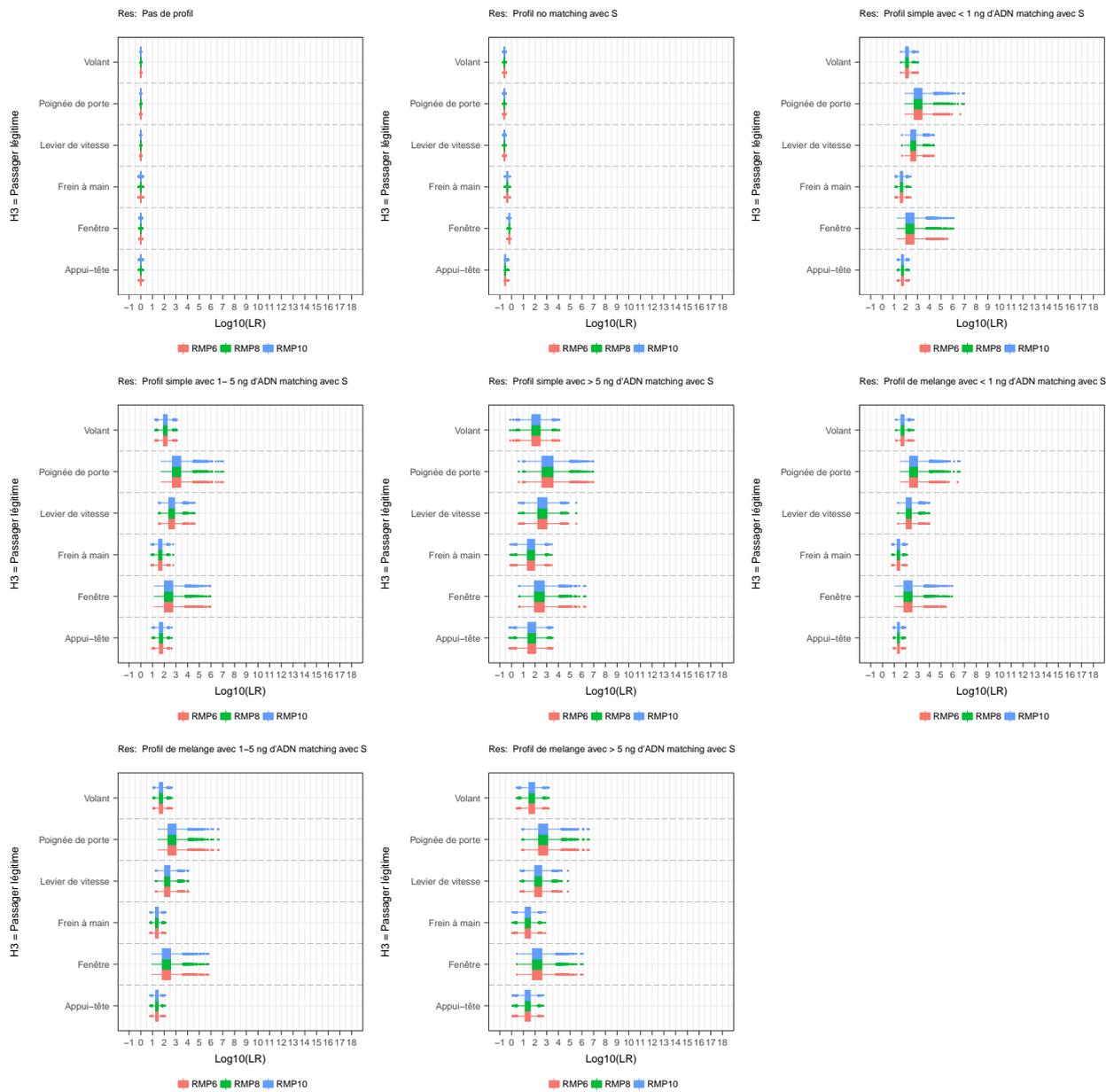


Figure 22: plot of chunk PlotImprovement_MP

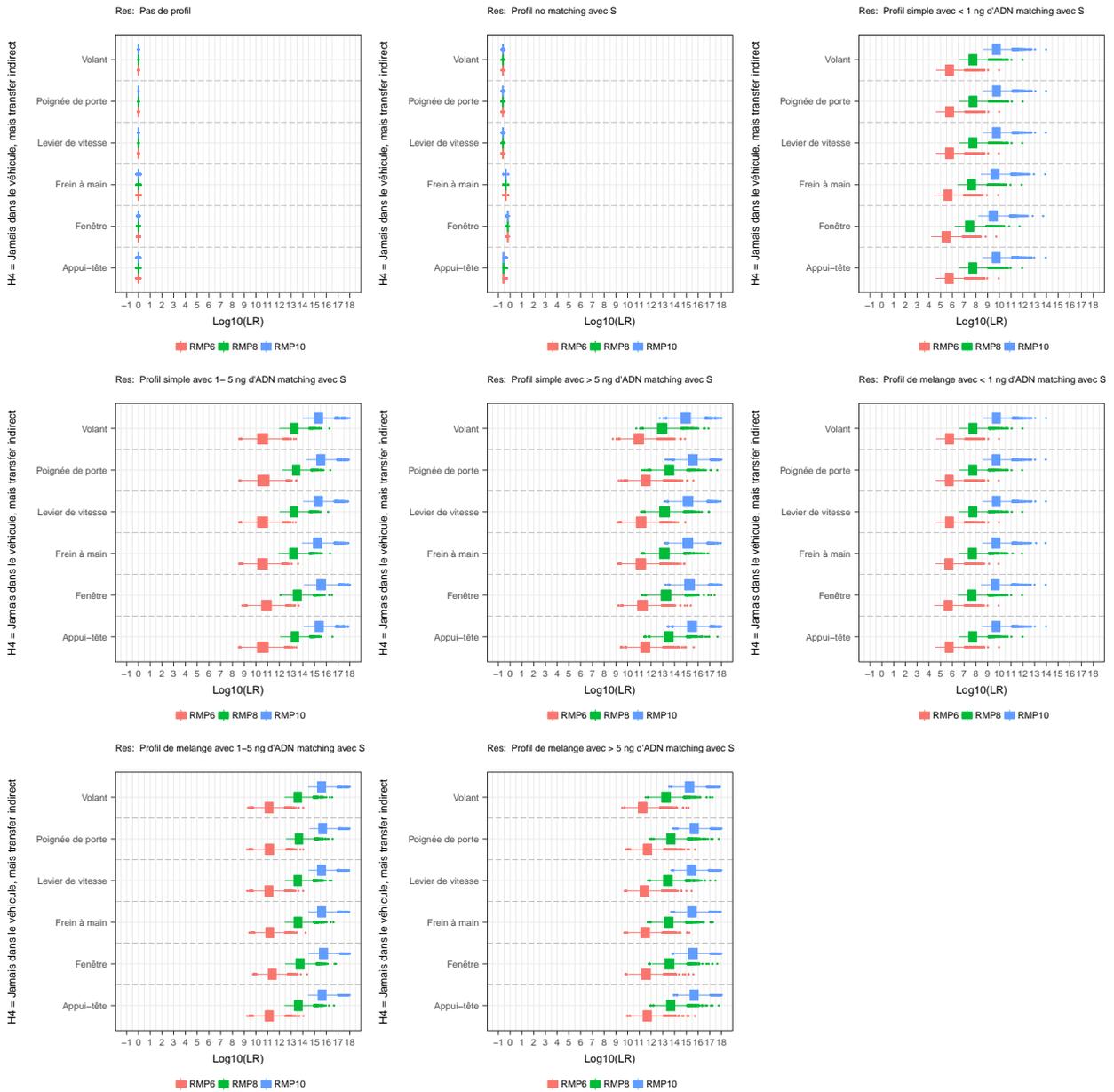


Figure 23: plot of chunk PlotImprovement_MP

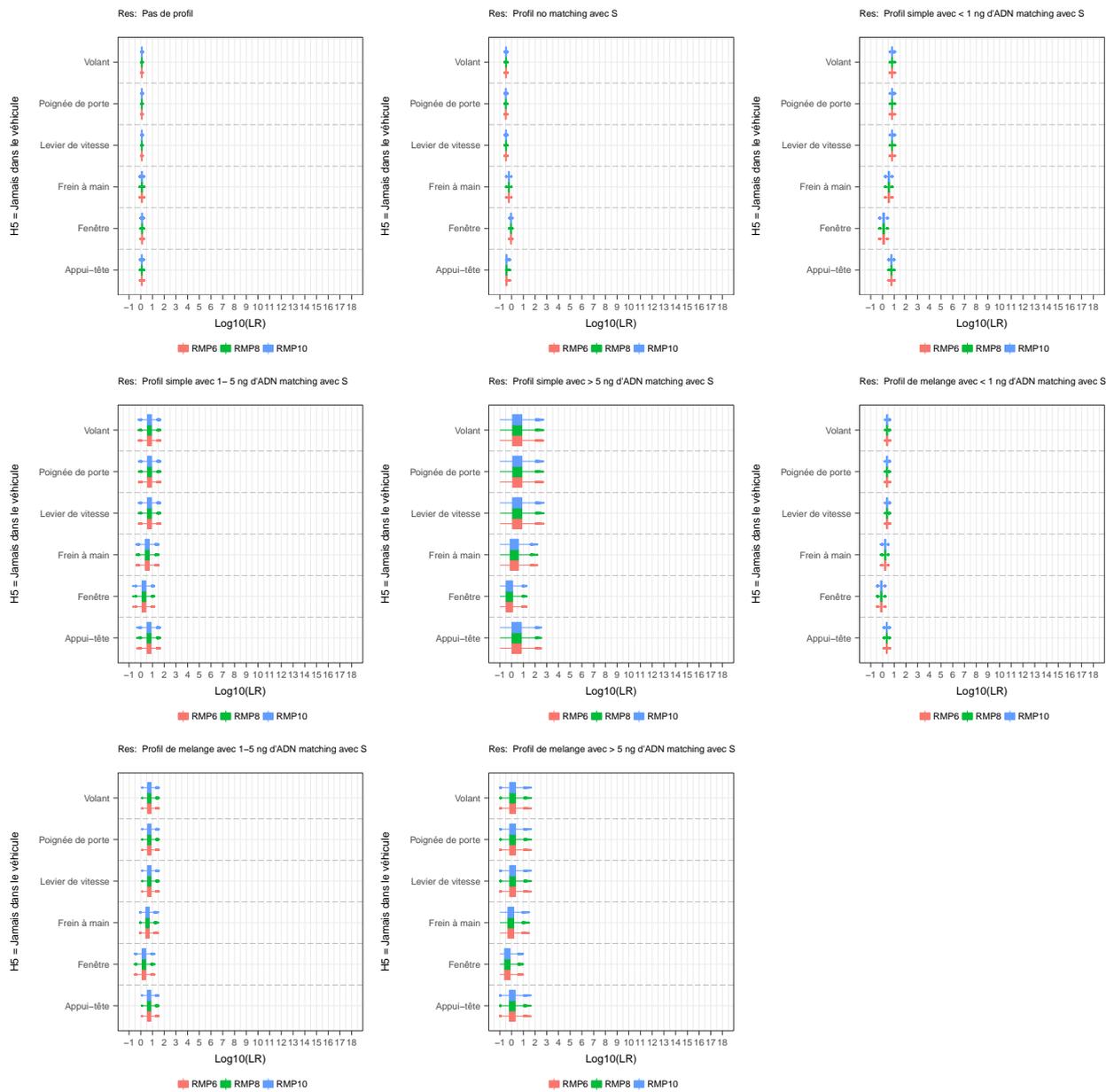


Figure 24: plot of chunk PlotImprovement_MP

```
SimulationName <- rep("B", nrow(B_1000[[1]]))
S2a_B <- B_1000
S2a_B$sim <- (SimulationName)
S2a_B <- as.data.frame(S2a_B)

SimulationName <- rep("TBRC", nrow(TBRC_1000[[1]]))
S2a_TBRC <- TBRC_1000
S2a_TBRC$sim <- (SimulationName)
S2a_TBRC <- as.data.frame(S2a_TBRC)

Results_2 <- rbind(S1a_all, S2a_T, S2a_B, S2a_TBRC)

pResults_2 <- PlotResults_Simu(DNAinCar, Results_2,
                              FontSize=FontSize_1,
                              minlog10LR=-2, maxlog10LR=15)

do.call(grid.arrange,pResults_2[[1]])
```

```
do.call(grid.arrange,pResults_2[[2]])
```

```
do.call(grid.arrange,pResults_2[[3]])
```

```
do.call(grid.arrange,pResults_2[[4]])
```

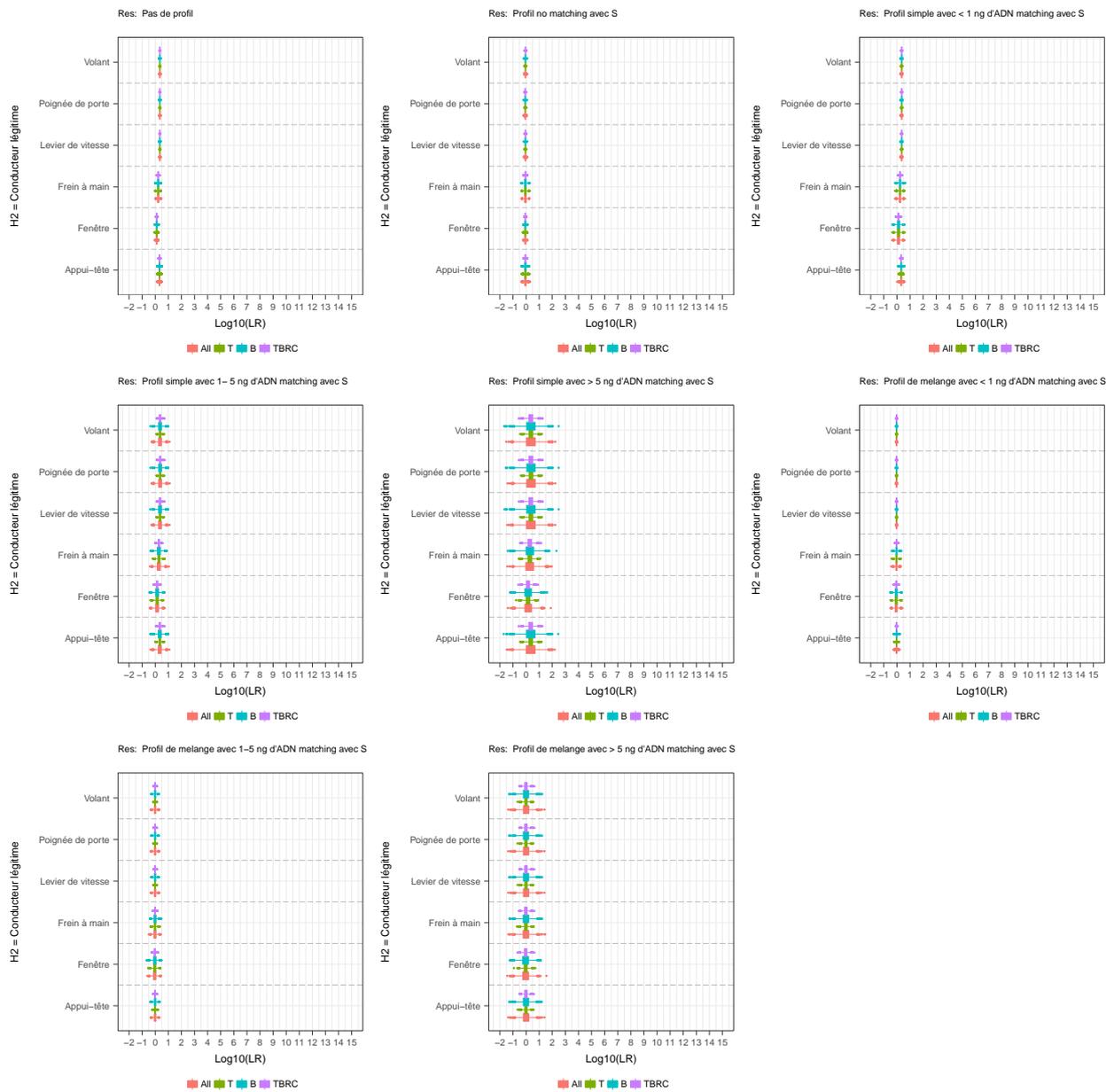


Figure 25: plot of chunk PlotImprovement_TCB

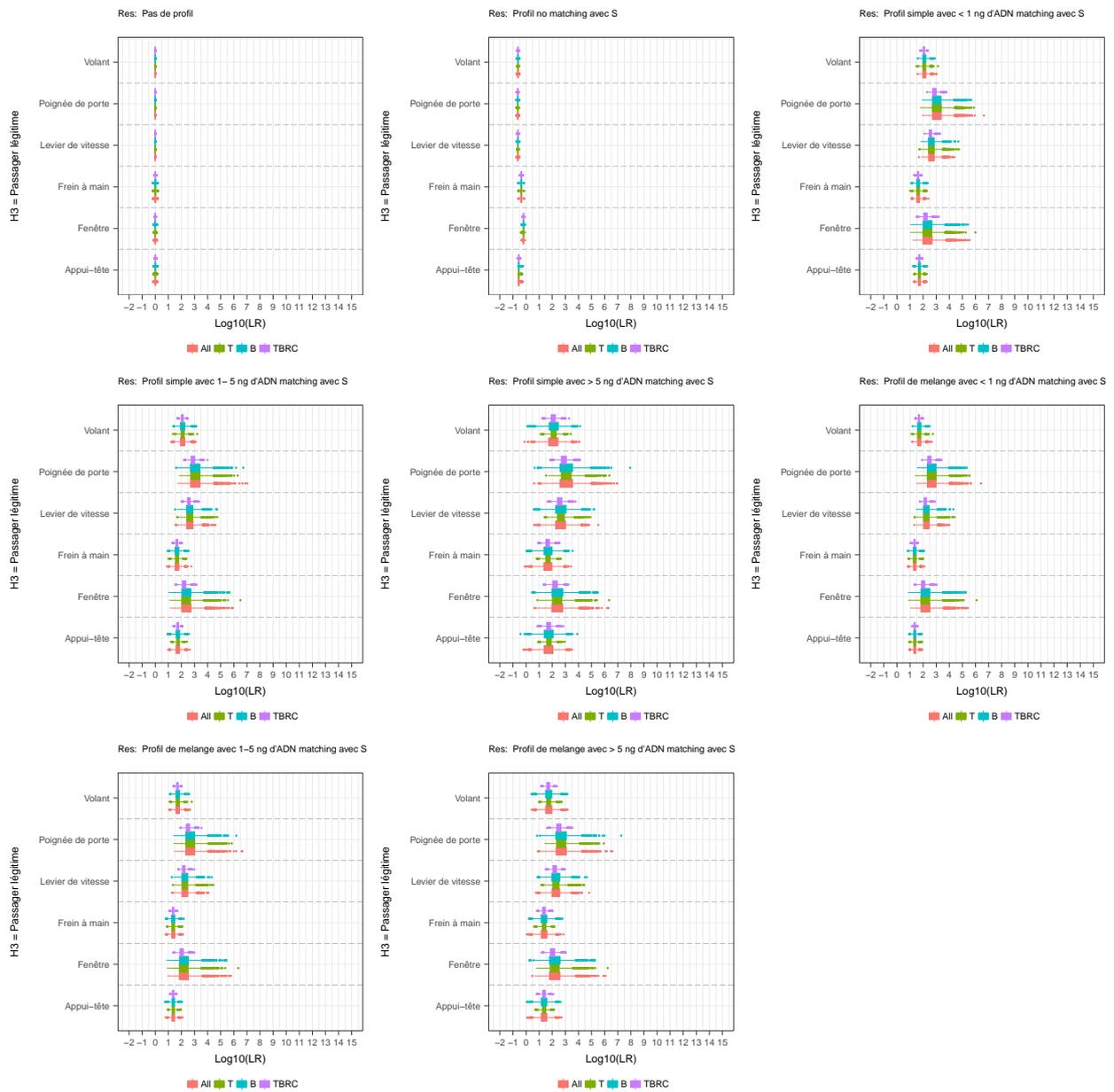


Figure 26: plot of chunk PlotImprovement_TCB

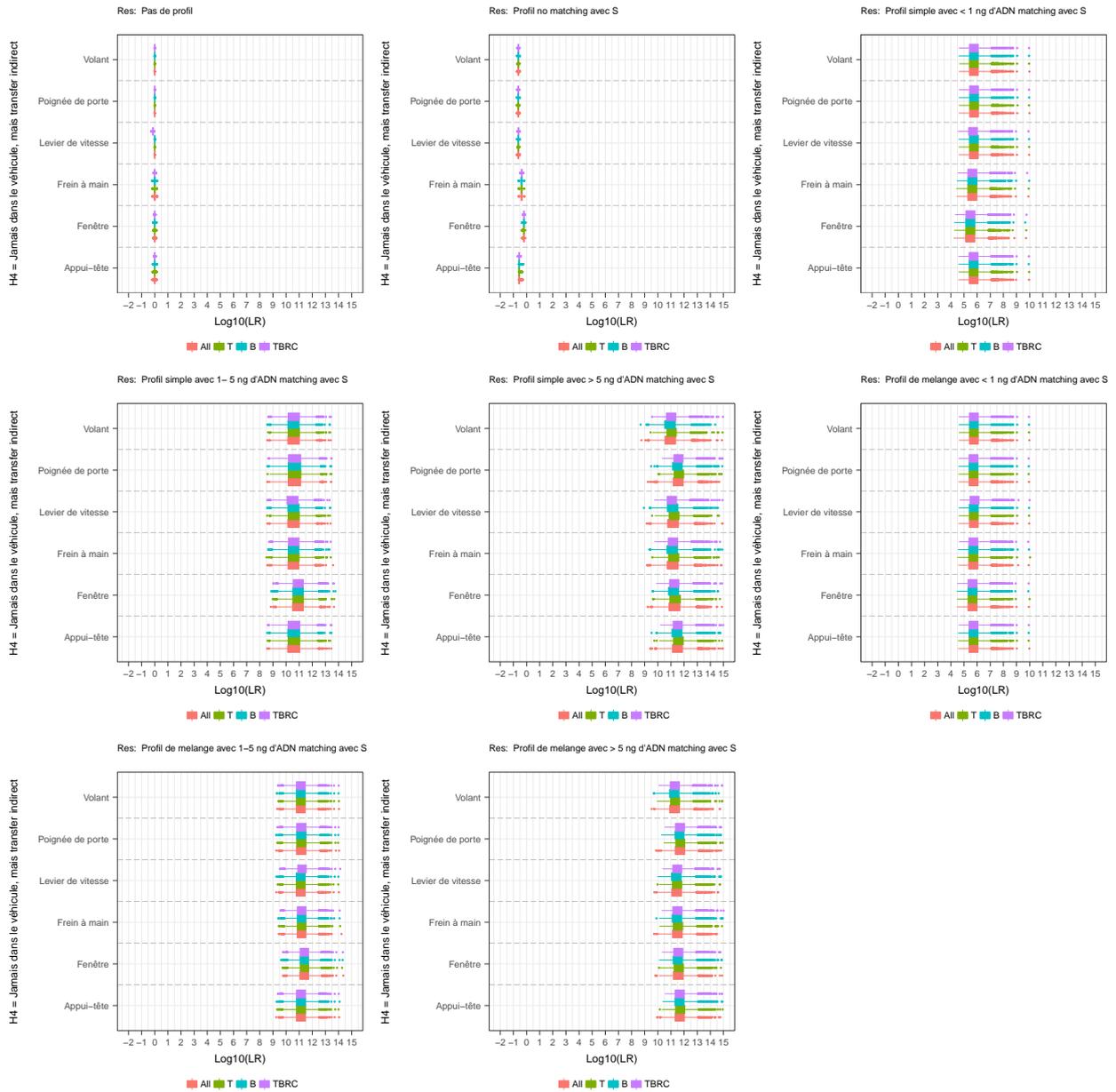
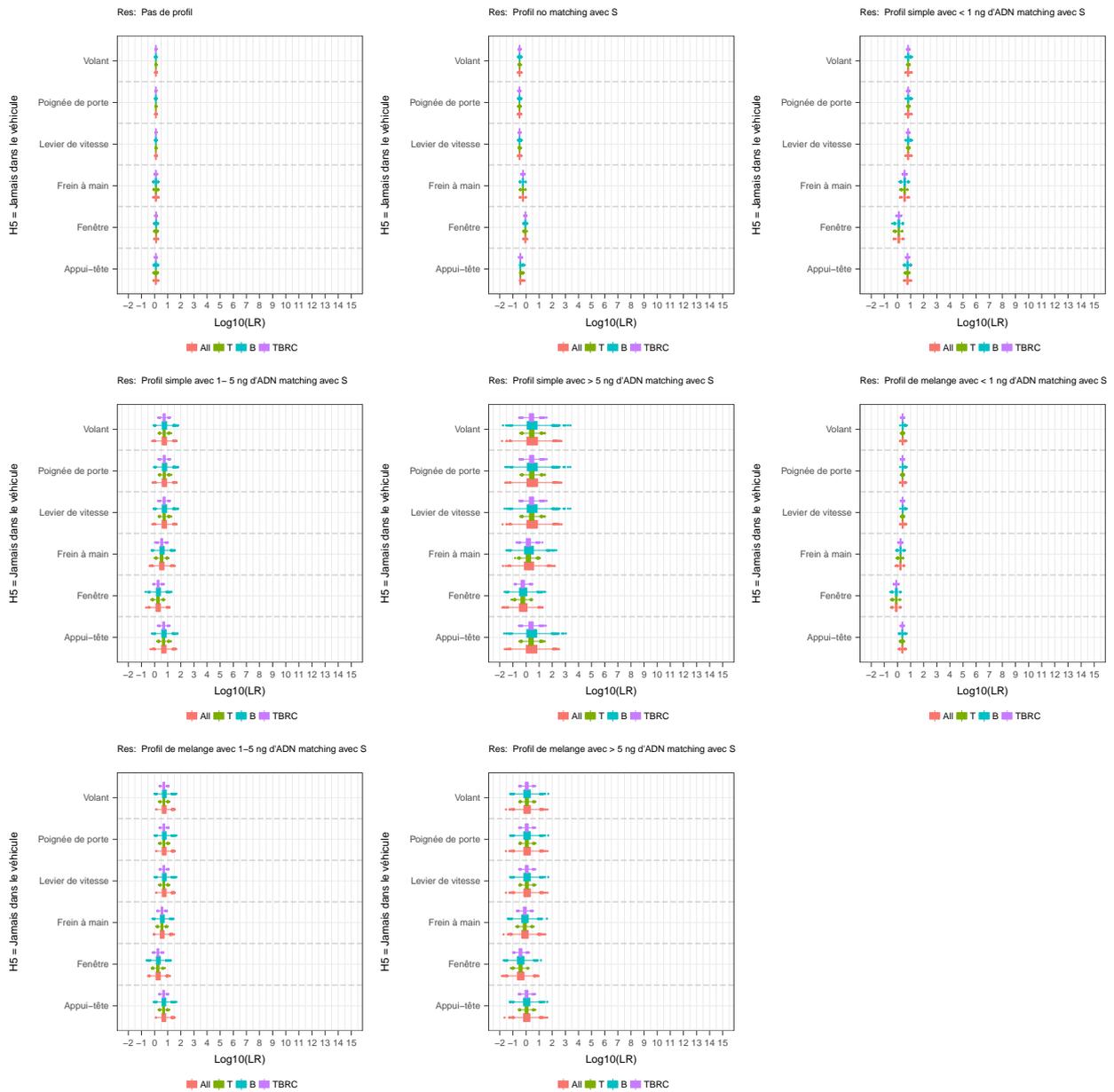


Figure 27: plot of chunk PlotImprovement_TCB



It is quite a modest improvement given the cost of data acquisition.

Plots for individual outcomes

First we need to set new plotting options to generate adequate PDF files.

```
#Adapt the size of figures to individual outcomes
opts_chunk$set(dev = 'pdf')
opts_chunk$set(fig.width = 14, fig.height = 14)
#Will apply to all next chunk
```

Then we can plot them.

we can focus on some outcomes (hence we change the fontsize and LR scale if necessary)

```
PlotResults4_LR_Outcome(SelectedOutcomes[1],BN,
                        FontSize=FontSize_2,
                        minlog10LR=-1, maxlog10LR=1,
                        fatten_value=2, BoxColour=BoxColour_1)
```

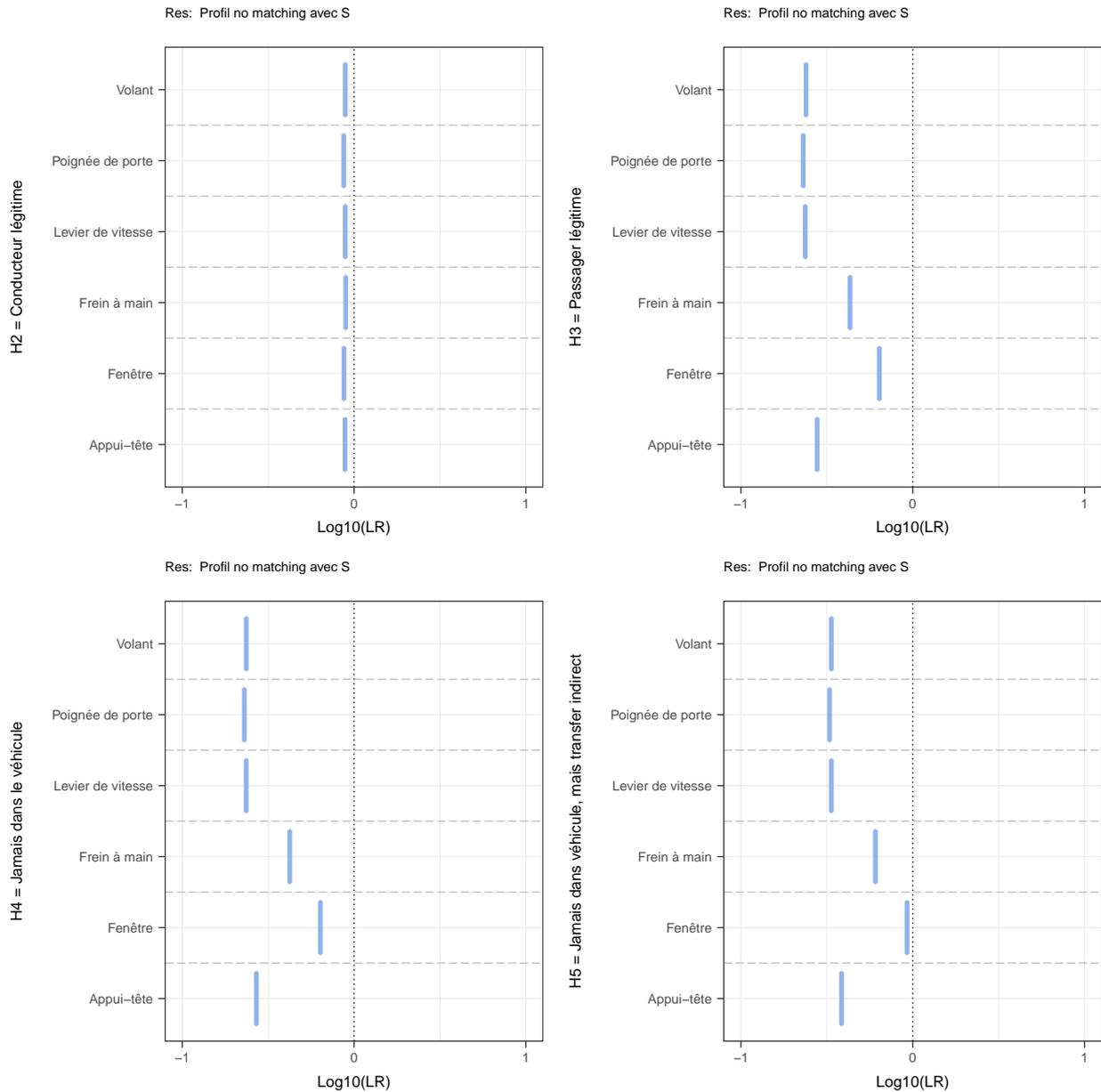


Figure 28: plot of chunk Plot_SelectedOutcomes

```
PlotResults4_LR_Outcome(SelectedOutcomes[2],BN,
                        FontSize=FontSize_2,
                        minlog10LR=-1, maxlog10LR=14,
```

fatten_value=2, BoxColour=BoxColour_1)

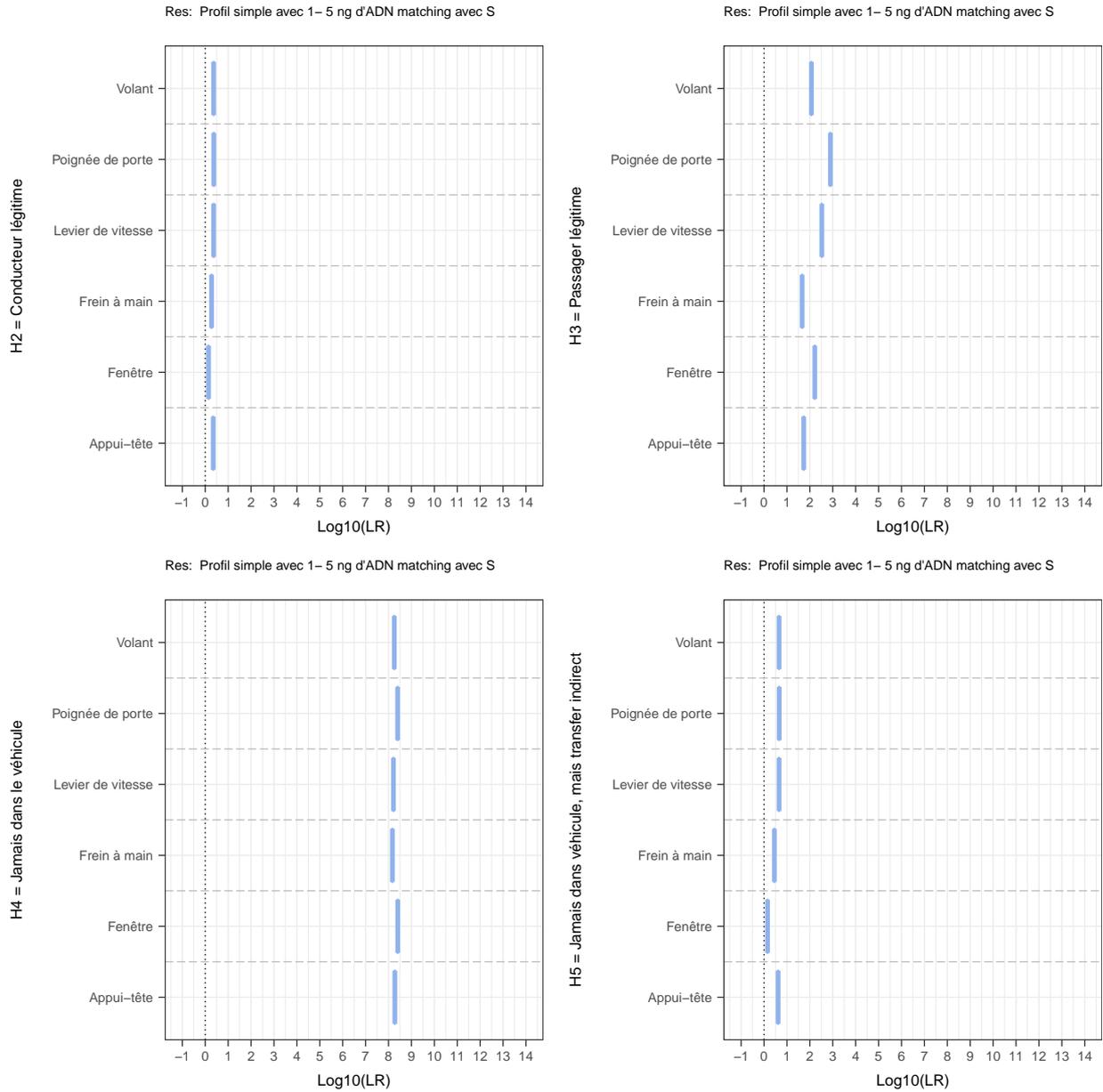


Figure 29: plot of chunk Plot_SelectedOutcomes

```
PlotResults4_LR_Outcome(SelectedOutcomes[3],BN,  
                          FontSize=FontSize_2,  
                          minlog10LR=-1, maxlog10LR=9,  
                          fatten_value=2, BoxColour=BoxColour_1)
```

```
PlotResults4_LR_Outcome(SelectedOutcomes[4],BN,  
                          FontSize=FontSize_2,
```

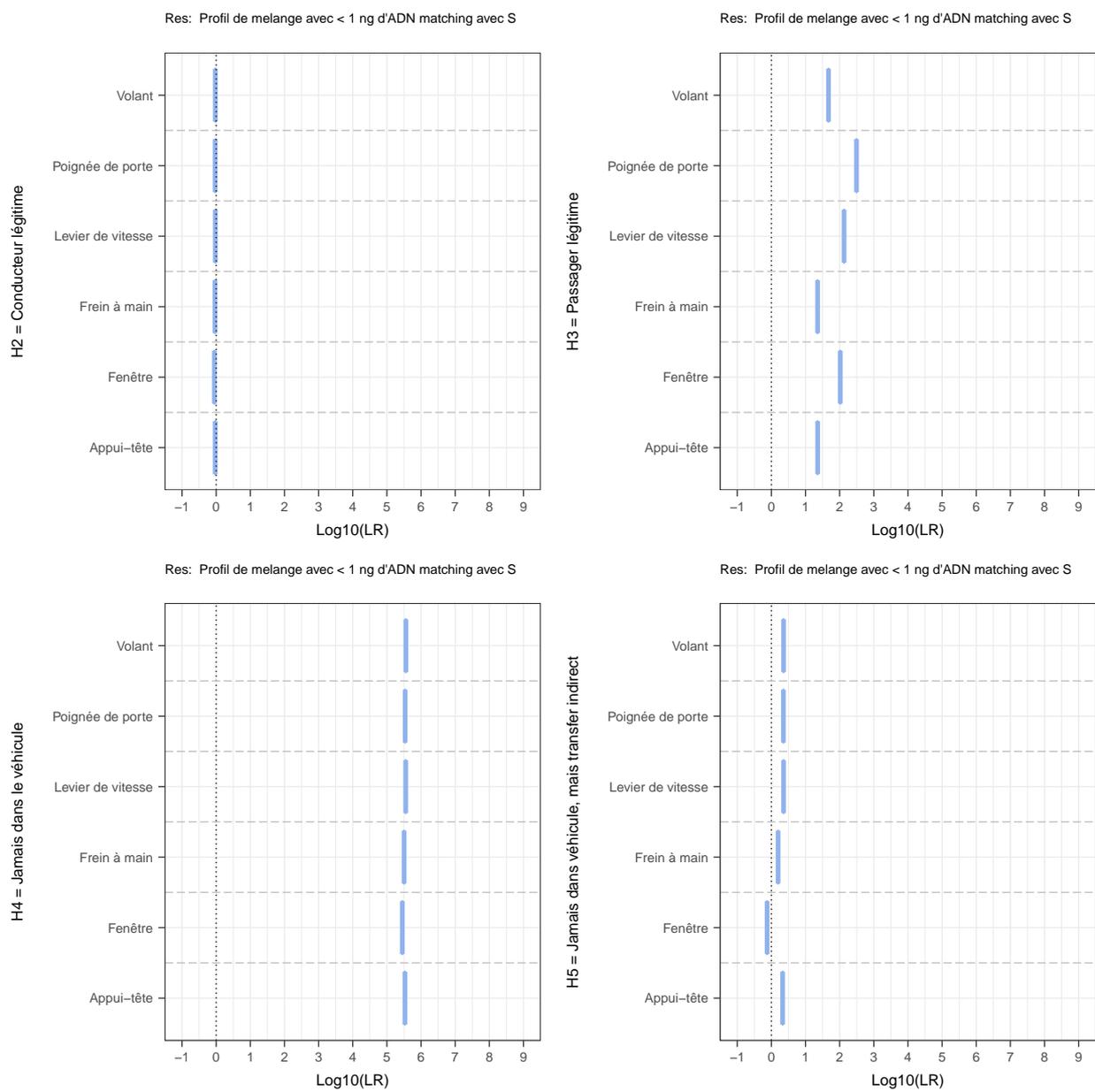


Figure 30: plot of chunk Plot_SelectedOutcomes

```
minlog10LR=-1, maxlog10LR=9,
fatten_value=2, BoxColour=BoxColour_1)
```

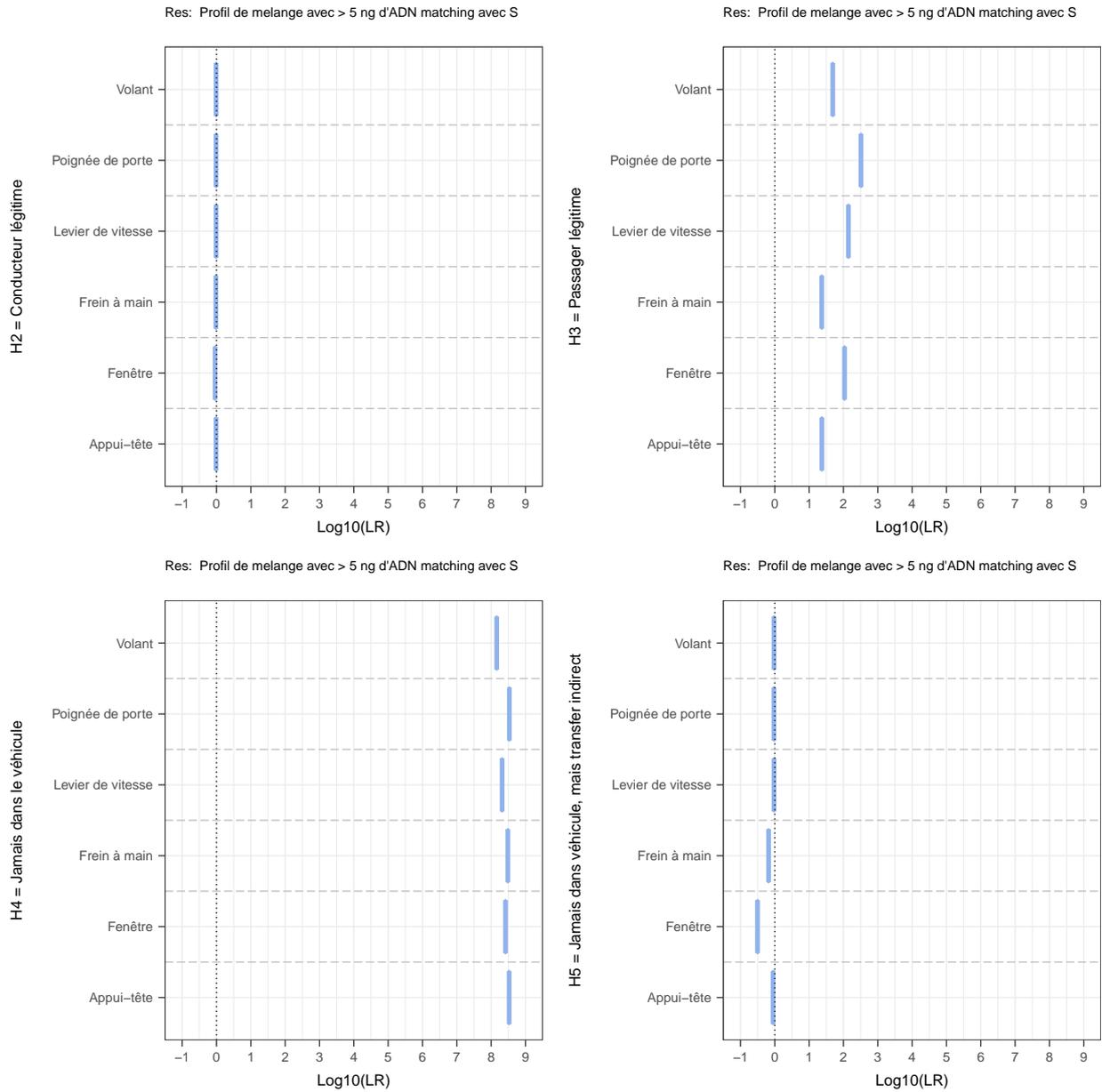


Figure 31: plot of chunk Plot_SelectedOutcomes

```
PlotResults4_LR_Outcome(SelectedOutcomes[1],All,
FontSize=FontSize_2,
minlog10LR=-1, maxlog10LR=1,
fatten_value=4, BoxColour=BoxColour_1)
```

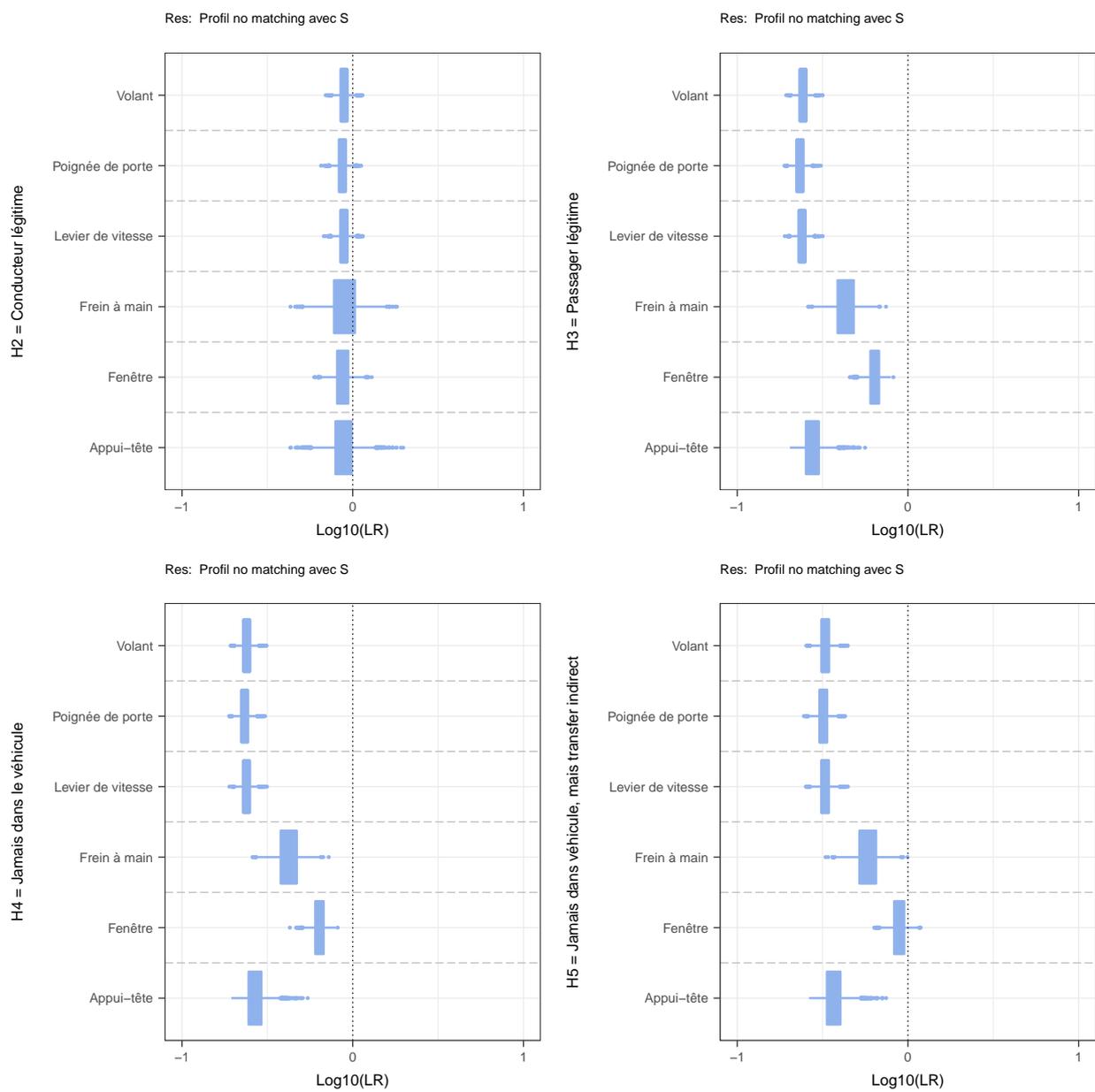


Figure 32: plot of chunk Plot_SelectedOutcomes

```
PlotResults4_LR_Outcome(SelectedOutcomes[2],All,
                        FontSize=FontSize_2,
                        minlog10LR=-1, maxlog10LR=14,
                        fatten_value=4, BoxColour=BoxColour_1)
```

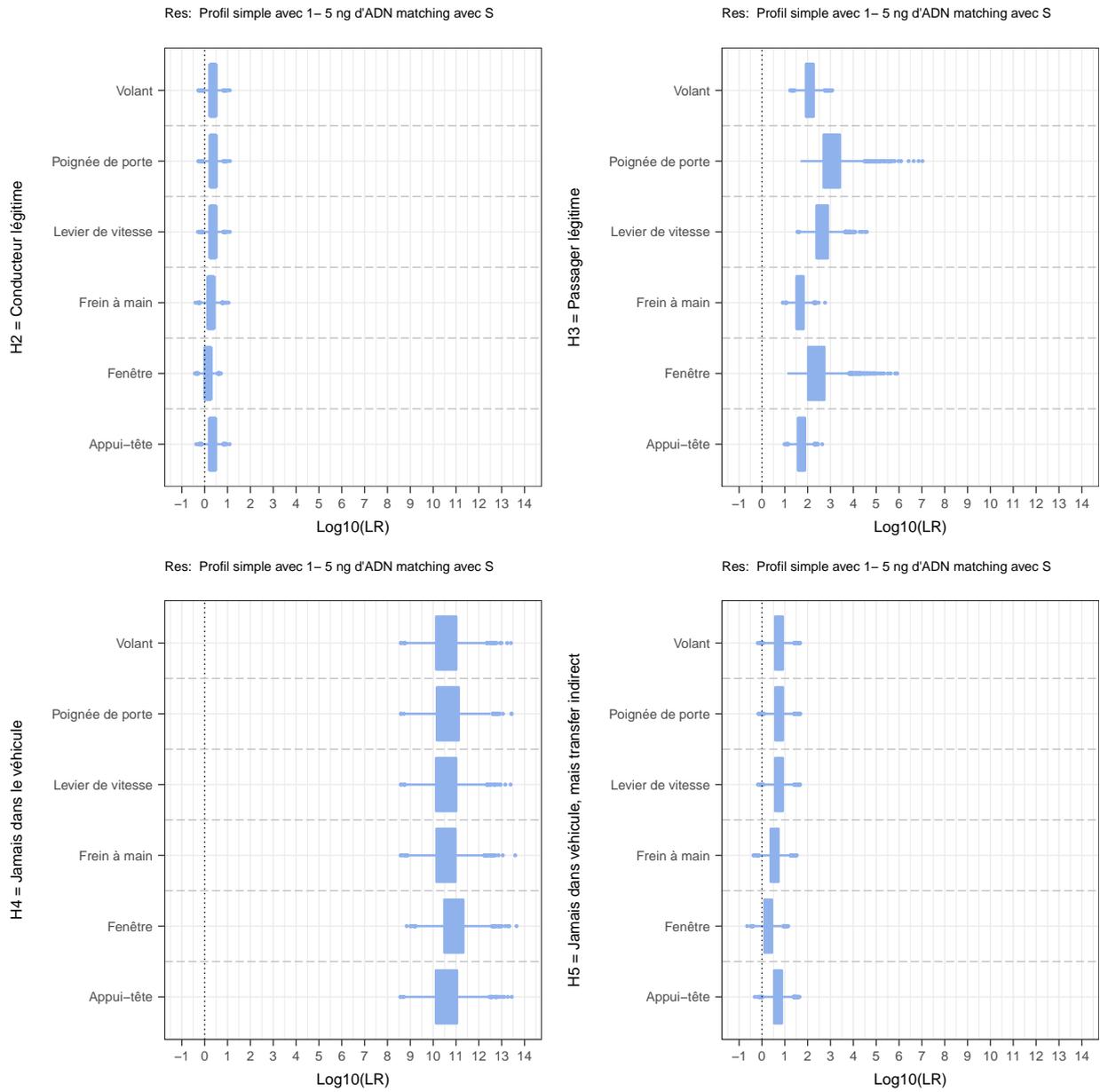


Figure 33: plot of chunk Plot_SelectedOutcomes

```
PlotResults4_LR_Outcome(SelectedOutcomes[3],All,
                        FontSize=FontSize_2,
                        minlog10LR=-1, maxlog10LR=10,
                        fatten_value=4, BoxColour=BoxColour_1)
```

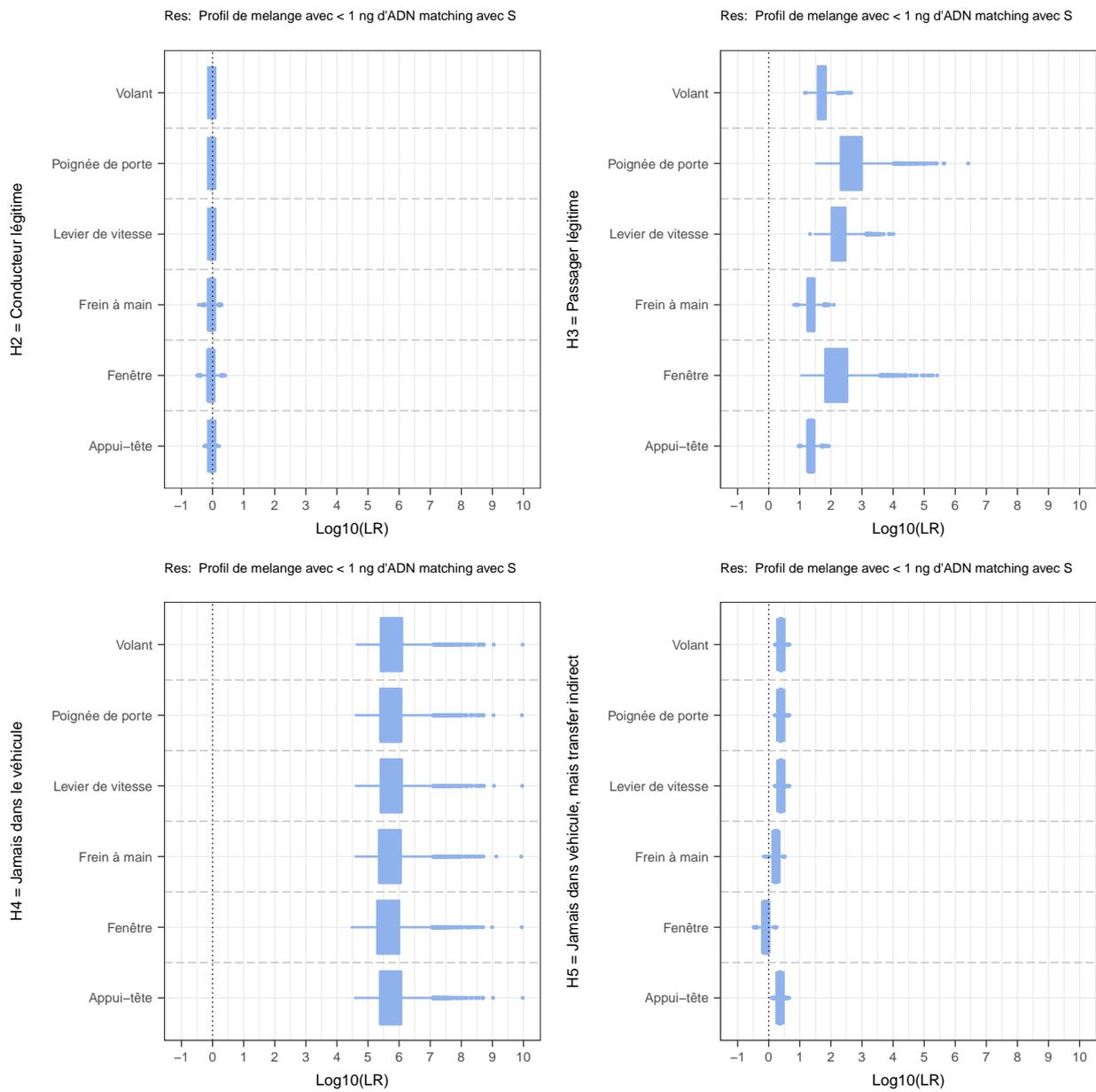


Figure 34: plot of chunk Plot_SelectedOutcomes

```
PlotResults4_LR_Outcome(SelectedOutcomes[4],All,
                        FontSize=FontSize_2,
                        minlog10LR=-1, maxlog10LR=15,
                        fatten_value=4, BoxColour=BoxColour_1)
```

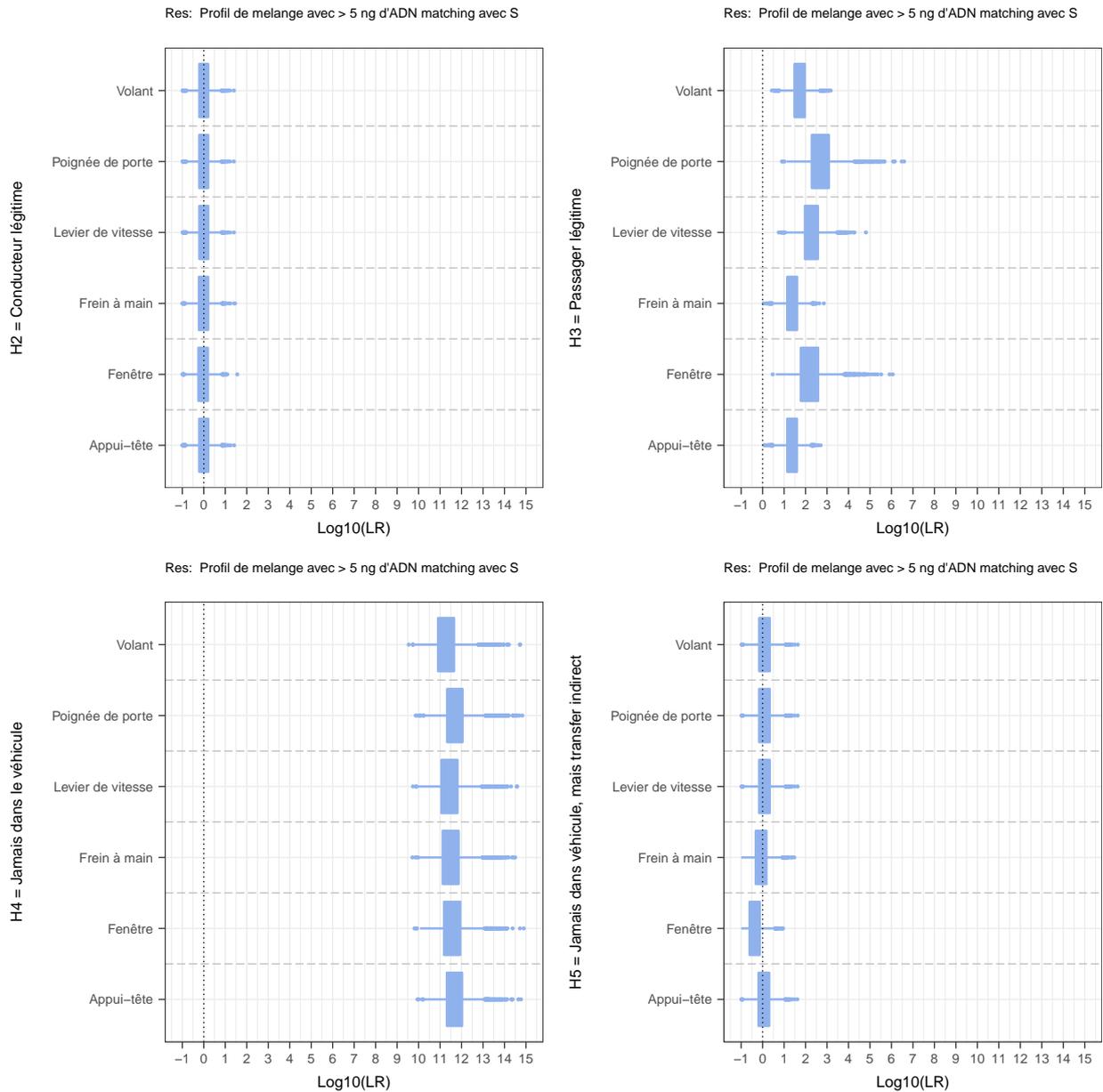


Figure 35: plot of chunk Plot_SelectedOutcomes

```
#Plot in IQR for the selected outcomes
p_IQR <- PlotResults4_SummaryStat_IQR(DNAinCar,
                                     ResultsSimulations1.1,
                                     FontSize=FontSize_2)
```

```
p <- c(p_IQR[SelectedOutcomes[1]], p_IQR[SelectedOutcomes[2]],
      p_IQR[SelectedOutcomes[3]], p_IQR[SelectedOutcomes[4]])
do.call(grid.arrange,p)
```

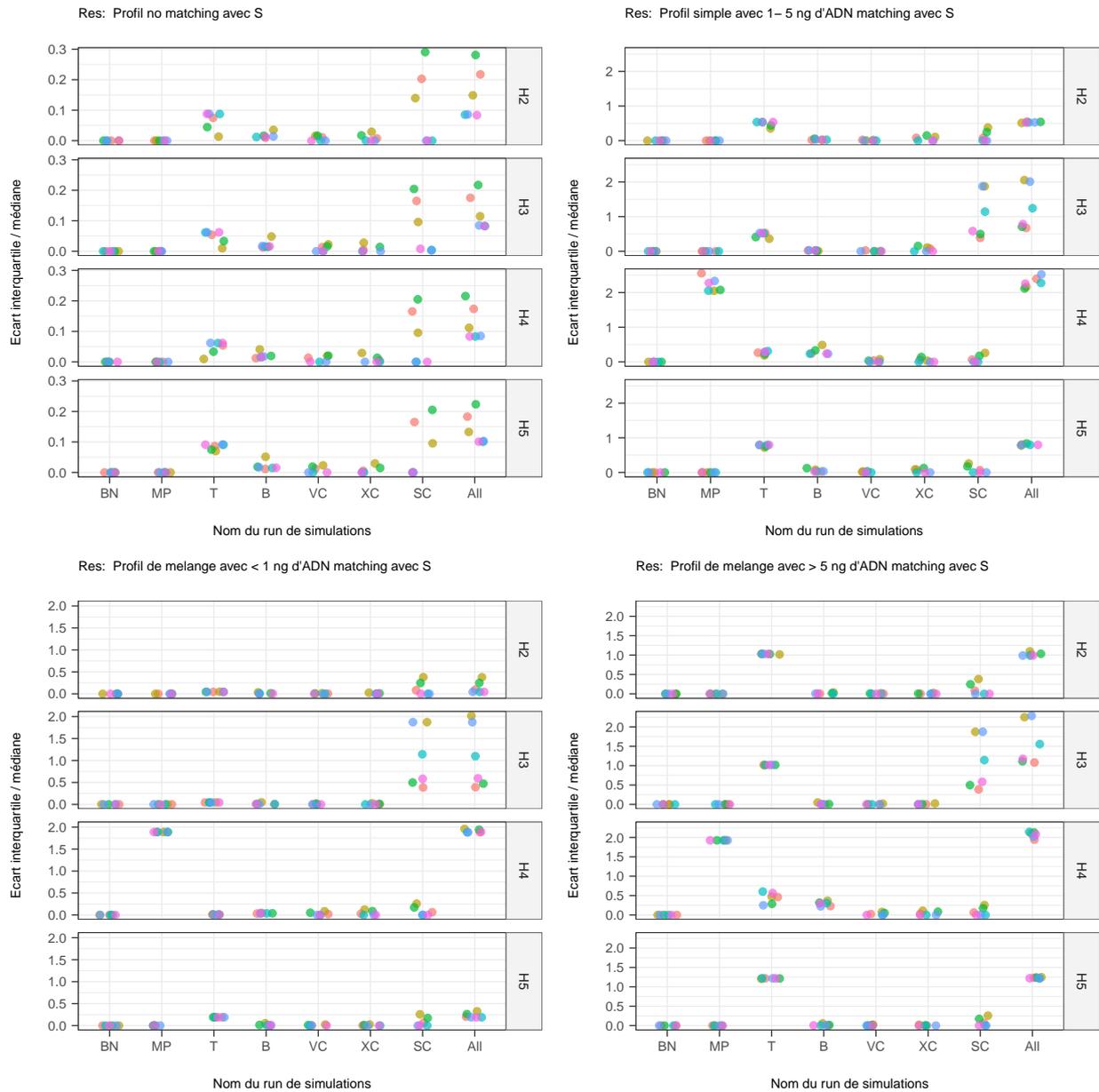


Figure 36: plot of chunk Plot_SelectedOutcomes

```
#Plot in median for the selected outcomes
p_median <- PlotResults4_SummaryStat_median(DNAinCar,
                                           ResultsSimulations1.1,
                                           FontSize=FontSize_2)

p <- c(p_median[SelectedOutcomes[1]], p_median[SelectedOutcomes[2]],
```

```
p_median[SelectedOutcomes[3]],p_median[SelectedOutcomes[4]])
do.call(grid.arrange,p)
```

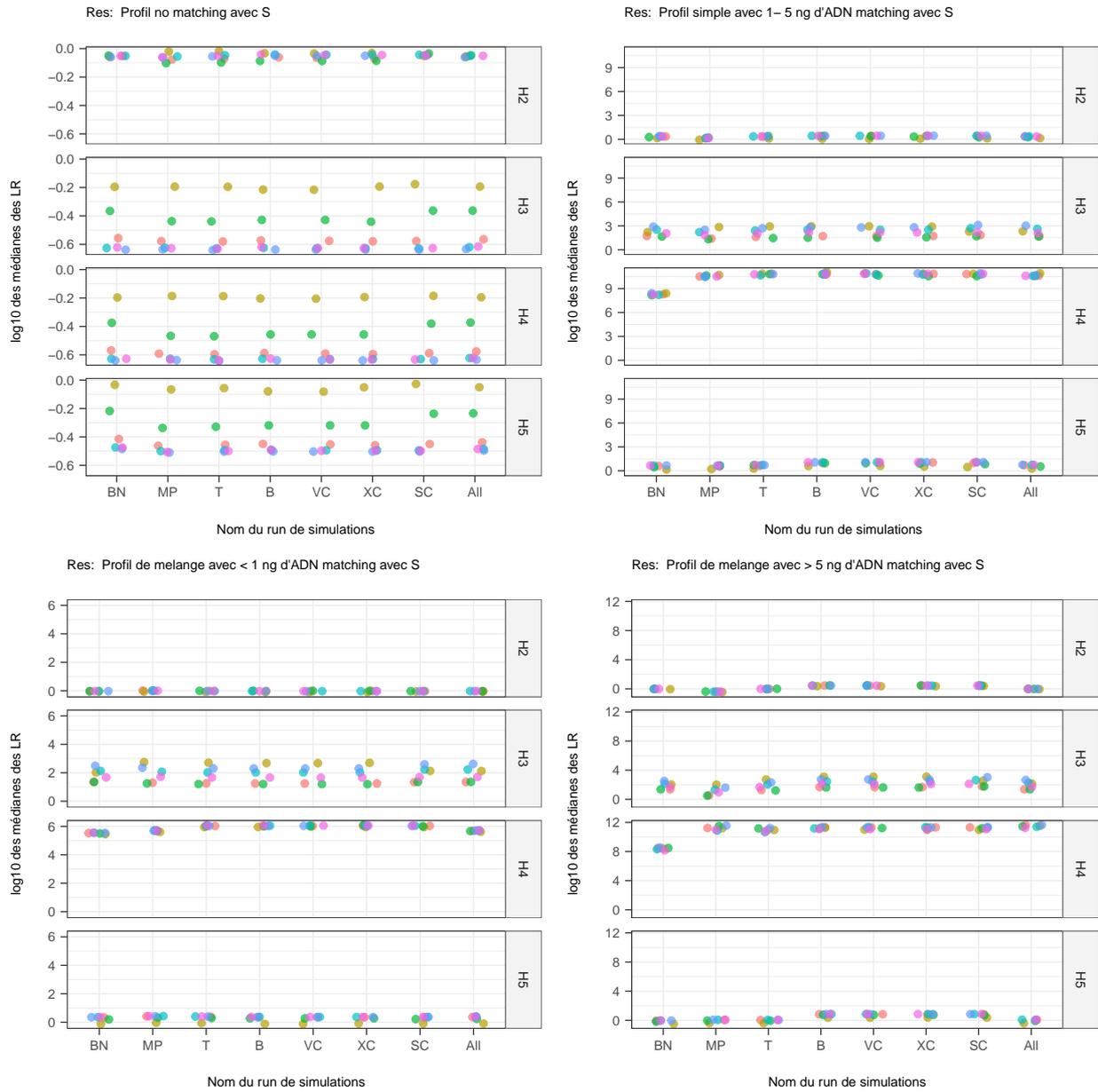


Figure 37: plot of chunk Plot_SelectedOutcomes

#Plot of improvements with additional data

```
PlotResults_Simu_Outcome(SelectedOutcomes[1],Results_2,
FontSize=FontSize_2, minlog10LR=-1, maxlog10LR=1)
```

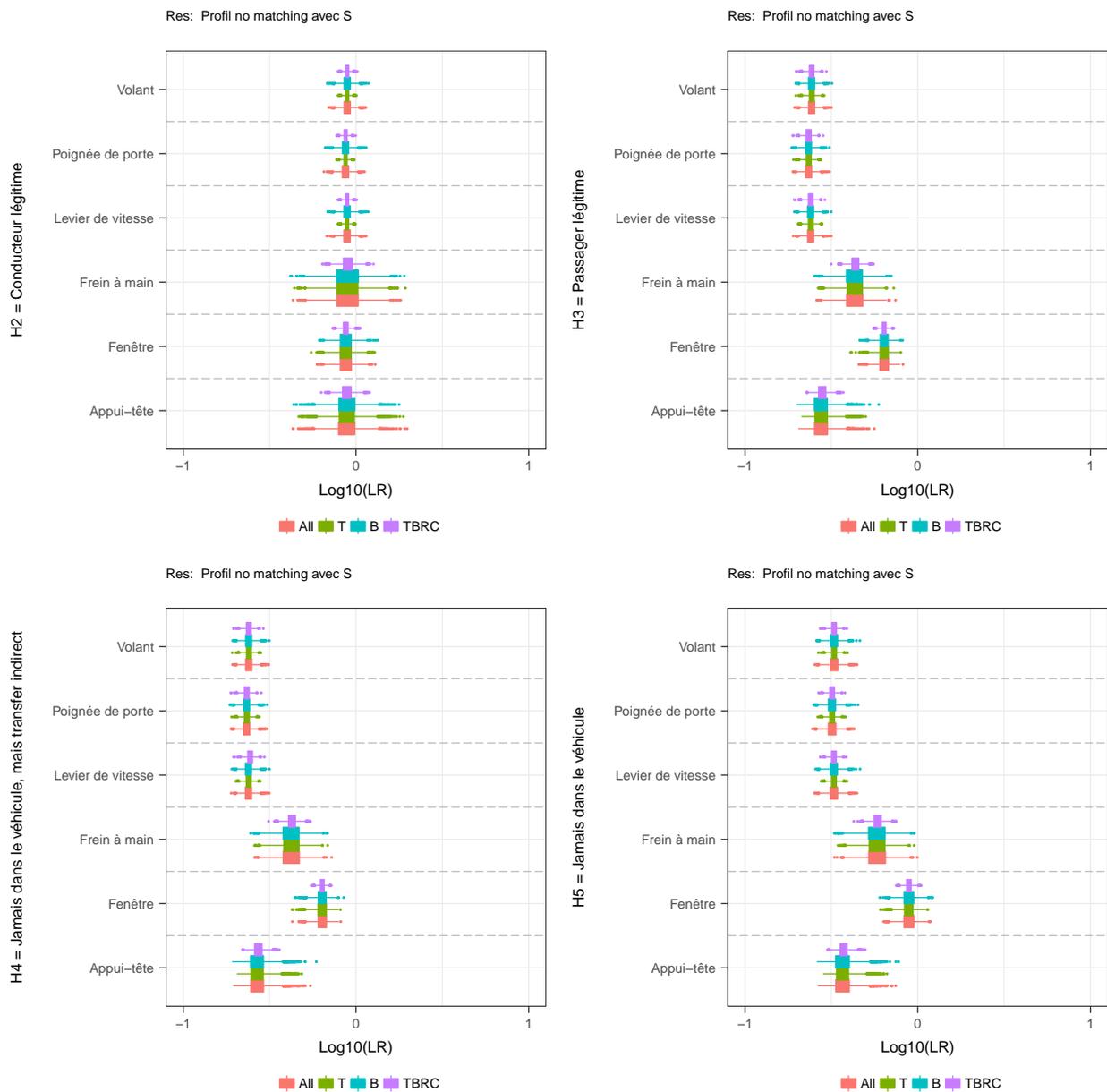


Figure 38: plot of chunk Plot_SelectedOutcomes

```
PlotResults_Simu_Outcome(SelectedOutcomes[2],Results_2,
                          FontSize=FontSize_2, minlog10LR=-1, maxlog10LR=14)
```

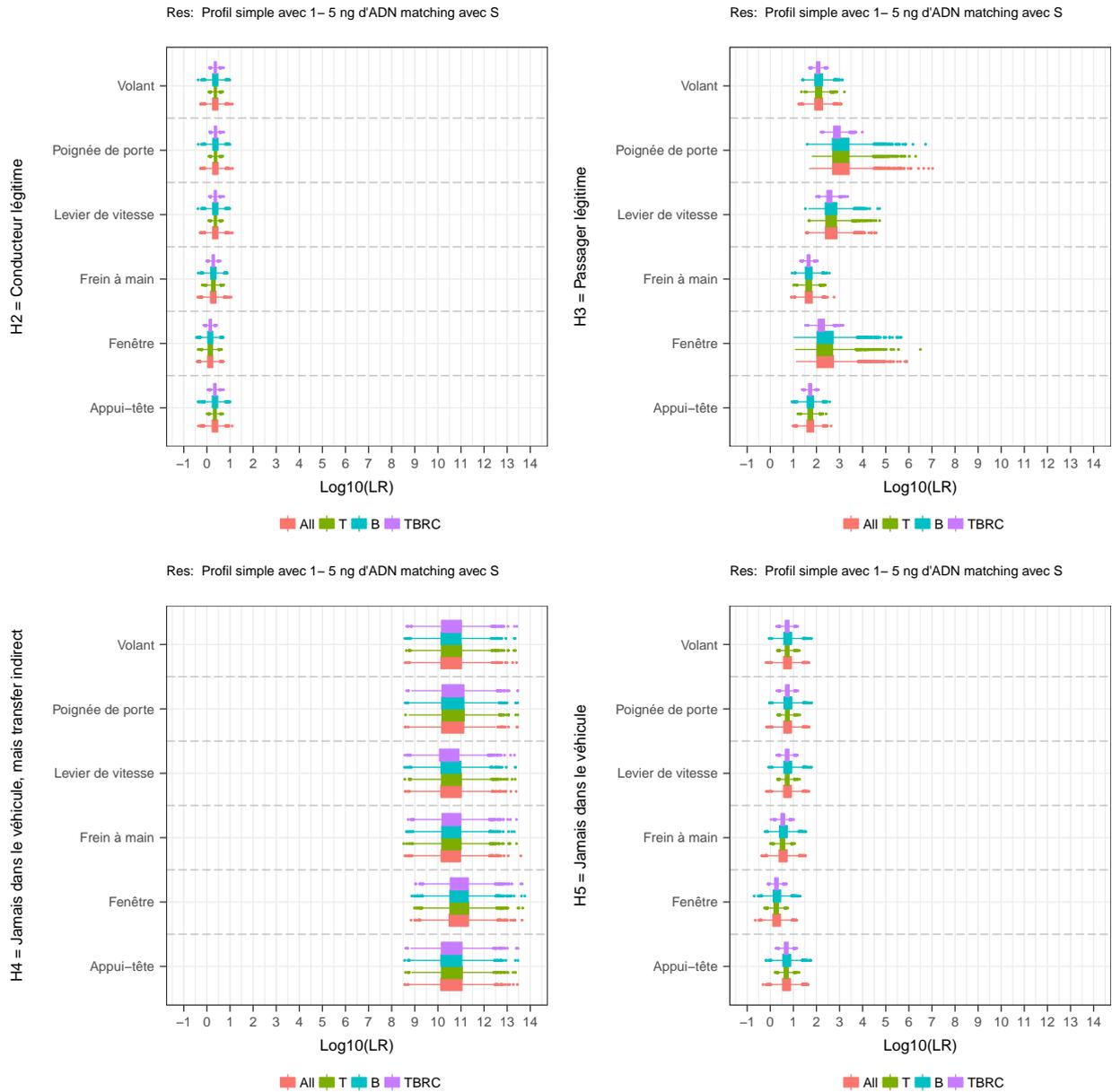


Figure 39: plot of chunk Plot_SelectedOutcomes

```
PlotResults_Simu_Outcome(SelectedOutcomes[3],Results_2,
                          FontSize=FontSize_2, minlog10LR=-1, maxlog10LR=10)
```

```
PlotResults_Simu_Outcome(SelectedOutcomes[4],Results_2,
                          FontSize=FontSize_2, minlog10LR=-1, maxlog10LR=14)
```

We can get the legends associated with each IQR or median plots as follows:

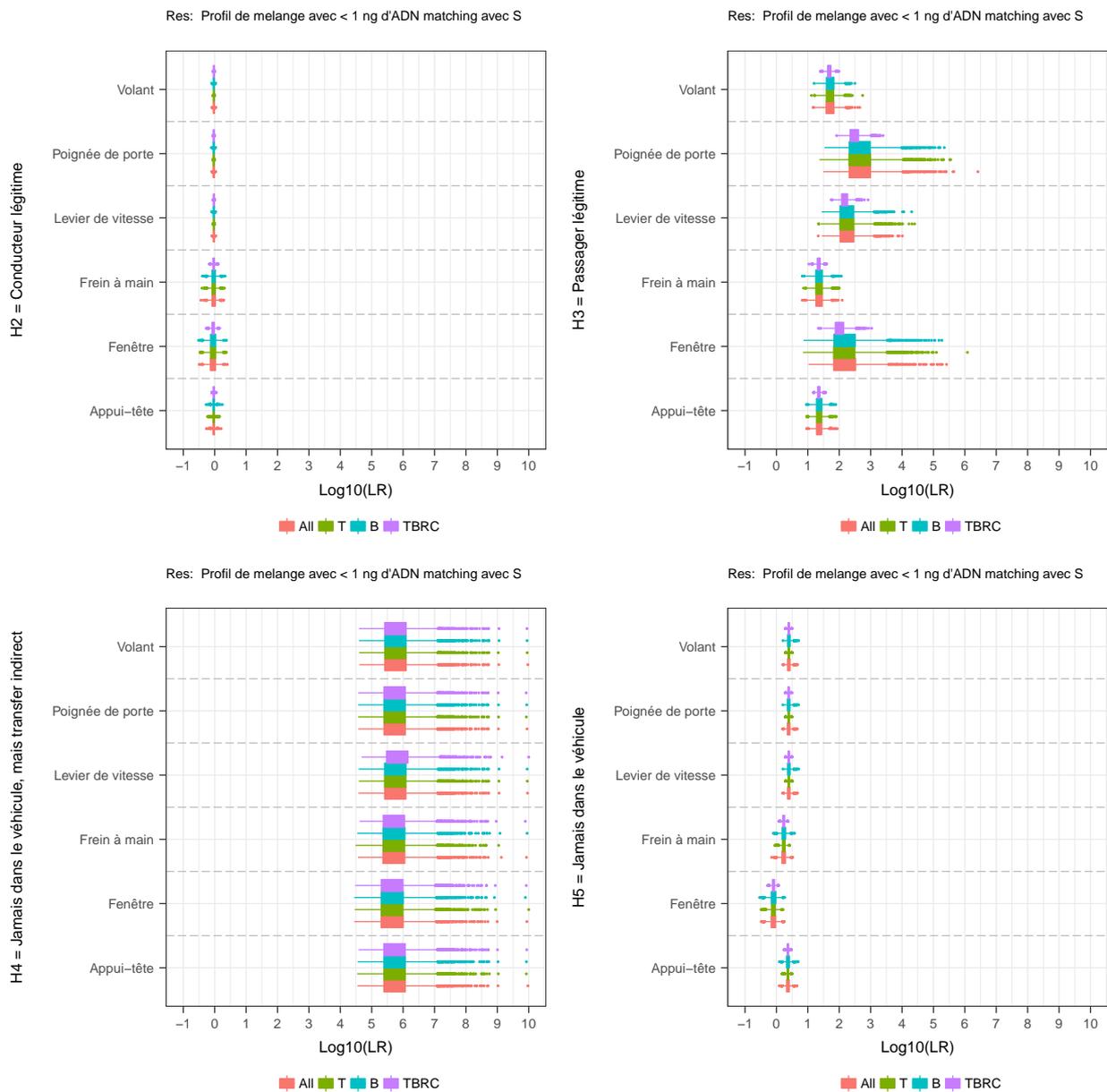


Figure 40: plot of chunk Plot_SelectedOutcomes

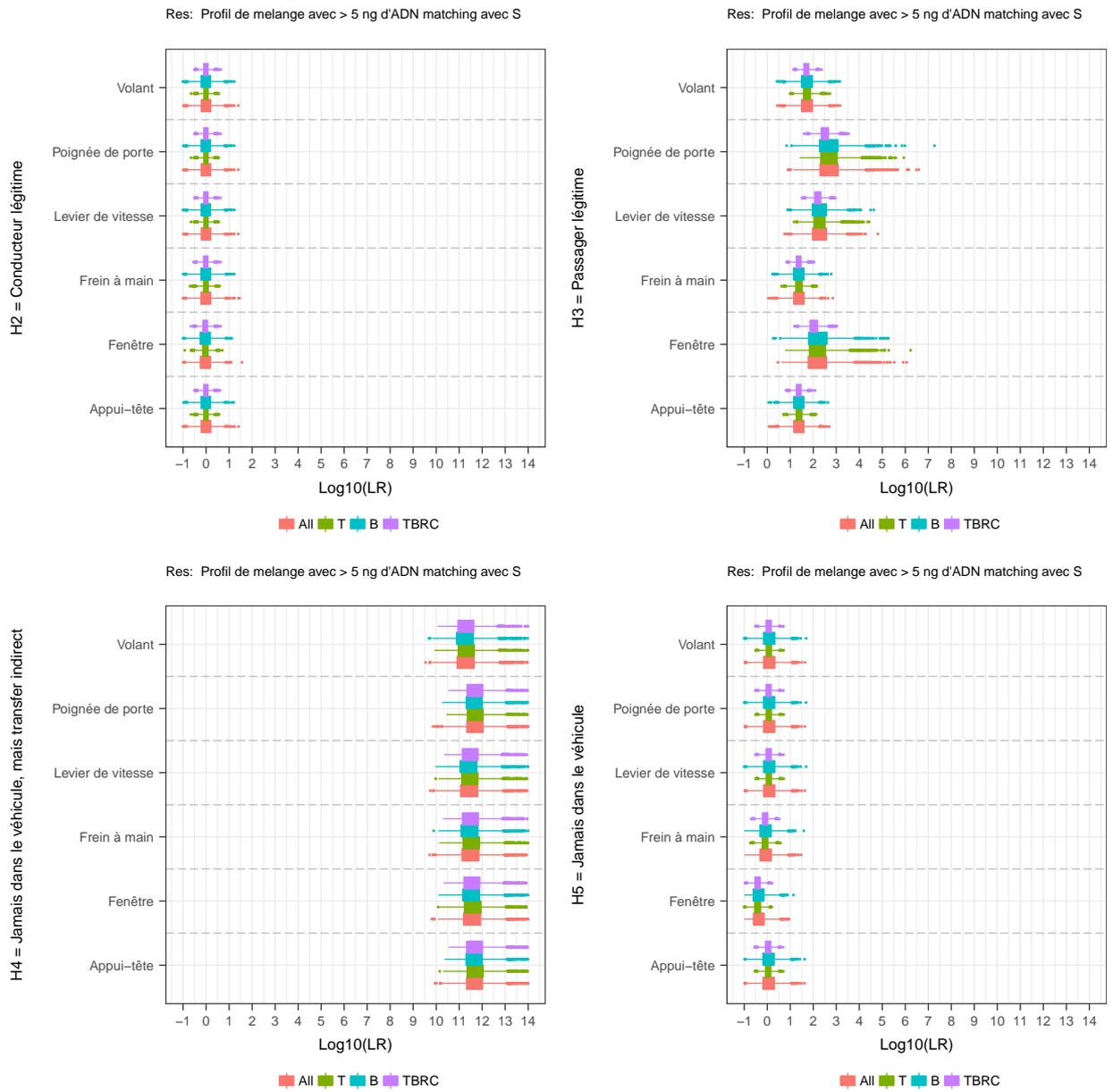


Figure 41: plot of chunk Plot_SelectedOutcomes

```

#Use show_guide = TRUE

#First change the Zone_1 to Zone_6 to match the effective areas samples:
Name_Zones <- c("appui-tête",
               "vitre de la fenêtre (côté du conducteur)",
               "frein à main",
               "levier de vitesse",
               "poignée de porte (côté du conducteur)",
               "volant")

temp <- ResultsSimulations3 #just to take an object with its structure
levels(temp[[1]]$Zone) <- Name_Zones

p_Legend <- PlotResults4_SummaryStat_median(DNAinCar, temp,
                                           FontSize=FontSize_2, show_guide = TRUE)
p_Legend <- p_Legend[[1]]

#Function to Extract Legend from a plot
Extract_legend <- function(a.gplot){
  tmp <- ggplot_gtable(ggplot_build(a.gplot))
  leg <- which(sapply(tmp$grobs, function(x) x$name) == "guide-box")
  legend <- tmp$grobs[[leg]]
  return(legend)}

mylegend <- Extract_legend(p_Legend)
plot.new()
p_Legend <- grid.draw(mylegend)

save.image("~/Dropbox/Ka-Man PhD/Ka-Man RHugin 25.07.2017/KMPunV3.RData")

```

- appui-tête
- vitre de la fenêtre (côté du conducteur)
- frein à main
- levier de vitesse
- poignée de porte (côté du conducteur)
- volant

Figure 42: plot of chunk LEGENDS

##Sets of functions developed for Ka-Man Pun's thesis

#C. Champod & Ka-Man Pun

#05.04.2014: Development of the function SimulateLR7 and importation of the simulation and plotting functions used with Ray Palmer

#06.04.2014: finalizing SimulateLR7

#07.04.2014: Adapting plotting functions

#08.04.2014: Adapting compiling and summary functions

#21.11.2015: Adapting the plotting functions

#25.07.2017: Adapt plotting functions to ggplot2 update, Changed Hd1 to Hd4 to H2 to H5

```
SimulateLR7 <- function(BN, Log10RMPlow="NA", DefenceProposition=4, NumberOfSimulations=Num-  
berOfSimu,
```

```
  ContaminationParameters="NA",  
  TransferParameters="NA",  
  QualityParameters="NA",  
  BackgroundParameters="NA",  
  RandomVictimContactParameters="NA",  
  RandomAuteurContactParameters="NA",  
  RandomSuspectContactParameters="NA",  
  LossActivityParameters="NA",  
  LossLightParameters="NA",  
  LossTempParameters="NA",  
  offsetMP=1000) {
```

Random generation in advance of all the variables according to Dirichlet distributions

```
set.seed(261270) # Set the seed to a specified position so that we obtain reproducible results
```

Dealing with potential "NA" in the call parameters of the function

We randomly generate for all cases where there is no table of parameters, just vectors

```
if(ContaminationParameters=="NA"){  
  RandomContamination <- rdirichlet(NumberOfSimulations, c(1,1,1)) # Dummy values that will not be  
  used  
}  
else{RandomContamination <- rdirichlet(NumberOfSimulations, ContaminationParameters)}
```

```
if(QualityParameters=="NA"){  
  RandomQualityDonor <- rdirichlet(NumberOfSimulations, c(1,1,1)) # Dummy values that will not be used  
}  
else{RandomQualityDonor <- rdirichlet(NumberOfSimulations, QualityParameters)}
```

Dealing with the match probability. We take randomly from two variables to reflect the two input values

```
if(Log10RMPlow=="NA"){  
  RandomRMP1 <- rdirichlet(NumberOfSimulations, c(1,1,1)) # Dummy values that will not be used  
  RandomRMP2 <- rdirichlet(NumberOfSimulations, c(1,1,1))  
}  
else {  
  RandomRMP1 <- rdirichlet(NumberOfSimulations, c(1,10^Log10RMPlow))  
  RandomRMP2 <- rdirichlet(NumberOfSimulations, c(1,(10^(Log10RMPlow))*offsetMP))  
}
```

Getting the state names associated with the Propositions and Zones

```
ChoiceOfPropositions <- get.states(BN,"Hypotheses") # Remember that 1 is Hp, >=2 is Hd
```

```

Zones <- get.states(BN,"Activite_zone_prelevement")

# Preparing the matrix that will have results
NumberOfState <- length(get.states(BN,"Resultats")) # Number of states in the targetNode
SimuLR <- matrix(0, nrow= NumberOfSimulations*6, ncol= NumberOfState) # Matrix of results
MP1Used <- matrix(0, nrow= NumberOfSimulations*6, ncol=1) # Matrix with the MP1
ZoneUsed <- matrix(0, nrow= NumberOfSimulations*6, ncol=1) # Cover the various zones

# Keep trace of the proposition used
PropUsed <- matrix(ChoiceOfPropositions[DefenceProposition], nrow= NumberOfSimulations*6, ncol=1)
# Matrix with the defense proposition used

#Get tables for all nodes subject to assignments of probabilities

Contamination_table <- get.table(BN, "Contamination")
RMP_Contamination <- get.table(BN, "Contamination_RMP")
RMP_Background <- get.table(BN, "Background_RMP")
RMP_Auteur <- get.table(BN, "Auteur_RMP")
RMP_Victime <- get.table(BN, "Victime_RMP")

Transfer_Suspect_table <- get.table(BN, "Suspect_transfert")
Transfer_Auteur_table <- get.table(BN, "Auteur_transfert")
Transfer_Victime_table <- get.table(BN, "Victime_transfert")

Quality_table_victime <- get.table(BN,"Victime_qualite_donneur")
Quality_table_auteur <- get.table(BN,"Auteur_qualite_donneur")
Quality_table_suspect <- get.table(BN,"Suspect_qualite_donneur")

Background_table <- get.table(BN,"Background")

VictimeContact_table <- get.table(BN,"Victime_contact")
AuteurContact_table <- get.table(BN,"Auteur_contact")
SuspectContact_table <- get.table(BN,"Suspect_contact")

LossActivity_table <- get.table(BN, "Persistence.Activite_perte")
LossDaylight_table <- get.table(BN, "Persistence.Lumiere_perte")
LossTemperature_table <- get.table(BN, "Persistence.Environmentement_perte")

# Start of the simulations

for (i in 1:NumberOfSimulations){
  initialize.domain(BN) # to initialize the BN

# Dealing with Contamination

  if(sum(is(ContaminationParameters)==c("numeric", "vector"))==2){ # All vector in the call starting with
    c(x,x) is an object with "numeric" "vector" attributes
    Contamination_table$Freq[1] <- RandomContamination[i]
    Contamination_table$Freq[2] <- 1-RandomContamination[i]
    set.table(BN, "Contamination", Contamination_table) # Update of the table
  }
  # No else, because if the condition is not met, we change nothing in the table

# Dealing with the loss due to Activity

  if(sum(is(LossActivityParameters)==c("data.frame", "list", "oldClass", "vector"))==4){
    for (j in 1:4){
      b <- j*4 # Upper end
    }
  }
}

```

```

a <- b-3 # Lower end
if(sum(LossActivityParameters[j])==1){ # If in the parameter matrix we have (1,0,0)
  Values <- t(LossActivityParameters[j])
}
else{Values <- rdirichlet(1,as.vector(t(LossActivityParameters[j])))}
LossActivity_table$Freq[a:b] <- Values
}
set.table(BN, "Persistence.Activite_perte", LossActivity_table)
}
# Otherwise we don't update the parameters (when the call is "NA")

# Dealing with the loss due to Light

if(sum(is(LossLightParameters)==c("data.frame", "list", "oldClass", "vector"))==4){
for (j in 1:4){
  b <- j*4 # Upper end
  a <- b-3 # Lower end
  if(sum(LossLightParameters[j])==1){ # If in the parameter matrix we have (1,0,0)
    Values <- t(LossLightParameters[j])
  }
  else{Values <- rdirichlet(1,as.vector(t(LossLightParameters[j])))}
  LossDaylight_table$Freq[a:b] <- Values
}
set.table(BN, "Persistence.Lumiere_perte", LossDaylight_table)
}
# Otherwise we don't update the parameters (when the call is "NA")

#Dealing with the Loss due to temperature (Persistence.Environnement_perte), here we handle this with a
table with 12 columns

if(sum(is(LossTempParameters)==c("data.frame", "list", "oldClass", "vector"))==4){
for (j in 1:12){
  b <- j*4 # Upper end
  a <- b-3 # Lower end
  if(sum(LossTempParameters[j])==1){ # If in the parameter matrix we have (1,0,0)
    Values <- t(LossTempParameters[j])
  }
  else{Values <- rdirichlet(1,as.vector(t(LossTempParameters[j])))}
  LossTemperature_table$Freq[a:b] <- Values
}
set.table(BN, "Persistence.Environnement_perte", LossTemperature_table) # Update of the table
}
# Otherwise we don't update the parameters (when the call is "NA")

# Dealing with transfer parameters
# Note that there is commonality between transfer parameters in three nodes.
# We just have to account that the transfer parameters table for the suspect is larger
# Hence first we deal with the common tables and then we update the table for the suspect
if(sum(is(TransferParameters)==c("data.frame", "list", "oldClass", "vector"))==4){
for (j in 1:4){
  b <- j*8 # Upper end
  a <- b-7 # Lower end
  if(sum(TransferParameters[j])==1){ # If in the parameter matrix we have (1,0,0)
    Values <- t(TransferParameters[j])
  }
  else{Values <- rdirichlet(1,as.vector(t(TransferParameters[j])))}
  Transfer_Suspect_table$Freq[a:b]<- Values
  Transfer_Auteur_table$Freq[a:b]<- Values
}
}

```

```

Transfer_Victim_table$Freq[a:b] <- Values
}
# We the extended table for the suspect transfer parameters
for (j in 5:20){
  b <- j*8 # Upper end
  a <- b-7 # Lower end
  if(sum(TransferParameters[j])==1){ # If in the parameter matrix we have (1,0,0)
    Values <- t(TransferParameters[j])
  }
  else{Values <- rdirichlet(1,as.vector(t(TransferParameters[j])))}
  Transfer_Suspect_table$Freq[a:b]<- Values
}
# We update the tables
set.table(BN, "Suspect_transfert", Transfer_Suspect_table)
set.table(BN, "Auteur_transfert", Transfer_Auteur_table)
set.table(BN, "Victime_transfert", Transfer_Victim_table)
}

# Dealing with the quality of the donors.
# It is postulated that victime, auteur and suspect have the same distribution.

if(sum(is(QualityParameters)==c("numeric", "vector"))==2){
  Quality_table_victim$Freq[1] <- RandomQualityDonor[j]
  Quality_table_victim$Freq[2] <- 1-RandomQualityDonor[j]
  Quality_table_auteur$Freq[1] <- RandomQualityDonor[j]
  Quality_table_auteur$Freq[2] <- 1-RandomQualityDonor[j]
  Quality_table_suspect$Freq[1] <- RandomQualityDonor[j]
  Quality_table_suspect$Freq[2] <- 1-RandomQualityDonor[j]
  set.table(BN, "Victime_qualite_donneur", Quality_table_victim)
  set.table(BN, "Auteur_qualite_donneur", Quality_table_auteur)
  set.table(BN, "Suspect_qualite_donneur", Quality_table_suspect)
}

# Dealing with the background probabilities given the node Background_zone_prelevement

if(sum(is(BackgroundParameters)==c("data.frame", "list", "oldClass", "vector"))==4){
  for (j in 1:6){
    b <- j*4 # Upper end
    a <- b-3 # Lower end
    if(sum(BackgroundParameters[j])==1){ # If in the parameter matrix we have (1,0,0)
      Values <- t(BackgroundParameters[j])
    }
    else{Values <- rdirichlet(1,as.vector(t(BackgroundParameters[j])))}
    Background_table$Freq[a:b]<- Values
  }
  set.table(BN, "Background", Background_table) # Update of the table
} # Otherwise we don't update the parameters (when the call is "NA")

# Dealing with Victim_contact (only 3 columns of the table)
if(sum(is(RandomVictimContactParameters)==c("data.frame", "list", "oldClass", "vector"))==4){
  for (j in 1:3){
    b <- j*2 # Upper end
    a <- b-1 # Lower end
    if(sum(RandomVictimContactParameters[j])==1){ # If in the parameter matrix we have (1,0,0)
      Values <- t(RandomVictimContactParameters[j])
    }
    else {
      Values <- rdirichlet(1,as.vector(t(RandomVictimContactParameters[j])))
    }
  }
}

```

```

    Values <- c(Values, 1-Values)
  }
  VictimeContact_table$Freq[a:b]<- Values
}
set.table(BN, "Victime_contact", VictimeContact_table)
} # Otherwise we don't update the parameters (when the call is "NA")

```

Dealing with Auteur_contact

```

if(sum(is(RandomAuteurContactParameters)==c("data.frame", "list", "oldClass", "vector"))==4){
  for (j in 1:30){
    b <- j*2 # Upper end
    a <- b-1 # Lower end
    if(sum(RandomAuteurContactParameters[j])==1){ # If in the parameter matrix we have (1,0,0)
      Values <- t(RandomAuteurContactParameters[j])
    }
    else {
      Values <- rdirichlet(1,as.vector(t(RandomAuteurContactParameters[j])))
      Values <- c(Values, 1-Values)
    }
    AuteurContact_table$Freq[a:b]<- Values
  }
  set.table(BN, "Auteur_contact", AuteurContact_table)
} # Otherwise we don't update the parameters (when the call is "NA")

```

Dealing with Suspect_contact (all 18 columns are updated)

```

if(sum(is(RandomSuspectContactParameters)==c("data.frame", "list", "oldClass", "vector"))==4){
  for (j in 1:18){
    b <- j*2 # Upper end
    a <- b-1 # Lower end
    if(sum(RandomSuspectContactParameters[j])==1){ # If in the parameter matrix we have (1,0,0)
      Values <- t(RandomSuspectContactParameters[j])
    }
    else {
      Values <- rdirichlet(1,as.vector(t(RandomSuspectContactParameters[j])))
      Values <- c(Values, 1-Values)
    }
    SuspectContact_table$Freq[a:b]<- Values
  }
  set.table(BN, "Suspect_contact", SuspectContact_table)
} # Otherwise we don't update the parameters (when the call is "NA")

```

Dealing with Match probabilities

```

if(sum(is(Log10RMPlow)==c("numeric", "vector"))==2){
  mp1 <- RandomRMP1[j] # Match probability for low quantity of DNA
  mp2 <- RandomRMP2[j]/offsetMP # Match probability for high quantity of DNA
  RMP_Contamination$Freq[3] <- mp1
  RMP_Contamination$Freq[4] <- 1-mp1
  RMP_Contamination$Freq[5] <- mp2
  RMP_Contamination$Freq[6] <- 1-mp2
  RMP_Contamination$Freq[7] <- mp2
  RMP_Contamination$Freq[8] <- 1-mp2
  set.table(BN, "Contamination_RMP", RMP_Contamination)

```

```

RMP_Background$Freq[3] <- mp1
RMP_Background$Freq[4] <- 1-mp1
RMP_Background$Freq[5] <- mp2
RMP_Background$Freq[6] <- 1-mp2
RMP_Background$Freq[7] <- mp2
RMP_Background$Freq[8] <- 1-mp2

```

```
set.table(BN, "Background_RMP", RMP_Background)
```

```
RMP_Auteur$Freq[3] <- mp1
RMP_Auteur$Freq[4] <- 1-mp1
RMP_Auteur$Freq[5] <- mp1
RMP_Auteur$Freq[6] <- 1-mp1
RMP_Auteur$Freq[7] <- mp2
RMP_Auteur$Freq[8] <- 1-mp2
RMP_Auteur$Freq[9] <- mp2
RMP_Auteur$Freq[10] <- 1-mp2
RMP_Auteur$Freq[11] <- mp2
RMP_Auteur$Freq[12] <- 1-mp2
RMP_Auteur$Freq[13] <- mp2
RMP_Auteur$Freq[14] <- 1-mp2
RMP_Auteur$Freq[15] <- mp2
RMP_Auteur$Freq[16] <- 1-mp2
set.table(BN, "Auteur_RMP", RMP_Auteur)
```

```
RMP_Victime$Freq[3] <- mp1
RMP_Victime$Freq[4] <- 1-mp1
RMP_Victime$Freq[5] <- mp1
RMP_Victime$Freq[6] <- 1-mp1
RMP_Victime$Freq[7] <- mp2
RMP_Victime$Freq[8] <- 1-mp2
RMP_Victime$Freq[9] <- mp2
RMP_Victime$Freq[10] <- 1-mp2
RMP_Victime$Freq[11] <- mp2
RMP_Victime$Freq[12] <- 1-mp2
RMP_Victime$Freq[13] <- mp2
RMP_Victime$Freq[14] <- 1-mp2
RMP_Victime$Freq[15] <- mp2
RMP_Victime$Freq[16] <- 1-mp2
set.table(BN, "Victime_RMP", RMP_Victime)
}
```

```
# We move into the setting of propositions and evidence
```

```
# Dealing with the choice of zone (k in 1:6)
```

```
for (k in 1:6){
  Zone = k
  set.finding(BN,"Hypotheses", "Oui, S a volé le véhicule") # Set Hp = true
  set.finding(BN,"Activite_zone_prelevement", Zones[Zone])
  set.finding(BN,"Victime_zone_prelevement", Zones[Zone])
  set.finding(BN,"Background_zone_prelevement", Zones[Zone]) # Set the Zone of sampling if ≠0

  propagate(BN)
  Prob_Results_DNA_Hp <- get.belief(BN, "Resultats")

  set.finding(BN,"Hypotheses", ChoiceOfPropositions[DefenceProposition]) # Set Hd
  propagate(BN)

  Prob_Results_DNA_Hd <- get.belief(BN, "Resultats")
  rownumber_for_results <- ((6*)-6)+k # To set the rownumber of the results matrix at the appropriate number given i and k
  SimuLR[rownumber_for_results,] <- Prob_Results_DNA_Hp/Prob_Results_DNA_Hd
  MP1Used[rownumber_for_results,] <- RMP_Contamination$Freq[3] # Equal to mp1
  ZoneName <- paste(Zones[k])
  ZoneUsed[rownumber_for_results,] <- ZoneName
}
```

```

    }
  }
  SimuLR <- list(LR=SimuLR, MP1=MP1Used, DefProp=PropUsed, Zone=ZoneUsed)
  SimuLR # Output of the function
}

RunMultipleSimulations4 <- function (BN, Log10RMPlow="NA", NumberOfSimulations=NumberOfSimu,
  ContaminationParameters="NA",
  QualityParameters="NA",
  TransferParameters="NA",
  BackgroundParameters="NA",
  RandomVictimContactParameters="NA",
  RandomAuteurContactParameters="NA",
  RandomSuspectContactParameters="NA",
  LossActivityParameters="NA",
  LossLightParameters="NA",
  LossTempParameters="NA",
  offsetMP=OffsetRMP) {

Results <- list()
sim2 <- SimulateLR7(BN, Log10RMPlow=Log10RMPlow, DefenceProposition=2, NumberOfSimulations=NumberOfSimulations,
  ContaminationParameters=ContaminationParameters,
  QualityParameters=QualityParameters,
  TransferParameters=TransferParameters,
  BackgroundParameters=BackgroundParameters,
  RandomVictimContactParameters=RandomVictimContactParameters,
  RandomAuteurContactParameters=RandomAuteurContactParameters,
  RandomSuspectContactParameters=RandomSuspectContactParameters,
  LossActivityParameters=LossActivityParameters,
  LossLightParameters=LossLightParameters,
  LossTempParameters=LossTempParameters,
  offsetMP=1000)

sim3 <- SimulateLR7(BN, Log10RMPlow=Log10RMPlow, DefenceProposition=3, NumberOfSimulations=NumberOfSimulations,
  ContaminationParameters=ContaminationParameters,
  QualityParameters=QualityParameters,
  TransferParameters=TransferParameters,
  BackgroundParameters=BackgroundParameters,
  RandomVictimContactParameters=RandomVictimContactParameters,
  RandomAuteurContactParameters=RandomAuteurContactParameters,
  RandomSuspectContactParameters=RandomSuspectContactParameters,
  LossActivityParameters=LossActivityParameters,
  LossLightParameters=LossLightParameters,
  LossTempParameters=LossTempParameters,
  offsetMP=1000)

sim4 <- SimulateLR7(BN, Log10RMPlow=Log10RMPlow, DefenceProposition=4, NumberOfSimulations=NumberOfSimulations,
  ContaminationParameters=ContaminationParameters,
  QualityParameters=QualityParameters,
  TransferParameters=TransferParameters,
  BackgroundParameters=BackgroundParameters,
  RandomVictimContactParameters=RandomVictimContactParameters,
  RandomAuteurContactParameters=RandomAuteurContactParameters,
  RandomSuspectContactParameters=RandomSuspectContactParameters,

```

```

    LossActivityParameters=LossActivityParameters,
    LossLightParameters=LossLightParameters,
    LossTempParameters=LossTempParameters,
    offsetMP=1000)

sim5 <- SimulateLR7(BN, Log10RMPlow=Log10RMPlow, DefenceProposition=5, NumberOfSimulations=NumberOfSimulations,
    ContaminationParameters=ContaminationParameters,
    QualityParameters=QualityParameters,
    TransferParameters=TransferParameters,
    BackgroundParameters=BackgroundParameters,
    RandomVictimContactParameters=RandomVictimContactParameters,
    RandomAuteurContactParameters=RandomAuteurContactParameters,
    RandomSuspectContactParameters=RandomSuspectContactParameters,
    LossActivityParameters=LossActivityParameters,
    LossLightParameters=LossLightParameters,
    LossTempParameters=LossTempParameters,
    offsetMP=1000)

Results <- mapply(rbind, sim2, sim3, sim4, sim5, SIMPLIFY=FALSE) # To concatenate the outputs but
keeping the list format
Results
}

PlotResults4_LR <- function(BN, Data, FontSize=6, minlog10LR=-3, maxlog10LR=5,fatten_value=0,Box-
Colour="black") {
  DataforPlot <- data.frame(Data$LR, Data$DefProp, Data$MP1, Data$Zone)
  names(DataforPlot) <- c(get.states(BN,"Resultats"),"DefProp", "MP1","Zone")
  Names <- names(DataforPlot)
  DataforPlot$DefProp <- as.factor(DataforPlot$DefProp) # To have Hd as factors
  DataforPlot$Zone <- as.factor(DataforPlot$Zone) # Idem for Zone
  levels(DataforPlot$DefProp) <- c("H2 = Conducteur légitime", "H3 = Passager légitime", "H4 = Jamais
dans véhicule", "H5 = Jamais dans véhicule, mais transfert indirect") # To adapt the legend to be shorter
  theme_set(theme_bw(24))
  p1 <- list() #H2
  p2 <- list() #H3
  p3 <- list() #H4
  p4 <- list() #H5

  for (i in 1:8){
    dataPlot <- data.frame(DataforPlot[,i], DataforPlot$DefProp, DataforPlot$MP1, DataforPlot$Zone)
    names(dataPlot) <- c("LR","DefProp", "MP1","Zone")
    dataPlot <- dataPlot[dataPlot$DefProp=="H2 = Conducteur légitime",]
    p1[[i]] <- ggplot(aes(y = log10(LR), x = Zone), data = dataPlot) + geom_boxplot(outlier.size=1,
      outlier.colour = NULL,
      show_guide = FALSE,
      fatten=fatten_value,
      colour=BoxColour,
      fill=BoxColour,lwd=1)

    # FALSE to remove the legend, color is dealing with the color of borders of boxplots and outliers
    p1[[i]] <- p1[[i]] + geom_hline(yintercept = 0, size=0.5, linetype=3)
    p1[[i]] <- p1[[i]] + coord_flip() # To put LR on horizontal axis
    p1[[i]] <- p1[[i]] + scale_y_continuous(name="Log10(LR)", limits = c(minlog10LR, maxlog10LR), breaks =
minlog10LR:maxlog10LR) # Specify range and ticks on yaxis
    p1[[i]] <- p1[[i]] + scale_x_discrete(name="H2 = Conducteur légitime\n")
    p1[[i]] <- p1[[i]] + ggtitle(paste("Res: ",names(DataforPlot)[i],"\n"))
    p1[[i]] <- p1[[i]] + theme(axis.text=element_text(size=FontSize),

```

```

        axis.title=element_text(size=FontSize+2), plot.title=element_text(size=FontSize))
    p1[[i]] <- p1[[i]] + geom_vline(xintercept=c(1.5,2.5,3.5,4.5,5.5),linetype = "longdash",colour="grey")
  }

for (i in 1:8){
  dataPlot <- data.frame(DataforPlot[,i], DataforPlot$DefProp, DataforPlot$MP1, DataforPlot$Zone)
  names(dataPlot) <- c("LR","DefProp", "MP1","Zone")
  dataPlot <- dataPlot[dataPlot$DefProp=="H3 = Passager légitime",]
  p2[[i]] <- ggplot(aes(y = log10(LR), x = Zone), data = dataPlot) + geom_boxplot(outlier.size=1,
    outlier.colour = NULL,
    show_guide = FALSE,
    fatten=fatten_value,
    colour=BoxColour,
    fill=BoxColour,lwd=1)

  # FALSE to remove the legend, color is dealing with the color of borders of boxplots and outliers
  p2[[i]] <- p2[[i]] + geom_hline(yintercept = 0, size=0.5, linetype=3)
  p2[[i]] <- p2[[i]] + coord_flip() # To put LR on horizontal axis
  p2[[i]] <- p2[[i]] + scale_y_continuous(name="Log10(LR)", limits = c(minlog10LR, maxlog10LR), breaks =
  minlog10LR:maxlog10LR) # Specify range and ticks on yaxis
  p2[[i]] <- p2[[i]] + scale_x_discrete(name="H3 = Passager légitime\n")
  p2[[i]] <- p2[[i]] + ggtitle(paste("Res: ", names(DataforPlot)[i],"\n"))
  p2[[i]] <- p2[[i]] + theme(axis.text=element_text(size=FontSize),
    axis.title=element_text(size=FontSize+2), plot.title=element_text(size=FontSize))
  p2[[i]] <- p2[[i]] + geom_vline(xintercept=c(1.5,2.5,3.5,4.5,5.5),linetype = "longdash",colour="grey")
}

for (i in 1:8){
  dataPlot <- data.frame(DataforPlot[,i], DataforPlot$DefProp, DataforPlot$MP1, DataforPlot$Zone)
  names(dataPlot) <- c("LR","DefProp", "MP1","Zone")
  dataPlot <- dataPlot[dataPlot$DefProp=="H4 = Jamais dans véhicule",]
  p3[[i]] <- ggplot(aes(y = log10(LR), x = Zone), data = dataPlot) + geom_boxplot(outlier.size=1,
    outlier.colour = NULL,
    show_guide = FALSE,
    fatten=fatten_value,
    colour=BoxColour,
    fill=BoxColour, lwd=1)

  # FALSE to remove the legend, color is dealing with the color of borders of boxplots and outliers
  p3[[i]] <- p3[[i]] + geom_hline(yintercept = 0, size=0.5, linetype=3)
  p3[[i]] <- p3[[i]] + coord_flip() # To put LR on horizontal axis
  p3[[i]] <- p3[[i]] + scale_y_continuous(name="Log10(LR)", limits = c(minlog10LR, maxlog10LR), breaks =
  minlog10LR:maxlog10LR) # Specify range and ticks on yaxis
  p3[[i]] <- p3[[i]] + scale_x_discrete(name="H4 = Jamais dans le véhicule\n")
  p3[[i]] <- p3[[i]] + ggtitle(paste("Res: ", names(DataforPlot)[i],"\n"))
  p3[[i]] <- p3[[i]] + theme(axis.text=element_text(size=FontSize),
    axis.title=element_text(size=FontSize+2), plot.title=element_text(size=FontSize))
  p3[[i]] <- p3[[i]] + geom_vline(xintercept=c(1.5,2.5,3.5,4.5,5.5),linetype = "longdash",colour="grey")
}

for (i in 1:8){
  dataPlot <- data.frame(DataforPlot[,i], DataforPlot$DefProp, DataforPlot$MP1, DataforPlot$Zone)
  names(dataPlot) <- c("LR","DefProp", "MP1","Zone")
  dataPlot <- dataPlot[dataPlot$DefProp=="H5 = Jamais dans véhicule, mais transfert indirect",]
  p4[[i]] <- ggplot(aes(y = log10(LR), x = Zone), data = dataPlot) + geom_boxplot(outlier.size=1,
    outlier.colour = NULL,
    show_guide = FALSE,
    fatten=fatten_value,
    colour=BoxColour,
    fill=BoxColour,lwd=1)
}

```

```

# FALSE to remove the legend, color is dealing with the color of borders of boxplots and outliers
p4[[i]] <- p4[[i]] + geom_hline(yintercept = 0, size=0.5, linetype=3)
p4[[i]] <- p4[[i]] + coord_flip() # To put LR on horizontal axis
p4[[i]] <- p4[[i]] + scale_y_continuous(name="Log10(LR)", limits = c(minlog10LR, maxlog10LR), breaks =
minlog10LR:maxlog10LR) # Specify range and ticks on yaxis
p4[[i]] <- p4[[i]] + scale_x_discrete(name="H5 = Jamais dans véhicule, mais transfer indirect\n")
p4[[i]] <- p4[[i]] + ggtitle(paste("Res: ", names(DataforPlot)[i], "\n"))
p4[[i]] <- p4[[i]] + theme(axis.text=element_text(size=FontSize),
axis.title=element_text(size=FontSize+2), plot.title=element_text(size=FontSize))
p4[[i]] <- p4[[i]] + geom_vline(xintercept=c(1.5,2.5,3.5,4.5,5.5),linetype = "longdash",colour="grey")
}
return(list(p1,p2,p3,p4))
}

```

Function called to compile the results (within the function CompileResultsFromSetsOfSimulation)

```

SummaryStatisticsResults <- function(BN, Data) {
# Preparation of the data
DataforSummary <- data.frame(Data$LR, Data$DefProp, Data$MP1, Data$Zone)
names(DataforSummary) <- c(get.states(BN, "Resultats"), "DefProp", "MP1", "Zone")
DataforSummary$DefProp <- as.factor(DataforSummary$DefProp) # To have Hp1 to Hp4 as factors
DataforSummary$Zone <- as.factor(DataforSummary$Zone) # Idem for Case
levels(DataforSummary$DefProp) <- c("H2", "H3", "H4", "H5") # To adapt the legend to be shorter
levels(DataforSummary$Zone) <- paste("Zone_", c(1:6)) # To adapt the legend for zones to be shorter
Results <- list() # We will create on object in the list per outcome
for (i in 1:8){
DataforSummary_per_outcome <- data.frame(DataforSummary[,i], DataforSummary$DefProp, Datafor-
Summary$MP1, DataforSummary$Zone)
names(DataforSummary_per_outcome) <- c("LR", "DefProp", "MP1", "Zone")
temp1 <- ddply(DataforSummary_per_outcome, c("DefProp", "Zone"), function(x) summary(x[,1])) # Re-
quire the ply library
temp2 <- ddply(DataforSummary_per_outcome, c("DefProp", "Zone"), function(x) IQR(x[,1])) # To get
IQR, will be given in temp2$V1
names(temp2) <- names(temp2) <- c("DefProp", "Zone", "IQR")
temp <- cbind(temp1,temp2$IQR)
names(temp) <- c("DefProp", "Zone", "Min.", "1st Qu.", "Median", "Mean", "3rd Qu.", "Max.", "IQR")
Results[[i]] <- temp
}
return(Results)
}

```

```

CompileResultsFromSetsOfSimulation <- function (BN, DatasetsNames) {

```

```

nbObjects <- length(DatasetsNames)
Res1 <- get(DatasetsNames[1], envir = parent.env(environment())) # To obtain the content of the object
corresponding to DatasetsNames[j] in the global env.
Results <- SummaryStatisticsResults(BN, Res1) # To get the first structure
SimulationName <- rep(DatasetsNames[1], nrow(Results[[1]])) # To add a column with the simulation
name (so we can sort them)

```

We put the name of the results as a additional column (to be used as a factor later)

```

for (j in 1:8){
Results[[j]] <- cbind(Results[[j]], SimulationName)
}

```

```

for (i in 2:nbObjects){
Res2 <- get(DatasetsNames[i], envir = parent.env(environment())) # To obtain the content of the object
corresponding to DatasetsNames[j] in the global env.

```

```

IndividualResults2 <- SummaryStatisticsResults(BN, Res2) # To get the first structure
SimulationName <- rep(DatasetsNames[i],nrow(IndividualResults2[[1]]))
for (j in 1:8){
  IndividualResults2[[j]] <-cbind(IndividualResults2[[j]], SimulationName)
}
Results <- mapply(rbind, Results, IndividualResults2, SIMPLIFY=FALSE)
}
Results
}

PlotResults4_SummaryStat_median <- function(BN, DataSummary, FontSize=7, DotSize=3, show_guide
= FALSE) {
  theme_set(theme_bw(24))
  Names_outcome <- get.states(BN,"Resultats")
  p1 <- list()
  for (i in 1:8){ # For each outcome
    dataPlot <- DataSummary[[i]]
    # When we carried out simulations, the defense propositions were named Hd1 to Hd4
    # After the viva, it was decided to change these labels in H2 to H5
    # We do it here at the plot level
    levels(dataPlot$DefProp) <- c("H2","H3","H4","H5")
    p1[[i]] <- ggplot(aes(y = log10(Median), x = SimulationName, color=Zone), data = dataPlot)
    p1[[i]] <- p1[[i]] + geom_jitter(size= DotSize, show_guide = show_guide, position = position_jitter(w =
0.2, h = 0), alpha=0.7)
    p1[[i]] <- p1[[i]] + scale_y_continuous(name="log10 des médianes des LR\n") # Specify the name on
yaxis
    p1[[i]] <- p1[[i]] + scale_x_discrete(name="\nNom du run de simulations")
    p1[[i]] <- p1[[i]] + ggtitle(paste("Res: ", Names_outcome[i],"\n"))
    p1[[i]] <- p1[[i]] + theme(axis.text=element_text(size=FontSize),
axis.title=element_text(size=FontSize),
plot.title=element_text(size=FontSize),
legend.title=element_blank(),
legend.text=element_text(size=FontSize))
    p1[[i]] <- p1[[i]] + facet_grid(DefProp ~ .) + theme(strip.text.x = element_text(size = FontSize),
strip.text.y = element_text(size = FontSize),
strip.background = element_rect(colour = "#707070", fill = "#f3f3f3"))
  }
  return(p1)
}

PlotResults4_SummaryStat_IQR <- function(BN, DataSummary, FontSize=7, DotSize=3, show_guide =
FALSE) {
  theme_set(theme_bw(24))
  Names_outcome <- get.states(BN,"Resultats")
  p1 <- list()
  for (i in 1:8){ # For each outcome
    dataPlot <- DataSummary[[i]]
    # When we carried out simulations, the defense propositions were named Hd1 to Hd4
    # After the viva, it was decided to change these labels in H2 to H5
    # We do it here at the plot level
    levels(dataPlot$DefProp) <- c("H2","H3","H4","H5")
    p1[[i]] <- ggplot(aes(y = IQR/Median, x = SimulationName, color=Zone), data = dataPlot)
    p1[[i]] <- p1[[i]] + geom_jitter(size= DotSize, show_guide = show_guide, position = position_jitter(w =
0.2, h = 0),alpha=0.7)
    p1[[i]] <- p1[[i]] + scale_y_continuous(name="Ecart interquartile / médiane\n") # Specify the name on
yaxis
    p1[[i]] <- p1[[i]] + scale_x_discrete(name="\nNom du run de simulations")
    p1[[i]] <- p1[[i]] + ggtitle(paste("Res: ", Names_outcome[i],"\n"))
  }
}

```

```

p1[[i]] <- p1[[i]] + theme(axis.text=element_text(size=FontSize),
                          axis.title=element_text(size=FontSize),
                          plot.title=element_text(size=FontSize),
                          legend.title=element_blank(),
                          legend.text=element_text(size=FontSize))
p1[[i]] <- p1[[i]] + facet_grid(DefProp ~ .) + theme(strip.text.x = element_text(size = FontSize),
                                                    strip.text.y = element_text(size = FontSize),
                                                    strip.background = element_rect(colour = "#707070", fill = "#f3f3f3"))
}
return(p1)
}

PlotResults_Simu <- function(BN, Data, FontSize=6, minlog10LR=-3, maxlog10LR=5) {
  DataforPlot <- Data
  names(DataforPlot) <- c(get.states(BN,"Resultats"),"MP1", "DefProp","Zone", "sim")
  Names <- names(DataforPlot)
  DataforPlot$DefProp <- as.factor(DataforPlot$DefProp) # To have Hd as factors
  DataforPlot$Zone <- as.factor(DataforPlot$Zone) # Idem for Zone
  DataforPlot$sim <- as.factor(DataforPlot$sim) # Idem for sim
  levels(DataforPlot$DefProp) <- c("H2 = Conducteur légitime", "H3 = Passager légitime", "H4 = Jamais
dans le véhicule, mais transfert indirect", "H5 = Jamais dans le véhicule") # To adapt the legend to be
shorter
  theme_set(theme_bw(24))
  p1 <- list() #H2
  p2 <- list() #H3
  p3 <- list() #H4
  p4 <- list() #H5

  for (i in 1:8){
    dataPlot <- data.frame(DataforPlot[,i], DataforPlot$DefProp, DataforPlot$MP1, DataforPlot$Zone, Data-
forPlot$sim)
    names(dataPlot) <- c("LR","DefProp", "MP1","Zone", "sim")
    dataPlot <- dataPlot[dataPlot$DefProp=="H2 = Conducteur légitime",]
    p1[[i]] <- ggplot(aes(y = log10(LR), x = Zone, fill = sim, color = sim), data = dataPlot) +
geom_boxplot(outlier.size=0.5, outlier.colour = NULL, show_guide = TRUE) # FALSE to remove the
legend, color is dealing with the color of borders of boxplots and outliers
    p1[[i]] <- p1[[i]] + coord_flip() # To put LR on horizontal axis
    p1[[i]] <- p1[[i]] + scale_y_continuous(name="Log10(LR)", limits = c(minlog10LR, maxlog10LR), breaks =
minlog10LR:maxlog10LR) # Specify range and ticks on yaxis
    p1[[i]] <- p1[[i]] + scale_x_discrete(name="H2 = Conducteur légitime\n")
    p1[[i]] <- p1[[i]] + ggtitle(paste("Res: ", names(DataforPlot)[i],"\n"))
    p1[[i]] <- p1[[i]] + theme(axis.text=element_text(size=FontSize),
                              axis.title=element_text(size=FontSize+2),
                              plot.title=element_text(size=FontSize),
                              legend.title=element_blank(),
                              legend.text=element_text(size=FontSize),
                              legend.position = "bottom")
    p1[[i]] <- p1[[i]] + geom_vline(xintercept=c(1.5,2.5,3.5,4.5,5.5),linetype = "longdash",colour="grey")
  }
  for (i in 1:8){
    dataPlot <- data.frame(DataforPlot[,i], DataforPlot$DefProp, DataforPlot$MP1, DataforPlot$Zone, Data-
forPlot$sim)
    names(dataPlot) <- c("LR","DefProp", "MP1","Zone", "sim")
    dataPlot <- dataPlot[dataPlot$DefProp=="H3 = Passager légitime",]
    p2[[i]] <- ggplot(aes(y = log10(LR), x = Zone, fill = sim, color = sim), data = dataPlot) +
geom_boxplot(outlier.size=0.5, outlier.colour = NULL, show_guide = TRUE) # FALSE to remove the
legend, color is dealing with the color of borders of boxplots and outliers
    p2[[i]] <- p2[[i]] + coord_flip() # To put LR on horizontal axis
  }
}

```

```

p2[[i]] <- p2[[i]] + scale_y_continuous(name="Log10(LR)", limits = c(minlog10LR, maxlog10LR), breaks =
minlog10LR:maxlog10LR) # Specify range and ticks on yaxis
p2[[i]] <- p2[[i]] + scale_x_discrete(name="H3 = Passager légitime\n")
p2[[i]] <- p2[[i]] + ggtitle(paste("Res: ", names(DataforPlot)[i], "\n"))
p2[[i]] <- p2[[i]] + theme(axis.text=element_text(size=FontSize),
axis.title=element_text(size=FontSize+2),
plot.title=element_text(size=FontSize),
legend.title=element_blank(),
legend.text=element_text(size=FontSize),
legend.position = "bottom")
p2[[i]] <- p2[[i]] + geom_vline(xintercept=c(1.5,2.5,3.5,4.5,5.5),linetype = "longdash",colour="grey")
}
for (i in 1:8){
dataPlot <- data.frame(DataforPlot[,i], DataforPlot$DefProp, DataforPlot$MP1, DataforPlot$Zone, Data-
forPlot$sim)
names(dataPlot) <- c("LR", "DefProp", "MP1", "Zone", "sim")
dataPlot <- dataPlot[dataPlot$DefProp=="H4 = Jamais dans le véhicule, mais transfer indirect",]
p3[[i]] <- ggplot(aes(y = log10(LR), x = Zone, fill = sim, color = sim), data = dataPlot) +
geom_boxplot(outlier.size=0.5, outlier.colour = NULL, show_guide = TRUE) # FALSE to remove the
legend, color is dealing with the color of borders of boxplots and outliers
p3[[i]] <- p3[[i]] + coord_flip() # To put LR on horizontal axis
p3[[i]] <- p3[[i]] + scale_y_continuous(name="Log10(LR)", limits = c(minlog10LR, maxlog10LR), breaks =
minlog10LR:maxlog10LR) # Specify range and ticks on yaxis
p3[[i]] <- p3[[i]] + scale_x_discrete(name="H4 = Jamais dans le véhicule, mais transfer indirect\n")
p3[[i]] <- p3[[i]] + ggtitle(paste("Res: ", names(DataforPlot)[i], "\n"))
p3[[i]] <- p3[[i]] + theme(axis.text=element_text(size=FontSize),
axis.title=element_text(size=FontSize+2),
plot.title=element_text(size=FontSize),
legend.title=element_blank(),
legend.text=element_text(size=FontSize),
legend.position = "bottom")
p3[[i]] <- p3[[i]] + geom_vline(xintercept=c(1.5,2.5,3.5,4.5,5.5),linetype = "longdash",colour="grey")
}
for (i in 1:8){
dataPlot <- data.frame(DataforPlot[,i], DataforPlot$DefProp, DataforPlot$MP1, DataforPlot$Zone, Data-
forPlot$sim)
names(dataPlot) <- c("LR", "DefProp", "MP1", "Zone", "sim")
dataPlot <- dataPlot[dataPlot$DefProp=="H5 = Jamais dans le véhicule",]
p4[[i]] <- ggplot(aes(y = log10(LR), x = Zone, fill = sim, color = sim), data = dataPlot) +
geom_boxplot(outlier.size=0.5, outlier.colour = NULL, show_guide = TRUE) # FALSE to remove the
legend, color is dealing with the color of borders of boxplots and outliers
p4[[i]] <- p4[[i]] + coord_flip() # To put LR on horizontal axis
p4[[i]] <- p4[[i]] + scale_y_continuous(name="Log10(LR)", limits = c(minlog10LR, maxlog10LR), breaks =
minlog10LR:maxlog10LR) # Specify range and ticks on yaxis
p4[[i]] <- p4[[i]] + scale_x_discrete(name="H5 = Jamais dans le véhicule\n")
p4[[i]] <- p4[[i]] + ggtitle(paste("Res: ", names(DataforPlot)[i], "\n"))
p4[[i]] <- p4[[i]] + theme(axis.text=element_text(size=FontSize),
axis.title=element_text(size=FontSize+2),
plot.title=element_text(size=FontSize),
legend.title=element_blank(),
legend.text=element_text(size=FontSize),
legend.position = "bottom")
p4[[i]] <- p4[[i]] + geom_vline(xintercept=c(1.5,2.5,3.5,4.5,5.5),linetype = "longdash",colour="grey")
}
}
return(list(p1,p2,p3,p4))
}

```

```

PlotResults4_LR_Outcome <- function (SelectedOutcome,data,

```

```

        FontSize=12,
        minlog10LR=-1, maxlog10LR=1,
        fatten_value=0, BoxColour=BoxColour_1){

plot1 <- PlotResults4_LR(DNAinCar, data, FontSize=FontSize,
        minlog10LR=minlog10LR, maxlog10LR=maxlog10LR,
        fatten_value=fatten_value, BoxColour=BoxColour)

p <- c(plot1[[1]][SelectedOutcome],
        plot1[[2]][SelectedOutcome],
        plot1[[3]][SelectedOutcome],
        plot1[[4]][SelectedOutcome])

do.call(grid.arrange,p)
}

PlotResults_Simu_Outcome <- function(SelectedOutcome,data,
        FontSize=12,
        minlog10LR=-1, maxlog10LR=1){

pRes <- PlotResults_Simu(DNAinCar, data, FontSize=FontSize, minlog10LR=minlog10LR,
        maxlog10LR=maxlog10LR)
p <- c(pRes[[1]][SelectedOutcome],pRes[[2]][SelectedOutcome],
        pRes[[3]][SelectedOutcome],pRes[[4]][SelectedOutcome])
do.call(grid.arrange,p)

}

```

LossActivityParameters

1	3	1	1
0	14	0	1
0	1	0	9
0	1	0	8

LossLightParameters

1	4	1	4
0	3	0	2
0	1	0	2
0	1	0	1

LossTempParameters

1	4	1	38	11	1	1	3	1	23	12	1
4	3	0	4	14	1	4	4	0	11	4	1
3	1	0	1	14	5	3	1	0	9	17	1
1	1	0	1	5	2	1	1	0	1	11	6

RandomContactSuspectParameters

17	17	17	1	1	1	17	17	17	1	1	1	12	1	9	2	1	6
1	31	7	0	0	0	1	31	7	0	0	0	289	302	293	300	301	296

RandomContactAuteurParameters

0	0	0	0	0	0	17	17	17	1	1	1	17	17	17	1	1	1	17	17	17	1	1	1						
1	1	1	1	1	1	1	31	7	0	0	0	1	31	7	0	0	0	1	31	7	0	0	0	1	31	7	0	0	0

RandomContactVictimParameters

17	17	17
1	31	7