

Recommandations du GF-ISFG pour l'exploitation d'un lien établi entre profils ADN
V Castella, J Comte, C Champod et F Taroni, version du 03.06.2017

1. **Terminologie** : quels termes peut-on utiliser dans un rapport pour exprimer que la désignation et la hauteur allélique observées pour le profil de la trace « correspondant » à celles de la personne ?

Terme	Avantages	Inconvénients
correspondent	-	-
sont identiques	-	Ambiguïté entre la désignation des allèles et leur hauteur. Peut faussement suggérer que la personne est à l'origine de la trace.
présentent des similitudes	-	Peut laisser penser qu'il existe aussi des différences.
sont compatibles	Quelques différences possibles entre les profils ADN en cas de drop-out ou drop-in.	-

2. Choix des populations de référence.

2.1. Quelle population faut-il utiliser pour calculer la probabilité de coïncidence fortuite ? Celle correspondante à l'origine ethnique de la victime, du suspect... ?

Nous reposons juste le cadre formel du rapport de vraisemblance :

$$LR = \frac{P(E|Ha,I)}{P(E|Hd,I)} \approx \frac{1}{\gamma}$$

avec LR pour le rapport de vraisemblance (ou Likelihood Ratio en anglais), E pour les résultats analytiques (Evidence en anglais) ; Ha pour la proposition de l'accusation (Hypothesis en anglais) ; Hd pour la proposition de la défense ; I pour les informations contextuelles ; γ pour la probabilité de correspondance fortuite.

Dans le présent texte, il n'est pas fait de différence entre les termes proposition et hypothèse. Tous deux représentent des propositions fournies par les parties qui reflètent, généralement de manière condensée, les allégations de la victime et du suspect. Généralement, la proposition de l'accusation (Ha) est que le suspect est à l'origine de la trace. L'alternative proposée par la défense (Hd) est qu'un inconnu, non apparenté au suspect, en est à l'origine.

Au numérateur du LR, selon la proposition de l'accusation, on s'attend effectivement à ce qu'il y ait une correspondance entre le profil ADN de la trace et celui du suspect étant donné

que selon ce scénario c'est lui qui a laissé la trace. La probabilité d'observer cette correspondance $P(E|H_a, I)$ vaut donc 1 (nous traitons ici du cas de traces non mélangée avec une quantité d'ADN appréciable, où il n'y a pas d'effets stochastiques comme des *drop-in* ou *drop-out*). A noter que la valeur de 1 admet que le laboratoire est capable de détecter une correspondance entre des profils chaque fois que ce laboratoire se trouve face à une telle situation.

Au dénominateur du LR, selon la proposition de la défense, ce n'est pas le suspect mais une autre personne inconnue qui est à l'origine de la trace. Dans ce cas, il faut considérer la probabilité d'observer le profil ADN de la trace dans la population pertinente. Ce n'est donc pas l'ethnie du suspect qui détermine la population de référence (le numérateur du LR est toujours de 1 quelque soit l'ethnie du suspect), mais l'ethnie du donneur alternatif de la trace.

Recommandation 1 : si l'ethnie du donneur alternatif de la trace (et non pas celle du suspect) est connue grâce à un témoignage, des images vidéo, etc. alors il faut utiliser les fréquences alléliques correspondant à cette ethnie. En l'absence d'information, il est raisonnable d'utiliser les fréquences alléliques correspondant à l'ethnie majoritaire du pays dans lequel a eu lieu l'infraction.

Une autre approche consiste à calculer les probabilités de correspondance fortuite dans les différentes ethnies et à les pondérer en fonction de leur représentation dans le pays où a eu lieu le délit voir (Aitken and Taroni 2004).

$$LR = \frac{P(E|H1, I)}{P(E|H2, H3, \dots, Hn, I)} = \frac{P(E|H1, I) \{ \sum_{i=2}^n \Pr(Hi) \}}{\sum_{i=2}^n P(E|Hi, I) \Pr(Hi)}$$

avec H1 pour la proposition de l'accusation, et H2 à Hn les propositions de la défense selon lesquelles le donneur alternatif de la trace provient des différentes ethnies avec $P(Hi)$ leur représentation. $P(H1)+P(H2)+\dots+P(Hn)=1$, c'est-à-dire que les propositions sont mutuellement exclusives.

Dans les faits le choix de la population de référence sur l'attribution d'un LR est relativement faible au niveau européen (Welch, Gill et al. 2012), sauf lorsque le profil ADN est très partiel.

Recommandation 2 : un LR supérieur à 1 milliard peut être utilisé sans calcul lorsque le profil ADN de la trace et celui du suspect correspondent à au moins 10 locus et que la proposition de la défense implique une personne non apparentée au suspect (Foreman and Evett 2001, Hopwood, Puch-Solis et al. 2012). Si la correspondance concerne moins de 10 locus, alors un calcul doit être réalisé en utilisant les fréquences alléliques de la population pertinente (voir recommandation 1).

2.2. Dans quels cas faut-il tenir compte des structures ethniques de la population en utilisant le paramètre F_{ST} (aussi appelé θ) ?

Une telle correction doit être utilisée lorsque le suspect et le donneur alternatif de la trace proviennent de la même sous-population. Dans ce cas, ces deux personnes ont une

probabilité plus élevée de partager les mêmes allèles, hérités d'ancêtres communs, par rapport à des individus provenant de sous-populations différentes. En d'autres termes, au sein d'une même sous-population, le fait d'observer un allèle chez un suspect augmente la chance d'observer un second allèle qui lui correspond chez le donneur alternatif de la trace. L'utilisation d'un $FST > 0$ va ainsi augmenter la probabilité de coïncidence fortuite et donc diminuer le rapport de vraisemblance.

Recommandation 3 : Une correction pour la structure des populations doit être utilisée lorsque le suspect et le donneur alternatif de la trace proviennent de la même sous-population. Si ces deux personnes proviennent de sous-populations différentes, cette correction n'est pas nécessaire. Sans information concernant l'ethnie du suspect et/ou du donneur alternatif de la trace, il est recommandé d'utiliser par défaut cette correction. Les valeurs recommandées sont de $\theta=0.01$ pour l'Europe (Welch, Gill et al. 2012) et les US (Budowle, Ge et al. 2011), $\theta=0.02$ pour la Grande-Bretagne (Hopwood, Puch-Solis et al. 2012) et peut-être plus élevée pour des sous-populations isolées.

2.3. Si la population de référence est p. ex. la population suisse, allons-nous uniquement utiliser les fréquences alléliques des caucasiens, ou les sous-populations au sein de la population suisse (asiatique, noirs africains, etc..) jouent-elles un rôle ?

Voir point 2.1. En pratique, l'effet est négligeable pour un profil ADN qui compte plus de 10 locus. L'effet peut être observable sur un profil ADN très partiel. Dans un tel cas, il peut être utile, avant de se présenter à une audience, d'avoir attribué le LR selon les données de plusieurs populations afin de se faire une idée de l'ampleur des variations.

2.4. Pouvons-nous utiliser les fréquences alléliques fournies par les producteurs de kits ?

Le choix de la population pertinente, celle du donneur alternatif de la trace, doit être dicté par le contexte du cas et non pas par le kit utilisé. Les fréquences alléliques des STR autosomaux de plusieurs populations européennes sont disponibles sur le site <http://strider.online/>. Toutefois si aucune autre donnée n'est à disposition, il est envisageable d'utiliser les fréquences alléliques des producteurs de kit.

2.5. Pourquoi n'utilisez-vous pas les fréquences alléliques dérivées des profils présents dans la base de données nationale ?

Les fréquences alléliques sont calculées au moyen d'un échantillon d'individus non-apparentés le plus représentatif possible de la population pertinente, celle du donneur alternatif de la trace. Il n'est pas recommandé d'utiliser les profils ADN d'une banque nationale de profils ADN pour estimer les fréquences alléliques. La raison principale est que cette base de données n'est pas constituée d'individus non-apparentés dans un groupe ethnique commun. En effet il existe des contraintes pour estimer les fréquences alléliques d'une population afin qu'elles puissent être intégrées dans le modèle génétique utilisé pour calculer les probabilités de coïncidence fortuite des génotypes. Les fréquences alléliques

doivent impérativement être obtenues à partir des profils ADN d'individus non-apparentés et dans un même groupe ethnique.

3. Les propositions à utiliser dans le rapport et leur niveau.

3.1. Qui fixe les propositions ? Que faites-vous si elles ne sont pas formulées par l'une ou l'autre des parties ?

Les propositions devraient être formulées par l'accusation et la défense. En l'absence d'au moins une paire de propositions mutuellement exclusives, le laboratoire ne peut pas évaluer ses résultats et rédiger de rapport évaluatif (au sens du guide de l'ENFSI sur les rapports évaluatifs, Willis et al. 2015). Une solution dans ce cas est de fournir les résultats factuels sans évaluation statistique un rapport technique (ou analytique) en stipulant qu'une évaluation n'est pas possible en l'absence de propositions.

En l'absence de propositions, il est également possible de rédiger un rapport investigatif. Pour rappel, en mode investigatif, l'expert peut suggérer des pistes ou des explications sur les résultats ou les observations qu'il a faites, mais ne fournit pas d'évaluation. En mode évaluatif, l'expert évalue ses résultats en fonction des propositions de l'accusation et de la défense définies selon les circonstances de l'affaire.

Lorsque les parties n'ont pas formulé de propositions, une troisième possibilité consiste à ce que l'expert les formule lui-même en fonction des éléments qui sont à sa disposition. Dans ce cas, il est important de préciser que l'évaluation dépend des propositions et que si celles-ci changent, l'évaluation peut aussi changer. Cette recommandation peut s'appliquer facilement à tous les rapports évaluatifs.

Recommandation 4 : dans les rapports évaluatifs, il est recommandé de préciser qu'un changement au niveau des propositions modifierait l'évaluation de la force des résultats et qu'une nouvelle interprétation serait nécessaire.

Ci-après deux exemples de phrase qui peuvent être utilisés à cet effet :

- «This evaluation is based on my understanding of the relevant circumstances as described above. If this assumption or any of the information is incomplete or incorrect, I will have to re-evaluate my findings. » (Willis et al. 2015)
- « L'interprétation probabiliste des résultats est conditionnée par les informations qui nous ont été transmises. Dans l'éventualité où ces informations ne seraient pas correctes, ou si de nouveaux éléments venaient à être connus, une nouvelle interprétation serait nécessaire. » (source : UGF Lausanne)

3.2. N'êtes-vous pas biaisés dans votre évaluation des résultats par les informations contextuelles que vous avez demandées?

Les résultats analytiques ne peuvent être évalués que dans le contexte de l'affaire. L'évaluation pourrait être biaisée sans informations contextuelles. Toutefois, il est important de circonscrire ces informations à celles uniquement qui ont potentiellement un impact sur l'évaluation des résultats. Il ne s'agit pas d'avoir accès à l'entièreté du dossier, mais uniquement aux éléments qui seront nécessaires à l'évaluation (ethnicité, relation familiale, nature des contacts, temps, etc.).

3.3. A quel niveau dans la hiérarchie des propositions (sous-source, source, activité, délit) devez-vous opérer ? Comment faites-vous ces choix ?

Pour rappel, les résultats analytiques peuvent être évalués en formulant des propositions à différents niveaux, c'est ce que l'on appelle la hiérarchie des propositions (Aitken and Taroni 2004). Plus les propositions sont à un niveau élevé (i.e. niveau du délit plutôt que de la sous-source), plus le besoin en informations contextuelles est important. Ci-dessous quelques exemples de propositions à ces différents niveaux :

- Niveau de la sous-source (la nature du fluide biologique est inconnue) : M. X est à l'origine de l'ADN (Ha) / un inconnu non apparenté est à l'origine de l'ADN (Hd)
- Niveau de la source (la nature du fluide biologique est spécifiée) : M. X est à l'origine de la trace de sperme (Ha) / un inconnu est à l'origine de la trace de sperme (Hd)
- Niveau de l'activité (la source n'est généralement pas contestée) : M. X a pénétré vaginalement la victime (Ha) / le sperme de M. X a été transféré par une autre action (Hd)
- Niveau du délit : M. X a violé la victime (Ha) / le rapport sexuel avec M. X était consenti (Hd)

Le choix du niveau dépend des allégations de l'accusation et de la défense. Si l'origine de la trace est contestée, les propositions au niveau de la (sous-)source sont adaptées. Si par contre la défense ne conteste pas qu'il s'agit de l'ADN de la personne mise en cause, mais propose des scénarios alternatifs pour expliquer la présence de cet ADN, alors l'évaluation doit se faire au niveau de l'activité. Dans une telle situation, une évaluation au niveau de la (sous-)source n'amènera pas d'information utile au tribunal. Le fait de donner un LR très élevé au niveau de la source alors que les questions d'intérêt sont liées à l'activité ayant amené au dépôt de l'ADN, peut faussement laisser croire que les résultats soutiennent l'activité alléguée par l'accusation.

Recommandation 5 : dans les rapports évaluatifs, il est recommandé de faire figurer une mise en garde relative aux activités lorsque l'évaluation a été réalisée en formulant des hypothèses au niveau de la (sous-)source.

Voici un exemple : « Cette interprétation ne renseigne en aucun cas quant aux mécanismes ou aux actions ayant conduit à la déposition du matériel biologique concerné mais fournit uniquement une information quant à son origine. » (source : UGF Lausanne)

Mis à part les cas où les autorités mandatent spécifiquement le laboratoire pour réaliser une évaluation au niveau de l'activité, l'ENFSI recommande une telle évaluation lorsque les

niveaux de transfert (possibilité de déplacer l'ADN d'une personne), de persistance (survie de l'ADN sur le support) et de bruit de fond (possibilité que l'ADN ait été déposé avant le crime) peuvent significativement influencer la valeur de l'indice dans le contexte de l'affaire. Ceci est généralement le cas pour les traces de contact présentant une faible quantité d'ADN. Dans les cas où la quantité d'ADN recueillie est particulièrement faible et dont la présence pourrait s'expliquer en raison du bruit de fond ou par le résultat d'un transfert secondaire ou tertiaire, il est fortement recommandé ne pas limiter le rapport aux questions de source, mais d'évaluer les résultats au niveau de l'activité (Willis et al. 2005).

3.4. Pourquoi vous autorisez-vous à décrire précisément les actions dans la formulation des propositions (p.ex. la personne mise en cause a conduit le véhicule ; le suspect a éjaculé dans la bouche de la victime) ?

En principe les propositions sont formulées par l'accusation et la défense et reprises telles quelles dans le rapport (voir 3.1). Dans ce dernier, les propositions ne sont pas travesties mais reflètent simplement ce qui est allégué par les parties. Dans les exemples en exergue, les propositions se situent au niveau de l'activité et elles sont spécifiées ainsi dans le rapport. L'évaluation doit donc tenir compte des éléments pertinents à ce niveau, en particulier des probabilités de transfert, de persistance et de bruit de fond et non pas uniquement la probabilité de correspondance fortuite. Il est bon de rappeler ici que les propositions ne sont pas évaluées. Ce sont les résultats des analyses ADN qui sont appréciées en considérant chacune des propositions.

3.5. Doit-on considérer systématiquement les proches-parents dans l'évaluation des profils ADN ?

Les parents proches sont pris en compte uniquement si le contexte de l'affaire le justifie ou que leur présence est invoquée par les parties. En mode investigatif, il est possible d'indiquer qu'un lien de parenté peut expliquer le fait que deux profils ADN partagent beaucoup d'allèles en commun. Dans ce cas, il n'y a pas d'évaluation. Cette dernière peut intervenir dans un deuxième temps si l'autorité requérante indique par exemple que deux frères sont impliqués et demande d'évaluer la valeur probante de nos résultats en tenant compte de cette nouvelle information. D'où l'importance d'indiquer que si les propositions changent, l'évaluation doit être refaite (voir 3.1).

4. Les chiffres et la communication de ceux-ci.

4.1. Si des proches-parents sont évoqués, allons-nous donner un LR pour chaque lien de parenté ou une valeur unique ?

Le tribunal demande l'avis d'un expert lorsqu'il n'a pas les connaissances nécessaires pour interpréter un résultat. Si l'expert propose différents LR, le tribunal n'aura pas la capacité de savoir lequel est le plus pertinent par rapport à l'affaire. Dans le cas d'espèce, si un proche parent est envisagé, le LR correspondant à ce lien de parenté sera indiqué. Il y a peu de

bénéfice à fournir une liste de LR pour toutes les relations de parenté qui sont envisageables, il est conseillé de se limiter aux options retenues par le tribunal.

Recommandation 6 : dans les rapports évaluatifs, l'expert se détermine si possible au moyen d'un seul LR par trace.

Il est également possible de combiner plusieurs propositions. Par exemple : H1 : le suspect est à l'origine de la trace, H2 : un inconnu est à l'origine de la trace, H3 : un frère est à l'origine de la trace et H4 : le cousin est à l'origine de la trace. Dans ce cas, $P(H1)+P(H2)+P(H3)+P(H4)=1$, c'est-à-dire que les propositions sont mutuellement exclusives. L'équation présentée en 2.1 peut être utilisée. Toutefois, elle nécessite de spécifier les probabilités a priori relative entre la population des non-apparentés (H2) et les populations avec un lien de parenté (H3 et H4 dans cet exemple). C'est une information souvent difficile à obtenir car elle relève du tribunal.

4.2. Doit-on systématiquement considérer le risque d'une erreur de laboratoire ou d'un transfert secondaire ? Comment communiquer sur ces questions ?

Les laboratoires ont développé et validé des procédures visant à minimiser les risques d'erreur (analyses à double, contrôles d'analyse positifs et négatifs, etc.). Il n'est toutefois pas possible de complètement exclure une erreur humaine. Nous allons considérer ici qu'un seul type d'erreurs, celles pouvant conduire à un « faux positif », c'est-à-dire tout phénomène (erreur d'étiquetage, inversion, contamination, etc.) qui peut résulter en une correspondance erronée entre un profil ADN de trace et de personne. Il est possible de tenir compte du taux de faux positif dans l'attribution du LR (Thompson, Taroni et al. 2003) :

$$LR = \frac{P(E|Ha,I)}{P(E|Hd,I)} \approx \frac{1}{\gamma + [\varepsilon(1-\gamma)]}$$

avec ε la probabilité d'un faux positif et γ la probabilité de correspondance fortuite.

Lorsque la probabilité de correspondance fortuite est très petite, ce qui est généralement le cas, le rapport de vraisemblance est principalement dominé par la probabilité de faux positif. Si par exemple $\gamma = 1/1$ milliard et $\varepsilon = 1/10'000$, alors le LR approchera 10'000. Le taux d'erreur est un concept théorique qui regroupe différents phénomènes pouvant aboutir à un faux positif. Il n'est pas possible d'obtenir des valeurs pour ces différents phénomènes et il est compliqué de les combiner. Nous rendons toutefois attentif au fait que, même si des précautions sont prises au laboratoire, la probabilité de faux positif est bien plus grande que celle de correspondance fortuite. Ceci est également un argument en faveur d'utiliser une borne supérieure pour les LR et de ne pas transmettre des valeurs astronomiques.

En dehors de l'ADN, les enquêteurs disposent généralement d'autres éléments d'enquête. Si ces éléments dirigent les enquêteurs vers la même personne que l'ADN, cela soutiendra l'hypothèse selon laquelle le laboratoire n'a pas fait d'erreur.

4.3. Pourquoi utiliser (ou pas) une échelle verbale associant des qualificatifs verbaux aux LR ? Peut-on remplacer le chiffre par le qualificatif verbal ?

Une échelle verbale peut être utilisée afin de rendre nos résultats intelligibles pour une personne qui n'est pas experte ADN. Dans son effort de verbalisation, le laboratoire doit prendre garde à ne pas trop simplifier afin de rester scientifiquement correct. Le guide de l'ENFSI (Willis et al. 2015) recommande de toujours fournir la valeur numérique du LR lorsqu'un qualificatif verbal est également utilisé dans le rapport.

Recommandation 7 : lorsque le laboratoire utilise une échelle verbale, il doit également transmettre la valeur numérique du LR. Ceci permet d'éviter des confusions car différentes échelles existent.

Une alternative à la verbalisation consiste à transmettre le rapport de vraisemblance assorti d'explications complémentaires. Une phrase et/ou un tableau tel que ceux proposés ci-dessous peuvent être utiles pour comprendre l'effet du rapport de vraisemblance. En même temps ces rendus clarifient le rôle du scientifique, qui se prononce sur les résultats (LR), et celui du tribunal qui se prononce sur les propositions.

« Afin d'illustrer l'effet des analyses ADN, imaginons à titre d'exemple que l'autorité judiciaire considère, sur la base des éléments autres que l'ADN, que 1'000 hommes pourraient être à l'origine d'une trace, soit la personne mise en cause et 999 autres personnes qui ne lui sont pas apparentées et qui résident en Suisse. Imaginons également qu'avant les analyses ADN ces 1'000 hommes aient tous la même probabilité d'être à l'origine de la trace. Après analyse, le laboratoire constate une correspondance entre le profil ADN de la trace et celui de la personne mise en cause et détermine un rapport de vraisemblance supérieur à 1 milliard. L'effet des analyses ADN serait, dans un tel cas, de faire évoluer la probabilité que la personne mise en cause soit effectivement à l'origine de la trace de 0.1% (1/1'000) à plus de 99.9999%. »

	Avant les analyses ADN	→	Après les analyses ADN
Population de suspects	P(Ha I)	LR	P(Ha E,I)
suspect mis hors de cause par l'enquête	0	1000	0
1'000'000	0.000001	1000	0.001
1'000	0.001	1000	0.500
10	0.100	1000	0.99108
2	0.500	1000	0.999001
suspect mis hors de cause par l'enquête	0	1 milliard	0
1'000'000	0.000001	1 milliard	0.999
1'000	0.001	1 milliard	0.999999
10	0.100	1 milliard	0.99999999
2	0.500	1 milliard	0.999999999

4.4. Est-il raisonnable d'indiquer que le LR vaut 10^{27} lorsque les fréquences alléliques sont obtenues sur la base de l'étude de 200 personnes non-apparentées ? D'autres experts s'arrêtent à 10^9 ?

Un LR de 10^{27} est difficilement justifiable. Les modèles utilisés pour attribuer les LR ne sont pas suffisamment robustes pour justifier un tel chiffre. Comme indiqué au point 2.1, Il est recommandé de borner le LR à 1 milliard. Cette valeur a été obtenue grâce à des simulations (Hopwood, Puch-Solis et al. 2012) et non pas en utilisant des modèles dont certains postulats (indépendance des locus, population infinie, etc.) ne peuvent pas être vérifiés lorsque les valeurs de LR dépassent 10^9 .

Généralement, les LR sont attribués en utilisant comme alternative une personne non apparentée. Dans les populations naturelles, certains individus sont apparentés et peuvent donc partager des allèles hérités en commun. De ce point de vue, il est utile de rester conservatif et de borner le LR. De plus, le fait de donner un LR qui dépasse le milliard peut faussement laisser penser que le profil ADN est unique. Pour pouvoir affirmer qu'un profil ADN est réellement unique, il faudrait analyser toutes les personnes vivant sur terre.

4.5. Pourquoi dans une affaire de trace non-mélangée associée à une personne mise en cause donnez-vous une probabilité de coïncidence fortuite plutôt qu'un rapport de vraisemblance ?

Recommandation 8 : lorsque cela est possible, un LR doit être utilisé pour exprimer avec quelle force les résultats soutiennent une hypothèse plutôt que son alternative et ceci pour tout type de profil ADN.

5. Rapport d'expertise

5.1. Pourquoi mettez-vous (ou ne mettez-vous pas) une valeur statistique dans les rapports faisant état d'une correspondance suite à une recherche dans la base de données nationale ?

Idéalement, il faudrait attendre de connaître les propositions des deux parties et le contexte de l'affaire avant de réaliser une évaluation. Dans les faits, le laboratoire peut définir des propositions et devrait prendre garde de faire figurer une mise en garde stipulant que l'évaluation devrait être refaite si les propositions changent ou que de nouveaux éléments viennent à être connus (voir 3.1.).

5.2. Dans un cas de mélanges ADN avec deux personnes mises en cause, devons-nous envisager des propositions qui tiennent compte de toutes les situations ? Par exemple S1 + S2 versus 2 inconnus, S1 + 1 inconnu versus 2 inconnus, S2 + 1 inconnu versus 2 inconnus, etc. Idem si le S1 est arrêté en premier (quid du premier rapport ?), puis S2 est arrêté par la suite (quid du deuxième rapport ?) ?

Les propositions sont dictées par le cas et les allégations de l'accusation et de la défense. Sans information particulière, il est raisonnable de réaliser un calcul en tenant compte de S1 + S2 pour l'accusation et de deux inconnus pour la défense. Dans tous les cas, la démarche est transparente car les propositions apparaissent dans le rapport et un commentaire précise que l'évaluation doit être refaite si les propositions changent ou que de nouveaux éléments viennent à être connus (voir 3.1.). Si S1 est arrêté en premier, les propositions seront S1 + 1 inconnu vs 2 inconnus. Après l'arrestation de S2, on retombe sur S1 + S2 vs deux inconnus. Il est possible également de contacter l'autorité judiciaire afin de demander quelles sont les propositions pertinentes pour cette affaire.

5.3. Pourquoi ne répondez-vous pas clairement aux questions d'intérêt du tribunal, à savoir le suspect a-t-il ou non laissé la trace ?

Le rôle du scientifique est de se prononcer sur les résultats d'analyse, en particulier sur la probabilité de les observer en fonction de propositions fournies par les parties $P(E|H_i)$. C'est au tribunal, qui dispose de toutes les informations sur le cas, de se prononcer sur les hypothèses elles-mêmes $P(H_i|E)$ et donc de dire par exemple si le suspect a laissé ou non la trace. Lorsque le scientifique se prononce sur les hypothèses, il commet une erreur appelée le transposé du conditionnel (*prosecutor's fallacy*) et outrepassé son rôle.

5.4. Comment osez-vous parler des activités liées au dépôt de l'ADN (ou reconstruire ces activités) ?

En mode évaluatif, l'expert devrait évaluer ses résultats en fonction des propositions de l'accusation et de la défense. Cela ne l'empêche pas de proposer des explications en mode investigatif. Le rôle de l'expert est d'amener des considérations qui ne sont pas de la compétence du tribunal (concentration d'ADN, probabilité de transfert, qualité du profil ADN, etc.). Si l'expert ne le fait pas, aucune autre personne ne sera en mesure de le faire.

Recommandation 9 : le scientifique devrait faire part dans son rapport de toute observation pouvant avoir une influence sur les délibérations du tribunal.

5.5. Si il n'y a pas de formulation de propositions au niveau de l'activité alors que le cas le nécessiterait, est-il conseillé de préparer un rapport évaluatif au niveau de la source (ou sous-source) ?

Ceci n'est pas recommandé car un LR très élevé au niveau de la source peut être faussement compris comme un fort soutien pour une hypothèse formulée au niveau de l'activité.

Références

CGG Aitken and F Taroni (2004). *Statistics and the evaluation of evidence for forensic scientists*, John Wiley & Sons.

B Budowle et al. (2011). "Population genetic analyses of the NGM STR loci." *Int J Legal Med* 125(1): 101-109.

LA Foreman and IW Evett (2001). "Statistical analyses to support forensic interpretation for a new ten-locus STR profiling system." *Int J Legal Med* 114(3): 147-155.

AJ Hopwood et al. (2012). "Consideration of the probative value of single donor 15-plex STR profiles in UK populations and its presentation in UK courts." *Sci Justice* 52(3): 185-190.

WC Thompson et al. (2003). "How the Probability of a False Positive Affects the Value of DNA Evidence." *Journal of Forensic Sciences* 48(1): 1-8.

LA Welch et al. (2012). "European Network of Forensic Science Institutes (ENFSI): Evaluation of new commercial STR multiplexes that include the European Standard Set (ESS) of markers." *Forensic Sci Int Genet* 6(6): 819-826.

SM Willis et al. (2015) ENFSI Guideline for Evaluative Reporting in Forensic Science. European Network of Forensic Science Institutes, Dublin.
http://enfsi.eu/sites/default/files/documents/external_publications/m1_guideline.pdf