

LES USAGES POLICIERS DE L'ADN S'ÉTENDENT

Depuis la mise au point des empreintes génétiques par le généticien britannique Alec Jeffreys, en 1985, la technique est utilisée en contexte policier. Cette approche, qui consiste aujourd'hui à caractériser une vingtaine de marqueurs microsatellites du génome, permet de distinguer suffisamment une personne d'une autre pour considérer que chacun de nous, à l'exception des vrais jumeaux, a une empreinte génétique unique.

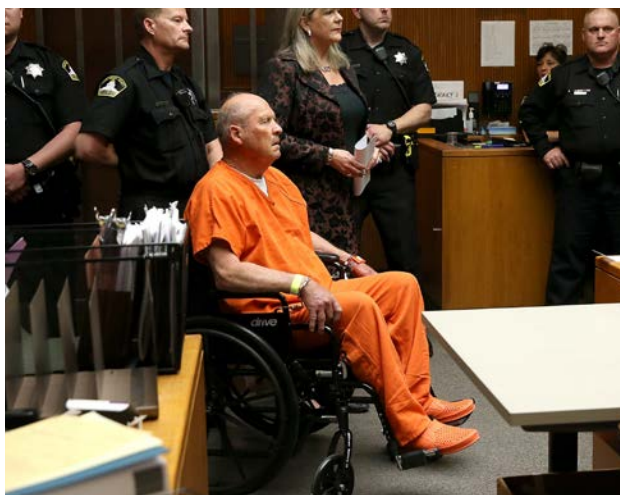
La réalisation d'empreintes à partir de traces biologiques retrouvées sur une scène de crime (sperme, cheveux, cellules mortes) permet parfois de rapprocher différentes enquêtes (mêmes empreintes retrouvées sur différentes scènes), ou d'identifier un nouveau suspect (mêmes empreintes sur une trace et chez une personne testée). L'identité de deux empreintes ne prouve cependant pas la culpabilité du suspect : nous libérons en permanence des cellules mortes (cheveux, peau...) susceptibles de se retrouver sur la main d'une personne que nous avons saluée ou sur un mégot que nous avons jeté.

Depuis 1998, il existe en France un fichier automatisé des empreintes génétiques, le FNAEG, qui conserve les empreintes de toutes les personnes condamnées ou mises en cause pour une série de crimes et de délits. Aujourd'hui, ce fichier contient près de 3 millions d'empreintes génétiques, dont 75 % correspondent à des personnes mises en cause, mais non condamnées. En pratique, lorsqu'une empreinte est réalisée sur un échantillon prélevé sur une scène de crime, la loi française autorise de la comparer à toutes les empreintes présentes dans le FNAEG pour rechercher une correspondance et identifier ainsi un nouveau suspect. Depuis quelques années, il est également autorisé de rechercher si une empreinte du FNAEG, à défaut de correspondre exactement à l'empreinte identifiée, serait celle d'un parent ou d'un enfant biologique.

En 2018, l'arrestation par la police californienne de Joseph James DeAngelo a étendu encore ce principe. Pour identifier ce présumé meurtrier, violeur et voleur multirécidiviste recherché depuis le début des années 1970, les policiers ont en effet comparé l'ADN retrouvé sur plusieurs scènes de crime avec celui d'un site de généalogie génétique. Ils ont repéré une bonne

dizaine de personnes pouvant être de lointains cousins de la personne recherchée. En suivant les liens de parenté entre ces personnes, ils ont identifié un ancêtre commun vivant au début du XIX^e siècle. La reconstruction de la descendance de cet ancêtre – plus de 1 000 personnes – a permis d'affiner les recherches, jusqu'à l'identification de cet ancien policier de 73 ans.

Enfin, depuis un arrêt de la cour de Cassation de 2014, les enquêteurs sont autorisés, en France, à faire analyser une trace génétique pour obtenir des informations sur l'apparence de la personne correspondante : couleur de la peau, des cheveux, des yeux, origine biogéographique. La fiabilité de ces « portraits-robots génétiques » reste toutefois assez discutée.



Joseph James DeAngelo, auteur présumé d'au moins douze meurtres, une cinquantaine de viols et une centaine de cambriolages en Californie entre 1974 et 1986, a été identifié en 2018 par comparaison de l'ADN trouvé sur le terrain avec la base de données génomiques GEDmatch.

d'automatique. Cela pourrait renforcer encore la pression sociale qui s'exerce déjà sur les couples en les poussant à utiliser tous les moyens technologiques disponibles pour faire naître des enfants « en bonne santé », pour optimiser encore la sélection de vies considérées comme « valant le coup d'être vécues ».

Ces interrogations, qui sont loin d'épuiser le sujet, sont importantes au moment où le Parlement français s'apprête à examiner le nouveau projet de loi de bioéthique, dont un volet concerne les examens génétiques et la médecine génomique. D'autant que les progrès dans le domaine sont loin de se tarir.

Avec la révolution biotechnologique que représente le séquençage de nouvelle génération (NGS, pour *next generation sequencing*), qui permet de séquencer de grandes quantités d'ADN en des temps record, le coût de séquençage d'un génome humain a chuté de manière drastique cette dernière décennie. Alors que celui du premier génome humain avait coûté 3 milliards de dollars et duré 13 ans entre 1990 et 2003 avec des séquenceurs de type Sanger, un séquenceur NGS Illumina HiSeq X offre le

même résultat en une journée pour 1 000 dollars. La société Illumina a déjà promis le génome à 100 dollars d'ici à 2020 avec le nouveau séquenceur Illumina NovaSeq. De jeunes entreprises américaines de génomique comme Helix, Veritas Genetics ou Genecov visent par ailleurs à dépasser l'usage des puces à ADN, préconisé par les leaders actuels du marché des tests génétiques, pour rendre accessible au grand public le séquençage complet de leur génome. En 2018, deux entrepreneurs du secteur, Razib Khan et David Mittelman, soutenaient déjà, dans la revue *Genome Biology*, que l'ère des puces de SNP des années 2010 serait supplantée par la révolution du séquençage complet des génomes qui s'opérerait au grand jour dans les années 2020. Selon eux, le génome complet de 60 millions d'Américains sera séquencé d'ici à 2025. Si ces informations plus exhaustives contribueront à augmenter la précision des résultats des tests génétiques, elles augmenteront surtout la valeur commerciale des bases de données privées des entreprises qui, d'ores et déjà, font saliver les laboratoires pharmaceutiques. ■

BIBLIOGRAPHIE

P. Ducournau, **S'entreprendre avec ses gènes : Enquête sur l'auto-généralisation**, PUR, 2018.

M. Mathieu et P. Malzac, **Tests génétiques : illusion ou prédiction ?**, Le Muscadier, 2017.

C. Bourgain et P. Darlu, **ADN superstar ou superflic ? Les citoyens face à une molécule envahissante**, Le Seuil, 2013.

L'ESSENTIEL

> Quand des étoiles massives épuisent leur combustible, elles s'effondrent en laissant parfois derrière elles un vestige extrêmement compact : une étoile à neutrons.

> À l'intérieur d'un tel astre, la gravité comprime la matière au point

de transformer la plupart des protons en neutrons. Mais on ignore quelle forme prend exactement la matière dans ces étoiles.

> Les neutrons s'apparentent peut-être pour créer un « superfluide » de viscosité nulle, ou se scindent en quarks et gluons, leurs composants élémentaires.

> Des observatoires capables de détecter les ondes gravitationnelles émises lors des collisions d'étoiles à neutrons et d'autres expériences apporteront de nouvelles lumières sur ces objets mystérieux.

L'AUTEURE



CLARA MOSKOWITZ
cheffe des rubriques
physique et espace
au magazine
Scientific American

Au cœur des étoiles à neutrons

À l'intérieur des étoiles à neutrons règne une densité extrême, parmi les plus élevées de l'Univers. Sous quelle forme la matière s'y trouve-t-elle ? Superfluide de neutrons ? Quarks étranges ? De nouveaux indices éclairent cette vieille énigme.

Lorsqu'une étoile vingt fois plus massive que le Soleil meurt, elle devient une étoile à neutrons, un corps de la taille d'une grande ville et d'une densité extrême. « L'objet le plus insensé qui soit, mais dont la plupart des gens n'ont jamais entendu parler », commente l'astrophysicien Zaven Arzoumanian, qui travaille au centre de vol spatial Goddard de la Nasa. Ainsi, un morceau d'étoile à neutrons de la taille d'une balle de ping-pong pèserait plus d'un milliard de tonnes. Sous la surface de l'étoile, écrasés par la gravité, la plupart des protons et des électrons fusionneraient pour former des neutrons, d'où le nom de ces astres. Du moins est-ce l'image que les astrophysiciens se font de ces objets. Mais la question est loin d'être réglée.

La densité au sein d'une étoile à neutrons serait comparable à celle d'un noyau atomique, environ 10^{17} kilogrammes par mètre cube, densité que certaines expériences en laboratoire commencent seulement à reproduire. Avec des conditions aussi extrêmes, la

structure interne de ces objets reste quasi inconnue. « Ces objets présentent la plus forte densité stable de la matière, permise par les lois de la nature mais sous une forme que nous ne comprenons pas encore », explique Zaven Arzoumanian. C'est aussi la forme de matière subissant la plus forte gravité que l'on connaisse : si l'on y ajoutait un tout petit peu plus de masse, une étoile à neutrons se transformerait en un trou noir, objet qui déforme tellement l'espace-temps environnant que même la lumière ne peut s'en échapper.

Différentes hypothèses courent sur la structure interne des étoiles à neutrons. Certaines suggèrent que le cœur de ces astres est tout simplement rempli d'une phase dense de nucléons (les composants des noyaux atomiques), avec très majoritairement des neutrons et quelques protons de-ci de-là. D'autres scénarios reposent sur des configurations plus exotiques. L'une des possibilités est un mélange de nucléons et de particules moins courantes, des hyperons. Ces derniers ont été découverts dans les années 1950, grâce aux accélérateurs de particules et aux expériences associées. Les >