

Normes et recommandations de la SWFS - Version 3

Soumis par le groupe de travail technique de la Société des Sciences Forensiques pour les Espèces Sauvages (Society for Wildlife Forensic Sciences - SWFS) le 11 Septembre 2018

Approuvé pour publication par le Conseil de la Société des Sciences Forensiques pour les Espèces Sauvages le 19 Novembre 2018

Citation recommandée:

Groupe de travail technique de la SWFS (2018). Normes et recommandations pour les Analyses Forensiques des Espèces Sauvages, Version 3. Ed. Lucy M.I. Webster. Publié par la Société des Sciences Forensiques pour les Espèces Sauvages, le 19 Novembre 2018, 21pp. Traduit de la version anglaise (originale) par Armand Biko'o et Arame Ndiaye le 29 Juin 2020

1.0 Portée

Ce document fournit des normes minimales et des recommandations supplémentaires pour les analystes en forensique des espèces sauvages dans les sous-disciplines de l'ADN (section 4), la morphologie (section 5) et l'analyse chimique pour l'identification du bois (section 6). Ce document couvre également les bonnes pratiques de laboratoire, le traitement des indices et pièces à conviction et la formation, qui sont au cœur de tous les laboratoires forensiques. Il comprend également des considérations critiques spécifiques relatives à la phylogénie, la taxonomie, et les collections de références spécifiques aux sciences forensiques des espèces sauvages.

2.0 Définitions

Remarque : Ces définitions s'appliquent à toutes les normes et recommandations. Si nécessaire, des définitions spécifiques seront retrouvées dans les sections respectives.

- 2.1 Analyste** – Une personne qui effectue et/ou dirige l'analyse des échantillons des dossiers forensiques, interprète les données, tire des conclusions et/ou rédige des rapports présentant les conclusions.
- 2.2 Collection référencée** – Un assemblage de matériaux de référence acquis et conservés avec les données associées conformément aux normes explicites de contrôle de la qualité.
- 2.3 Compétence** – La démonstration d'aptitudes techniques et de connaissances nécessaires pour effectuer certaines tâches.
- 2.4 Connu** – Dans le contexte des indices et/ou pièces à conviction, cela correspond au matériel pour lequel l'aspect faisant l'objet de l'enquête (par exemple une identification individuelle, l'origine géographique) n'est pas remis en question. Ce matériel sert de base de comparaison avec le matériel incertain à des fins d'appariement individuelle.
- 2.5 Contrôle administratif** – Une évaluation du rapport et des documents justificatifs pour en assurer la cohérence avec les politiques du laboratoire et la correction éditoriale.

- 2.6 Exactitude** – La capacité à obtenir un résultat correct, par exemple le degré de conformité d'une quantité mesurée par rapport à sa valeur réelle.
- 2.7 Examen technique** – Une évaluation des rapports, notes, données et tout autre document afin de garantir que les conclusions scientifiques reposent sur une base appropriée.
- 2.8 Identification** – Analyses pour établir la classification taxonomique de l'échantillon. Ces analyses sont basées sur des caractères diagnostiques pour le niveau taxonomique en question.
- 2.9 Individualisation** – Analyses qui tentent de faire correspondre un échantillon incertain à un échantillon connu à l'exclusion de tous les autres.
- 2.10 Laboratoire** – L'entité fournissant l'analyse, y compris le personnel et les infrastructures nécessaires.
- 2.11 Matériel de référence** – Spécimens biologiques d'identité connue ou les données dérivées de ceux-ci ou provenant de sources publiées. Les spécimens de référence représentatifs sont un sous-ensemble de matériel de référence qui sont d'identité connue, organisés et conservés avec des données pertinentes telles que l'origine géographique, le stade de l'histoire de vie et le sexe.
- 2.12 Normes** – Pratiques minimales obligatoires nécessaires pour garantir que les analystes produisent des résultats analytiques exacts, précis et transmettent ces résultats de manière impartiale et objective. Certaines normes sont accompagnées de méthodes d'évaluation de la précision et de l'objectivité, par exemple, le suivi des performances des réactifs et des équipements, ou via un examen technique des produits et rapports analytiques. Les normes ne sont pas négociables et chaque analyste doit les respecter, que ce soit dans un laboratoire de recherche ou dans un établissement forensique dédié. Les normes et les recommandations peuvent être modifiées en réponse à de nouvelles informations, innovations et perspectives.
- 2.13 Plan analytique** – Un plan des méthodes d'analyse à appliquer dans un dossier, en fonction de la question forensique, des technologies disponibles, de la préservation des indices et/ou pièces à conviction et de la valeur des résultats analytiques. Il est généralement documenté en tant que procédures opérationnelles normalisées spécifiques au laboratoire (voir paragraphe 2.15). Tous les plans analytiques qui ne sont pas standards (par exemple, pour le travail avec de nouveaux types d'indices) doivent être documentés dans le dossier.
- 2.14 Précision** – Le degré de conformité entre une série de mesures, valeurs et/ou résultats individuels.
- 2.15 Procédure Opérationnelle Normalisée (PON ou SOP pour « Standard Operating Procedure » en anglais)** – Documentation écrite conservée par le laboratoire, et comprenant les politiques de laboratoire, les procédures et protocoles techniques ou les méthodes analytiques pour des procédures forensiques spécifiques. Les SOPs sont des documents contrôlés dotés de mécanismes garantissant que le contenu est à jour et autorisé, que les versions précédentes ou obsolètes sont archivées pour référence et que

les SOPs sont mises en œuvre dans le laboratoire.

- 2.16 Recommandations** – Elles ne sont pas obligatoires, mais représentent un « meilleur scénario » pour les analystes et les laboratoires ayant les moyens de les atteindre. Les laboratoires qui reçoivent occasionnellement des dossiers forensiques peuvent ne pas être en mesure d'appliquer toutes les recommandations. Toutefois, les laboratoires dédiés aux travaux forensiques des espèces sauvages devraient envisager de mettre en œuvre ces recommandations.
- 2.17 Traçabilité** – La documentation chronologique ou les traces écrites, montrant la saisie, la détention, le contrôle, le transfert, l'analyse et la disposition des indices et pièces à conviction.
- 2.18 Validation** – Processus consistant à effectuer un ensemble d'expériences qui établit la fiabilité d'une technique ou d'une procédure ou de leur modification. La validation méthodologique démontre qu'une méthode analytique est acceptable pour l'usage auquel elle est destinée.

3.0 Normes et Recommandations générales

3.1 Formation et personnel

- 3.1.1 *Norme:* Chaque laboratoire doit avoir une SOP pour la formation des travailleurs expérimentés et inexpérimentés, incorporant les normes décrites ci-dessous.
- 3.1.2 *Norme:* Chaque laboratoire effectuant des analyses forensiques liées aux espèces sauvages doit avoir un code d'éthique que tout le personnel doit respecter. Cela doit inclure une déclaration explicite selon laquelle tout le personnel du laboratoire doit effectuer son travail de manière professionnelle, confidentielle et impartiale.
- 3.1.3 *Recommandation:* Tous les analystes et superviseurs doivent avoir un programme de formation documenté.
- 3.1.4 *Norme:* Avant d'assumer des fonctions indépendantes, tous les membres du laboratoire qui manipulent des indices et pièces à conviction doivent avoir une formation qui comprend:
 - 3.1.4.1 la santé et la sécurité autour des échantillons biologiques
 - 3.1.4.2 la traçabilité
 - 3.1.4.3 le transfert, stockage et traitement sécurisés des indices et pièces à conviction
- 3.1.5 *Norme:* Avant d'entreprendre le traitement indépendant des dossiers d'enquête selon une méthode donnée, chaque analyste doit démontrer par des tests à l'aveugle sa compétence pour cette méthode.
- 3.1.6 *Recommandation:* Avant d'entreprendre le traitement indépendant des dossiers d'enquête, la formation des analystes doit comprendre.
 - 3.1.6.1 un biais cognitif
 - 3.1.6.2 une formation aux lois pertinentes
 - 3.1.6.3 le témoignage d'expert

3.2 Manipulation des indices et pièces à conviction

- 3.2.1 *Norme:* Les laboratoires, afin de garantir à tout moment l'intégrité des indices et pièces à conviction pendant le stockage, le traitement, l'examen, doivent avoir mis en place des SOPs traitant :
 - 3.2.1.1 de la réception des indices et pièces à conviction
 - 3.2.1.2 des critères d'acceptation
 - 3.2.1.3 du suivi

- 3.2.1.4 du stockage
- 3.2.1.5 du transfert
- 3.2.1.6 des dispositions post-analyses
- 3.2.1.7 de la prévention de la perte d'indices et pièces à conviction
- 3.2.1.8 de la prévention de la contamination
- 3.2.1.9 de la prévention de la falsification
- 3.2.2 *Norme:* Les indices ou pièces à conviction et les données dérivées doivent être stockées et analysées de manière contrôlée et sécurisée à tout moment.
 - 3.2.2.1 Les preuves physiques doivent être conservées dans un endroit verrouillé.
 - 3.2.2.2 Les données numériques doivent être stockées dans un endroit sécurisé et restreint.

Remarque: L'accès contrôlé concerne le stockage verrouillé des indices et pièces à conviction, les restrictions aux espaces d'analyses forensiques et la protection des données numériques. L'accès aux indices et pièces à conviction par le personnel non forensique doit se faire sous escorte ou sous surveillance en tout temps.
- 3.2.3 *Norme:* Une traçabilité effective doit être maintenue.
- 3.2.4 *Norme:* Tous les indices et pièces à conviction doivent être marqués d'un identifiant unique et de la signature ou des initiales de tous ceux qui les ont manipulés.
- 3.2.5 *Norme:* Une partie de chaque échantillon d'indice ou pièce à conviction doit être conservée dans la mesure du possible, pour éventuellement permettre une prochaine analyse indépendante.
- 3.2.6 *Norme:* Les indices ou pièces à conviction soumises à une altération physique importante en tout ou en partie pour faciliter l'identification (par exemple, les parties retirées pour les analyses moléculaires, squelettisées) doivent être préalablement photographiées avant l'altération.
- 3.2.7 *Norme:* Lors de l'altération physique des indices et pièces à conviction à des fins d'analyse, une attention particulière doit être accordée aux effets que cette altération peut avoir sur des analyses ultérieures.
- 3.2.8 *Recommandation:* Si une altération risquant d'affecter l'analyse ultérieure est nécessaire, la partie concernée (autre analyste, officier en charge de l'enquête, procureur...) doit être consultée.
- 3.2.9 *Norme:* Des aliquotes/lots de réactifs séparés doivent être utilisés pour la recherche et le traitement des dossiers d'enquête.
- 3.2.10 *Norme:* Les échantillons de recherche et les dossiers d'enquête doivent être physiquement ou temporellement séparés lorsqu'ils sont traités sur le même instrument.

3.3 Équipement et méthodes

- 3.3.1 *Norme:* Les performances des instruments doivent être évaluées avant que ces instruments soient utilisés lors d'analyse d'échantillons forensiques. Cela peut être réalisé en analysant des échantillons représentatifs (échantillons types, contrôles positifs) afin d'évaluer si les résultats attendus sont atteints. Ces contrôles de performance doivent avoir lieu:
- 3.3.1.1 lors de la mise en service d'un nouvel instrument
 - 3.3.1.2 par la suite régulièrement (au moins aussi souvent que l'indique le fabricant de l'instrument)
 - 3.3.1.3 après avoir prêté un instrument
- 3.3.2 *Norme:* Les laboratoires doivent disposer d'une SOP pour toutes les méthodes d'analyse, y compris la validation des nouvelles méthodes de laboratoire et d'analyse des données.
- 3.3.3 *Norme:* Les méthodes analytiques utilisées dans le cadre d'enquêtes doivent être validées avant utilisation.
- 3.3.4 *Norme:* L'utilisation d'une méthode analytique provenant de procédures validées dans un autre laboratoire ou d'une méthode publiée dans une revue à comité de lecture doit faire l'objet d'une validation interne. La procédure de validation doit être suffisamment rigoureuse et détaillée pour confirmer que les résultats attendus de l'analyse peuvent être obtenus au laboratoire d'essai avant que ladite méthode ne soit utilisée dans le cadre d'enquêtes.
- 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 des références pertinentes pour la question abordée devrait être disponible.
 - 3.3.5.2 Exactitude de l'analyse – Peut être déterminée en analysant un échantillon de contrôle traçable.
 - 3.3.5.3 Précision de l'analyse – La précision peut être déterminée par des tests répétés sur 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 apparentées mais non ciblées, des espèces contaminantes probables ou des espèces de substitut. D'autres types de prélèvements (types de tissus ou substrats) peuvent également être testés.
 - 3.3.5.5 Les limites à l'interprétation exacte (par exemple, contaminants dans les mélanges sanguins, substrat, contamination fongique ou de pathogènes, etc.) doivent être identifiées et évaluées.
- 3.3.6 *Recommandation:* Il est important que le plan d'analyse au laboratoire soit clair et, lorsque cela n'est pas documenté dans les SOPs (par exemple, pour de

nouveaux types d'échantillons ou questions), un plan analytique distinct doit être formulé et noté, en prenant soin de documenter tout écart par rapport à ce plan.

3.4 Matériel et collections de référence

- 3.4.1 *Norme:* Les laboratoires effectuant des analyses forensiques liées aux espèces sauvages doivent maintenir ou avoir accès aux matériels de référence conservés dans des collections organisées et contrôlées.
- 3.4.2 *Norme:* Les laboratoires doivent avoir une SOP décrivant l'organisation et la préservation de chaque type de matériel biologique de référence utilisé pour l'identification taxonomique. Les éléments à couvrir comprennent:
 - 3.4.2.1 La documentation et les procédures d'organisation
 - 3.4.2.2 La protection des matériaux contre la dégradation
 - 3.4.2.3 La liste des autorités taxonomiques actuellement utilisées
- 3.4.3 *Norme:* Les spécimens et les bases de données utilisés dans le traitement des dossiers de la police scientifique doivent être identifiés de manière unique et documentés dans le dossier d'enquête.
- 3.4.4 *Norme:* L'identité du matériel biologique de référence doit être vérifiée avant d'être utilisé dans le cadre d'une enquête. La validation des spécimens morphologiques se fait en se référant aux spécimens vérifiés disponibles, aux spécimens appartenant à une plus grande collection d'histoire naturelle (par exemple, les grands musées), ou à la littérature professionnelle (par exemple, les monographies taxonomiques, les clés d'identification ou les guides de terrain).
- 3.4.5 *Norme:* L'identité taxonomique du matériel de référence ou les séquences d'ADN utilisées pour la comparaison avec les indices ou pièces à conviction, ainsi que les données associées sur l'origine géographique et la source, doivent être documentées dans un catalogue de laboratoire ou dans une base de données.
- 3.4.6 *Norme:* Les rapports d'identification taxonomique doivent faire usage des noms scientifiques actuellement acceptés.
- 3.4.7 *Norme:* Des sources fiables (littérature publiée ou bases de données) doivent être utilisées pour déterminer si une classification taxonomique est scientifiquement acceptée.
- 3.4.8 *Recommandation:* Les analystes de laboratoire devraient être prêts à citer dans leurs rapports les références taxonomiques utilisées pour toutes les classifications présentées dans leurs rapports.
- 3.4.9 *Recommandation:* Chaque analyste doit être en mesure de mettre en évidence des questions de synonymie et d'autres éventuels problèmes taxonomiques.
- 3.4.10 *Recommandation:* La détermination des sous-espèces des taxons sauvages ne doit être envisagée qu'en présence de données précises concernant l'origine

géographique et avec une connaissance de la distribution actuelle des sous-espèces reconnues.

3.5 Documentation du dossier d'enquête

3.5.1 *Norme:* Le dossier d'enquête doit comprendre les éléments suivants:

- 3.5.1.1 les documents liés à la traçabilité
- 3.5.1.2 les requêtes de soumission
- 3.5.1.3 les notes de laboratoire
- 3.5.1.4 la localisation de toutes données électroniques
- 3.5.1.5 la documentation des contrôles techniques.
- 3.5.1.6 le rapport final

3.5.2 *Recommandation:* Le dossier d'enquête doit en outre contenir tout autre document pertinent, tel qu'un plan analytique, des fichiers de données brutes, des courriers électroniques, des enregistrements d'autres communications externes concernant l'enquête, l'envoi et la réception de la documentation et/ou une documentation photographique des indices ou pièces à conviction ou de leur emballage.

3.5.3 *Norme:* Les détails des différentes notes de laboratoire doivent être suffisants afin de permettre à un autre analyste compétent dans le domaine de répéter l'analyse effectuée en utilisant la même méthodologie et dans les mêmes conditions de test.

3.5.4 *Norme:* Les hypothèses émises sur l'origine géographique utilisées pour l'identification taxonomique doivent être documentées dans le dossier d'enquête.

3.6 Rapports

3.6.1 *Norme:* Les rapports doivent contenir des informations sur les méthodes générales, les résultats et les conclusions. Le rapport doit contenir suffisamment de détails pour qu'un autre expert puisse déterminer comment les analyses ont été effectuées et les conclusions tirées.

3.6.2 *Norme:* Contrôle technique: tous les rapports doivent être examinés avant leur publication pour en vérifier l'exactitude technique par un autre scientifique ayant des connaissances et une expertise avérées dans le domaine traité dans le rapport.

3.6.3 *Recommandation:* Contrôle administratif: tous les rapports doivent être vérifiés par une personne qualifiée afin de garantir l'utilisation correcte du format et le contenu éditorial.

Remarque: Idéalement, les contrôles techniques et administratifs devraient être effectués par des personnes différentes.

3.6.4 *Recommandation:* Les contrôles techniques doivent être documentés dans le dossier d'enquête et les modifications apportées aux premières ébauches du rapport et qui en affectent les interprétations doivent être entièrement documentées.

- 3.6.5 *Norme:* Tous les rapports doivent identifier l' (les) analyste (s) impliqué (s) dans la génération et l'interprétation des données forensiques.
- 3.6.6 *Norme:* Les termes utilisés dans la conclusion, tels que «concordance», «conforme avec», etc., doivent être définis par chaque laboratoire déclarant.
- 3.6.7 *Norme:* Les tests statistiques utilisés pour indiquer la confiance dans les conclusions, tels que les probabilités d'appariement aléatoire ou les rapports de vraisemblance, doivent être décrits.

4.0 Normes et recommandations relatives aux tests ADN

L'analyse de l'ADN est la discipline des sciences forensiques qui utilise des techniques génétiques en vue d'identifier la famille, le genre, l'espèce, la population ou l'individu dont proviennent les parties et produits des espèces sauvages. L'analyse des caractères génétiques est la méthode de choix pour l'individualisation et la classification de spécimens en l'absence de caractères morphologiques en particulier dans le cas d'indices constitués de traces (sang, fluides corporels), d'organismes partiels (entrailles, objets d'art, os, bois de cervidés, cornes), des tissus dégradés ou traités (viandes cuites, filets de poisson, bois d'œuvre, médecines traditionnelles chinoises).

Ces normes et recommandations font référence à des considérations générales dans l'application de techniques génétiques lors d'analyses forensiques des indices et pièces à conviction provenant d'espèces sauvages (par exemple, polymorphismes de longueur des fragments de restriction, polymorphismes mononucléotidiques ou analyse des protéines). Ils couvrent également des analyses ADN actuellement largement utilisées et qui sont spécifiques aux espèces sauvages, telles que le séquençage de l'ADN pour l'identification des caractères de classe, pour l'analyse de courts fragments d'ADN répétées en tandem (STR) et pour l'étude du polymorphisme nucléotidique (SNPs) pour établir une identité individuelle. Il est prévu que les présentes normes et recommandations continueront d'évoluer au fur et à mesure que le domaine se développera.

4.1 Définitions et abréviations relatives à l'ADN

- 4.1.1 **Analyse d'un échantillon à faible nombre de copies** – Analyse permettant d'obtenir un résultat à partir d'échantillons de très faible qualité / quantité, par exemple en utilisant des cycles de PCR supplémentaires, en modifiant les concentrations de réactifs, etc.
- 4.1.2 **Bin** – Dans l'analyse STR, le bin désigne une «fenêtre» autour de la taille obtenue pour chaque allèle (déterminée pour chaque espèce différente avec des données empiriques).
- 4.1.3 **Contamination** – L'introduction involontaire d'ADN exogène dans un échantillon ou une réaction de PCR.
- 4.1.4 **Contrôle négatif d'extraction – (ou blanc)** Un échantillon de contrôle analytique qui ne contient pas d'ADN et qui est utilisé pour surveiller la contamination de l'extraction à l'analyse finale du fragment ou de la séquence. Ce contrôle est inclus dans l'analyse en même temps que les échantillons incertains et/ou ceux connus.
- 4.1.5 **Contrôle négatif PCR** – Un échantillon de contrôle analytique utilisé pour détecter la contamination des réactifs d'amplification par de l'ADN. Ce contrôle consiste uniquement en réactifs d'amplification sans ajout d'ADN. Ce contrôle est inclus à l'analyse avec des échantillons suspects et/ou ceux déjà connus.
- 4.1.6 **Contrôle positif PCR** – Un échantillon de contrôle analytique utilisé pour déterminer si la PCR s'est déroulée correctement. Ce contrôle comprend les réactifs d'amplification auquel on ajoute un échantillon d'ADN connu, et il est inclus dans l'analyse en plus des échantillons suspects.
- 4.1.7 **Électrophorégramme** – Un tracé de résultats d'une analyse électrophorétique générée par un analyseur génétique.

- 4.1.8 **Génotype** – La constitution génétique d'un organisme ou d'une cellule; fait également référence aux allèles spécifiques hérités des loci nucléaires ou mitochondriaux.
- 4.1.9 **Haplotype mitochondrial** – Une séquence d'ADN qui a été identifiée dans une région d'ADN mitochondrial spécifique.
- 4.1.10 **Hauteur du pic** – (ou amplitude du pic) Le point pour lequel l'intensité du signal du pic est la plus élevée.
- 4.1.11 **Hétérozygote** – Dans l'analyse STR, cela correspond à un individu qui présente un motif d'allèle (représenté par un ou plusieurs pics) spécifique pour un locus et répété deux fois. En moyenne, les pics pour ces motifs alléliques ont des hauteurs similaires les uns par rapport aux autres.
- 4.1.12 **Homozygote** – Dans l'analyse STR, cela correspond à un individu pour lequel le motif allélique est unique (représenté par un ou plusieurs pics).
- 4.1.13 **PCR** – Réaction de polymérisation en chaîne.
- 4.1.14 **Pic** – Une section triangulaire distincte d'un électrophérogramme qui fait saillie au-dessus de la ligne de base. Dans l'analyse STR, la désignation d'un pic comme allèle est déterminée principalement par les paramètres définis dans le logiciel d'analyse.
- 4.1.15 **Polymorphisme d'un seul nucléotide (SNP)** – Une position de nucléotide spécifique à un locus d'ADN cible qui présente une variation nucléotidique (généralement bi-allélique) au sein d'une population. Les SNPs peuvent être utilisés pour l'identification des espèces, l'affectation à des populations / régions et l'individualisation.
- 4.1.16 **Rapports de hauteur de pic** – Dans l'analyse STR, cela correspond au rapport, exprimé en pourcentage, de la hauteur du pic inférieur sur la hauteur du pic supérieur.
- 4.1.17 **Séquences courtes répétées en tandem (STR)** – Courts fragments d'ADN polymorphes contenant une séquence répétée de généralement 2-5 nucléotides. Les STRs (ou microsatellites) sont couramment utilisés pour l'individualisation, car le nombre de répétitions est généralement très variable dans une population.
- 4.1.18 **Seuils analytiques** – Dans l'analyse STR, ils désignent les amplitudes de pic minimales et maximales acceptables pour des pics destinés à être désignés comme allèles.
- 4.1.19 **Thêta (Θ)** – Un estimateur de la statistique F_{ST} de Wright (NRC, 1996) qui est utilisé pour représenter la structure génétique des populations; il est incorporé comme correction dans les équations de probabilité d'appariement où 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:* Les laboratoires doivent avoir une SOP pour couvrir le processus par lequel les installations et les équipements sont nettoyés et décontaminés.
- 4.2.1.2 *Norme:* Les recherches effectuées pour les enquêtes et celles des dossiers non liés aux enquêtes doivent être séparées dans l'espace ou dans le temps.
- 4.2.1.3 *Norme:* Les zones du laboratoire doivent être désignées comme étant post-PCR et pré-PCR.
- 4.2.1.4 *Norme:* Les équipements, les produits de PCR et les consommables ne doivent pas être transférés des zones post-PCR aux zones pré-PCR, à moins d'être préalablement décontaminés.

4.2.2 Extraction de l'ADN

- 4.2.2.1 *Norme:* Les laboratoires doivent avoir des SOPs pour toutes les méthodes d'extraction utilisées en laboratoire.
- 4.2.2.2 *Norme:* Chaque série d'extraction d'ADN doit comprendre au moins un contrôle négatif d'extraction.
- 4.2.2.3 *Norme:* L'extraction d'ADN du matériel de référence doit être physiquement ou temporellement séparée de l'extraction d'ADN des indices et pièces à conviction.
- 4.2.2.4 *Norme:* Lorsque plusieurs éléments d'indice ou pièces à conviction doivent être comparés pour une correspondance individuelle, (par exemple des indices et pièces à conviction remis en question par rapport à des indices et pièces à conviction connus), les éléments doivent être traités à des périodes ou dans des lieux différents.
- 4.2.2.5 *Recommandation:* Les échantillons ne contenant que des traces d'ADN doivent être extraits et amplifiés avant les échantillons ayant un nombre de copies d'ADN élevé, et les échantillons douteux doivent être extraits avant le matériel de référence associé et les échantillons connus.
- 4.2.2.6 *Recommandation:* Dans les analyses sensibles à la concentration du modèle, les échantillons doivent être quantifiés avant l'amplification.

4.2.3 Amplification

- 4.2.3.1 *Norme:* Les laboratoires doivent avoir des SOPs pour toutes les méthodes de PCR couramment utilisées dans le laboratoire.
- 4.2.3.2 *Norme:* Les amorces utilisées doivent être documentées dans le dossier.

4.2.3.3 *Norme:* Les amorces couramment utilisées doivent avoir été validées pour délimiter la gamme acceptable des conditions de PCR et pour évaluer la probabilité de rencontrer des faux positifs et des faux négatifs.

Remarque: Selon les analyses à effectuer, des exemples de tests à réaliser pourraient inclure: les dilutions variables du modèle, les concentrations de réactifs, les températures d'hybridation, les nombres de cycles et l'examen d'une variété d'espèces probables pour déterminer la spécificité.

4.2.3.4 *Norme:* Chaque PCR doit comprendre un contrôle négatif d'extraction et des contrôles négatifs et positifs de PCR.

4.2.3.5 *Recommandation:* Un contrôle positif devrait produire un génotype distinctif, afin de déterminer facilement qu'il n'est pas une source de contamination.

4.2.3.6 *Norme:* Les contrôles positifs et négatifs de PCR et les contrôles négatifs d'extraction doivent être analysés avec les échantillons d'indice ou de pièces à conviction jusqu'à l'étape finale (par exemple, le séquençage ou la détermination de la taille des fragments).

4.2.4 Analyse et interprétation

4.2.4.1 *Norme:* Les résultats doivent être rejetés si un contrôle négatif montre des signes d'amplification et que le génotype obtenu est identique à celui d'un échantillon d'indice ou pièce à conviction.

4.2.4.2 *Norme:* Les laboratoires doivent avoir des SOPs traitant des points suivants:

4.2.4.2.1 La contamination détectée dans les contrôles positifs, les contrôles négatifs ou dans les échantillons d'indices ou pièces à conviction.

4.2.4.2.2 L'analyse, l'interprétation et les seuils minimums d'acceptation des données. Des exemples d'indicateurs de qualité des données comprennent les scores PHRED, les intensités de signal ou les hauteurs des pics.

4.2.4.3 *Recommandation:* Les laboratoires qui travaillent avec de l'ADN dégradé ou à faible nombre de copies devraient avoir une SOP traitant spécifiquement de l'analyse de ces échantillons et de l'interprétation subséquente des données.

4.3 Normes et recommandations relatives au séquençage

4.3.1 *Norme:* Les laboratoires doivent avoir des SOPs traitant des points suivants:

4.3.1.1 Correction et comparaison de séquences nucléotidiques

4.3.1.2 Contamination de séquence ou mélanges

4.3.1.3 Hétéroplasmie

- 4.3.2 *Norme:* L'identification taxonomique basée sur les données de séquence doit inclure des considérations sur:
- 4.3.2.1 La pertinence des données de référence, y compris une représentation appropriée des espèces étroitement apparentées
 - 4.3.2.2 La distribution des distances génétiques entre les espèces les plus proches
 - 4.3.2.3 La biogéographie, l'histoire de vie et la taxonomie de l'organisme
 - 4.3.2.4 Les phylogénies publiées pertinentes
- 4.3.3 *Norme:* Lorsque des séquences des bases de données publiques (par exemple, GenBank du National Center for Biotechnology Information) sont utilisées, les analystes doivent être conscients de la variabilité dans la qualité des données dans ces bases de données et s'efforcer d'évaluer leur fiabilité pour les taxons examinés.
- 4.3.4 *Recommandation:* Une identification ne doit pas reposer sur une seule séquence provenant d'une base de données publique. Dans les rares cas où des données supplémentaires ne sont pas disponibles, les limites de la conclusion doivent être indiquées dans le rapport.
- 4.3.5 *Norme:* Les estimations statistiques de la fréquence des haplotypes mitochondriaux doivent tenir compte de la pertinence et de la complétude des données de référence.

4.4 **Normes et recommandations relatives aux STRs (microsatellites)**

- 4.4.1 *Norme:* Les laboratoires doivent avoir des SOPs traitant des points suivants :
- 4.4.1.1 La définition d'un seuil d'intensité du signal pour les allèles utilisés lors de l'attribution des génotypes. Ces critères d'intensité du signal sont déterminés par des valeurs généralement acceptées sur la base de la plateforme de collecte ou sont déterminés empiriquement par validation interne.
 - 4.4.1.2 La définition d'un ensemble de critères minimums pour la désignation des allèles et les génotypes à inclure dans le rapport final.
 - 4.4.1.3 La définition de la désignation des bins à utiliser pour les allèles.
 - 4.4.1.4 La distinction des artefacts et/ou pics parasites, («stutter» «pull-up»), des vrais pics alléliques.
 - 4.4.1.5 La distinction entre les génotypes à source unique, à sources multiples ou à profil partiel.
 - 4.4.1.6 L'utilisation de formules établies (par exemple NRC, 1996) pour calculer la probabilité d'individualisation.
 - 4.4.1.7 L'affectation de la population, y compris l'utilisation d'un support statistique approprié.

- 4.4.2 *Norme:* Un marqueur de taille doit être utilisé avec les échantillons pour avoir une idée sur les différences de migration entre les pics. La désignation de l'allèle de l'échantillon ne doit être effectuée que si les allèles les plus grands et les plus petits pour cet échantillon se situent dans la gamme de taille couverte par le marqueur de taille.
- 4.4.3 *Norme:* Lorsque les données sont partagées entre les laboratoires, les dénominations des allèles doivent être harmonisées (par exemple, en utilisant des échantillons de contrôle de qualité pour lesquels les génotypes sont connus).
- 4.4.4 *Norme:* Chaque laboratoire doit utiliser des panels de loci validés en interne.
- 4.4.5 *Norme:* Toutes les estimations des probabilités d'individualisation doivent intégrer un ajustement pour la structure de la population.

Remarque: Pour les taxons à mobilité réduite ou les espèces à reproduction non panmictique, des estimations pertinentes de la structure de la population devraient être acquises. Lorsque θ n'est pas connu pour une espèce particulière, un ajustement prudent doit être incorporé sur la base des données disponibles pour des taxons dont la structure de population devrait être similaire.

- 4.4.6 *Norme:* En réalisant une affectation de population, il est essentiel que la base de données comprenne une couverture géographique représentative et un échantillon de taille suffisante. Si une population appropriée ne peut pas être incluse dans la comparaison, les conclusions doivent refléter ce fait.

4.5 Normes et recommandations relatives aux SNPs

- 4.5.1 *Norme:* Les laboratoires doivent avoir des SOPs traitant des points suivants:
 - 4.5.1.1 L'amplification de SNPs (par exemple, PCR en temps réel, PCR spécifique pour un allèle)
 - 4.5.1.2 La définition d'un ensemble de critères minimums pour la désignation des SNPs (par exemple, regroupement avec les contrôles positifs, hauteur de pic minimale). Ces critères sont déterminés par des valeurs généralement acceptées sur la base de la plateforme de collecte ou sont déterminés empiriquement par validation interne.
 - 4.5.1.3 La distinction entre les échantillons à source unique et ceux à sources multiples.
 - 4.5.1.4 L'utilisation de formules établies (par exemple NRC, 1996) pour calculer la probabilité d'individualisation.
 - 4.5.1.5 L'affectation d'un échantillon à une population, y compris l'utilisation d'un support statistique approprié.

- 4.5.2 *Recommandation:* Les contrôles positifs doivent inclure tous les génotypes possibles pour chaque locus. Ces derniers pourraient provenir d'échantillons de génotype connu ou de matériel de contrôle positif généré artificiellement.
- 4.5.3 *Norme:* Lorsque l'électrophorèse capillaire est utilisée, un marqueur de taille doit être utilisé avec les échantillons pour normaliser les différences de migration entre les pics.
- 4.5.4 *Norme:* Lorsque les données sont partagées entre les laboratoires, les dénominations des allèles, des SNPs doivent être harmonisés (par exemple, en utilisant des échantillons de contrôle qualité de génotype connu).
- 4.5.5 *Norme:* Chaque laboratoire doit utiliser des panels de loci validés en interne.
- 4.5.6 *Norme:* Toutes les estimations des probabilités d'individualisation doivent inclure un ajustement pour la structure de la population.

Remarque: Pour les taxons à faible mobilité ou les espèces à reproduction non panmixtique, des estimations pertinentes de la structure de la population doivent être acquises. Lorsque θ n'est pas connu pour une espèce particulière, un ajustement prudent doit être incorporé sur la base des données disponibles pour des taxons dont la structure de population devrait être similaire.

- 4.5.7 *Norme:* Lors d'une affectation d'un échantillon à une population, il est essentiel que la base de données comprenne une couverture géographique représentative et un échantillon de taille suffisante. Si une population appropriée ne peut pas être incluse dans la comparaison, les conclusions doivent refléter ce fait.

5.0 Normes et recommandations relatives aux examens morphologiques

La morphologie est l'étude de la forme. La méthode de comparaison morphologique est à la base des études classiques de la structure biologique et de l'évolution, et est essentielle dans le travail scientifique des taxonomistes, anatomistes, paléontologues et archéologues, ainsi que des anthropologues légistes. Il existe un vaste corpus de littérature évalué par les pairs qui établit la rigueur scientifique et l'utilité des techniques de comparaison morphologique.

Dans un contexte de la forensique liée aux espèces sauvages, c'est la discipline qui utilise la comparaison morphologique pour identifier les fragments corporels et les produits issus des espèces sauvages, typiquement jusqu'au niveau de la famille, du genre ou de l'espèce. Selon la nature des indices ou pièces à conviction, une variété de techniques de comparaison macroscopique et microscopique peuvent être utilisées.

Il est essentiel de reconnaître que presque toutes les analyses effectuées par un morphologiste de la forensique des espèces sauvages sont basées sur des caractères de classe, et non sur des caractères individuels. Les caractéristiques morphologiques quantitatives et/ou qualitatives partagées sont utilisées par les scientifiques pour spécifier ou définir des groupes taxonomiques, tels que les familles, les genres et les espèces. Ces caractères de classe sont associés de manière fiable aux lignées évolutives jusqu'au niveau de l'espèce. L'individualisation, en revanche, nécessite la reconnaissance de caractères identifiant de manière unique un individu particulier. L'individualisation basée sur les caractères morphologiques est rarement utilisée dans les cas liés aux espèces sauvages.

5.1 Normes et recommandations relatives à la morphologie générale

5.1.1 Bases des déterminations morphologiques

- 5.1.1.1 *Norme:* L'analyste doit examiner, interpréter et documenter les similitudes morphologiques entre l'indice ou la pièce à conviction et les spécimens d'espèces connues et/ou le matériel scientifique de référence approprié.
- 5.1.1.2 *Recommandation:* Des références scientifiques devraient être utilisées dans les examens morphologiques, le cas échéant. Ces références peuvent inclure la littérature scientifique de base sur le sujet, les monographies taxonomiques, les jeux de données morphométriques, les clés d'identification, les guides de terrain et les bases de données photographiques fiables.
- 5.1.1.3 *Norme:* L'analyste doit tenir compte de la valeur diagnostique et de la variabilité inter et intraspécifique des caractères ainsi analysés.
- 5.1.1.4 *Recommandation:* Si l'origine géographique d'une espèce revêt une importance particulière dans l'interprétation des caractères morphologiques, les matériaux de référence les plus pertinents doivent être sélectionnés.

- 5.1.1.5 *Recommandation:* La documentation analytique et l'interprétation des données en morphologie doivent suivre l'ordre de citation en taxonomie, avec les caractéristiques identifiant l'ordre notées en premier, suivies des caractères spécifiques à la famille, et enfin les caractères diagnostiques particuliers aux genres et espèces, si possible.
- 5.1.2 Processus d'examen morphologique - Restes externes
- 5.1.2.1 *Norme:* L'analyste doit tenir compte de la complétude et de l'état des indices ou pièces à conviction, ainsi que de la présence / absence de caractères taxonomiques informatifs.
- 5.1.2.2 *Norme:* Lorsque l'indice ou la pièce à conviction ne représente pas un organisme complet, l'analyste doit évaluer le niveau taxonomique approprié pour lequel l'identification peut être effectuée.
- 5.1.2.3 *Norme:* Les caractères d'âge et de sexe de l'indice ou de la pièce à conviction doivent être évalués et l'analyste doit déterminer si les matériaux de référence disponibles sont adéquats pour une interprétation correcte des données et l'identification de l'espèce. Par exemple, un jeu de données morphométriques basé sur des mammifères adultes n'est généralement pas utile pour identifier les restes d'un individu juvénile.
- 5.1.3 Processus d'examen morphologique - Restes ostéologiques
- 5.1.3.1 *Norme:* La squelettisation ne doit pas être effectuée sans consulter la partie concernée.
- 5.1.3.2 *Recommandation:* Les laboratoires devraient avoir mis en place une SOP traitant du nettoyage requis 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, de leur état physique et de toute altération taphonomique ou anthropique.
- 5.1.3.4 *Recommandation:* Pour déterminer l'âge relatif (adulte, subadulte, juvénile ou nouveau-né), l'analyste doit d'abord évaluer si suffisamment de matériel est disponible pour l'analyse, puis évaluer les caractères calibrés pertinents pour le taxon en question (par exemple, fusion épiphysaire des éléments du squelette, ou complétude relative de l'éruption ou l'usure dentaire chez les mammifères).
- 5.1.4 Processus d'examen morphologique - Structures microscopiques
- 5.1.4.1 *Norme:* Lorsqu'un examen détaillé des structures tégumentaires (tels que les poils et les plumes) est requis, les examens macroscopiques doivent documenter les caractéristiques générales telles que la couleur, le motif, la taille ou la forme, tandis que l'examen microscopique doit documenter les détails des structures externes et/ou internes.

- 5.1.4.2 *Norme:* Les identifications doivent se référer aux collections de spécimens de source taxonomique connue (par exemple, les poils montés ou les barbes de plumes) ou, s'ils ne sont pas disponibles, aux références scientifiques telles que définies à la section 5.1.1.2 ci-dessus.
 - 5.1.4.3 *Recommandation:* Si les caractéristiques microscopiques sont examinées ou comparées, les poils / plumes / écailles des pièces à conviction et des références doivent être montés sur des lames de verre à l'aide des supports de montage ayant un indice de réfraction proche de celui de la kératine (par exemple, les xylènes ou le substitut de xylène).
 - 5.1.4.4 *Recommandation:* Lorsque les indices ou pièces à conviction morphologiques consistent en des poils de mammifères, l'identification taxonomique devrait être déterminée à l'aide de poils informatifs, typiquement des poils de garde.
- 5.1.5 Processus d'examen morphologique - Botanique
- 5.1.5.1 *Norme:* Les identifications doivent être faites en référence aux collections de spécimens de source taxonomique connue (par exemple, herbiers, xylothèques, etc.) ou, s'ils ne sont pas disponibles, aux références scientifiques telles que définies à la section 5.1.1.2 ci-dessus.

5.2 Normes et directives relatives à la documentation

- 5.2.1 *Norme:* En effectuant une identification taxonomique basée sur des caractères morphologiques, l'analyste doit documenter les éléments suivants dans le dossier:
 - 5.2.1.1 Le type de matériel reçu comme indice ou pièce à conviction (par exemple, organisme entier ou partiel, os, dent, plume, cheveux, sculpture sur ivoire, cuir, bûche, disque, placage, article artisanal, etc.).
 - 5.2.1.2 L'intégrité et la condition de l'indice ou pièce à conviction.
 - 5.2.1.3 Les caractères morphologiques utilisés pour effectuer l'identification.
 - 5.2.1.4 Les autres caractères utilisés pour faciliter l'identification si cela s'est avéré nécessaire (par exemple, la densité du bois de l'échantillon, la couleur, etc.).
 - 5.2.1.5 Les matériaux de référence et/ou source des données utilisés pour vérifier l'identification.

6.0 Normes et recommandations relatives à l'analyse chimique pour une identification taxonomique

Les analyses chimiques peuvent aider à l'identification taxonomique des éléments d'indices ou pièces à conviction qui ne peuvent pas être identifiés par des analyses morphologiques ou génétiques seules. Par exemple, les arbres et autres plantes synthétisent des composés phytochimiques qui sont souvent une caractéristique spécifique d'une espèce ou d'un groupe taxonomique supérieur. Ces substances phytochimiques peuvent être caractérisées à l'aide d'instruments chimiques tels que des spectromètres infrarouges et des spectromètres de masse. De même, les molécules de kératine provenant de différentes espèces peuvent être caractérisées chimiquement, fournissant une discrimination taxonomique impossible à obtenir par d'autres techniques.

6.1 Normes et recommandations générales relatives à des analyses chimiques pour une identification taxonomique

- 6.1.1 *Norme:* L'analyste doit examiner, interpréter et documenter les similitudes du profil chimique entre les éléments d'indice ou pièces à conviction et les matériaux de référence.
- 6.1.2 *Norme:* L'analyste doit considérer la valeur diagnostique des molécules clés ainsi que la variabilité inter et intraspécifique des caractères analysés.
- 6.1.3 *Recommandation:* Les références scientifiques utilisées dans les analyses chimiques doivent inclure la littérature scientifique de base et/ou les monographies taxonomiques.
- 6.1.4 *Recommandation:* Le matériel de référence utilisé pour vérifier les identifications devrait appartenir à une collection organisée.
- 6.1.5 *Norme:* L'identification qui s'appuie sur une base de données publique ne doit pas être basée sur un seul profil chimique, un seul spectre ou composé chimique. Dans les rares cas où des données supplémentaires ne sont pas disponibles, les limites de la conclusion doivent être déclarées dans le rapport.
- 6.1.6 *Norme:* Si l'origine géographique d'une espèce est la question analytique, l'analyse ne doit être tentée que si des matériaux de référence pertinents sont disponibles.
- 6.1.7 *Norme:* L'identification taxonomique basée sur les données d'empreintes chimiques doit inclure des considérations sur:
 - 6.1.7.1 La pertinence et l'exhaustivité du matériel de référence, y compris une représentation appropriée des espèces étroitement apparentées et similaires.
 - 6.1.7.2 La biogéographie, l'histoire de vie et la taxonomie de l'organisme
 - 6.1.7.3 Les phylogénies pertinentes publiées.

Références

Les références répertoriées ici incluent les principaux documents sur lesquels ces normes et recommandations sont basées, ainsi que quelques références supplémentaires pour le contexte ou des questions spécifiques abordées. Il ne s'agit pas d'une liste exhaustive de la littérature pertinente.

Références pour la section générale

- Huffman, J. E., & Wallace, J. R. (Eds.). (2012). *Wildlife Forensics: Methods and Applications*. Chichester, UK: Wiley-Blackwell.
- International Laboratory Accreditation Committee. (2014). ILAC Guide 19: Modules in a Forensic Science Process. Retrieved from https://ilac.org/latest_ilac_news/ilac-g19082014-published/
- International Organization for Standardization. (2017). ISO/IEC 17025:2017 General Requirements for the Competence of Testing and Calibration Laboratories.
- 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(3), 172–179. <https://doi.org/10.1007/s12024-010-9178-5>
- OSAC Wildlife Forensic Subcommittee Standards. (2014-present). Retrieved August 13, 2018, from <https://www.nist.gov/topics/forensic-science/wildlife-forensics-subcommittee>.
- UNEP-WCMC, & CITES Secretariat. CITES Species+. Retrieved August 9, 2018, from <https://speciesplus.net/species>

Références supplémentaires pour la section relative à l'ADN

- Cavers, S., Degen, B., Caron, H., Lemes, M. R., Margis, R., Salgueiro, F., & Lowe, A. J. (2005). Optimal sampling strategy for estimation of spatial genetic structure in tree populations. *Heredity*, 95(4), 281–289. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800709>
- Dawnay, N., Ogden, R., Thorpe, R. S., Pope, L. C., Dawson, D. A., & McEwing, R. (2008). A forensic STR profiling system for the Eurasian badger: a framework for developing profiling systems for wildlife species. *Forensic Science International: Genetics*, 2(1), 47–53. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2007.08.006>
- Degen, B., Ward, S. E., Lemes, M. R., Navarro, C., Cavers, S., & Sebbenn, A. M. (2013). Verifying the geographic origin of mahogany (*Swietenia macrophylla* King) with DNA-fingerprints. *Forensic Science International: Genetics*, 7(1), 55–62. <https://doi.org/10.1016/J.FSIGEN.2012.06.003>
- ENFSI APST. (2015). *Best Practice Manual for the Application of Molecular Methods for the Forensic Examination of Non-Human Biological Traces*. Retrieved from <http://enfsi.eu/documents/best-practice-manuals/>
- Ewart, K. M., Frankham, G. J., McEwing, R., Webster, L. M. I., Ciavaglia, S. A., Linacre, A. M.

- T., ... Johnson, R. N. (2018). An internationally standardized species identification test for use on suspected seized rhinoceros horn in the illegal wildlife trade. *Forensic Science International: Genetics*, 32, 33–39. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.10.003>
- Federal Bureau of Investigation. (2011). Quality Assurance Standards for forensic DNA testing laboratories. Retrieved from <https://www.fbi.gov/file-repository/quality-assurance-standards-for-forensic-dna-testing-laboratories.pdf/view>
- Harris, D. J. (2003). Can you bank on GenBank? *Trends in Ecology & Evolution*, 18(7), 317–319. [https://doi.org/10.1016/S0169-5347\(03\)00150-2](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(03)00150-2)
- Johnson, R. N., Wilson-Wilde, L., & Linacre, A. (2014). Current and future directions of DNA in wildlife forensic science. *Forensic Science International: Genetics*, 10(1), 1–11. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2013.12.007>
- Linacre, A., Gusmão, L., Hecht, W., Hellmann, A. P. P., Mayr, W. R. R., Parson, W., ... Morling, N. (2011). ISFG: Recommendations regarding the use of non-human (animal) DNA in forensic genetic investigations. *Forensic Science International: Genetics*, 5(5), 501–505. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2010.10.017>
- Lowe, A. J., & Cross, H. B. (2011). The application of DNA methods to timber tracking and origin verification. *IAWA Journal*, 32(2), 251–262. <https://doi.org/10.1163/22941932-90000055>
- Moore, M. K., & Kornfield, I. L. (2012). Best Practices in Wildlife Forensic DNA. In *Wildlife Forensics: Methods and Applications* (pp. 201–231). Wiley-Blackwell.
- Stephenson, J. J., Campbell, M. R., Hess, J. E., Kozfkay, C., Matala, A. P., McPhee, M. V., ... Wenburg, J. K. (2009). A centralized model for creating shared, standardized, microsatellite data that simplifies inter-laboratory collaboration. *Conservation Genetics*, 10(4), 1145–1149. <https://doi.org/10.1007/s10592-008-9729-4>
- Weir, B. S., & Cockerham, C. C. (1984). Estimating F-Statistics for the Analysis of Population Structure. *Evolution*, 38(6), 1358. <https://doi.org/10.2307/2408641>

Références supplémentaires pour la morphologie des vertébrés

- Baumel, J. J. (1993). *Nomina anatomica avium : an annotated anatomical dictionary of birds* (2nd ed.). Cambridge, MA: Publications of the Nuttall Ornithological Club, No. 23.
- Dove, C., & Koch, S. (2010). Microscopy of Feathers: A Practical Guide for Forensic Feather Identification. *Journal of American Society of Trace Evidence Examiners*, 1(1), 15–61.
- Handbook of the birds of the world alive. (n.d.). Retrieved from <https://www.hbw.com/>
- Knecht, L. (2012). The use of hair morphology in the identification of mammals. In J. E. Huffman & J. R. Wallace (Eds.), *Wildlife Forensics: Methods and Applications* (pp. 129–142). Chichester, UK: Wiley-Blackwell.
- Martin, D. L. (2012). Identification of Reptile Skin Products Using Scale Morphology. In J. E. Huffman & J. R. Wallace (Eds.), *Wildlife Forensics: Methods and Applications* (1st ed, pp.

161–199). Chichester, UK: John Wiley & Sons, Ltd.
<https://doi.org/10.1002/9781119953142.ch10>

Rose, C. L., Hawks, C. A., & Genoways, H. H. (Eds.). (1995). *Storage of natural history collections: A preventive conservation approach*. New York: Society for the Preservation of Natural History Collections. Retrieved from
https://books.google.co.uk/books/about/Storage_of_Natural_History_Collections_A.html?id=qPkTAQAIAAJ&redir_esc=y

Trail, P. W. (2017). Identifying Bald Versus Golden Eagle Bones: A Primer for Wildlife Biologists and Law Enforcement Officers. *Journal of Fish and Wildlife Management*, 8(2), 596–610. <https://doi.org/10.3996/042017-JFWM-035>

U.S. Fish and Wildlife Service. (n.d.). The feather atlas. Retrieved August 10, 2018, from
<https://www.fws.gov/lab/featheratlas/>

von den Driesch, A. (1976). *A guide to the measurement of animal bones from archaeological sites*. Cambridge MA: Peabody Museum of Archaeology and Ethnology, Harvard University.

Wilson, D. E., & Mittermeier, R. A. (Eds.). (2009). *Handbook of the mammals of the world*. Barcelona: Lynx Edicions. Retrieved from <https://www.lynxeds.com/catalog/hmw>

Références supplémentaires pour la morphologie du bois

Gasson, P. (2011). How precise can wood identification be? Wood anatomy's role in support of the legal timber trade, especially CITES. *IAWA Journal*, 32(2), 137–154.
<https://doi.org/10.1163/22941932-90000049>

International Association of Wood Anatomists. (1964). *Multilingual glossary of terms used in wood anatomy*. The Verlagbuchanstalt Konkordia, Winterhur, Switzerland. Retrieved from
https://www.iawa-website.org/uploads/soft/Abstracts/IAWA_glossary.pdf

Koch, G., Richter, H.-G., & Schmitt, U. (2011). Design and application of CITESwoodID Computer-aided identification and description of CITES-protected timbers. *IAWA Journal*, 32(2), 213–220. <https://doi.org/10.1163/22941932-90000052>

Mabberley, D. J. (2017). *Mabberley's Plant-book*. Cambridge University Press.
<https://doi.org/10.1017/9781316335581>

Miller, R. A., Wiedenhoft, A., & Ribeyron, M. J. (2002). *CITES Identification Guide – Tropical Woods Guide*. Retrieved from <http://publications.gc.ca/site/eng/9.819974/publication.html>

Missouri Botanical Garden. *Tropicos - scientific names of angiosperms*. Retrieved August 10, 2018, from <http://www.tropicos.org/>

Richter, H. G., Grosser, D., Heinz, I., & Gasson, P. E. (2004). IAWA list of microscopic features for softwood identification. *IAWA Journal*, 25(1), 1–70. <https://doi.org/10.1163/22941932-90000349>

The Plant List - a working list of all plant species. (2013). Retrieved August 10, 2018, from

<http://www.theplantlist.org/>

- Wheeler, E. A. (2011). Inside Wood – A Web resource for hardwood anatomy. *IAWA Journal*, 32(2), 199–211. <https://doi.org/10.1163/22941932-90000051>
- Wheeler, E. A., & Baas, P. (1998). Wood Identification -A Review. *IAWA Journal*, 19(3), 241–264. <https://doi.org/10.1163/22941932-90001528>
- Wheeler, E. A., Baas, P., & Gasson, P. E. (2004). IAWA List of microscopic features for hardwood identification. *IAWA Journal*, 25(1), 1–70. <https://doi.org/10.1163/22941932-90000349>

Références supplémentaires pour la chimie du bois

- Cody, R. B., Dane, A. J., Dawson-Andoh, B., Adedipe, E. O., & Nkansah, K. (2012). Rapid classification of White Oak (*Quercus alba*) and Northern Red Oak (*Quercus rubra*) by using pyrolysis direct analysis in real time (DARTTM) and time-of-flight mass spectrometry. *Journal of Analytical and Applied Pyrolysis*, 95, 134–137. <https://doi.org/10.1016/J.JAAP.2012.01.018>
- Dormontt, E. E., Boner, M., Braun, B., Breulmann, G., Degen, B., Espinoza, E., ... Lowe, A. J. (2015). Forensic timber identification: It's time to integrate disciplines to combat illegal logging. *Biological Conservation*, 191, 790–798. <https://doi.org/10.1016/J.BIOCON.2015.06.038>
- Espinoza, E. O., Lancaster, C. A., Kreitals, N. M., Hata, M., Cody, R. B., & Blanchette, R. A. (2014). Distinguishing wild from cultivated agarwood (*Aquilaria* spp.) using direct analysis in real time and time of-flight mass spectrometry. *Rapid Communications in Mass Spectrometry*, 28(3), 281–289. <https://doi.org/10.1002/rcm.6779>
- Evans, P. D., Mundo, I. A., Wiemann, M. C., Chavarria, G. D., McClure, P. J., Voin, D., & Espinoza, E. O. (2017). Identification of selected CITES-protected Araucariaceae using DART TOFMS. *IAWA Journal*, 38(2), 266–281. <https://doi.org/10.1163/22941932-20170171>
- Finch, K., Espinoza, E., Jones, F. A., & Cronn, R. (2017). Source identification of western Oregon Douglas-fir wood cores using mass spectrometry and random forest classification. *Applications in Plant Sciences*, 5(5). <https://doi.org/10.3732/apps.1600158>
- Hillis, W. E. (1987). *Heartwood and tree exudates*. Springer-Verlag.
- Pastore, T. C. M., Braga, J. W. B., Coradin, V. T. R., Magalhaes, W. L. E., Okino, E. Y. A., Camargos, J. A. A., ... Davrieux, F. (2011). Near infrared spectroscopy (NIRS) as a potential tool for monitoring trade of similar woods: Discrimination of true mahogany, cedar, andiroba, and curupixá. *Holzforschung*, 65, 73-80.