

Normes et recommandations du SWGWILD

(Version 2.0-Acceptée par le SWGWILD le 19 décembre 2012)

1.0 Portée de ce document

Ce document présente les normes minimales et fournit des recommandations supplémentaires à l'usage des analystes judiciaires spécialisés dans l'analyse génétique et morphologique de la faune et de la flore sauvages. Ce document aborde les domaines des bonnes pratiques de laboratoire, du traitement des indices et pièces à conviction et de la formation, thèmes centraux de tous les laboratoires de police technique et scientifique. Aussi incluses dans ce document sont des considérations phylogénétiques et taxonomiques, ainsi que les collections de référence spécifiques aux sciences forensiques.

2.0 Définitions

Remarque : Ces définitions s'appliquent aux normes et recommandations générales, génétiques et morphologiques. Les définitions spécifiques aux analyses génétiques et morphologiques se trouvent dans leurs sections spécifiques respectives.

- 2.1 **Exactitude** – La capacité d'obtenir un résultat correct, reflété par le degré de conformité d'une quantité mesurée à sa valeur réelle.
- 2.2 **Contrôle administratif** – Une évaluation de la cohérence des rapports et des pièces justificatives avec les règles des laboratoires ainsi que de leur exactitude rédactionnelle.
- 2.3 **Analyste** – Une personne qui conduit ou dirige les analyses des échantillons de police scientifique, interprète les données, tire des conclusions et/ou rédige des rapports présentant les conclusions.
- 2.4 **Chaîne de surveillance** – La documentation chronologique ou trace écrite documentant la saisie, la détention, le contrôle, le transfert, l'analyse et la disposition des indices et pièces à conviction.
- 2.5 **Compétence** – La démonstration de la connaissance et des aptitudes techniques nécessaires à la réalisation d'une tâche donnée.
- 2.6 **Collection référencée** – Un assemblage de matériels de référence acquis et conservés avec les données associées selon des normes de contrôle qualité explicites.
- 2.7 **Recommandations** – Suggestions dont le but est d'optimiser la précision et l'exactitude des méthodes. Suivre les recommandations n'est pas obligatoire, néanmoins celles-ci représentent un « scénario idéal » pour les analystes et les laboratoires qui en possèdent les moyens. Les laboratoires qui travaillent occasionnellement sur des cas de police scientifique ne seront pas toujours en mesure de suivre les recommandations à la lettre, mais les laboratoires spécialisés de police scientifique liée aux espèces sauvages devraient sérieusement penser à les mettre en pratique. Les recommandations ont une tolérance plus large au niveau des paramètres opérationnels garantissant la précision et l'exactitude des analyses.
- 2.8 **Connu** – Dans le contexte des indices ou pièces à conviction, matériel dont la caractéristique étudiée (par ex. identité individuelle, source géographique) ne fait pas de

doute. Ce matériel fournit une base de comparaison avec le matériel incertain dans un but d'identification individuelle.

- 2.9 **Identification** – Analyses visant à établir la classification taxonomique de l'échantillon. Ces analyses se basent sur des caractères diagnostiques du niveau taxonomique en question.
- 2.10 **Individualisation** – Analyses qui tentent de faire correspondre un échantillon incertain avec un échantillon connu, à l'exclusion de tout autre.
- 2.11 **Laboratoire** – L'entité qui réalise l'analyse, comprenant le personnel et l'établissement physique.
- 2.12 **Remarques** – Clarifications et explications des normes et recommandations. Celles-ci ne sont ni des normes ni des recommandations et ne doivent pas être traitées comme telles.
- 2.13 **Fidélité** – Le degré de concordance dans une série de mesures, de valeurs ou de résultats individuels.
- 2.14 **Matériel de référence** – Échantillons biologiques dont l'identité est connue ou données obtenues à partir de ces derniers ou à partir de sources publiées.
- 2.15 **Procédure opérationnelle normalisée (PON)** – Documentation écrite conservée par le laboratoire et comprenant les pratiques, procédures et protocoles du laboratoire appliquées lors de procédures analytiques spécifiques. Les PON sont des documents contrôlés et un mécanisme existe pour garantir que les PON sont mises en pratique dans le laboratoire, que leur contenu est actualisé et autorisé, et que les versions précédentes ou non valides sont archivées à des fins de référence.
- 2.16 **Normes** – Pratiques minimales obligatoires nécessaires pour garantir que les analystes produisent des résultats analytiques exacts et précis, et présentent ces résultats de manière objective et sans biais. Certaines normes sont accompagnées de méthodes d'évaluation de l'exactitude et de l'objectivité, par exemple la surveillance de la performance des réactifs et des équipements, ou par le biais d'un examen technique des produits et rapports d'analyse. Les normes sont non négociables, et chaque analyste doit les respecter, qu'il travaille dans un laboratoire de recherche ou dans un établissement de police scientifique spécialisé. Les normes et recommandations peuvent être modifiées en réponse à de nouvelles informations, innovations ou perspectives.
- 2.17 **Examen technique** – L'évaluation des rapports, notes, données, et autres documents afin de garantir que les conclusions scientifiques reposent sur une base adéquate et suffisante.
- 2.18 **Validation** – Le processus expérimental qui établit la fiabilité d'une technique ou d'une procédure ou de leur modification. La validation méthodologique démontre l'acceptabilité d'une méthode pour son objectif prévu.
- 2.19 **Spécimen de référence** – Spécimen biologique d'identité et d'origine géographique connues conservé avec les données de terrain telles que le stade du cycle de vie et le sexe.

3.0 Normes et recommandations générales

3.1 Formation et personnel

- 3.1.1 *Norme* : Chaque laboratoire réalisant des analyses de police scientifique liée aux espèces sauvages aura un code d'éthique observé par l'entièreté du personnel. Tous les membres du personnel doivent fournir des efforts explicites pour effectuer leur travail d'une manière professionnelle, confidentielle et exempte de biais.
- 3.1.2 *Recommandation* : Tous les analystes et les superviseurs doivent avoir suivi un programme de formation documenté.
- 3.1.3 *Norme* : Tous les membres du laboratoire qui sont en contact avec les indices et pièces à conviction auront une formation traitant de la chaîne de surveillance, de la manipulation des pièces à conviction, de l'éthique, des biais et de la sécurité avant de pouvoir travailler indépendamment.
- 3.1.4 *Recommandation* : Tous les analystes auront reçu une formation sur les lois pertinentes et le témoignage d'expert avant de travailler sur des cas qui pourraient entraîner des procédures judiciaires.

3.2 **Manipulation des indices et pièces à convictions**

- 3.2.1 *Norme* : Les laboratoires auront des procédures opérationnelles normatives (PON) en place pour garantir l'intégrité des indices et pièces à conviction et prévenir la perte, la contamination, la contamination croisée et la falsification des indices et pièces à conviction pendant le stockage, le traitement et l'examen.
- 3.2.2 *Norme* : Une chaîne de surveillance sera mise en œuvre. Tous les indices et pièces à conviction seront étiquetés à l'aide d'un identifiant unique et de la signature ou des initiales de l'analyste.
- 3.2.3 *Recommandation* : Une portion de chaque échantillon devrait être conservée pour permettre de futures analyses indépendantes.
- 3.2.4 *Norme* : Les échantillons qui ont été altérés physiquement de manière importante, entièrement ou partiellement, pour aider à leur identification (par exemple parties utilisées pour analyses moléculaires, réduction à l'état de squelette) seront photographiés avant leur altération.
- 3.2.5 *Norme* : Tous les efforts possibles seront fournis pour minimiser l'utilisation destructive ou l'altération des échantillons soumis comme pièces à conviction. S'il est nécessaire d'utiliser l'entièreté de l'échantillon, la partie concernée (par exemple, l'officier en charge de l'affaire ou l'entité qui remet les pièces) sera consultée.
- 3.2.6 *Norme* : Lors de l'altération physique d'un indice ou d'une pièce à conviction dans un but d'analyse, les effets possibles de l'altération ou des altérations sur de potentielles analyses ultérieures seront minutieusement pris en compte. Si une altération qui aura un effet sur des analyses ultérieures est nécessaire, la partie concernée sera consultée.
- 3.2.7 *Norme* : Les réactifs utilisés pour la recherche et pour les enquêtes seront conservés séparément.

- 3.2.8 *Norme* : Les échantillons utilisés pour la recherche et pour les enquêtes seront séparés physiquement ou temporellement s'ils sont analysés à l'aide du même instrument.
- 3.2.9 *Norme* : Les indices ou pièces à conviction et leurs données associées seront conservés et analysés de manière contrôlée et sécurisée à tout moment.
- Remarque* : Un accès contrôlé comprend le stockage sécurisé des indices et pièces à conviction, des restrictions concernant les zones où s'effectuent les analyses, et la protection des données numériques. L'accès aux zones réservées aux analyses ou aux indices et pièces à conviction par du personnel autre que celui de la police scientifique devra toujours se faire sous escorte ou supervision.

3.3 Équipement et méthodes

- 3.3.1 *Norme* : Avant de les utiliser dans le cadre d'enquêtes, la performance et le fonctionnement des nouveaux équipements doivent être évalués par l'analyse d'échantillons représentatifs (échantillons types, contrôles positifs) et la vérification que les résultats attendus sont produits. Par la suite, leur performance sera vérifiée régulièrement (au moins aussi souvent qu'indiqué par le fabricant). De plus, les instruments qui ont été utilisés par des tiers ou prêtés devront être testés avant d'être réutilisés dans le cadre d'enquêtes.
- 3.3.2 *Norme* : Les protocoles utilisés dans le cadre d'enquêtes seront validés avant d'être mis en pratique. Toute nouvelle méthode sera scientifiquement justifiée (c.-à-d. qu'elle se basera sur des publications et méthodes publiées dans des revues à comité de lecture) et amplement documentée.
- 3.3.3 *Norme* : L'utilisation d'une méthode analytique dérivée de procédures validées dans un autre laboratoire ou d'une méthode publiée dans une revue à comité de lecture devra être l'objet d'une procédure de validation interne. La procédure de validation sera assez rigoureuse et détaillée pour confirmer que les résultats attendus de l'analyse peuvent être obtenus dans le laboratoire avant d'utiliser la méthode dans le cadre d'une enquête.
- 3.3.4 *Norme* : Les méthodes statistiques utilisées seront décrites dans le dossier d'enquête.
- 3.3.5 *Recommandation* : Les critères de validation suivants doivent être pris en compte le cas échéant :
- 3.3.5.1 Revue de la littérature pertinente. Une liste de références pertinentes devrait être fournie.
 - 3.3.5.2 Exactitude de l'analyse : l'exactitude peut être déterminée par l'analyse d'un échantillon contrôle identifiable.
 - 3.3.5.3 Fidélité de l'analyse : la fidélité peut être déterminée en testant plusieurs fois des échantillons connus.
 - 3.3.5.4 Spécificité de l'analyse : la spécificité peut être évaluée par l'analyse d'individus d'espèces ou de populations proches mais non identiques à la

cible, des espèces contaminantes probables ou des espèces de substitut. Des sources alternatives (types de tissus ou substrats) peuvent également être testés.

- 3.3.5.5 Les limites à l'exactitude de l'interprétation (par exemple, contaminants dans les mélanges sanguins, substrats, etc.) seront identifiées et évaluées.

3.4 Matériel et collections de référence

- 3.4.1 *Norme* : Les laboratoires réalisant des analyses de police scientifique liée aux espèces sauvages devront disposer de matériel de référence conservé dans des collections contrôlées.
- 3.4.2 *Norme* : Les laboratoires prépareront une PON décrivant la gestion et la conservation de chaque type d'échantillon biologique de référence utilisé pour l'identification taxonomique. Les éléments à prendre en compte comprennent :
- 3.4.2.1 Documentation et procédures de conservation
 - 3.4.2.2 Protection du matériel contre la dégradation
 - 3.4.2.3 Autorités taxonomiques et agencement de la collection
- 3.4.3 *Norme* : Les spécimens et banques de données utilisés lors d'une enquête seront identifiés de manière unique et documentés dans le dossier d'enquête.
- 3.4.4 *Norme* : L'identité d'un spécimen biologique de référence doit être vérifiée avant d'utiliser le matériel dans le cadre d'une enquête. La validation des spécimens morphologiques est réalisée en référence aux spécimens vérifiés disponibles, aux spécimens provenant de collections d'histoire naturelle plus larges (par exemple des grands musées), ou à la littérature professionnelle (par exemple, monographies de taxonomie, clés d'identification, ou guides d'identification sur le terrain). Les échantillons de référence utilisés pour l'analyse de l'ADN doivent provenir de spécimens validés morphologiquement.
- 3.4.5 *Norme* : La provenance et l'identité taxonomique des spécimens de référence ou des séquences d'ADN utilisés aux fins de comparaison avec les indices ou pièces à conviction sera documentée.
- 3.4.6 *Norme* : Les rapports d'identification taxonomique feront usage des noms scientifiques tels qu'acceptés actuellement.
- 3.4.7 *Norme* : Des sources fiables (littérature ou bases de données publiées) seront utilisées pour déterminer si une classification taxonomique est acceptée scientifiquement, et chaque laboratoire maintiendra une liste actualisée des autorités taxonomiques utilisées.
- 3.4.8 *Recommandation* : Chaque analyste devrait être prêt à résoudre les problèmes de synonymie et d'autres problèmes taxonomiques potentiels.
- 3.4.9 *Recommandation* : La détermination des sous-espèces des taxons sauvages ne devrait être tentée que si des données exactes et à jour concernant l'origine géographique existent.

- 3.4.10 *Norme* : Les hypothèses sur l'origine géographique utilisées lors de l'identification taxonomique seront documentées dans le dossier d'enquête.

3.5 **Documentation du dossier**

- 3.5.1 *Norme* : Le dossier d'enquête comprendra la chaîne de surveillance, les requêtes de soumission, les notes de laboratoire, la localisation des données électroniques, la documentation des examens techniques et administratifs et le rapport final.
- 3.5.2 *Recommandation* : Le dossier d'enquête devrait aussi contenir tout autre document pertinent, comme les données brutes, les e-mails, notes d'autres communications externes dans le cadre de l'enquête, les documents d'expédition ou de réception, et/ou une documentation photographique des indices ou pièces à conviction ou de leur emballage.
- 3.5.3 *Norme* : Les notes de laboratoire seront assez détaillées pour permettre à un autre analyste compétent dans ce domaine de répéter l'analyse réalisée en utilisant la même méthodologie dans les mêmes conditions.

3.6 **Rapport**

- 3.6.1 *Norme* : Les rapports contiendront des informations sur les méthodes générales, les résultats et les conclusions. Le rapport sera assez détaillé pour permettre à un autre expert d'établir la manière dont les analyses ont été effectuées et dont les conclusions ont été tirées.
- 3.6.2 *Norme* : Chaque dossier et rapport d'enquête devra être le sujet d'un examen technique et administratif avant d'être rendu public. L'exactitude technique de tous les rapports sera vérifiée par un autre scientifique compétent dans le domaine traité dans le rapport. Ces vérifications seront documentées dans le dossier d'enquête.
- 3.6.3 *Recommandation* : L'examen administratif devrait être réalisé par une personne autre que l'analyste et l'examineur technique.
- 3.6.4 *Norme* : Tous les rapports identifieront le(s) analyste(s) responsable(s) de la production et de l'interprétation des données d'investigation.
- 3.6.5 *Norme* : Les termes utilisés dans la conclusion, tels que « concordance », « conforme avec », etc., seront définis par chaque laboratoire produisant un rapport.
- 3.6.6 *Norme* : Les tests statistiques justifiant les conclusions seront décrits dans le rapport.

3.7 **Procédures/protocoles opérationnel(le)s normalisé(e)s (PON) nécessaires :**

- 3.7.1 *Norme* : Chaque laboratoire mettra en œuvre les PON suivantes :
- 3.7.1.1 Critères d'acceptation, conditions de stockage et méthodes pour la validation, la documentation et le suivi des réactifs importants ou du

matériel de référence ayant une influence directe sur le succès d'une réaction ou d'un test. (Se référer aux normes relatives à la validation aux paragraphes 3.3 et 3.4)

3.7.1.2 Analyse des données. (Se référer au paragraphe 3.3.5.5.)

3.7.1.3 Réception, suivi, stockage, transfert et élimination après analyse des indices et pièces à conviction. (Se référer au paragraphe 3.1.2.)

4.0 Normes et recommandations relatives aux tests ADN

L'analyse de l'ADN des espèces sauvages est la discipline de la police scientifique liée aux espèces sauvages qui utilise des techniques génétiques en vue d'identifier la famille, le genre, l'espèce, la population ou l'individu dont proviennent des fragments ou des produits. L'analyse des caractères génétiques est la méthode de choix pour l'individualisation et la classification en l'absence de caractères morphologiques, en particulier dans le cas de traces (sang, fluides corporels), d'organismes partiels (entrailles, pièces d'artisanat, os, bois de cervidés, cornes), de tissus dégradés ou traités (viande cuite, filets de poisson, bois d'œuvre, médecines traditionnelles chinoises).

Les présentes normes et recommandations fournissent des considérations générales concernant l'application de techniques génétiques d'analyse des indices et pièces à conviction provenant d'espèces sauvages (par exemple, polymorphismes de longueur des fragments de restriction, polymorphisme d'un seul nucléotide, analyse des protéines). Elles traitent également d'analyses ADN spécifiques très courantes actuellement, comme le séquençage de l'ADN pour l'identification des caractères de groupes (partagés par plusieurs individus ou taxons) et l'analyse des microsatellites (STR) pour l'établissement de l'identité individuelle. Il est probable que les présentes normes et recommandations continueront à évoluer pour suivre les développements réalisés dans ce domaine.

4.1 Définitions et abréviations relatives à l'ADN

4.1.1 **Seuils analytiques** – Dans l'analyse des microsatellites, les amplitudes minimale et maximale acceptables des pics pour que des allèles puissent leur être assignés.

4.1.2 **Bin** – Dans l'analyse des microsatellites, une « fenêtre » autour de la taille obtenue pour chaque allèle (déterminée de manière empirique pour chaque espèce différente).

4.1.3 **Contamination** – L'introduction non intentionnelle d'ADN exogène dans un échantillon ou une réaction de PCR.

4.1.4 **Électrophérogramme** – Un condensé graphique des résultats d'une analyse électrophorétique produite par un analyseur génétique.

4.1.5 **Contrôle négatif d'extraction** – (ou blanc réactif) Un échantillon de contrôle qui ne contient pas d'ADN matrice et est utilisé pour vérifier l'absence de contamination du stade de l'extraction à celui de l'analyse des séquences ou fragments. Ce contrôle est ajouté à l'analyse avec les échantillons incertains

et/ou connus.

- 4.1.6 **Génotype** – La constitution génétique d'un organisme ou d'une cellule ; fait également référence à l'allèle ou aux allèles spécifique(s) hérité(s) à certains locus de l'ADN nucléaire ou mitochondrial.
- 4.1.7 **Hétérozygote** – Dans le cadre de l'analyse des microsatellites, allèles qui présentent deux pics de hauteurs généralement similaires.
- 4.1.8 **Homozygote** – Dans le cadre de l'analyse des microsatellites, allèles qui présentent un pic unique.
- 4.1.9 **Analyse d'un faible nombre de copies** – Une analyse réalisée en vue d'obtenir un résultat à partir d'un échantillon de qualité ou quantité très réduite, par exemple en augmentant le nombre de cycles de la PCR, en modifiant les concentrations de réactifs, etc.
- 4.1.10 **Haplotype mitochondrial** – Une séquence d'ADN identifiée dans une région spécifique de l'ADN mitochondrial.
- 4.1.11 **PCR** – Réaction en chaîne par polymérase (Polymerase Chain Reaction en anglais).
- 4.1.12 **Contrôle négatif de PCR** – Un contrôle analytique utilisé pour détecter de l'ADN contaminant dans les réactifs d'amplification. Ce contrôle contient uniquement les réactifs d'amplification, sans addition d'ADN matrice. Ce contrôle est ajouté à l'analyse avec les échantillons incertains et/ou connus.
- 4.1.13 **Contrôle positif de PCR** – Un échantillon de contrôle utilisé pour s'assurer que la PCR a bien fonctionné. Ce contrôle contient les réactifs d'amplification et un échantillon d'ADN connu, et est ajouté à l'analyse avec les échantillons incertains et/ou connus.
- 4.1.14 **Pic** – Une section triangulaire distincte de l'électrophérogramme s'élevant au-dessus de la ligne de base. Dans le cas de l'analyse de microsatellites, un pic est un allèle déterminé principalement par les paramètres sélectionnés dans le logiciel d'analyse utilisé.
- 4.1.15 **Hauteur du pic** – (ou amplitude du pic) Le point auquel l'intensité du signal du pic est maximale.
- 4.1.16 **Rapport des hauteurs de pic** – dans l'analyse des microsatellites, le rapport entre la hauteur du pic le plus bas et celle du pic le plus haut, exprimé en pourcentage.
- 4.1.17 **Microsatellites** – (or STR, pour « Short Tandem Repeats ») Fragments d'ADN polymorphiques contenant des séquences répétées, généralement de 2 à 5 nucléotides. Les microsatellites sont très couramment utilisés pour l'individualisation, car le nombre de répétitions est en général très variable au sein d'une population.
- 4.1.18 **Thêta (θ)** – Un estimateur de la statistique Fst de Wright (NRC, 1996) utilisée pour représenter la structure génétique des populations ; elle est incorporée en tant que correction dans les équations de probabilité de coïncidence lorsque les données de référence de la population contiennent plusieurs sous-populations.

4.2 Normes et recommandations générales relatives aux tests ADN

4.2.1 Laboratoire

4.2.1.1 *Norme* : Des zones séparées du laboratoire porteront la désignation post-PCR et pré-PCR.

4.2.1.2 *Norme* : Les équipements, produits PCR, et les consommables ne seront jamais transférés d'une zone post-PCR à une zone pré-PCR, à moins d'avoir été décontaminés en suivant des pratiques de laboratoire agréées établies par une PON définie.

4.2.2 Extraction de l'ADN

4.2.2.1 *Norme* : Chaque cycle d'extraction d'ADN contiendra au moins un contrôle négatif d'extraction.

4.2.2.2 *Norme* : L'extraction de l'ADN du matériel de référence sera séparée physiquement ou temporellement de l'extraction de l'ADN des indices et pièces à conviction. Les travaux d'enquête et de recherche ne seront pas conduits simultanément au même endroit.

4.2.2.3 *Norme* : En cas de comparaison de l'ADN de plusieurs indices ou pièces à conviction, par exemple, un échantillon incertain comparé à un échantillon connu, les pièces seront traitées à des périodes différentes ou dans des lieux différents.

4.2.2.4 *Recommandation* : Les échantillons traces devraient être extraits et amplifiés avant les échantillons contenant de nombreuses copies de brins d'ADN, et les échantillons incertains devraient être extraits avant le matériel de référence associé et les échantillons connus.

4.2.2.5 *Recommandation* : Dans le cas d'analyses sensibles à la concentration en ADN matrice, les échantillons devraient être quantifiés avant l'amplification.

4.2.3 Amplification

4.2.3.1 *Norme* : Les amorces utilisées pour la détermination de l'espèce seront décrites dans le dossier d'enquête.

4.2.3.2 *Norme* : Les amorces utilisées en routine auront été testées sur une large gamme d'espèces possibles pour déterminer leur spécificité. Elles seront également validées en utilisant plusieurs dilutions de l'ADN matrice, plusieurs concentrations de réactifs, plusieurs températures d'hybridation et un nombre varié de cycles afin de délimiter la plage de conditions acceptables pour la PCR et d'évaluer la probabilité d'obtenir des faux positifs et des faux négatifs.

4.2.3.3 *Norme* : Chaque PCR contiendra des un contrôle négatif et un contrôle positif d'extraction et un contrôle négatif et un contrôle positif de PCR.

4.2.3.4 *Recommandation* : Un contrôle positif devrait produire un génotype différent, pour permettre de vérifier qu'il ne constitue pas une source de contamination.

4.2.3.5 *Norme* : Les contrôles positifs et négatifs de PCR et les contrôles négatifs

d'extraction devraient être analysés de concert avec les échantillons d'indices ou de pièces à conviction lors de l'étape finale (séquençage ou détermination de la taille des fragments).

4.2.4 Analyse et interprétation

4.2.4.1 *Norme* : Les résultats seront rejetés si un contrôle négatif présente une amplification et si son génotype est identique à celui d'un des indices ou pièces à conviction.

4.2.5 *Norme* : Les laboratoires auront des PON en place traitant des éléments suivants :

4.2.5.1 Contamination détectée dans les contrôles positifs, les contrôles négatifs, ou les échantillons d'enquête.

4.2.5.2 Analyse, interprétation, et seuils minimaux pour l'approbation des données. Des exemples d'indicateurs de qualité des données comprennent les scores de qualité phred, l'intensité du signal ou la hauteur du pic.

4.2.5.3 Installations et équipement de nettoyage et de décontamination.

4.2.6 *Recommandation* : Les laboratoires travaillant avec de l'ADN dégradé ou à faible nombre de copies devraient avoir en place un PON qui traite spécifiquement de l'analyse de ces échantillons et de l'interprétation des données en résultant.

4.3 Normes et recommandations relatives au séquençage

4.3.1 *Norme* : L'identification taxonomique sur base des données de séquençage comprendra une évaluation de :

4.3.1.1 L'adéquation des données de référence, y compris la représentation acceptable d'espèces proches

4.3.1.2 La distribution des distances génétiques entre les espèces les plus proches

4.3.1.3 La biogéographie, les cycles biologiques et la taxonomie de l'organisme

4.3.1.4 Les phylogénies publiées

4.3.2 *Norme* : Les séquences publiées dans les bases de données publiques (par exemple, la base de données Genbank du National Center for Biotechnology Information) seront utilisées avec circonspection.

4.3.3 *Recommandation* : Une identification ne devrait pas reposer sur une seule séquence provenant d'une base de données publique. Dans les rares cas où des informations supplémentaires ne sont pas disponibles, l'aspect limité de la conclusion devrait être indiqué dans le rapport.

4.3.4 *Norme* : Les estimations statistiques de la fréquence des haplotypes mitochondriaux devront prendre en compte l'adéquation et la complétude des données de référence.

4.3.5 *Norme* : Les laboratoires auront des PON en place traitant des éléments suivants :

4.3.5.1 Correction et comparaison des séquences de nucléotides

4.3.5.2 Contamination ou mélange de séquences

4.3.5.3 Hétéroplasmie

4.4 Normes et recommandations relatives aux microsatellites

- 4.4.1 *Norme* : Un marqueur de taille interne sera ajouté à chaque échantillon pour normaliser les différences de migration des pics. La désignation allélique de l'échantillon ne sera utilisée que si le plus petit allèle et le plus grand allèle de cet échantillon se trouvent à l'intérieur de la plage de tailles du marqueur de taille interne.
- 4.4.2 *Norme* : Lorsque les données sont partagées par plusieurs laboratoires, les tailles alléliques déterminées seront harmonisées en utilisant des échantillons de contrôle qualité dont le génotype est connu.
- 4.4.3 *Norme* : Chaque laboratoire utilisera des palettes de locus validées en interne.
- 4.4.4 *Norme* : Toutes les estimations de probabilités d'individualisation seront ajustées pour tenir compte de la structure des populations.

Remarque : Dans le cas de taxons à faible mobilité ou d'espèces à reproduction non panmictique, des estimations pertinentes de la structure des populations devraient être réalisées. Lorsque θ est inconnu pour une espèce particulière, un ajustement prudent sera incorporé sur base des données disponibles pour les taxons dont la structure des populations est considérée être similaire.

- 4.4.5 *Norme* : Lors de l'affectation d'un échantillon à une population, il est essentiel que la base de données contienne une couverture géographique représentative et un échantillon de taille suffisante. Si une population adéquate ne peut pas être utilisée pour la comparaison, les conclusions refléteront cette contrainte.

- 4.4.6 Les laboratoires auront des PON en place traitant des éléments suivants :

- 4.4.6.1 *Norme* : Définition d'un seuil d'intensité du signal pour les allèles utilisés pour attribuer un génotype. Ces critères d'intensité du signal sont déterminés par des valeurs généralement acceptées pour la plateforme de collecte des données ou sont déterminés de manière empirique par des procédures de validation interne.
- 4.4.6.2 *Norme* : Définition d'un ensemble de critères minimaux pour la désignation d'un allèle et des génotypes à inclure dans le rapport final.
- 4.4.6.3 *Norme* : Définition des bins utilisés pour identifier les allèles.
- 4.4.6.4 *Norme* : Distinguer le cas échéant les artefacts et les pics parasites (« stutter » ou « pull-up ») des pics alléliques réels.
- 4.4.6.5 *Norme* : Faire la distinction entre les profils génotypiques provenant d'une source unique, de sources multiples, et les profils partiels.
- 4.4.6.6 *Norme* : Usage d'une formule établie (par exemple, NRC, 1996) pour le calcul de la probabilité d'individualisation.

5.0 Normes et recommandations relatives aux examens morphologiques

La morphologie est l'étude de la forme. Dans un contexte de police scientifique liée aux espèces sauvages, c'est la discipline qui utilise des comparaisons morphologiques pour identifier des

fragments corporels et des produits issus d'espèces sauvages, en général au niveau de la famille, du genre ou de l'espèce. Selon la nature de la pièce étudiée, différentes techniques de comparaison macroscopique et microscopique peuvent être utilisées.

Il est essentiel de reconnaître que presque toutes les analyses réalisées par un morphologiste dans le cadre de la police scientifique liée aux espèces sauvages se basent sur des caractères de groupes et non des caractères individuels. Les caractères morphologiques quantitatifs et/ou qualitatifs partagés sont utilisés par les scientifiques pour spécifier ou déterminer les groupes taxonomiques, tels que familles, genres et espèces. Ces caractères de groupes sont associés de manière fiable avec les lignées évolutives jusqu'au niveau de l'espèce. Par contre, l'individualisation nécessite l'observation de caractères qui identifient un individu unique. L'individualisation sur base de caractères morphologiques est rarement utilisée dans les cas liés aux espèces sauvages.

La comparaison morphologique est la méthode sur laquelle se basent les études classiques de structure et d'évolution biologiques, et forme une part essentielle du travail des taxonomistes, des anatomistes, des paléontologues et des archéologues, ainsi que des anthropologues médico-légaux. Un grand nombre de publications scientifiques établissent la rigueur scientifique et l'utilité des techniques de comparaison morphologique.

5.1 Normes et recommandations générales relatives à la morphologie

5.1.1 Fondements de la détermination morphologique

- 5.1.1.1 *Norme* : L'analyste examinera, interprétera et documentera les similarités morphologiques entre l'indice ou la pièce à conviction et des spécimens d'espèce connue, en utilisant le cas échéant des informations supplémentaires issues de références scientifiques.
- 5.1.1.2 *Norme* : L'analyste prendra en compte la valeur diagnostique et la variabilité intraspécifique des caractères analysés.
- 5.1.1.3 *Recommandation* : Les références scientifiques utilisées lors des examens morphologiques devraient provenir de la littérature scientifique primaire, de monographies taxonomiques, d'ensembles de données morphométriques, de clés d'identification, de guides d'identification sur le terrain, et de bases de données photographiques fiables.
- 5.1.1.4 *Recommandation* : En l'absence de matériel de référence physique disponible pour comparaison, des données métriques et non métriques (par exemple, descriptions anatomiques et guides d'identification ostéologique) devraient être utilisées. Des données métriques et non métriques devraient également être utilisées conjointement avec du matériel de référence physique.
- 5.1.1.5 *Recommandation* : Si l'origine géographique d'une espèce revêt une importance particulière pour l'interprétation des caractères morphologiques, les spécimens de référence les plus pertinents devraient être sélectionnés.
- 5.1.1.6 *Recommandation* : La documentation analytique et l'interprétation des données morphologiques devraient respecter la hiérarchie taxonomique,

avec les caractères identifiant les ordres mentionnés en premier, suivis par les caractères spécifiques des familles, et enfin les caractères diagnostiques du genre et de l'espèce.

5.1.2 Processus de l'examen morphologique – Restes externes

5.1.2.1 *Norme* : L'analyste prendra en compte la complétude et l'état de l'indice ou de la pièce à conviction, ainsi que la présence ou l'absence de caractères taxonomiques informatifs.

5.1.2.2 *Norme* : Lorsque l'indice ou la pièce à conviction ne représente pas un organisme entier, l'analyste évaluera le niveau taxonomique approprié qui peut être identifié.

5.1.2.3 *Norme* : Les caractères d'âge et de sexe de l'indice ou de la pièce à conviction seront évalués et l'analyste déterminera si le matériel de référence disponible est adéquat pour permettre une interprétation exacte des données et l'identification de l'espèce. Par exemple, un ensemble de données morphométriques de mammifères adultes ne permet généralement pas d'identifier les restes d'un individu juvénile.

5.1.3 Processus de l'examen morphologique – Restes ostéologiques

5.1.3.1 *Norme* : La réduction à l'état de squelette ne sera pas réalisée sans consultation de la partie concernée.

5.1.3.2 *Recommandation* : Les laboratoires devraient avoir en place un PON traitant du nettoyage des indices ou pièces à conviction squelettiques.

5.1.3.3 *Norme* : L'analyse de l'indice ou de la pièce à conviction comprendra une description des éléments ostéologiques examinés, leur condition physique, et toute altération taphonomique ou anthropogène.

5.1.3.4 *Recommandation* : En vue de déterminer l'âge relatif (adulte, subadulte, juvénile ou nouveau-né), l'analyste devrait tout d'abord évaluer si un matériel suffisant est disponible pour l'analyse, puis évaluer les caractères pertinents pour le taxon en question (p. ex. fusion des épiphyses des éléments du squelette ou stade d'éruption ou d'usure dentaire chez les mammifères).

5.1.4 Processus de l'examen morphologique – Structures microscopiques

5.1.4.1 *Norme* : Dans les cas où un examen détaillé des structures tégumentaires (tels les poils ou les plumes) s'avère nécessaire, un examen macroscopique documentera les caractéristiques générales telles que la couleur, le motif, la taille ou la forme, tandis qu'un examen microscopique documentera les détails des structures externes et/ou internes.

5.1.4.2 *Norme* : Les identifications seront réalisées en référence aux collections de spécimens de source taxonomique connue (p.ex. spécimens fixés de poils ou de barbes de plumes) ou, si ces derniers ne sont pas disponibles, aux références scientifiques telles que définies au paragraphe 5.1.1.3 ci-dessus.

5.1.4.3 *Recommandation* : Si des caractéristiques microscopiques sont examinées ou comparées, les poils/plumes/écailles des pièces à conviction et de références devraient être fixées sur des lames de verre à l'aide d'un milieu de montage ayant un indice de réfraction proche de celui de la kératine (p.ex. du xylène ou un substitut du xylène)

5.1.4.4 *Recommandation* : Lorsque les indices ou pièces à conviction morphologiques sont des poils de mammifère, l'identité taxonomique devrait être déterminée en utilisant des poils informatifs, tels les poils de garde.

5.2 Normes et recommandations relatives à la documentation

- 5.2.1 *Norme* : Lors d'une identification taxonomique sur base de caractères morphologiques, l'analyste documentera les éléments suivants dans le dossier :
- 5.2.1.1 Type de matériel reçu comme indice ou pièce à conviction (p.ex. organisme entier ou partiel, os, dent, plume, poil, sculpture en ivoire, cuir, pièce d'artisanat, etc.).
 - 5.2.1.2 Intégrité et état de l'indice ou pièce à conviction.
 - 5.2.1.3 Caractères morphologiques utilisés pour procéder à l'identification.
 - 5.2.1.4 Matériel de référence et/ou source des données utilisés pour vérifier l'identification.

Appendice- Références

Les références listées ci-dessous comprennent les matériaux principaux sur lesquelles se basent les présentes normes et recommandations, ainsi que des références supplémentaires traitant de contextes ou de problèmes particuliers. Cette liste ne représente pas une liste exhaustive de la littérature pertinente.

Références pour la section générale

- American Society of Crime Lab Directors/Laboratory Accreditation Board. 2011. ASLCD/LAB-International Supplemental Requirements for the Accreditation of Forensic Testing Laboratories.
- ANSI-ASQ National Accreditation Board/Forensic Quality Services. FQS ISO/IEC 17025 Accreditation and Supplemental Requirements for Forensic Testing, including FBI QAS. Document 11, July 10, 2012
- Dror, I. E., Charlton, D. and Peron, A. E. 2006. Contextual information renders experts vulnerable to making erroneous identifications. *Forensic Science International* **156**:74-78.
- International Laboratory Accreditation Cooperation. 2002. ILAC Guide 19: Guidelines for Forensic Science Laboratories. 14 pp.
- International Organization for Standardization. 2005. ISO/IEC 17025:2005 General Requirements for the Competence of Testing and Calibration Laboratories. 28 pp.
- Moore, M. K. and Kornfield, I. L. 2012. Best practices in wildlife forensic DNA. In, *Wildlife forensics: methods and applications*, 1st ed. Edited by J.E. Huffman and J.R. Wallace, pp. 201-236. Chichester: Wiley-Blackwell.

National Research Council/National Academy of Sciences. 2009. *Strengthening Forensic Science in the United States: A Path Forward*. National Research Council, Washington, DC.

Ogden, R. 2010. Forensic science, genetics and wildlife biology: getting the right mix for a wildlife DNA forensics lab. *Forensic Science, Medicine, and Pathology* **6**:172-179.

Walker, D. N. and Adrian, W. J. (eds) 2012. *Wildlife Forensic Field Manual*. 4th edition. Association of Midwest Fish and Game Law Enforcement Officers, Colorado Division of Wildlife, Denver, Colorado.

Références complémentaires relatives à l'ADN

Butler, J. 2010. *Fundamentals of Forensic DNA Typing*, Academic Press, Burlington, MA.

Federal Bureau of Investigation. 2011. *Quality assurance standards for forensic DNA testing laboratories*. Disponible sur : <http://www.fbi.gov/about-us/lab/codis/qas-standards-for-forensic-dna-testing-laboratories-effective-9-1-2011> [Accessed 9/24/12].

Federal Bureau of Investigation. 2010. *SWGDAM Interpretation Guidelines for Autosomal STR Typing by Forensic DNA Testing Laboratories*. Disponible sur : <http://www.fbi.gov/about-us/lab/codis/swgdam-interpretation-guidelines> [Accessed 9/24/12].

Harris, D. J. 2003. Can you bank on GenBank? *Trends in Ecology and Evolution* **18**:317-319.

Holland, M. M. and Parsons, T. J. 1999. Mitochondrial DNA sequence analysis—validation and use for forensic casework. *Forensic Science Review* **11**:21-50.

Longo, M. S., O'Neill, M. J. and O'Neill, R. J. 2011. Abundant human DNA contamination identified in non-primate genome databases. *PLoS One* **6**:e16410.

National Research Council. 1996. *NRC II: The Evaluation of Forensic DNA Evidence*, Washington, DC, National Academy Press.

Ross, H. A., Murugan, S. and Li, W. L. S. 2008. Testing the reliability of genetic methods of species identification via simulation. *Systematic Biology* **57**:216-230.

Stephenson, J. J., Campbell, M. R., Hess, J. E., *et al.* 2009. A centralized model for creating shared, standardized, microsatellite data that simplifies inter-laboratory collaboration. *Conservation Genetics* **10**:1145-1149.

Scientific Working Group on DNA Analysis Methods. 2004. Revised validation guidelines *Forensic Science Communications* **6** July 2004.

Weir, B. S. and Cockerham, C. C. 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution* **38**:1358-1370.

Weir, B. S. and Hill, W. G. 2002. Estimating F-statistics. *Annual Review of Genetics* **36**:721-50.

Wilson, M. R., DiZinno, J. A., Polansky, D., *et al.* 1995. Validation of mitochondrial DNA sequencing for forensic casework analysis. *International Journal of Legal Medicine* **108**:68-74.

Références complémentaires relatives à la morphologie

Anderson, R. M. 1965. *Methods of collecting and preserving vertebrate animals*. Bulletin No. 69, Biological Series No. 18, National Museum of Canada, Ottawa.

Baumel, J. J. (ed.) 1993. *Nomina anatomica avium: an annotated anatomical dictionary of birds*, 2nd ed. Publications of the Nuttall Ornithological Club, No. 23, Cambridge, MA.

Brunner, H., and Coman, B. 1974. *The identification of mammalian hairs*. Melbourne: Inkata Press Ltd.

Dove, C. J. and Koch, S. L. 2010. Microscopy of feathers: a practical guide for forensic feather identification. *JASTEE*, **1**:15-61.

vonden Driesch, A. 1976. *A guide to the measurement of animal bones from archaeological sites*. Bulletin No. 1, Peabody Museum of Archaeology and Ethnology, Harvard University, Cambridge, MA.

Martin, D. L. 2012. Identification of reptile skin products using scale morphology. In, *Wildlife forensics: methods and applications*, 1st ed. Edited by J.E. Huffman and J.R. Wallace, pp. 161-199. Chichester: Wiley-Blackwell.

Petraco, N. 1987. A microscopical method to aid in the identification of animal hair. *Microscope*, **35**(1):83-92.

Rose, C. L., Hawks, C.A., and Genoways, H. H. (eds) 1995. *Storage of natural history collections: a preventive conservation approach*. New York: Society for the Preservation of Natural History Collections.

Simmons, John E. 2002. *Herpetological collecting and collections management*, revised ed. Herpetological Circular No. 31, Society for the Study of Amphibians and Reptiles.