

aient surtout révélé l'à-peu-près et les préjugés racistes du système judiciaire américain comptait peu : ce qui en ressortait, c'est que l'ADN devenait la méthode irréfutable pour accuser ou innocenter un suspect.

On en arrive ainsi à cette situation où la présence de l'ADN dans un dossier devient un argument définitif, alors même que dans bien des cas une analyse ADN n'apprend rien, ou presque, sur les faits. Les premières analyses ADN nécessitaient le recueil de traces biologiques importantes, et qui plus est provenant de liquides corporels très spécifiques, et qu'on ne laisse généralement pas derrière soit dans n'importe quelle circonstance, tels que le sang ou le sperme. Cette époque est révolue. À présent, grâce à une technique d'amplification de l'ADN, quelques cellules laissées par la peau ou la salive suffisent. Autrement dit, le simple contact entre la main et un objet ou entre les lèvres et un verre, ou encore un éternuement au-dessus d'une surface quelconque, et un nombre infini d'autres gestes anodins, sont autant d'occasions, pour chaque individu, de répandre autour de lui des masses considérables de son ADN. Dès lors, il sera toujours possible de retrouver ces traces sur un nombre infini d'objets. Mais, comme cela s'est vu dans un dossier récent, que peuvent nous apprendre par exemple des traces ADN relevées sur un bout de pizza abandonné, sinon que quelqu'un a mangé de la pizza ? Qu'ensuite on affirme que celui qui a mangé cette pizza est la même personne qui, le même jour et au même endroit, a organisé une attaque contre une voiture de police, voilà le genre de raisonnement qui n'a strictement rien de scientifique. Il s'agit bien plutôt ici de la technique dite du « faisceau de présomptions » qui permet au juge, à partir de l'impression que laisse sur son esprit une série de faits plus ou moins significatifs et de suppositions plus ou moins fondées, de se faire une opinion. Mais la présence de l'ADN et l'impression de scientificité qui s'attache à cette technique aura permis de gommer cet aspect très subjectif de la prise de décision du tribunal, et de substituer à la « conviction » du magistrat l'apparence de l'irréfutabilité de la preuve scientifique.

Retrouvez ce texte et d'autres sur [HTTP://ADN.INTERNETDOWN.ORG](http://ADN.INTERNETDOWN.ORG)

L'APPARENCE DE LA CERTITUDE

L'ADN COMME « PREUVE » SCIENTIFIQUE ET JUDICIAIRE

Juillet 2009. Paru sur ACTUJURIDIQUE.COM

L'ADN À DES FINS POLICIÈRES, c'est d'abord un marché concurrentiel, avec ses fournisseurs, les labos publics et privés (et leur *must*, la start-up privée nichée dans une structure publique et financée par une aide de l'État), et ses clients, les services de police et les juridictions d'instruction. C'est ensuite un fichier de masse, alimenté à marche forcée avec l'ADN de toute personne suspectée d'à peu près n'importe quelle infraction, à l'exception notable des délits financiers. C'est enfin, aussi bien dans l'esprit du public que dans celui des professionnels, la nouvelle *reine des preuves*, l'image même de l'argument irréfutable et définitif en faveur de l'innocence ou de la culpabilité des personnes mises en cause dans des procédures judiciaires.

Les textes qui se sont attachés à la critique de l'ADN policier ont beaucoup insisté sur les deux premiers points mais se sont tenus à l'écart du troisième : on a rarement rappelé le fait que la preuve par l'ADN n'est, tout simplement, pas infaillible. Il y a, à cela, une raison évidente. En venant contester la valeur technique de la preuve par l'ADN, on se place sur le même terrain que la science et la justice. On paraît admettre que, si la preuve par l'ADN pouvait être absolument fiable, il n'y aurait plus de raison de la contester. On semble réduire la critique de l'ADN à une querelle d'expertise au lieu de la replacer dans le contexte plus global de la critique radicale de la science et de la justice en tant qu'auxiliaires de la domination capitaliste.

Mais, d'un autre côté, peut-on désertier entièrement le terrain que se sont choisi la science et la justice pour se donner ainsi une apparence d'infaillibilité ? Refuser d'entrer dans ce débat, c'est paraître entériner le discours dominant sur l'irréfutabilité de la preuve ADN. Le but de ce texte est donc de porter l'attaque sur cet aspect des choses sans pour autant l'isoler d'une critique plus générale :

l'exploration du terrain de la preuve scientifique et judiciaire sera un moyen de jeter une lumière crue sur le fonctionnement de la justice et de la science combinées pour mieux servir la répression.

Le postulat de la reconnaissance par l'ADN

L'IDÉE DE LA RECONNAISSANCE D'UN INDIVIDU par son ADN repose sur un postulat : que l'ADN, un composant de la cellule porteur du programme génétique de tout être vivant, soit absolument spécifique à un individu donné, qu'il soit le même dans toutes les cellules du corps de cet individu, c'est-à-dire qu'il ne se modifie pas d'une cellule à une autre, et enfin qu'il ne soit pas affecté par des phénomènes tels que le vieillissement ou la maladie. C'est cet ensemble de conditions qui rend possible d'attribuer un prélèvement biologique, c'est-à-dire le recueil d'un certain nombre de cellules détachées du corps d'un individu, à une personne et à une seule. Si l'ADN se modifie au cours des accidents de la vie, si l'ADN change d'une cellule à une autre, si deux personnes peuvent être porteuses du même ADN, il va de soi que c'est la technique de l'identification par l'ADN tout entière qui risque de manquer de fiabilité.

Remarquons pourtant que ce postulat de départ ne peut pas, en toute rigueur, être considéré comme juste. Deux individus peuvent par hypothèse posséder le même patrimoine génétique : ce sont les jumeaux dits « homozygotes ». D'autre part, des phénomènes de mutations spontanées modifient fréquemment l'ADN contenu dans une cellule, de sorte que celui-ci possède d'infimes différences avec l'ADN des autres cellules du corps. Ces différences sont aussi induites par des phénomènes constants d'altération de l'ADN : rien qu'en fumant, les radicaux hydroxyles qui s'intercalent dans l'ADN de certaines cellules de la bouche installent une certaine variabilité de celui-ci. L'ADN des cellules qui composent les cheveux commence à se dégrader naturellement avant même qu'ils ne tombent de la tête (à tel point que les scientifiques ne pourraient jurer que cent cheveux issus de la même personne donneraient obligatoirement cent fois le même profil ADN si on les analysait tous un par un). Enfin, différentes maladies mais aussi différents traitements, comme la greffe de moelle osseuse, peuvent conduire au même résultat.

Au total, l'idée que chaque cellule du corps d'un individu contiendrait un ADN absolument identique à celui de toutes les autres est tout simplement une idée fautive. On peut cependant penser que si les analyses ADN se font à partir d'un nombre significatif de cellules, ces éventuelles différences s'estomperont et qu'apparaîtra une sorte de profil moyen de l'ADN de l'individu considéré. Mais il convient de noter que les analyses ADN actuelles reposent souvent sur une tech-

que l'expertise devant le tribunal ne pourra être contestée que par une autre expertise, et les conclusions d'un expert battues en brèche que par les conclusions d'un autre expert⁽⁶⁾. Mais les experts partagent évidemment des points de vue communs sur la matière dont ils sont reconnus experts : ce qui, à tout individu un peu sensé, apparaîtrait comme un tripatouillage imprécis (le calcul de la probabilité de la coïncidence fortuite entre deux profils ADN, par exemple), le contre-expert le défendra autant que l'expert, au motif que eux, les scientifiques, sont les seuls à pouvoir juger de la pertinence de leurs méthodes. Il ne faut pas non plus oublier que par définition le contre-expert partage avec l'expert le même gagne-pain : on voit donc mal un de ces labos qui s'enrichissent avec les analyses ADN venir critiquer, devant un tribunal, la méthode de l'analyse ADN elle-même.

L'ADN n'est évidemment pas la première ni la seule « expertise scientifique » à servir de caution à la vérité judiciaire. Mais plusieurs raisons expliquent sans doute son extraordinaire succès depuis une vingtaine d'années. D'abord, on le sait, la découverte de l'ADN est présentée comme une des avancées majeures de la biologie au xx^e siècle. La propagande assure que la génétique contribuera bientôt au bien-être de l'humanité grâce aux découvertes médicales qu'elle va immanquablement entraîner : cette même propagande oublie généralement de rappeler que pour le moment les applications de la génétique sont massivement répressives et très peu thérapeutiques. Ce n'est pas un hasard : l'ADN n'a pas encore fait la preuve de sa fiabilité en médecine. La maladie n'est pas aussi compréhensive que le juge, et elle ne se laisse pas convaincre, elle, uniquement par l'apparence de la certitude... Ensuite, un certain nombre d'affaires de violeurs en série ont été systématiquement médiatisées pour justifier le recours à l'ADN, tandis que, plus subtilement, quelques autres cas où, cette fois, l'ADN servait à innocenter quelqu'un, en particulier aux États-Unis, étaient mis en avant. Que ces affaires

(6) En France, les experts devant les tribunaux sont inscrits sur une liste spéciale. En ce qui concerne l'ADN, seuls un peu plus d'une dizaine de labos sont agréés.

judiciaire » est certes bien un concept au service de l'autorité de la justice, mais il en contraint néanmoins le fonctionnement. Bien que la véritable question qui préoccupe la justice soit bien moins ce que les gens ont fait que ce qu'ils sont – c'est-à-dire quels dangers certaines catégories d'individus peuvent faire peser sur l'ordre social, et comment il faut les surveiller, les rééduquer ou les éliminer –, la justice doit pourtant à tout prix faire comme si la question des faits revêtait réellement une importance capitale à ses yeux. La justice ne peut donc pas reconnaître qu'elle fait « erreur judiciaire » sur « erreur judiciaire », pas plus qu'elle ne peut admettre qu'elle condamne à tour de bras des gens que pourtant, suivant ses propres critères et sa propre idéologie, elle devrait considérer comme des « innocents ». Bref, pour demeurer incontestable tout en conservant son efficacité, la justice doit à la fois s'assumer comme subjective, dépendante de la faiblesse humaine des juges, et pourtant pouvoir prétendre qu'elle ne se trompe que très rarement, ou en tout cas le moins possible.

C'est là qu'intervient le recours à la science, la recette qui vient opportunément remplacer le bon vieil aveu quand celui-ci fait défaut ou perd de sa crédibilité. La certitude que la justice ne peut se permettre de revendiquer pour elle-même, la science vient la lui fournir. La vérité judiciaire reconnaît qu'elle est du domaine de l'opinion, mais la preuve scientifique passe pour irréfutable. La vérité judiciaire se reconnaît subjective, dépendante de la conviction intime du juge, tandis que la preuve scientifique se donne pour objective et semblable pour tous. La conclusion de l'expert ne paraît pas dépendre de l'expert lui-même. Dans la science, parce que les expériences scientifiques et les résultats de celles-ci sont reproductibles, la vérité est commune à tous les scientifiques : elle ne dépend pas de leur opinion intime ou personnelle.

Pourtant, la science n'est évidemment elle-même ni infaillible ni toute-puissante. Bien plus : la vérité scientifique se veut par définition contestable et même exige d'être contestée. Une vérité scientifique n'est valide que par rapport à un certain état des connaissances. Une observation nouvelle, une expérience inédite peuvent venir battre en brèche les vérités scientifiques d'hier, et exiger de nouvelles explications qui parfois contredisent les anciennes.

Cependant, cela compte peu dans l'usage que la justice fait de la science, et ce pour deux raisons. D'abord, dans l'imaginaire social contemporain, la science est devenue l'archétype de la vérité. Le rôle majeur de la technique dans le capitalisme triomphant n'y est évidemment pas pour rien. Ensuite, la vérité scientifique est censée, certes, ne pas être dogmatique, et en théorie elle peut être critiquée : mais en pratique sa remise en cause n'est réellement admise que lorsqu'elle est faite par les scientifiques eux-mêmes. La spécialisation extrême de la science la rend de fait inaccessible à tout un chacun, et la plupart du temps la science n'admet guère les objections formulées par les non-scientifiques. Le résultat, c'est

nique d'amplification très poussée, appelée PCR, qui ne prend comme échantillon qu'un nombre très restreint de cellules. La question de la fiabilité de la technique de la PCR au regard de la variabilité possible de l'ADN reste donc posée.

« Profil » et « empreinte »

L'ADN EST UNE STRUCTURE commune à tout ce qui est vivant. Cette structure se différencie ensuite suivant les espèces, selon que celles-ci sont plus ou moins proches les unes des autres ; on sait par exemple que les hommes et les chimpanzés partagent environ 98 % de leur ADN. Dans une même espèce, au sein d'une structure et de combinaisons ADN globalement identiques, il existe de petites différences entre chaque individu. Ce sont ces petites différences, que l'on peut mettre en évidence si on analyse la molécule d'ADN dans sa totalité, qui font dire que l'ADN d'une personne diffère de celui d'une autre personne et font supposer que l'ADN sera un marqueur efficace de l'identité.

Il se trouve cependant que les techniques d'identification par l'ADN ne font pas appel au décryptage intégral de l'ADN individuel. Afin de réduire les coûts et d'optimiser les techniques, il a été décidé que seules quelques zones de cet ADN seraient utilisées. On détermine donc non pas « l'empreinte » ADN d'un individu, ce qui supposerait qu'on dispose d'une vue totale de son ADN, mais un « profil » ADN. Un certain nombre de segments de la molécule d'ADN sont choisis comme marqueurs significatifs. Comme il n'y a pas eu d'harmonisation préalable de ces techniques, inventées au coup par coup par des labos différents, le nombre de segments utilisés varie. La plupart du temps on en choisit huit, mais dans certains cas cela peut aller jusqu'à quinze. Sept de ces segments sur les huit les plus souvent choisis sont considérés comme faisant partie de ce que les scientifiques appellent de l'ADN « non codant », c'est-à-dire qui, en l'état actuel de nos connaissances, n'est pas le support d'une information génétique directement utilisée par notre organisme. Le huitième est un marqueur du sexe. Il est ainsi possible de déterminer si une trace ADN inconnue provient d'un homme ou d'une femme, avec toutefois une certaine marge d'erreur (peut-être autour de 0,02 %) due aux éventuelles anomalies touchant les chromosomes sexuels.

Une trace biologique contenant de l'ADN (une tache de sang, du sperme, mais aussi de minuscules gouttelettes de salive ou des cellules de peau que l'on laisse sur les objets touchés), servira à établir un profil, fait le plus souvent de ces huit marqueurs spécifiques, qui permettra d'abord de savoir si le profil doit être attribué à un homme ou à une femme, et ensuite, éventuellement, servira à identifier un individu donné. Pour cela, on compare le profil de la trace au profil obtenu après un prélèvement fait sur le suspect. Si les deux profils sont

semblables, on en déduit que la trace biologique laissée sur les lieux du crime appartient bien à la personne mise en cause.

Bien entendu, la question que l'on peut se poser est la suivante : est-il possible que l'ADN tiré d'une trace (sang, sperme, salive, cellules cutanées...) corresponde au profil d'un individu, alors même que ce n'est pas cet individu qui a laissé cette trace ? Autrement dit : peut-il y avoir deux profils ADN issus de deux personnes différentes qui soient pourtant semblables ?

La réponse à cette question ne peut être que oui. Deux ADN différents peuvent donner deux profils ADN semblables justement parce que le profil n'utilise qu'une fraction de l'ADN et non l'ADN dans sa totalité. Si, donc, à l'exception des jumeaux homozygotes, on peut supposer que tout individu possède un ADN dit nucléaire (car originaire du noyau de la cellule) qui lui est propre, le profil ADN quant à lui n'est pas nécessairement unique. Si les différences entre deux ADN portent justement sur les zones qui n'ont pas été choisies comme marqueurs, elles n'apparaîtront logiquement pas dans les deux profils qui en seront tracés. Les deux profils pourront être semblables. La possibilité de ce que, dans leur jargon, les experts nomment les « faux positifs » ne peut donc être absolument écartée.

Calcul de probabilités

POUR PALLIER CES DIFFICULTÉS, les experts vont se livrer à un calcul de probabilités. L'idée est simple. Même si on ne peut certifier que deux profils ADN identiques représentent bien un ADN unique, il est toujours possible d'essayer d'estimer la probabilité d'une coïncidence fortuite. Autrement dit, le résultat d'une expertise ADN n'est pas, contrairement à ce qu'on croit, une affirmation du type « l'ADN retrouvé dans cette trace appartient à telle personne » mais bien une affirmation du type « il y a x probabilités pour que l'ADN retrouvé dans cette trace appartienne à telle personne ». Si on peut réfuter, avec une certitude absolue, l'identité entre deux profils, on ne peut en revanche jamais confirmer celle-ci avec une certitude de 100 %.

En fait, les chiffres de probabilités couramment calculés par les experts sont tels que le doute paraît exclu. Il n'est pas rare en effet, dans le cas de l'ADN « nucléaire », de voir avancées des probabilités proches de un sur plusieurs milliards. Dans le cas de l'ADN « mitochondrial », c'est-à-dire qui se trouve dans une partie de la cellule appelée la mitochondrie, les probabilités de faux positifs sont beaucoup plus élevées, ne serait-ce, déjà, que parce que les enfants d'une même mère partagent tous le même ADN mitochondrial. Cependant, dans

des faits ultérieurs visibles par tous viendrait ruiner toute sa crédibilité. La justice doit donc également se reconnaître imparfaite, faillible, « humaine ». De plus, admettre une part de subjectivité dans la décision de justice permet à celle-ci de ne pas se lier d'avance les mains : les principes de la liberté de la preuve et de l'intime conviction sont là pour ça. Un tribunal répressif est libre d'apprécier absolument comme il le veut la force probante des éléments qu'on lui soumet : aucune preuve n'est automatique, et aucune preuve ne s'impose en droit à la conviction du juge. De cette manière, la justice évite d'être dépendante d'une définition ou d'une conception de la vérité qu'elle n'aurait pas elle-même élaborée. La vérité judiciaire n'est jamais rien d'autre que la vérité du juge.

La justice s'affirme donc comme incontestable mais pas comme infaillible. Une telle position lui permet de se prémunir de toute remise en cause. L'effet de sa faillibilité et de son humanité, la justice l'appelle « l'erreur judiciaire ». C'est une manière subtile, pour elle, de se dédouaner de la critique : car pour accepter le concept d'erreur judiciaire, il faut d'abord souscrire à celui de vérité judiciaire. Il faut avoir admis que la justice dise la vérité la plupart du temps pour concéder que parfois elle puisse faire une erreur : au minimum, il faut admettre que la « vérité » soit l'objet de la justice pour penser qu'une « erreur » en serait le dysfonctionnement. La reconnaissance de sa faiblesse est donc en fait le corollaire, pour la justice, de l'affirmation de sa légitimité (son objet est bien la recherche honnête de la « vérité »), de son impartialité (« l'erreur judiciaire » est une défaillance, non l'effet ordinaire de son fonctionnement) et donc au final de son autorité⁽⁵⁾.

Mais, d'un autre côté, cette position n'est pas non plus sans risques. Le concept « d'erreur judiciaire » n'est pleinement utile que s'il demeure largement théorique. La justice doit affirmer abstraitement que l'erreur judiciaire est possible, mais pratiquement, elle doit en reconnaître le moins possible. « L'erreur

(4) Preuve par l'ADN, Lausanne, 2006, R. Coquoz et F. Taroni. Les exemples de cet article sont pour l'essentiel tirés de cet ouvrage. Voir également ADN et enquêtes criminelles, Paris, 2008, F.B. Huyghe.

(5) À l'inverse, c'est quand on a compris que la justice ne fait jamais d'erreur que l'on peut véritablement en faire la critique, c'est-à-dire saisir pleinement son rôle dans le maintien d'un ordre social fondé sur la domination et l'exploitation.

Preuve scientifique et vérité judiciaire

DANS UN LIVRE DE VULGARISATION paru sur la question de l'usage de l'ADN comme preuve judiciaire⁽⁴⁾, les auteurs, R. Coquoz et F. Taroni, mettent en garde leurs lecteurs contre « l'image schématique de la preuve par l'ADN » et en appellent au « discernement » et à la « lucidité critique » de chacun. La « preuve » par l'ADN ne devrait jamais être prise par la justice comme une « preuve » définitive, justement, mais seulement comme une indication, un élément parmi beaucoup d'autres au sein d'une enquête qui doit prendre un grand nombre de faits en considération.

Évidemment, ce genre de livre a avant tout pour but de défendre l'usage policier de l'ADN. Pour nos deux auteurs, seul l'excès de la preuve par l'ADN serait condamnable : mais son usage raisonné, lui, serait bénéfique. Comme toujours, face à un certain nombre de critiques possibles, l'objectif est de sauver le système en incriminant la faiblesse humaine. Les « dérives » de la preuve par l'ADN ne tiendraient qu'à la faute de quelques-uns, et non au fonctionnement de l'ensemble. Si les experts étaient plus rigoureux dans la présentation de leurs analyses, et si les enquêteurs et les juges faisaient toujours preuve d'esprit critique, il n'y aurait plus aucune raison sérieuse de critiquer le recours à l'ADN dans l'enquête pénale.

Mais ce que Coquoz et Taroni feignent de ne pas comprendre, c'est que si les résultats des experts sont présentés sous cette forme, et si les juges et les enquêteurs se réfugient derrière la toute-puissance de la science, ce n'est ni par ignorance, ni par mauvaise volonté, mais bien parce que les uns et les autres trouvent un intérêt mutuel à ce qu'il en soit ainsi. De fait, le mariage de la science et de la répression, qui n'a rien de nouveau, trouve avec l'ADN une nouvelle vitalité.

Il est inutile de s'étendre sur ce qui pousse les experts à expertiser. Comme cela a déjà été signalé, l'expertise ADN est un marché lucratif pour ceux qui ont su se positionner à temps sur ce segment de marché. L'exemple du labo Nantes Atlantique, l'inventeur du test TOGG, est on ne peut plus édifiant (voir *L'Envolée* n°24 pour plus de précisions).

Plus complexe a priori est la question de l'engouement de la justice pour l'analyse ADN. On trouvera peut-être une explication à un tel enthousiasme si on songe que la justice, de fait, est prise dans une contradiction. Parce qu'elle est un des attributs essentiels de la souveraineté, la justice ne peut pas accepter d'être contestée, ou du moins elle doit arriver à ce que la contestation dont elle et ses décisions font l'objet demeure dans certaines limites. C'est le principe de l'autorité de la chose jugée, et, d'une manière plus générale, c'est un des fondements du pouvoir de l'État. Mais, d'un autre côté, la justice ne peut pas prétendre à l'infaillibilité. Une telle prétention serait contre-productive : le moindre démenti d'une décision de justice par

l'ensemble là encore, la présentation qui est faite de la valeur probante des résultats de l'identification par l'ADN paraît réduire le doute raisonnable à néant.

Mais comment ces calculs de probabilités sont-ils effectués ? Notons tout d'abord que la question des mutations et des dégradations diverses que nous avons évoquées (l'âge, la maladie, la fumée de cigarette, etc.) est ignorée. En ce qui concerne les mutations, les experts estiment que celles-ci, quoique courantes, affectent les cellules de l'organisme au hasard : il semble donc peu probable qu'elles choisissent justement ces cellules qui seront ensuite utilisées pour tracer le profil ADN, et qu'on aura, suivant les cas, prélevées sur une scène de crime ou dans la bouche d'un suspect. De plus, nous l'avons dit, huit portions d'ADN seulement sont utilisées comme marqueurs : une partie de l'ADN de la cellule peut donc avoir muté sans que le profil ADN en soit affecté, justement parce que ce seront d'autres fragments de l'ADN que ceux qui auront été retenus pour l'identification qui auront muté.

Le calcul de probabilité se contente donc d'évaluer si les huit marqueurs choisis sont suffisamment discriminants. On se posera en fait la question pour chaque marqueur l'un après l'autre. Par exemple, pour le marqueur numéro 1, on relèvera le risque de correspondance fortuite sous la forme d'un pourcentage : par exemple 8 %. Cela signifie concrètement que l'on estime à 8 % le nombre de personnes qui possèdent le même type de fragment d'ADN dans la zone numéro 1. On procédera de la sorte pour le marqueur numéro 2 (mettons 0,4 %), puis le trois (2 %), etc. Au total, par une simple formule mathématique on obtiendra la probabilité finale de la correspondance fortuite en combinant les probabilités de chacun des marqueurs. Notons que ces chiffres (les 8 % et 0,4 % et 2 % de notre exemple) ne sont pas fixes. C'est-à-dire que le marqueur numéro 1 n'est pas toujours affecté de cette valeur de 8 %, mais que celle-ci dépend de la nature de la séquence : les différentes formules du génotype, appelées « allèles », ne sont pas également fréquentes dans une population donnée. Prenons un exemple. Pour le même marqueur WVA, la formule allélique de type « 16/17 » pourra très bien avoir une fréquence de 13 % dans la population, et la formule allélique de type « 19/20 » seulement 0,16 %. Cela signifie que 13 % des gens disposent sur le marqueur WVA d'un allèle du premier type alors que seulement 0,16 % ont celui du deuxième type. Autrement dit, à chaque trace sa probabilité en fonction de la fréquence plus ou moins grande des allèles sur les différents marqueurs considérés.

Mais, et c'est là le point crucial, ces pourcentages d'individus dont les scientifiques estiment qu'ils possèdent tel type identique de fragment d'ADN dans la zone numéro 1, ou la zone numéro 2, etc. se modifient selon les « populations » humaines considérées. Dans notre exemple, la formule génotypique 16/17 du

marqueur WVA n'est affectée d'une fréquence de 13 % que pour une population donnée – pas pour toutes les populations humaines.

Mais quelle « population » ? Comment et sur la base de quelles spécificités une « population » est-elle définie ?

Ce qu'il faut bien comprendre, c'est que ces « populations » humaines différentes ne peuvent pas être a priori différenciées sur la base de leur ADN. C'est le contraire qui se passe : on définit d'abord une population, et on établit ensuite des fréquences d'allèles sur les différents marqueurs en analysant le plus d'ADN possible de personnes considérées comme représentatives de cette population. Quelle que soit la population choisie comme référence, on obtiendra toujours mécaniquement des pourcentages de fréquence. Par exemple, si on décide de se demander quelle est la fréquence d'une certaine type (mettons « 16/17 ») sur un marqueur donné (par exemple WVA) chez les moustachus, on obtiendra forcément, après l'analyse de l'ADN d'un plus ou moins grand nombre de moustachus, une certaine réponse. On pourra dire que tant de pour cent des moustachus ont une formule allélique 16/17 sur le marqueur WVA. Mais la question sera alors : qu'est-ce que cette fréquence signifie ? Et la réponse : rien, la catégorie « moustachu » ayant toutes les chances d'être, par rapport à l'ADN, fortuite.

La pertinence de la fréquence calculée des allèles est donc fonction de la pertinence du choix de la population qu'on aura décidé de considérer au départ. C'est au sein de ces groupes humains que sont analysées les fréquences des différents allèles, dans la mesure où la plus grande proximité génétique est censée se retrouver entre individus issus d'une même population.

Le choix des populations pertinentes fait par les scientifiques est un choix racial. On distingue les Blancs (qu'on appelle les « Caucasiens »), les Africains sub-sahariens, les Mélanésiens, les Asiatiques, etc. Puis on divise à nouveau ces groupes : parmi les Blancs, on peut isoler par exemple les Islandais, ou les Auvergnats, etc. Le problème est évidemment que, si on considère l'hypothèse de départ comme juste – à savoir que les populations humaines ont constitué des groupes plus ou moins proches génétiquement en fonction de l'époque à laquelle ces groupes se sont séparés – il y a eu, depuis plusieurs millénaires, un très fort métissage entre ces groupes : et que ce métissage s'est singulièrement accéléré depuis quelques centaines d'années. La définition des groupes raciaux pertinents va donc être tout à fait problématique, puisqu'il faudra tenter de démêler, à l'origine des mélanges, les différentes composantes tenues pour originelles des races considérées. On rencontrera le même genre de questions et d'interrogations, en fait, qu'à l'époque où triomphaient les théories sur la différence des races, au XIX^e siècle. Pourtant, c'est bien à partir de ces considérations que sont établies les fréquences statistiques qui servent à valider la théorie de l'identification par l'ADN.

un sur mille milliards devient, dans le cas d'un fichier de vingt millions de personnes, de un sur cinquante mille seulement. Avec cinq cent mille consultations par an, cette coïncidence possible devient une certitude mathématique...

Dans le cas du fichier Fnaeg, qui compte à l'heure actuelle environ un million de fiches, un risque de coïncidence fortuite qui serait de un sur cent mille (ce qui nous paraissait, quelques lignes plus haut, bien suffisant) signifierait dix possibilités d'erreur à chaque consultation... La seule méthode pour réduire le risque de coïncidence fortuite est d'augmenter le nombre de marqueurs. C'est pourquoi il est courant maintenant d'en retenir quinze plutôt que huit. Mais le fichier Fnaeg a été alimenté dès le début par un nombre de marqueurs qu'on ne peut pas élever pour les échantillons les plus anciens. Un tel fichier présente donc un caractère paradoxal : plus il augmente en taille, plus il est censé être efficace, mais plus sa fiabilité théorique est en chute libre.

En fait, il y a tellement d'incertitudes à tous les niveaux (dans le calcul de la fréquence des allèles, dans celui de la coïncidence fortuite du profil, dans l'appréciation de la marge d'erreur) que parler de risque de un sur cent mille n'a pas plus de sens que de parler de risque de un sur mille ou un sur un milliard. De fait, ce risque n'est guère calculable, quoi qu'en disent les experts.

La question serait peut-être plutôt de savoir ce qu'il en est réellement dans les faits. Est-ce que concrètement, dans des procédures judiciaires, on a déjà constaté que deux profils ADN concordent alors qu'ils correspondraient aux ADN de deux personnes différentes ? A-t-on déjà suspecté quelqu'un sur la base de son ADN, pour ensuite reconnaître son innocence sans pour autant trouver une erreur dans l'établissement du profil en lui-même ?

La réponse à cette question est définitivement positive.

Des cas de coïncidence fortuite de profil ADN ont déjà été officiellement reconnus. En 1999, un Anglais du nom de Raymond Easton a été accusé d'un cambriolage sur la foi d'une correspondance entre son profil ADN conservé dans le fichier et une trace ADN laissée par le cambrioleur sur les lieux de l'infraction. Easton fit plusieurs mois de préventive. Mais il se trouve que cet accusé souffrait de la maladie de Parkinson, qu'il avait des difficultés à se mouvoir et que le cambriolage avait eu lieu à plus de 300 km de chez lui. On finit donc par admettre son innocence. Son profil ADN avait pourtant une fréquence calculée de seulement 1 sur 37 millions. Il est vraisemblable que d'autres coïncidences fortuites aient existé mais ne soient pas connues, parce que les personnes ont été condamnées et que ces condamnations n'ont pas été remises en cause. Si Easton n'avait pas été un invalide il aurait probablement été jugé coupable de ce cambriolage, tant la force probante de l'ADN paraît difficile à contester.

marge d'erreur se situe aux alentours de un pour un milliard, car pour soutenir une telle affirmation il faudrait pouvoir effectuer un milliard de tests : or, nous avons vu qu'il n'est même pas possible d'en faire cent.

Ce paragraphe n'est pas ici pour s'inquiéter spécialement des risques d'erreur, mais seulement pour s'interroger sur la manière dont sont présentés les résultats de l'expertise ADN. Le risque de coïncidence fortuite calculé par les experts, en négligeant toutes les difficultés sur lesquelles nous nous sommes attardés, atteint des chiffres qui frappent l'imagination : un sur quelques milliards. Mais la marge d'erreur, elle, même si on ne la connaît pas, doit nécessairement être supérieure à cette valeur. Autrement dit, le risque que la proposition « l'ADN de la trace correspond à l'ADN du suspect » soit fausse est nécessairement supérieur à ces un sur quelques milliards qui pourtant apparaissent, dans le rapport de l'expert, comme l'expression de la valeur probante de l'analyse ADN.

Fichier et loi des grands nombres

AU TOTAL, ON NE PEUT QU'EN ARRIVER à la conclusion suivante : la probabilité de la coïncidence fortuite entre deux profils ADN est présentée d'une manière totalement inadéquate lors du procès pénal. Les chiffres couramment avancés ne sont pas pertinents, mais entretiennent l'impression d'infailibilité qui émane de l'analyse de l'ADN en matière criminelle.

Cependant, même divisée de manière drastique, la probabilité de coïncidence fortuite peut continuer à paraître suffisamment faible pour ne pas risquer d'erreur. Si la phrase « l'ADN de la trace correspond à l'ADN du suspect » a non plus une chance sur dix milliards, mais ne serait-ce qu'une chance sur cent mille, ou même sur dix mille, d'être fausse, cela laisse en apparence tout de même peu de place au doute. La probabilité qu'une coïncidence fortuite entre deux profils ADN conduise à une condamnation semble donc toujours pratiquement exclue.

Pourtant, un calcul élémentaire montre qu'il n'en est rien. Le risque serait réel même si on admettait sans discussion les chiffres avancés par les experts. Prenons un exemple : un profil ADN ayant une fréquence calculée de un sur mille milliards paraît mettre à l'abri de toute erreur possible. Maintenant, imaginons que dans un futur pas si lointain 5 % de la population européenne soit répertoriée dans un fichier européen gigantesque accessible à toutes les polices du continent. On trouverait dans ce fichier quelque chose comme vingt millions de fiches. Pour un total annuel d'environ vingt millions de crimes et délits, on exploiterait des traces ADN mettons dans 2,5 % des cas, soit cinq cent mille. Il y aurait donc cinq cent mille consultations par an. La coïncidence fortuite de

Pour chacun de ces groupes raciaux, les chiffres utilisés proviennent d'études publiées dans la littérature spécialisée ou achetées par les labos auprès de bases de données génétiques. La précision de ces études dépend de la taille de l'échantillon à partir duquel elles ont été menées. En principe, il y a un risque d'erreur d'autant plus important que le nombre d'individus testés est faible. Il arrive fréquemment que l'échantillonnage ne dépasse pas quelques centaines d'individus, ce qui implique que, pour les combinaisons les plus rares, le calcul de la fréquence dépende de constatations effectuées sur moins de dix personnes. La fiabilité des résultats en est d'autant réduite, mais il est rare que l'expert qui présente les résultats de son analyse devant un tribunal indique les spécifications précises des études sur lesquelles il s'est appuyé pour ses calculs. Celles-ci sont pourtant une donnée essentielle pour en apprécier le sérieux.

La question qui est posée est de savoir quelle population retenir. Le résultat du calcul de probabilités ne sera pas le même, en effet, si on choisit les statistiques qui s'appliquent à tel type de population ou à tel autre. Les experts ont souvent tendance à calculer la probabilité de coïncidence au sein du groupe ethnique ou régional du suspect considéré, car c'est au sein de ce groupe que la possibilité de coïncidence fortuite paraît la plus élevée. L'analyse va donc prendre pour point départ une classification raciale de l'individu appréhendé par la police ⁽¹⁾.

Le résultat d'une expertise ADN ne devrait donc même pas être de la forme que nous notions plus haut (« Il y a x probabilités pour que l'ADN retrouvé dans cette trace appartienne à telle personne ») mais bien plutôt : « Il y a, parmi le type de gens que nous pourrions suspecter dans cette affaire, seulement x probabilités pour que deux individus aient fortuitement le même profil : nous pouvons donc en déduire que la probabilité pour que le profil tiré de la trace ADN appartienne à cette personne, qui fait partie de la population que nous suspectons, est de x. »

(1) Certains auteurs plaident cependant pour que soit d'abord définie par l'expert, à partir des indications que vont lui fournir les enquêteurs, ce qu'on appelle la population suspectable, c'est-à-dire le type de gens avec qui il pourrait y avoir un risque de correspondance fortuite. Au lieu de chercher la coïncidence fortuite par rapport au groupe racial du suspect – choix qui paraît en partie arbitraire – on prendra plutôt comme référence la population dont on ne peut exclure qu'elle a pu commettre l'infraction. Cependant, les informations fournies par l'enquête peuvent être fausses. L'enquête, par exemple, peut à la suite de témoignages erronés s'orienter sur l'idée que l'auteur d'une infraction est de telle nationalité ou de telle ethnie, alors que ce n'est pas le cas. Toutefois, les auteurs notent que peu importe que les informations de l'enquête soient fausses, puisque de toute façon l'idée est de discriminer le profil ADN par rapport à ceux que l'on serait susceptible de suspecter à tort ou à raison.

Il y a d'autres limites que celles que nous venons de relever au calcul de ces probabilités. D'abord, la formule qui fait reposer le calcul de la probabilité globale de la coïncidence fortuite du profil ADN sur la combinaison des probabilités de coïncidence fortuite pour chacun des huit marqueurs considérés n'est valable qu'à la condition que chacune de ces probabilités soit indépendante des autres. Si les événements A, B et C ont chacun une chance sur deux d'arriver, alors la probabilité que les événements A, B et C surviennent tous les trois est la combinaison de leur probabilité respective : autrement dit une chance sur huit. Mais, maintenant, si la probabilité de A influe sur la probabilité de B, autrement dit s'il y a un lien possible entre A et B, le calcul n'est plus juste. Par exemple, si lorsque A survient la probabilité d'apparition de B devient de un sur quatre et non plus de un sur deux, alors la probabilité que la combinaison ABC survienne n'est plus que de un sur seize.

Or, il n'est pas certain que les différents marqueurs soient indépendants les uns des autres. Ils ont été choisis, dès l'origine, dans des régions éloignées les uns des autres sur la molécule d'ADN, suivant l'hypothèse que l'indépendance entre deux zones d'ADN était fonction de la distance qui les sépare. Mais la recherche a montré depuis que des séquences éloignées interagissaient couramment entre elles, et ne pouvaient donc être considérées comme strictement indépendantes. Malgré les remarques de certains auteurs qui poussent à ce que ces points soient éventuellement pris en compte, ce n'est toujours pas le cas, faute de recherches et d'informations suffisantes.

Deuxièmement, le calcul des fréquences et des probabilités de coïncidence fortuite ne résout pas certaines questions spécifiques liées à la consanguinité. Avec l'ADN mitochondrial, en particulier, le calcul d'une fréquence perd parfois tout sens, car des liens de parenté peuvent donner à un nombre important de personnes un ADN semblable. Des suspects accusés d'un assassinat en Corse ont ainsi pu faire valoir, en 2002, que leur ADN mitochondrial était très courant dans la région dont ils sont originaires.

Marge d'erreur et présentation statistique du résultat

ADMETTONS QUE, calculé comme précédemment, le résultat de l'analyse ADN se présente sous la forme d'une probabilité de coïncidence fortuite, ou de faux positif, de un sur dix milliards. Admettons que nous fassions abstraction de tous les points délicats que nous avons évoqués dans le paragraphe précédent et que nous tenions pour absolument vraie la conclusion de l'expert : la probabilité de coïncidence fortuite est de un sur dix milliards, pas plus. La conclusion qu'on en tirera risque fort d'être la suivante : « L'ADN de la trace relevée sur les

lieux du crime et l'ADN du suspect correspondent à coup presque sûr. La marge d'erreur est égale à la probabilité de faux positif calculée par l'expert, soit un sur dix milliards ». Pourtant, ce raisonnement est faux. Le calcul de la probabilité de la coïncidence fortuite ne doit pas être confondu avec celui de la marge d'erreur de l'analyse ADN elle-même.

On ne peut pas considérer, en effet, que l'erreur se limite au risque de coïncidence fortuite. L'erreur, dans l'analyse ADN, peut venir dans de nombreuses circonstances : erreurs dans le prélèvement d'une trace, inversion d'échantillons, erreur de lecture due aux artefacts⁽²⁾, erreur de transcription du profil⁽³⁾... Les procédures des laboratoires sont standardisées et les tests inter-laboratoires de contrôle de qualité sont là pour limiter au minimum les risques : mais ils ne peuvent éliminer complètement la possibilité d'une erreur. Cette marge d'erreur n'est pas évaluée car elle n'est pas évaluable. Il est techniquement presque impossible de préparer cent échantillons (représentatifs du genre de traces que l'on trouve dans les enquêtes) dont on soit certain qu'ils contiennent cent ADN semblables à l'origine. De plus, la technique d'amplification appelée PCR est tellement sensible que des échantillons supposés exempts de toute trace d'ADN ont parfois donné des résultats positifs, sans que l'on puisse préciser l'origine de la contamination...

Imaginons pourtant que cette marge d'erreur soit très faible et qu'elle ne dépasse pas un pour mille, ou même un pour dix mille. Cela signifierait, concrètement, que la même opération puisse être répétée dix mille fois sans que s'y glisse une seule méprise : ce qui serait déjà un résultat exceptionnel. Mais maintenant, peut-on raisonnablement admettre que la marge d'erreur puisse être de l'ordre de un sur un milliard ? Non, en vérité. Aucun processus, quel que soit le soin qui y est apporté, ne peut atteindre un tel résultat, qui paraît hors de portée de l'humain. Et de toute façon, il serait impossible d'affirmer qu'une

(2) *Un artefact est une erreur qui a pour origine la technique même employée pour mettre en évidence un phénomène. Dans les analyses ADN, on en trouve beaucoup, sans que l'on sache toujours d'où ils proviennent. Ils peuvent être créés, entre autres, par une mauvaise stérilisation des instruments. En Allemagne, une cellule policière spéciale avait été créée pour traquer une criminelle en série dont le profil apparaissait dans nombre d'affaires sans rapport entre elles, jusqu'à ce que l'on finisse par soupçonner cet ADN d'appartenir à une des ouvrières de l'entreprise qui fabrique les kits de prélèvement...*

(3) *Sans parler de la possibilité de la manipulation consciente des données par un enquêteur ou par un laborantin dans le but de faire triompher la thèse de l'accusation : le cas est peut-être rare, mais il se trouve qu'il est arrivé aux Etats-Unis, et qu'il a conduit à de nombreuses condamnations sur la base d'analyses ADN falsifiées.*