

## PROJET DE RECHERCHE

**Problématique** : En science forensique, les traces d'ADN sont des indices pouvant être déterminants pour la résolution d'une enquête, notamment lorsque le profil ADN d'un suspect concorde avec celui retrouvé sur une scène de crime. Toutefois, il est nécessaire pour l'enquêteur ou le décideur de fait (juriste, magistrat, jury) d'évaluer le poids de cette concordance, c'est-à-dire l'hypothèse qu'elle soit purement fortuite. Une concordance fortuite survient lorsque la trace est laissée par un inconnu qui possède le même profil génétique que le suspect. La probabilité de concordance fortuite dépend des fréquences (rareté) des diverses variantes (allèles) d'un gène existant dans la population d'intérêt pour l'enquête (p. ex., la population montréalaise si on soupçonne que l'auteur d'un crime vient de cette ville). Un échantillon génétique de référence, collecté dans cette population d'intérêt, sert de banque d'ADN pour évaluer la rareté d'un profil génétique. De façon générale, les laboratoires d'expertise disposent d'échantillons d'ADN séparés pour des groupes ethniques différents : Caucasiens, Asiatiques, Noirs, etc. Les échantillons proviennent de dons volontaires. Cette façon simpliste de constituer une banque pose deux problèmes. D'abord, elle est (présument) valable seulement lorsqu'on a affaire à des populations ethniquement homogènes. À ce jour, l'aspect multiethnique de beaucoup de populations urbaines n'est pas pris en compte. Il est donc essentiel de s'intéresser aux populations hétérogènes et métissées. Ensuite, ces banques ne répondent pas vraiment à la question pour lesquelles elles sont réellement constituées : quelle est la composition génétique des traces (et non des individus) laissées sans cesse dans l'environnement par les activités humaines quotidiennes.<sup>1,2</sup>

**Hypothèse de recherche et objectif** : Considérant la problématique énoncée ci-dessus, mon hypothèse est que les fréquences d'allèles dans les traces d'ADN d'une population d'intérêt cosmopolite diffèrent des fréquences d'allèles fournies par les banques de référence typiques. L'objectif général de ce projet est de tester cette hypothèse en utilisant une nouvelle approche pour 1) mieux définir la population d'intérêt à l'enquête et 2) établir une banque d'ADN de référence à partir de traces prélevées aléatoirement dans cette population.

**Objectifs spécifiques et méthode** : Il sera d'abord nécessaire d'échantillonner l'ADN humain présent naturellement dans l'environnement. Deux villes sont ciblées par cette collecte, une cosmopolite, Montréal, et une plus homogène, Trois-Rivières. Je prédis que les problèmes soulevés ci-dessus quant à la validité des banques d'ADN de référence seront, le cas échéant, plus marqués dans la première ville. Préalablement, il importe de bien définir les zones d'échantillonnage afin de délimiter la population d'intérêt non pas suivant simplement les frontières administratives, mais en fonction de l'échelle de la criminalité. Cela sera fait par des méthodes d'analyse criminelle, grâce à la collaboration des corps policiers. Dans chacune des deux villes, des zones à échantillonner seront ainsi identifiées à partir de plusieurs variables distinctes (densité de différents types d'infractions, rayon d'action de l'auteur de crimes, etc.). Un total de 200 points d'échantillonnage déterminés aléatoirement seront positionnés sur le territoire, tout en notant les coordonnées géographiques pour cartographier les données. À chaque point,

plusieurs objets délaissés (verres jetables, gommes, mégots de cigarettes, etc.) seront récoltés comme source d'ADN. L'ADN en sera ensuite analysé en laboratoire.

Ensuite, les données des deux villes seront comparées entre elles et à celles de la banque de référence du Laboratoire de sciences judiciaires et de médecine légale (LSJML, ministère de la Sécurité publique du Québec) pour mesurer la différence quantitative dans la rareté des mêmes profils génétiques (probabilités de concordance fortuite) estimée par ces deux approches. Ensuite, une cartographie géographique liée à l'information génétique permettra d'établir la distribution des fréquences d'allèles, pour vérifier si l'échelle spatiale de la criminalité correspond à une échelle relative d'homogénéité génétique de la population. Enfin, ces données prises à un point précis dans le temps pourront éventuellement être comparées à celles de futurs échantillons pour suivre l'évolution génétique des populations.

**Retombées** : Partout dans le monde, les laboratoires judiciaires ou de police scientifique utilisent des banques d'ADN de référence de populations qui ne sont pas nécessairement représentatives de la population d'intérêt pour un cas criminel particulier. Mes travaux permettront de vérifier la validité de cette approche et d'évaluer l'alternative qui est d'échantillonner des traces d'ADN plutôt que des individus volontaires, pour mieux cibler la population d'intérêt. Ce projet s'avère particulièrement important dans le contexte de la mobilité à grande échelle des individus dans les sociétés modernes. Par exemple, une étude de 2016 de Statistique Canada montre que 23.4% des habitants de la région de Montréal possèdent un statut d'immigrant.<sup>3</sup> L'approche proposée ici aura certainement de grandes retombées, car elle sera applicable dans les nombreuses grandes villes multiethniques, ou dans de nombreuses villes où les variations génétiques ne sont pas en lien avec la séparation des territoires. Les laboratoires judiciaires pourront ainsi en bénéficier pour calculer de façon moins biaisée le poids statistique d'une concordance ADN.<sup>4,5</sup>

### **Références:**

- 1 Spooner M, S. A. Likelihood ratios for evaluating DNA matches obtained from a database search when there is substructure in the population. . *Statistics in Medicine* (2019).
- 2 Jillian Ng, R. F. O., Sreetharan Kanthaswamy. Assessing the FBI's Native American STR database for random match probability calculations. *Legal Medicine* (2018).
- 3 Canada, S. *Série « Perspective géographique », Recensement de 2016,* <<https://www12.statcan.gc.ca/census-recensement/2016/as-sa/fogs-spg/Facts-cma-fra.cfm?LANG=Fra&GK=CMA&GC=462&TOPIC=7>> (2019, juillet 18).
- 4 Sree Kanthaswamy, D. G. S. Genetic and ethnohistoric evidence suggest current Native American population datasets in the FBI's CODIS Database are not sufficiently representative. *Forensic Science International : Genetics* (2014).
- 5 T. Hessab, R. S. A., R.S Moura-Neto, D.J Balding, C. G Schrago. Evaluating DNA evidence in a genetically complex population. *Forensic Science International : Genetics* (2018).